

T.C.  
EGE ÜNİVERSİTESİ  
Fen Bilimleri Enstitüsü

*Darevskia valentini* (BOETTGER, 1892) TÜRÜNÜN  
TÜRKİYE POPÜLASYONLARININ  
TAKSONOMİK DURUMUNUN MORFOLOJİK VE  
MOLEKÜLER YÖNTEMLERE GÖRE  
DEĞERLENDİRİLMESİ

Kamil CANDAN

Danışman : Prof. Dr. Dinçer AYZAZ

Biyoloji Anabilim Dalı  
Zooloji Doktora Programı

İzmir  
2019

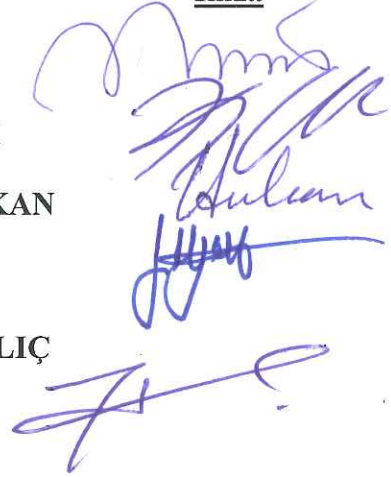


Kamil CANDAN tarafından doktora tezi olarak sunulan “*Darevskia valentini* (Boettger, 1892) Türünün Türkiye Popülasyonlarının Taksonomik Durumunun Morfolojik ve Moleküler Yöntemlere Göre Değerlendirilmesi” başlıklı bu çalışma EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği ile EÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Eğitim ve Öğretim Yönergesi'nin ilgili hükümleri uyarınca tarafımızdan değerlendirilerek savunmaya değer bulunmuş ve 16.12.2019 tarihinde yapılan tez savunma sınavında aday oybirliği/oyçokluğu ile başarılı bulunmuştur.

**Jüri Üyeleri:**

**Jüri Başkanı** : Prof. Dr. Dinçer AYZAZ  
**Raportör Üye** : Doç. Dr. Kerim ÇİÇEK  
**Üye** : Prof. Dr. Hüseyin ARIKAN  
**Üye** : Prof. Dr. Çetin ILGAZ  
**Üye** : Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ

**İmza**





# EGE ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

## ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI

EÜ Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliğinin ilgili hükümleri uyarınca Doktora Tezi olarak sunduğum “*Darevskia valentini* (Boettger, 1892) Türünün Türkiye Popülasyonlarının Taksonomik Durumunun Morfolojik ve Moleküler Yöntemlere Göre Değerlendirilmesi” başlıklı bu tezin kendi çalışmam olduğunu, sunduğum tüm sonuç, doküman, bilgi ve belgeleri bizzat ve bu tez çalışması kapsamında elde ettiğimi, bu tez çalışmasıyla elde edilmeyen bütün bilgi ve yorumlara atıf yaptığımı ve bunları kaynaklar listesinde usulüne uygun olarak verdiğimi, tez çalışması ve yazımı sırasında patent ve telif haklarını ihlal edici bir davranışımın olmadığını, bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversite veya diğer bir üniversitede başka bir tez çalışması içinde sunmadığımı, bu tezin planlanmasından yazımına kadar bütün safhalarda bilimsel etik kurallarına uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul edeceğimi beyan ederim.

14 / 11 / 2019

Kamil CANDAN



**ÖZET*****Darevskia valentini* (BOETTGER, 1892) TÜRÜNÜN TÜRKİYE  
POPÜLASYONLARININ TAKSONOMİK DURUMUNUN  
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER YÖNTEMLERE GÖRE  
DEĞERLENDİRİLMESİ**

CANDAN, Kamil

Doktora Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Dinçer AYZAZ

Aralık 2019, 131 sayfa

Dağılıp sahasının büyük bir kısmı ülkemiz sınırları içerisinde kalan *D. valentini*, Lacertidae familyasında yer alan kaya kertenkelesi türlerinden biridir. Günümüzde üç ayrı alttürünün olduđu düşünölen söz konusu türün taksonomisi, řu ana kadar morfolojik deęerlendirmeler ile yapılandırılmış olup, moleküler düzeyde bir filogenetik çalışma mevcut deęildir.

Tez çalışması kapsamında, *D. valentini* türünün ülkemizdeki dağılıp alanlarından temin edilen popölasyon örnekleri hem morfolojik hem de moleküler karşılaştırma yapılmak üzere deęerlendirilmiştir. Her bir popölasyona ait yeterli sayıda örnek kullanılarak, mtDNA'da yer alan 12S rRNA, Cyt-b ve COI ile nükleer DNA'da bulunan C-mos ve MC1R gen dizileri elde edilerek, filogenetik analizler oluşturulmuştur. Kullanılan moleküler belirteçler neticesinde, elde edilen soy hatları arasında morfolojik karakterler açısından bir ayrımın olup olmadığı ise, diskriminant analizi ile test edilmiştir.

Elde edilen moleküler analizler sonucunda, *D. valentini* türünün taksonomik olarak yeniden yapılandırılmasını gerektiren, genetiksel yeni soy hatlarının olduđu tespit edilmiştir. Söz konusu soylar için, hem *D. valentini* içinde yer alan dięer popölasyonlar hem de yakın akraba olduđu kabul edilen dięer *Darevskia* türleri ile morfolojik olarak kesin ayrımlarının mümkün olmadığı bulunmuştur.

**Anahtar sözcükler:** *D. valentini*, Moleküler Filogeni, Morfoloji, mtDNA, nDNA, Türkiye.



**ABSTRACT****RECONSTRUCTION OF THE TAXONOMIC STATUS OF *Darevskia valentini* (BOETTGER, 1892) INFERRING FROM MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR METHODS**

CANDAN, Kamil

PhD in Biology

Supervisor: Prof. Dr. Dinçer AYZAZ

December 2019, 131 pages

*D. valentini* that a large part of the distribution area is our country is one of the rock lizard species in Lacertidae family. The taxonomy of the species, which is thought to have three subspecies, has been structured by morphological evaluations so far and any phylogenetic study using molecular markers is not conducted.

Within the scope of the thesis, the population samples obtained from the distribution areas of *D. valentini* species in our country were evaluated for both morphological and molecular comparisons. Using sufficient samples of each population were performed the phylogenetic analysis by obtaining 12S rRNA, Cyt-b and COI in the mtDNA and C-mos and MC1R gene sequences in the nuclear DNA. As a result of the molecular markers used, it was tested by Discriminant Analysis whether there is a difference between the obtained lineages in terms of morphological characters.

As a result of the molecular analyzes obtained, it was found that there are genetically new lineages that require taxonomically restructuring of *D. valentini* species. For these clades, it was found that it is not possible to distinguish morphologically with other populations within *D. valentini* as well as other *Darevskia* species considered to be closely related with *D. valentini*.

**Keywords:** *D. valentini*, Molecular Phylogeny, Morphology, mtDNA, nDNA, Turkey.



## ÖNSÖZ

Biyolojik çeşitliliğin önemli merkezlerinden biri konumunda bulunan ülkemiz, sahip olduğu herpetofaunal türler açısından da söz konusu zenginliği yansıtmaktadır. Bu biyoçeşitliliğin araştırılması ile altında yatan nedenlerin irdelenerek saptanması önem taşımaktadır. Ülkemiz herpetofaunasında yer alan *Darevskia valentini* türü ile ilgili olarak gerçekleştirdiğim bu tez çalışması ile, türün mevcut taksonomik durumunu morfolojik ve moleküler belirteçlerden faydalanarak inceleme şansı yakaladım. Tez süreci boyunca, türün kompleks yapısına ilişkin pek çok problem ile karşılaşarak, bunların çözümüne ilişkin deneyimler kazandım. Herpetofaunal çeşitliliğin aydınlatılmasında, özellikle çalıştığım türlerin genetik çeşitliliğinin araştırılmasının gerekli bir alan olduğunu ortaya çıkarmaya çalıştım. Akademik hayatımın önemli noktalarından birini oluşturan doktora eğitim sürecini bu tez çalışması ile bitirecek olmaktan memnuniyet duyuyorum. Gerçekleştirdiğim bu tez çalışmasının, söz konusu alanda çalışacak olan gelecekteki araştırmacılar için de değerli bir kaynak konumunda yer almasını umarım.

İZMİR

Kamil Candan

14 / 11 / 2019



**İÇİNDEKİLER**

	<u>Sayfa</u>
ÖZET .....	vii
ABSTRACT .....	ix
ÖNSÖZ.....	xi
İÇİNDEKİLER.....	xiii
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	xvii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xxi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	xxv
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Squamata Takımının Tarihsel Kökeni Ve Taksonomik Yapılandırması.....	1
1.2. Lacertidae Familyasının Tarihsel Kökeni Ve Taksonomik Yapılandırması .....	2
1.3. <i>Darevskia</i> Cinsinin Taksonomik Durumu .....	3
1.4. <i>Darevskia valentini</i> Türünün Taksonomik Durumu.....	6
1.5. Anadolu'nun Biyocoğrafik Konumu Ve Türleşme Süreçlerine Etkisi.....	9
1.6. <i>Darevskia valentini</i> Türünün Sistematigi .....	11
1.7. <i>Darevskia valentini</i> Türünün Morfolojisi, Biyolojisi Ve Ekolojisi.....	12
2. GENEL BİLGİLER.....	15

**İÇİNDEKİLER (devam)**

	<u>Sayfa</u>
3. GEREÇ VE YÖNTEM.....	21
3.1. Araştırma Bölgesinin Tanıtımı .....	21
3.2. Örneklerin Temini .....	21
3.3. Laboratuvar Çalışması.....	26
3.3.1. DNA ekstraksiyonu .....	26
3.3.2. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) .....	28
3.4. Filogenetik Analizler .....	30
3.4.1. DNA veri dosyalarının oluşturulması.....	30
3.4.2. Haplotip ve nükleotid çeşitliliği .....	32
3.4.3. En uygun DNA değişim modelinin tespiti .....	32
3.4.4. Neighbor-Joining analizi (NJ) .....	32
3.4.5. Maksimum olasılık analizi (ML).....	33
3.4.6. Bayesiyen yaklaşımı (BI) .....	33
3.4.7. Haplotipler arası <i>network</i> oluşturulması.....	33
3.4.8. Tür sınırlarının belirlenmesi ( <i>Species Delimitation</i> ) analizi.....	34
3.4.9. Ayrılma zamanlarının hesaplanması .....	34

**İÇİNDEKİLER (devam)**

	<u>Sayfa</u>
3.5. Morfolojik Analizler .....	34
4. BULGULAR.....	41
4.1. Moleküler Belirteçlerin Analiz Sonuçları.....	41
4.1.1. Mitokondriyal 12S rRNA DNA dizisinin genetiksel değerlendirilmesi.....	41
4.1.2. Mitokondriyal COI DNA dizisinin genetiksel değerlendirilmesi.....	41
4.1.3. Mitokondriyal Cyt-b DNA dizisinin genetiksel değerlendirilmesi.....	44
4.1.4. Nükleer C-mos DNA dizisinin genetiksel değerlendirilmesi .....	44
4.1.5. Nükleer MC1R DNA dizisinin genetiksel değerlendirilmesi .....	46
4.1.6. Filogenetik ağaç topolojisi.....	46
4.1.7. Tür ağacı ( <i>Species Delimitation</i> ) analizi.....	51
4.1.8. Nükleer genlerin haplotip <i>network</i> 'leri.....	56
4.1.9. Ayrılma zamanlarının hesaplanması .....	58
4.2. Morfolojik Belirteçlerin Analiz Sonuçları.....	61
5. SONUÇ VE TARTIŞMA .....	96
KAYNAKLAR DİZİNİ.....	108
TEŞEKKÜR .....	125

**İÇİNDEKİLER (devam)**

Sayfa

ÖZGEÇMİŞ..... 126



## ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
1.1. <i>Darevskia</i> cinsindeki filogenetik soy hatları ve partenogenetik türleşmenin modeli (Murphy et al., 2000'den alınarak düzenlenmiştir) .....	4
1.2. <i>D. valentini</i> içerisindeki alttürlerin ülkemizdeki dağılışları (Eiselt et al., 1992'ye göre düzenlenmiştir) .....	9
1.3. <i>D. valentini</i> türüne ait ergin erkek bir bireyin genel görünümü (Balık Gölü, Ağrı).....	13
1.4. <i>D. valentini</i> türünün bulunduğu bir biyotop, Erciyes Dağı (Kayseri).....	13
3.1. Tez çalışması kapsamında kullanılan popülasyonların lokaliteleri (Harita üzerindeki numaralar moleküler analizlerde kullanılan DNA kodlarını temsil etmektedir, bakınız Çizelge 3.1) .....	25
3.2. Değerlendirmeye alınan bazı pholidosis karakterleri, A-B: Temporal Bölge, C-D: Başın lateralden görünümü, E: Başın dorsalden supraciliar granüllerin görünümü, F: Başın altından collare ve median guların görünümü.....	37
3.3. Değerlendirmeye alınan bazı pholidosis karakterleri, A: Vücudun ventralden görünümü, B: Arka ayağın görünümü, C: Vücudun dorsalden görünümü, D: Lateralden dorsal pullar ve ventral plakların görünümü, E: Arka bacağın üstten görünümü, F: Arka bacağın alttan görünümü.....	38
3.4. Değerlendirmeye alınan bazı pholidosis karakterleri ve vücut ölçümleri, A-B: Anal Bölge, C: Vücudun ventralden görünümü, D: Başın dorsalden görünümü .....	39
4.1. 12S rRNA gen bölgesinin filogenetik analizi sonucu elde edilen NJ ağacı (Sayılar <i>bootstrap</i> değeridir; 50< değerler gösterilmiştir).....	42

## ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)

<u>Şekil</u>	<u>Sayfa</u>
4.2. COI gen bölgesinin filogenetik analizi sonucu elde edilen NJ ağacı (Sayılar <i>bootstrap</i> değeridir; 50< değerler gösterilmiştir) .....	43
4.3. Cyt-b gen bölgesinin filogenetik analizi sonucu elde edilen NJ ağacı (Sayılar <i>bootstrap</i> değeridir; 50< değerler gösterilmiştir).....	45
4.4. Birleştirilmiş mtDNA dizisinin analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç ( <i>bootstrap/pp</i> değerleri ağaç üzerinde gösterilmiştir).....	47
4.5. Cyt-b gen dizisinin analizi sonucu elde edilen görseli işlenmemiş filogenetik ağaç.....	49
4.6. Cyt-b gen dizisinin analizi sonucu elde edilen görseli düzenlenmiş filogenetik ağaç ( <i>bootstrap/pp</i> değerleri ağaç üzerinde gösterilmiştir)...	50
4.7. PTP analizi sonucunda mtDNA ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları.....	52
4.8. PTP analizi sonucunda Cyt-b ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları.....	53
4.9. MPTP analizi sonucunda mtDNA ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları (üstte: filogenetik ağaç; altta: filo-grupların dağılışı).....	55
4.10. MPTP analizi sonucunda Cyt-b ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları (üstte: filogenetik ağaç; altta: filo-grupların dağılışı).....	56
4.11. C-mos geni kullanılarak oluşturulan haplotip <i>network</i> .....	57
4.12. MC1R geni kullanılarak oluşturulan haplotip <i>network</i> .....	58

## ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)

### Şekil

### Sayfa

- 4.13. Elde edilen soy hatlarının ayrılma zamanları. BEAST analizi sonucu ayrılma zamanlarının yer aldığı ultrametrik ağaç (üstte) (sayılar myö olup parantez içindekiler zaman aralığını ifade eder). Ağaç topolojisi üzerinde yer alan ana soy hatlarının dağılış sınırları (altta).....60
- 4.14. Erkek bireylerin ayrımında en yüksek katkıyı sağlayan morfolojik karakterlerin Box-Whisker grafiğı ile gruplar arasında karşılaştırılması (kare: ortalamanın standart hatası, yatay çizgi: ortalama değer, dikey çizgi: standart sapma) (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica*). .....82
- 4.15. Erkek bireylere ait diskriminant analizi sonucunda kladların dağılımını (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica*). .....83
- 4.16. Dişli bireylerin ayrımında en yüksek katkıyı sağlayan morfolojik karakterlerin Box-Whisker grafiğı ile gruplar arasında karşılaştırılması (kare: ortalamanın standart hatası, yatay çizgi: ortalama değer, dikey çizgi: standart sapma) (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica*). .....86
- 4.17. Dişli bireylere ait diskriminant analizi sonucunda kladların dağılımını (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica*). .....87

**ŞEKİLLER DİZİNİ (devam)**ŞekilSayfa

- 4.18. Tüm bireylerin ayırımında en yüksek katkıyı sağlayan morfolojik karakterlerin Box-Whisker grafiği ile gruplar arasında karşılaştırılması (kare: ortalamanın standart hatası, yatay çizgi: ortalama değer, dikey çizgi: standart sapma) (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*). .....89
- 4.19. Tüm bireylere ait diskriminant analizi sonucunda kladların dağılımı (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*). .....89

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
1.1. <i>Darevskia valentini</i> türünün taksonomisi .....	11
3.1. Tez çalışması kapsamında kullanılan örneklere ait lokalite bilgileri ve moleküler analizlerde kullanılan DNA kodları.. .....	22
3.2. Gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılmasında kullanılan primerler.....	29
3.3. Her bir gen bölgesinin PCR ile çoğaltımında kullanılan reaksiyon şartları (dk: dakika; sn: saniye).....	29
4.1. Yeni Klad A popülasyonunun morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).....	62
4.2. Yeni Klad B popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).....	63
4.3. <i>D. r. mirabilis</i> popülasyonunun morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).....	64
4.4. <i>D. r. obscura</i> , <i>D. r. bischoffi</i> ve <i>D. r. macromaculata</i> popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma) .....	65
4.5. <i>D. v. valentini</i> popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).....	66
4.6. <i>D. v. lantzicyreni</i> , <i>D. r. rudis</i> ve <i>D. r. bolcardagica</i> popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma) .....	67

## ÇİZELGELER DİZİNİ (devam)

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
4.7. Yeni Klad A popülasyonunun normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, <i>Skewness</i> : Çarpıklık, <i>Kurtosis</i> : Basıklık) .....	68
4.8. Yeni Klad A popülasyonunun t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	69
4.9. Yeni Klad A popülasyonunun Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	69
4.10. Yeni Klad B popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, <i>Skewness</i> : Çarpıklık, <i>Kurtosis</i> : Basıklık). .....	70
4.11. Yeni Klad B popülasyonunun t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	71
4.12. Yeni Klad B popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	71
4.13. <i>D. r. mirabilis</i> popülasyonunun normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, <i>Skewness</i> : Çarpıklık, <i>Kurtosis</i> : Basıklık) .....	72
4.14. <i>D. r. mirabilis</i> popülasyonunun t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	73
4.15. <i>D. r. mirabilis</i> popülasyonunun Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	73
4.16. <i>D. r. obscura</i> , <i>D. r. bischoffi</i> ve <i>D. r. macromaculata</i> popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, <i>Skewness</i> : Çarpıklık, <i>Kurtosis</i> : Basıklık) .....	74
4.17. <i>D. r. obscura</i> , <i>D. r. bischoffi</i> ve <i>D. r. macromaculata</i> popülasyonlarının t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	75

## ÇİZELGELER DİZİNİ (devam)

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
4.18. <i>D. r. obscura</i> , <i>D. r. bischoffi</i> ve <i>D. r. macromaculata</i> popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).....	75
4.19. <i>D. v. valentini</i> popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, <i>Skewness</i> : Çarpıklık, <i>Kurtosis</i> : Basıklık)..	76
4.20. <i>D. v. valentini</i> popülasyonlarının t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi) .....	77
4.21. <i>D. v. valentini</i> popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).....	77
4.22. <i>D. v. lantzicyreni</i> , <i>D. r. rudis</i> ve <i>D. r. bolkardagica</i> popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, <i>Skewness</i> : Çarpıklık, <i>Kurtosis</i> : Basıklık) .....	78
4.23. <i>D. v. lantzicyreni</i> , <i>D. r. rudis</i> ve <i>D. r. bolkardagica</i> popülasyonlarının t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).....	79
4.24. <i>D. v. lantzicyreni</i> , <i>D. r. rudis</i> ve <i>D. r. bolkardagica</i> popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).....	79
4.25. Erkek bireyler için diskriminant analizi sonucu fonksiyonların dağılımı (F: Fonksiyon, E: Eigenvalue, W: Wilks' Lambda, p: Anlamlılık Derecesi).....	80
4.26. Erkek bireylere ait morfolojik karakterlerin standartlaştırılmış fonksiyon katsayıları. ....	81
4.27. Dişi bireyler için diskriminant analizi sonucu fonksiyonların dağılımı (F: Fonksiyon, E: Eigenvalue, W: Wilks' Lambda, p: Anlamlılık Derecesi)..	84

**ÇİZELGELER DİZİNİ (devam)**

<u>Çizelge</u>	<u>Sayfa</u>
4.28. Dişi bireylere ait morfolojik karakterlerin standartlaştırılmış fonksiyon katsayıları. ....	85
4.29. Tüm bireyler için diskriminant analizi sonucu fonksiyonların dağılımı (F: Fonksiyon, E: Eigenvalue, W: Wilks' Lambda, p: Anlamlılık Derecesi)	88
4.30. Tüm bireylere ait morfolojik karakterlerin standartlaştırılmış fonksiyon katsayıları. ....	88

**SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ**

<u>Simgeler</u>	<u>Açıklama</u>
♂	Erkek birey
♀	Dişi birey
myö	Milyon yıl önce
m	Metre
mm	Milimetre
mtDNA	Mitokondriyal DNA
nDNA	Nükleer DNA
EDTA	Etilen Diamin Tetraasetik Asit
SDS	Sodyum Dodesil Sülfat
IUPAC	Uluslararası Temel ve Uygulamalı Kimya Birliği
IUCN	Uluslararası Doğa Koruma Birliği



## 1. GİRİŞ

### 1.1. Squamata Takımının Tarihsel Kökeni Ve Taksonomik Yapılandırması

Kertenkele, Yılan, Amphisbaenian ve Dibamid'leri içeren Squamata takımının yeryüzünde yaklaşık 200 MYÖ ortaya çıktığı ve çeşitlenmeye başladıkları düşünülmektedir (Zheng and Wiens, 2016; Pyron, 2017).

Squamata takımında yer alan taksonların filogenetik yapılandırmasında başvurulan geniş ölçekli morfolojik analizler, tarihsel olarak en eski ayrılmanın Iguania ve Scleroglossa arasında olduğunu göstermektedir (Estes et al., 1988; Gauthier et al., 2012; Pyron, 2017). Bu morfolojik yapılandırmada genel olarak yılanlar, Dibamid'ler ve Amphisbaenian'lar tek bir soy hattında gruplanırken, bazı durumlarda Gekkota, Scincoidea ve Anguimorpha taksonlarındaki üyeler ile birlikte gruplandıklarına dair sonuçlar ortaya çıkmaktadır (Estes et al., 1988; Lee, 1998, 2005). Bacaksız formların birlikte gruplanması ve yakın soy hatlarını paylaşıyor olmaları beklendiği bir durumdur. Ancak Gekko'lar, Scincid'ler ve Anguid'lerin birbirleri ile akraba olmadıkları düşünülürse, morfolojiye dayalı yapılandırmada ortaya çıkan bu durumun homoplaziden (ortak atadan gelmeyen ve çeşitli evrimsel süreçler sebebiyle ortaya çıkan benzerlikler) kaynaklandığı kabul görmektedir (Pyron, 2017). Morfolojik değerlendirmeyi zorlaştıran ve homoplaziye sebep olan önemli hususlardan biri bacaksız formların tüm morfolojik karakterleri barındırmıyor olmasıdır. Bu formdaki canlılar morfolojik karakterlerin kullanıldığı bir filogeni içine yerleştirilmeye çalışıldığında homoplaziye yüksek derecede açık bir durum ortaya çıkmaktadır (Lee and Caldwell, 1998; Zaher and Rieppel, 1999).

Squamata taksonomisi ile ilgili olarak yakın dönemde yapılan çalışmalarda homoplaziye en az seviyede tutarak en doğru yapılandırmayı elde edebilmek için morfolojinin yanında moleküler verilere dayalı analizlere de başvurulmuştur (Townsend et al., 2004; Wiens et al., 2012; Pyron et al., 2013). Bacaksız formlar olan yılanlar ve Amphisbaenian'lar ile kertenkeleler arasında taksonomik açıdan yakınlık olduğunun belirtilmesine rağmen, bu formların bacaklı olanlar ile iç içe geçen bir topolojiyi ortaya çıkarması en büyük sorunlardan biri olarak göze çarpmaktadır (Townsend et al., 2004). Morfolojik verilerin sunduğu sonuçların aksine, moleküler verilere dayalı filogenetik analizlerde Gekko ya da Dibamid'lerin

ilk ayrılan gruplar olduğu, sonrasında sırasıyla Scincoidea, Amphisbaenia ile birlikte Lacertoidea, Anguimorpha, Iguania ve yılanların ayrıldığı ortaya konulan farklı bir sonuçtur (Pyron et al., 2013). Bu şekilde morfolojik ve moleküler verilerin sunduğu sonuçların, birbirinden bağımsız topolojileri ortaya çıkarması Squamata takımının tarihsel soy ağacının net bir şekilde ortaya çıkarılmasını zorlaştırmaktadır. Dolayısıyla bu takım için henüz tam bir fikir birliği sağlanamamış ve kesin kabul gören bir topolojik yapılandırma elde edilememiştir (Wiens et al., 2012; McMahan et al., 2015; Zheng and Wiens, 2016; Pyron, 2017).

## **1.2. Lacertidae Familyasının Tarihsel Kökeni Ve Taksonomik Yapılandırması**

Squamata takımı içerisindeki taksonların her ne kadar tarihsel filogenileri tam olarak aydınlatılamamış olsa da Lacertidae familyasının Amphisbaenia grubundaki bacaksız formlar ile kardeş takson olduğunu ortaya koyan yakın dönemde gerçekleştirilen çalışmalar mevcuttur (Townsend et al., 2004; Zheng and Wiens, 2016; Pyron, 2017).

Lacertidae familyası Avrupa, Asya ve Afrika boyunca yayılış gösteren ve yaklaşık 339 türü barındıran bir kertenkele taksonudur (Uetz, Freed and Hošek, 2019). Grubun morfolojik karakterlere dayalı filogenisine bakıldığında familyanın iki alt gruba ayrılması gerektiği ileri sürülmüştür: 1) Palearktik ve Oriental, 2) Etiyopya ve Sahra-Avrasya (Arnold, 1989). Mitokondriyal DNA dizisini içeren ilk moleküler çalışmalar her ne kadar familya içindeki taksonomik yapılandırmayı aydınlatmak için yeterli düzeyde olmasa da grubun moleküler filogenisinin ortaya çıkarılmasında ilk bulguları sağlamışlardır (Harris et al., 1998; Fu, 1998, 2000). Harris et al. (1998), hem moleküler hem de morfolojiye dayalı yapılandırma ile familyayı Gallotiinae, Lacertinae ve Eremiainae olmak üzere üç ayrı altfamilyaya ayırmışlardır. Bunlardan Gallotiinae ve Lacertinae altfamilyaları Arnold (1989) tarafından tanımlanan Palearktik ve Oriental, Eremiainae altfamilyası ise Etiyopya ve Sahra-Avrasya gruplarına karşılık gelmektedirler.

Palearktik ve Oriental grubu hedef alan oldukça kapsamlı bir değerlendirmenin ardından Lacertidae familyasının Gallotiinae ve Lacertinae olarak iki ayrı altfamilyaya ayrıldığı, bunlardan Lacertinae altfamilyasının da Lacertini ve Eremiadini olmak üzere iki farklı monofiletik takson (*tribe*) içerdiği

sonucuna ulaşılmıştır (Arnold et al., 2007). Bu şekilde altfamilya ile cins arasında taksonomik olarak yeni bir kategori oluşturulmasının, halihazırda ortaya çıkan politomiler (filogenetik bir yapılandırılmada ikiden fazla soy hattının çıktığı dallanma noktası) sebebiyle filogenisinin yapılandırılmasında pek çok karmaşık durumu barındıran Lacertidae için net sonuçlar elde etmeyi daha da zorlaştıracak bir yaklaşım olduğu düşünülmüştür (Pavlicev and Mayer, 2009). Ancak günümüzde Lacertidae familyası için bu yapılandırma kabul görerek kullanılmaya devam etmektedir (Kapli et al., 2011; Zheng and Wiens, 2016).

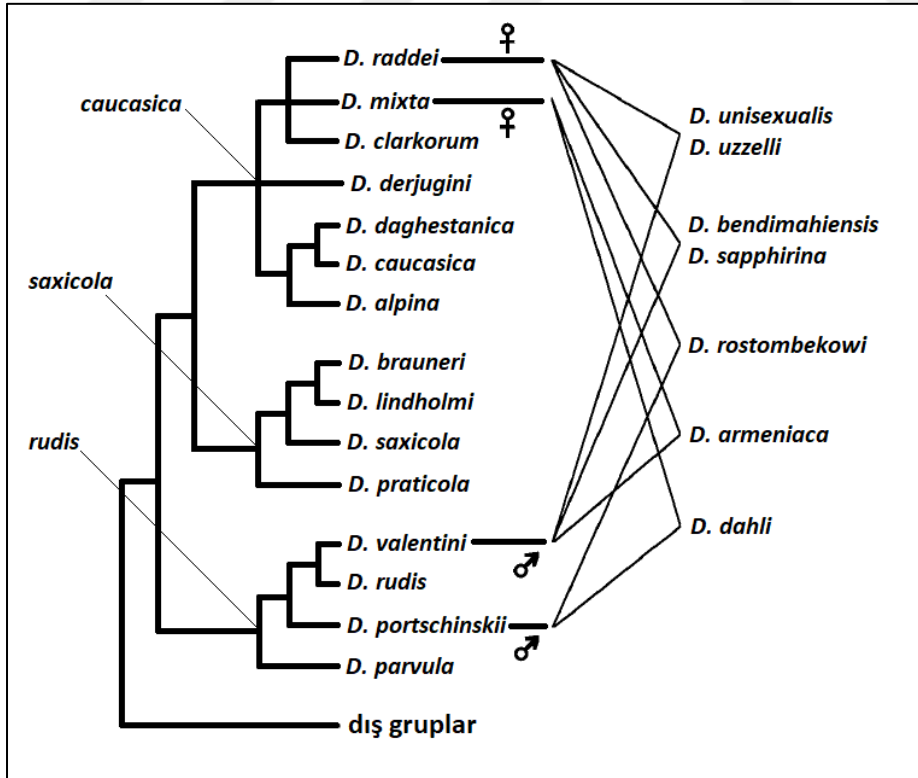
### 1.3. *Darevskia* Cinsinin Taksonomik Durumu

Lacertidae familyasında yer alan *Darevskia* Arribas, 1997 cinsinin 34 tür içerdiği kabul edilmektedir (Uetz, Freed and Hošek, 2019). Küçük boyutlu bu kaya kertenkelesi grubu özellikle Kafkaslar ve Türkiye başta olmak üzere kuzeyde Kırım'a güneydoğuda ise İran'ın kuzey hattı boyunca Türkmenistan sınırına kadar dağılışı göstermektedir. Ayrıca Balkanlarda yayılışı gösteren bir türü de içermektedir (Arnold et al., 2007; Tarknishvili, 2012).

İlk moleküler çalışmalara kadar *Darevskia* cinsi içerisinde yer alan türler ile ilgili olarak yüz yılı aşkın süredir gerçekleştirilen ve morfolojik değerlendirmeleri içeren bilimsel araştırmalar söz konusu grubun taksonomik yapılandırmasında oldukça sorunlu ve çelişkili sonuçlar paylaşmışlardır. Özellikle pholidosis karakterlerinin (pul ve plak) tür içinde bireysel olarak çok fazla çeşitliliği barındırması türler arası karşılaştırma yapılırken çok sayıda çakışmaya sebep olmaktadır (Darevsky, 1967; Gabelaia et al., 2018). Bu durum cins içerisinde yer alan türlerin tanımlanmasında ve taksonomik olarak yapılandırılmasında karmaşık durumlar ortaya çıkarmıştır. Öyle ki, cins içindeki pek çok türün tanımlanarak ayırt edilmesinde kullanılabilecek kesin morfolojik karakterlerin bulunmadığı durumlar mevcuttur (Darevsky, 1967; Tarknishvili, 2012; Tarknishvili et al., 2013).

*Darevskia* cinsinin genetik olarak “*rudis*”, “*caucasica*” ve “*saxicola*” olmak üzere üç farklı soy hattından oluştuğu kabul edilmektedir (Şekil 1.1). Bunlardan “*rudis*” grubu *D. valentini* Boettger, 1892, *D. rudis* Bedriaga, 1886 ve *D. portschinskii* Kessler, 1878 türlerini içermektedir (Murphy et al., 2000; Tarknishvili et al., 2013). Söz konusu taksonlar tanımlandıkları ilk dönemlerde *Lacerta saxicola* (Eversmann, 1834) türünün alttürleri olarak kabul edilmişlerdir (Mehely, 1909;

Nikolsky, 1913). Darevsky (1967), bu türlerin morfolojik olarak ayrımı için yetişkin *D. valentini* ve *D. rudis* örneklerinin *D. portschinskii* örneklerinden büyük olduğunu, *D. rudis* örneklerinin diğer türlere göre dorsal pullar ile kıyaslandığında tibial bölgede daha büyük pullara sahip olduğunu ve *D. valentini* erkeklerinin diğerlerine göre büyük siyah lekelerin birleştiği daha parlak sırt deseni bulundurduğunu paylaşmıştır. Geleneksel yöntemler dışında daha yeni analiz yaklaşımları ile temporal bölgedeki pulların *D. rudis*'e göre *D. portschinskii*'de daha fazla ve daha küçük, *D. valentini*'de ise daha az ve daha büyük olduğu belirtilmiştir. Ayrıca bu türler arasında *D. rudis*'in en küçük Timpanik plağa ve en çok femoral por sayısına sahip olduğu gösterilmiştir (Tarknishvili et al., 2013). Ancak bu üç türü morfolojik parametrelere göre birbirinden kesin olarak ayırmak *Darevskia* cinsinde karşılaşılan genel duruma uygun düşecek şekilde bazen mümkün olmamaktadır. Bu durumun temel sebebinin her üç türün birbirlerinden oldukça yakın bir dönemde ayrılmaları (orta ya da geç Pleistosen) ve ayrılmaya başladıkları dönemden günümüze kadar geçen süre göz önüne alındığında söz konusu periyodun türleşme süreçlerini tamamlayıp birbirlerinden izole olacak kadar yeterli olmadığı sonucuna ulaşılmıştır (Tarknishvili et al., 2013).



Şekil 1.1. *Darevskia* cinsindeki filogenetik soy hatları ve partenogenetik türleşmenin modeli (Murphy et al., 2000'den alınarak düzenlenmiştir).

Yaşam alanları bitişik olan “*rudis*” grubundaki türlerin hem tespit edilen popülasyonların lokaliteleri hem de gerçekleştirilen dağılış modellemeleri göz önüne alındığında allopatrik olarak dağılış gösterdikleri kabul edilmektedir (Baran vd., 2012; Tarkhnishvili et al., 2013). Birbirleri ile hem fenotipik hem de filogenetik olarak bu kadar yakın olan bu taksonların tür olarak kabul edilmesinin temelinde atasal formlarının Pleistosen buzul döngüleri sırasında ortaya çıkan parçalanmış farklı iklimsel habitatlara yerleşerek bu bölgelere adapte olmuş olmalarıdır. Ülkemizdeki “*rudis*” grubundan özellikle ülkemizde bulunan *D. valentini* ve *D. rudis* türlerinin durumu dikkate alındığında, birbirleri ile çok yakın bölgelerde yayılış göstermelerine rağmen, farklı sıcaklık eşiklerine ve yağış rejimlerine adapte olmaları sebebiyle coğrafik olarak izole oldukları düşünülmüştür (Tarkhnishvili et al., 2013).

*Darevskia* cinsi için tespit edilen önemli durumlardan bir tanesi grubun partenogenetik türler barındırmasıdır (Darevsky, 1967; Freitas et al., 2019). Omurgalı canlılarda ilk kez *Darevskia* cinsinde tespit edildikten sonra, partenogenetik türler Squamat’lar içinde başka familyalarda da bulunmuştur (Vrijenhoek, 1989; Kearney, Fijita and Ridenour, 2009). Genellikle partenogenetik türlerin yakın akraba iki türün hibritleşmesi sonucunda ortaya çıktıkları düşünülmektedir (Avisé, 2008). *Darevskia* cinsi morfolojik ve ekolojik parametrelere bakıldığında zorunlu partenogenetik olan yedi farklı tür içermektedir (Şekil 1.1) (Murphy et al., 2000; Freitas et al., 2016a; Tarkhnishvili et al., 2017). Bu farklı partenogenetik türlerin *Darevskia* cinsi içinde yer alan seksüel türlerin birbirleri ile doğrudan hibritleşmesi sonucunda ortaya çıktıkları ileri sürülmüştür (Fu et al., 1997; Murphy et al., 2000; Freitas et al., 2016a). Söz konusu hibritleşme mekanizması ile ilgili olarak mevcut aseksüel türlerin anasal hattını *D. raddei* Boettger, 1892 ve *D. mixta* Mehely, 1909, babasal hattını ise *D. valentini* ve *D. portschinskii* türlerinin oluşturduğu ortaya çıkarılmıştır (Şekil 1.1) (Fu et al., 1997; Murphy et al., 2000; Freitas et al., 2016a). Bu parental türlerden *D. raddei*’nin partenogenetik olan *D. unisexualis* Darevsky, 1966, *D. uzzelli* Darevsky and Danielyan, 1977, *D. bendimahiensis* Schmidtler, Eiselt and Darevsky, 1994, *D. sapphirina* Schmidtler, Eiselt and Darevsky, 1994 ve *D. rostombekowi* Darevsky, 1957 türlerinin ortaya çıkışındaki hibritleşme sürecinde yer aldığı belirtilmiştir (Fu et al., 1997). Bununla birlikte ortaya konan bir diğer önemli bulgu ise, *D. raddei* ve

*D. valentini* türlerinin en az iki kez hibritleşme gerçekleştirdikleri ve bu her iki olayın ardından *D. unisexualis* ve *D. uzzelli* ile *D. bendimahiensis* ve *D. sapphirina* aseksüel türlerinin ortaya çıktığı belirtilmiştir (Fu et al., 2000). Partenogenetik türlerin anasal hattından biri olan *D. raddei* türü ile ilgili olarak mevcut alttürlerinden *D. raddei raddei* ve *D. raddei nairensis*'in konspesifik olduğu, *D. raddei vanensis*'in ise bunlardan genetik olarak izole olduğu belirtilmiştir (Freitas et al., 2016a). *D. raddei* türünün genetik olarak iki farklı soy hattına sahip olması bu soyların geçmişte partenogenetik türlerin ortaya çıkışında gerçekleşen hibritleşme süreçlerine birbirlerinden bağımsız olarak etki ettikleri ihtimalini doğurmuştur. Öyle ki, mtDNA analizlerinin sonuçları, *D. unisexualis* ve *D. uzzelli* türleri *D. raddei nairensis*, *D. bendimahiensis* türü ise *D. raddei vanensis* türünün aynı soy hattında gruplandığını ve aynı haplotipleri paylaştığını ortaya koymuştur (Freitas et al., 2016a). Söz konusu partenogenetik türlerin anasal hattına ilişkin böylesine çarpıcı bir sonuç elde edilmiş olmasına rağmen, babasal hattını meydana getiren *D. valentini* ve *D. portschinskii* türleri ile ilgili olarak bu durumları test eden bir değerlendirme hali hazırda yapılmamıştır.

#### **1.4. *Darevskia valentini* Türünün Taksonomik Durumu**

*D. valentini* (Boettger, 1892) türü ülkemizde yayılış gösteren 14 tane *Darevskia* türünden bir tanesidir (Baran vd., 2012; Uetz, Freed and Hošek, 2019). Aynı zamanda ülkemiz dışında da Ermenistan, Azerbaycan ve Gürcistan'da bulunmaktadır (İlgaz, 2004; Tarknishvili, 2012). Günümüze kadar olan süreçte, *D. valentini* türü ile ilgili olarak taksonomik yapılandırmaya yönelik çalışmalar morfolojik seviyede kalmış ve bu değerlendirmeler neticesinde türün *D. valentini valentini* (Tip lokalitesi: Bazarkent, Ermenistan), *D. valentini lantzicyreni* Darevsky and Eiselt, 1967 (Tip lokalitesi: Erciyes Dağı, Kayseri, Türkiye) ve *D. valentini spitzenbergerae* Eiselt, Darevsky and Schmidtler, 1992 (Tip lokalitesi: Cilo Dağı, Hakkari, Türkiye) olmak üzere üç ayrı alttürü içerdiği kabul edilmiştir (Darevsky, 1967, 1972; Uzzel and Darevsky, 1975; Darevsky and Lukina, 1977; Eiselt et al., 1992).

*D. valentini* türü ilk kez tanımlandığı dönemde *Lacerta muralis*'in Laurenti, 1768 bir varyetesi olarak düşünülmesine rağmen, ilerleyen dönemde *Lacerta saxicola*'nın Eversmann, 1834 bir alttürü olduğu kabul edilmiştir (Boettger, 1892; Mehely, 1909). Kafkaslardan elde edilerek morfolojik olarak değerlendirilen

örnekler *L. saxicola valentini* alttürü ile ilişkilendirilirken, Erciyes Dağı'ndan (Kayseri) incelenen örnekler ise *L. saxicola mehelyi* adı altında ayrı bir takson olarak tanımlanmıştır (Lantz and Cyren, 1936). Daha sonraları tanımlanan bu yeni alttür isim çakışması sebebiyle (*preocupe*) tanımlayan araştırmacıların isimlerine atfen *L. saxicola lantzicyreni* olarak değiştirilmiştir (Darevsky and Eiselt, 1967). Böylece “*valentini*” grubu ile ilgili olarak morfolojik parametrelere göre bir yandan yeni taksonların tanımlanabileceği ölçekte farkların olduğu durumlar ortaya çıkarken, diğer yandan pek çok durumda da bu iki ayrı alttürün birbirleri ile konspesifik olduğunu gösteren çalışmalar mevcuttur (Darevsky, 1967, 1972; Uzzel and Darevsky, 1975). Ortaya çıkan bu karmaşık yapı *Darevskia* cinsi içinde yer alan pek çok tür için geçerli olan bir durum olup, *D. valentini* türünün taksonomik durumunu da çözümlenmesi oldukça güç olan bir hale dönüştürmüştür. Geleneksel yöntemlere göre söz konusu bu iki alttürün ayrımı için verilen en önemli morfolojik karakterler dorsalia, median gularia, femoral por ve kulak delikleri arasındaki pulların sayılarının nominant formda *L. s. lantzicyreni*'ye göre daha düşük olma durumudur. Ayrıca supraciliar granüllerin *L. s. valentini*'de daha az, *L. s. lantzicyreni*'de ise daha çok kesikli olması iki takson arasındaki bir diğer diagnostik özelliktir (Darevsky and Lukina, 1977; Ilgaz, 2004). Görünen o ki, hem zaman içinde incelenen örnek ve popülasyon sayılarının artması hem de tür içi bireysel fenotipik çeşitliliğin yüksek olması sebebiyle söz konusu morfolojik karakterlerin tam olarak çözüm üretmediği durumlar ortaya çıkmaktadır.

Türkiye'den toplanarak *L. saxicola* türünün alttürleri şeklinde tasnif edilen pek çok alttür daha sonradan farklı türler ile ilişkilendirilmiştir. *L. s. valentini* ve *L. s. lantzicyreni* alttürleri de bu taksonomik yeniden yapılandırmaya maruz kalarak *Lacerta (Darevskia) valentini* türünün alttürleri olarak kabul edilmiştir (Darevsky and Lukina, 1977). Bu yeniden tasnif sırasında *L. s. lantzicyreni* alttürünün neden *L. valentini* türü içerisinde kabul edildiği son derece tartışmaya açık gözükmektedir. Araştırmacı I. S. Darevsky söz konusu alttürün kendisinin gerçekleştirdiği kapsamlı çalışmalara atıfta bulunarak bu şekilde kabul edilmesi gerektiğine işaret etmiş ve böylece mevcut takson *L. valentini*'nin alttürü olarak o yıldan günümüze kadar gelmiştir (Darevsky, 1967; Uzzel and Darevsky, 1975; Darevsky and Lukina, 1977). Ancak kendisinin 1967 yılında gerçekleştirdiği çalışma incelendiğinde, “*lantzicyreni*” olarak kabul edilen grubu “*valentini*” grubundan ziyade *L. s.*

*bithynica* Mehely, 1909 ve *L. s. tristis* Lantz and Cyren, 1936 ile gruplandırarak karşılaştırdığı göze çarpmaktadır. Hatta araştırmacı türlerin tayini için paylaştığı anahtarda Anadolu formları olarak belirttiği *L. s. bithynica*, *L. s. tristis* ve *L. s. lantzicyreni* taksonlarına yer vermemiştir. Çalışmasında türlerin filogenetik ilişkisini içeren bir dendrogramda *L. s. lantzicyreni*'den *L. s. tristis*'e geçildiği, bu alttürden de *L. s. bithynica* ve *L. s. valentini* alttürlerinin oluştuğunu ve bu dördünün benzer polimorfiye sahip olduklarını belirtmiştir. Uzzel and Darevsky (1975) ise, *L. s. bithynica*, *L. s. tristis* ve *L. s. lantzicyreni* taksonlarını *L. saxicola* ile konspesifik olmadığı gerekçesiyle çalışmaya dahil etmediğini, ancak Darevsky (1967)'ye atıfta bulunarak *L. s. lantzicyreni* ve *L. s. valentini* alttürlerinin morfolojik benzerlikleri sebebiyle konspesifik olabileceğini belirtmiştir. Nihayetinde, "*lantzicyreni*" grubunun *D. valentini*'nin bir alttürü olması durumu I. S. Darevsky tarafından ileri sürülmüş, onun gerçekleştirdiği bu çalışmaların ardından herhangi bir yeniden değerlendirme olmadan günümüze kadar kabul görerek gelmiştir.

*D. valentini* türünün taksonomik olarak şekillenmesine son katkı *D. v. spitzenbergerae* alttürünün tanımlanması ile sağlanmıştır (Eiselt et al., 1992). Hakkari ilinin sınırları içinde kalan Cilo Dağı'nda yer alan Mergan Yaylası'ndan 1974 yılında toplanarak müze materyali olarak yurtdışına götürülen örnekler üzerinde gerçekleştirilen morfolojik değerlendirme sonucunda popülasyona ait örneklerin masseterik plağın büyük ve çok parçalı olması ve supraciliar granüllerin kesikli olması durumlarının mevcut bilinen iki alttürden farklılık gösterdiği sonucuna ulaşılmıştır (Eiselt et al., 1992). Aynı çalışmada diğer alttürlerin ülkemiz sınırları içerisindeki dağılışı sahasına katkı olarak *D. v. valentini* için Ahlat, Süphan Dağı (Bitlis), Ağrı Dağı (Ağrı), Göle, Yalnızçam Dağları, Çıldır (Ardahan), *D. v. lantzicyreni* için ise Palandöken, Çat, Hınıs (Erzurum) ve Narlıca (Van) popülasyonları işaret edilmiştir. Buradan anlaşılacağı üzere alttürlerin Anadolu'nun doğusundaki dağılışı sınırları Van Gölü'nün güneyinden başlayarak kuzeybatı istikametinde Erzurum'a kadar *D. v. lantzicyreni*, Ardahan'dan başlayarak Van Gölü'nün kuzeyine kadar *D. v. valentini* olarak çizilmiştir. Coğrafi olarak bakıldığında aşağı yukarı bunlar arasında kalan Çaldıran (Van) yakınlarındaki bir popülasyon intermediant olarak, Cilo Dağı'ndaki tek bir popülasyon ise yeni bir alttür olarak kabul edilmiştir (Eiselt et al., 1992). Mevcut çalışma, *D. valentini*

türünün hem taksonomisine hem de bu taksonların dağılışına ilişkin katkı sunan son kapsamlı değerlendirme konumundadır (Şekil 1.2).



Şekil 1.2. *D. valentini* içerisindeki alttürlerin ülkemizdeki dağılışları (Eiselt et al., 1992'ye göre düzenlenmiştir).

### 1.5. Anadolu'nun Biyocoğrafik Konumu Ve Türleşme Süreçlerine Etkisi

Anadolu *D. valentini* ile birlikte pek çok sürüngen türüne ev sahipliği yapan coğrafik bir bölgedir. Bu coğrafik alan dünya üzerinde varlığı kabul gören 36 biyoçeşitlilik sıcak noktasından (*biodiversity hotspots*) üç tanesini barındırmaktadır: Kafkasya, İran-Anadolu ve Akdeniz (Mittermeier et al., 2005; Şekercioğlu et al., 2011; Gür, 2017). Böyle önemli bir biyolojik çeşitliliğe ev sahipliği yapıyor olması bölgenin karmaşık bir jeolojik tarihe ve paleocoğrafik evrime sahip olması ile ilişkilendirilmektedir (Cavazza and Wezel, 2003).

Yükseklik ve yüzey farklılıklarının çok sayıda farklı habitat tiplerini ortaya çıkardığı bilinmektedir (Salvi et al., 2010). Anadolu bu şekilde farklı habitat tiplerini ortaya çıkaran Batı Anadolu Dağları, Toros Dağ Silsilesi, Karadeniz Dağ Silsilesi ve Anadolu Diyagonalı olmak üzere dört ana dağ kompleksi içermektedir. Bununla birlikte Ağrı, Cilo ve Süphan gibi yüksek zirveleri ile pek çok volkanik dağ da mevcuttur (Şekercioğlu et al., 2011). Yükseklik farklarının sebep olduğu mikroiklimsel habitat çeşitliliği omurgalı faunasının zenginliğini ve endemizm oranını arttıran önemli noktalardan bir tanesidir. Bu açıdan bakıldığında Anadolu, Orta ve Kuzey Avrupa ile kıyaslandığında tür zenginliği yüksek olan bir bölgedir (Baquero and Telleria, 2001). Bu zenginliğin ortaya çıkmasında topografik etkinin

nasıl işlediği Pleistosen’de ortaya çıkan buzul süreçler ile ilişkilendirilmektedir (Taberlet et al., 1998; Hewitt, 1999). Söz konusu jeolojik dönemde meydana gelen buzul süreçlerde Avrupa kıtasının güney kesimlerinde yer alan çok sayıda dağ sırasının türlerin kolonileşmesine izin verdiği ve buralarda yerleşen türler için sığınak görevi görerek bunların yok olmalarını engellediği ileri sürülmektedir (Garcia-Barros et al., 2002). Buzul dönemlerde görev alan bu sığınak sistemi bazı türlerin coğrafik dağılımlarını açıklama da fayda sağlasa da ayrımları Pleistosen’den önceye dayanan türler için yetersiz kalmakta ve yeni açıklamalara ihtiyaç duyulmaktadır (Avise et al., 1998; Crochet et al., 2004).

Anadolu sahip olduğu topografik yapısı ile buzul dönemlerinde türler için bir sığınak görevi görmesinin yanında, buzullar arası dönemde Asya, Avrupa ve Orta Doğu arasında köprü vazifesi olarak doğal bir geçiş yolu olmuştur (Tchernov, 1992; Kornilios et al., 2011). Örneğin, Kvarterner devrindeki buzullar arası dönemlerde sakladığı türlerin Trakya üzerinden Avrupa’ya ve Kafkasya’ya geçmelerine olanak tanımıştır (Hewitt, 2001). Anadolu bu şekilde hem bir sığınak hem de bir köprü görevi üstlenmesine rağmen, bazı dönemlerde de bazı türler için vikaryant ajan olarak ortaya çıkmıştır (Tchernov, 1992; Kornilios et al., 2011). Ayrıca, iklimsel değişimlerin tekrarlayan ani ve keskin geçişleri de türlerin biyocoğrafik evrimsel geçmişinde önemli rol alabilmektedir (Hewitt, 1999; Çıplak, 2003; Gül, 2013).

Türleşmenin en önemli basamaklarından biri olarak çevresel izolasyon ilk tanımlandığı günden günümüze kadar kabul görerek gelmiştir (Darwin, 1859; Mayr, 1982). Çevresel izolasyon ile birlikte doğan hem genetik hem de ekolojik ayrımın üreme izolasyonuna sebep olarak türleşmeyi tetiklediği bilinmektedir (Prohl et al., 2010; Gül, 2013). Türlerin bu şekilde farklı çevreleri işgal ederek buralardaki çevresel koşullara adapte olması ve bu şekilde farklı ekolojik tercihlerde bulunabiliyor olmaları doğada sıklıkla karşılaşılan bir durumdur (Dobzhansky, 1937; Tarkhnishvili et al., 2013). Anadolu’nun ılıman ve subtropikal bölgeler arasında yer alan ve Dünya üzerinde üç kıtanın birbirleri ile buluştuğu konumu çok çeşitli iklimleri, ekosistemleri ve habitatları oluşturmaktadır (Şekercioğlu et al., 2011). Anadolu’daki yaşam alanlarının bu denli çeşitliliği çevresel izolasyon ve adaptasyon gibi türleşme süreçlerinin işleyişine uygun bir durum yaratmaktadır.

Anadolu tüm bu özel nitelikleri sayesinde herpetofaunal türlerin zenginliği açısından Avrupa kıtasının sahip olduğunun üzerinde bir çeşitliliğe sahiptir (Demirsoy, 2002; Şekercioğlu et al., 2011; Baran vd. 2012). Bu durum Anadolu'yu coğrafik olarak önemli bir konuma taşımakta ve canlı çeşitliliğinin araştırılmasında rol alan farklı bir bölgeye dönüştürmektedir.

### 1.6. *Darevskia valentini* Türünün Sistematığı

*D. valentini* türü ülkemizde yayılış gösteren lacertidlerden bir tanesi olup, taksonomik kategorilendirmesi Çizelge 1.1'de verilmiştir.

Çizelge 1.1. *Darevskia valentini* türünün taksonomisi.

Taksonomik Kategoriler	Latincesi	Türkçesi
Alem ( <i>Kingdom</i> )	Animalia	Hayvanlar
Şube ( <i>Phylum</i> )	Chordata	Sırt İplikliler
Sınıf ( <i>Classis</i> )	Reptilia	Sürüngenler
Takım ( <i>Order</i> )	Squamata	Pullular
Aile ( <i>Family</i> )	Lacertidae	Kaya Kertenkelesigiller
Altaile ( <i>Subfamily</i> )	Lacertinae	Lacertinae
Soy ( <i>Tribe</i> )	Lacertini	Lacertini
Cins ( <i>Genus</i> )	<i>Darevskia</i>	<i>Darevskia</i>
Tür ( <i>Species</i> )	<i>Darevskia valentini</i>	Valentin Kertenkelesi

*Darevskia valentini* (Boettger, 1892)

#### Alttürler:

*Darevskia valentini valentini* (Boettger, 1892)

#### Sinonimler:

*Lacerta muralis var. valentini* Boettger, 1892

*Lacerta saxicola valentini* Mehely, 1909

*Lacerta saxicola terentjevi* Darevsky, 1957

*Lacerta valentini* Engelmann et al., 1993

*Darevskia valentini* Arribas, 1997

*Archaeolacerta (Caucasilacerta) valentini* Sindaco et al., 2000

*Darevskia valentini lantzicyreni* (Darevsky and Eiselt, 1967)

#### Sinonimler:

*Lacerta saxicola mehelyi* Lantz and Cyrén, 1936

*Lacerta saxicola lantzicyreni* Darevsky and Eiselt, 1967

*Darevskia valentini spitzenbergerae* (Eiselt, Darevsky and Schmidtler, 1992)

Sinonimler:

*Archaeolacerta (Caucasilacerta) valentini spitzenbergerae* Sindaco et al., 2000

### **1.7. *Darevskia valentini* Türünün Morfolojisi, Biyolojisi Ve Ekolojisi**

*Darevskia* cinsi içerisindeki diğer türler ile büyüklük bakımından kıyaslandığında *D. valentini* türü yaklaşık 23-25 cm. vücut uzunluğu ile önde gelenlerden bir tanesidir (Şekil 1.3). Sırt zemini koyu esmer veya sarımsı ve yeşilimsi lekeler içermektedir. Bu koyu lekeler gövde yanlarında daha koyu ve belirgindirler. Sırt ortasının her iki yanında açık renkli birer çizgi kuyruk kaidesine kadar uzanır. Ventral plaklar yan kısımlara doğru açık mavi renk alırken, özellikle üreme döneminde alt kısım sarı veya portakal rengini almaktadır. Başları simetrik plaklarla örtülüdür. Serbest göz kapakları mevcut olup göz bebekleri yuvarlaktır. Kulak delikleri her zaman vardır. Uçları çatallı olan dilleri uzunca yapıdadır. Karın kısmında uzunlamasına ve enine plaklar mevcuttur. Arka bacakların alt kısmında femoral delikler bulunur. Erginlerde cinsiyete bağlı dimorfizm görülmektedir ve dişiler genellikle erkeklerden daha büyüktür (Baran vd., 2012; Arnold et al., 2007).

Erginlerinde genellikle yedi adet premaksillar diş bulunurken, pterigoid dişler mevcut değildir. Genellikle presakral omur sayısı erkeklerde 27 dişilerde ise 28 olarak tespit edilmiştir. ZW tipte cinsiyet kromozomlarına sahip olan bu türün diploit kromozom sayısının  $2n=38$  olduğu belirtilmiştir (Arnold et al., 2007; Spangenberg et al., 2017).



**Şekil 1.3.** *D. valentini* türüne ait ergin erkek bir bireyin genel görünümü (Balık Gölü, Ağrı).

Yüksek steplerdeki kayalık bölgelerde yaşayarak bu alanlardaki kaya yarıklarını sığınak olarak kullanırlar (Şekil 1.4). Genel olarak 1800 ile 3000 metre arasındaki yüksekliklerde yayılış gösterdiği kabul edilmektedir. Diğer sürüngen türlerinde de olduğu gibi su kaynaklarına yakın alanlarda bulunmayı tercih ederler. Beslenmelerini daha çok böcek türlerini içeren omurgasızları tüketerek gerçekleştirirler. İşgal ettikleri yüksek bölgelerde kış koşullarının kalkması ile daha çok mayıs ve haziran aylarında üreme dönemine girerler. Bu dönemde gerçekleşen çiftleşmenin ardından dişiler ortalama 5 kadar yumurta bırakırlar. Yeni yavrular ve erginler gelen yeni kış dönemini kaya içlerinde hibernasyonda geçirerek bir sonraki yaz dönemini beklerler (Baran vd., 2012; Arnold et al., 2007).



**Şekil 1.4.** *D. valentini* türünün bulunduğu bir biyotop, Erciyes Dağı (Kayseri).

Bu tez çalışması ile, *D. valentini* türünün taksonomik olarak yeniden yapılandırılması ve söz konusu türün sahip olduğu mevcut problemleri durumların aydınlatılarak net bir şekilde çözümlenmesi amaçlanmıştır. Bu doğrultuda, türün ülkemizde yayılış gösterdiği bölgelerden elde edilen örnekler hem morfolojik hem de moleküler belirteçler ile değerlendirilerek problemleri durumların çözümü yoluna gidilmiştir.



## 2. GENEL BİLGİLER

*Darevskia valentini* türü ilk kez Boettger tarafından (1892) *Lacerta muralis* var. *valentini* (Terra Typica: Bazarkent, Ermenistan) şeklinde tanımlanmıştır.

Mehely (1909) ve Nikolskii (1913, 1915) tarafından ortaya konan çalışmalar ile *Lacerta saxicola*'nın bir alttürü şeklinde değerlendirilmiştir.

Boulenger tarafından (1920), *Lacerta saxicola armeniaca* alttürüne dahil edilmiştir.

Mertens (1922), *Lacerta saxicola valentini* taksonunun *Lacerta saxicola*'ya dahil diğer formlardan morfolojik olarak büyük farklılık gösterdiğine işaret etmiş ve söz konusu taksonun ayrı bir tür şeklinde değerlendirilmesi gerektiğine işaret etmiştir.

Lantz and Cyren (1936), Kafkasya'dan inceledikleri iki örneği morfolojik değerlendirmeler sonucunda *L. s. valentini* alttürüne dahil ederken, Erciyes Dağı'ndan (Kayseri) inceledikleri örnekleri *Lacerta saxicola mehelyi* alttürü olarak tanımlamışlardır.

Darevsky (1965), kendisi tarafından 1957 yılında Ermenistan'dan tavsif edilen *Lacerta saxicola terentjevi* alttürünün *Lacerta saxicola valentini*'den farksız olduğunu belirtmiştir.

Darevsky and Eiselt (1967), Erciyes Dağı'ndan tanımlanan *Lacerta saxicola mehelyi* (Lantz and Cyren, 1936) alttürünü *mehelyi* ismi 1919 yılında Bolkay tarafından *Lacerta fumana* var. *mehelyi* olarak ele alındığından ortaya çıkan isim çakışması (*preocupe*) durumunu düzeltmek amacıyla *Lacerta saxicola lantzicyreni* şeklinde yeniden isimlendirmişlerdir.

Darevsky (1967), Mertens (1922) tarafından belirtilen *Lacerta saxicola valentini* alttürünün, diğer alttürlerden büyük farklılık gösterdiği fikrini kabul etmesine rağmen, bu formu yeni bir tür olarak tanımlamamış ve *Lacerta saxicola valentini* şeklinde değerlendirmiştir. Araştırmacı aynı zamanda *Lacerta saxicola valentini* ile *Lacerta saxicola lantzicyreni* alttürlerinin morfolojik olarak benzerliğine dikkat çekmiştir.

Darevsky (1972), Anadolu'nun farklı bölgelerinden toplanan kaya kertenkelesi örnekleri üzerinde gerçekleştirdiği çalışmasında, Yalnızçam

Geçidi'nden (Artvin) toplanan örnekleri *Lacerta saxicola valentini* alttürüne, Zigana Geçidi'nden (Trabzon) toplanan örnekleri ise *Lacerta saxicola lantzicyreni* alttürüne dahil etmiştir. Ayrıca Yalnızçam Geçidi'nden toplanan örneklerin içerisinde *Lacerta armeniaca X Lacerta valentini valentini* melezlerinin de bulunduğunu belirtmiştir.

Uzzel and Darevsky (1975), gerçekleştirdikleri çalışmada *Lacerta valentini*'nin *lantzicyreni* ile konspesifik özellik gösterdiğini belirtmişlerdir.

Darevsky and Lukina (1977), Clark and Clark (1973) tarafından kullanılan örneklere atıfta bulunarak *Lacerta valentini*'yi ayrı bir tür, *lantzicyreni*'yi de *valentini*'nin bir alttürü olarak değerlendirmişler ve Kars'ın 35 km güneyi ile Ardahan'ın 25 km batısından toplanan 9 örneği *Lacerta valentini valentini* alttürüne dahil etmişlerdir. Ayrıca *Lacerta valentini valentini* alttürünün *Lacerta valentini lantzicyreni* alttürüne göre morfolojik belirteçler olan dorsal pul sayısı, median gularia sayısı, femoral por sayısı ve kulak delikleri arasındaki pul sayısı bakımından daha düşük değerlere sahip olduğunu, supraciliar granüllerin ise daha az oranda kesikli olduğunu belirtmişlerdir.

Eiselt et al. (1992), *Lacerta valentini valentini* ve *Lacerta valentini lantzicyreni* alttürlerinin Türkiye'deki dağılışını ortaya çıkarmak amacıyla yapmış oldukları çalışmada Hakkari sınırları içinde kalan Cilo Dağı populasyonunu *Lacerta valentini spitzenbergerae* şeklinde ayrı bir alttür olarak tanımlamışlardır. Aynı araştırmacılar Palandöken, Çat ve Hınıs ile Narlıca (Van) populasyonlarını *Lacerta valentini lantzicyreni* alttürüne dahil ederlerken, Ahlat ve Süphan Dağı (Bitlis), Ağrı Dağı (Ağrı), Göle, Yalnızçam Dağları, Çıldır ve Ardahan populasyonlarını ise nominat alttür altında toplamışlardır. Araştırmacılar tüm bunlardan farklı olarak Çaldıran ve Uzunyol'dan (Van) temin edilen 11 örneği mevcut herhangi bir alttüre dahil etmeden intermediant populasyon şeklinde ele almışlardır.

Karagöl, Aladağ ve Hasan Dağı kaya kertenkelesi populasyonları Nilson and Flärth tarafından (1988), *D. valentini lantzicyreni* şeklinde değerlendirilirken, yukarıda belirtilen dağ silsilelerini de içine alan Toros Dağları'ndaki kaya kertenkelesi populasyonları, Schmidtler et al. (1990), ve Schmidtler (1998), tarafından *D. cf. rudis* şeklinde ele alınmışlardır. Yakın zamanda, osteolojik ve

morfolojik deęerlendirmeler sonucunda Karagöl (Nięde) populasyonunun *D. rudis* türüne dahil yeni bir alttür (*D. r. bolkardagica*) olduęu saptanmıřtır (Arribas et al., 2013).

MacCulloch et al. (1995), *D. valentini* ve *D. rudis obscura* arasındaki genetik uzaklıęı 0.12-0.15 olarak verirken, *D. portschinskii* türünün bunlardan 0.36-0.48 deęerleri ile daha uzak olduęunu ileri sürmüřtür.

Arribas (1999), morfolojik (renk-desen ve pholidosis), osteolojik, karyolojik ve davranıř açısından deęerlendirdięi kaya kertenkelesi türlerini, o tarihe kadar dahil oldukları *Lacerta* cinsinden çıkararak yeni bir cins altında ele almıřtır. Söz konusu cins adı kaya kertenkeleleri konusunda pek çok çalıřması bulunan Ilya S. Darevsky'e atfen *Darevskia* řeklinde ele alınmıřtır.

Deęiřik arařtırmacılar tarafından moleküler düzeyde gerçekteřtirilen arařtırmalarda, *Darevskia* cinsine dahil türler arasında gerçekteřen hibritleřme mekanizmasıyla ilgili önemli sonuçlar tespit edilmiřtir. Söz konusu çalıřmalarda ilk olarak belirtilen husus, *Darevskia* cinsine dahil unisexual türlerin, *Darevskia mixta*, *Darevskia raddei*, *Darevskia valentini* ve *Darevskia portschinskii* türlerinin hibritleřmesi ile ortaya çıktıkları ve söz konusu türlerin, hibrit türlerin parental soyları olduklarıdır (Moritz et al., 1992; MacCulloch et al., 1995, 1997; Murphy et al., 1997; Fu et al., 2000).

Fu et al. (2000), tarafından gerçekteřtirilen moleküler düzeydeki çalıřmanın sonucunda, geçmiřte *D. valentini* ve *D. raddei* türleri arasında en az iki kez hibritleřmenin meydana geldięi ve bu hibritleřmeler sonucunda *D. unisexualis* ve *D. uzzelli* ile *D. bendimahiensis* ve *D. sapphirina* unisexual türlerinin ortaya çıktığı belirtilmiřtir.

Murphy et al. (2000), tarafından gerçekteřtirilen çalıřmada, mitokondrial DNA ve enzim karakterleri ele alınarak, Kafkas kaya kertenkelelerinin filogenisi yeniden düzenlenmiř ve *Darevskia* cinsine dahil 15 biseksüel tür *caucasica*, *saxicola* ve *rudis* olmak üzere 3 ana grup altında toplanmıřtır. Bu çalıřmada ortaya konan dięer bir sonuç da, *Darevskia* cinsine dahil tek eřeyli (*unisexual*) türlerin, *caucasica* grubuna dahil türlerin diřileri ile "*rudis*" grubuna dahil türlerin erkekleri arasında gerçekteřen çiftleřmeler neticesinde ortaya çıkma durumudur.

Moleküler çalışmalarda kullanılan belirteçlerden biri olan mikrosatellitler ile gerçekleştirilen bir diğer çalışmada (Korchagin et al., 2004), *D. valentini* türünün *D. unisexualis* türünün parental soyu olduğu kabul edilmiştir.

Tayhan et al. (2011), Ardahan'dan (Tepeler Köyü civarı) 53 adet *D. valentini* juveniline ait morfolojik ölçüm ve renk desen karakterlerini paylaşmışlardır. Aynı çalışmada, genellikle taş altlarında gruplar halinde buldukları saptanan türe ait juvenillerin gelişiminin ve doğada görülme dönemlerinin Ermenistan popülasyonları ile benzerlik sergiledikleri sonucuna ulaşılmıştır.

Arribas et al. (2013), pek çok çalışmaya atıfta bulunarak *D. valentini* ile *D. rudis* türlerinin kardeş taksonlar olduğunu ve bu iki türün *D. portschinskii* türü ile en yakın ortak atayı paylaştıklarını belirtmişlerdir.

Tarkhnishvili et al. (2013), *D. valentini* türünün de olduğu "rudis" grubu üzerine hem moleküler hem de ekolojik bir çalışma gerçekleştirmişlerdir. Araştırmacılar, filogenetik açıdan *D. valentini* ve *D. rudis* türlerinin orta ya da geç Pleistosen döneminde (yaklaşık 200.000 yıl önce) ayrıldıkları, *D. portschinskii* türünün ise bu iki gruptan daha erken bir dönemde (yaklaşık 500.000 yıl önce) farklılaştığını ortaya koymuşlardır. Ayrıca *D. valentini* türünden *D. rudis* türüne doğru bir gen akışının olduğu ve söz konusu durumun *D. rudis* ve *D. portschinskii* arasındaki gen akışı durumundan daha düşük seviyede olduğu belirtilmiştir.

Godakova et al. (2015), Ermenistan'daki partenogenetik türlerden *D. unisexualis* ile biseksüel olan *D. valentini* ve *D. nairensis* türlerinde bir retrotranspozon olan Bov-B LINE RT gen dizisini değerlendirmişlerdir. Çalışmalarında, genom üzerinde çoklu kopya halinde bulunan bu genin söz konusu türler için aktif ve inaktif formlarının olduğu ilk kez ortaya çıkarmışlardır. Söz konusu gen kopyalarının filogenetik karşılaştırılması sonucunda, *D. unisexualis* türünün hibrit kökeninin *D. valentini* ve *D. nairensis* türlerinin arasındaki hibritleşmeden kaynaklandığına ilişkin mevcut görünümün doğru olduğu ileri sürülmüştür.

Kurnaz et al. (2017), Balahor Platosundan (Gümüşhane) topladıkları 25 adet örneğin yaş yapısını ortaya çıkarmışlardır. Söz konusu çalışmada erkek bireylerin 4 ile 7, dişi bireylerin ise 3 ile 9 yaş arasında oldukları belirlenmiştir.

Kaya and Özuluğ (2017), İstanbul Üniversitesi Zooloji Müzesinde mevcut olan herpetolojik koleksiyonun listesini paylaşmışlardır. Bu koleksiyonda yer alan 75 türden biri de *D. valentini* olup, bu türe ait örneğin Sivas'tan yakalandığı bildirilmiştir.

Spangenberg et al. (2017), partenogenetik olan *D. unisexualis* türünün triploid formu üzerinde karyotiplendirme ve mayoz evreleri üzerine bir çalışma gerçekleştirmişlerdir. Elde edilen karyotipleri ve mayoz sırasındaki homolog kromozomlar arasındaki sinapları, söz konusu partenogenetik türün babası ve annesi konumunda olan *D. valentini* ve *D. raddei* türleri ile karşılaştırmışlardır.  $3n=57$  (54A+wZZ) kromozom yapısına sahip olan *D. unisexualis* türü için mayoz evresinde pek çok farklı sinaps kompozisyonu tespit etmelerinin yanında, *D. valentini* türünün  $2n=38$ , ZZ kromozom kompozisyonuna sahip olduğunu belirtmişlerdir.

Gabelaia et al. (2018), *Darevskia* cinsinin “*rudis*” grubunda yer alan üç türü (*D. valentini*, *D. rudis*, *D. portschinskii*) üç-boyutlu (3D) geometrik morfometrik analiz yöntemi ile değerlendirmişlerdir. Araştırmacılar birbirine morfolojik olarak çok benzer olan ve aralarında genetik bilgi aktarımının tam olarak izole olmadığı türlerde bu yaklaşımın çok etkili bir ayırma metodu olduğunu göstermişlerdir. *D. valentini* ve *D. rudis* türlerinin benzerliğine vurgu yapan araştırmacılar, geleneksel karakterler açısından diğer türlerle karşılaştırıldığında *D. valentini* örneklerinin sırt kısımlarındaki koyu lekeler ile kontrast olan daha parlak renklenme gösterdiği ve *D. r. rudis* örneklerinden daha küçük *D. portschinskii* örneklerinden ise daha büyük olduklarını ifade etmişlerdir. Ayrıca gerçekleştirilen üç-boyutlu kafa şekli analizi neticesinde söz konusu türlerin birbirinden net bir şekilde ayrıldıklarını ifade etmişler, *D. r. obscura* alttürünün tür seviyesine çıkarılması gerektiğini önermişlerdir.

Yıldız et al. (2018), tarafından yapılan çalışmada, *D. valentini* türünün Ağrı İli sınırları içerisinde 8 farklı noktadan varlığı saptanmıştır.

Akman et al. (2018), Bitlis İli'nin herpetofaunası üzerine yaptıkları çalışmada, *D. valentini* türünü Bitlis İli sınırları içerisinde 13 farklı noktadan tespit ettiklerini belirtmişlerdir.

Yılmaz et al. (2018), Bitlis'deki Küçük Nemrut Dağı'nda yaşayan sürüngen türleri üzerindeki kenelerin listesini paylaşmışlardır. Çalışmalarında 21 adet *D. valentini* örneği kullanmışlardır. Bu 21 örnekten 6 tanesinde kene tespit edilmiş olup, kene istila oranını %28.57 olarak vermişlerdir.

Birlik et al. (2018), Kayseri, Van ve Ardahan'dan topladıkları 72 adet örneğin helmint faunasını ortaya çıkarmışlardır. *D. valentini* türünün pek çok helmint için konak görevi gördüğünü ortaya çıkarmalarının yanında, bir helmint de Türkiye'den yeni bir kayıt olarak verilmiştir.

Galoyan et al. (2019), Ermenistan'da yayılış gösteren *D. valentini* popülasyonlarının üreme biyolojisi, yaş dağılımları, yoğunlukları, vücut sıcakları, habitat tercihleri, beslenme ve mevsimsel aktiviteleri gibi hem biyolojik hem de ekolojik verilerini detaylı bir şekilde paylaşmıştır. Çalışmada değerlendirilen popülasyonların dağılımları dikkate alındığında, *D. valentini* türü *Darevskia* cinsi içerisindeki diğer türlerden ayrı olarak tek başına bulunmasının yanında (allopatrik), partenogenetik olan *D. armeniaca* ve *D. unisexualis* türleri ile birlikte bulunduğu durumlar da (simpatrik) söz konusudur.

### 3. GEREÇ VE YÖNTEM

#### 3.1. Araştırma Bölgesinin Tanıtımı

*Darevskia valentini* türünün dağılış alanını oluşturan Doğu Anadolu karasal bölgesi Kop, Çimen, Pulur, Çoruh, Allahüekber ve Yalnızçam gibi dağlar ile Karadeniz iklim bölgesinden, Toros Dağları'nın güneydoğu sınırı ile Güney Anadolu'dan ve Uzunyayla ile İç Anadolu Bölgesi'nden ayrılır. Bu coğrafik bölge İran-Turan hattı içerisinde yer almaktadır. Genellikle doğu-batı yönünde uzanan dağ sıraları arasında Güneydoğu Toroslar, Palandöken, Munzur, Yalnızçam, Mescit ve Allahüekber bulunmaktadır. Ayrıca volkanik kökene sahip olan Nemrut (2134 m.), Süphan (4058 m.), Tendürek (3298 m.) ve Ağrı (5137 m.) dağları bölgenin topoğrafyası açısından önemli yüksekliklerdir. Çeşitli havzalara sahip olan bölgede kapladığı 3574 km<sup>2</sup>'lik alan ile Van Gölü önemli bir tektonik göldür. Bununla birlikte Muş, Bingöl, Elazığ, Malatya, Göle, Ardahan, Çıldır ve Aktaş Gölleri, Iğdır ile Erzurum'da yer alan Pasinler ve Horasan havzaları bölgenin önemli ova sistemleridir. Güney kısımlarda yer alan yükseklik açısından alçak kesimlerde yıllık sıcaklık ortalamaları yaklaşık 15<sup>0</sup>C olarak gözükürken, bu durum kuzeye doğru çıkıldıkça düşerek dağların yüksek yerlerinde 0<sup>0</sup>C'ye ulaşır. Yıllık ortalama yağış miktarı 300 mm ile 1200 mm arasında değişir (Atalay, 2008).

#### 3.2. Örneklerin Temini

Tüm dünyada 34 türle temsil edilen *Darevskia* cinsinin ülkemizdeki 14 taksonundan birini teşkil eden *Darevskia valentini* türü, Uluslararası Doğayı Koruma Birliği (IUCN) tarafından geniş bir dağılış sahasına sahip olması ve popülasyon büyüklüğünün yoğun olması nedeniyle LC (Lower Concern – Düşük Riskli) kategorisi altında değerlendirilmektedir (Tok et al., 2009). Bu çalışmanın gerçekleştirilmesi için Dokuz Eylül Üniversitesi Tıp Fakültesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu'ndan 23.02.2016 tarihli toplantıda görüşülerek karara bağlanan 11/04/2016 numaralı etik kurul belgesi alınmıştır. Ayrıca T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı bünyesindeki Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü'nce de çalışmanın gerçekleştirilmesi hususunda gerekli başvuru 05.04.2016 tarihli onay ile uygun görülmüştür.

Araştırma konusunu oluşturan *D. valentini* türüne ait kertenkele örnekleri Dokuz Eylül Üniversitesi Biyoloji Bölümü'nde yer alan müzeden temin edilmiştir.

Böylece tez çalışması kapsamında önceki yıllarda türün dağılışı alanını kapsayan yerlerden toplanan ve müze materyali olarak saklanan kertenkele örnekleri değerlendirilmiştir. Çalışmanın gerçekleşmesi için toplamda 36 popülasyondan 75 örnek moleküler, 260 örnek ise morfolojik analizler için kullanılmıştır. Ayrıca hem moleküler hem de morfolojik karşılaştırma yapabilmek için *D. valentini* türünün yanı sıra, literatür bilgisine göre (Murphy et al., 2000) filogenetik olarak kardeş takson konumundaki *D. rudis* türü ile yine *Darevskia* cinsinde yer alan türlerden bazıları çalışmaya dahil edilmiştir. Değerlendirmelerde ele alınan tüm örneklere ait lokalite bilgileri Çizelge 3.1’de ve Şekil 3.1’de verilmiştir.

**Çizelge 3.1.** Tez çalışması kapsamında kullanılan örneklere ait lokalite bilgileri ve moleküler analizlerde kullanılan DNA kodları.

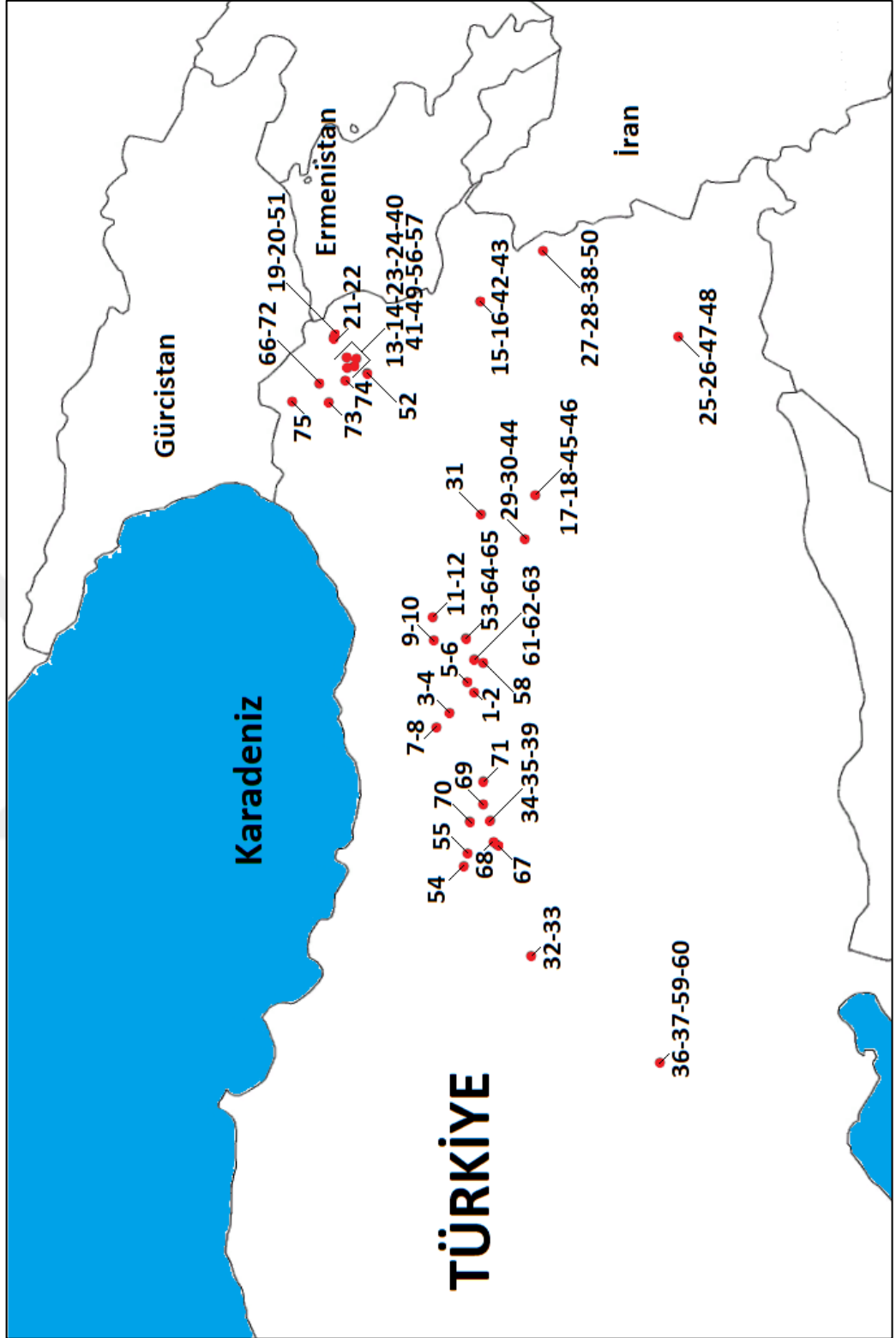
DNA KODU	LOKALİTE	TÜR
DV1	Balıklı Köyü, Kelkit, Gümüşhane	<i>Darevskia valentini</i>
DV2		
DV3	Firdevs Hatun Türbesi, Şiran, Gümüşhane	<i>Darevskia valentini</i>
DV4		
DV5	Mahmatlı Köyü, Kelkit, Gümüşhane	<i>Darevskia valentini</i>
DV6		
DV7	Yukarıkulaca Köyü, Şiran, Gümüşhane	<i>Darevskia valentini</i>
DV8		
DV9	Kırkpınar Köyü, Bayburt	<i>Darevskia valentini</i>
DV10		
DV11	Bayburt	<i>Darevskia valentini</i>
DV12		
DV13	Aygır Gölü, Susuz, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV14		
DV15	Balık Gölü, Taşlıçay, Ağrı	<i>Darevskia valentini</i>
DV16		
DV17	Güzeldere Köyü, Hınıs, Erzurum	<i>Darevskia valentini</i>
DV18		
DV19	Taşbaşı Köyü, Arpaçay, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV20		
DV21	Lavaş Gölü, Arpaçay, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV22		
DV23	Boğatepe Köyü, Susuz, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV24		
DV25	Yukarımarlıca Köyü, Çatak, Van	<i>Darevskia valentini</i>
DV26		

**Çizelge 3.1. (devamı).** Tez çalışması kapsamında kullanılan örneklere ait lokalite bilgileri ve moleküler analizlerde kullanılan DNA kodları.

DNA KODU	LOKALİTE	TÜR
DV27	Başegmez Köyü, Çaldıran, Van	<i>Darevskia valentini</i>
DV28		
DV29	Çirişli Köyü, Çat, Erzurum	<i>Darevskia valentini</i>
DV30		
DV31	Palandöken, Erzurum	<i>Darevskia valentini</i>
DV32	Akçainiş, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV33		
DV34	Yaylacık, İmranlı, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV35		
DV36	Erciyes Dağı, Kayseri	<i>Darevskia valentini</i>
DV37		
DV38	Başegmez Köyü, Çaldıran, Van	<i>Darevskia valentini</i>
DV39	Yaylacık, İmranlı, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV40	Aygır Gölü, Susuz, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV41		
DV42	Balık Gölü, Taşlıçay, Ağrı	<i>Darevskia valentini</i>
DV43		
DV44	Çirişli Köyü, Çat, Erzurum	<i>Darevskia valentini</i>
DV45	Güzeldere Köyü, Hınıs, Erzurum	<i>Darevskia valentini</i>
DV46		
DV47	Yukarınarlıca Köyü, Çatak, Van	<i>Darevskia valentini</i>
DV48		
DV49	Boğatepe Köyü, Susuz, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV50	Başegmez Köyü, Çaldıran, Van	<i>Darevskia valentini</i>
DV51	Taşbaşı Köyü, Arpaçay, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV52	Akdere Köyü, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV53	Otlukbeli Gölü, Erzincan	<i>Darevskia valentini</i>
DV54	Doğanşar, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV55	Armutçayırı Köyü, Zara, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV56	Büyükçatak Köyü, Susuz, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV57	Kurugöl Köyü, Susuz, Kars	<i>Darevskia valentini</i>
DV58	Çilhoroz Köyü, Çayırılı, Erzincan	<i>Darevskia valentini</i>
DV59	Erciyes Dağı, Kayseri	<i>Darevskia valentini</i>
DV60		
DV61	Çamur Köyü, Kelkit, Gümüşhane	<i>Darevskia valentini</i>
DV62		
DV63		
DV64	Otlukbeli Gölü, Erzincan	<i>Darevskia valentini</i>
DV65		
DV66	Tepesuyu Köyü, Ardahan	<i>Darevskia valentini</i>
DV67	Kümbet Köyü, Zara, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>

**Çizelge 3.1. (devamı).** Tez çalışması kapsamında kullanılan örneklere ait lokalite bilgileri ve moleküler analizlerde kullanılan DNA kodları.

DNA KODU	LOKALİTE	TÜR
DV68	Sucak, Zara, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV69	Yukarıboğaz, İmranlı, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV70	Karalar Köyü, Suşehri, Sivas	<i>Darevskia valentini</i>
DV71	Gemecik Köyü, Refahiye, Erzincan	<i>Darevskia valentini</i>
DV72	Tepesuyu Köyü, Ardahan	<i>Darevskia valentini</i>
DV73	Tepeler Köyü, Ardahan	<i>Darevskia valentini</i>
DV74	Yağmuroğlu Köyü, Göle, Ardahan	<i>Darevskia valentini</i>
DV75	Çatköy Yaylası, Hanak, Ardahan	<i>Darevskia valentini</i>
DRbo76	Karagöl, Ulukışla, Niğde	<i>Darevskia rudis bolcardagica</i>
DRbo77		
DRbo78		
DAr79	Tepesuyu Köyü, Ardahan	<i>Darevskia armeniaca</i>
DRr80	Karacaören Köyü, Başçiftlik, Tokat	<i>Darevskia rudis rudis</i>
DRr81		
DRr82	Tekkeköy, Samsun	<i>Darevskia rudis rudis</i>
DRr83	Şalpazarı, Trabzon	<i>Darevskia rudis rudis</i>
DRr84	Zigana Geçidi, Trabzon	<i>Darevskia rudis rudis</i>
DRbi85	Maden Köyü, Şavşat, Artvin	<i>Darevskia rudis bischoffi</i>
DRbi86	Cankurtaran Geçidi, Hopa, Artvin	<i>Darevskia rudis bischoffi</i>
DRo87	Kutul Yaylası, Ardanuç, Artvin	<i>Darevskia rudis obscura</i>
DRma88	Sahara Ormanı, Şavşat, Artvin	<i>Darevskia rudis macromaculata</i>
DRmi89	Ovit, İspir, Erzurum	<i>Darevskia rudis mirabilis</i>
DUn90	Hanak, Ardahan	<i>Darevskia unisexualis</i>
DUz91	Katerina Köşkü, Sarıkamış, Kars	<i>Darevskia uzzelli</i>
DBe92	Demircik Köyü, Çaldıran, Van	<i>Darevskia bendimahiensis</i>
DRa93	Digor, Kars	<i>Darevskia raddei</i>



**Şekil 3.1.** Tez çalışması kapsamında kullanılan popülasyonların lokaliteleri (Harita üzerindeki numaralar moleküler analizlerde kullanılan DNA kodlarını temsil etmektedir, bakınız Çizelge 3.1).

Tez çalışması kapsamında değerlendirilen örneklerden her bir popülasyonun genetik farklılığı, bu farklılığın popülasyonlar arasındaki boyutu ve bu boyutun filogenetik yaklaşımlarla değerlendirilmesi ile *D. valentini* grubunun moleküler seviyede taksonomik durumu ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır. Bu hedefe ulaşmak için önce ilgili genlerin elde edilmesi adına laboratuvar çalışmaları yürütülmüş, ardından ise elde edilen bu DNA dizilerinin kullanıldığı filogenetik analizler gerçekleştirilmiştir. Ayrıca hem *D. valentini* türü içerisindeki popülasyonların hem de söz konusu tür ile kardeş takson durumundaki *D. rudis* türüne ait popülasyonların morfolojik karşılaştırması yapılarak bu belirteçler açısından farklılıkların olup olmadığı ortaya konmaya çalışılmıştır.

### 3.3. Laboratuvar Çalışması

Moleküler çalışmanın gerçekleştirilebilmesi adına kullanılması planlanan örneklerin kuyrukları alınarak %98'lik alkol içine konulmuş ve -80°C'deki derin dondurucuda saklanarak bir doku kütüphanesi oluşturulmuştur. Bu kütüphanede yer alan doku örnekleri bir kod ile alındığı hayvanla ilişkilendirilerek kayıt altına alınmıştır (Çizelge 3.1). Daha sonra söz konusu hayvanlara ait kuyruk örneklerinden moleküler kısımda kullanılmak üzere yaklaşık 0.2 mg olacak şekilde bir kas parçası alınmıştır.

#### 3.3.1. DNA ekstraksiyonu

Her bir örneğe ait doku parçaları steril bisturi ile mekanik olarak daha da küçültülerek 1.5 ml'lik ependorf tüplerine aktarılmıştır. Bu küçültülmüş dokulardan PureLink (Invitrogen, Thermo Fisher Scientific genomik DNA izolasyon kiti <https://www.thermofisher.com/order/catalog/product/K182001>) kullanılarak DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. İzolasyon sonrasında elde edilen ürünler Nanodrop ile ölçülerek sahip oldukları DNA içeriği ve protein kontaminasyon oranı ortaya çıkarılmıştır. Bu aşamada DNA içeriği düşük olan örnekler (1 mikrolitresinde 100 nanogramdan az olanlar) standart fenol:kloroform:izoamilalkol (Sambrook and Russel, 2001) yöntemi kullanılarak tekrar izole edilmişlerdir. Bu şekilde düşük DNA konsantrasyonuna sahip örnekler için PCR aşamasında başarılı sonuçlar elde edebilmek adına izolasyon işlemi tekrarlanmıştır. Böylece tüm örnekler için PCR aşamasında kullanılmak üzere uygun yoğunlukta DNA içeren ürünler elde edilmiştir.

### **3.3.1.1. Invitrogen PureLink DNA ekstraksiyon kiti ile DNA izolasyonu**

- Mekanik olarak parçalanmış dokuları içeren her bir ependorf tüpünün kapağı açık bırakılarak alkolün tam olarak uçması sağlanmıştır.
- Her bir örnek için hücrelerin parçalanması amacıyla 180 µl “*Digestion Buffer*” ve 40 µl Proteinaz K eklenmiştir. Daha sonra her bir örnek vortekslenerek 55°C’de 1000 rpm çalkalanma hızı ile 1 gece inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon sonrası parçalanmış hücrelerin bulunduğu doku tüpleri kaba partiküllerin uzaklaştırılması amacıyla maksimum hızda 3 dk. santrifüj edilmiştir.
- Her bir örnek için süpernatant yeni bir steril ependorf tüpüne alınarak üzerine 20 µl RNaz eklenmiştir. Hafifçe vortekslendikten sonra bu şekilde oda sıcaklığında 2 dk. bekletilmiştir.
- Her bir örneğin üzerine 200 µl “*Lysis/Binding*” solüsyonundan eklenerek tamamen homojen oluncaya kadar vortekslenmiştir.
- Her bir örneğe 200 µl %96’lık etanol eklenerek vortekslenmiştir.
- Bu şekilde oluşturulan lizatlar spin kolonuna alınarak 10.000 g ile 1 dk. santrifüj edilmiştir.
- Toplama kabı boşaltıldıktan sonra her bir örnek üzerine 500 µl “*Wash Buffer 1*” eklenerek 10.000 g ile 1 dk. santrifüj edilmiştir.
- Toplama kabı boşaltıldıktan sonra her bir örnek üzerine 500 µl “*Wash Buffer 2*” eklenerek 10.000 g ile 1 dk. santrifüj edilmiştir.
- Son olarak spin kolonu maksimum hızda 3 dk. santrifüj edilmiştir.
- Spin kolonu yeni bir steril ependorf tüpüne alınarak üzerine 100 µl “*Elution Buffer*” eklenmiştir. Bu şekilde her bir örnek maksimum hızda 1.5 dk. santrifüj edilerek DNA pürifikasyonu tamamlanmıştır.

### **3.3.1.2. Standart fenol/kloroform DNA ekstraksiyon metodu**

- Mekanik olarak parçalanmış dokuları içeren her bir ependorf tüpünün kapağı açık bırakılarak alkolün tam olarak uçması sağlanmıştır.
- Her bir örnek için hücrelerin parçalanması amacıyla 700 µl STE (Sodyum/Tris/EDTA), 60 µl %10’luk SDS ve 30 µl Proteinaz-K (20mg/ml)

eklenmiş ve vortekslenerek 56°C'de 1000 rpm çalkalanma hızı ile 1 gece inkübasyona bırakılmıştır.

- İnkübasyon sonrası parçalanmış hücrelerin bulunduğu doku tüpüne 700 µl fenol:kloroform:izoamil alkol (25:24:1) çözeltisi eklenerek 20 dk. hassasça alt üst edilerek karıştırılmıştır. Daha sonra 10.000 rpm'de 5 dk. santrifüj edilmiştir.
- Santrifüj sonrası tüplerin üst kısmındaki süpernatant tabakası yeni bir ependorfa alınarak üzerine aynı hacimde fenol:kloroform:izoamil alkol eklenerek işlem tekrarlanmıştır.
- Yeniden süpernatant temiz bir ependorfa aktarılmış ve üzerlerine 70 µl 3M'lık Sodyum asetat (Naac) eklenmiştir.
- 1:1 hacim olacak şekilde -20°C'de bekletilen izopropanol eklenerek vortekslenmiş ve 2 saat -20°C'de inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyondan sonra +4°C ve 15.000 rpm'de 15 dk. santrifüj yapılmıştır.
- Her bir tüpteki izopropanol boşaltılarak dipte oluşan pellet üzerine %70'lik etil alkolden soğuk olarak 700 µl eklenerek karıştırılmış ve yine +4°C ve 15.000 rpm'de 15 dk. santrifüj yapılmıştır.
- Santrifüj işleminden sonra tüplerdeki süpernatant (etil alkol) boşaltılmıştır.
- Her bir örnek kapakları açık şekilde bekletilerek alkolün uçarak uzaklaşması sağlanmıştır.
- Pellet üzerine 100 µl steril distile su ilave edilmiş ve 1 saat boyunca 55°C'de bekletilerek pelletin çözünmesi sağlanmıştır.

### 3.3.2. Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

Tez çalışması kapsamında, Lacertidae familyasında yer alan türlerin filogenisi üzerine pek çok çalışmada tercih edilen ve mitokondriyal DNA üzerinde yer alan 12S rRNA, Sitokrom oksidaz subunit I (COI) ve sitokrom b (Cyt-b) gen bölgeleri ile nükleer DNA üzerinde yer alan C-mos (serin/treonin kinaz) ve MC1R (Melanokortin 1 reseptörü) hedef genler olarak seçilmiştir (Kyriazi et al., 2008; Kapli et al., 2012; Bellati et al., 2015; Ahmadzadeh et al., 2013; Tarkhnishvili et al., 2013; Freitas et al., 2016a). Bu genlere ait DNA dizilerinin elde edilebilmesi için Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ile söz konusu genler çoğaltılmış ve PCR ürünleri dizileme analizinde kullanılmıştır. Her bir gen için kullanılan primer

çiftleri ve her bir PCR için uygulanan reaksiyon koşulları Çizelge 3.2 ve 3.3’de verilmiştir.

**Çizelge 3.2.** Gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılmasında kullanılan primerler.

Primer Kodu	Gen Bölgesi	Kaynak	Primer Dizisi (5' – 3')	Referans
12Sal	12S rRNA	mtDNA	CTGGGATTAGATACCCCACTAT	Kocher et al., 1989
12Sbh			GAGGGTGACGGGCGGTGTGT	
LCO1490	COI	mtDNA	GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG	Simon et al., 1994
HCO2198			TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA	
GLUDG	Cyt-b	mtDNA	TGACCTGAARAACCAAYCGTTG	Palumbi et al., 1991 Engstrom et al., 2007
Peil			TCTTCTACTGGTTGTCTCCGATTCA	
G73	C-mos	nDNA	GCGGTAAAGCAGGTGAAGAAA	Saint et al., 1998
G74			TGAGCATCCAAAGTCTCCAATC	
MC1RF	MC1R	nDNA	GGCNGCCATYGTCAAGAACCGGAACC	Pinho et al., 2010
MC1RR			CTCCGRAAGGCRATAATGATGGGGTCCCAC	

**Çizelge 3.3.** Her bir gen bölgesinin PCR ile çoğaltımında kullanılan reaksiyon şartları (dk: dakika; sn: saniye).

Gen Bölgesi	PCR Koşulları					
	Başlangıç Denatürasyonu	Denatürasyon	Bağlanma	Uzama	Siklus	Son Uzama
12S	5dk. 95°C	30 sn. 95°C	45 sn. 56°C	60 sn.	35	7 dk. 72°C
COI	5dk. 95°C	30 sn. 95°C	30 sn. 52°C	45 sn.	30	5 dk. 72°C
Cyt-b	5dk. 95°C	30 sn. 95°C	45 sn. 49°C	90 sn.	35	5 dk. 72°C
C-mos	5dk. 95°C	30 sn. 95°C	45 sn. 52°C	70 sn.	35	5 dk. 72°C
MC1R	3dk. 95°C	30 sn. 95°C	45 sn. 59°C	80 sn.	35	5 dk. 72°C

Her bir örneğe ve gen bölgesine ait reaksiyon karışımı ortalama olarak 100ng/2µl kalıp DNA, 1X PCR tampon, 2,5mM/2µl dNTP, 1,5mM/2µl MgCl<sub>2</sub>, 20pmol/0,5µl primer ve 1.0 unit Taq DNA polimeraz olacak şekilde ve toplam reaksiyon hacmini 50 µl’ye tamamlayacak steril-distile su ile hazırlanmıştır.

PCR işleminden sonra ürünlerin kontrol edilmesi için tüm gen bölgeleri % 1.5-2 arası agaroz jelde yürütülmüştür. Agaroz 0.5X TBE (Tris: Borik asit: EDTA)

tamponu içinde çözününceye kadar mikrodalga fırında kaynatılmıştır. Çözünme gerçekleştikten sonra çözelti soğutulmuş ve içine DNA varlığını görünür kılacak 5 µl *Safeview* (abm) konulmuştur. Her yürütme işlemi için ilk kuyuya 100 bç. (Fermantas) DNA işaretleyicisinden 3 µl, sonraki kuyulara da 6x/2µl Brom-fenol mavisi ile boyanmış her bir örneğe ait 5 µl PCR ürünü yüklenmiştir. Son kuyuya ise, PCR karışımı hazırlanırken oluşabilecek herhangi bir kontaminasyonun varlığını tespit edebilmek için DNA yerine su konularak gerçekleştirilen PCR ürünü (negatif kontrol) yüklenmiştir. Elektroforez 100 Volt'ta 30 dakika süreyle gerçekleştirilmiş ve tamamlandıktan sonra DNA parçaları UV translüminatör ile görüntülenmiştir. Jel görüntüleri, jel dokümantasyon sistemi (Vilber Lourmat) kullanılarak kaydedilmiştir.

Bu şekilde her bir örnek için PCR işlemi yapılarak elde edilen ürünler gen bölgelerinin dizileme analizleri için ampikonları oluşturan PCR primerleri ile özel bir firmaya gönderilmiştir. Burada ABI PRISM 3700 DNA otomatik analiz (PE Applied Biosystems, Forster City, CA, USA) cihazı ile dizileme yapılmıştır. Sekanslama sonucu bu örneklere ait DNA dizileri her bir gen bölgesi için *National Center of Biotechnology Information*'ın web sayfasındaki (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) *Nucleotide-nucleotide* BLAST programı kullanılarak Gen Bankası'nda yer alan hem *D. valentini* türü hem de diğer Lacertidae familyası üyelerine ait DNA bölgeleri ile karşılaştırılmıştır. Bu kontrol işlemi ile hedeflenen gen dizilerinin doğru olarak elde edildiği tespit edilmiştir.

### 3.4. Filogenetik Analizler

#### 3.4.1. DNA veri dosyalarının oluşturulması

Tez çalışması kapsamında kullanılan mitokondriyal (12S rRNA, COI, Cyt-b) ve nükleer (C-mos, MC1R) gen bölgelerinin tamamı moleküler belirteçler olarak birbirinden bağımsız şekilde değerlendirilmiştir. Söz konusu gen bölgelerinin DNA dizileri saklanması üzere gen bankasına gönderilmiş olup her bir dizi için bir kabul numarası alınmıştır: 12S rRNA (MN613596-MN613688 arası), COI (MN613689-MN613781 arası), Cyt-b (MN613782-MN613874 arası), C-mos (MN613875-MN613965 arası), MC1R (MN613966-MN614057 arası).

Ağaç topolojisini ortaya çıkaracak olan filogenetik analizlerin uygulanabilmesi için her bir gen bölgesi ile hizalanabilen uygun dış gruplar yine

*Darevskia* cinsi içinde yer alan ve *D. valentini* türü ile yakından ilişkisi olan türler göz önüne alınarak oluşturulmuştur. Bu amaçla yine müze materyali olan *D. rudis*, *D. armeniaca*, *D. unisexualis*, *D. uzzelli* ve *D. bendimahiensis* türleri de laboratuvar çalışmasına eklenerek ilgili gen bölgelerinin DNA dizilerinin elde edilmesi sağlanmıştır. Çizelge 3.1’de çalışma kapsamında *Darevskia* cinsine dahil hangi türlerin ve alttürlerin dış grup olarak kullanıldığı paylaşılmıştır.

*D. valentini* türünün filogenetik olarak doğru bir şekilde yapılandırılabilmesi için bu türün de içerisinde yer aldığı “*rudis*” kladındaki (monofiletik bir soy hattı) diğer türler de veri setine eklenerek analizlerin bu şekilde de gerçekleştirilmesi hedeflenmiştir. Bu sebeple gen bankasında DNA dizileri mevcut olan çalışma konusunu teşkil eden *D. valentini* türünün yanında “*rudis*” kladına dahil *D. rudis* ve *D. portschinskii* türlerine ait DNA dizileri de taranmıştır. Bu işlemin ardından mevcut veri setindeki genlerden sadece Cyt-b dizisinin gen bankasında bulunan diziler ile hizalanabildiği tespit edilmiştir. Böylece tez çalışması kapsamında oluşturulan birleştirilmiş mtDNA veri setinin yanında gen bankasından temin edilerek mevcut olanlar ile birleştirilmiş Cyt-b veri seti de oluşturularak filogenetik analizlerde kullanılmaya hazır hale getirilmiştir. Gen bankasından temin edilen örnekler için Cyt-b dizisinin kabul numaraları ve referansları şu şekildedir: JN546146-JN546194 arasındaki tüm diziler (Tarkhnishvili et al., 2013); KU877988-KU878006 arasındaki tüm diziler (Koç et al., 2017); GU216632 ve GU216640-GU216649 arasındaki tüm diziler (Tarkhnishvili et al., 2010); MH271033, MH271036, MH271046, MH271056, MH271058, MH271059, MH271061, MH271062, MH271064, MH271065 ve MH271066 (Saber-Pirooz et al., 2018); GQ142123 (Pavlicev and Mayer, 2009); AF206173 ve AF206176; U88611.3, U88614.2 ve U88615.2 (Fu et al., 1997, 2000). Ayrıca MH271040 ve U88609.3 numaraları iki adet *D. parvula* örneği de çalışma kapsamında dış grup olarak kullanılmıştır.

Tez çalışması kapsamında nükleer genlerin DNA dizileri kullanılarak haplotip *network*’lerin oluşturulması hedeflenmiştir. Özellikle partenogenetik türlerin ortaya çıkışında genetiksel olarak babasal hattı oluşturduğu ileri sürülen *D. valentini* soy hatlarının bu türleşme süreçlerindeki rolü ortaya konulmaya çalışılmıştır. Bu amaç doğrultusunda Freitas et al. (2016a) tarafından değerlendirilen hem partenogenetik türlere hem de anasal hattı oluşturan *D. raddei*

türüne ait nükleer genlerin dizileri temin edilerek tez çalışmasındaki veri setleri ile birleştirilmiştir. Söz konusu veriler bilimsel yayını basılmış olmasına rağmen henüz gen bankası tarafından paylaşılmamıştır. Bu sebeple veriler sorumlu yazardan direk olarak temin edilerek kullanılmıştır.

Hem tez çalışması kapsamında hem de gen bankasından temin edilen DNA dizi verileri MAFFT v7 (Kato and Standley, 2013) programı ile hizalanmıştır. Bu şekilde hizalanarak analizlerde kullanılmak üzere birleştirilmiş mtDNA (12S rRNA, COI ve Cyt-b dizilerinin tamamı), sadece Cyt-b geninin 320 bazlık kısmı dizisi, C-mos ve MC1R olmak üzere dört farklı veri seti oluşturulmuştur.

### 3.4.2. Haplotip ve nükleotid çeşitliliği

Tüm bireylere ait hem mtDNA hem de çekirdek DNA dizilerinin sahip olduğu ortalama haplotip sayısı ve çeşitliliği, nükleotid çeşitliliği ve indel (insersiyon-delesyon) sayıları DnaSP v6 (Rozas et al., 2017) programı kullanılarak belirlenmiştir.

### 3.4.3. En uygun DNA değişim modelinin tespiti

Her bir gen bölgesinin hangi nükleotid değişim modeli altında değerlendirilmesi gerektiğini tespit etmek ve en uygun *partition* stratejisine karar vermek için IQ-TREE *web server* kullanılmıştır (Trifinopoulos et al., 2016 - <http://iqtree.cibiv.univie.ac.at>). Bu analiz sonucunda filogenetik ağaçların oluşturulması için kullanılacak mitokondriyal genlerin HKY+G modeli ile tek bir *partition* olarak analiz edilebileceği tespit edilmiştir. Böylelikle hem Maksimum Olasılık (ML) hem de Bayesiyen Yaklaşımı (BI) analizlerinde birleştirilmiş mtDNA verisi aynı model kullanılarak değerlendirilmiştir.

### 3.4.4. Neighbor-Joining analizi (NJ)

Genetik uzaklık analizi olarak bilinen NJ Mega X v10 (Kumar et al., 2018) programı ile her bir DNA dizisi için p-distance evrim modeli ve *bootstrap* 1000 olacak şekilde ayrı ayrı gerçekleştirilmiştir. Diğer filogenetik analizlerden farklı olarak bu analizde elde edilen en iyi nükleotid değişim modeli yerine genetik uzaklığın ifadesini sağlayan p-distance seçilmiştir.

### 3.4.5. Maksimum olasılık analizi (ML)

ML analizi IQ-TREE (Trifinopoulos et al., 2016) programı kullanılarak birleştirilmiş mtDNA veri seti ve Cyt-b gen dizisi için ayrı ayrı gerçekleştirilmiştir. Analiz *bootstrap* değeri 10000 olacak şekilde *ultrafast* algoritması ile bir kez, *bootstrap* değeri 100 olacak şekilde ise standart algoritma ile iki kez gerçekleştirilmiştir. Bu analizlerde SH-LTR değeri 10000 olarak ayarlanmıştır. Bu şekilde üç farklı istatistiksel değer (standart ve *ultrafast bootstrap* ile SH test) ağaç topolojisini nasıl etkilediği karşılaştırılmıştır. Elde edilen her bir ağaçta benzer topolojinin oluştuğu tespit edilmiştir.

### 3.4.6. Bayesiyan yaklaşımı (BI)

BI analizi MrBayes v3.2.6 (Ronquist et al., 2012) programı kullanılarak birleştirilmiş mtDNA veri seti ve Cyt-b gen dizisi için ayrı ayrı gerçekleştirilmiştir. Analizler iki kez olacak şekilde sekiz zincirde gerçekleştirilmiştir. Analizler için her bir siklusda  $2 \times 10^7$  jenerasyon yapılmış olup her 100 jenerasyonda bir ağaç topolojisi kayıt altına alınmıştır. Analizler sırasında elde edilecek sonucun kabul edilebilir olmasını sağlayan ayırım frekanslarının ortalama standart sapma değerinin 0.01'in altına düşmesi sağlanmıştır. Analiz sonuçları mevcut program ayarı olan %25 silip çıkarma (*burn-in*) altında sonuçlandırılmıştır. Böylece kaydedilen  $2 \times 10^5$  ağacın  $5 \times 10^4$  tanesi silinmiş, geriye kalan  $15 \times 10^4$  ağaçtan bir uzlaşma (*majority-rule consensus*) ağacı oluşturulmuştur.

### 3.4.7. Haplotipler arası *network* oluşturulması

Çalışma kapmasında dizileri elde edilen nükleer genler (C-mos ve MC1R) için PopART v1.7 (Leigh and Bryant, 2015) programı kullanılarak TCS (Clement et al., 2000) ile *network* ağları oluşturulmuştur. Bunun için daha önceden *Darevskia* cinsinde yer alan diğer türler için aynı gen bölgelerinin kullanıldığı bir çalışmadaki veriler mevcut tez çalışmasındakiler ile birleştirilmiştir (Freitas et al., 2016a). Bu şekilde oluşturulan veri setleri için önce DnaSP v6 (Rozas et al., 2017) programında *phase* durumları test edilmiştir. Böylece diploit olan bu sekanslardan haploit veri setleri oluşturulmuştur. Daha sonra oluşturulan bu haploit veri setleri kullanılarak *network*'ler oluşturulmuştur.

### 3.4.8. Tür sınırlarının belirlenmesi (*Species Delimitation*) analizi

ML analizi sonucunda hem mtDNA hem de Cyt-b gen bölgesi için elde edilen filogenetik ağaçlar ayrı ayrı olacak şekilde PTP (Zhang et al., 2013 - <https://species.h-its.org/ptp>) ve MPTP (Kapli et al., 2017 - <https://mptp.h-its.org/#/tree>) analizleri ile test edilmiştir. Bu şekilde mevcut dalların türleri temsil etme potansiyelleri ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır.

### 3.4.9. Ayrılma zamanlarının hesaplanması

*Darevskia* cinsi içinde yer alan türlerin ayrılma zamanlarının hesaplanmasında Lacertidae familyası için Cyt-b gen bölgesinin evrimleşme oranı olarak verilen 0.0164 değeri (S.D. 0.00317) kullanılmıştır (Carranza and Arnold, 2012). Bunun için PTP analizi sonucunda elde edilen farklı filo-grupların her birinden birer Cyt-b dizisi alınarak yeni bir veri seti oluşturulmuştur. Analiz BEAST v1.10.4 (Suchard et al., 2018) programında bağımsız olarak 3 kez olmak üzere  $5 \times 10^7$  jenerasyon olarak yürütülmüştür. Diğer ayarlar şu şekildedir: *Relaxed Uncorrelated Lognormal Clock, estimate, Yule process (speciation), random starting tree*. Analizlerin istatistiksel başarıya ulaşip ulaşmadığı Tracer v1.7.1 (Rambaut et al., 2018) programı ile kontrol edilmiş ve her bir analiz sonucunda elde edilen sonuçlar LogCombiner v1.10.4 ile birleştirilmiştir. Daha sonra bu birleştirilmiş sonuç dosyasından TreeAnnotator v1.10.4 programı kullanılarak bir konsensüs ağacı oluşturulmuştur.

## 3.5. Morfolojik Analizler

Çalışma kapsamında değerlendirilen popülasyonlardaki bireylerin morfolojik karakterleri kayıt altına alınmıştır. Örneklerin değerlendirmesinde kullanılan morfolojik karakterler Pholidosis Özellikleri ve Vücut Ölçüm İndeksleri olarak ayrı iki grup altında toplanmıştır. Söz konusu morfolojik karakterlere ait ölçümlerin elde edilmesinde  $\pm 0.02$  mm hassasiyete sahip dijital kumpas kullanılmıştır. Örneklerin incelenmesi Leica marka Stereo mikroskop (S8-Apochromatic Optics) altında gerçekleştirilmiştir.

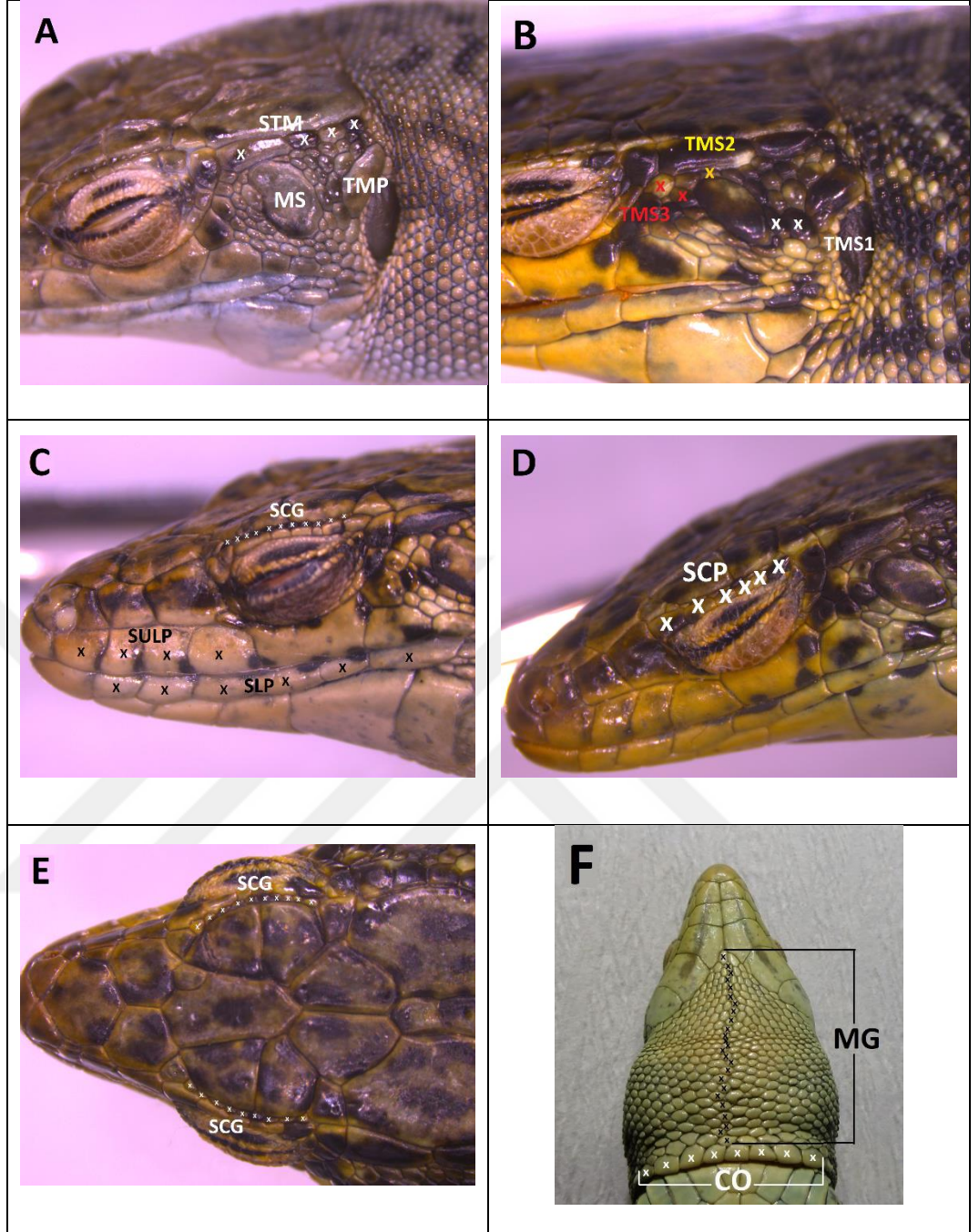
Örneklerin değerlendirilmesinde kullanılan pholidosis ve indeks özelliklerini temsil eden karakterlerin kısaltılması ve açıklaması aşağıdaki gibidir:

1. SCG1: Sol tarafta yer alan supraciliar granül sayısı;

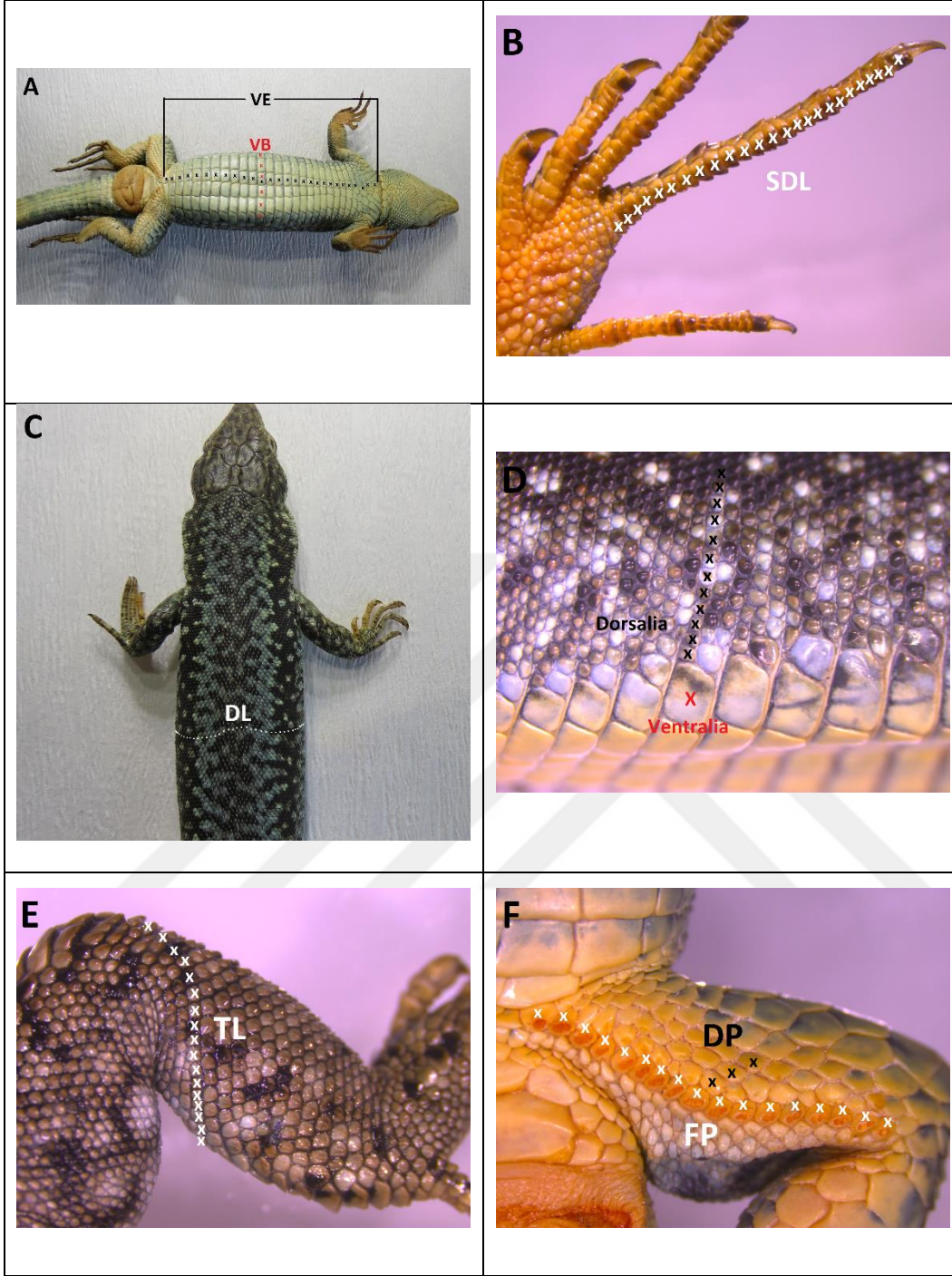
2. SCG2: Sağ tarafta yer alan supraciliar granül sayısı;
3. SCP1: Sol tarafta yer alan supraciliar plak sayısı;
4. SCP2: Sağ tarafta yer alan supraciliar plak sayısı;
5. SLP1: Sol tarafta yer alan supralabial plak sayısı;
6. SLP2: Sağ tarafta yer alan supralabial plak sayısı;
7. SULP1: Sol tarafta yer alan sublabial plak sayısı;
8. SULP2: Sağ tarafta yer alan sublabial plak sayısı;
9. CO: Collare sayısı;
10. MG: Median gular sayısı;
11. STM1: Sol tarafta yer alan supratemporal sayısı;
12. STM2: Sağ tarafta yer alan supratemporal sayısı;
13. VE: Ventralia enine sıra plak sayısı;
14. VB: Ventralia boyuna sıra plak sayısı;
15. PA1: Anal plağın önündeki preanal plak sayısı;
16. PA2: Anal plağın çevresinde yer alan preanal plak sayısı;
17. FP1: Sol tarafta yer alan femoral por sayısı;
18. FP2: Sağ tarafta yer alan femoral por sayısı;
19. DP: Femoral porlar ile en dıştaki plaklar arasındaki pul sayısı;
20. SDL1: Sol tarafta yer alan subdigital lamel sayısı;
21. SDL2: Sağ tarafta yer alan subdigital lamel sayısı;
22. TL: Tibial pul sayısı;
23. DL: Dorsal pul sayısı;
24. TMSO1: Sol tarafta yer alan masseterik ile timpanik plaklar arasındaki pul sayısı;
25. TMSO2: Sol tarafta yer alan masseterik ile supratemporal plaklar arasındaki pul sayısı;
26. TMSO3: Sol tarafta yer alan masseterik ile postorbital plaklar arasındaki pul sayısı;
27. TMSA1: Sağ tarafta yer alan masseterik ile timpanik plaklar arasındaki pul sayısı;
28. TMSA2: Sağ tarafta yer alan masseterik ile supratemporal plaklar arasındaki pul sayısı;
29. TMSA3: Sağ tarafta yer alan masseterik ile postorbital plaklar arasındaki pul sayısı;

30. MS1: Sol tarafta yer alan masseterik plak;
31. MS2: Sağ tarafta yer alan masseterik plak;
32. TMP1: Sol tarafta yer alan timpanik plak;
33. TMP2: Sağ tarafta yer alan timpanik plak;
34. BG (Baş+Gövde): Rostrum ucundan kloak açıklığına kadar olan mesafe;
35. PE (Pileus Eni): Parietal plakların en geniş uzunluğu;
36. PB (Pileus Boyu): Rostrum ucundan parietal plağın arka kenarına kadar olan mesafe;
37. BE (Baş Eni): Başın en geniş olduğu mesafe;
38. BB (Baş Boyu): Rostrum ucundan kulağın arka kenarına kadar olan mesafe;
39. ÖB (Ön Bacak): Sol ön bacağın vücut kaidesinden en uzun parmak ucuna kadar olan mesafe;
40. AB (Arka Bacak): Sol arka bacağın vücut kaidesinden en uzun parmak ucuna kadar olan mesafe;
41. ANE: Anal plağın eni;
42. ANB: Anal plağın boyu;
43. PI (Pileus indeksi):  $\text{Pileus eni/Pileus boyu} \times 100$ ;
44. BI (Baş indeksi):  $\text{Baş eni/Baş boyu} \times 100$ ;
45. AI (Anal indeksi):  $\text{Anal eni/Anal boyu}$ ;
46. BBG:  $\text{Baş boyu/Baş+Gövde} \times 100$ ;
47. ABBG:  $\text{Arka bacak boyu/Baş+Gövde} \times 100$ .

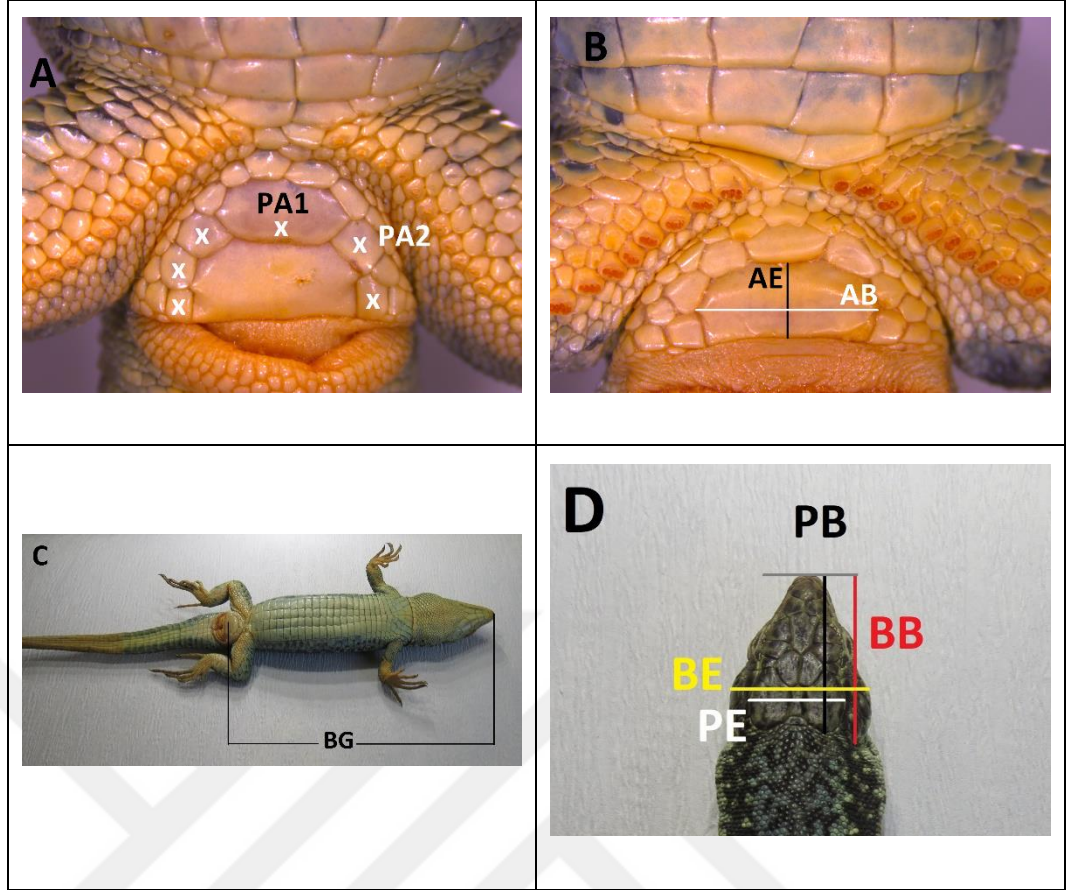
Söz konusu morfolojik karakterler şekil 3.2, 3.3 ve 3.4'te gösterilmiştir.



**Şekil 3.2.** Değerlendirmeye alınan bazı pholidosis karakterleri, A-B: Temporal Bölge, C-D: Başın lateralden görünümü, E: Başın dorsalinden supraciliar granüllerin görünümü, F: Başın altından collare ve median guların görünümü.



**Şekil 3.3.** Değerlendirmeye alınan bazı pholidosis karakterleri, A: Vücudün ventralden görünümü, B: Arka ayağın görünümü, C: Vücudün dorsalden görünümü, D: Lateralde dorsal pullar ve ventral plakların görünümü, E: Arka bacağın üstten görünümü, F: Arka bacağın alttan görünümü.



**Şekil 3.4.** Değerlendirmeye alınan bazı pholidosis karakterleri ve vücut ölçümleri, A-B: Anal Bölge, C: Vücudun ventralden görünümü, D: Başın dorsalden görünümü.

Morfolojik analizler, moleküler analizler neticesinde elde edilen her bir klad göz önüne alınarak yürütülmüştür. Öncelikle morfolojik karakterlerin dağılımı SPSS 24 programında gerçekleştirilen tanımlayıcı istatistik analizi ile ortaya çıkarılmıştır. Daha sonra mevcut verilerin cinsiyete bağlı olarak değişip değişmediği tespit edilmeye çalışılmıştır. Bu amaç için,

- Veri setlerinde yer alan karakterlerin normal dağılım gösterip göstermediği tespit edilmiştir. Bu tespit işleminde, *Skewness* ve *Kurtosis* değerleri +1.00 ve -1.00 arasında olan karakterlerin normal dağıldığı kabul edilmiştir.
- Normal dağılım gösteren karakterler parametrik bir yaklaşım olan t-test ile analiz edilerek hangilerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır.
- Normal dağılım göstermeyen karakterler nonparametrik bir yaklaşım olan Mann-Whitney U ile analiz edilerek hangilerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır.

Bu şekilde cinsiyete bağlı olarak değişiklik gösterdiği tespit edilen morfolojik karakterler ile erkek ve dişi bireyler için ayrı ayrı olacak şekilde iki yeni veri seti

oluřturulmuřtur. Ayrıca cinsiyete baęlı olmayan karakterler için ise, tüm bireylerin yer aldığı üçüncü bir veri seti oluřturulmuřtur. Bu yeni veri setleri ile,

- Normalite testi yapılarak hangi karakterlerin normal daęılım gösterdiği ve hangilerinin göstermedięi saptanmıřtır. Bu tespit iřleminde, *Skewness* ve *Kurtosis* deęerleri +1.00 ve -1.00 arasında olan karakterlerin normal daęıldığı kabul edilmiřtir.
- Normal daęılım göstermeyen karakterlerin verileri LG10 tabanına çevrilmiřtir.

Bu řekilde elde edilen verilerden sadece normal daęılım gösterenler, kladların ayırımı ortaya çıkarmak için Diskriminant analizine sokulmuřtur. Böylece üç farklı veri seti kullanılarak üç ayrı Diskriminant analizi gerekleřtirilmiřtir. Diskriminant analizleri sonucunda, hangi karakterlerin kladların ayırımına ne ölçüde imkan tanıdığı tespit edilmiřtir.

## 4. BULGULAR

Çalışma kapsamında hem moleküler hem de morfolojik olmak üzere iki ayrı veri seti değerlendirilmiştir. Bu birbirinden bağımsız veri tipleri ilgili yöntemler uygulanarak analiz edilmiş ve türün taksonomik olarak yapılandırılması için gerekli tespitler elde edilmiştir.

### 4.1. Moleküler Belirteçlerin Analiz Sonuçları

Tez çalışması kapsamında mitokondriyal DNA'da yer alan 12S rRNA, COI ve Cyt-b ile nükleer DNA'da yer alan C-mos ve MC1R genlerinin kısmi dizileri filogenetik analizlerde kullanılmak üzere elde edilmiştir.

#### 4.1.1. Mitokondriyal 12S rRNA DNA dizisinin genetiksel değerlendirmesi

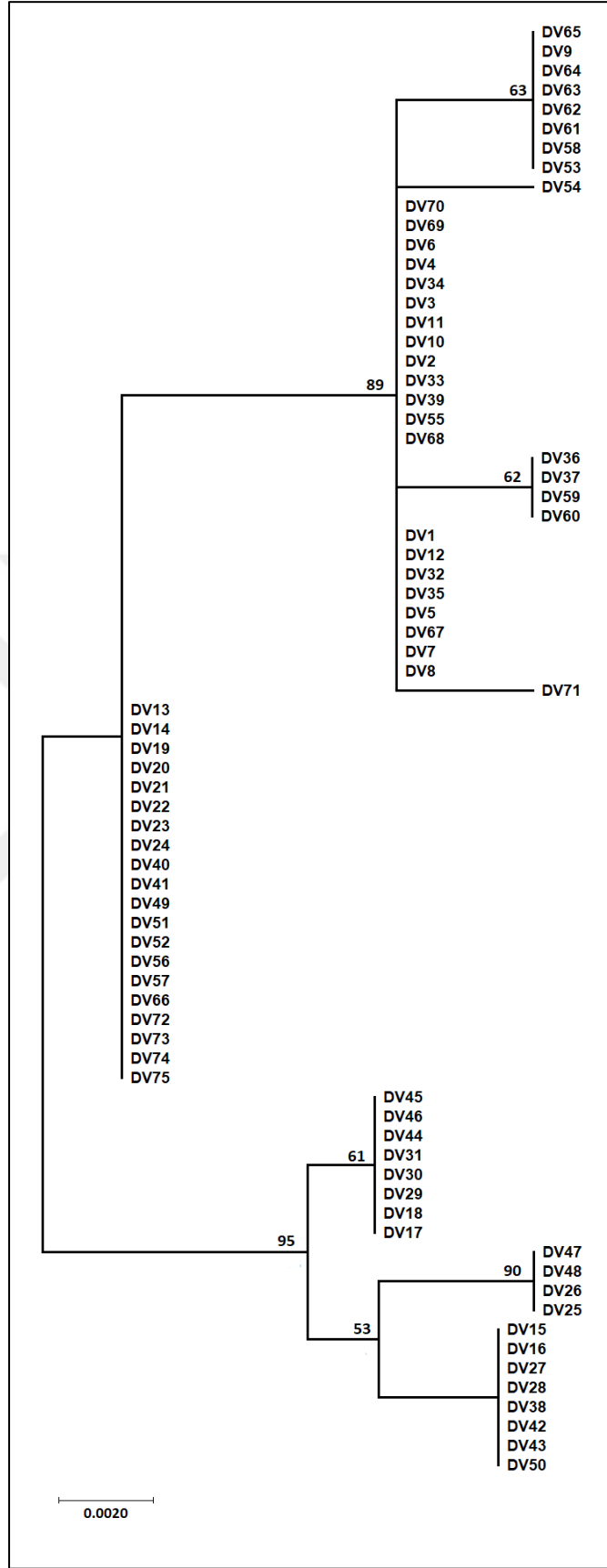
Tez çalışması kapsamında laboratuvar çalışmaları neticesinde toplam 349 baz çifti uzunluğunda 12S rRNA gen dizisi elde edilmiştir. Elde edilen 75 örneğin bütün 12S rRNA gen bölgesinde 9 haplotip saptanırken haplotip çeşitliliği 0.82 ( $\pm 0.023$ ), nükleotid çeşitliliği ise 0.00821 ( $\pm 0.00057$ ) olarak saptanmıştır. Tüm dizi boyunca *parsimony informative* bölge sayısı 9 olup polimorfik bölge sayısı ise 11'dir.

12S rRNA gen bölgesinin genetik uzaklık ağacı NJ analizi ile gerçekleştirilmiştir (Şekil 4.1). Analize ait istatistiksel değerler (*bootstrap*) ağaç üzerinde gösterilmiştir. Ağaç üzerinde belirtilen örneklerin ayrıntılı bilgisi Çizelge 3.1'de verilmiştir.

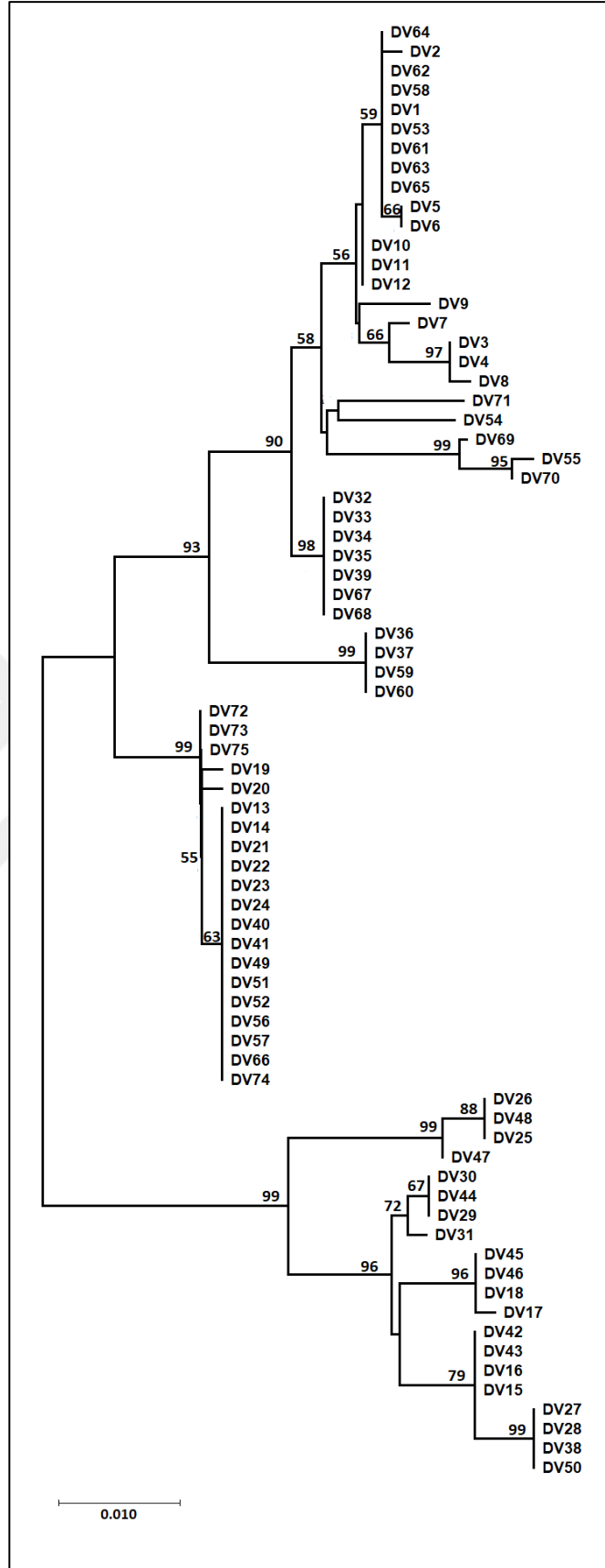
#### 4.1.2. Mitokondriyal COI DNA dizisinin genetiksel değerlendirmesi

Tez çalışması kapsamında laboratuvar çalışmaları neticesinde toplam 615 baz çifti uzunluğunda COI gen dizisi elde edilmiştir. Elde edilen 75 örneğin bütün COI gen bölgesinde 27 haplotip saptanırken haplotip çeşitliliği 0.93 ( $\pm 0.016$ ), nükleotid çeşitliliği ise 0.03398 ( $\pm 0.00181$ ) olarak saptanmıştır. Tüm dizi boyunca *parsimony informative* bölge sayısı 73 olup polimorfik bölge sayısı ise 88'dür.

COI gen bölgesinin genetik uzaklık ağacı NJ analizi ile gerçekleştirilmiştir (Şekil 4.2). Analize ait istatistiksel değerler (*bootstrap*) ağaç üzerinde gösterilmiştir. Ağaç üzerinde belirtilen örneklerin ayrıntılı bilgisi Çizelge 3.1'de verilmiştir.



**Şekil 4.1.** 12S rRNA gen bölgesinin filogenetik analizi sonucu elde edilen NJ ağacı (Sayılar *bootstrap* değeridir; 50< değerler gösterilmiştir).



**Şekil 4.2.** COI gen bölgesinin filogenetik analizi sonucu elde edilen NJ ağacı (Sayılar *bootstrap* değeridir; 50< değerler gösterilmiştir).

#### 4.1.3. Mitokondriyal Cyt-b DNA dizisinin genetiksel deęerlendirmesi

Tez alıřması kapsamında laboratuvar alıřmaları neticesinde toplam 743 baz ifti uzunluęunda Cyt-b gen dizisi elde edilmiřtir. Elde edilen 75 rneęin btn Cyt-b gen blgesinde 25 haplotip saptanırken haplotip eřitlilięi 0.93 ( $\pm 0.015$ ), nkleotid eřitlilięi ise 0.03614 ( $\pm 0.00172$ ) olarak saptanmıřtır. Tm dizi boyunca *parsimony informative* blge sayısı 92 olup polimorfik blge sayısı ise 97'dir.

Cyt-b gen blgesinin genetik uzaklık aęacı NJ analizi ile gerekleřtirilmiřtir (řekil 4.3). Analize ait istatistiksel deęerler (*bootstrap*) aęa zerinde gsterilmiřtir. Aęa zerinde belirtilen rneklelerin ayrıntılı bilgisi izelge 3.1'de verilmiřtir.

#### 4.1.4. Nkleer C-mos DNA dizisinin genetiksel deęerlendirmesi

Tez alıřması kapsamında laboratuvar alıřmaları neticesinde toplam 326 baz ifti uzunluęunda C-mos gen dizisi elde edilmiřtir. Her bir rneęe ait *peak* dosyası tek tek kontrol edilerek st ste akıřma durumu olan heterozigot pozisyonlar saptanmıř ve bu pozisyonlara baz grubunun IUPAC kodu yazılmıřtır. Nkleer genlerin diploit olmasından dolayı C-mos geni iin DNAsp programında *phase* durumu ortaya ıkarılmıřtır. Daha sonra bu veri seti zerinden deęerlendirme yapılmıřtır.

Elde edilen 75 rneęin btn C-mos gen blgesinde 7 haplotip saptanırken haplotip eřitlilięi 0.67 ( $\pm 0.023$ ), nkleotid eřitlilięi ise 0.00297 ( $\pm 0.00023$ ) olarak saptanmıřtır. Tm dizi boyunca *parsimony informative* blge sayısı 8 olup polimorfik blge sayısı ise 8'dir.



#### 4.1.5. Nükleer MC1R DNA dizisinin genetiksel değerlendirilmesi

Tez çalışması kapsamında laboratuvar çalışmaları neticesinde toplam 620 baz çifti uzunluğunda MC1R gen dizisi elde edilmiştir. Her bir örneğe ait *peak* dosyası tek tek kontrol edilerek üst üste çakışma durumu olan heterozigot pozisyonlar saptanmış ve bu pozisyonlara baz grubunun IUPAC kodu yazılmıştır. Nükleer genlerin diploit olmasından dolayı MC1R geni için DNAsp programında *phase* durumu ortaya çıkarılmıştır. Daha sonra bu veri seti üzerinden değerlendirme yapılmıştır.

Elde edilen 75 örneğin bütün MC1R gen bölgesinde 14 haplotip saptanırken haplotip çeşitliliği 0.69 ( $\pm 0.032$ ), nükleotid çeşitliliği ise 0.00247 ( $\pm 0.00019$ ) olarak saptanmıştır. Tüm dizi boyunca *parsimony informative* bölge sayısı 12 olup polimorfik bölge sayısı ise 13'tür.

#### 4.1.6. Filogenetik ağaç topolojisi

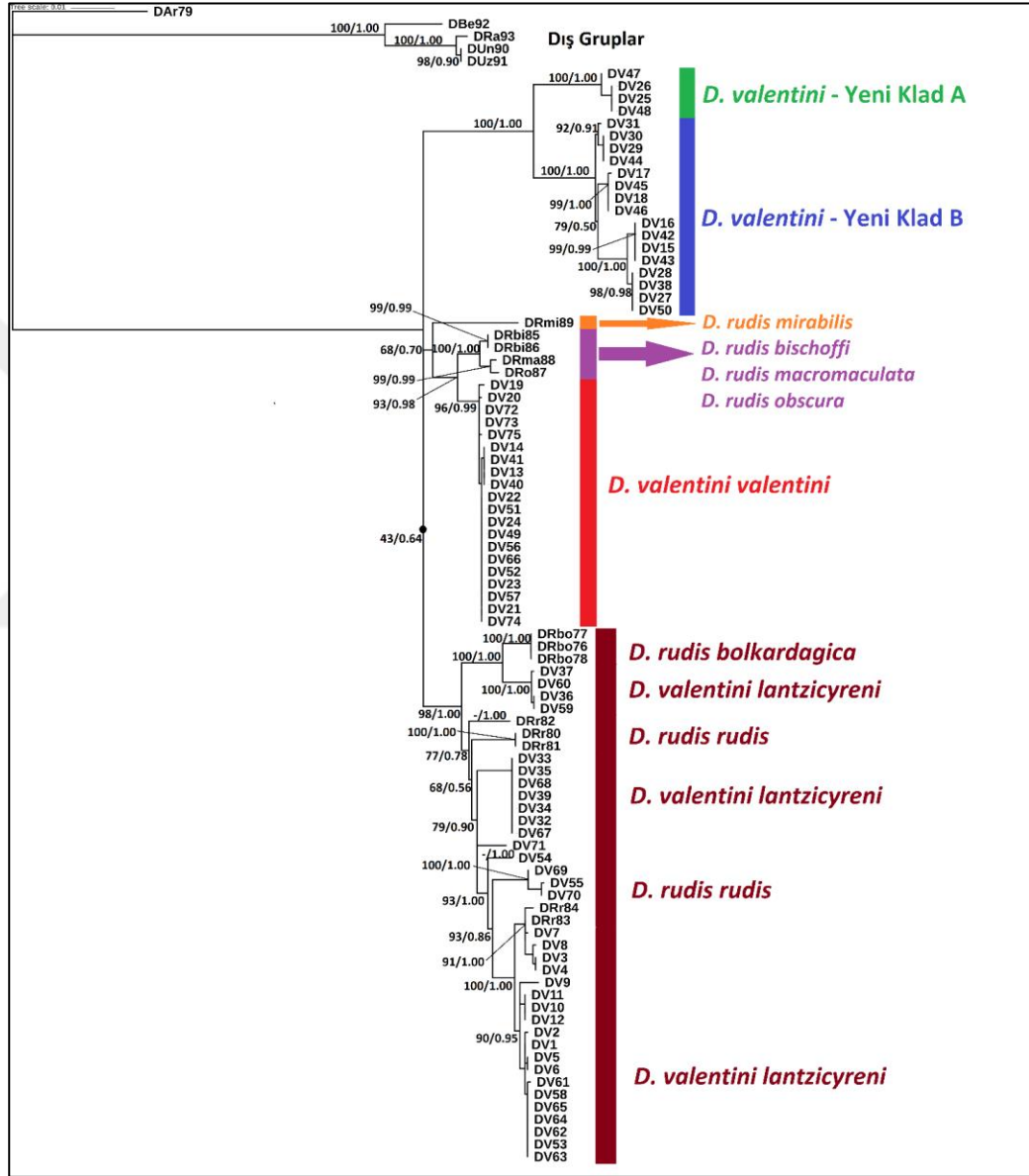
Çalışma kapsamında *D. valentini* türünün filogenisini yapılandırmak üzere ağaç topolojisi oluşturulmaya çalışılmıştır. Bu amaçla birleştirilmiş mtDNA ve Cyt-b olmak üzere iki ayrı veri seti ile aynı analizler gerçekleştirilmiştir.

##### **4.1.6.1. Birleştirilmiş mtDNA verisine ait filogenetik ağaç**

Tez çalışması kapsamında değerlendirilen ve mitokondriyal DNA üzerinde yer alan 12S rRNA, COI ve Cyt-b gen dizilerinin birleştirilmesi ile oluşturulan toplamda 1707 baz uzunluğundaki mtDNA dizisi ML ve BI analizlerinde kullanılmıştır. Ortaya çıkan filogenetik ağaçların topolojik olarak benzerliği sebebiyle sadece bir tanesi seçilmiş ve her iki analizden elde edilen *bootstrap* ve *posterior probabilities (pp)* değerleri dallar üzerinde belirtilmiştir (Şekil 4.4).

Elde edilen sonuç neticesinde en çarpıcı bulgunun *D. valentini* olarak kabul ettiğimiz bazı popülasyonların filogenetiksel olarak diğer popülasyonlardan oldukça uzak ve farklı dallarda gözükmeleridir (Yeni Klad A ve B, Şekil 4.4). Yeni klad olarak ortaya çıkan bu popülasyonlar Anadolu'nun doğusunda Van, Ağrı ve Erzurum illerini içine alan bölgede dağılışı göstermektedirler. Diğer bir göze çarpan önemli bulgu ise, *D. v. valentini* alttürü *D. rudis* türüne ait bazı alttürler (*D. r. mirabilis* Arribas, Ilgaz, Kumlutaş, Durmuş, Avcı and Üzümlü, 2013, *D. r. bischoffi* Böhme and Budak, 1977, *D. r. macromaculata* Darevsky, 1967, *D. r. obscura* Lantz

and Cyrén, 1936) ile kardeş takson pozisyonundayken, *D. v. lantziyreni* olarak bilinen popülasyonların *D. r. rudis* ve *D. r. bolkardagica* alttürleri ile birlikte dallanmasıdır (Şekil 4.4). *D. valentini* türünün bu her iki alttürü de mtDNA analizine göre monofiletik olarak gruplanmışlardır. Ancak *D. v. valentini* alttürü tamamen izole olarak dallanırken, *D. v. lantziyreni*, *D. r. rudis* alttürü ile iç içe geçen bir filogeni sergilemektedir.



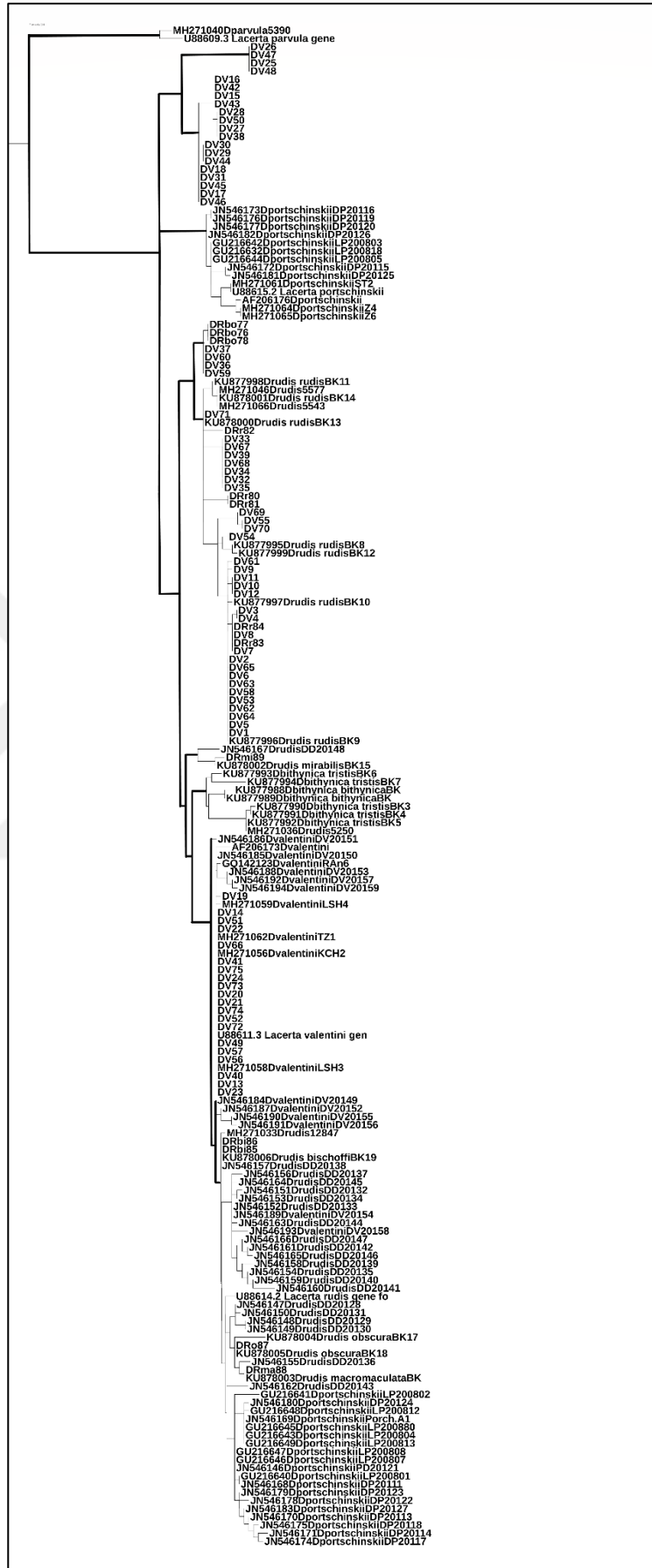
**Şekil 4.4.** Birleştirilmiş mtDNA dizisinin analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç (*bootstrap/pp* değerleri ağaç üzerinde gösterilmiştir).

#### **4.1.6.2. Cyt-b verisine ait filogenetik ağac**

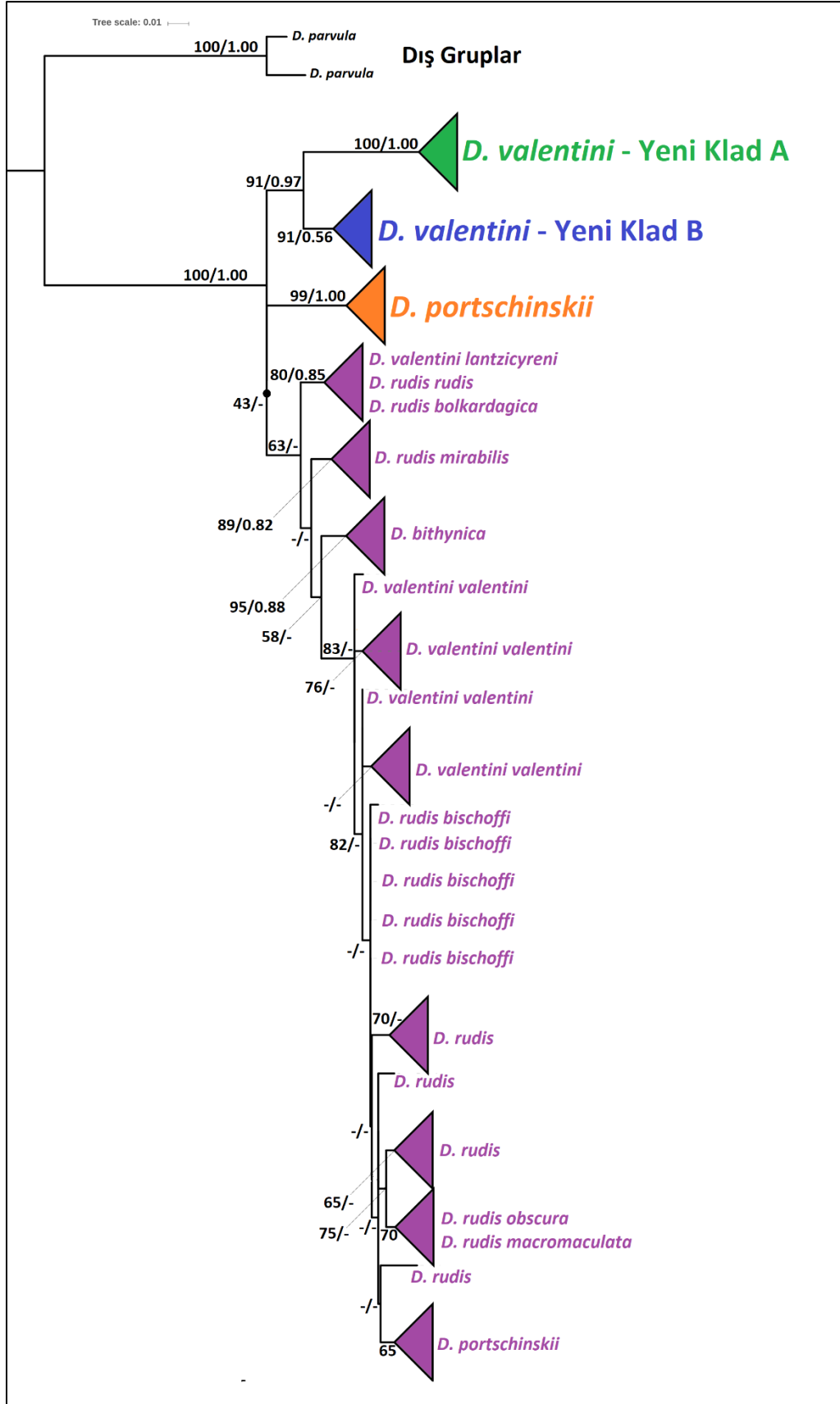
*Darevskia valentini* türünün içinde yer aldığı “*rudis*” grubundaki diğer türleri de (*D. rudis*, *D. portschinskii* ve *D. bithynica*) değerlendirmeye katarak mtDNA analizi ile elde edilen sonuçların ne derece doğru olduğu anlaşılmaya çalışılmıştır. Bunun için temin edilen sekanslar ile mevcut olanları toplamda 320 baz uzunluğunda örtüşme göstermişler ve analizlerde bu kısımlık veri kullanılmıştır.

Bu şekilde gerçekleştirilen filogenetik analizler de, yeni klad olarak ortaya çıkan soy hatlarının varlığını doğrulamaktadır (Şekil 4.5 ve 4.6). Bu kladların “*rudis*” grubunda yer alan diğer türlerden genetiksel olarak farklı olduğu ve tamamen izole olarak ayrı dallarda yerleştikleri belirlenmiştir. Ancak söz konusu analiz ortaya çıkan yeni kladları net bir şekilde desteklerken, geriye kalan *D. valentini* popülasyonları hakkında yorum yapmaya imkan tanıyacak bir filogenetik yapıyı oluşturamamıştır (Şekil 4.5 ve 4.6).

Çalışma kapsamı dışında kalsa da bu yeni analiz neticesinde *D. portschinskii* türünün iki ayrı soy hattına ayrıldığı ortaya çıkmaktadır. Bunlardan bir tanesinin diğerine göre tamamen izole olduğu, diğerinin ise geriye kalan *D. valentini*, *D. rudis* ve *D. bithynica* türleri ile ilişkili olduğu saptanmıştır. Ancak bu dört tür arasındaki ilişkinin filogenisel olarak netleştirilmesi her ne kadar türlerin birçoğu iç düğümlerde (*internal node*) monofiletik birer grup olarak dallansa da sert politomiler (*hard politomies*) sebebiyle mümkün olmamıştır (Şekil 4.5 ve 4.6).



Şekil 4.5. Cyt-b gen dizisinin analizi sonucu elde edilen görseli işlenmemiş filogenetik ağaç.



**Şekil 4.6.** Cyt-b gen dizisinin analizi sonucu elde edilen görseli düzenlenmiş filogenetik ağaç (*bootstrap/pp* değerleri ağaç üzerinde gösterilmiştir).

#### 4.1.7. Tür ağacı (*Species Delimitation*) analizi

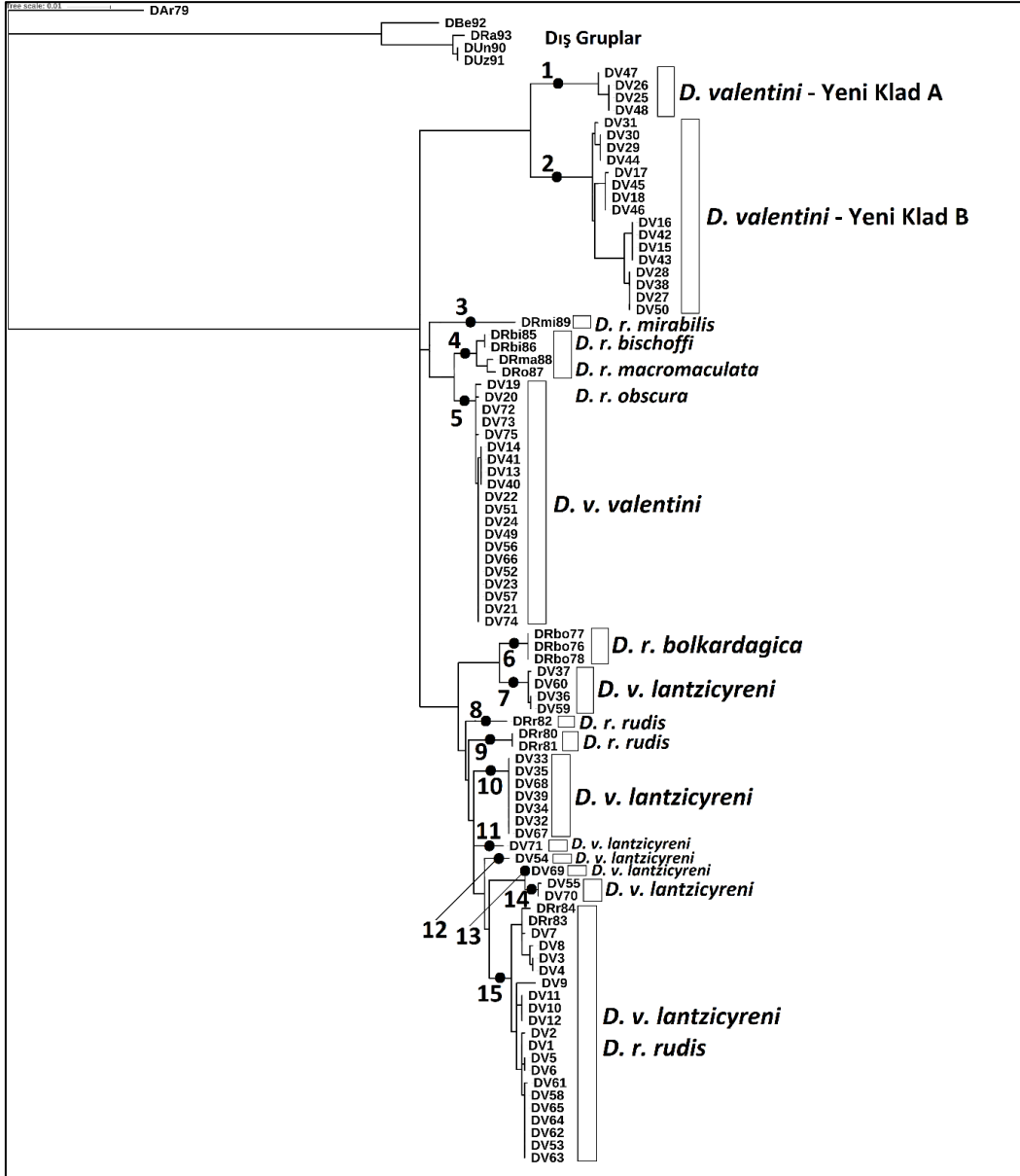
Elde edilen filogenetik ağaçlardaki dalların tür olma potansiyeline sahip bir filo-grubu temsil etme durumları iki farklı analiz altında değerlendirilmiştir.

##### **4.1.7.1. PTP analizi ile tür sınırlarının belirlenmesi**

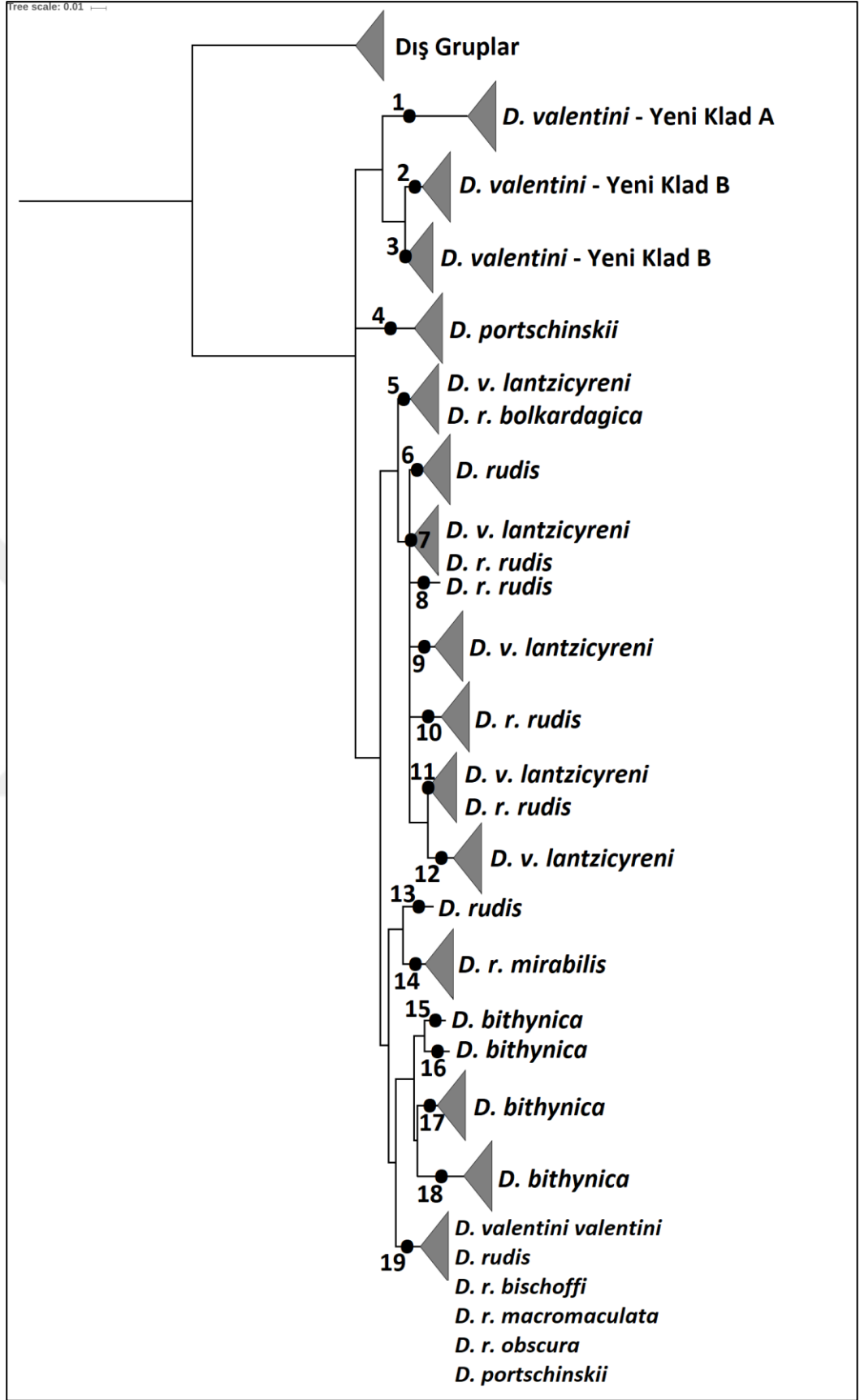
ML analizi ile hem mtDNA hem de Cyt-b için elde edilen filogenetik ağaçlar PTP (*Poisson Tree Processes*) analizine sokulmuştur.

mtDNA verisine göre oluşturulan ağaç topolojisi, tüm popülasyonlar için olası 15 farklı filo-grubu ortaya çıkarmıştır. Bunlardan iki tanesi *D. valentini* türünün yeni soy hatları ile ilişkilidir (Şekil 4.7). *D. v. valentini* ile birlikte *D. r. mirabilis* ve *D. r. bolkardagica* alttürlerinin yerleştikleri dallar farklı tür olabilme ihtimallerini desteklerken, *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata* ve *D. r. obscura* alttürlerinin tek bir türü temsil etme durumu ortaya çıkmıştır. Analiz sonuçları geriye kalan *D. v. lantzicyreni* ve *D. r. rudis* popülasyonlarından pek çoğunun farklı türler olma potansiyellerinin olduğunu ortaya koymaktadır. Elde edilen 15 filo-gruptan 9 tanesi birbiri ile iç içe geçmiş bir örüntü sergileyen bu alttürler ile ilişkilidir (Şekil 4.7).

Cyt-b verisine göre oluşturulan ağaç topolojisi, tüm popülasyonlar için olası 19 farklı filo-grubu ortaya çıkarmıştır. Bu analiz yeni klad A'nın farklı olduğu yönündeki düşüncüyü desteklerken, önceki sonuçtan farklı olarak yeni klad B'nin iki ayrı tür dalı içerdiğini ileri sürmektedir. Bu analize göre pek çok monofiletik grubun farklı türleri temsil edebilme ihtimalleri ortaya çıkmıştır. Bu monofiletik gruplardan bazıları *D. portschinskii* ve *D. bithynica* gibi sadece türleri içerirken, bazıları da *D. valentini* ve *D. rudis*'in alttürlerini tek başlarına ya da farklı alttürleri birlikte içermektedirler (Şekil 4.8).



Şekil 4.7. PTP analizi sonucunda mtDNA ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları.



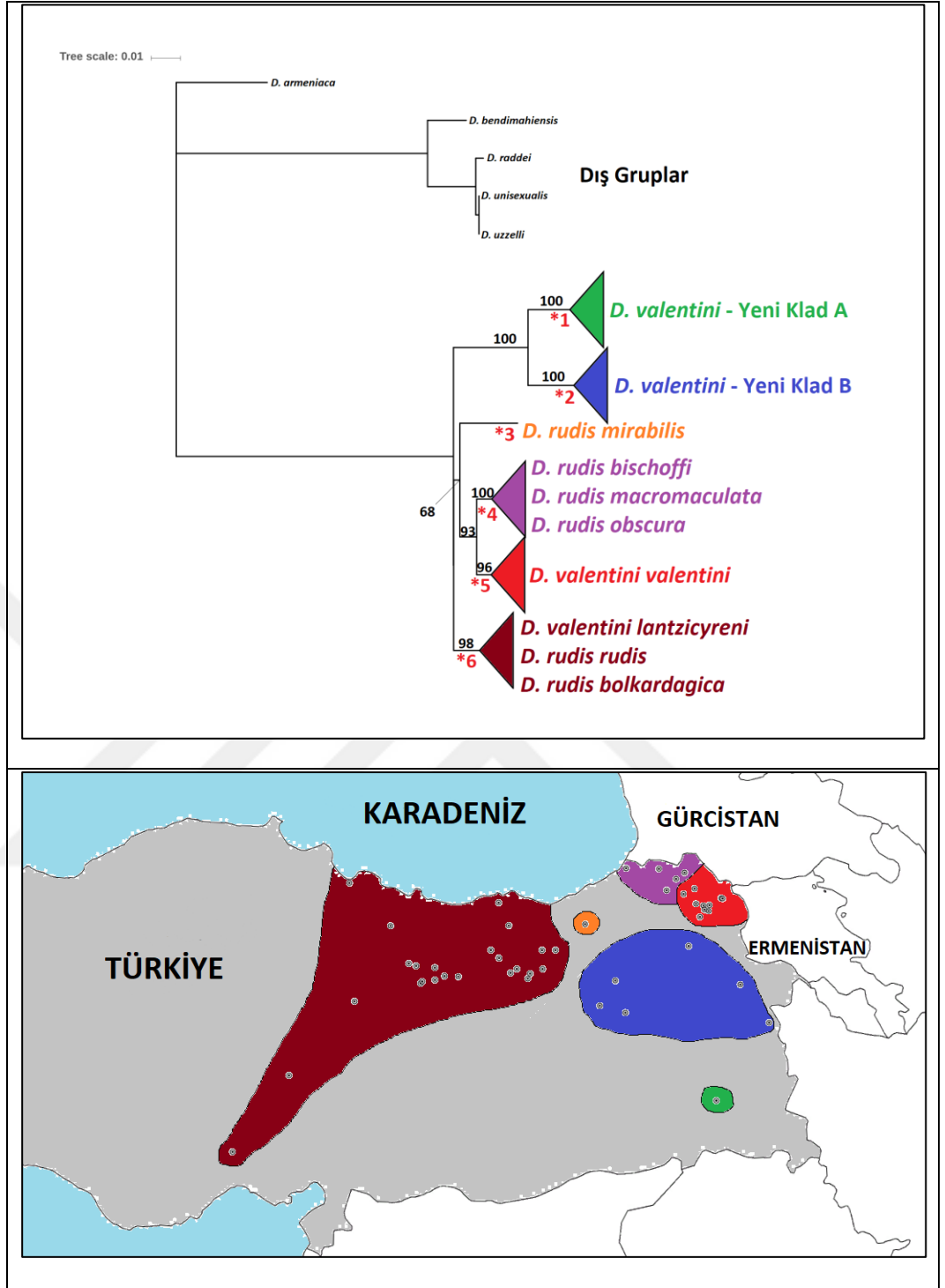
**Şekil 4.8.** PTP analizi sonucunda Cyt-b ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları.

#### **4.1.7.2. MPTP analizi ile tür sınırlarının belirlenmesi**

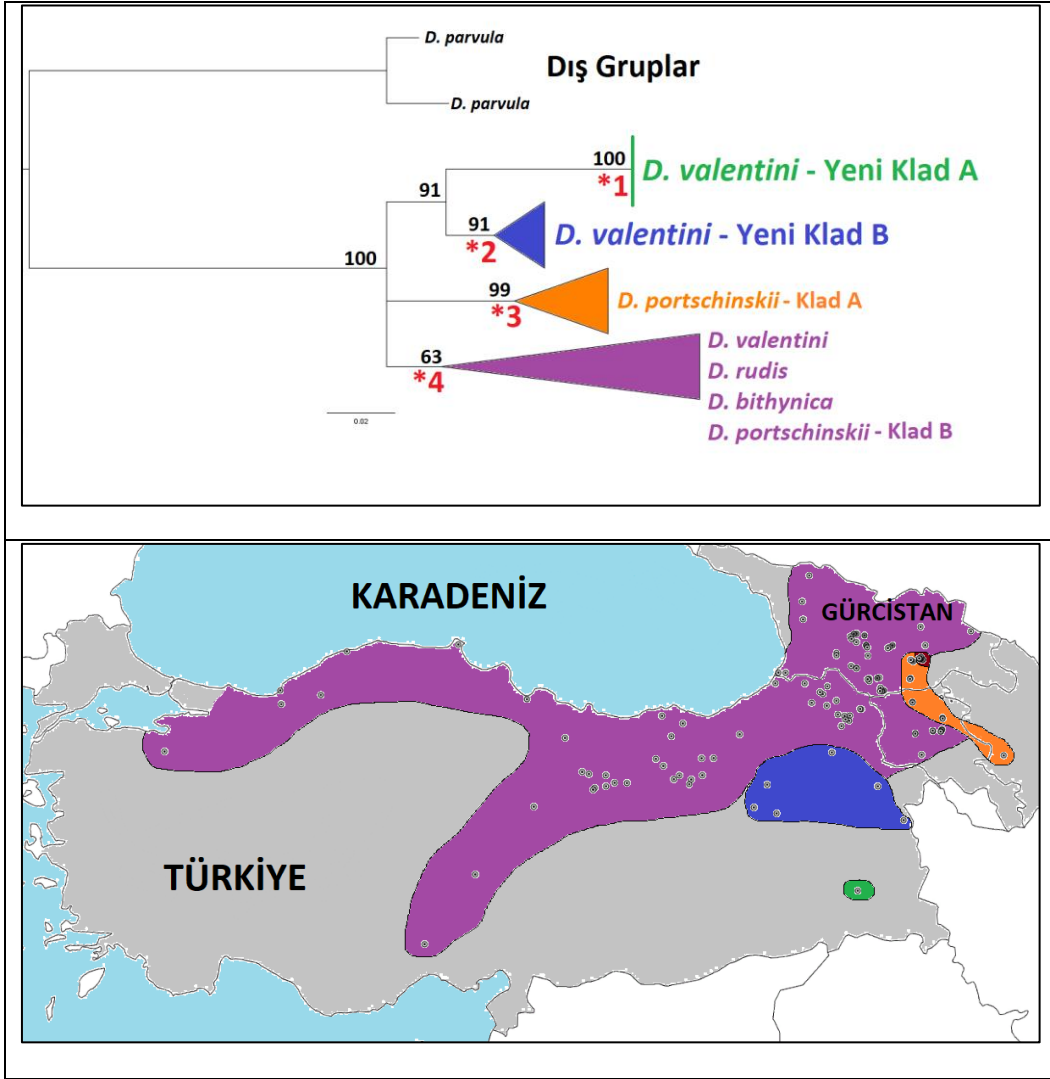
ML analizi ile hem mtDNA hem de Cyt-b için elde edilen filogenetik ağaçlar MPTP (*Multi-rate Poisson Tree Processes*) analizine sokulmuştur.

mtDNA verisine göre oluşturulan ağaç topolojisi, tüm popülasyonlar için olası 6 farklı filo-grubu ortaya çıkarmıştır. Bunlardan iki tanesi söz konusu yeni kladları temsil etmektedirler (Şekil 4.9). *D. r. mirabilis* alttürü farklı bir tür olabilme ihtimaline sahipken, *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata* ve *D. r. obscura* alttürleri aynı türün mensubu şeklinde ortaya çıkmaktadırlar. Analizde *D. valentini* türünün her iki alttürünün de farklı tür dallarına sahip olduğu görülmektedir. Bunlardan *D. v. valentini* alttürünün izole bir şekilde bir taksonu temsil etme potansiyeli mevcutken, *D. v. lantzicyreni* alttürünün, *D. r. rudis* ve *D. r. bolkardagica*'dan farksız olduğu sonucu ortaya çıkmaktadır (Şekil 4.9).

Cyt-b verisine göre oluşturulan ağaç topolojisi, tüm popülasyonlar için olası 4 farklı filo-grubu ortaya çıkarmıştır. Bu gruplardan iki tanesi yeni kladları temsil etmektedirler (Şekil 4.10). Üçüncü tür dalı *D. portschinskii* türünün bir soy hattını içermektedir. Gen bankasından temin edilerek kullanılan *D. portschinskii* türüne ait örnekler iki ayrı gruba ayrılmış olup bunların birbirinden bağımsız iki ayrı takson olarak değerlendirilebileceği elde edilen diğer bir sonuçtur. Bu analiz Cyt-b verisi ile oluşturulmuş ağaç üzerinde geriye kalan *D. valentini*, *D. rudis*, *D. bithynica* ve *D. portschinskii* popülasyonlarının tamamını ayıramamış ve hepsinin aynı türe mensup olması ihtimalini ortaya çıkarmıştır. Söz konusu dört tür için bir ayırım yapamamasına rağmen, analiz *D. valentini* türü için ortaya çıkarılan yeni kladların ayrı türler olabileceğini ileri sürmüştür (Şekil 4.10).



Şekil 4.9. MPTP analizi sonucunda mtDNA ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları (üstte: filogenetik ağaç; altta: filo-grupların dağılışı).



Şekil 4.10. MPTP analizi sonucunda Cyt-b ile elde edilen filogenetik ağaç üzerindeki dalların türleri temsil etme durumları (üste: filogenetik ağaç; altta: filo-grupların dağılışı).

#### 4.1.8. Nükleer genlerin haplotip *network*'leri

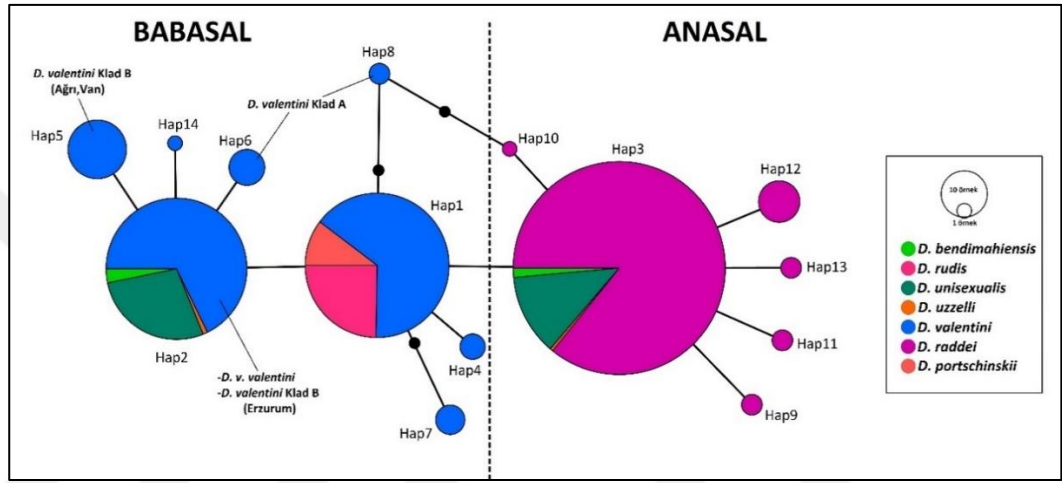
Çalışma kapsamında değerlendirilen C-mos ve MC1R genlerinin dizileri Freitas et al. (2016a) tarafından gerçekleştirilen bilimsel yayındaki veri setleri ile birleştirilerek haplotip *network* analizinde kullanılmıştır. Böylece bazı partenogenetik türlerin babasal hattını oluşturan *D. valentini* türünün bu mekanizma içerisinde ne ölçüde yer aldığı, mevcut yeni kladların söz konusu türler üzerinde bir etkisinin olup olmadığı anlaşılmaya çalışılmıştır.

##### 4.1.8.1. C-mos gen bölgesinin haplotip *network* sonucu

Oluşturulan yeni veri seti babasal hatlar olan *D. valentini* ve *D. portschinskii* ile anasal hatlar olan *D. rudis* ve *D. raddei* örneklerinin yanında partenogenetik olan *D. bendimahiensis*, *D. unisexualis* ve *D. uzzelli* türlerinden örnekleri de

içermektedir. *Phase* durumları ortaya çıkarıldıktan sonra, bu yeni veri setinin toplamda 14 haplotip içerdiği tespit edilmiştir.

Analiz sonucunda tüm partenogenetik türler anasal hatta *D. raddei* türü ile aynı haplotipi (Hap3) paylaşırlarken, babasal hatta *D. v. valentini* alttürü ile beraber yeni klad B'nin Erzurum popülasyonları ile aynı haplotipi (Hap2) paylaşmaktadırlar (Şekil 4.11). Yeni klad B'ye ait diğer popülasyonlar (Ağrı ve Van) Hap5, Yeni klad A'ya ait olan ise Hap6 ve Hap8 olarak ağa katılmıştır (Şekil 4.11).



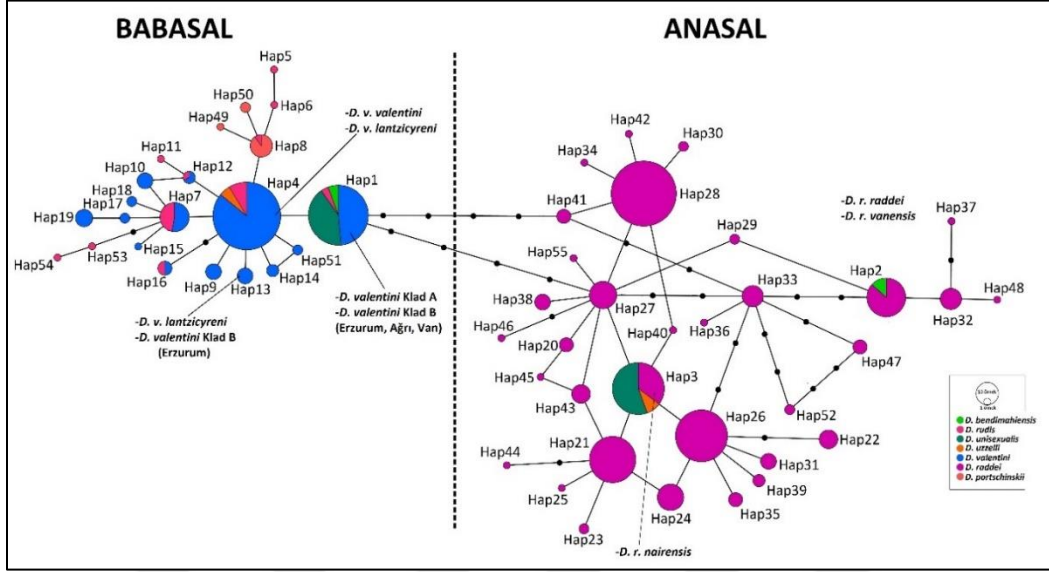
Şekil 4.11. C-mos geni kullanılarak oluşturulan haplotip network.

#### **4.1.8.2. MC1R gen bölgesinin haplotip network sonucu**

Oluşturulan yeni veri seti babasal hatlar olan *D. valentini* ve *D. portschinskii* ile anasal hatlar olan *D. rudis* ve *D. raddei* örneklerinin yanında partenogenetik olan *D. bendimahiensis*, *D. unisexuialis* ve *D. uzzelli* türlerinden örnekleri de içermektedir. *Phase* durumları ortaya çıkarıldıktan sonra, bu yeni veri setinin toplamda 55 haplotip içerdiği tespit edilmiştir.

Analiz sonucunda partenogenetik türler hem babasal hem de anasal hatta iki ayrı haplotipe dağılmışlardır. Babasal hatta *D. bendimahiensis* ve *D. unisexuialis* türleri sadece yeni klad A ve B soyları ile haplotip (Hap1) paylaşmaktadırlar. *D. uzzelli* türü ise *D. v. valentini* ve bazı *D. v. lantzicyreni* popülasyonları ile beraber çıkmaktadır (Hap4, Şekil 4.12). Yeni klad B'ye ait Erzurum popülasyonları aynı zamanda bazı *D. v. lantzicyreni* popülasyonları ile beraber bir diğer haplotipte yer almışlardır (Hap13). Anasal hatta ise, *D. unisexuialis* ve *D. uzzelli* türleri *D. r.*

*nairensis* alttürü ile, *D. bendimahiensis* türü ise *D. r. raddei* ve *D. r. vanensis* alttürleri ile aynı haplotipleri paylaşmaktadırlar (Hap2 ve Hap3, Şekil 4.12).



Şekil 4.12. MC1R geni kullanılarak oluşturulan haplotip network.

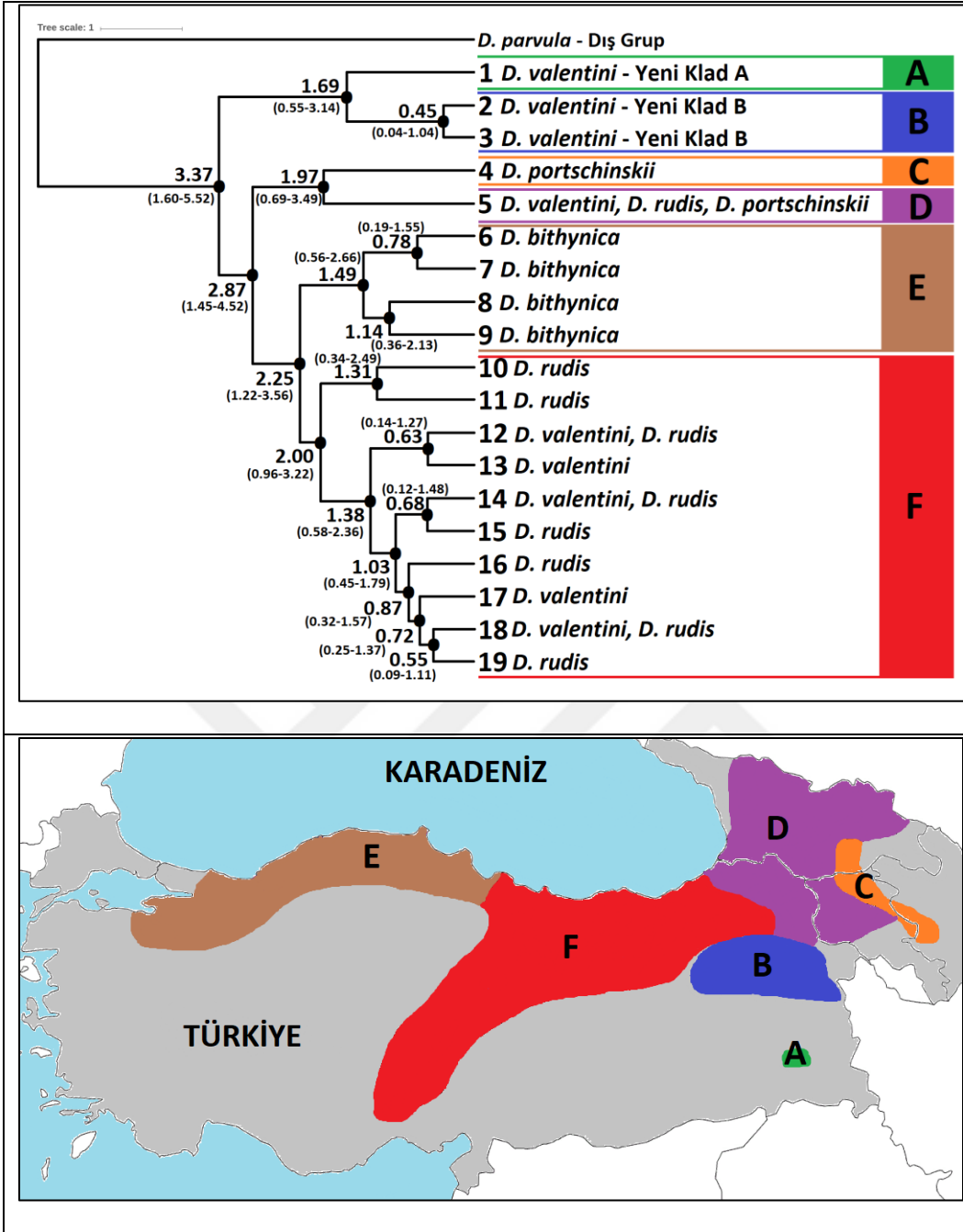
#### 4.1.9. Ayrılma zamanlarının hesaplanması

*D. valentini* türünün soy hatları arasındaki ayrılma zamanları Cyt-b geni için verilen mutasyon oranı kullanılarak hesaplanmıştır. Bunun için PTP analizinde Cyt-b geni için ortaya çıkan 19 filo-gruptan her birine ait bir DNA dizisi veri setine eklenmiştir. Bu şekilde dış grup ile beraber (*D. parvula*) toplamda 20 dizilik veri seti ayrılma zamanlarının hesaplanmasında kullanılmıştır.

Bu hesaplama için kullanılan filo-gruplara ait bilgiler şu şekildedir: 1- *D. valentini* türünün Yukarınarlıca Köyü (Van) Popülasyonu; 2- *D. valentini* türünün Erzurum popülasyonları; 3- *D. valentini* türünün Ağrı ve Çaldıran (Van) popülasyonları; 4- *D. portschinskii* (Gürcistan); 5- *D. v. valentini* alttürü (Ardahan, Kars ve Gürcistan), *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata*, *D. r. obscura* ve *D. portschinskii* (Gürcistan); 6-7-8-9- *D. bithynica*; 10- *D. r. mirabilis* (Ovit Geçidi, Trabzon); 11- *D. rudis* (Sarıkamış, Kars); 12- *D. v. lantzicyreni* (Gümüşhane, Bayburt, Erzincan) ve *D. r. rudis* (Trabzon); 13- *D. v. lantzicyreni* (Sivas); 14- *D. v. lantzicyreni* (Erciyes Dağı, Kayseri) ve *D. r. bolcardagica* (Karagöl, Ulukışla, Niğde); 15- *D. r. rudis* (Trabzon); 16- *D. r. rudis* (Tokat); 17- *D. v. lantzicyreni* (Sivas); 18- *D. v. lantzicyreni* (Erzincan); 19- *D. r. rudis* (Samsun).

Bu hesaplama neticesinde tarihsel olarak ilk ayrılmanın yeni kladlar ile “*rudis*” kladında geriye kalan türler arasında olduğu görülmektedir (3.37 myö, Şekil 4.13). *D. valentini* için ortaya çıkan yeni kladlar A ve B için ise ayrılma zamanları 1.69 myö’sine tarihlenmiştir. “*rudis*” kladındaki diğer türlere baktığımızda, sıradaki ayrılmanın Türkiye ve Gürcistan’da yayılış gösteren *D. v. valentini*, *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata*, *D. r. obscura* ve *D. portschinskii* türleri ile Türkiye’deki *D. v. lantzicyreni*, *D. rudis* ve *D. bithynica* arasında gerçekleştiği anlaşılmaktadır (2.87 myö, Şekil 4.13). Son olarak Türkiye’deki *D. bithynica* türü ile *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis*, *D. r. mirabilis* ve *D. r. bolkardagica* arasında 2.25 myö’sine dayanan bir ayrılma sürecinin başladığı sonucuna ulaşılmaktadır.





Şekil 4.13. Elde edilen soy hatlarının ayrılma zamanları. BEAST analizi sonucu ayrılma zamanlarının yer aldığı ultrametrik ağaç (üstte) (sayılar myö olup parantez içindekiler zaman aralığını ifade eder). Ağaç topolojisi üzerinde yer alan ana soy hatlarının dağılım sınırları (altta).

## 4.2. Morfolojik Belirteçlerin Analiz Sonuçları

Çalışmada toplamda 46 adet popülasyondan 345 örneğin morfolojik değerlendirmesi gerçekleştirilmiştir. Bunlardan 36 popülasyon (260 örnek) *D. valentini* türüyken, 10 popülasyon (85 örnek) *D. rudis* türüne aittir. Böylelikle bir yandan *D. valentini* için hem tür içi hem de yakın akraba olduğu *D. rudis* ile karşılaştırarak türler arası bir değerlendirme yapılmaya çalışılmıştır. Karşılaştırma yapılacak grupların oluşturulması için birleştirilmiş mtDNA verisi ile gerçekleştirilen analiz neticesinde elde edilen filogenetik ağaç dikkate alınmıştır (Şekil 4.4). MPTP analizi ile bu ağaç üzerindeki dalların belirlenen tür sınırları dikkate alınarak oluşturulan gruplar morfolojik olarak hem tanımlayıcı istatistikler hem de ayırım analizleri için kullanılmıştır (Şekil 4.9).

Böylece toplamda 6 farklı grup morfolojik olarak değerlendirilmiştir: 1-Yeni Klad A Popülasyonu; 2-Yeni Klad B popülasyonları; 3-*D. r. mirabilis* popülasyonu; 4-*D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonları; 5-*D. v. valentini* popülasyonları; 6-*D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolkardagica* popülasyonları. Her bir gruba ait morfolojik karakterlerin tanımlayıcı istatistikleri Çizelge 4.1 ve 4.6 arasında verilmiştir.

**Çizelge 4.1.** Yeni Klad A popülasyonunun morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).

Karakter	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	S.E.	S.D.
SCG1	18	9	16	11.39	.413	1.754
SCG2	18	8	15	11.00	.379	1.609
SCP1	18	4	6	5.17	.167	.707
SCP2	18	5	6	5.44	.121	.511
SLP1	18	3	5	4.11	.111	.471
SLP2	18	4	5	4.11	.076	.323
SULP1	18	6	7	6.22	.101	.428
SULP2	18	6	7	6.22	.101	.428
CO	18	9	11	9.11	.111	.471
MG	18	24	33	27.44	.437	1.854
STM1	18	4	6	4.78	.173	.732
STM2	18	4	6	4.83	.146	.618
VB	18	6	6	6.00	.000	.000
VE	18	26	31	29.33	.362	1.534
PA1	18	1	3	2.61	.164	.698
PA2	18	6	9	7.28	.177	.752
FP1	18	17	22	19.39	.335	1.420
FP2	18	18	22	19.61	.354	1.501
DP	18	4	5	4.11	.076	.323
SDL1	18	24	29	26.56	.315	1.338
SDL2	18	23	28	26.33	.291	1.237
TL	18	16	21	18.44	.294	1.247
DL	18	44	54	49.89	.577	2.447
TMSO1	18	2	3	2.83	.090	.383
TMSO2	18	2	3	2.44	.121	.511
TMSO3	18	3	4	3.61	.118	.502
TMSA1	18	2	4	2.89	.111	.471
TMSA2	18	2	3	2.56	.121	.511
TMSA3	18	2	4	3.67	.140	.594
MS1	18	1	2	1.28	.109	.461
MS2	18	1	2	1.06	.056	.236
TMP1	18	1	2	1.06	.056	.236
TMP2	18	1	2	1.06	.056	.236
BG	18	53.25	67.95	61.4017	.83027	3.52253
PE	18	5.63	7.02	6.1994	.09870	.41874
PB	18	10.45	13.88	11.7583	.23756	1.00786
BE	18	6.45	9.26	7.4656	.18193	.77188
BB	18	10.33	14.00	11.8072	.27064	1.14823
ÖB	18	16.60	22.10	18.6361	.39704	1.68449
AB	18	25.67	34.26	28.6256	.57676	2.44698
ANE	18	3.09	4.70	3.9561	.10637	.45130
ANB	18	1.35	2.35	1.9294	.06724	.28528

**Çizelge 4.2.** Yeni Klad B popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).

Karakter	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	S.E.	S.D.
SCG1	64	7	16	11.61	.273	2.187
SCG2	64	6	17	11.75	.286	2.289
SCP1	64	4	7	5.86	.083	.663
SCP2	64	4	7	5.83	.065	.521
SLP1	64	4	5	4.08	.034	.270
SLP2	64	3	5	4.06	.038	.302
SULP1	64	5	7	6.05	.035	.278
SULP2	64	5	7	6.06	.038	.302
CO	64	8	12	9.67	.111	.892
MG	64	23	32	26.91	.220	1.761
STM1	64	2	6	3.78	.088	.701
STM2	64	1	5	3.78	.101	.806
VB	64	6	6	6.00	.000	.000
VE	64	26	33	29.92	.232	1.854
PA1	64	1	3	1.50	.089	.713
PA2	64	5	8	6.63	.101	.807
FP1	64	14	22	18.73	.191	1.525
FP2	64	15	22	19.14	.215	1.717
DP	64	3	6	4.00	.063	.504
SDL1	61	23	30	26.56	.176	1.373
SDL2	62	23	30	26.40	.185	1.454
TL	64	16	24	20.06	.202	1.612
DL	64	45	58	51.48	.329	2.631
TMSO1	64	2	5	2.78	.082	.654
TMSO2	63	1	3	1.60	.080	.636
TMSO3	64	2	5	2.81	.086	.687
TMSA1	64	2	4	2.73	.078	.623
TMSA2	63	1	3	1.52	.075	.592
TMSA3	64	2	4	2.81	.070	.560
MS1	64	1	2	1.06	.030	.244
MS2	64	1	2	1.09	.037	.294
TMP1	64	1	2	1.17	.048	.380
TMP2	64	1	2	1.17	.048	.380
BG	64	36.18	76.87	60.3994	1.05291	8.42326
PE	64	4.54	7.60	6.0005	.08114	.64914
PB	64	8.18	14.96	11.8469	.18534	1.48271
BE	64	4.83	8.95	7.1730	.11041	.88331
BB	64	7.51	14.77	11.7028	.20680	1.65441
ÖB	64	11.44	22.79	17.9641	.31578	2.52620
AB	64	17.59	36.21	26.6778	.46871	3.74972
ANE	64	1.83	5.56	3.8261	.10451	.83604
ANB	64	.62	2.52	1.7241	.04741	.37925

**Çizelge 4.3.** *D. r. mirabilis* popülasyonunun morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).

Karakter	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	S.E.	S.D.
SCG1	26	4	12	7.88	.438	2.233
SCG2	27	4	13	7.85	.455	2.365
SCP1	7	6	8	6.86	.261	.690
SCP2	7	6	7	6.29	.184	.488
SLP1	29	3	5	3.97	.078	.421
SLP2	29	3	5	3.90	.076	.409
SULP1	29	5	7	6.03	.105	.566
SULP2	29	5	7	6.03	.060	.325
CO	29	7	12	9.76	.251	1.354
MG	28	20	26	23.54	.289	1.527
STM1	29	2	5	3.48	.162	.871
STM2	29	2	5	3.24	.146	.786
VB	29	6	6	6.00	.000	.000
VE	29	23	29	25.93	.306	1.646
PA1	22	1	2	1.27	.097	.456
PA2	0	-	-	-	-	-
FP1	28	16	21	18.14	.250	1.325
FP2	26	16	22	18.42	.278	1.419
DP	29	3	6	4.69	.150	.806
SDL1	29	22	28	25.10	.307	1.655
SDL2	29	22	28	24.79	.274	1.473
TL	29	14	19	16.41	.219	1.181
DL	28	38	50	45.57	.518	2.741
TMSO1	29	1	5	2.14	.163	.875
TMSO2	29	1	3	1.41	.105	.568
TMSO3	7	2	3	2.43	.202	.535
TMSA1	29	1	4	2.10	.135	.724
TMSA2	29	1	2	1.52	.094	.509
TMSA3	7	2	3	2.43	.202	.535
MS1	29	1	2	1.03	.034	.186
MS2	29	1	2	1.07	.048	.258
TMP1	7	1	1	1.00	.000	.000
TMP2	7	1	1	1.00	.000	.000
BG	22	50.52	70.84	62.3573	1.06440	4.99248
PE	29	6.09	8.40	7.3203	.11496	.61906
PB	29	11.94	15.32	13.6907	.15574	.83866
BE	29	7.46	10.08	8.8393	.13938	.75059
BB	29	12.50	16.74	14.6221	.19739	1.06295
ÖB	7	17.23	20.11	18.8457	.33087	.87540
AB	7	26.98	32.01	29.4971	.61237	1.62018
ANE	0	-	-	-	-	-
ANB	0	-	-	-	-	-

**Çizelge 4.4.** *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).

Karakter	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	S.E.	S.D.
SCG1	25	4	13	10.48	.490	2.452
SCG2	25	5	13	10.40	.436	2.179
SCP1	25	4	7	6.00	.163	.816
SCP2	25	3	7	5.88	.167	.833
SLP1	25	4	5	4.04	.040	.200
SLP2	25	4	4	4.00	.000	.000
SULP1	25	6	7	6.20	.082	.408
SULP2	25	6	7	6.28	.092	.458
CO	25	8	11	9.24	.156	.779
MG	25	22	35	25.76	.549	2.743
STM1	25	1	5	3.96	.168	.841
STM2	25	1	5	3.84	.170	.850
VB	25	6	6	6.00	.000	.000
VE	25	24	29	26.16	.315	1.573
PA1	25	1	3	1.32	.125	.627
PA2	25	5	9	7.04	.220	1.098
FP1	25	15	24	18.32	.423	2.116
FP2	25	15	24	18.56	.444	2.219
DP	25	3	5	3.92	.140	.702
SDL1	23	21	29	25.48	.444	2.129
SDL2	22	23	29	26.09	.451	2.114
TL	25	12	16	13.44	.232	1.158
DL	25	39	48	43.88	.448	2.242
TMSO1	25	1	5	1.96	.178	.889
TMSO2	24	1	3	1.38	.118	.576
TMSO3	25	1	4	2.44	.142	.712
TMSA1	23	1	4	1.83	.149	.717
TMSA2	23	1	3	1.48	.139	.665
TMSA3	24	2	5	2.58	.169	.830
MS1	25	1	2	1.08	.055	.277
MS2	25	1	2	1.12	.066	.332
TMP1	25	1	1	1.00	.000	.000
TMP2	24	1	1	1.00	.000	.000
BG	25	56.13	88.66	68.4420	1.87121	9.35607
PE	25	5.41	9.63	7.1512	.19543	.97714
PB	25	12.30	20.48	14.9016	.41797	2.08986
BE	25	6.83	12.25	9.0008	.26951	1.34757
BB	25	12.56	21.51	15.4744	.45947	2.29734
ÖB	25	16.39	27.41	20.6368	.63537	3.17685
AB	25	25.85	44.74	32.0636	1.07076	5.35381
ANE	22	3.58	7.33	4.8700	.19714	.92468
ANB	22	1.24	3.32	2.2891	.12085	.56685

**Çizelge 4.5.** *D. v. valentini* popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).

Karakter	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	S.E.	S.D.
SCG1	66	4	15	9.95	.251	2.041
SCG2	66	6	14	9.97	.197	1.598
SCP1	65	5	8	6.14	.082	.659
SCP2	66	5	8	6.30	.094	.764
SLP1	66	4	5	4.06	.030	.240
SLP2	66	3	5	4.00	.022	.175
SULP1	66	5	7	6.02	.040	.328
SULP2	66	4	7	6.02	.040	.328
CO	66	7	10	8.59	.092	.744
MG	66	21	29	24.24	.218	1.772
STM1	66	2	4	2.89	.065	.530
STM2	66	1	5	2.92	.087	.708
VB	66	6	6	6.00	.000	.000
VE	66	25	31	28.05	.233	1.893
PA1	66	1	3	1.05	.034	.274
PA2	66	5	8	6.89	.087	.704
FP1	66	14	22	17.71	.175	1.423
FP2	66	14	22	17.77	.195	1.586
DP	66	2	5	3.58	.068	.556
SDL1	66	21	27	23.76	.148	1.203
SDL2	64	21	26	23.73	.180	1.439
TL	66	16	22	18.44	.151	1.229
DL	66	41	52	45.82	.287	2.333
TMSO1	65	1	4	2.54	.079	.639
TMSO2	56	1	2	1.09	.038	.288
TMSO3	65	1	3	2.11	.062	.504
TMSA1	65	1	4	2.57	.069	.558
TMSA2	57	1	2	1.12	.044	.331
TMSA3	65	1	3	2.15	.055	.441
MS1	65	1	1	1.00	.000	.000
MS2	65	1	1	1.00	.000	.000
TMP1	66	1	2	1.39	.061	.492
TMP2	66	1	2	1.41	.061	.495
BG	66	40.51	77.39	63.2289	.97966	7.95879
PE	66	4.80	7.45	6.4571	.06837	.55545
PB	66	9.03	15.38	12.7045	.18699	1.51907
BE	66	5.84	9.41	7.8338	.11321	.91969
BB	66	8.78	16.12	12.8248	.22786	1.85118
ÖB	66	11.97	21.50	18.2020	.22796	1.85193
AB	66	17.53	33.17	27.2694	.37264	3.02738
ANE	66	2.55	5.70	4.3052	.08784	.71364
ANB	66	1.20	2.99	1.9594	.04384	.35614

**Çizelge 4.6.** *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica* popülasyonlarının morfolojik belirteçlere ait tanımlayıcı istatistikleri (N: Örnek Sayısı, S.E.: Standart Hata Oranı, S.D.: Standart Sapma).

Karakter	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	S.E.	S.D.
SCG1	141	5	16	10.82	.167	1.981
SCG2	142	5	16	10.73	.159	1.895
SCP1	142	5	8	6.28	.063	.747
SCP2	142	2	9	6.29	.065	.777
SLP1	143	3	5	4.08	.026	.316
SLP2	143	4	5	4.09	.024	.288
SULP1	143	5	8	6.14	.038	.453
SULP2	143	5	8	6.13	.033	.398
CO	143	8	12	9.77	.079	.940
MG	143	22	34	28.46	.196	2.343
STM1	141	2	6	4.07	.069	.825
STM2	141	2	6	4.13	.065	.773
VB	143	6	6	6.00	.000	.000
VE	143	23	32	27.14	.150	1.790
PA1	132	0	3	1.23	.043	.492
PA2	132	5	10	6.98	.095	1.091
FP1	143	14	24	19.53	.146	1.751
FP2	142	15	24	19.50	.152	1.809
DP	143	3	5	4.22	.046	.546
SDL1	136	20	30	25.46	.158	1.841
SDL2	136	20	29	25.46	.134	1.568
TL	143	12	21	17.17	.153	1.831
DL	143	44	63	53.08	.316	3.774
TMSO1	137	1	4	2.71	.055	.644
TMSO2	137	1	4	1.80	.064	.746
TMSO3	137	1	6	3.09	.077	.903
TMSA1	135	1	4	2.73	.056	.649
TMSA2	135	1	4	1.84	.063	.732
TMSA3	135	1	5	3.07	.077	.899
MS1	137	1	2	1.03	.014	.169
MS2	135	1	2	1.01	.007	.086
TMP1	142	1	2	1.06	.019	.231
TMP2	142	1	2	1.04	.017	.202
BG	124	32.22	79.41	62.0823	.87743	9.77069
PE	143	4.17	8.09	6.4343	.06956	.83185
PB	143	7.58	17.13	13.1355	.16164	1.93299
BE	143	4.63	10.36	7.8751	.09803	1.17223
BB	143	6.54	17.52	13.3307	.18051	2.15858
ÖB	135	9.45	25.50	18.9222	.25976	3.01814
AB	135	15.12	38.70	29.0437	.38936	4.52396
ANE	132	1.53	5.63	3.9722	.07446	.85553
ANB	132	.64	2.91	1.7648	.03507	.40296

Yeni Klad A popülasyonu için, SCP1, STM1, PE, STM2, PB, BE, BB, PA2, AB, ANE, ANB, SDL1, PI, TL, DL, BBG karakterlerinin normal dağılım gösterdiği saptanmıştır (Çizelge 4.7).

**Çizelge 4.7.** Yeni Klad A popülasyonunun normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, *Skewness*: Çarpıklık, *Kurtosis*: Basıklık).

<b>Karakter</b>	<b>N</b>	<b>Skewness</b>	<b>Kurtosis</b>	<b>Karakter</b>	<b>N</b>	<b>Skewness</b>	<b>Kurtosis</b>
<b>SCG1</b>	18	1.165	1.417	<b>TMSO2</b>	18	.244	-2.199
<b>SCG2</b>	18	.667	1.293	<b>TMSO3</b>	18	-.498	-1.987
<b>SCP1</b>	18	-.250	-.776	<b>TMSA1</b>	18	-.452	2.157
<b>SCP2</b>	18	.244	-2.199	<b>TMSA2</b>	18	-.244	-2.199
<b>SLP1</b>	18	.452	2.157	<b>TMSA3</b>	18	-1.683	2.219
<b>SLP2</b>	18	2.706	5.977	<b>MS1</b>	18	1.085	-.942
<b>SULP1</b>	18	1.461	.137	<b>MS2</b>	18	4.243	18.000
<b>SULP2</b>	18	1.461	.137	<b>TMP1</b>	18	4.243	18.000
<b>CO</b>	18	4.243	18.000	<b>TMP2</b>	18	4.243	18.000
<b>MG</b>	18	1.189	4.504	<b>BG</b>	18	-.011	1.032
<b>STM1</b>	18	.383	-.906	<b>PE</b>	18	.648	-.517
<b>STM2</b>	18	.093	-.101	<b>PB</b>	18	.994	-.207
<b>VE</b>	18	-1.186	.647	<b>BE</b>	18	.866	.382
<b>PA1</b>	18	-1.613	1.405	<b>BB</b>	18	.943	-.372
<b>PA2</b>	18	.406	.465	<b>ÖB</b>	18	1.035	.087
<b>FP1</b>	18	.184	-1.033	<b>AB</b>	18	.873	-.063
<b>FP2</b>	18	.406	-1.197	<b>ANE</b>	18	-.089	-.550
<b>DP</b>	18	2.706	5.977	<b>ANB</b>	18	-.334	-.440
<b>SDL1</b>	18	-.050	-.634	<b>PI</b>	18	-.514	.775
<b>SDL2</b>	18	-1.143	1.763	<b>BI</b>	18	1.656	4.311
<b>TL</b>	18	.244	.033	<b>AI</b>	18	1.420	3.681
<b>DL</b>	18	-.750	.561	<b>BBG</b>	18	.858	-.295
<b>TMSO1</b>	18	-1.956	2.040	<b>ABBG</b>	18	1.017	.169

Yeni Klad A popülasyonu için, STM2, PE, PB, BE, BB, AB, ANE, PI, BBG, VE, BG, ÖB, ABBG karakterlerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır ( $p < 0.05$ , Çizelge 4.8-4.9).

**Çizelge 4.8.** Yeni Klad A popülasyonunun t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	Ortalama (♀)	Ortalama (♂)	p
SCP1	10	8	5.10	5.25	.668
STM1	10	8	4.90	4.63	.445
STM2	10	8	5.10	4.50	.036
PA2	10	8	7.40	7.13	.457
SDL1	10	8	26.50	26.63	.851
TL	10	8	18.50	18.38	.840
DL	10	8	49.10	50.88	.130
PE	10	8	5.97	6.47	.016
PB	10	8	11.09	12.58	.003
BE	10	8	7.03	8.00	.004
BB	10	8	11.04	12.76	.002
AB	10	8	27.12	30.50	.005
ANE	10	8	3.67	4.30	.001
ANB	10	8	1.89	1.96	.627
PI	10	8	53.88	51.50	.011
BBG	10	8	18.55	20.02	.005

**Çizelge 4.9.** Yeni Klad A popülasyonunun Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p	Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p
SCG1	10	8	28.000	.274	TMSO1	10	8	37.000	.680
SCG2	10	8	34.000	.583	TMSO2	10	8	26.000	.149
SCP2	10	8	35.000	.606	TMSO3	10	8	30.000	.293
SLP1	10	8	38.500	.854	TMSA1	10	8	30.000	.221
SLP2	10	8	39.000	.871	TMSA2	10	8	36.000	.680
SULP1	10	8	33.000	.388	TMSA3	10	8	39.500	.955
SULP2	10	8	38.000	.805	MS1	10	8	33.000	.423
CO	10	8	35.000	.264	MS2	10	8	35.000	.264
MG	10	8	34.500	.611	TMP1	10	8	36.000	.371
VE	10	8	18.000	.036	TMP2	10	8	36.000	.371
PA1	10	8	31.000	.310	BG	10	8	15.000	.026
FP1	10	8	31.500	.440	ÖB	10	8	8.000	.004
FP2	10	8	39.500	.964	BI	10	8	31.000	.424
DP	10	8	32.000	.192	AI	10	8	22.000	.110
SDL2	10	8	38.500	.888	ABBG	10	8	17.000	.041

Yeni Klad B popülasyonları için, SCG1, TMSO2, SCG2, TMSA1, TMSA2, TMSA3, CO, MG, BG, STM1, PE, PB, VE, BE, PA1, PA2, ÖB, FP1, AB, FP2, ANE, ANB, PI, BI, TL, AI, DL, BBG, TMSO1, ABBG karakterlerinin normal dağılım gösterdiği saptanmıştır (Çizelge 4.10).

**Çizelge 4.10.** Yeni Klad B popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, *Skewness*: Çarpıklık, *Kurtosis*: Basıklık).

<b>Karakter</b>	<b>N</b>	<b>Skewness</b>	<b>Kurtosis</b>	<b>Karakter</b>	<b>N</b>	<b>Skewness</b>	<b>Kurtosis</b>
<b>SCG1</b>	58	-.050	-.452	<b>TMSO2</b>	57	.635	-.555
<b>SCG2</b>	58	-.261	-.163	<b>TMSO3</b>	58	.898	1.549
<b>SCP1</b>	58	-.819	1.379	<b>TMSA1</b>	58	.240	-.554
<b>SCP2</b>	58	-.785	1.701	<b>TMSA2</b>	57	.598	-.539
<b>SLP1</b>	58	4.156	15.821	<b>TMSA3</b>	58	-.025	-.033
<b>SLP2</b>	58	1.643	8.864	<b>MS1</b>	58	4.156	15.821
<b>SULP1</b>	58	1.643	8.864	<b>MS2</b>	58	2.674	5.332
<b>SULP2</b>	58	1.643	8.864	<b>TMP1</b>	58	1.781	1.212
<b>CO</b>	58	.122	-.248	<b>TMP2</b>	58	1.781	1.212
<b>MG</b>	58	-.132	.200	<b>BG</b>	58	-.193	-.001
<b>STM1</b>	58	.385	.939	<b>PE</b>	58	.230	-.293
<b>STM2</b>	58	-.628	1.086	<b>PB</b>	58	.369	-.940
<b>VE</b>	58	.047	-.962	<b>BE</b>	58	-.213	-.369
<b>PA1</b>	58	.994	-.397	<b>BB</b>	58	.294	-1.023
<b>PA2</b>	58	-.346	-.276	<b>ÖB</b>	58	-.091	-.770
<b>FP1</b>	58	-.414	.607	<b>AB</b>	58	.390	-.009
<b>FP2</b>	58	-.142	-.463	<b>ANE</b>	58	.069	-.311
<b>DP</b>	58	.779	4.557	<b>ANB</b>	58	.389	-.308
<b>SDL1</b>	55	-.370	1.334	<b>PI</b>	58	-.014	-.440
<b>SDL2</b>	56	-.049	1.113	<b>BI</b>	58	-.014	-.396
<b>TL</b>	58	.017	-.278	<b>AI</b>	58	-.248	-.273
<b>DL</b>	58	.682	.502	<b>BBG</b>	58	.298	-.951
<b>TMSO1</b>	58	.657	.840	<b>ABBG</b>	58	.263	-.049

Yeni Klad B popülasyonları için, PE, PB, VE, BE, ÖB, AB, FP1, ANE, FP2, AI, BBG, ABBG, SCP1, SCP2, SLP2, DP, MS1, BB karakterlerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır ( $p < 0.05$ , Çizelge 4.11-4.12).

**Çizelge 4.11.** Yeni Klad B popülasyonunun t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	Ortalama (♀)	Ortalama (♂)	p
SCG1	35	23	11.86	11.43	.475
SCG2	35	23	11.94	11.61	.585
CO	35	23	9.83	9.43	.106
MG	35	23	27.00	26.70	.501
STM1	35	23	3.86	3.61	.194
VE	35	23	30.94	28.26	.000
PA1	35	23	1.49	1.61	.535
PA2	35	23	6.71	6.43	.204
FP1	35	23	18.23	19.65	.000
FP2	35	23	18.54	20.13	.000
TL	35	23	20.00	20.13	.784
DL	35	23	51.06	52.13	.102
TMSO1	35	23	2.77	2.78	.952
TMSO2	34	23	1.68	1.48	.263
TMSA1	35	23	2.74	2.70	.778
TMSA2	34	23	1.62	1.43	.262
TMSA3	35	23	2.83	2.83	.987
BG	35	23	62.1754	62.1413	.985
PE	35	23	5.9320	6.3948	.002
PB	35	23	11.6611	12.8465	.000
BE	35	23	7.1306	7.6761	.004
ÖB	35	23	17.9331	19.2239	.019
AB	35	23	26.5126	28.5891	.016
ANE	35	23	3.8000	4.2561	.014
ANB	35	23	1.8129	1.7639	.572
PI	35	23	50.9701	49.8168	.085
BI	35	23	62.0623	60.3203	.130
AI	35	23	2.1258	2.4387	.001
BBG	35	23	18.6402	20.5919	.000
ABBG	35	23	42.7839	46.0705	.001

**Çizelge 4.12.** Yeni Klad B popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p	Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p
SCP1	35	23	256.500	.005	SDL1	34	21	297.500	.283
SCP2	35	23	269.500	.007	SDL2	35	21	329.000	.490
SLP1	35	23	368.000	.153	TMSO3	35	23	399.500	.957
SLP2	35	23	341.000	.045	MS1	35	23	350.000	.030
SULP1	35	23	396.500	.845	MS2	35	23	384.500	.588
SULP2	35	23	396.500	.845	TMP1	35	23	372.500	.466
STM2	35	23	342.000	.296	TMP2	35	23	374.500	.496
DP	35	23	302.000	.024	BB	35	23	185.000	.001

*D. r. mirabilis* popülasyonu için, SCG1, TMSO2, SCG2, SCP2, SULP1, CO, TMP2, MG, BG, STM1, STM2, PB, VE, BE, BB, PA2, ÖB, FP1, AB, FP2, ANE, DP, ANB, SDL1, PI, SDL2, BI, TL, AI, ABBG karakterlerinin normal dağılım gösterdiği saptanmıştır (Çizelge 4.13).

**Çizelge 4.13.** *D. r. mirabilis* popülasyonunun normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, *Skewness*: Çarpıklık, *Kurtosis*: Basıklık).

Karakter	N	<i>Skewness</i>	<i>Kurtosis</i>	Karakter	N	<i>Skewness</i>	<i>Kurtosis</i>
SCG1	25	-.060	-.454	TMSO2	28	.936	-.038
SCG2	26	.259	-.576	TMSO3	21	1.319	.989
SCP1	21	-.605	1.300	TMSA1	28	1.020	1.894
SCP2	21	-.902	.322	TMSA2	27	.079	-2.160
SLP1	28	-.236	3.335	TMSA3	21	1.023	-1.064
SLP2	28	-.808	2.872	MS1	28	5.292	28.000
SULP1	28	.008	.382	MS2	28	3.520	11.183
SULP2	28	.747	7.690	TMP1	21	4.583	21.000
CO	28	-.586	.040	TMP2	21	-	-
MG	27	-.077	.092	BG	21	-.034	-.536
STM1	28	.174	-.554	PE	21	.390	-1.161
STM2	28	.572	.421	PB	21	.468	-.696
VE	28	.070	-.738	BE	21	-.092	-.272
PA1	21	1.327	-.276	BB	21	.532	-.417
PA2	14	-.495	-.445	ÖB	21	.351	.375
FP1	27	.318	-.835	AB	21	.309	-.727
FP2	25	.649	.849	ANE	14	.082	.118
DP	28	-.190	-.266	ANB	14	.926	.261
SDL1	28	.032	-.759	PI	21	-.133	.275
SDL2	28	.162	.488	BI	21	-.113	-.828
TL	28	.181	.630	AI	14	.232	.584
DL	27	-.625	1.010	BBG	14	-.477	-1.266
TMSO1	28	1.178	2.484	ABBG	14	-.166	.478

*D. r. mirabilis* popülasyonu için, STM1, VE, BBG karakterlerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır ( $p < 0.05$ , Çizelge 4.14-4.15).

**Çizelge 4.14.** *D. r. mirabilis* popülasyonunun t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	Ortalama (♀)	Ortalama (♂)	p
SCG1	12	13	8.33	7.15	.168
SCG2	13	13	8.31	7.23	.255
SCP2	10	11	6.40	6.00	.306
SULP1	14	14	6.00	6.07	.750
CO	14	14	9.79	9.64	.786
MG	14	13	23.50	23.38	.844
STM1	14	14	3.93	3.07	.007
STM2	14	14	3.50	2.93	.053
VE	14	14	26.79	25.07	.004
PA2	5	9	6.40	5.44	.145
FP1	13	14	18.38	17.93	.391
FP2	12	13	18.33	18.38	.930
DP	14	14	4.50	4.86	.256
SDL1	14	14	25.07	25.07	1.000
SDL2	14	14	24.64	24.71	.893
TL	14	14	16.57	16.29	.539
TMSO2	14	14	1.50	1.36	.520
BG	9	12	63.4933	61.1950	.264
PB	10	11	13.0110	13.3118	.343
BE	10	11	8.1880	8.5836	.070
BB	10	11	13.5320	13.9327	.262
ÖB	10	11	18.8860	18.4355	.325
AB	10	11	28.1700	27.5455	.482
ANE	5	9	4.3200	4.4956	.529
ANB	5	9	2.1460	1.9744	.426
PI	10	11	49.8256	49.5715	.824
BI	10	11	60.5946	61.6943	.461
AI	5	9	2.0490	2.3066	.112
ABBG	5	9	43.1635	45.5219	.145

**Çizelge 4.15.** *D. r. mirabilis* popülasyonunun Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p	Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p
SCP1	10	11	39.000	.226	TMSA1	14	14	92.500	.760
SLP1	14	14	91.500	.654	TMSA2	14	13	67.500	.188
SLP2	14	14	90.500	.605	TMSA3	10	11	53.500	.893
SULP2	14	14	78.000	.087	MS1	14	14	91.000	.317
PA1	9	12	45.000	.386	MS2	14	14	84.000	.150
DL	13	14	69.000	.279	TMP1	10	11	55.000	1.000
TMSO1	14	14	97.500	.980	PE	10	11	43.000	.398
TMSO3	10	11	40.000	.201	BBG	5	9	2.000	.006

*D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonları için, TMSO3, SCP1, CO, BG, PE, BE, PA2, ÖB, FP1, AB, FP2, ANE, DP, ANB, SDL1, PI, TL, DL, ABBG karakterlerinin normal dağılım gösterdiği saptanmıştır (Çizelge 4.16).

**Çizelge 4.16.** *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, *Skewness*: Çarpıklık, *Kurtosis*: Basıklık).

Karakter	N	<i>Skewness</i>	<i>Kurtosis</i>	Karakter	N	<i>Skewness</i>	<i>Kurtosis</i>
SCG1	25	-1.292	1.529	TMSO2	24	1.281	.859
SCG2	25	-1.454	1.908	TMSO3	25	.605	.225
SCP1	25	-.499	-.043	TMSA1	23	1.084	2.767
SCP2	25	-1.645	5.213	TMSA2	23	1.100	.194
SLP1	25	5.000	25.000	TMSA3	24	1.456	1.807
SLP2	25	-	-	MS1	25	3.298	9.641
SULP1	25	1.597	.593	MS2	25	2.491	4.563
SULP2	25	1.044	-.998	TMP1	25	-	-
CO	25	.112	-.250	TMP2	24	-	-
MG	25	1.458	4.405	BG	25	.820	-.672
STM1	25	-1.751	5.713	PE	25	.871	.835
STM2	25	-1.440	4.237	PB	25	1.146	1.140
VE	25	.133	-1.354	BE	25	.559	-.201
PA1	25	1.858	2.462	BB	25	1.156	1.050
PA2	25	.530	-.245	ÖB	25	.589	-.779
FP1	25	.832	.754	AB	25	.839	-.199
FP2	25	.809	.489	ANE	22	.945	.840
DP	25	.112	-.816	ANB	22	.288	-.349
SDL1	23	-.230	-.689	PI	25	-.070	-.221
SDL2	22	-.197	-1.327	BI	25	-.564	2.838
TL	25	.596	.125	AI	22	2.100	6.573
DL	25	-.151	-.194	BBG	25	.044	-1.371
TMSO1	25	1.630	4.721	ABBG	25	.290	-.176

*D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonları için, ABBG, TMSA1, MG, VE, AI, BBG karakterlerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır ( $p < 0.05$ , Çizelge 4.17-4.18).

**Çizelge 4.17.** *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonlarının t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	Ortalama (♀)	Ortalama (♂)	p
SCP1	14	11	6.14	5.82	.334
CO	14	11	9.14	9.36	.493
PA2	14	11	7.00	7.09	.842
FP1	14	11	18.43	18.18	.779
FP2	14	11	18.50	18.64	.883
DP	14	11	3.93	3.91	.947
SDL1	13	10	25.92	24.90	.263
TL	14	11	13.36	13.55	.695
DL	14	11	43.86	43.91	.956
TMSO3	14	11	2.64	2.18	.109
BG	14	11	70.3771	65.9791	.252
PE	14	11	6.9400	7.4200	.230
BE	14	11	8.8250	9.2245	.474
ÖB	14	11	20.4386	20.8891	.733
AB	14	11	31.4971	32.7845	.562
ANE	12	10	4.8067	4.9460	.734
ANB	12	10	2.4350	2.1140	.193
PI	14	11	47.8698	48.3223	.677
ABBG	14	11	44.6792	49.5990	.002

**Çizelge 4.18.** *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p	Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p
SCG1	14	11	61.500	.380	TMSO1	14	11	73.000	.807
SCG2	14	11	57.500	.273	TMSO2	13	11	69.500	.888
SCP2	14	11	50.000	.084	TMSA1	13	10	37.500	.049
SLP1	14	11	70.000	.259	TMSA2	13	10	51.500	.333
SULP1	14	11	74.500	.844	TMSA3	14	10	51.500	.219
SULP2	14	11	76.000	.944	MS1	14	11	66.000	.200
MG	14	11	36.500	.024	MS2	14	11	60.500	.109
STM1	14	11	60.500	.290	PB	14	11	61.000	.381
STM2	14	11	77.000	1.000	BB	14	11	61.000	.381
VE	14	11	13.500	.000	BI	14	11	66.000	.547
PA1	14	11	70.000	.608	AI	12	10	20.000	.008
SDL2	13	9	57.500	.946	BBG	14	11	9.000	.000

*D. v. valentini* popülasyonları için, SCG1, SCG2, TMSO3, SCP1, TMSA1, SCP2, TMSA3, CO, MG, STM1, STM2, PB, BE, BB, FP1, FP2, ANE, DP, ANB, SDL1, PI, SDL2, BI, TL, AI, DL, TMSO1 karakterlerinin normal dağılım gösterdiği saptanmıştır (Çizelge 4.19).

**Çizelge 4.19.** *D. v. valentini* popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, *Skewness*: Çarpıklık, *Kurtosis*: Basıklık).

Karakter	N	<i>Skewness</i>	<i>Kurtosis</i>	Karakter	N	<i>Skewness</i>	<i>Kurtosis</i>
SCG1	61	-.364	.644	TMSO2	52	2.822	6.200
SCG2	61	-.346	.271	TMSO3	60	.174	.846
SCP1	60	.314	.556	TMSA1	60	-.135	-.643
SCP2	61	.313	.029	TMSA2	53	2.237	3.122
SLP1	61	3.599	11.324	TMSA3	60	.652	.932
SLP2	61	.000	30.000	MS1	61	-	-
SULP1	61	.285	6.288	MS2	61	-	-
SULP2	61	-2.319	23.139	TMP1	61	.520	-1.789
CO	61	.154	-.373	TMP2	61	.447	-1.862
MG	61	.141	-.044	BG	61	-.789	1.158
STM1	61	-.066	.300	PE	61	-1.137	2.336
STM2	61	.151	.573	PB	61	-.451	-.147
VE	61	.135	-1.363	BE	61	-.367	-.071
PA1	61	-	-	BB	61	-.123	-.943
PA2	61	-1.052	1.928	ÖB	61	-1.039	2.532
FP1	61	.103	.518	AB	61	-1.027	2.191
FP2	61	-.022	.281	ANE	61	-.407	.532
DP	61	-.233	-.599	ANB	61	.005	-.073
SDL1	61	.116	.036	PI	61	.241	-.892
SDL2	59	.034	-.906	BI	61	.251	-.912
TL	61	.413	.204	AI	61	.627	.090
DL	61	.317	.063	BBG	61	-.330	-1.243
TMSO1	60	.191	-.154	ABBG	61	-.258	-1.024

*D. v. valentini* popülasyonları için, SCG1, SCG2, TMSO1, TMSA1, PB, BE, BB, ANB, PI, BI, AI, VE, TMSO2, TMSA2, BG, AB, BBG, ABBG karakterlerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır ( $p < 0.05$ , Çizelge 4.20-4.21).

**Çizelge 4.20.** *D. v. valentini* popülasyonlarının t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	Ortalama (♀)	Ortalama (♂)	p
SCG1	27	34	10.67	9.38	.015
SCG2	27	34	10.52	9.56	.019
SCP1	26	34	6.15	6.03	.464
SCP2	27	34	6.41	6.12	.146
CO	27	34	8.59	8.59	.983
MG	27	34	24.56	24.06	.285
STM1	27	34	2.78	2.97	.194
STM2	27	34	2.81	2.97	.408
FP1	27	34	17.37	18.03	.077
FP2	27	34	17.33	18.15	.054
DP	27	34	3.67	3.47	.179
SDL1	27	34	23.44	23.88	.145
SDL2	26	33	23.58	23.73	.690
TL	27	34	18.44	18.29	.642
DL	27	34	45.67	45.79	.836
TMSO1	27	33	2.70	2.33	.027
TMSO3	27	33	2.15	2.06	.514
TMSA1	27	33	2.74	2.36	.009
TMSA3	27	33	2.22	2.12	.399
PB	27	34	12.1833	13.5056	.000
BE	27	34	7.6156	8.2538	.002
BB	27	34	12.1296	13.8515	.000
ANE	27	34	4.2726	4.5021	.173
ANB	27	34	2.0941	1.8979	.040
PI	27	34	53.2128	49.0145	.000
BI	27	34	62.8526	59.8268	.000
AI	27	34	2.0956	2.4133	.007

**Çizelge 4.21.** *D. v. valentini* popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p	Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p
SLP1	27	34	452.000	.813	TMP1	27	34	403.500	.337
SLP2	27	34	429.000	.158	TMP2	27	34	417.000	.471
SULP1	27	34	446.000	.733	BG	27	34	231.000	.001
SULP2	27	34	433.000	.379	PE	27	34	407.000	.450
VE	27	34	41.500	.000	ÖB	27	34	431.000	.684
PA2	27	34	391.000	.219	AB	27	34	312.000	.033
TMSO2	23	29	261.000	.009	BBG	27	34	61.000	.000
TMSA2	24	29	246.500	.002	ABBG	27	34	53.000	.000

*D. v. lantziyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica* popülasyonları için, SCG1, TMSO2, SCG2, TMSO3, SCP1, TMSA1, TMSA2, TMSA3, CO, MG, BG, STM1, PE, STM2, PB, VE, BE, BB, PA2, ÖB, FP1, AB, FP2, ANE, DP, ANB, SDL1, PI, SDL2, BI, TL, AI, DL, BBG, TMSO1, ABBG karakterlerinin normal dağılım gösterdiği saptanmıştır (Çizelge 4.22).

**Çizelge 4.22.** *D. v. lantziyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica* popülasyonlarının normalite test sonucu (N: Örnek Sayısı, *Skewness*: Çarpıklık, *Kurtosis*: Basıklık).

Karakter	N	Skewness	Kurtosis	Karakter	N	Skewness	Kurtosis
SCG1	130	-.307	.563	TMSO2	126	.517	-.584
SCG2	131	-.084	.224	TMSO3	126	.310	.419
SCP1	131	.665	.308	TMSA1	126	-.023	-.186
SCP2	131	-.598	7.092	TMSA2	126	.419	-.514
SLP1	132	1.713	6.673	TMSA3	126	.052	-.625
SLP2	132	3.050	7.414	MS1	126	5.406	27.666
SULP1	132	1.600	4.195	MS2	126	11.225	126.000
SULP2	132	2.020	4.709	TMP1	131	4.396	17.591
CO	132	-.076	-.660	TMP2	131	5.521	28.919
MG	132	.006	-.349	BG	113	-.402	.262
STM1	130	-.202	.098	PE	132	-.167	-.049
STM2	130	-.305	.243	PB	132	-.283	-.126
VE	132	-.058	-.555	BE	132	-.081	.053
PA1	122	1.746	3.048	BB	132	-.348	-.014
PA2	121	.239	.317	ÖB	124	-.372	.245
FP1	132	-.341	.389	AB	124	-.217	-.247
FP2	131	-.095	.320	ANE	121	-.344	.367
DP	132	.077	-.121	ANB	121	.392	.110
SDL1	125	-.603	.439	PI	132	.192	.192
SDL2	125	-.294	.807	BI	132	.572	.393
TL	132	-.459	-.221	AI	121	.535	.610
DL	132	-.045	-.104	BBG	113	.142	-.413
TMSO1	126	-.033	-.180	ABBG	113	-.255	.326

*D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica* popülasyonları için, PE, PB, VE, BE, PA2, BB, ÖB, FP2, AB, ANE, BI, AI, BBG, ABBG, PA1 karakterlerinin cinsiyete bağlı olarak değiştiği saptanmıştır ( $p < 0.05$ , Çizelge 4.23-4.24).

**Çizelge 4.23.** *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica* popülasyonlarının t-test analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	Ortalama (♀)	Ortalama (♂)	p
SCG1	63	67	10.79	10.78	.960
SCG2	63	68	10.95	10.46	.143
SCP1	63	68	6.41	6.22	.141
CO	63	69	9.78	9.86	.639
MG	63	69	28.24	28.51	.515
STM1	62	68	3.98	4.13	.301
STM2	63	67	4.11	4.12	.951
VE	63	69	27.81	26.42	.000
PA2	58	63	7.26	6.73	.006
FP1	63	69	19.14	19.70	.067
FP2	62	69	19.05	19.71	.030
DP	63	69	4.16	4.25	.362
SDL1	59	66	25.37	25.55	.616
SDL2	58	67	25.31	25.61	.296
TL	63	69	16.92	17.39	.149
DL	63	69	52.24	53.51	.053
TMSO1	60	66	2.67	2.70	.788
TMSO2	60	66	1.78	1.76	.846
TMSO3	60	66	3.00	3.05	.774
TMSA1	61	65	2.74	2.72	.900
TMSA2	61	65	1.77	1.86	.484
TMSA3	61	65	3.07	3.02	.758
BG	53	60	63.0596	65.1765	.116
PE	63	69	6.3067	6.8209	.000
PB	63	69	12.8338	14.0797	.000
BE	63	69	7.7987	8.3142	.003
BB	63	69	12.9883	14.3738	.000
ÖB	58	66	18.7716	20.1780	.000
AB	58	66	28.4341	31.0856	.000
ANE	58	63	3.8174	4.4216	.000
ANB	58	63	1.7941	1.8513	.388
PI	63	69	49.3776	48.5107	.118
BI	63	69	60.4049	57.8118	.001
AI	58	63	2.1962	2.4364	.004
BBG	53	60	20.4560	22.4739	.000
ABBG	53	60	45.3454	48.6316	.000

**Çizelge 4.24.** *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica* popülasyonlarının Mann-Whitney U analizi sonucu (N: Örnek Sayısı, p: Anlamlılık Derecesi).

Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p	Karakter	N (♀)	N (♂)	U	p
SCP2	63	68	2090.500	.784	PA1	58	64	1393.500	.001
SLP1	63	69	2154.500	.867	MS1	60	66	1974.000	.923
SLP2	63	69	2124.000	.638	MS2	61	65	1952.000	.333
SULP1	63	69	2003.500	.248	TMP1	63	68	2003.500	.078
SULP2	63	69	1940.000	.087	TMP2	63	68	2071.500	.276

Bu analizler neticesinde SCG1, SCG2, SCP1, SCP2, SLP2, MG, STM1, STM2, VE, PA1, PA2, FP1, FP2, DP, TMSO1, TMSO2, TMSA1, TMSA2, MS1, BG, PE, PB, BE, BB, ÖB, AB, ANE, ANB, PI, BI, AI, BBG ve ABBG karakterlerinin istatistiksel olarak anlamlı derecede cinsiyet ile değiştiği kabul edilmiştir. Böylece hem erkek hem de dişi bireyler için ayrı ayrı olacak şekilde bu karakterleri içeren iki yeni veri seti hazırlanmıştır. Geriye kalan karakterler için ise, tüm bireyleri içeren bir veri seti oluşturulmuştur. Oluşturulan bu yeni üç veri seti ile ayrı ayrı diskriminant analizi gerçekleştirilmiştir.

Erkek bireylerin yer aldığı yeni veri setinde SCP1, SCP2, SLP2, PA1, PA2, MS1, BG, PE, PB, BE, BB, ÖB, AB, ANE ve ANB karakterlerinin normal dağılım göstermediği saptanmıştır. Bu sebeple söz konusu karakterler LG10 tabanına çevrilmiştir. Bu şekilde dönüştürülen karakterlerden BE, AB ve ANB dışında kalanlar normal dağılım göstermediği için diskriminant analizine dahil edilmemiştir. Diskriminant analizi sonucunda oluşturulan beş fonksiyondan ilk ikisinin kladlar arasındaki varyasyonun %70,1’ni açıkladığı saptanmıştır (Çizelge 4.25). Söz konusu fonksiyonlardan beşincisi dışında hepsi istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ( $p < 0.05$ ).

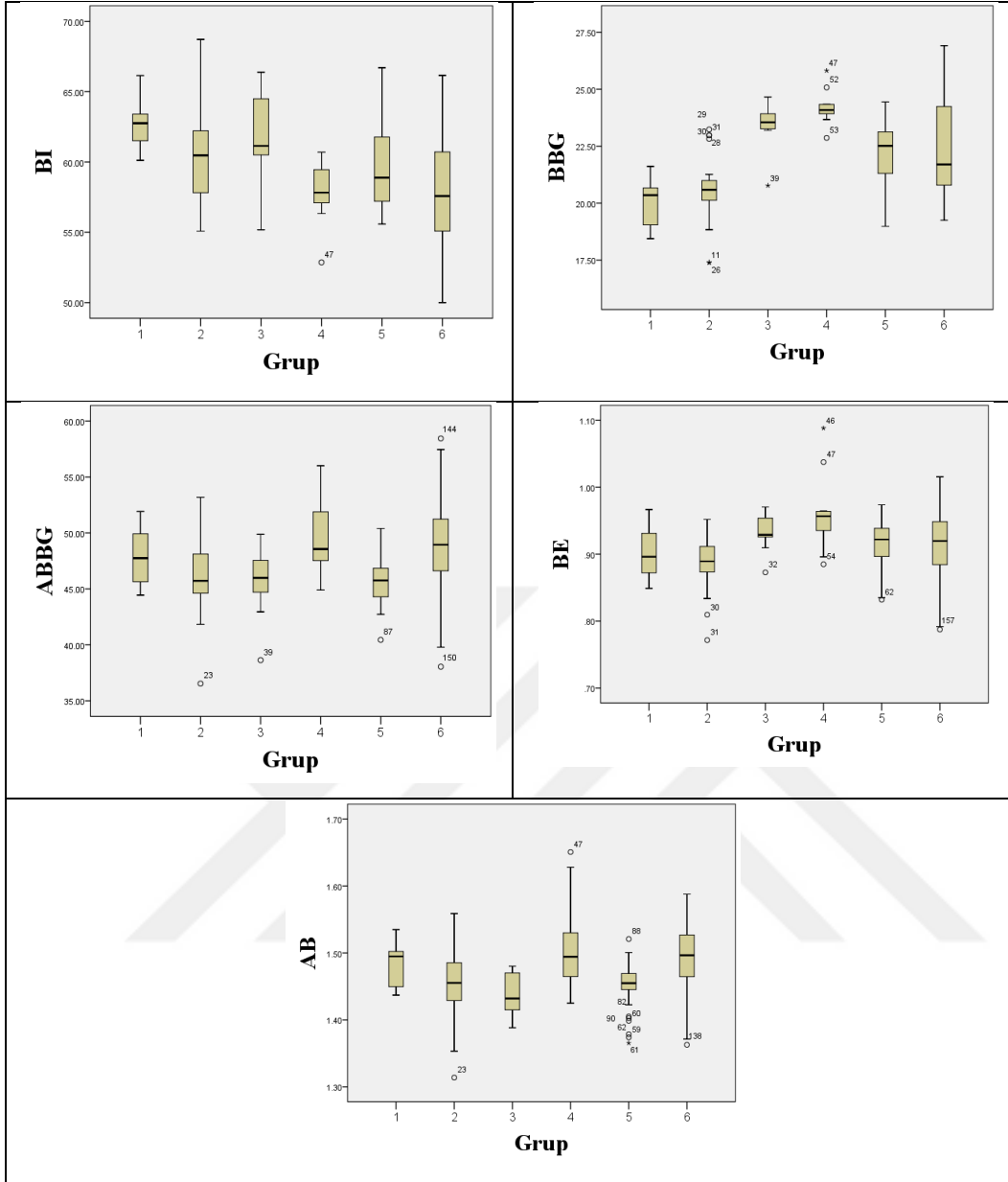
**Çizelge 4.25.** Erkek bireyler için diskriminant analizi sonucu fonksiyonların dağılımı (F: Fonksiyon, E: Eigenvalue, W: Wilks’ Lambda, p: Anlamlılık Derecesi).

F	E	Varyans (%)	Kümülatif (%)	Kanonik Korelasyon	W	W (p)
1	2.669	41.5	41.5	.853	.023	.000
2	1.839	28.6	70.1	.805	.084	.000
3	.917	14.2	84.3	.692	.238	.000
4	.781	12.1	96.4	.662	.457	.000
5	.229	3.6	100.0	.432	.814	.143

İlk iki fonksiyon dikkate alındığında analize sokulan karakterlerden BI, BBG, ABBG, BE ve AB özelliklerinin kladlar arasında morfolojik olarak ayırım yapmak için en yüksek katkıyı sağlayanlar oldukları tespit edilmiştir (Çizelge 4.26, Şekil 4.14).

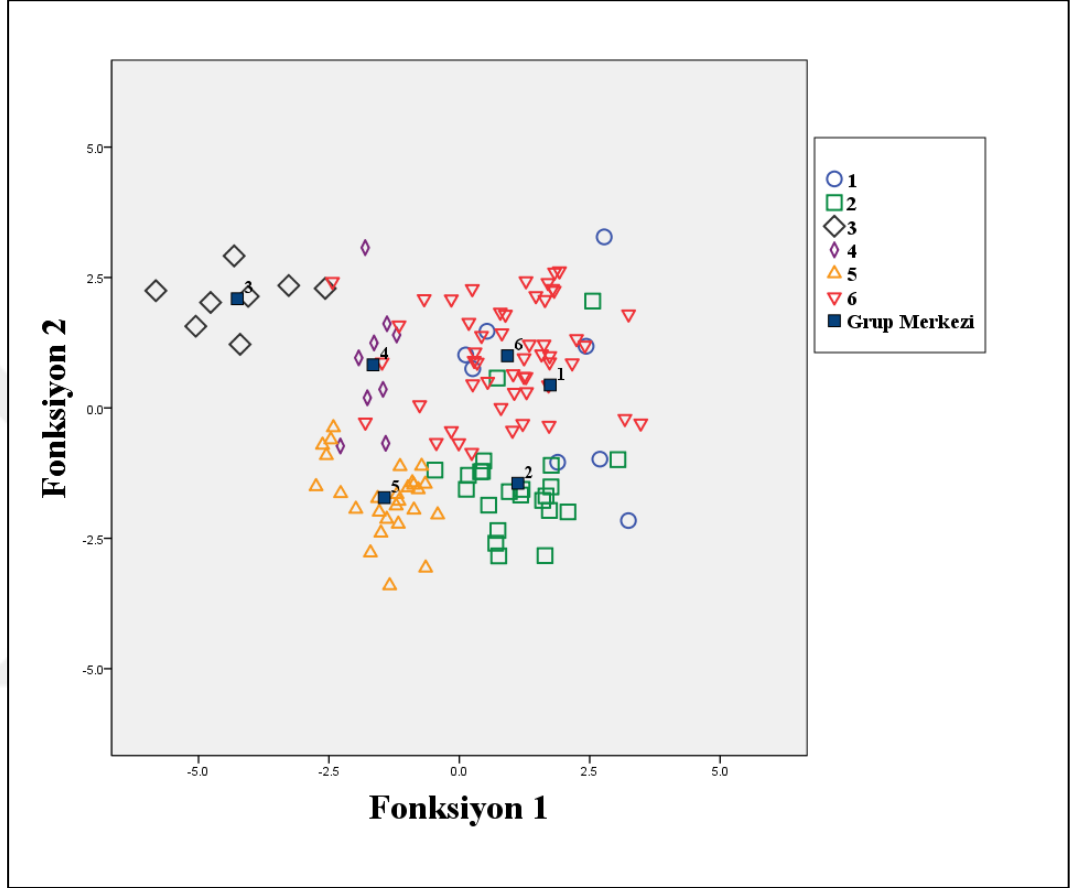
Çizelge 4.26. Erkek bireylere ait morfolojik karakterlerin standartlaştırılmış fonksiyon katsayıları.

Karakter	Fonksiyon				
	1	2	3	4	5
SCG1	.239	-.064	.451	-.155	.004
SCG2	-.022	-.057	-.199	.330	.613
MG	.413	.357	-.234	-.445	-.229
STM1	-.117	.369	.547	.284	-.074
STM2	.373	-.136	-.148	-.017	.403
VE	.161	-.351	.089	.411	-.203
FP1	.160	.312	-.160	-.426	-.027
FP2	-.014	-.301	-.233	.459	.267
DP	-.262	.464	-.733	.140	.344
TMSO1	.000	-.047	-.096	.176	.116
TMSO2	.355	-.264	.355	.379	.249
TMSA1	.079	-.320	-.303	-.518	-.376
TMSA2	-.158	.745	.080	.214	-.742
PI	-.328	.194	.297	.281	.085
BI	.825	1.023	.582	2.507	.650
AI	-.417	-.254	-.295	-.046	.000
BBG	.825	1.515	1.086	2.621	1.168
ABBG	-1.459	-1.178	-.699	-2.550	-1.387
BE	-2.326	-1.143	-.696	-3.423	-1.554
AB	2.737	1.605	1.518	3.570	1.823
ANB	-.633	-.080	-.476	.112	-.045



**Şekil 4.14.** Erkek bireylerin ayırımında en yüksek katkıyı sağlayan morfolojik karakterlerin Box-Whisker grafiği ile gruplar arasında karşılaştırılması (kare: ortalamanın standart hatası, yatay çizgi: ortalama değer, dikey çizgi: standart sapma) (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantziyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*).

Erkek bireylerin diskriminant analizi sonucunda, *D. r. mirabilis* alttürünün diğer kladlardan nispeten uzak olduğu, diğer kladların ise birbirlerine yakın olarak gruplaştığı ortaya çıkmaktadır (Şekil 4.15). Söz konusu analiz ilgili morfolojik karakterler kullanılarak örneklerin %91,3'ünün doğru bir şekilde gruplara yerleştirildiğini ortaya çıkarmıştır.



**Şekil 4.15.** Erkek bireylere ait diskriminant analizi sonucunda kladların dağılımı (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*).

Dişi bireylerin yer aldığı yeni veri setinde SCP1, SCP2, SLP2, PA1, MS1, PE, BE, AB ve AI karakterlerinin normal dağılım göstermediği saptanmıştır. Bu sebeple söz konusu karakterler LG10 tabanına çevrilmiştir. Bu şekilde dönüştürülen karakterlerden PA1, BE ve AI dışında kalanlar normal dağılım göstermediği için diskriminant analizine dahil edilmemiştir. Diskriminant analizi sonucunda oluşturulan beş fonksiyondan ilk ikisinin kladlar arasındaki varyasyonun %71,5'ni açıkladığı saptanmıştır (Çizelge 4.27). Söz konusu fonksiyonların tamamı istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ( $p < 0.05$ ).

**Çizelge 4.27.** Dişi bireyler için diskriminant analizi sonucu fonksiyonların dağılımı (F: Fonksiyon, E: Eigenvalue, W: Wilks' Lambda, p: Anlamlılık Derecesi).

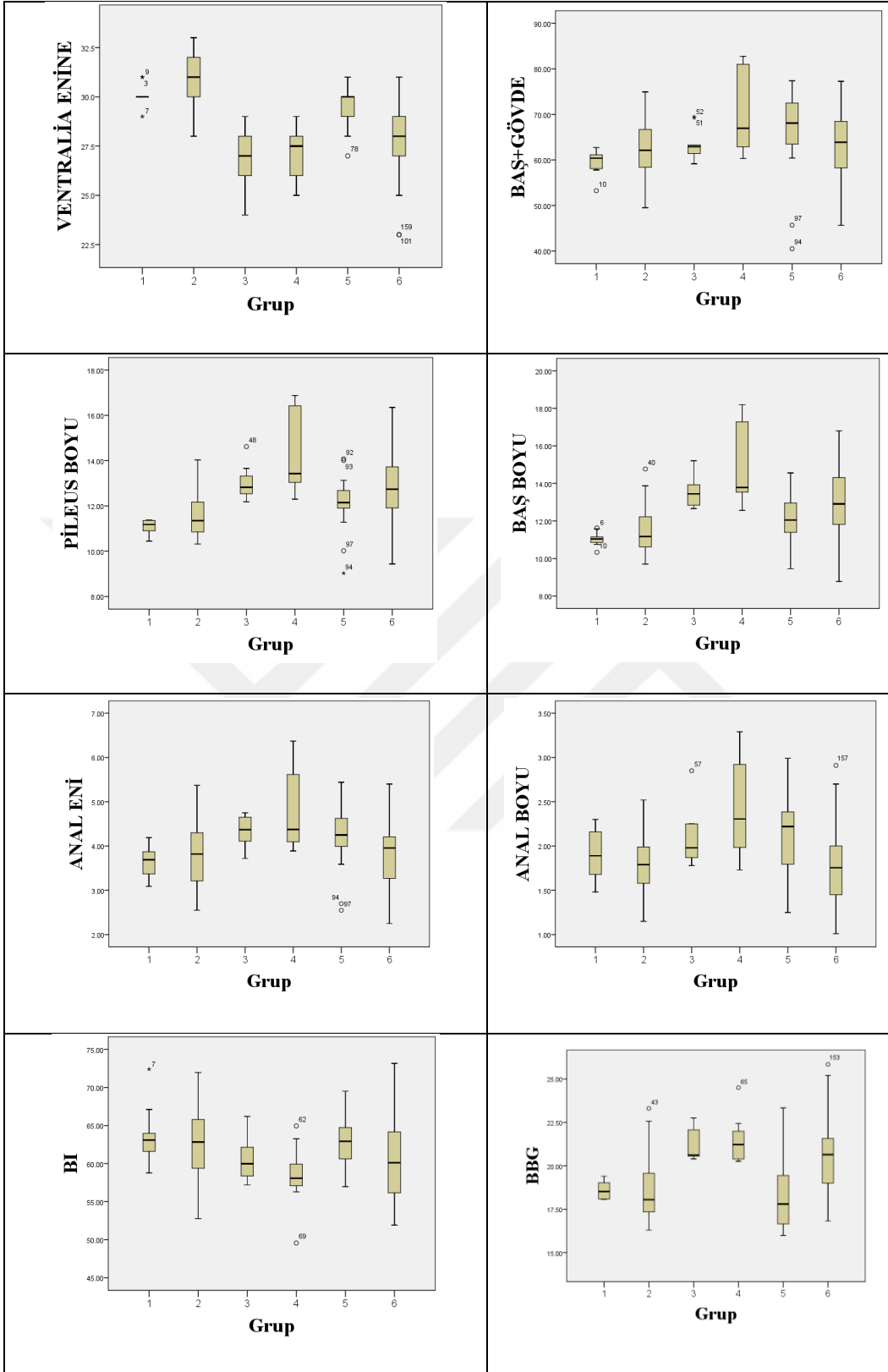
F	E	Varyans (%)	Kümülatif (%)	Kanonik Korelasyon	W	W (p)
1	3.401	43.6	43.6	.879	.014	.000
2	2.174	27.9	71.5	.828	.063	.000
3	1.238	15.9	87.4	.744	.201	.000
4	.567	7.3	94.6	.601	.450	.000
5	.419	5.4	100.0	.543	.705	.018

İlk iki fonksiyon dikkate alındığında analize sokulan karakterlerden VE, BG, PB, BB, ANE, ANB, BI, BBG, BE ve AI özelliklerinin kladlar arasında morfolojik olarak ayırım yapmak için en yüksek katkıyı sağlayanlar oldukları tespit edilmiştir (Çizelge 4.28, Şekil 4.16).

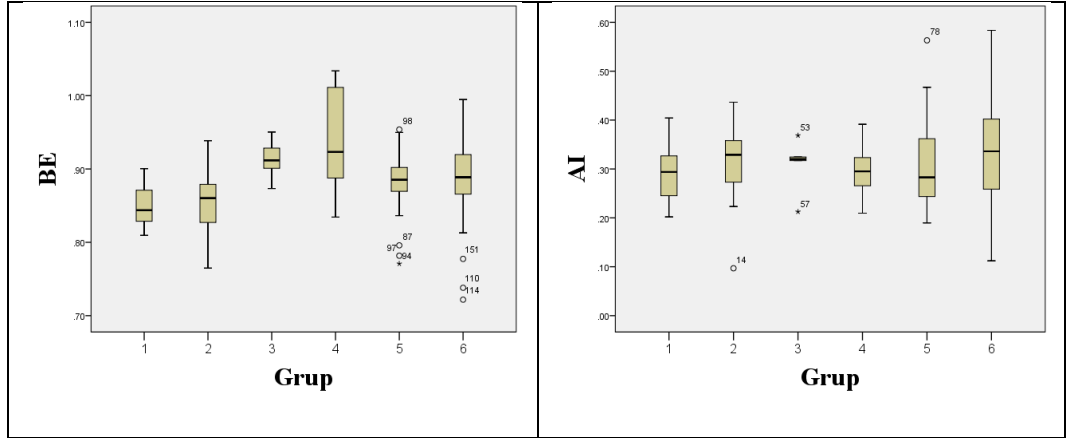
Dişi bireylerin diskriminant analizi sonucunda, *D. r. mirabilis* alttürünün diğer kladlardan uzak olduğu, diğer kladların ise birbirlerine yakın olarak gruplaştığı ortaya çıkmaktadır (Şekil 4.17). Erkek bireylerden farklı olarak bu analiz sonucunda, *D. v. valentini* alttürü ile yeni klad B'deki popülasyonların diğerlerine göre daha iyi ayrıldıkları ortaya çıkmaktadır. Söz konusu analiz ilgili morfolojik karakterler kullanılarak örneklerin %93.1'inin doğru bir şekilde gruplara yerleştirildiğini ortaya çıkarmıştır.

Çizelge 4.28. Dişli bireylere ait morfolojik karakterlerin standartlaştırılmış fonksiyon katsayıları.

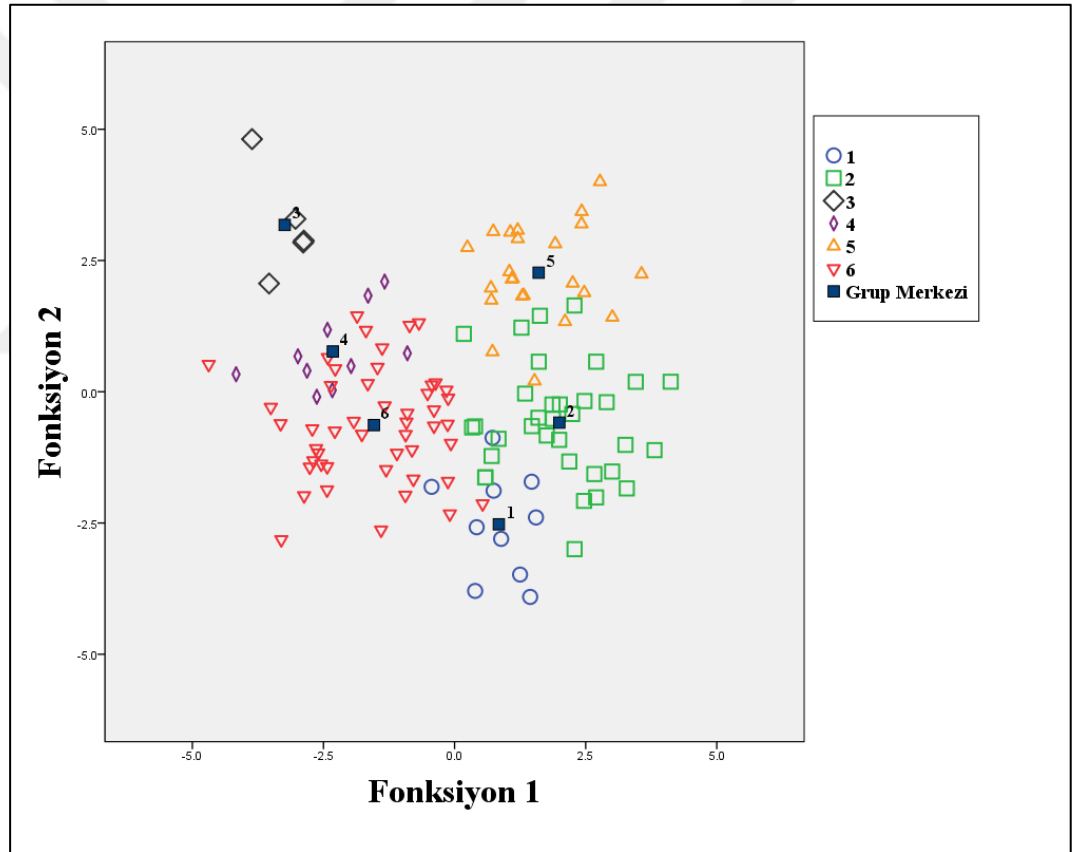
Karakter	Fonksiyon				
	1	2	3	4	5
SCG1	.430	.160	-.215	.140	-.115
SCG2	-.181	-.310	.460	-.119	-.172
MG	-.249	-.300	.238	-.364	-.197
STM1	-.123	-.223	-.360	-.130	-.335
STM2	-.017	-.272	.262	.273	.455
VE	.898	-.357	.054	.159	-.035
PA2	-.285	-.253	.323	.105	.268
FP1	.079	-.098	.026	.197	.457
FP2	-.083	-.157	-.347	-.226	-.246
DP	-.303	.260	-.611	-.174	-.099
TMSO1	-.122	.332	-.058	-.279	.101
TMSO2	-.075	-.257	-.045	-.572	-.048
TMSA1	.501	-.097	-.070	.065	.480
TMSA2	.014	.017	-.016	.668	.143
BG	.712	1.586	3.003	-1.217	1.864
PB	-.660	-1.177	2.399	-.783	.458
BB	-.270	.673	1.055	5.634	-5.068
ÖB	.176	-.057	-.349	-.124	-.333
ANE	1.756	.264	-1.285	.325	.175
ANB	-.789	.063	.826	-.078	-.588
PI	-.105	.183	.347	.514	.552
BI	.429	.834	2.865	1.559	-1.834
BBG	.567	1.374	1.972	-1.208	1.618
ABBG	.195	-.505	.419	.290	.052
PA1	-.082	-.399	-.356	.360	.011
BE	-1.145	-.968	-4.832	-2.678	3.073
AI	-.707	-.076	.825	-.318	-.477



**Şekil 4.16.** Dişi bireylerin ayırımında en yüksek katkıyı sağlayan morfolojik karakterlerin Box-Whisker grafiği ile gruplar arasında karşılaştırılması (kare: ortalamının standart hatası, yatay çizgi: ortalama değer, dikey çizgi: standart sapma) (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolkardagica*).



**Şekil 4.16 (devamı).** Dişi bireylerin ayırımında en yüksek katkıyı sağlayan morfolojik karakterlerin Box-Whisker grafiği ile gruplar arasında karşılaştırılması (kare: ortalamının standart hatası, yatay çizgi: ortalama değer, dikey çizgi: standart sapma) (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*).



**Şekil 4.17.** Dişi bireylere ait diskriminant analizi sonucunda kladların dağılımı (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*).

Tüm bireylerin yer aldığı yeni veri setinde SLP1, SULP1, SULP2, MS2, TMP1 ve TMP2 karakterlerinin normal dağılım göstermediği saptanmıştır. Bu sebeple söz konusu karakterler LG10 tabanına çevrilmiştir. Bu şekilde dönüştürülen karakterler de normal dağılım göstermediği için diskriminant analizine hiçbirisi dahil

edilmemiştir. Diskriminant analizi sonucunda oluşturulan beş fonksiyondan ilk ikisinin kladlar arasındaki varyasyonun %84,9'unu açıkladığı saptanmıştır (Çizelge 4.29). Söz konusu fonksiyonlardan beşincisi dışında hepsi istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur ( $p < 0.05$ ).

**Çizelge 4.29.** Tüm bireyler için diskriminant analizi sonucu fonksiyonların dağılımı (F: Fonksiyon, E: Eigenvalue, W: Wilks' Lambda, p: Anlamlılık Derecesi).

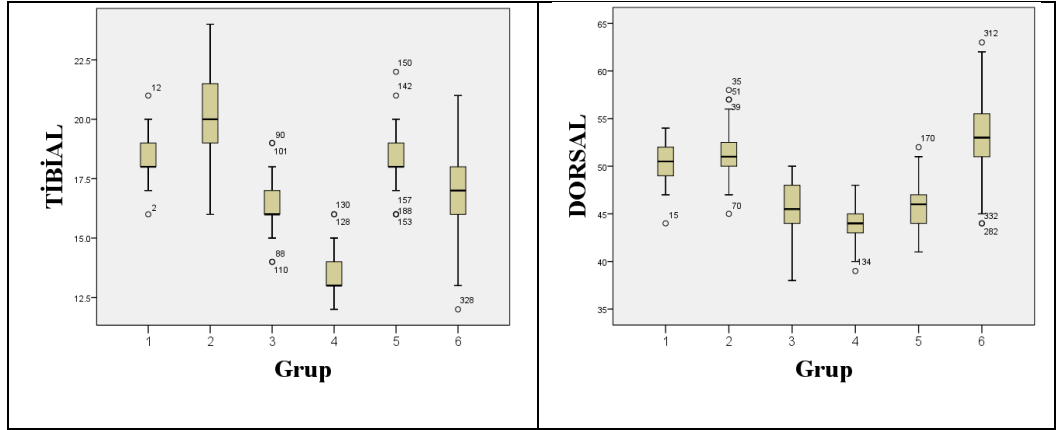
F	E	Varyans (%)	Kümülatif (%)	Kanonik Korelasyon	W	W (p)
1	1.949	54.9	54.9	.813	.103	.000
2	1.063	30.0	84.9	.718	.303	.000
3	.372	10.5	95.4	.521	.624	.000
4	.135	3.8	99.2	.345	.857	.000
5	.028	.8	100.0	.165	.973	.057

İlk iki fonksiyon dikkate alındığında analize sokulan karakterlerden TL ve DL özelliklerinin kladlar arasında morfolojik olarak ayırım yapmak için en yüksek katkıyı sağlayanlar oldukları tespit edilmiştir (Çizelge 4.30, Şekil 4.18).

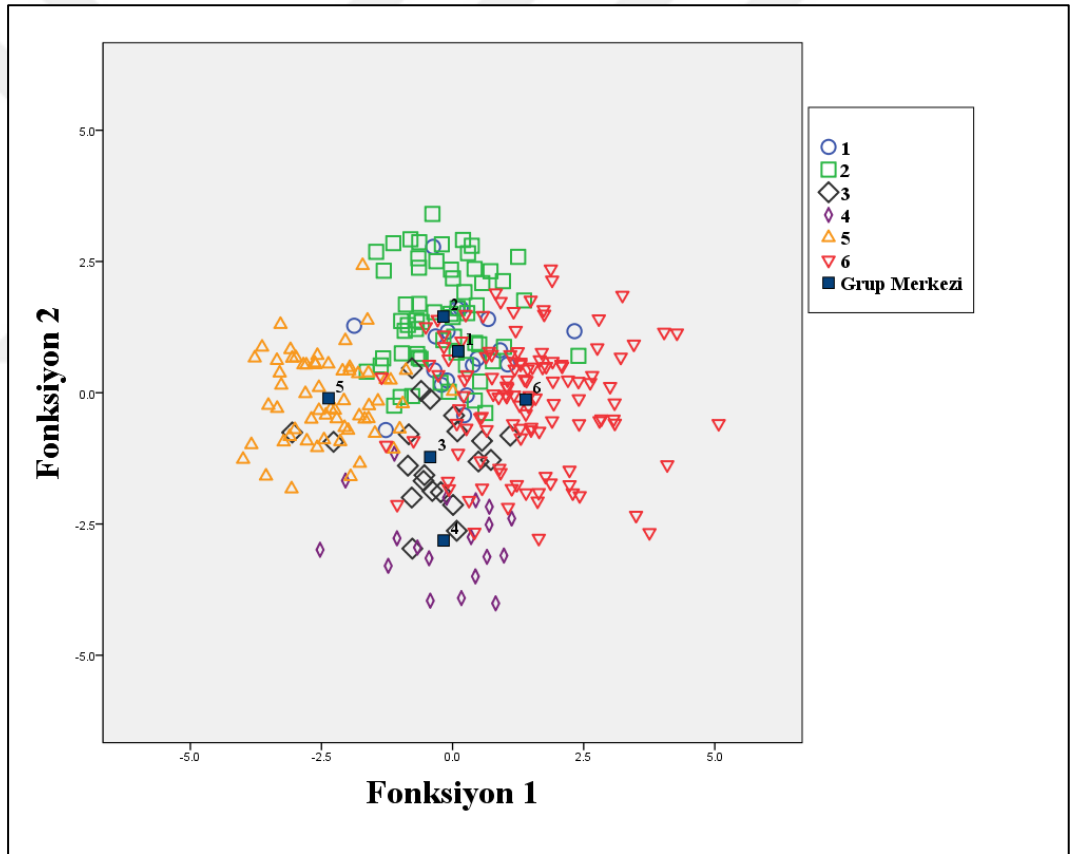
**Çizelge 4.30.** Tüm bireylere ait morfolojik karakterlerin standartlaştırılmış fonksiyon katsayıları.

Karakter	Fonksiyon				
	1	2	3	4	5
CO	.422	-.059	.057	.637	.502
SDL1	.246	.013	.414	.123	.354
SDL2	.031	-.111	.489	.123	-.785
TL	-.521	.900	.207	.082	.073
DL	.820	.252	-.643	-.041	-.310
TMSO3	.016	-.033	.252	-.306	.741
TMSA3	.265	.043	.275	-.413	-.190

Tüm bireylerin diskriminant analizi sonucunda, tüm kladların birbirlerine yakın olarak gruplaştığı ortaya çıkmaktadır (Şekil 4.19). Söz konusu analiz ilgili morfolojik karakterler kullanılarak örneklerin %78.0'inin doğru bir şekilde gruplara yerleştirildiğini ortaya çıkarmıştır.



**Şekil 4.18.** Tüm bireylerin ayırımında en yüksek katkıyı sağlayan morfolojik karakterlerin Box-Whisker grafiği ile gruplar arasında karşılaştırılması (kare: ortalamanın standart hatası, yatay çizgi: ortalama değer, dikey çizgi: standart sapma) (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantziyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*).



**Şekil 4.19.** Tüm bireylere ait diskriminant analizi sonucunda kladların dağılımı (1: Yeni Klad A, 2: Yeni Klad B, 3: *D. r. mirabilis*, 4: *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata*, 5: *D. v. valentini*, 6: *D. v. lantziyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica*).

Gerçekleştirilen analizler neticesinde, moleküler sonuçlar dikkate alındığında, *D. valentini* türü içerisinde iki ayrı gizli (kriptik) türün varlığı söz konusudur. Bu genetik soylara ait tanımlamalar aşağıda belirtilmiştir.

### **Yeni Klad A**

**Materyal:** 8 ♂♂, 10 ♀♀, Yukarımarlıca Köyü, Çatak, Van, Türkiye, leg. Çetin Ilgaz, Yusuf Kumlutaş.

**Holotip:** 1 ♂, Yukarımarlıca Köyü, Çatak, Van, Türkiye.

**Diagnos:** Diğer *D. valentini* popülasyonlarından mitokondriyal olan 12S rRNA, COI ve Cyt-b genleri üzerinde yer alan farklı nükleotid kompozisyonları ile ayrılır.

**Tanımlayıcı Karakterler:** Rostral plak burun deliği ile temas etmez. Postnasal başın her iki tarafında tektir. Frontonasal (internasal) plağın genişliği uzunluğuna kısmen eşit olup rostral plak ile temas etmez. Prefrontal plaklar ile frontal plak arasındaki suturlar düzdür. Parietal plaklar ile postorbital plaklar arasında her iki tarafta da temas vardır. Supraciliar granüllerin sayısı sol tarafta 12, sağ tarafında ise 11 olup, kesikli değildir. Supraciliar plaklar sol tarafta 6, sağ tarafında ise 5 tanedir. Supralabial plaklar her iki tarafta da 4 tane olup, sublabial plaklar ise sol tarafta 6 sağ tarafında 7 tanedir. Supratemporal bölgede yer alan plakların sayısı her iki tarafta da 4 tane olup, birinci supratemporal plak büyüktür ve arkaya doğru daralarak küt şekilde sonlanır. Masseterik her iki tarafta da büyük ve tek parça halinde olup, birinci supratemporal plaktan sol tarafta uzunlamasına iki, sağ tarafta ise üç sıra küçük pul ile ayrılır. Tympanik barizdir ve masseterik plak ile arasında başın her iki tarafında da enine üç sıra küçük pul mevcuttur. Collare üzerindeki pulların sayısı 9 olup, düzdür. Median gularia'da yer alan pulların sayısı 26'dır. Ventralia boyuna 6, enine ise 26 sıra plak içerir. Preanal plak 3 parçalı olup, çevresinde 7 sıra plak mevcuttur. Femoral porların sayısı sol tarafta 19, sağ tarafında ise 20'dir. Subdigital lamellerin sayısı her iki tarafta da 27'dir. Tibial bölgede yer alan pulların sayısı 18'dir. Dorsalia 52 tane pul içerir. Baş+Gövde 67,95 mm uzunluğundadır. Pileus eni 6,73 mm, pileus boyu 13,88 mm, baş eni 8,81 mm ve baş boyu 13,90 mm uzunluğundadır. Ön bacak uzunluğu 22,10 mm olup, arka bacak uzunluğu ise 31,96 mm'dir. Anal eni 4,61 mm olup, boyu ise 2,00 mm uzunluğundadır.

Sırt tarafın zemin rengi yeşilimsi kahverengi olup, bu zemin üzerinde uzunlamasına iki sıra halinde enine koyu lekeler bulunur. Benzer koyu lekelenme gövdenin her iki tarafında da mevcuttur. Hem vücut dorsalinin ortasında hem de lateralde yer alan bu iki koyu lekelenme arasında enseden başlayarak kuyruk kaidesine kadar daha açık renkli bir çift çizgi uzanır. Lateralde yer alan koyu bantlaşmalar üzerinde ön bacak kısmında daha fazla olacak şekilde az sayıda açık lekeler mevcuttur. Ön bacak kaidesi üzerindeki açık renkli lekelerden birkaç tanesi mavimsidir. Başaltı ve boyun bölgesi ile birlikte karın kısmı sarımsı renktedir. Baş plaklarının zemin rengi kahverengimsi olup üzerinde az sayıda dağınık ve küçük siyah lekeler mevcuttur. Ventral plakların birinci boyuna sırası her iki tarafta da koyu lekelenmeler içerir.

**Paratipler:** 7 ♂♂, 10 ♀♀

**Varyasyonlar:** Frontonasal (internasal) plak bir örnekte rostral plak ile temas etmektedir. Prefrontal plaklar ile frontal plak arasındaki suturlar on örnekte eğiktir. Parietal plaklar ile postorbital plaklar arasında bir örnekte sol tarafta temas yoktur. Supraciliar granüllerin sayısı örneklerin sol tarafında 9-16 sağ tarafında ise 8-15 arasında değişmekte olup, sol bölgede üç sağ bölgede ise iki örnekte kesiklidir. Supraciliar plaklar sol tarafta üç örnekte 4, dokuz örnekte ise 5, sağ tarafında ise sekiz örnekte 6 tanedir. Supralabial plaklar sol tarafta bir örnekte 3, üç örnekte ise 5 tane olup, sağ tarafında iki örnekte 5 tanedir. Sublabial plaklar sol tarafta dört örnekte 7, sağ tarafında ise on dört örnekte 6 tanedir. Supratemporal bölgede yer alan plakların sayısı sol tarafta sekiz örnekte 5, üç örnekte 6 tane olup, sağ tarafında ise on bir örnekte 5, iki örnekte 6 tanedir. Masseterik, beş örneğin sol tarafında bir örneğin ise sağ tarafında iki parçalı halindedir. Masseterik plak örneklerin sekiz tanesinde solda üç sağda ise iki sıra plak ile birinci supratemporal plaktan ayrılır. Tympanik, ve masseterik plak arasında üçer örnekte sol ve sağ tarafta olacak şekilde iki sıra küçük pul vardır. Collare üzerindeki pulların sayısı bir örnekte 11 tanedir. Median gularia'da yer alan pulların sayısı 24 ile 33 arasında değişmektedir. Ventralia enine 26 ile 31 arasında sıra plak içerir. Preanal plak üç örnekte 2 tane olup, iki örnekte tek parçadır. Preanal plağın çevresinde 6 ile 9 sıra arasında değişen plak mevcuttur. Femoral porların sayısı sol tarafta 17 ile 22, sağ tarafında ise 18 ile 22 arasında değişmektedir. Subdigital lamellerin sayısı sol tarafta 24 ile 28, sağ tarafında ise 23 ile 28 arasında değişmektedir. Tibial bölgede yer alan pulların sayısı

16 ile 21 arasındadır. Dorsalia 44 ile 54 arasında pul içerir. Baş+Gövde 53,25 ile 67,85 mm uzunluğu arasında değişmektedir. Pileus eni 5,63 ile 7,02 mm, pileus boyu 10,45 ile 13,60 mm, baş eni 6,45 ile 9,26 mm ve baş boyu 10,33 ile 14,00 mm uzunluğu arasında değişmektedir. Ön bacak uzunluğu 16,60 ile 22,02 mm, arka bacak uzunluğu ise 25,67 ile 34,26 mm arasında değişmektedir. Anal eni 3,09 ile 4,70 mm, boyu ise 1,35 ile 2,35 mm uzunluğunda değişmektedir.

Örneklerden dört tanesinde zemin rengi üzerindeki enine koyu lekeler gövde yanlarındaki lekeler ile birleşmiş olup iki ayrı sıra teşkil etmemektedir. Örneklerin yedi tanesinde ön bacak kaidesi üzerindeki açık renkli lekeler mavi değildir. Başaltı ve boyun bölgesi ile birlikte karın kısmı sekiz örnekte beyazımsı renktedir. Örneklerin üç tanesinde baş plaklarının üzerinde herhangi bir lekelenme yoktur. Örneklerin on beş tanesinde ventral plakların birinci boyuna sırası her iki tarafta da mavimsi lekelenmeler içerir.

**Dağılışı:** Van Gölü'nün güneyinde yer alan Çatak (Van) civarı.

**Habitat:** Subalpin vejetasyon, kayalık ve taşlık alan, 2363 m. Bölgede başka bir sürüngen türü tespit edilememiştir.

### Yeni Klad B

**Materyal:** 23 ♂♂, 35 ♀♀, 2 ♀♀ subadult, 4 juvenil, -Başğmez Köyü, Çaldıran, Van, -Balık Gölü, Taşlıçay, Ağrı, -Çirişli Köyü, Çat, Erzurum, -Güzeldere Köyü, Hınıs, Erzurum, - Palandöken, Erzurum, leg. Kamil Candan, Nurettin Beşer, Mehmet Kürşat Şahin.

**Holotip:** 1 ♂, Başğmez Köyü, Çaldıran, Van, Türkiye.

**Diagnos:** Diğer *D. valentini* popülasyonlarından mitokondriyal olan 12S rRNA, COI ve Cyt-b genleri üzerinde yer alan farklı nükleotid kompozisyonları ile ayrılır.

**Tanımlayıcı Karakterler:** Rostral plak burun deliği ile temas etmez. Postnasal plak başın her iki tarafında tektir. Frontonasal (internasal) plağın genişliği uzunluğuna kısmen eşit olup rostral plak ile temas etmez. Prefrontal plaklar ile frontal plak arasındaki suturlar düzdür. Parietal plaklar ile postorbital plaklar arasında her iki tarafta da temas vardır. Supraciliar granüllerin sayısı her iki tarafta da 11 olup sol kısımda kesikli sağ kısımda ise kesikli değildir. Supraciliar plaklar

her iki tarafta da 6 tanedir. Supralabial plaklar her iki tarafta da 4 tane olup, sublabial plaklar ise her iki tarafta da 6 tanedir. Supratemporal bölgede yer alan plakların sayısı sol tarafta 4 sağ tarafta ise 5 tane olup, birinci supratemporal plak büyüktür ve arkaya doğru daralarak küt şekilde sonlanır. Masseterik her iki tarafta da büyük ve tek parça halinde olup, birinci supratemporal plaktan iki sıra küçük pul ile ayrılır. Tympanik barizdir ve masseterik plak ile arasında her iki tarafta da üç sıra küçük pul vardır. Collare üzerindeki pulların sayısı 9 olup, düzdür. Median gularia'da yer alan pulların sayısı 30'dur. Ventralia boyuna 6, enine ise 27 sıra plak içerir. Preanal plak tek parça olup, çevresinde 6 sıra plak mevcuttur. Femoral porların sayısı sol tarafta 17, sağ tarafında ise 21'dir. Subdigital lamellerin sayısı sol tarafta 27, sağ tarafında ise 26'dır. Tibial bölgede yer alan pulların sayısı 20'dir. Dorsalia 53 tane pul içerir. Baş+Gövde 66,79 mm uzunluğundadır. Pileus eni 6,90 mm, pileus boyu 13,73 mm, baş eni 8,03 mm ve baş boyu 13,44 mm uzunluğundadır. Ön bacak uzunluğu 19,98 mm olup, arka bacak uzunluğu ise 28,49 mm'dir. Anal eni 4,68 mm olup, boyu ise 1,75 mm uzunluğundadır.

Sırt tarafın zemin rengi yeşilimsi kahverengi olup, bu zemin üzerinde uzunlamasına iki sıra halinde enine koyu lekeler bulunur. Benzer koyu lekelenme gövdenin her iki tarafında da mevcuttur. Hem vücut dorsalinin ortasında hem de lateralde yer alan bu iki koyu lekelenme arasında enseden başlayarak kuyruk kaidesine kadar daha açık renkli bir çift çizgi uzanır. Lateralde yer alan koyu bantlaşmalar üzerinde ön bacak kısmında daha fazla olacak şekilde az sayıda açık lekeler mevcuttur. Ön bacak kaidesi üzerindeki açık renkli lekelerden birkaç tanesi mavimsidir. Başaltı ve boyun bölgesi ile birlikte karın kısmı beyazımsı renktedir. Baş plaklarının zemin rengi kahverengimsi olup üzerinde az sayıda dağınık ve küçük siyah lekeler mevcuttur. Ventral plakların birinci boyuna sırası her iki tarafta da mavimsi lekelenmeler içerir.

**Paratipler:** 8 ♂♂, 8 ♀♀, 2 juvenil, Başeğmez Köyü, Çaldıran, Van, - 1 ♂, 3 ♀♀, 2 ♀♀ subadult, Balık Gölü, Taşlıçay, Ağrı, - 6 ♂♂, 12 ♀♀, 1 juvenil, Çirişli Köyü, Çat, Erzurum, - 2 ♂♂, 4 ♀♀, Güzeldere Köyü, Hınıs, Erzurum, - 5 ♂♂, 8 ♀♀, 1 juvenil, Palandöken, Erzurum.

**Varyasyonlar:** Frontonasal (internasal) plak üç örnekte rostral plak ile temas etmektedir. Prefrontal plaklar ile frontal plak arasındaki suturlar on yedi örnekte eğiktir. Parietal plaklar ile postorbital plaklar arasında üç örnekte sol ve bir örnekte

sağ tarafta temas yoktur. Supraciliar granüllerin sayısı örneklerin sol tarafında 7-16 sağ tarafında ise 7-17 arasında değişmekte olup, sol bölgede yirmi bir sağ bölgede ise yirmi iki örnekte kesiklidir. Supraciliar plaklar sol tarafta iki örnekte 7, sağ tarafında ise bir örnekte 5, iki örnekte 7 tanedir. Supralabial plaklar sol tarafta üç, sağ tarafında ise iki örnekte 5 tanedir. Sublabial plaklar her iki tarafta da birer örnekte 7 tanedir. Supratemporal bölgede yer alan plakların sayısı sol tarafta dokuz örnekte 3, üç örnekte 5 tane olup, sağ tarafında ise 2 ile 5 arasında değişmektedir. Masseterik, dört örneğin sol tarafında altı örneğin ise sağ tarafında iki parçalı halindedir. Masseterik plak sol tarafta örneklerin otuz tanesinde bir beş tanesinde ise üç sıra pul ile, sağ tarafta örneklerin otuz üç tanesinde bir üç tanesinde ise üç sıra pul ile birinci supratemporal plaktan ayrılır. Tympanik ve masseterik plak arasında sırasıyla olacak şekilde sol ve sağ taraflarda yirmi bir ve yirmi üç örnekte iki sıra küçük pul vardır. Ayrıca altı örneğin sağ ve beş örneğin sol taraflarında dört, bir örneğin ise sol tarafında beş sıra küçük pul Tympanik ve masseterik plakları ayırır. Collare üzerindeki pulların sayısı dört örnekte 8, dört örnekte ise 11 tanedir. Median gularia'da yer alan pulların sayısı 24 ile 32 arasında değişmektedir. Ventralia enine 28 ile 31 arasında sıra plak içerir. Preanal plak üç örnekte 2 tane, altı örnekte ise üç parçalıdır. Preanal plağın çevresinde 6 ile 8 sıra arasında değişen plak mevcuttur. Femoral porların sayısı her iki tarafta da 18 ile 22 arasında değişmektedir. Subdigital lamellerin sayısı sol tarafta 25 ile 30, sağ tarafında ise 24 ile 29 arasında değişmektedir. Tibial bölgede yer alan pulların sayısı 19 ile 23 arasındadır. Dorsalia 49 ile 58 arasında pul içerir. Baş+Gövde 36,18 ile 76,87 mm uzunluğu arasında değişmektedir. Pileus eni 4,54 ile 7,60 mm, pileus boyu 8,18 ile 14,96 mm, baş eni 4,83 ile 8,95 mm ve baş boyu 7,51 ile 14,77 mm uzunluğu arasında değişmektedir. Ön bacak uzunluğu 11,44 ile 22,79 mm, arka bacak uzunluğu ise 17,59 ile 36,21 mm arasında değişmektedir. Anal eni 1,83 ile 5,56 mm, boyu ise 0,62 ile 2,52 mm uzunluğunda değişmektedir.

Örneklerden bir tanesinde zemin rengi üzerindeki enine koyu lekeler gövde yanlarındaki lekeler ile birleşmiş olup iki ayrı sıra teşkil etmemektedir. Ayrıca on örnekte zemin rengin üzerinde uzunlamasına bulunan enine koyu lekeler siliktir. Örneklerin dört tanesinde ön bacak kaidesi üzerindeki açık renkli lekeler mavi değildir. Başaltı ve boyun bölgesi ile birlikte karın kısmı dokuz örnekte sarımsı

renktedir. Örneklerin on dört tanesinde baş plaklarının üzerinde herhangi bir lekelenme yoktur.

**Dağılışı:** Van Gölü'nün doğusunda yer alan Çaldıran (Van) civarı, Balık Gölü (Ağrı) civarı, Palandöken Dağı (Erzurum) ve güneyinde yer alan Çat ile Hınıs (Erzurum) civarları.

**Habitat:** Subalpin vejetasyon, kayalık ve taşlık alan, 2095 m. (Çaldıran), 2270 m. (Balık Gölü), 2429 m. (Palandöken), 1946 m. (Çat), 2643 m. (Hınıs). Palandöken dağında simpatrik olarak *D. unisexualis* türü tespit edilmiştir. Diğer bölgelerde başka bir sürüngen türü tespit edilememiştir.



## 5. SONUÇ VE TARTIŞMA

*Darevskia valentini* türü büyük bir kısmı ülkemizde olmakla birlikte Gürcistan, Ermenistan ve Azerbaycan'da da yayılış gösteren bir kaya kertenkelesidir. Söz konusu türe ait gerçekleştirilen ilk bilimsel çalışmalar, diğer sürüngen türlerinde de olduğu gibi morfolojik parametrelere dayalı olarak yürütülmüştür. Bu morfolojik değerlendirmeler neticesinde, türün taksonomisi ile ilgili olarak bazı yeniden yapılandırmalar oluşturulmuştur. Bunlardan bazıları, yeni alttürlerin tanımlanması veya bir alttürün daha sonraları başka bir türe dahil edilerek yeniden değerlendirilmesi gibi, morfolojik sistematığın geleneksel yaklaşımına uygun sonuçlar ortaya çıkarırken, bazı durumlarda ise, sorunlu durumları çözmekten ziyade herhangi bir aydınlatıcı kanıt ortaya koyamayarak bu durumlara katkı sağlayan pozisyonda kalmışlardır (Lantz and Cyren, 1936; Darevsky and Eiselt, 1967; Darevsky, 1967, 1972; Darevsky and Lukina, 1977; Eiselt et al., 1992).

Morfolojik karşılaştırmalar neticesinde, öne çıkan önemli durumlardan bir tanesi *D. v. lantziyreni* olarak tanımlanan alttürün *D. v. valentini* alttürü ile konspesifik olduğunun belirtilmesidir (Darevsky, 1967; Uzzel and Darevsky, 1975). Darevsky (1967), kaya kertenkelesi grubu üzerine gerçekleştirdiği kapsamlı çalışmasında, bu gruba dahil taksonların hem karşılaştırmasını hem de dağılış alanlarını belirtirken bu durumu ileri sürmüştür. Ancak bu alttürler arasındaki söz konusu morfolojik benzerliği paylaşırken, aynı zamanda alttürlerin taksonomik olarak doğru bir şekilde yapılandırılabilmesi için Anadolu'nun kuzeydoğu bölgesinden ilave örnekler ile bir çalışmanın gerçekleştirilmesi gerektiğini vurgulamıştır. Darevsky (1967), *Lacerta saxicola valentini* için Ermenistan ve Gürcistan popülasyonlarının yanında Türkiye'den sadece Yalnızçam Geçidi (Ardahan) örneklerine yer verirken, *Lacerta saxicola lantziyreni* için ise Erciyes Dağı (Kayseri), Tirebolu (Giresun), Meryamana (Trabzon), İkizdere ve İspir arası (Rize), Bayburt, Gümüşhane ve Hafik (Sivas) popülasyonlarını kullanmıştır. Dikkate değer diğer bir nokta ise, söz konusu *D. valentini* alttürlerinin yakınlığını belirttiği filogenetik bir dendrogramda aynı soy hattı içerisine *Lacerta saxicola bithynica* ve *Lacerta saxicola tristis* taksonlarını da yerleştirmiş olmasıdır. Hatta, *Lacerta saxicola lantziyreni* alttürünü bu filogenetik soy hattının köküne yerleştirmiş, buradan öncelikle *Lacerta saxicola tristis* ve daha sonrasında da

*Lacerta saxicola valentini* ve *Lacerta saxicola bithynica* taksonlarının ortaya çıktığını belirtmiştir. Bu durumda, bir yandan *Lacerta saxicola lantzicyreni* ve *Lacerta saxicola valentini* alttürlerinin benzerliğini ortaya çıkarırken, diğer yandan grubun karmaşık yapısına da doğrulamıştır. Öyle ki, *D. bithynica* günümüzde ayrı bir tür olarak kabul edilse de uzunca bir süre *D. rudis* türü ile ilişkilendirilmiş ve *D. rudis*'in alttürü olduğu kabul edilmiştir (Arribas et al., 2013). Aynı zamanda, *Lacerta saxicola lantzicyreni* ile *Lacerta rudis obscura* alttürlerinin kökensel olarak ortak bir atadan geldiklerini belirterek *rudis* grubu ile *valentini* grubu arasındaki yakınlığı ifade etmiştir (Darevsky, 1967). Dolayısıyla, önceleri *Lacerta saxicola lantzicyreni* olarak isimlendirilen taksonun *D. valentini*'nin alttürü olarak kabul edilmesinin önünü açan çalışma, aynı zamanda grubun kompleks yapısını da gözler önüne sermektedir. Diğer taraftan, Uzzel and Darevsky (1975), *D. v. lantzicyreni* ve *D. v. valentini* alttürlerinin morfolojik olarak benzediğini sadece Darevsky'e (1967) atıfta bulunarak kabul ederken, *D. b. bithynica*, *D. b. tristis*, *D. v. lantzicyreni* ve *D. defilippi* taksonlarını *saxicola* grubu ile konspesifik olmamaları gerekçesiyle çalışmalarına dahil etmemişlerdir. Bu şekilde, Uzzel and Darevsky (1975), bir yandan söz konusu alttürlerin benzerliğini kabul ederken, diğer yandan *D. v. valentini* alttürünün *saxicola* grubu içinde olduğunu, *D. v. lantzicyreni* alttürünün ise olmadığını iddia etmektedirler. Söz konusu her iki yayının ardından, Darevsky and Lukina (1977), her iki taksonu da *Lacerta valentini* tür ismini ilk kez kullanarak bu türün alttürleri olarak paylaşmışlardır. Mevcut çalışmada, Kars'ın 35 km kuzeyi ve Ardahan'ın 25 km batısındaki popülasyonlar *D. v. valentini* olarak değerlendirilirken, Hınıs'ın (Erzurum) 45 km kuzeybatısındaki bir popülasyon ise *D. v. lantzicyreni* şeklinde ele alınmıştır. Darevsky and Lukina (1977), dorsalia, median gularia, femoral por ve kulak delikleri arasındaki pul sayısı karakterleri bakımından *D. v. lantzicyreni* alttürünün nominant forma nazaran daha yüksek değerlere sahip olduğuna işaret ederken, supraciliar granüllerin *D. v. lantzicyreni*'de daha fazla kesikli olduğunu da belirtmişlerdir. Böylece her iki alttürün morfolojik olarak diagnosunda kullanılabilecek karakterler bu şekilde sınıflandırılmıştır.

Zaman içerisinde gerçekleştirilen bilimsel çalışmalarda, *D. valentini* ve *D. rudis* türleri açısından bazı popülasyonların grubun karmaşıklığını desteklediği görülmektedir. Örneğin, Darevsky (1967, 1972), Zigana'dan (Gümüşhane) elde

ettiği örnekleri *D. v. lantziyreni* alttürüne dahil ederken, ilerleyen dönemde aynı bölgeden toplanan örnekler *D. r. rudis* alttürüne dahil edilmiştir (Böhme and Budak, 1977; Arribas et al., 2013). Darevsky (1967), *D. v. lantziyreni* alttürünün literatüre göre dağılışı sahası içinde Karagöl'ü (Samsun) paylaşırken, bu bölge günümüzde *D. r. rudis*'in dağılışı sahası içerisinde kalmaktadır (Koç et al., 2017). Karagöl (Niğde), Aladağ (Adana) ve Hasan Dağı (Aksaray) popülasyonları *D. v. lantziyreni* alttürünün dağılışı sahası içinde düşünülürken (Nilson and Flärth, 1988), bunlardan Karagöl'de yer alan örneklerin *D. rudis* içinde yeni bir alttür (*D. r. bolkardagica*) olduğu ortaya çıkarılmıştır (Arribas et al., 2013). Görünen o ki, söz konusu taksonların sadece morfolojik karakterler göz önünde bulundurulduğunda, bazı popülasyonlarında ayrımını net olarak yapabilmek pek mümkün olamamaktadır.

Tez çalışması kapsamında neredeyse *D. valentini* türünün ülkemiz içerisinde kalan tüm dağılışı sahasından kullanılan popülasyonlar, *D. rudis* popülasyonları ile morfolojik karakterler açısından diskriminant analizi kullanılarak karşılaştırılmıştır. Bu analiz neticesinde, moleküler analizler sonucunda elde edilen filo-grupların morfolojik belirteçler açısından net olarak ayrılmadığı ve birbirleri ile çakışan alanları işgal ettikleri görülmektedir (Şekil 4.14, 4.15, 4.16). Değerlendiremeye alınan filo-gruplardan sadece *D. r. mirabilis* alttürünün diğer beş gruptan biraz daha uzakta yer alarak ayrıldığı söylenebilir (Şekil 4.14, 4.15). Diskriminant analizi sonucunda, her bir filo-grubun morfolojik olarak ayırt edilebilmesi için kullanılan karakterlerden vücut ölçüm oranlarının (BG, PB, BB, BE, ANE, ANB, BI, BBG, ABBG ve AI) ağırlıklı olarak en etkili karakterler olduğu ortaya çıkmaktadır (Çizelge 4.26, 4.28). Diskriminant analizi sonucunda elde edilen tüm sonuçlar göstermektedir ki, tez çalışması kapsamında değerlendirilmesi gerçekleştirilen kertenkele örneklerinin morfolojik olarak ayrımında pholidosis karakterlerinden ziyade vücut ölçüm oranlarının daha fazla etkisi mevcuttur. Bu durum popülasyonların işgal ettikleri habitatlar ile doğrudan ilişkili olabilir. Nitekim, "*rudis*" kladı içinde yer alan kaya kertenkelesi türlerinin farklı habitat tiplerine adapte olarak buralarda yaşamayı sürdürdükleri kabul edilmektedir (Tarknishvili et al., 2013). Farklı habitat tiplerinin de farklı ekolojik değerleri ortaya çıkardığı bilinen bir gerçektir (Odum and Barrett, 2008). Söz konusu farklı ekolojik parametreler, türler üzerinde vücut büyüklüklerine etki

edecek farklı süreçleri tetikleyebilir. Bu durumun netleştirilmesi için, morfolojik analizlere ilaveten ekolojik parametrelerin de dahil olduğu analizler ile birlikte yürütülmesi gerekmektedir. Bu şekilde büyüklük bakımından ortaya çıkan farkların ekolojik kökenleri aydınlatılabilir ve gerçekte söz konusu taksonların ayırımındaki değerler netleştirilebilir. Şu an için, *D. valentini* ve *D. rudis* türleri açısından, pholidosis karakterlerine bağlı olarak kesin bir ayırım yapılmasının mümkün olmadığı anlaşılmaktadır. Bu sonuç her iki türün morfolojik olarak birbirine ne kadar benzediğini ve süregelen çalışmalarda ortaya çıkan karmaşıklığı desteklemektedir (Tarkhishvili, 2012; Gabelaia et al., 2018). Görünen o ki, geleneksel morfolojik karakterlere dayalı bir ayırımın bu türler üzerinde yanıltıcı sonuçlar verebileceği ve hatalı taksonomik yapılandırmaya imkan tanıyacağı bir gerçektir. Ancak kullanılan morfolojik belirteçler günümüzde tercih edilen daha yeni teknikler ile farklı sonuçlar verebilir. Örneğin, son dönemde gerçekleştirilen bir çalışmada, *D. rudis* türünde yer alan örneklerin pul ve plak yapıları üç boyutlu görüntüleme ile karşılaştırılmış ve *D. r. obscura* alttürü tür seviyesine çıkarılmıştır (Gabelaia et al., 2018). Bu şekilde bir teknik ile karşılaştırma yapmanın *D. valentini* ve *D. rudis* türlerinin ülkemiz popülasyonları arasında ne gibi sonuçlar vereceği şu an için gizemini korumaktadır. Ancak geleneksel yöntem ile kesin ayırım yapılamayacağı ortaya çıkan önemli bir durum olup, günümüze kadar gelen bu tarz çalışmaların tartışmalı durumuna destek sağlamaktadır.

Doğada pek çok tür için morfolojik olarak benzerliklerinin altında gizli kalmış genetik farklılıklar barındırdıkları durumlar tespit edilmiştir. Gizli (*cryptic species*) olarak tanımlanan bu türlerin sürüngenler içerisindeki varlığı da son dönemde gerçekleştirilen çalışmalarda artarak ortaya çıkmaktadır (Ahmadzadeh et al., 2013; Sindaco et al., 2014; Tamar et al., 2015, 2019; Freitas et al., 2016b; Psonis et al., 2017; Simó-Riudalbas et al., 2017; Cacciali et al., 2018; Kornilios et al., 2018; Kotsakiozi et al., 2018; Mendes et al., 2018). Bu türleşme süreçlerindeki genetik farklılığın temeli pek çok durumda türlerin sahip oldukları filocoğrafik geçmişleri ile ilişkilendirilmekte ve altında yatan farklı nedenlere dayanabilmektedir. *D. valentini* türü için gerçekleştirilen filogenetik analizler neticesinde genetik olarak yeni soy hatlarının varlığı tespit edilmiştir (Şekil 4.4, 4.6). Bu soylar türün Van, Ağrı ve Erzurum illeri sınırları içinde kalan popülasyonlarını kapsamaktadırlar. Söz konusu popülasyonlara ait örnekler hem birleştirilmiş

mtDNA hem de Cyt-b gen dizileri ile gerçekleştirilen her iki filogenetik analiz sonucunda da ayrı kladlarda yer almışlardır. mtDNA veri setine bakıldığında, ülkemizdeki *D. rudis* örneklerinin de kullanılmasına rağmen bu popülasyonların yüksek *bootstrap* ve *posterior probabilities* değerleri ile desteklenen farklı dallarda yer aldıkları görülmektedir (Şekil 4.4, 4.6). Bu filogeni yapılandırması son derece önemli olmasına ve türle ilgili yeni sonuçlar sağlamasına rağmen, bu dalların yeni bir soyu temsil edip etmediğini anlayabilmek için *D. valentini* türünün kardeş taksonlarını da analize dahil etmenin gerekliliği anlaşılmaktadır. Öyle ki, gerçekleştirilen kapsamlı bir moleküler filogenetik çalışmada *Darevskia* cinsinin üç ayrı soy içerdiği ileri sürülmüştür (Murphy et al., 2000). Bu soylardan bir tanesi (*rudis*) *D. valentini*, *D. rudis*, *D. portschinskii* ve *D. parvula* türlerini içermektedir (Şekil 1.1). Dolayısıyla doğru bir filogenetik tarihe ulaşmak ve taksonomik yapıyı ortaya çıkarmak için *D. valentini* türü ile yakından ilişkili bu diğer türleri de değerlendirmeye alarak bir sonuç elde etmek önemli görülmektedir (Murphy et al., 2000). Bu doğrultuda kullanılan Cyt-b veri seti bizlere bu sonuca ulaşma konusunda yardımcı olmuştur. Netice olarak tıpkı mtDNA analizinde olduğu gibi bu analiz sonucunda da yeni soy hatlarının varlığı ortaya çıkarılmıştır (Şekil 4.6). Böylece çalışma kapsamında değerlendirilen söz konusu popülasyonların gerçekten “*rudis*” kladı içinde yer alan diğer hiçbir türe ait olmadığı ve onlardan genetiksel olarak farklı olduğu konusunda ikna edici bir sonuca ulaşılmıştır. Bu şekilde coğrafik olarak Van Gölü’nün güney ve doğusunda, Ağrı il sınırları içerisinde kalan Balık Gölü civarı ile Erzurum il sınırları içerisindeki Palandöken Dağı ve bu dağın güneyinde yer alan popülasyonların günümüze kadar morfolojik olarak ayrımı sağlanamamış gizli bir tür olduğu açıkça görülmektedir.

*D. valentini* türünde yer alan alttürlerin dağılış sınırlarının belirlenmesinde önemli katkı sunan bir çalışmada, Palandöken, Çat ve Hınıs (Erzurum) ile Narlıca (Van) popülasyonları *D. v. lantzicyreni*, Ahlat ve Süphan Dağı (Bitlis) Ağrı Dağı (Ağrı), Göle, Yalzinçam ve Çıldır (Ardahan) popülasyonları ise *D. v. valentini* alttürlerine dahil edilmiştir (Eiselt et al., 1992). Bununla birlikte, aynı çalışmada Çaldıran’dan (Van) bir popülasyon sahip olduğu morfolojik karakterler açısından mevcut herhangi bir alttüre dahil edilemeyerek intermediant form olarak bırakılmıştır. Tez çalışması kapsamında, moleküler analizler neticesinde elde edilen filogenetik soy hatları dikkate alındığında, elde edilen sonuçlarla türün Eiselt et al.,

(1992) çalışmasında belirtilen alttürlerle ait dağılış sınırları arasında bir uyumsuzluk söz konusudur. Nitekim Eiselt et al., (1992) çalışmasında Erzurum ve Van civarından nominant forma dahil edilen popülasyonlar, genetiksel olarak nominant forma dahil popülasyonlardan farklılık göstermektedir (Şekil 4.4, 4.6). Ayrıca, Çaldıran'dan kullanılan örnekler de söz konusu yeni soy hattı (Yeni Klad B) içerisinde yer almaktadır. Morfolojik açıdan *D. v. lantzicyreni* alttürü olarak tespit edilen bu popülasyonlar için, moleküler olarak bu sonucun desteklenmediği anlaşılmaktadır. Süphan ve Ağrı Dağları civarından herhangi bir popülasyonun moleküler olarak değerlendirilmemesine rağmen, Ağrı sınırları içerisinde yer alan bir popülasyonun da (Balık Gölü) Erzurum ve Van (Çaldıran) örnekleri ile beraber aynı soy hattında yer alıyor olması, söz konusu bölgenin *D. v. valentini* alttürünün dağılış alanı içerisinde gösterilmesinin hatalı olabileceği sonucunu ortaya çıkarmaktadır. Elde edilen moleküler sonuçlar, zaman içerisinde mevcut alttürlerin dağılış alanlarının belirlenmesinde önemli rol alan morfolojik çalışmalar ile paralellik göstermemektedir (Darevsky, 1967; Eiselt et al., 1992). Bu durum, tam olarak da grubun gizli (kriptik) bir türleşme sürecine sahip olduğu ve genetiksel olarak farklı soy hatlarını içerdiği sonucunu desteklemektedir. Benzer bir durum, *Darevskia* cinsi içinde yer alan *D. chlorogaster* ve *D. defilippii* türleri üzerine de ortaya çıkarılmıştır (Ahmadzadeh et al., 2013). Söz konusu her iki türün, yayılış alanları boyunca pek çok noktada çakışan bir dağılış sergilemelerinin yanında, morfolojik olarak da benzerliklerine ilişkin değerlendirmeler yapılmıştır (Ahmadzadeh et al., 2013). Ahmadzadeh et al. (2013), her iki türün kompleks yapısına dikkat çekerek, morfolojilerinin yanında hem moleküler hem de ekolojik analizler ile kapsamlı bir değerlendirme yapmışlardır. Kullandıkları moleküler belirteçler (mtDNA'da yer alan Cyt-b ve NADH ile nükleer DNA'da yer alan C-mos ve MC1R), söz konusu her iki grupta da gizli (kriptik) türlerin olduğunu ortaya çıkarmıştır. Filogenetik analizler sonucunda, tanımladıkları yeni türlerden *D. caspica*'nın 0.99/69 (BI/ML) ve *D. kamii*'nin 1.00/100 (BI/ML) pp ve *bootstrap* değerleri ile *D. chlorogaster*'den, *D. schaekeleli*'nin ise 99 (ML) *bootstrap* değeri ile *D. defilippii*'den farklı dallarda yer aldıklarını paylaşmışlardır. Tanımlanan yeni türlerden bir diğeri olan *D. kopetdaghica* ise 0.95/50 pp ve *bootstrap* değerlerinden daha düşük bir oranla diğeri dallardan ayrılmış olsa da tür ağacı analizinde diğeri üç yeni tür içinde geçerli olduğu gibi ayrı bir tür olarak kabul edilmesi gerektiği sonucuna ulaşmıştır (Ahmadzadeh et al., 2013). *D. valentini* türü için elde edilen

filogenetik analizler dikkate alındığında, yeni klad olarak tanımlanan soyların geriye kalan popülasyonlardan yüksek pp ve *bootstrap* değerleri ile ayrıldıkları (Şekil 4.4, 4.6) ve her iki tür ağacı analizinde de ayrı tür olarak ortaya çıktıkları (Şekil 4.9, 4.10) açıkça görülmektedir.

Özellikle Cyt-b analizine bakıldığında, “*rudis*” kladı içinde pek çok politominin ortaya çıktığı görülmektedir. Bu durum oldukça sınırlı bir DNA dizisini kullanılması (Cyt-b geninin sadece 320 bazlık kısmı) ya da grubun kompleks yapısı ile ilişkili olabilir. Bu sebeple, “*rudis*” kladı içerisindeki geriye kalan türlerin birbirleri ile filogenetik akrabalığı şu an için açıklanabilir durmamaktadır. Bununla birlikte, daha önceki bir yayında da belirtildiği üzere *D. portschinskii* türünün iki ayrı klada ayrıldığı net bir şekilde ortaya çıkmaktadır (Şekil 4.6) (Tarkhnishvili et al., 2013). Söz konusu kladlardan bir tanesinin aynı *D. valentini*'nin yeni soy hatlarında olduğu gibi saf olarak izole olduğu açıkça görülmektedir. Bu aşamada belirtilmesi gereken önemli noktalardan bir tanesi de, her ne kadar geriye kalan türler politomi sebebiyle net olarak ayırt edilemese de her bir türün kendi coğrafik bölgesini kapsayan bir monofiletik dalda gruplanmasıdır (Şekil 4.6). Elbette coğrafi izolasyon, adaptasyon ve ILS (*incomplete lineage sorting*) gibi süreçler göz ardı edilmese de böyle bir yapının ortaya çıkmasında hibritleşmenin rolünün üst seviyede olduğu kabul edilebilir (Tarkhnishvili et al., 2013). Tarihsel süreçte gerçekleşen hibritleşme süreçleri bu karmaşanın ortaya çıkmasındaki en büyük pay sahibi olabilir. Böyle bir süreç, grubun hem moleküler değerlendirmesinin hem de ekolojik modellemesinin yapıldığı bir çalışmada tartışılmış ve bu karmaşıklığın ortaya çıkışındaki en önemli etkenlerden birinin *D. rudis* ve *D. portschinskii* türleri arasındaki hibritleşme olduğu ileri sürülmüştür (Tarkhnishvili et al., 2013). *D. valentini* türü açısından ise diğer iki türle kıyaslandığında, farklı iklim koşullarına adaptasyonu sonucunda hızlı bir genetik ayrışmanın tetiklenmesi ile sonuçlanan bir sürecin daha ön plana çıktığı ileri sürülmüştür. Bu durum, *D. rudis* ve *D. portschinskii* türleri arasında *D. valentini*'ye kıyasla daha fazla gen akışının saptanmasından dolayı bu şekilde açıklanmıştır. Tez çalışması kapsamında elde edilen filogenetik ağaçlar dikkate alındığında, *D. v. lantziyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolgardagica* alttürlerinin iç içe geçen bir dallaşma gösterdikleri ortaya çıkmaktadır (Şekil 4.4, 4.6). Bu durum tam olarak da kullanılan moleküler belirteçlerin bir hibritleşme örüntüsü sonucunda söz konusu alttürlerin aralarında

genetiksel bağ oluşturmaları sebebiyle gerçekleşmiş olabileceği ihtimalini güçlendirmektedir.

Her iki tür ağacı analizi de hem mtDNA hem de Cyt-b veri seti ile *D. valentini* türüne ait söz konusu yeni soy hatlarının ayrı birer tür olma potansiyellerinin olduğunu ortaya çıkarmaktadır (Şekil 4.7, 4.8, 4.9, 4.10). Bu analizler neticesinde, her iki yeni soy hattının da “*rudis*” kladında yer alan her bir tür kadar farklı pozisyonda olduğu açıkça anlaşılmaktadır. Bu durum, söz konusu soy hatlarının genetiksel olarak ne derece diğer taksonlardan uzak olduğunun önemli bulgularından bir tanesidir. Özellikle mPTP analizi sonucunda, ülkemizdeki yeni soy hatları ile beraber bir *D. portschinskii* soy hattının diğer gruplardan genetiksel olarak son derece izole oldukları görünmektedir. Bu durum “*rudis*” kladının filogenetiksel olarak yeniden değerlendirilmesinin önünü açabilir. Öyle ki, her üç grup da ağaçların bazalında yer alarak, “*rudis*” kladının en eski formları oldukları izlenimini sergilemektedirler. Dolayısıyla, “*rudis*” kladı içindeki türleşme süreçlerinin takibi, söz konusu yeni soyların filogenetik kökeni oluşturduğu ve coğrafi olarak işgal ettikleri bölgeleri en eski yayılış alanları kabul eden yeni açıklamaları sağlayabilir. Ancak bu noktada, geriye kalan taksonların durumlarının netleştirilebilmesi için farklı moleküler belirteçlerin kullanılması kaçınılmazdır. Her ne kadar Cyt-b geni için mPTP analizi sonucunda *D. valentini*, *D. rudis*, *D. bithynica* ve *D. portschinskii* (B) türleri açısından bir ayırım gerçekleşmiş olmasa da mtDNA’nın kullanıldığı sonuç dikkate alınmaya değerdir. Bu analiz sonucunda, nominant *D. valentini valentini* ayrı bir pozisyondayken, *D. v. lantzicyreni*, *D. r. rudis* ve *D. r. bolcardagica* taksonları aynı türün elemanları olarak ortaya çıkmıştır. Anlaşılan o ki, *D. valentini*’nin alttürlerinden *D. v. lantzicyreni*, *D. rudis* ile yakın bir ilişki içerisinde. Bu durum her iki taksonun coğrafi olarak işgal ettikleri alanlar göz önüne alınırsa mantıklı gözükmemektedir (Baran vd. 2012). Özellikle geçmiş yıllarda gerçekleştirilen morfolojik çalışmalarda, bu taksonlardaki popülasyonlar birbirleri ile sıklıkla karıştırılmışlardır ve morfolojik olarak benzerlikleri mevcuttur (Darevsky, 1967). *D. rudis* içerisinde yer alan diğer üç alttür (*D. r. obscura*, *D. r. macromaculata* ve *D. r. bischoffi*) ise, aynı türe mensup olarak karşımıza çıkmaktadır. Söz konusu alttürlerden, *D. r. obscura*’nın tür seviyesine yükseltilmesi gerektiği bildirilmiştir (Gabelaia et al., 2018). Bu durumda, söz konusu üç alttürün de filogenetiksel olarak

aynı dalı paylaştıkları (Şekil 4.4) ve aynı tür olma potansiyellerinin olduğu (Şekil 4.9) düşünülürse, bu grup için yeniden bir değerlendirilmenin gerektiği ortaya çıkmaktadır. İlginç olarak, *D. r. mirabilis* alttürü gerçekleştirilen her bir tür ağacında ayrı bir dalı sahiplenmiştir. Söz konusu popülasyon, Rize İli'nin sınırları içerisinde kalan yaklaşık 2560 m yüksekliğe sahip Ovit Dağı civarında bulunmaktadır. Görünen o ki, söz konusu alttür coğrafi olarak izole bir pozisyonda olup, hem morfolojik hem de moleküler belirteçler açısından diğer taksonlardan farklılık göstermektedir (Şekil 4.4, 4.14, 4.15). Bu durum, “*rudis*” kladı içerisinde yer alan *D. r. mirabilis* alttürünün taksonomik olarak yeniden değerlendirilebilme potansiyeline sahip olduğuna işaret eder. Tüm bu olası durumlar, her bir taksona ait yeterli sayıda örneğin kullanıldığı ve farklı morfolojik ve moleküler belirteçlerin analiz edildiği kapsamlı bir çalışma ile aydınlatılmaya ihtiyaç duymaktadır.

*Darevskia* cinsi pek çok partenogenetik türe sahiptir (Darevsky, 1967; Freitas et al., 2016a, 2019). *D. valentini* türünün mevcut tanımlanmış partenogenetik türlerin babasal hattını oluşturan türlerden biri olduğu kabul edilmektedir. Diğer babasal hat *D. portschinskii* iken, anasal hattı meydana getiren türlerin *D. raddei* ve *D. mixta* olduğu düşünülmektedir (Murphy et al., 2000; Freitas et al., 2016a). Yukarıda adı geçen taksonlara ait yeni genetiksel soy hatlarının tespit edilmesinin mevcut partenogenetik türler üzerine olası etkilerinin araştırılması da önemle üzerinde durulması gereken bir başka hususu da ortaya koymaktadır. Tez çalışması kapsamında, *D. valentini* türüne ait genetiksel olarak iki yeni soy hattı tespit edilmiştir. Bu durumda, söz konusu yeni soyların partenogenetik türlerin ortaya çıkmalarına etkileri var mıdır sorusu doğmuştur. Bunun cevabını elde edebilmek için, nükleer genlerin kullanıldığı haplotip *network*'leri oluşturulmuştur. Her iki gen açısından da bakıldığında, *D. valentini*'nin yeni soylarının partenogenetik türler üzerine etki ettikleri anlaşılmaktadır (Şekil 4.11, 4.12). C-mos geni için elde edilen sonuç değerlendirildiğinde, Yeni klad B'nin dominant *D. v. valentini* ile beraber partenogenetik türler olan *D. unisexualis*, *D. uzzelli* ve *D. bendimahiensis* ile bir haplotipi paylaştıkları görülmektedir (Şekil 4.11). Değerlendirmeye alınan bir diğer nükleer gen olan MC1R için ise, *D. unisexualis* ve *D. bendimahiensis* türleri yeni klad A ve B ile, *D. uzzelli* türü ise *D. valentini* ile beraber birer haplotipleri paylaşmaktadırlar (Şekil 4.12). Freitas et al. (2016a) tarafından, partenogenetik türler üzerine gerçekleştirilen çalışmada, aynı gen

bölgeleri üzerine haplotip değerlendirmesi yapmışlardır. Söz konusu çalışmada kullandıkları *D. valentini* türüne ait örnekler Ermenistan'dan olup, şu an ki filogenetik sonuçlar ışığında nominant türe dahildirler. C-mos geni için, tez çalışmasında elde edilen sonuçlara benzer şekilde partenogenetik olan *D. unisexualis*, *D. uzzelli* ve *D. bendimahiensis* türlerinin *D. valentini* ile aynı haplotipi paylaştığını göstermişlerdir. Ancak kullandıkları arasında Yeni klad B'ye ait bir örnek olmadığından bu popülasyonların da aynı haplotipe sahip olduğunu tespit edememişlerdir. MC1R geni için ise, *D. valentini* türünün sadece *D. uzzelli* ile aynı haplotipi paylaştığı, diğer partenogenetik olanların ise babasal hatta herhangi bir tür ile haplotip paylaşmadığı sonucuna ulaşmışlardır. Oysa, tez çalışması kapsamında *D. uzzelli* için benzer sonucun elde edilmesinin yanında, diğer partenogenetik türlerin yeni kladlar ile aynı haplotipe sahip olduğu sonucuna ulaşılmıştır. MC1R geni C-mos genine göre daha hızlı evrimleşen ve bu sebeple de daha ayrıntılı bilgi paylaşan bir gen bölgesidir (Freitas et al., 2016a). Bu durumda C-mos geni için, kullanılan her bir partenogenetik türün aynı haplotipi paylaşıyor olarak gözükmeye beklenebilir bir durumdur. Ancak MC1R'ye bakıldığında, *D. uzzelli*'nin babasal soyunun nominant *D. valentini*'ye, *D. unisexualis* ve *D. bendimahiensis* türlerinin ise bu çalışma kapsamında belirlenen yeni kladlara dayandığı sonucuna ulaşılmaktadır. Görünen o ki, günümüzde *D. valentini* türünün içinde kabul edilen genetiksel olarak gizli (kriptik) durumdaki yeni soy hatları partenogenetik türleşme süreçleri üzerinde etkili rol almışlardır.

Cyt-b geninin mutasyon sıklığına bağlı olarak hesaplanan ayrılma zamanları, yeni soy hatlarının “*rudis*” kladı içerisinde geriye kalan taksonlardan ortalama olarak 3.37 myö'ne dayanan bir süreçte ayrıldıklarına işaret etmektedir (Şekil 4.13). Bu durum, “*rudis*” kladı içerisindeki ayrılmaların daha eski bir döneme tarihlenebileceği izlenimini doğurmaktadır. Nitekim, söz konusu klad içindeki mevcut türlerin birbirlerinden ayrılma dönemlerinin çok daha yakın bir tarihte olduğuna işaret etmektedirler (Tarkhishvili et al., 2013; Freitas et al., 2016a). Ancak her iki çalışmada, dağılım sahası olarak daha çok Türkiye'nin doğusu, Gürcistan ve Ermenistan bölgelerini kapsayan popülasyonlar değerlendirmeye alınmış olup, “*rudis*” kladına dahil bütün türlerin en geniş dağılım bölgelerini dikkate alan bir konumda değildir. Tez çalışması kapsamında ayrılma zamanlarının hesaplanmasında kullanılan C ve D filo-gruplarında yer alan türler

için önerilen ayrılma süreci literatürde 500.000 yıl öncesine kadar dayanmaktadır (Şekil 4.13) (Tarkhnishvili et al., 2013). Elde edilen sonuçlar neticesinde, bu gruplardan *D. portschinskii* türüne ait bir soy hattı (filo-grup C) diğer türlerin yer aldığı gruptan yaklaşık 0.69-3.49 myö'ne dayanan bir ayrılma sürecine sahip görünmektedir. Bu durumda, filo-grup D içerisinde yer alan türler dikkate alındığında, bu tarih aralığının literatürde aynı dağılış alanından kullanılan örnekler için belirtilen değerlere yaklaştığı anlaşılmaktadır. Türkiye'de yayılış gösteren *D. valentini* ve *D. rudis* (grup F) ile *D. bithynica* (grup E) filo-gruplarının ayrılma sürelerinin, literatüre benzer bir sonuç olarak çok daha yakın bir dönemde gerçekleştiği ortaya çıkan tahminlerden bir tanesidir. Diğer açıdan, partenogenetik türlerin ortaya çıkışlarının son buzul dönemin sonrasında, (*Last Glacial Maximum*, LGM) yaklaşık 5.000-7.000 yıl öncesinde gerçekleştiği ileri sürülmüştür (Darevsky, 1993). Ancak gerçekleştirilen multilokus analizleri neticesinde bu türlerin 200.000 ile 70.000 yıl öncesinde ortaya çıktıklarına dair yeni bir hesaplama paylaşılmıştır (Ryskov et al., 2017). Anlaşılacağı üzere, kullanılan moleküler belirteç ve hesaplama metodu ayrılma zamanlarının tahmininde farklı yorumlara sebep olabilmektedir. Şu an için kullanılan Cyt-b geninin 320 bazlık kısmi dizisi ile gerçekleştirilen hesaplama, "*rudis*" kladı içindeki türlerin tahmin edilenden daha eskiye dayanan bir ayrılma süreci geçirdiğini önermektedir.

*D. valentini* türünün alttürlerinden birisi olan *D. v. spitzenbergerae*, dağılış gösterdiği bölgeden tez çalışması boyunca temin edilememesi sebebiyle değerlendirilememiştir. Söz konusu alttürün tanımlanmasında kullanılan örnekler Cilo Dağı'ndaki (Hakkari) Mergan Yaylası'ndan 1974 yılında toplanmış ve daha sonra morfolojik olarak değerlendirilerek yeni bir taksona dahil edilmesi ileri sürülmüştür (Eiselt et al., 1992). Söz konusu taksonomik yapılandırma, alttürün morfolojik ayırım karakteri olarak incelenen örneklerin çoğunda masseterik plağın büyük ve parçalı olması belirtilmiştir. Bu alttürün hem morfolojik hem de moleküler düzeyde taksonomik olarak durumunun netleştirilebilmesi, alttüre ait örneklerin temin edilerek gerçekleştirilecek analizlere bağlıdır. Şu an için durumu hakkında bir değerlendirme yapılamamıştır.

*D. valentini* türünün filogenetik yapılandırmasını içeren bu tez çalışması ile, söz konusu türün günümüze kadar yapılan morfolojik tabanlı literatüre dayalı taksonomisi üzerine yeni ve önemli sonuçlar elde edilmiştir. Morfolojik olarak

ayrılmaları mümkün gözükmeyen ve Doğu Anadolu Bölgesi'nde yayılış gösteren popülasyonların genetiksel olarak yeni soylar oldukları en önemli sonuçlardan bir tanesidir. Bu yeni soy hatları, kompleks yapısı pek çok kez belirtilmiş olan (Darevsky, 1967; Murphy et al., 2000; Tarkhnishvili et al., 2013) “*rudis*” kladı içindeki türler ile kıyaslandığında oldukça saf ırklar olarak karşımıza çıkmaktadırlar. “*rudis*” kladında yer alan türlerin pek çok hibritleşme sürecine ev sahipliği yapan tarihsel geçmişleri, *D. valentini* türünü de çoğu kez etkisi altına almıştır. Bu denli karmaşık bir genetiksel yapıya sahip grubun, mevcudiyetinde izole popülasyonlara da sahip olduğu ortaya çıkmaktadır. Diğer yandan, *D. valentini* türünün dağılış sahasının geriye kalan kısmı dikkate alındığında, özellikle *D. rudis* türü ile hem genotip hem de fenotip özellikleri açısından karmaşık bir durum ortaya çıkmaktadır. Erciyes Dağ'ından başlayarak Erzurum'a kadar uzanan dağılış hattı boyunca, *D. valentini* türünün *D. rudis* türü ile olan ilişkisi dikkate alınarak araştırılması gerekmektedir. Böylece sadece *D. valentini* değil, söz konusu her iki türün de taksonomik olarak yapılandırılmasında doğru sonuçlar elde edilebilir. *D. valentini* türünün farklı genetiksel soylara sahip olması, *Darevskia* cinsinde yer alan türlerin filogenetik yapılandırılmasında ve partenogenetik olanların ortaya çıkışındaki süreçlerin aydınlatılmasında önemli bir noktada yer almaktadır. Mevcut veriler ışığında, ortaya çıkarılan yeni soy hatlarının taksonomik olarak isimlendirilebilecek potansiyel de olduğu görülmektedir. Bu sebeple söz konusu popülasyonların tanımlayıcı karakterleri oluşturulmuş, ancak isimlendirmeleri yayın sürecine bırakılmıştır.

## KAYNAKLAR DİZİNİ

- Ahmadzadeh, F., Flecks, M., Carretero, M.A., Mozaffari, O., Böhme, W., Harris, D.J., Freitas, S. and Rödder, D.,** 2013, Cryptic speciation patterns in Iranian Rock Lizards uncovered by integrative taxonomy, *Plos One*, 8(12), 1-17 pp.
- Akman, B., Yıldız, M.Z., Özcan, A.F., Bozkurt, M.A., İğci, N. and Göçmen, B.,** 2018, On the herpetofauna of the East Anatolian province of Bitlis (Turkey) (Amphibia; Reptilia), *Herpetozoa*, 31(1/2), 69-82 pp.
- Arnold, E.N.,** 1989, Towards a phylogeny and bigeography of the Lacertidae: Relationships within an Old-world family of lizards derived from morphology, *Bulletin of the British Museum, London (Zoology)*, 55, 209-257 pp.
- Arnold, E.N., Arribas, O. and Carranza, S.,** 2007, Systematics of the palaeartic and oriental lizard tribe Lacertini (Squamata: Lacertidae: Lacertinae), with descriptions of eight new genera, *Zootaxa*, 1430, 1-86 pp.
- Arribas, O.J.,** 1997, Morfología, filogenia y biogeografía de las lagartijas de alta montaña de los Pirineos, Ph.D. Thesis, Universidad Autónoma de Barcelona, 353 p.
- Arribas, O.J.,** 1999, Phylogeny and relationships of the Mountain lizards of Europe and Near East (*Archaeolacerta MERTENS*, 1921 sensu lato) and their relationships among the Eurasian lacertid radiation, *Russian Journal of Herpetology*, 6(1), 1-22 pp.
- Arribas, O., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Durmuş, S.H., Avcı, A. and Üzümlü, N.,** 2013, External morphology and osteology of *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886), with a taxonomic revision of the Pontic and Small-Caucasus populations (Squamata: Lacertidae), *Zootaxa*, 3626(4), 401-428 pp.
- Atalay, İ.,** 2008, Ekosistem Ekolojisi ve Coğrafyası, META.
- Avise, J.C.,** 2008, Clonality: The Genetics, Ecology, and Evolution of Sexual Abstinence in Vertebrate Animals, Oxford University Press, Oxford, New York.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Avise, J.C., Walker, D. and Johns, G.C.**, 1998, Speciation durations and Pleistocene effects on vertebrate phylogeography, *Proc. R. Soc. Lond.*, 265(B), 1707-1712 pp.
- Baquero, R.A. and Telleria, J.L.**, 2001, Species richness, rarity and endemism of European mammals: A biogeographical approach, *Biodiversity Conserv.*, 10, 29-44 pp.
- Baran, İ., Ilgaz, Ç., Avcı, A., Kumlutaş, Y. ve Olgun, K.**, 2012, Türkiye Amfibi ve Sürüngenleri, Tübitak popüler bilim kitapları, 207, 204 s.
- Bedriaga, J.V.**, 1886, Beiträge zur Kenntnis der Lacertiden-Familie (Lacerta, Algiroides, Tropidosaura, Zerzumia, Betaia), *Abh. Senckenb. Naturf. Ges.*, Frankfurt, 14, 17-444 pp.
- Bellati, A., Carranza, S., Garcia-Porta, J., Fasola, M. and Sindaco, R.**, 2015, Cryptic diversity within the Anatololacerta species complex (Squamata: Lacertidae) in the Anatolian Peninsula: Evidence from a multi-locus approach, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 82, 219-233 pp.
- Birlik, S., Yıldırımhan, H.S., Ilgaz, Ç. and Kumlutaş, Y.**, 2018, Helminth fauna of Valentin's Lizard *Darevskia valentini* (Boettger, 1892) (Squamata: Lacertidae) collected from central and eastern Anatolia, Turkey, *Helminthologia*, 55(2), 134-139 pp.
- Boettger, O.**, 1892, Kriechthiere der Kaukasusländer, gesammelt durch die Radde-Valentin'sche Expedition nach dem Karabagh und durch die Herren Dr. J. Valentin un P. Reibisch, *Ber. Senck. Ges.*, 131-150 pp.
- Böhme, W. and Budak, A.**, 1977, Über die rudis-Gruppe des Lacerta saxicola-Komplexes in der Türkei, II (Reptilia: Sauria: Lacertidae), *Salamandra*, 13(3/4), 141-149 pp.
- Boulenger, G.A.**, 1920, Monograph of the Lacertidae. Vol. I., British Museum (Natural History), Department of Zoology, London, 352 pp.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Cacciali, P., Lotzkat, S., Gamble, T. and Köhler, G.,** 2018, Cryptic Diversity in the Neotropical Gecko Genus *Phyllopezus* Peters, 1878 (Reptilia: Squamata: Phyllodactylidae): A New Species from Paraguay, *International Journal of Zoology*, 2018, 3958327, 1-14 pp.
- Carranza, S. and Arnold, E.N.,** 2012, A review of the geckos of the genus *Hemidactylus* (Squamata: Gekkonidae) from Oman based on morphology, mitochondrial and nuclear data, with descriptions of eight new species, *Zootaxa*, 3378, 1-95 pp.
- Cavazza, W. and Wezel, F.C.,** 2003, The Mediterranean region- A geological primer, *Episodes*, 26, 160-168 pp.
- Çıplak, B.,** 2003, Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: The importance of the Anatolian Taurus Mountains in biodiversity and implications for conservation, *Biodiversity and Conservation*, 12, 47-64 pp.
- Clark, R.J. and Clark, E.D.,** 1973, Collection of Amphibians and Reptiles from Turkey, *Occasional Papers of the California Academy of Sciences*, 104, 1-62 pp.
- Clement, M., Posada, D. and Crandall, K.A.,** 2000, TCS: a computer program to estimate gene genealogies, *Mol. Ecol.*, 9, 1657-1660 pp.
- Crochet, P.A., Chaline, O., Surget-Groba, Y., Debain, C. and Cheylana, M.,** 2004, Speciation in mountains: Phylogeography and phylogeny of the rock lizards genus *Iberolacerta* (Reptilia: Lacertidae), *Molecular Biology and Evolution*, 30, 860-866 pp.
- Darevsky, I.S.,** 1957, Systematics and ecology of rock lizards (*Lacerta saxicola* Eversmann) in Armenia, *Zool. Sb. An. Armenia, SSR*, 10, 27-57 pp.
- Darevsky, I.S.,** 1965, Bemerkungen zu einigen von Herrn H. STEINER in der nordöstlichen Türkei gesammelten Felseidechsen (*Lacerta saxicola* EVERSMANN), *Ann. Naturhistor. Mus. Wien*, 68, 383-386 pp.

**KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)**

- Darevsky, I.S.**, 1966, Natural parthogenesis in a polymorphic group of Caucasian Rock lizards related to *Lacerta saxicola* EVERSMANN, Journ. Ohio Herpetol. Soc., 5(4), 115-152 pp.
- Darevsky, I.S.**, 1967, Rock lizards of the Caucasus: systematics, ecology and phylogensis of the polymorphic groups of Caucasian rock lizards of the subgenus *Archaeolacerta*, Leningrad: Nauka.
- Darevsky, I.S.**, 1972, Zur Verbreitung einiger Felseidechsen des Subgenus *Archaeolacerta* in der Türkei, Bonner Zoologische Beiträge, 23(4), 347-351 pp.
- Darevsky, I.S.**, 1993, Evolution and Ecology of Parthenogenetic Reproduction of Reptiles. In: *Sovremennye problemy teorii evolyutsii (Current Problems of Evolutionary Theory)*, Moscow, Nauka, 89-109 pp.
- Darevsky, I.S. and Eiselt, J.**, 1967, Ein neuer Name für *Lacerta saxicola* mehelyi Lantz & Cyrén 1936, Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien, 70, 107 p.
- Darevsky, I.S. and Danielyan, F.D.**, 1977, *Lacerta uzzelli* sp. nov. (Sauria: Lacertidae) - a new parthenogenetic species of rock lizard from eastern Turkey, Leningrad, Trudy. Zool. Inst. 76, 55-59 pp.
- Darevsky, I.S. and Lukina, G.P.**, 1977, Rock lizards of the *Lacerta saxicola* Eversmann group (Sauria, Lacertidae) collected in Turkey by Richard and Erica Clark, Proceedings of the Zoological Institute of the Academy of Sciences, U.S.S.R., 60-63 pp.
- Darwin, C.**, 1859, On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life, London, John Murray.
- Demirsoy, A.**, 2002, Genel ve Türkiye Zoocoğrafyası, Meteksan, Ankara, 630 s.
- Dobzhansky, T.**, 1937, Genetics and the origin of species, New York, Columbia University Press.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Eiselt, J., Darevsky, I.S. and Schmidtler, J.F.**, 1992, Untersuchungen an Felseneidechsen (*Lacerta saxicola* komplex) in der östlichen Türkei, I. *Lacerta valentini* Boettger, Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien, 93(B), 1-18 pp.
- Engelmann, W.E.**, 1993, Lurche und Kriechtiere Europas, Neumann Verlag (Radebeul, Germany), 440 pp.
- Engstrom, T.N., Edwards, T., Osentoski, M.F. and Myers, E.M.**, 2007, A compendium of PCR primers for mtDNA, microsatellite, and other nuclear loci for freshwater turtles and tortoises. In: Defining Turtle Diversity: Proceedings of a Workshop on Genetics, Ethics, and Taxonomy of Freshwater Turtles and Tortoises. Shaffer, H.B., FitzSimmons, N.N., Georges, A., Rhodin, A.G.J., Eds, Chelonian Research Foundation, Chel. Res. Mono. 4, 124-141 pp.
- Estes, R., Queiroz, K. and Gauthier, J.A.**, 1988, Phylogenetic relationships within Squamata, Pages 119–281 in Phylogenetic relationships of the lizard families, (Estes, R. and Pregill, G., eds.), Stanford University Press, Stanford, California.
- Eversmann, E.**, 1834, *Lacertae Imperii Rossici variis in itineribus meis observatae*. [*Lacerta sylvicola*], Nouv. Mém. Soc. Imp. Natur., Moscow, 3, 339-358 pp.
- Freitas, S., Rocha, S., Campos, J., Ahmadzadeh, F., Corti, C., Sillero, N., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Arakelyan, M., Harris, D.J. and Carretero, M.A.**, 2016a, Parthenogenesis through the ice ages: A biogeographic analysis of Caucasian rock lizards (genus *Darevskia*), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 102, 117–127 pp.
- Freitas, S., Vavakou, A., Arakelyan, M., Drovetski, S.V., Crnobrnja-isailović, J., Kidov, A.A., Cogălniceanu, D., Corti, C., Lymberakis, P., Harris, D.J. and Carretero, M.A.**, 2016b, Cryptic diversity and unexpected evolutionary patterns in the meadow lizard, *Darevskia praticola* (Eversmann, 1834), *Systematics and Biodiversity*, 14(2), 184-197 pp.

**KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)**

- Freitas, S.N., Harris, D.J., Sillero, N., Arakelyan, M., Butlin, R.K. and Carretero, M.A.,** 2019, The role of hybridisation in the origin and evolutionary persistence of vertebrate parthenogens: a case study of *Darevskia* lizards, *Heredity*, 123, 795-808 pp.
- Fu, J.,** 1998, Toward the phylogeny of the family Lacertidae: Implications from mitochondrial DNA 12S and 16S gene sequences (Reptilia: Squamata), *Mol. Phylogenet. Evol.*, 9, 118-130 pp.
- Fu, J.,** 2000, Toward the phylogeny of the family Lacertidae – Why 4708 base pairs of mtDNA sequences cannot draw the picture, *Biological Journal of the Linnean Society*, 71, 203-217 pp.
- Fu, J., Murphy, R.W. and Darevsky, I.S.,** 1997, Toward the phylogeny of Caucasian rock lizards: implications from mitochondrial DNA gene sequences (Reptilia: Lacertidae), *Zool. J. Linnean Soc.*, 120, 463-477 pp.
- Fu, J., MacCulloch, R.D., Murphy, R.W., Darevsky, I.S. and Tuniyev, B.S.,** 2000, Allozyme variation patterns and multiple hybridization origins: clonal variation among four sibling parthenogenetic caucasian rock lizards, *Genetica*, 108, 107-112 pp.
- Gabelaia, M., Tarkhnishvili, D. and Adriaens, D.,** 2018, Use of three-dimensional geometric morphometrics for the identification of closely related species of Caucasian rock lizards (Lacertidae: *Darevskia*), *Biological Journal of the Linnean Society*, 125(4), 709-717 pp.
- Galoyan, E., Bolshakova, A., Abrahamyan, M., Petrosyan, R., Komarova, V., Spangenberg, V. and Arakelyan, M.,** 2019, Natural history of Valentin's rock lizard (*Darevskia valentini*) in Armenia, *Zool. Res.* 40(4), 277-292 pp.
- Garcia-Barros, E., Gurrea, P., Lucianez, M.J., Cano, J.M., Munguira, M.L., Moreno, J.C., Sainz, H., Sanz, M.J. and Simon, J.C.,** 2002, Parsimony analysis of endemism and its application to animal and plant geographical distributions in the Ibero-Balearic region (western Mediterranean), *J. Biogeog.*, 29, 109-124 pp.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Gauthier, J.A., Kearney, M., Maisano, J.A., Rieppel, O. and Behike, A.D.B.** 2012, Assembling the Squamate Tree of Life: perspectives from the phenotype and the fossil record, *B. Peabody Mus. Nat. Hist.*, 53, 3-308 pp.
- Godakovaa, S.A., Korchagina, V.I., Semeynovaa, S.K., Chernyavskayaa, M.M., Sevast'yanovaa, G.A. and Ryskova, A.P.,** 2015, Characterization of Retrotransposon Bov\_B LINE Reverse Transcriptase Gene Sequences in Parthenogenetic Lizards *Darevskia unisexualis* and Bisexual Species *D. nairensis* and *D. valentini*. *Molecular Biology*, 49(3), 369-372 pp.
- Gül, S.,** 2013, Ecological divergence between two evolutionary lineages of *Hyla savignyi* (Audouin, 1827) in Turkey: effects of the Anatolian Diagonal, *Animal Biology*, 63, 285-295 pp.
- Gür, H.,** 2017, Anadolu Diyagonalı: Bir Biyocoğrafı Sınırın Anatomisi, *Kebikeç*, 43, 177-188 s.
- Harris, D.J., Arnold, E.N. and Thomas, R.H.,** 1998, Relationships of lacertid lizards (Reptilia: Lacertidae) estimated from mitochondrial DNA sequences and morphology, *Proceedings of the Royal Society of London*, 265(B), 1939-1948 pp.
- Hewitt, G.M.,** 1999, Post-glacial recolonization of European biota, *Biol. J. Linn. Soc. Lond.*, 68, 87-112 pp.
- Hewitt, G.M.,** 2001, Speciation, hybrid zones and phylogeography – or seeing genes in space and time, *Mol. Ecol.*, 10, 537-549 pp.
- İlgaz, Ç.,** 2004, Doğu Karadeniz Bölgesindeki (Trabzon, Rize, Artvin ve Ardahan) kaya kertenkelelerinin sistematik durumu, yayılışı ve ekolojisi üzerine araştırmalar (Sauria: Lacertidae), Doktora Tezi, Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 455 s.
- Kapli, P., Poulakakis, N., Lymberakis, P. and Mylonas, M.,** 2011, A re-analysis of the molecular phylogeny of Lacertidae with currently available data, *Basic and Applied Herpetology*, 25, 97-104 pp.

**KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)**

- Kapli, P., Botoni, D., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Avcı, A., Rastegar-Pouyani, N., Fathinia, B., Lymberakis, P., Ahmadzadeh, F. and Poulakakis, N.,** 2012, Molecular phylogeny and historical biogeography of the Anatolian lizard *Apathya* (Squamata, Lacertidae), *Mol. Phylogenet. Evol.*, 66, 992-1001 pp.
- Kapli, P., Lutteropp, S., Zhang, J., Kobert, K., Pavlidis, P., Stamatakis, A. and Flouri, T.,** 2017, Multi-rate Poisson tree processes for singlelocus species delimitation under maximum likelihood and Markov chain Monte Carlo, *Bioinformatics*, 33(11), 1630-1638 pp.
- Katoh, K. and Standley, D.M.,** 2013, MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability, outlines version 7, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 30, 772-780 pp.
- Kaya, N. and Özuluğ, O.,** 2017., The Herpetological Collection of Zoology Museum, İstanbul University, *Anadolu Univ. J. of Sci. and Technology C – Life Sci. and Biotech.* 6(2), 55-63 pp.
- Kearney, M., Fujita, M.K. and Ridenour, J.,** 2009, Lost sex in the reptiles: constraints and correlations. In: Schön, I., Martens, K., Dijk, P. (Eds.), *Lost Sex*, Springer, Netherlands, 447-474 pp.
- Kessler, K.F.,** 1878, Transcaucasian voyage, *Ges. Naturf. St. Petersburg*, 8, 143 p.
- Koç, H., Kutrup, B., Eroğlu, O., Bülbül, U., Kurnaz, M., Afan F. and Eroğlu, A.İ.,** 2017, Phylogenetic relationships of *D. rudis* (Bedriaga, 1886) and *D. bithynica*(Mehely, 1909) based on microsatellite and mitochondrial DNA in Turkey, *Mitochondrial DNA Part A*, 28(6), 814-825 pp.
- Kocher, T.D., Thomas, W.K., Meyer, A., Edwards, S.V., Paabo, S., Villablanca, F.X. and Wilson, A.C.,** 1989, Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers, *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, 86, 6196-6200 pp.
- Korchagin, V.I., Martirosyan, I.A., Omelchenko, A.V., Darevsky, I.S., Ryskov, A.P. and Tokarskaya, O.N.,** 2004, Study of Allelic Polymorphism of (GATA)*n*-Containing Loci in Parthenogenetic Lizards *Darevskia unisexualis* (Lacertidae), *Russian Journal of Genetics*, 40(10), 1095-1101 pp.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Kornilios, P., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Giokas, S., Fraguedakis-Tsolis, S. and Chondropoulos, B.,** 2011, The role of Anatolian refugia in herpetofaunal diversity: An mtDNA analysis of *Typhlops vermicularis* Merrem, 1820 (Squamata, Typhlopidae), *Amphibia-Reptilia*, 32, 351-363 pp.
- Kornilios, P., Kumlutaş, Y., LyMBERAKIS, P. and Ilgaz, Ç.,** 2018, Cryptic diversity and molecular systematics of the Aegean *Ophiomorus* skinks (Reptilia: Squamata), with the description of a new species, *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 56(3), 364-381 pp.
- Kotsakiozi, P., Jablonski, D., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Avcı, A., Meiri, S., Itescu, Y., Kukushkin, O., Gvoždík, V., Scillitani, G., Roussos, S.A., Jandzik, D., Kasapidis, P., LyMBERAKIS, P. and Poulakakis N.,** 2018, Multilocus phylogeny and coalescent species delimitation in Kotschy's gecko, *Mediodactylus kotschyi*: Hidden diversity and cryptic species, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 125, 177-187 pp.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. and Tamura, K.,** 2018, MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms, *Molecular Biology and Evolution*, 35, 1547-1549 pp.
- Kurnaz, M., Eroğlu, A.İ., Bülbül, U., Koç, H. and Kutrup, B.,** 2017, The life-history traits in a breeding population of *Darevskia valentini* from Turkey, *Acta Herpetologica*, 12(2), 167-173 pp.
- Kyriazi, P., Poulakakis, N., Parmakelis, A., Crochet, P.A., Moravec, J., Rastegar-Pouyani, N., Tsigenopoulos, C.S., Magoulas, A., Mylonas, M. and LyMBERAKIS, P.,** 2008, Mitochondrial DNA reveals the genealogical history of the snake-eyed lizards (*Ophisops elegans* and *O. occidentalis*) (Sauria: Lacertidae), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49(3), 795-805 pp.
- Lantz, L.A. and Cyrén, O.,** 1936, Description of *Darevskia bithynica tristis*. - In: Contribution à la connaissance de *Lacerta saxicola* Eversmann, *Bulletin de la Société Zoologique de France*, Paris, 61, 159-181 pp.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Laurenti, J.N.**, 1768, Specimen medicum, exhibens synopsis reptilium emendatam cum experimentis circa venena et antidota reptilium austracorum, quod auctoritate et consensu, Vienna, Joan. Thomae, 217 p.
- Lee, M.S.Y.**, 1998, Convergent evolution and character correlation in burrowing reptiles: Towards a resolution of squamate relationships, *Biol. J. Linnean Soc.*, 65, 369-453 pp.
- Lee, M.S.Y.**, 2005, Squamate phylogeny, taxon sampling, and data congruence, *Org. Divers. Evol.*, 5, 25-45 pp.
- Lee, M.S.Y. and Caldwell, M.W.**, 1998, Anatomy and relationships of *Pachyrhachis problematicus*, a primitive snake with hindlimbs, *Philos. Trans. R. Soc. Lond., Ser. B, Biol. Sci.*, 353, 1521-1552 pp.
- Leigh, J.W. and Bryant, D.**, 2015, PopART: Full-feature software for haplotype network construction, *Methods Ecol. Evol.*, 6(9), 1110-1116 pp.
- MacColluch, R.D., Fu, J., Darevsky, I.S., Danielyan, F.D. and Murphy, R.W.**, 1995, Allozyme variation in three closely related species of Caucasian rock lizards (*Lacerta*), *Amphibia-Reptilia*, 16(4), 331-340 pp.
- MacCulloch, R.D., Darevsky, I.S., Murphy, R.W. and Fu, J.**, 1997, Allozyme variation and population substructuring in the caucasian ground lizards *Lacerta derjugini* and *Lacerta praticola*, *Russian Journal of Herpetology*, 4(2), 115-119 pp.
- Mayr, E.**, 1982, Processes of speciation in animals. In: Liss ARI, ed. *Mechanisms of speciation*. 1-19. New York: Alan R. Liss, Inc.
- McMahan, C.D., Freeborn, L.R., Wheeler, W.C. and Crother, B.I.**, 2015, Forked tongues revisited: Molecular apomorphies support morphological hypotheses of squamate evolution, *Copeia*, 103, 525-529 pp.
- Méhely, L.V.**, 1909, Materialien zu einer Systematik und Phylogenie der muralis-ähnlichen Lacerten, *Annales historico-naturales Musei nationalis Hungarici*, Budapest, 7(2), 409-621 pp.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Mendes, J., Salvi, D., Harris, D.J., Els, J. and Carranza, S.,** 2018, Hidden in the Arabian Mountains: Multilocus phylogeny reveals cryptic diversity in the endemic *Omanosaura* lizards, *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 56, 395-407 pp.
- Mertens, R.,** 1922, Verzeichnis der Typen in der herpetologischen Sammlung des Senckenbergischen Museums, *Senckenbergiana*, Frankfurt/Main, 4, 162-183 pp.
- Mittermeier, R.A., Gil, P.R., Hoffman, M., Pilgrim, J., Brooks, T., Mittermeier, J.C., Lamoreux, J. and Da Fonseca, G.A.B.,** 2005, Hotspots Revisited: Earth's Biologically Richest and Most Endangered Terrestrial Ecoregions, Amsterdam University Press, Amsterdam.
- Moritz, C., Uzzell, T., Spolsky, C., Hotz, H., Darevsky, I.S., Kupriyanova, L. and Danielyan, F.,** 1992, The maternal ancestry and approximate age of parthenogenetic species of Caucasian rock lizards (Lacerta: Lacertidae), *Genetica*, 87, 53-62 pp.
- Murphy, R.W., Darevsky, I.S., MacCulloch, R.D., Fu, J., Kupriyanova, L.A., Upton, D.E. and Danielyan, F.,** 1997, Old age, multiple formations or genetic plasticity? Clonal diversity in the parthenogenetic Caucasian Rock lizard, *Lacerta dahlia*, *Genetica*, 101, 125-130 pp.
- Murphy, R.W., Fu, J., MacCulloch, R. Darevsky, I.S. and Kupriyanova, L.,** 2000, A fine line between sex and unisexuality: the phylogenetic constraints on parthenogenesis in lacertid lizards, *Zoological Journal of the Linnean Society*, 130, 527-549 pp.
- Nikolsky, A.M.,** 1913, *Herpetologia caucasica*, Tiflis, Museum Caucasicum, 272 p.
- Nikolsky, A.M.,** 1915, *Faune de la Russie et des Pays Limitrophes. Reptiles, Vol. I (Chelonia et Sauria)*, Petrograd., 532 p.
- Nilson, G. and Flärdh, B.,** 1988, Die Vipern der Türkei, *Salamandra*, 24(4), 215-247 pp.

**KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)**

- Odum, E. and Barrett, G.W.**, 2005, *Fundamentals of Ecology*, Brooks/Cole, Thomson Learning Company, 5th edition, 598 pp.
- Palumbi, S., Martin, A., Romano, S., McMillan, W., Stick, L. and Grabowski, G.**, 1991, *The Single Tools Guide to PCR*, Marine Version Honolulu, Hawaii.
- Pavlicev, M. and Mayer, W.**, 2009, Fast radiation of the subfamily Lacertinae (Reptilia: Lacertidae): History or methodical artefact?, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 52, 727-734 pp.
- Pinho, C., Rocha, S., Carvalho, B.M., Lopes, S., Mourão, S., Vallinoto, M., Brunes, T.O., Haddad, C.F.B., Gonçalves, H., Sequeira, F. and Ferrand, N.**, 2010, New primers for the amplification and sequencing of nuclear loci in a taxonomically wide set of reptiles and amphibians, *Conserv. Genet. Resour.*, 2, 181-185 pp.
- Prohl, H., Ron, S.R. and Ryan, M.J.**, 2010, Ecological and genetic divergence between two lineages of Middle American tungara frogs *Physalaemus* (= *Engystomops*) *pustulosus*, *BMC Evol. Biol.*, 10, 146 p.
- Psonis, N., Antoniou, A., Kukushkin, O., Jablonski, D., Petrov, B., Crnobrnja-Isailović, J., Sotiropoulos, K., Gherghel, I., Lymberakis, P. and Poulakakis, N.**, 2017, Hidden diversity in the *Podarcis tauricus* (Sauria, Lacertidae) species subgroup in the light of multilocus phylogeny and species delimitation, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 106, 6-17 pp.
- Pyron, R.A.**, 2017, Novel Approaches for Phylogenetic Inference from Morphological Data and Total-Evidence Dating in Squamate Reptiles (Lizards, Snakes, and Amphisbaenians), *Systematic Biology*, 66(1), 38-56 pp.
- Pyron, R.A., Burbrink, F.T. and Wiens, J.J.** 2013, A phylogeny and revised classification of Squamata, including 4161 species of lizards and snakes, *BMC Evol. Biol.*, 13, 93 p.
- Rambaut, A., Drummond, A.J., Xie, D., Baele, G. and Suchard, M.A.**, 2018, Posterior summarisation in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7, *Systematic Biology*, syy032.

**KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)**

- Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D.I., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M.A. and Huelsenbeck, J.P.** 2012, MrBayes 3.2: Efficient Bayesian Phylogenetic Inference and Model Choice Across a Large Model Space, *Syst. Biol.*, 61(3), 539-542 pp.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E. and Sánchez-Gracia, A.,** 2017, DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism Analysis of Large Datasets, *Mol. Biol. Evol.*, 34, 3299-3302 pp.
- Ryskov, A.P., Osipov, F.A., Omelchenko, A.V., Semyenova, S.K., Girnyk, A.E., Korchagin, V.I., Vergun, A.A., Murphy, R.W.,** 2017, The origin of multiple clones in the parthenogenetic lizard species *Darevskia rostombekowi*, *Plos One*, 12(9), e0185161, 1-14 pp.
- Saberi-Pirooz, R., Ahmadzadeh, F., Ataei, S., Taati, M., Qashqaei, A.T. and Carretero, M.A.,** 2018, A phylogenetic assessment of the meadow lizard *Darevskia praticola* (Eversmann, 1834) from Iran, *Zootaxa*, 4441(1), 046-058 pp.
- Saint, K.M., Austin, C.C., Donnellan, S.C. and Hutchinson, M.N.,** 1998, C-mos, a nuclear marker useful for squamate phylogenetic analysis, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 10, 259-263 pp.
- Salvi, D., Harris, D.J., Bombi, P., Carretero, M.A. and Bologna, M.A.,** 2010, Mitochondrial phylogeography of the Bedriaga's rock lizard, *Archaeolacerta bedriagae* (Reptilia: Lacertidae) endemic to Corsica and Sardinia, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 56, 690-697 pp.
- Sambrook, J. and Russell, D.,** 2001, *Molecular Cloning: a Laboratory Manual*, 3rd edn. Cold Spring Harbor, NY, Cold Spring Harbor Laboratory.
- Schmidtler, J.F.,** 1998, Verbreitungsstrukturen der Herpetofauna im Taurus-Gebirge, Türkei (Amphibia; Reptilia), *Faunistische Abhandlungen Staatliches Museum für Tierkunde Dresden*, 21(13), 133-148 pp.

## KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Schmidtler, J.F., Eiselt, J. and Sigg, H.**, 1990, Die subalpine Herpetofauna des Bolkar-Gebirges (Mittlerer Taurus, Südtürkei), *Herpetofauna*, 12(64), 11-20 pp.
- Schmidtler, J.F., Eiselt, J. and Darevsky, I.S.**, 1994, Untersuchungen an Feldeidechsen (*Lacerta saxicola*-Gruppe) in der östlichen Türkei: 3. Zwei neue parthogenetische Arten, *Salamandra*, 30(1), 55-70 pp.
- Şekercioğlu, Ç.H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö.E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Yökeş, M.B., Soyumert, A., İpekdal, K., Sağlam, İ.K., Yücel, M. and Dalfes, H.N.**, 2011, Turkey's globally important biodiversity in crisis, *Biological Conservation*, 144, 2752-2769 pp.
- Simon, C., Frati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Liu, H. and Flook, P.**, 1994, Evolution, weighting and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of polymerase chain reaction primers, *Annals of the Entomological Society of America*, 87, 651-701 pp.
- Simó-Riudalbas, M., Metallinou, M., De Pous, P., Els, J., Jayasinghe, S., Péntek-Zakar, E., Wilms, T., Al-Saadi and S., Carranza, S.**, 2017, Cryptic diversity in *Ptyodactylus* (Reptilia: Gekkonidae) from the northern Hajar Mountains of Oman and the United Arab Emirates uncovered by an integrative taxonomic approach, *Plos One*, 12, e0180397.
- Sindaco, R., Venchi, A., Carpaneto, G.M. and Bologna, M.A.**, 2000, The Reptiles of Anatolia: a Checklist and Zoogeographical analysis, *Biogeographia*, 21, 441-554 pp.
- Sindaco, R., Kornilios, P., Sacchi, R. and Lymberakis, P.**, 2014, Taxonomic reassessment of *Blanus strauchi* (Bedriaga, 1884) (Squamata: Amphisbaenia: Blanidae), with the description of a new species from south-east Anatolia (Turkey), *Zootaxa*, 3795(3), 311-326 pp.
- Spangenberg, V., Arakelyan, M., Galoyan, E., Matveevsky, S., Petrosyan, R., Bogdanov, Y., Danielyan, F. and Kolomiets, O.**, 2017, Reticulate Evolution of the Rock Lizards: Meiotic Chromosome Dynamics and Spermatogenesis in Diploid and Triploid Males of the Genus *Darevskia*, *Genes*, 8(6), 149 p.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Suchard, M.A., Lemey, P., Baele, G., Ayres, D.L., Drummond, A.J. and Rambaut, A.,** 2018, Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10, *Virus Evolution*, 4, vey016.
- Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust-Saucy, A.G. and Cosson, J.F.,** 1998, Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe, *Mol. Ecol.*, 7, 453-464 pp.
- Tamar, K., Carranza, S., In den Bosch, H., Sindaco, R., Moravec, J. and Meiri, S.,** 2015, Hidden relationships and genetic diversity: Molecular phylogeny and phylogeography of the Levantine lizards of the genus *Phoenicolacerta* (Squamata: Lacertidae), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 91, 86-97 pp.
- Tamar, K., Mitsi, P. and Carranza, S.,** 2019, Cryptic diversity revealed in the leaf-toed gecko *Asaccus montanus* (Phyllodactylidae) from the Hajar Mountains of Arabia, *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 57, 369-382 pp.
- Tarkhnishvili, D.,** 2012, Evolutionary history, habitats, diversification, and speciation in Caucasian rock lizards, *Advances in Zoology Research*, 2, 79–120 pp.
- Tarkhnishvili, D., Gavashelishvili, A., Avaliani, A., Murtskhvaladze, M. and Mumladze, L.,** 2010, Unisexual rock lizard might be outcompeting its bisexual progenitors in the Caucasus, *Biological Journal of the Linnean Society*, 101, 447-460 pp.
- Tarkhnishvili, D., Murtskhvaladze, M. and Gavashelishvili, A.,** 2013, Speciation in Caucasian lizards: climatic dissimilarity of the habitats is more important than isolation time, *Biological Journal of the Linnean Society*, 109, 876-892 pp.
- Tarkhnishvili, D., Murtskhvaladze, M. and Anderson, C.L.,** 2017, Coincidence of genotypes at two loci in two parthenogenetic rock lizards: how backcrosses might trigger adaptive speciation, *Biological Journal of the Linnean Society*, 121, 365-378 pp.

### KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)

- Tayhan, Y., Çiçek, K., Ayaz, D. and Tok, C.V.,** 2011, Data on Hatchlings of Caucasian Rock Lizard, *Darevskia valentini* (Boettger, 1892) in Northeastern Anatolia, *Ecologia Balkanica*, 3(1), 75-78 pp.
- Tchernov, E.,** 1992, The Afro-Arabian component in the Levantine mammalian fauna – A short biogeographical review, *Israel J. Zool.*, 38, 155-192 pp.
- Tok, C.V., Uğurtaş, İ., Sevinç, M., Böhme, W., Crochet, P.A., Turiyev, B. and Kaya, U.,** 2009, *Darevskia valentini*. The IUCN Red List of Threatened Species 2009, e.T164707A5919336.
- Townsend, T.M., Larson, A., Louis, E. and Macey, J.R.,** 2004, Molecular phylogenetics of Squamata: The position of snakes, amphisbaenians and dibamids, and the root of the squamate tree, *Systematic Biology*, 53, 735-757 pp.
- Trifinopoulos, J., Nguyen, L.T., Von Haeseler, A. and Minh, B.Q.,** 2016, W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis, *Nucl. Acids Res.*, 44(W1), 232-235 pp.
- Uetz, P., Freed, P. and Hošek, J.,** 2019, The Reptile Database, <http://www.reptile-database.org>, accessed 24 Ağustos 2019.
- Uzzell, T. and Darevsky, I.S.,** 1975, Biochemical evidence for the hybrid origin of the parthenogenetic species of *Lacerta saxicola* complex (Sauria, Lacertidae) with a discussion of some ecological and evolutionary implications, *Copeia*, 1975(2), 204-222 pp.
- Vrijenhoek, R.C.,** 1989, Genetic and ecological constraints on the origins and establishment of unisexual vertebrates. *Evol. Ecol. Unisexual Vertebrates*, 466, 24-31 pp.
- Wiens, J.J., Hutter, C.R., Mulcahy, D.G., Noonan, B.P., Townsend, T.M., Sites, J.W. and Reeder, T.W.,** 2012, Resolving the phylogeny of lizards and snakes (Squamata) with extensive sampling of genes and species, *Biol. Lett.* 8, 1043–1046 pp.

**KAYNAKLAR DİZİNİ (devam)**

- Yıldız, M.Z., İçci, N., Akman, B. and Göçmen, B.,** 2018, Results of a herpetological survey in the Province of Ağrı (East Anatolia, Turkey) (Anura; Testudines; Squamata), *Herpetozoa*, 31(1/2), 47-59 pp.
- Yılmaz, A.B., Kılınç, Ö.O., Adızel, Ö., Bulum, E. and Yüksek, N.,** 2018, Ticks collected from reptile species on Small Nemrut Mountain (Tatvan/Bitlis/Turkey), *Med. Weter*, 74(7), 445-448 pp.
- Zaher, H. and Rieppel, O.,** 1999, The phylogenetic relationships of *Pachyrhachis problematicus*, and the evolution of limblessness in snakes (Lepidosauria, Squamata), *Comptes Rendus Acad. Sci., Ser.II-A*, 329, 831-837 pp.
- Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P. and Stamatakis, A.,** 2013, A General Species Delimitation Method with Applications to Phylogenetic Placements, *Bioinformatics*, 29(22), 2869-2876 pp.
- Zheng, Y. and Wiens, J.J.,** 2016, Combining phylogenomic and supermatrix approaches, and a time-calibrated phylogeny for squamate reptiles (lizards and snakes) based on 52 genes and 4162 species, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 94(B), 537-547 pp.

## TEŞEKKÜR

Tez çalışması boyunca, her türlü imkanı yaratmaya çalışarak içtenlikle desteğini hissettiğim, görüş ve fikirleri ile yardımlarını aldığım değerli danışman hocam Prof. Dr. Dinçer AYZAZ'a çok teşekkür ederim.

Tez çalışmasının olgunlaşmasını sağlayan, hem karşılaştığım problemlerin çözümünde hem de örneklerin temininde katkı sağlayan, maddi ve manevi desteklerini esirgemeyen değerli hocalarım Prof. Dr. Çetin ILGAZ ve Prof. Dr. Yusuf KUMLUTAŞ'a içtenlikle teşekkür ederim.

Arazi çalışmalarında yardımlarını aldığım değerli Doç. Dr. Serkan GÜL ve Dr. Öğr. Üyesi Elif Yıldırım CAYNAK ile dostlarım Nurettin BEŞER ve Mehmet Kürşat ŞAHİN'e çok teşekkür ederim.

Tez çalışması kapsamında, moleküler analizlerin gerçekleşmesi noktasında yardımlarını esirgemeyen Dr. Panagiotis KORNİLİOS'a çok teşekkür ederim.

Akademik hayatımın önemli bir basamağını oluşturan doktora süreci boyunca arkamda duran, her anında desteğini hissettiğim, bu zorlu süreci başarı ile tamamlamamı sağlayan hayat arkadaşım İlkem CEYLAN CANDAN'a ve bu günlere gelmemde hayatları boyunca emeklerini esirgemeyen değerli annem Fatma CANDAN ve babam Mesut CANDAN'a minnetlerimi sunarım.

Bu tez çalışması Dokuz Eylül Üniversitesi tarafından 2017.KB.FEN.039 numaralı proje ile desteklenmiştir.

14 / 11 / 2019

Kamil CANDAN

## ÖZGEÇMİŞ

Kamil CANDAN İzmir’de doğmuş, ilk ve orta öğrenimini yine İzmir’de tamamlamıştır. Karabağlar Cumhuriyet Lisesi’nden mezun olduktan sonra 2006 yılında Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi’nde yer alan Biyoloji Bölümü’nde lisans eğitimine başlamıştır. 2011 yılında lisans programından mezun olduktan sonra, Aksaray Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi’nde yer alan Biyoloji Bölümü’nde Yüksek Lisans eğitimine devam etmiştir. Yüksek Lisans programından mezun olduktan sonra 2014 yılında, Ege Üniversitesi Fen Fakültesi’nde yer alan Biyoloji Bölümü’nde Doktora eğitimine başlamıştır. 2017 yılında, Dokuz Eylül Üniversitesi Fen Fakültesi’nde bulunan Biyoloji Bölümü’nde uzman olarak çalışmaya başlamış olup, halen aynı pozisyonda akademik hayatına devam etmektedir.

### Bilimsel Yayınları

#### 1. Uluslararası hakemli dergilerde yayınlanan makaleler (SCI & SCI-Expanded)

- Yıldırım E., Kumlutaş Y., **Candan K.**, Ilgaz Ç. (2019): Age structure and body size of the endangered species *Darevskia bendimahiensis* (Schmidtler, Eiselt & Darevsky, 1994) from eastern Turkey (Squamata, Sauria, Lacertidae), *Herpetozoa*, 32: 159-163.
- Dufresnes C. vd. (2019): Phylogeography of a cryptic speciation continuum in Eurasian spadefoot toads (*Pelobates*), *Molecular Ecology*, 28: 3257-3270.
- Beşer N., Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., Avcı A., **Candan K.**, Üzüm N. (2019): Age structure and body size of a critically endangered species, *Acanthodactylus harranensis* (Squamata: Lacertidae) and its demography, *Animal Biology*, 4: 421-431.
- Üzüm N., Ilgaz Ç., Avcı A., **Candan K.**, Güler H., Kumlutaş Y. (2018): Comparison of the body size and age structure of Lebanon lizard, *Phoenicolacerta laevis* (Gray, 1838) at different altitudes in Turkey, *Vertebrate Zoology*, 68(1): 83-90.
- Birlik S., Yıldırımhan H.S., Kumlutaş Y., **Candan K.**, Ilgaz Ç. (2017): The first helminth study on Brandt's Persian Lizard *Iranolacerta brandtii* (De Filippi, 1863) (Squamata: Lacertidae) from Van Province, Turkey, *Helminthologia*, 54/2/174-178.
- Yıldırım E., Kumlutaş Y., **Candan K.**, Ilgaz Ç. (2017): Comparative skeletal osteology of three species of Scincid lizards (Genus: *Ablepharus*) from Turkey, *Vertebrate Zoology*, 67(2):251-259.

- Gül S., Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.** (2017): Age structure and growth pattern in an east Anatolian high altitude population of *Iranolacerta brandtii* (De Filippi, 1863), *Herpetozoa*, 30(1/2): 3-7.
- **Candan K.**, Kankılıç T., Güçlü Ö., Kumlutaş Y., Durmuş S.H., Lymberakis P., Poulakakis N., Ilgaz Ç. (2016): First assessment on the molecular phylogeny of *Anatololacerta* (Squamata, Lacertidae) distributed in southern Anatolia; Insights from mtDNA and nDNA markers, *Mitochondrial DNA*, 27(3): 2285-2292.
- Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.** (2016): A new locality record of *Phoenicolacerta laevis* (Gray, 1838) (Squamata: Lacertidae) in the western Anatolia, *Turkish Journal of Zoology*, 40 (1): 129-135.
- Birlik S., Yıldırımhan H.S., Sümer N., Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., Durmuş S.H., Güçlü Ö., **Candan K.** (2016): Helminth fauna of Lebanon Lizard, *Phoenicolacerta laevis* (Gray, 1838), (Squamata: Lacertidae) from southern Turkey, *Helminthologia*, 53(3): 262-269.
- Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., **Candan K.** (2015): Westernmost record of *Montivipera wagneri* (Nilson & Andrén, 1984), *Herpetozoa*, 28: 98-101.
- Kumlutaş Y., **Candan K.**, Ilgaz Ç. (2015): A New Locality Record of *Trachylepis vittata* (Olivier, 1804) (Reptilia: Scincidae) in Northeastern Anatolia, Turkey, *Russian Journal of Herpetology*, 22(4): 310-314.
- Güçlü Ö., Durmuş S.H., **Candan K.**, Beşer N., Türkyılmaz S., Yerli S.V., Bozdoğan B. (2015): Development and characterization of new polymorphic microsatellite loci for *Trionyx triunguis* (Testudines: Trionychidae) in the Mediterranean Basin, *Amphibia-Reptilia*, 36: 318-324.
- Güçlü Ö., **Candan K.**, Kankılıç T., Kumlutaş Y., Durmuş S.H., Poulakakis N., Ilgaz Ç. (2014): Phylogeny of *Trachylepis* sp. (Reptilia) from Turkey inferred from mtDNA sequences, *Mitochondrial DNA*, 25: 456-463.

## 2. Hakemli dergilerde yayınlanan diğer makaleler

- **Candan K.**, Gül S., Kumlutaş Y. (2019): New Locality Records for *Eirenis occidentalis* (Rajabizadeh, Nagy, Adriaens, Avcı, Masroor, Schmidtler, Nazarov, Esmaili & Christiaens, 2015) and *Eirenis punctatolineatus* (Boettger, 1892) (Squamata: Colubridae) from eastern Anatolia (Turkey), *Biharean Biologist*, 13/1/22-27.
- **Candan K.**, Gül S., Kumlutaş Y. (2019): The New Locality Records for *Eumeces schneideri* (Daudin, 1802), *Heremites vittatus* (Olivier, 1804) and *Ablepharus chernovi* (Darevsky, 1953) (Sauria: Scincidae) from Anatolia, Turkey, *Acta Biologica Turcica*, 32(1)/26-32/2019.
- Kandemir Çavaş Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.**, Ilgaz Ç. (2018): Sexual dimorphism prediction of *Darevskia bithynica* (Méhely 1909) from Northwestern

Anatolia, Turkey by using artificial neural network, Hacettepe Journal of Biology and Chemistry, 46/4/473-480.

- Gül S., **Candan K.**, Kumlutaş Y. (2017): Kuzeydoğu Anadolu'nun Sıra Dağlarından Duyarlı Kafkas Semenderinin (*Mertensiella caucasica* (Waga, 1876) İki Yeni Coğrafi Yer Kaydı, *Tabiat ve İnsan*, 199:22-25.
- Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., **Candan K.** (2015): Fethiye-Göcek (Muğla) Özel Çevre Koruma Bölgesi'nin Herpetofaunik Çeşitliliği, *Anadolu Doğa Bilimleri Dergisi*, 6 (Özel Sayı 2): 155- 162.

### 3. Bildiriler

- **Candan K.**, Kornilios P., Yanchukov A., Kumlutaş Y., Ayaz D., Tarkhnishvili D., Murtskhvaladze M., Kurdadze S., Barateli N., Gabelaia M., Şahin M.K., Matur F., Gül S., Yıldırım Caynak E., Çolak F., Ilgaz Ç. (2019): Molecular Phylogeny Of Valentin's Lizard, *Darevskia valentini*, (Boettger, 1892) Reveals New Genetic Lineages And May Suggest Taxonomic Reconstruction, 20th European Congress of Herpetology, 02-06 Eylül, İtalya.
- Tarkhnishvili D., Yanchukov A., Murtskhvaladze M., Kurdadze S., Barateli N., Gabelaia M., Şahin M.K., **Candan K.**, Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., Çolak F., Matur F., Erdolu M., Arakelyan M., Galoyan E. (2019): Microsatellite Genotypes Of Seven Hybridogenetic Unisexual Species Of Rock Lizard And Their Putative Bisexual Parents (Genus *Darevskia* sp.) Suggest Complex Patterns Of Hybrid, 20th European Congress of Herpetology, 02-06 Eylül, İtalya.
- Karakasi D., Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.**, Güçlü Ö., Kankılıç T., Beşer N., Lymberakis P., Poulakakis N. (2019): Phylogeny of the eastern Mediterranean lizards of the genus *Anatololacerta* (Squamata: Lacertidae), 14th International Congress on the Zoogeography and Ecology of Greece and Adjacent Regions, 27-30 Haziran, Yunanistan.
- Erdolu M., Şahin M.K., Barateli M., Murtskhvaladze M., Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., Çolak F., Matur F., **Candan K.**, Tarkhnishvili D., Yanchukov A. (2019): Structure of ancestral and modern populations in bisexual and parthenogenetic lizards of Genus *Darevskia* in East Anatolia and Caucasus, Ecology and Evolutionary Biology Symposium, 10-12 Haziran, Ankara.
- Erdolu M., Barateli M., Murtskhvaladze M., Şahin M.K., Kumlutaş Y., Ilgaz., F., Matur., **Candan K.**, Çolak F., Tarkhnishvili D., Yanchukov A. (2018): First Steps to Resolve Reticulate Speciation Process in Bisexual and Parthenogenetic lizards of genus *Darevskia* in East Anatolia and Caucasus, 5th Ecology and Evolutionary Biology Symposium, 18-20 Temmuz, İzmir.
- Tarkhnishvili D., Yanchukov A., Şahin M.K., **Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., Kurdadze S., Barateli N., Çolak F., Murtskhvaladze M. (2018): Partial coincidence of microsatellite genotypes suggests a possible role of backcrosses in

diversification of parthenogenetic rock lizards, 5th Ecology and Evolutionary Biology Symposium, 18-20 Temmuz, İzmir.

- **Candan K.**, Ilgaz Ç., Ayaz D., Gül S., Yıldırım E., Kumlutaş Y. (2018): Inferring the Molecular Phylogeny of the Valentin's Lizard, *Darevskia valentini*, (Boettger, 1892) from Turkey, The 4rd International Symposium on EuroAsian Biodiversity, 03-06 Temmuz, Ukrayna.
- Birlik S., Yıldırımhan HS., Yılmaz C., Kumlutaş Y., **Candan K.**, Yıldırım E., Ilgaz Ç. (2018): The Helminth Composition of the Mediterranean Chameleon, *Chamaeleo chamaeleon* (Linnaeus, 1758), specimens from several localities in Turkey, The 4rd International Symposium on EuroAsian Biodiversity, 03-06 Temmuz, Ukrayna.
- **Candan K.**, Çiçek K., Kumlutaş Y., Yıldırım E., Ilgaz Ç. (2018): Food composition of the Unisexual Lizard, *Darevskia unisexualis* (Darevsky, 1966), (Reptilia: Lacertidae) from Northeastern Anatolia, Turkey, The 4rd International Symposium on EuroAsian Biodiversity, 03-06 Temmuz, Ukrayna.
- Yıldırım E., **Candan K.**, Kumlutaş Y., Ilgaz Ç. (2017): Osteological description and ecology of the lacertid lizard *Phoenicolacerta cyanisparsa* (Squamata: Lacertidae), VIII. International Symposium on Ecology and Environmental Problems, 04-07 Ekim, Çanakkale.
- **Candan K.**, Yıldırım E., Ilgaz Ç., Kumlutaş Y. (2017): Genetic structure of *Phoenicolacerta laevis* (Gray, 1838) (Squamata: Lacertidae) based on mitochondrial markers, VIII. International Symposium on Ecology and Environmental Problems, 04-07 Ekim, Çanakkale.
- Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.**, Yıldırım E. (2017): Endemism of Turkish amphibian and reptile species, VIII. International Symposium on Ecology and Environmental Problems, 04-07 Ekim, Çanakkale.
- Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., Yıldırım E., **Candan K.** (2017): Herpetofauna of the Meke Saltpan, Karapınar, Konya, VIII. International Symposium on Ecology and Environmental Problems, 04-07 Ekim, Çanakkale.
- **Candan K.**, Yıldırım E., Ilgaz Ç., Kumlutaş Y. (2017): The relation between body size and egg volume of population of *Heremites vittatus* (Olivier, 1804) (Squamata: Scincidae) in different elevation in Turkey, 19th European Congress of Herpetology, 18-23 Eylül, Avusturya.
- Yıldırım E., Başkale E., Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., **Candan K.**, Najafi Majd E., Kaya U. (2017): Osteological and geometric morphometric comparison of five species of *Rana* and *Pelophylax* (Anura: Ranidae), 19th European Congress of Herpetology, 18-23 Eylül, Avusturya.

- **Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., Ayaz D., Yıldırım E. (2017): Phylogenetic assessment of the Valentin's Lizard, *Darevskia valentini*, (Boettger, 1892) in Turkey, 19th European Congress of Herpetology, 18-23 Eylül, Avusturya.
- Yıldırım E., **Candan K.**, Kumlutaş Y., Ilgaz Ç. (2017): Skeletal osteology of the lacertid lizards *Phoenicolacerta laevis* (Gray, 1838) and *Phoenicolacerta cyanisparsa* (Schmidtler and Bischoff, 1999) (Squamata: Lacertidae), 19th European Congress of Herpetology, 18-23 Eylül, Avusturya.
- Birlik S., Yıldırımhan HS., Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., **Candan K.** (2017): Helminth fauna of Derjugin's Lizard, *Darevskia derjugini* (Nikolsky, 1898) (Sauria: Lacertidae) from East-Black Sea Region, Turkey, XIII. Uluslararası Katılımlı Ekoloji ve Çevre Kongresi, UKECEK, 12-15 Eylül, Edirne.
- Birlik S., Yıldırımhan HS., Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.** (2017): Türkiye'nin Kayseri İlinden toplanan Valentin Kertenkelesi *Darevskia valentini* (Boettger, 1892) (Squamata: Lacertidae)'nin helmint faunası, III. Ulusal Zooloji Kongresi, 12-15 Temmuz, Afyonkarahisar.
- Gül S., **Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y. (2017): Distribution of *Chalcides ocellatus* (Forskal, 1775) under current bioclimatic conditions, The 3rd International Symposium on EuroAsian Biodiversity, 05-08 Haziran, Belarus.
- **Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., Durmuş S.H., Güçlü Ö., Beşer N., Kankılıç T. (2016): Phylogenetic relationships between species of *Anatololacerta* (Squamata, Lacertidae) and taxonomical reconstruction considering molecular markers, with description of the new genetically lineages, Symposium on Euroasian Biodiversity, 23-27 Mayıs, Antalya.
- **Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., Durmuş S.H., Beşer N., Yıldırım E. (2016): Genetic lineages and diversification of *Phoenicolacerta laevis* (Gray, 1838) (Squamata, Lacertidae) in southern Turkey, Symposium on Euroasian Biodiversity, 23-27 Mayıs, Antalya.
- Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.** (2016): The herpetofaunic diversity of Turkey: Taxonomy, distribution and conservation status of the species, Symposium on Euroasian Biodiversity, 23-27 Mayıs, Antalya.
- Birlik S., Yıldırımhan H.S., Sümer N., Kumlutaş Y., Ilgaz Ç., Durmuş S.H., **Candan K.** (2016): Helminth fauna of Lebanon Lizard, *Phoenicolacerta laevis* (Gray, 1838), (Squamata: Lacertidae) from southern Turkey, Symposium on Euroasian Biodiversity, 23-27 Mayıs, Antalya.
- Gül S., Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., **Candan K.** (2016): Life history of *Iranolacerta brandtii* (De Filippi, 1863) (Squamata, Lacertidae) in a high population from eastern Anatolia, Symposium on Euroasian Biodiversity, 23-27 Mayıs, Antalya.
- Beşer N., Üzüm N., **Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., Kankılıç T., Durmuş S.H., Güçlü Ö. (2015): The Age Structure of *Anatololacerta danfordi* (Squamata,

Lacertidae) (Günther, 1876) Population From Southern Anatolia/Turkey, 13th ICZEGAR, Irakleio, Girit/Yunanistan.

- Güçlü Ö., **Candan K.**, Beşer N., Durmuş S.H., Bozdoğan B. (2014): Akdeniz Havzasındaki *Trionyx triunguis* (Testudiniata: Trionychidae) Populasyonlarında Polimorfik Mikrosatellit Lokuslarının İzolasyonu, Karakterizasyonu, 22. Ulusal Biyoloji Kongresi, Eskişehir.
- **Candan K.**, Kankılıç T., Güçlü Ö., Beşer N., Kumlutaş Y., Durmuş S.H., Ilgaz Ç. (2014): Anadolu'nun Güneyinde Yayılış Gösteren *Anatololacerta* (Arnold, Arribas, Carranza 2007) Cinsinin Moleküler Belirteçler Kullanılarak Taksonomisinin Değerlendirilmesi, 22. Ulusal Biyoloji Kongresi, Eskişehir.
- **Candan K.**, Tınaz E., Güçlü Ö., Kankılıç T., Durmuş S.H. (2012): Göksu Kumsalındaki Çakal (*Canis aureus*) ve Tilki (*Vulpes vulpes*) Populasyonlarının Tespiti ve *Caretta caretta* Yumurtaları Üzerindeki Predasyon Etkilerinin Saptanması. I. Uluslararası Biyoloji Kongresi; 24 – 26 Eylül; Manas Üniversitesi, Bişkek/Kırgızistan.
- **Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y., Durmuş S.H. (2012): Ay Işığının *Caretta caretta* Ergin Bireylerinin Yuvalama Davranışı Üzerine Etkisi. 4. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu; 11 – 13 Ekim; Onsekiz Mart Üniversitesi; Çanakkale.
- Güçlü Ö., **Candan K.**, Durmuş S.H., Tınaz E. (2012): 2011 Üreme Döneminde Göksu Kumsalında Yuvalayan *Caretta caretta* Populasyonunun Üreme Ekolojisi. 4. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu; 11 – 13 Ekim; Onsekiz Mart Üniversitesi, Çanakkale.
- Eskin Z., **Candan K.**, Tınaz E., Beşer N., Apak A., Güçlü Ö., Bozdoğan B. (2010): Antibacterial effects of soil bacteria isolated from beach sand at Dalyan, Turkey. American Society For Microbiology.
- Tınaz E., **Candan K.**, İlhan T., Cihangir S.İ., Boyacı G., Durmuş S.H. (2009): 2009 Üreme Döneminde Dalyan Kumsalında *Caretta caretta* Ergin Dişilerinin Yuvalama Potansiyelinin Değerlendirilmesi ve Popülasyona Yönelik Koruma Tedbirleri. 3. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu; 03 – 05 Aralık; Mersin Üniversitesi; Mersin.

### İletişim Bilgileri

Dokuz Eylül Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Tınaztepe,  
Buca, İzmir,

e-posta: kamil.candan@deu.edu.tr