

**ZONGULDAK BÜLENT ECEVİT ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**KAYA YEDİUYURU *DRYOMYS LANIGER* (MAMMALIA: RODENTIA)'İN  
GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE YAYILIŞ ALANININ BELİRLENMESİ**

**BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**DOKTORA TEZİ**

**ORTAÇ ÇETİNTAŞ**

**ARALIK 2021**



**ZONGULDAK BÜLENT ECEVİT ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**KAYA YEDİUYURU *DRYOMYS LANIGER* (MAMMALIA: RODENTIA)'İN  
GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE YAYILIŞ ALANININ BELİRLENMESİ**

**BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**DOKTORA TEZİ**

**Ortaç ÇETİNTAŞ**

**DANIŞMAN: Prof. Dr. Mustafa SÖZEN**

**ZONGULDAK**

**Aralık 2021**



**KABUL:**

Ortaç ÇETİNTAŞ tarafından hazırlanan “Kaya Yediuyuru *Dryomys laniger* (Mammalia: Rodentia) ’in Genetik Çeşitliliği ve Yayılış Alanının Belirlenmesi” başlıklı bu çalışma jürimiz tarafından değerlendirilerek Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalında Doktora Tezi olarak oybirliğiyle kabul edilmiştir. 17/12/2021

**Danışman:** Prof. Dr. Mustafa SÖZEN .....  
Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

**Üye:** Prof. Dr. Ferhat MATUR .....  
Dokuz Eylül Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü

**Üye:** Prof. Dr. İbrahim Raşit BİLGİN .....  
Boğaziçi Üniversitesi, Çevre Bilimleri Enstitüsü, Çevre Bilimleri Ana Bilim Dalı

**Üye:** Doç. Dr. Hakan GÜR .....  
Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi, Çiçekdağı Meslek Yüksekokulu, Bitkisel ve Hayvansal Üretim Bölümü

**Üye:** Dr. Öğr. Üyesi Alexey YANCHUKOV .....  
Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

---

**ONAY:**

Yukarıdaki imzaların, adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım. ..../..../20....

Prof. Dr. Ahmet ÖZARSLAN  
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü





*“Bu tezdeki tüm bilgilerin akademik kurallara ve etik ilkelere uygun olarak elde edildiğini ve sunulduğunu; ayrıca bu kuralların ve ilkelerin gerektirdiği şekilde, bu çalışmadan kaynaklanmayan bütün atıfları yaptığımı beyan ederim.”*

Ortaç ÇETİNTAŞ



## ÖZET

Doktora Tezi

### KAYA YEDİUYURU *DRYOMYS LANIGER* (MAMMALIA: RODENTIA)'İN GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE YAYILIŞ ALANININ BELİRLENMESİ

Ortaç ÇETİNTAŞ

Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Mustafa SÖZEN

Aralık 2021, 49 sayfa

İklim değışikliklerinin, türlerin dağılımları ve genetik çeşitlilikleri üzerine dikkat çekici bir etkisi olmaktadır. Özellikle iklimin dramatik bir şekilde değıştiğı buzul ve buzullar arası çağlarda çoğu tür yok olmuş, yeni türler meydana gelmiş, türlerin yayılış alanları ve genetik çeşitlilikleri değışmiştir. *Dryomys laniger* Anadolu'ya endemik yüksek kayalık alanlarda yayılış gösteren alpin bir türdür. Bilinen yayılış alanı parçalı ve izole populasyonlardan oluşmaktadır. Türün evrimsel tarihini belirlemek amacıyla bir mtDNA ve iki nuDNA olmak üzere üç farklı lokus üzerinden filogenetik ağaç oluşturulmuş, ayrılma zamanı hesaplanmış ve niş modelleme ile türün yayılış örüntüsünün iklim değışikliklerine verdiği cevap tespit edilmeye çalışılmıştır.

*Dryomys laniger*'in Anadolu'da yayılış gösteren 6 populasyonundan 31 örnek toplanmıştır. Literatürde kayıtlı olan Erzurum populasyonundan örnek toplanamamıştır. Bu 6 populasyondan Subaşı yaylası (Antalya), Çiçekliboyun yaylası (Demirkazık Niğde) ve Püren geçidi (Kahramanmaraş) populasyonları tür için yeni yayılış kayıtlarıdır.

## ÖZET (devam ediyor)

Genetik mesafe sonucuna göre Tunceli ve Kahramanmaraş (Doğu soy hattı) ve Niğde, Antalya (Batı soy hattı) birbirlerinden % 7 oranında ayrılmaktadır. Cyt *b* verisine dayanan bu genetik mesafe ve kafatasındaki nazal genişlik, damak uzunluğu, rostrum yüksekliği ve alt molar diş dizisi uzunluğu karakterlerindeki farklılıklara dayanarak Doğu soyu yeni bir tür *Dryomys anatolicus* sp. nov. olarak tanımlanmıştır.

İki soy evrimsel ağaçta monofiletik olarak gözükmemektedir ve bu soylar arasında ortak haplotip paylaşılmamaktadır. Batı soyundaki genetik çeşitlilik (Hd: 0,9) Doğu soyundaki genetik çeşitliliğe (Hd: 0,5) göre daha yüksektir. Bu sonuç Doğu popülasyonunun peripatrik türleşme ile farklılaşmış ve yeni bir tür oluşturmuş olabileceğini önermektedir. Günümüzde Seyhan nehrinin oluşturduğu çöküntü alanının iki türün izolasyonunu sağladığı öngörülmektedir.

Niş modeline göre ise son buzul maksimumunda (LGM) tür günümüze göre daha geniş bir alanda yayılış göstermektedir. Popülasyon nötralite testlerinin gösterdiği üzere *Dryomys laniger* buzul çağlarda yayılış alanını genişletmiş, ancak günümüzde daha dar bir yayılış alanına sahip olmuştur. Mevcut popülasyonlar yüksek dağ zirvelerindeki kayalık alanlarda izole olmuş durumdadır. Literatürde mevcut ve bu çalışmada sağlanan verilere göre *Dryomys laniger*'in en batı yayılış sınırı Subaşı yaylası çevresi (Antalya), en doğu yayılış sınırı ise muhtemelen Saimbeyli-Tufanbeyli hattıdır. *Dryomys anatolicus*'un yayılış alanı ise en batıda Adana-Kahramanmaraş sınırındaki Tahtalı dağları, doğuda ise Erzurum bölgesidir.

Bu çalışma Anadolu yüksek dağ ekosistemlerinin Biyolojik çeşitlilik bakımından önemini, yeni türler barındırma potansiyelini ve özenle korunması gerektiğini güçlü bir şekilde önermektedir.

**Anahtar Kelimeler:** Filocoğrafya, filogeni, Moleküler Ekoloji, *Dryomys anatolicus* sp. nov.

**Bilim Kodu:** 401.04.03.

## ABSTRACT

Ph. D. Thesis

### DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY AND DISTRIBUTION OF WOOLLY DORMOUSE *DRYOMYS LANIGER* (MAMMALIA: RODENTIA)

Ortaç ÇETİNTAŞ

Zonguldak Bülent Ecevit University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Biology

Thesis Advisor: Prof. Dr. Mustafa SÖZEN

December 2021, 49 pages

Climate changes have a remarkable effect on the distribution and genetic diversity of species. Especially in the glacial and interglacial ages, when the climate changed dramatically, most species disappeared, new species emerged, the distribution areas and genetic diversity of species changed. *Dryomys laniger* is an alpine species that is endemic to Anatolia, spreading in high rocky areas. Its known distribution consists of fragmented and isolated populations. In order to determine the evolutionary history of the species, a phylogenetic tree was created over three different loci, one mtDNA and two nuDNA, the separation time was calculated and the response of the species' distribution pattern to climate changes was tried to be determined by niche modelling.

31 samples were collected from 6 populations of *Dryomys laniger* distributed in Anatolia. Samples could not be collected from the Erzurum population registered in the literature. Among these 6 populations, Subaşı plateau (Antalya),çiçekboyun plateau (Demirkazık Niğde) and Püren pass (Kahramanmaraş) populations are new distribution records for the species.

## ABSTRACT (continued)

According to the result of genetic distance (Tunceli and Kahramanmaraş (Eastern lineage) and Niğde, Antalya (Western lineage) they are separated by 7%. This genetic distance based on *cyt b* data and nasal width, palate length, rostrum height and lower molar teeth sequence in the skull. Based on the differences in the length characters, the Eastern lineage was defined as a new species *Dryomys anatolicus* sp. nov.

The two lineages appear in the evolutionary tree as two monophyletic lineages and no common haplotype is shared between these lineages. The genetic diversity in the Western lineage (Hd: 0.9) was higher than in the Eastern lineage (Hd: 0.5). This result suggests that the eastern population may have differentiated by peripatric speciation and formed a new species. Today, it is predicted that the depression area formed by the Seyhan river provides the isolation of two species.

According to the niche model, the species spreads over a wider area at the last glacial maximum (LGM). As demonstrated by population neutrality tests, *Dryomys laniger* expanded its distribution during the ice ages, but has a narrower distribution area today. Existing populations are isolated in rocky areas on high mountain peaks. According to the data available in the literature and provided in this study, the westernmost distribution limit of *Dryomys laniger* is around the Subaşı plateau (Antalya), and the easternmost distribution limit is probably the Saimbeyli-Tufanbeyli line. The distribution area of *Dryomys anatolicus* is Tahtalı Mountains on the Adana-Kahramanmaraş border in the west and Erzurum region in the east.

This study strongly suggests the importance of Anatolian high mountain ecosystems in terms of biodiversity, their potential to host new species, and the need for careful conservation.

**Keywords:** Phylogeography, Endemic mammals, Molecular ecology, *Dryomys anatolicus* sp. nov.

**Science Code:** 401.04.03.

## TEŞEKKÜR

Tez boyunca yardımlarını esirgemeyen tez danışman Prof. Dr. Mustafa SÖZEN'e, değerli yorumlarıyla bu çalışmanın ilerlemesini sağlayan Prof. Dr. Ferhat MATUR (Dokuz Eylül Ünv.), Prof. Dr. İbrahim Raşit BİLGİN (Boğaziçi Ünv.), Doç. Dr. Hakan GÜR'e (Kırşehir Ahi Evran Ünv.) ve Dr. Öğr. Üyesi Alexey YANCHUKOV'a (Zonguldak BEUN),

Arazi çalışmalarına büyük katkısı olan Dr. Öğr. Üyesi Faruk ÇOLAK'a ve laboratuvar çalışmalarına büyük katkısı bulunan Sercan IRMAK'a (Balıkesir Ünv.),

Bütün çalışma boyunca arazi çalışmalarında yardımlarını benden esirgemeyen Dr. Muhsin ÇOĞAL, Kürşat Kenan KALKAN ve verilerin değerlendirilmesi ve görselleştirilmesinde yardımcı olan Halil Mert SOLAK'a teşekkür ederim.

Bu tez çalışması Prof. Dr. Ferhat MATUR tarafından yürütülen TÜBİTAK 113R029 numaralı proje tarafından desteklenmiştir.



## İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
KABUL: .....	ii
ÖZET .....	iii
ABSTRACT .....	v
TEŞEKKÜR .....	vii
İÇİNDEKİLER.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	xiii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	xv
BÖLÜM 1 GİRİŞ .....	1
BÖLÜM 2 MATERYAL VE METOD.....	5
2.1 ÖRNEKLEME ve DNA EKSTRASYONU .....	5
2.2 MİTOKONDRIYAL VE ÇEKİRDEK DNA AMPLİFİKASYONU.....	5
2.3 MİTOKONDRIYAL GEN (CYT B) ANALİZLERİ .....	9
2.4 ÇEKİRDEK GENLERİNİN (GHR VE IRBP) ANALİZLERİ.....	12
2.5 NİŞ MODELLEME.....	13
2.6 MORFOLOJİK ANALİZLER .....	14
BÖLÜM 3 SONUÇLAR.....	19
3.1 YAYILIŞ, FİLOGENİ, FARLILIK VE TARİHSEL DEMOGRAFİ .....	19
3.2 AYRILMA ZAMANI.....	30
3.3 NİŞ MODELLEME.....	31
3.4 MORFOLOJİ.....	32

## İÇİNDEKİLER (devam ediyor)

3.5 <i>DRYOMYS ANATOLICUS</i> SP. NOV. ....	34
BÖLÜM 4 TARTIŞMA .....	37
4.1 ANADOLUYA ENDEMİK YENİ BİR TÜR .....	40
KAYNAKLAR.....	41
ÖZGEÇMİŞ .....	49

## ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>No</u>	<u>Sayfa</u>
Şekil 1.1 Avrupa için önerilen üç önemli sığınak; R1; İberya yarımadası, R2; İtalya, R3; Balkanlar (Taberlet et al. 1998).....	2
Şekil 1.2 <i>Dryomys laniger</i> bilinen yayılış haritası (Kryštufek and Kennerley 2019). ....	4
Şekil 2.1 Jel Elektroforezi sonucu çalışan ürünlerin oluşturduğu bantlar (cyt <i>b</i> ). ....	8
Şekil 2.2 Jel Elektroforezi sonucu çalışan ürünlerin oluşturduğu bantlar (IRBP). ....	8
Şekil 2.3 Jel Elektroforezi sonucu çalışan ürünlerin oluşturduğu bantlar (GHR).....	9
Şekil 2. 4 Geneious programı üzerinde örnek bir dizinin kromatogramı. ....	10
Şekil 2.5 1.Zigomatik genişlik, 2. Rostrum genişliği, 3. İnterorbital genişlik, 4. Oksipitonazal uzunluk, 5. Nazal uzunluk, 6. Nazal genişlik, 7. Frontal suture uzunluğu, 8. Parietal suture uzunluğu, 9. Oksipital genişlik, 10. Beyin kapsülü genişliği (Çoğal 2011).....	15
Şekil 2.6 11.Kondilobazal uzunluk, 12. Kondilonazal uzunluk, 13. Bazal uzunluk, 14.Yüzbölgesi uzunluğu, 15. Mastoid genişlik, 16. Beyin kapsülü uzunluğu, 17. Diestema uzunluğu, 18. Damak uzunluğu, 19. Foramen insiva uzunluğu, 20. İşitme bullası uzunluğu, 21. İşitme bulası genişliği, 22. Üst diş sırası uzunluğu (Çoğal 2011).....	16
Şekil 2.7 23. Rostrum yüksekliği, 24. Bullalı beyin kapsülü yüksekliği, 25. Bullasız beyin kapsülü yüksekliği (Çoğal 2011).....	16
Şekil 2.8 26. Alt diş sırası uzunluğu, 27. Mandibul yüksekliği, 28. Mandibul uzunluğu (Çoğal 2011).....	17
Şekil 3.1 Örnek yakalanan noktalar. (a) Subaşı Yaylası, (b) Salamut Yaylası, (c) Meydan Yaylası, (d) Çiçekliboyun Yaylası, (e) Püren Geçidi, (f) Eşekçayırı Yaylası.....	19
Şekil 3.2 Sitokrom <i>b</i> belirtecine göre oluşan filogenetik ağaç ML ve Bayes olasılık oranları sırasıyla dallar üzerinde gösterilmiştir. ....	23
Şekil 3.3 GHR belirtecine göre oluşan filogenetik ağaç. Olasılık oranları dallar üzerinde gösterilmiştir.....	24
Şekil 3.4 IRBP belirtecine göre oluşan filogenetik ağaç. Olasılık oranları dallar üzerinde gösterilmiştir.....	25
Şekil 3.5 cyt <i>b</i> belirteci için network ağı. B1 (yeşil), B2 (sarı) ve D (mavi). ....	29
Şekil 3.6 (a) Network of GHR ve (b) IRBP. B1 (yeşil), B2 (sarı) ve D (mavi).....	30
Şekil 3.7 Populasyonlar arası ayrılma zamanı.....	31
Şekil 3. 8 Günümüz potansiyel yayılış haritası. ....	32
Şekil 3.9 Geçmiş (LGM) dönem potansiyel yayılış haritası. ....	32
Şekil 3.10 Morfolojik karakterlere göre oluşturulan Temel Bileşenler Analizi (PCA) grafiği. ....	33

## ŞEKİLLER DİZİNİ

No

Sayfa

Şekil 3.11 <i>D. laniger</i> 'e (Subaşı yaylası)ait kafatası ve çene kemiği fotoğrafları. a) Kafatası (alttan görünüm), b) ) Kafatası (üstten görünüm), c) Kafatası (yandan görünüm), d) Çene kemiği.....	35
Şekil 3.12 <i>D. anatolicus</i> 'a (Eşekçayırı yaylası)ait kafatası ve çene kemiği fotoğrafları. a) Kafatası (alttan görünüm), b) ) Kafatası (üstten görünüm), c) Kafatası (yandan görünüm), d) Çene kemiği.....	36
Şekil 4.1 Kuvaterner'de Anadolu Dağları'ndaki buzulların maksimum kapsamı (Akçar et al. 2017).....	38

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>No</u>	<u>Sayfa</u>
Çizelge 2.1 Her lokus için kullanılan primer çiftleri.....	6
Çizelge 2.2 <i>cyt b</i> lokusu için PZR amplifikasyon koşulları. ....	6
Çizelge 2.3 IRBP lokusu için PZR amplifikasyon koşulları. ....	7
Çizelge 2.4 GHR lokusu için PZR amplifikasyon koşulları. ....	7
Çizelge 2.5 Biyoiklim verileri. ....	14
Çizelge 3.1 Yakalanan örneklerin lokalite, koordinat ve yükseklik bilgileri.....	20
Çizelge 3.2 Çalışma sonucunda <i>cyt b</i> lokusundan elde edilen haplotipler. ....	21
Çizelge 3.3 Kimura 2'li parametresine göre populasyonlar arası uzaklıklar. ....	26
Çizelge 3.4 Her üç belirteç için Kimura 2'li parametresine göre populasyonlar içi uzaklıklar. Tür içi farklılıklar yüzdesi (d), standart hata (SE), örnek sayısı (n) ve en yüksek ve en alçak değer için uzaklık aralığı (min-max). ....	27
Çizelge 3.5 Populasyonlardaki genetik çeşitlilik ve farklılaşma. Örnek sayısı (n), Farklılaşan bölge sayısı (S), Haplotip sayısı (h), Haplotip çeşitliliği (Hd), Farklılığın ortalama sayısı (K) ve Nükleotid çeşitliliği (Pi). ....	28
Çizelge 3.6 Populasyon nötralite testleri.....	29
Çizelge 3.7 İki ana populasyonu ayıran dört morfolojik karakterlerin ortalaması ve p değerleri. ....	33



## SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

### KISALTMALAR

<b>bç</b>	: Baz çifti
<b>cyt <i>b</i></b>	: Sitokrom <i>b</i>
<b>dk</b>	: Dakika
<b>DNA</b>	: Deoksiribonükleik asit
<b>dNTP</b>	: Deoksiribonükleotid trifosfat
<b>g</b>	: Gram
<b>GHR</b>	: Growth hormone receptor
<b>IRBP</b>	: Interphotoreceptor retinoid-binding protein
<b>MgCl<sub>2</sub></b>	: Magnezyum diklorür
<b>mm</b>	: Milimetre
<b>mM</b>	: Milimolar
<b>mtDNA</b>	: Mitokondriyel DNA
<b>myö</b>	: Milyon yıl önce
<b>nuDNA</b>	: Nükleer (Çekirdek) DNA
<b>U</b>	: Unit
<b>µL</b>	: Mikrolitre
<b>µM</b>	: Mikromolar



## BÖLÜM 1

### GİRİŞ

Dünyanın yörüngesindeki değişiklikler kuvarterner çağında iklim dalgalanmalarına neden olmuştur (Hays et al., 1976). Bu dalgalanmalar nedeniyle kuvarterner çağın başında (2.5 myö) dünya üzerinde buz tabakaları oluşmuş ve bugüne kadar belli aralıklarla bu buz tabakaları kuzey kutbundan itibaren iklim soğudukça Avrupa kıtasına kadar ilerlemiş ve daha sonra iklim ısınca bu tabakalar eriyerek kutuplara doğru geri çekilmiştir (Webb and Bartlein, 1992). Buz tabakalarının bu hareketi iklim üzerinde değişikliklere neden olup dünya üzerinde buzul ve buzullar arası çağların yaşanmasına neden olmuştur. İklim soğudukça buzul tabakalar etki alanını arttırmış ve bu durum buzul çağların aksi takdirde ise buzullar arası çağların yaşanmasına neden olmuştur. Yaşanan bu çağların canlı türleri üzerine etkisi olmuştur. Bu iklim dalgalanmaları türlerin hem yayılış gösterdikleri alanları hem de sahip oldukları genetik çeşitlilikleri değiştirmiştir (Hewitt 1996, 1999, 2000, 2004, 2011). Bu dönemlerde oluşan bu değişikliklere her tür birseysel olarak cevap vermiş ve günümüzdeki genetik çeşitliliğini şekillendirmiştir (Hewitt 2000). İklim değişikliklerinin önemli etkilerinden biriside popülasyonların dağıldığı alanların değişimidir. Bu dağılım türün ekolojik ihtiyaçlarına göre değişim gösterir. Ayrıca bu dağılım örüntülerine paralel olarak bazı türler barındırdığı genetik çeşitliliği arttırmış, bazıları ise sahip olduğu genetik çeşitliliği kaybetmiştir. Ayrıca türlerin bir kısmı yok olmuş, bir kısmı daha geniş alanlara yayılmış ve birçok yeni tür meydana gelmiştir (Hewitt 1996).

Genel olarak ılıman iklime adapte olan türler buzul çağlarda güneyde daha sıcak, sığınak adı verilen alanlarda yaşamaya devam etmiş ve iklimin ısınmaya başladığı buzullar arası çağlarda yayılış alanlarını genişletmeye başlamışlardır. Ancak ılıman türlerin sahip olduğu bu yayılış dinamiği soğuk-adapte (alpin) türler için tam tersidir. Buna göre soğuk-adapte türler buzullar arası çağda daha soğuk olan alanlara göç edip buralarda yaşamaya devam ederken buzul çağlarda yayılış alanlarını genişletmişlerdir (Hewitt 1996). Türlerin gösterdiği bu dağılım örüntüsüne “Genişleme – Daralma (Expansion - Contraction)” modeli adı verilir (Comes and Kadereit 1998, Hewitt 1996, Taberlet et al. 1998).

Genel olarak Dünya üzerindeki türlerin büyük kısmı bu örüntüyü gösterirken belli başlı istisnalar bulunmaktadır. Yayılış alanının büyük bir bölümü Anadolu'da olan *Spermophilus xanthoprimum* ılıman iklime adapte bir yer sincabı olmasına rağmen alpin tür örüntüsü göstererek buzul çağlarda yayılışını genişletmiş, buzullar arası çağlarda ise yayılışını daraltmıştır (Gür, 2013).

Genel olarak Avrupa'da ılıman türler için önerilen üç adet sığınak alan bulunmaktadır. Önerilen bu alanlar; İberya yarımadası, İtalya ve Balkanlardır. Avrupa biyoçeşitliliğine önemli derecede katkısı olan bu alanlarda tür içi genetik çeşitlilik, endemizm oranı ve tür çeşitliliği oldukça yüksektir (Hewitt 1999, 2000, Taberlet et al. 1998) (Şekil 1. 1).

Akdeniz'de bulunan sığınak alanlar kendi içlerinde alt merkezlere bölünmektedir ve bu alt merkezlerden birisi ise Anadolu'dur (Schmitt 2007). Anadolu önerilen bu üç sığınak dışında Avrupa biotasına katkıda bulunmuş ve birçok yazar tarafından çoğu tür için sığınak olarak önerilmiştir (Bilgin 2011, Çıplak 2004, 2008, Dubey et al. 2006, 2007, Gündüz et al. 2007, Hewitt 1996, 1999, Korkmaz et al. 2014). Soğuk-adapte türler için ise sığınak olarak kabul edilen alanlar farklıdır. Bu türler için sığınak olarak kabul edilen bölgeler Avrupa'nın kuzeyinde kalan soğuk iklime sahip alanlardır.



**Şekil 1.1** Avrupa için önerilen üç önemli sığınak; R1; İberya yarımadası, R2; İtalya, R3; Balkanlar (Taberlet et al. 1998).

Avrupa'nın güneyinde özellikle Akdeniz'de ise yüksek rakıma sahip soğuk dağlık alanlar da bu türler için sığınak olarak kullanılmaktadır (Schmitt 2007, 2009). Buzul çağlarda Avrupa'nın büyük bir kısmını buzul alanlar kaplarken Anadolu hiçbir zaman buzul ile kaplanmamıştır (Hewitt 2000). Ancak sadece Anadolu'da bulunan buzul dağları buz ile kaplanmıştır (Akçar et al. 2017, Atalay 1996, Çiner 2004, Hughes and Woodward 2017) ve bu alanlar buzul türler için önemli sığınak nokta oluşturmuştur (Galbreath et al. 2009, Hughes et al. 2006, Stewart and Dalén 2008, Stewart and Lister 2001). Özellikle soğuk-adapte türler için bu alanlar sıcak iklimlerde sığınak görevi üstlenmişlerdir. (Ansell et al. 2011, Bilgin 2011, Çıplak 2003, Çıplak et al, 2008, Racey et al. 1999). Ancak soğuk-adapte olmasa bile dağ habitatlarını tercih eden türler de bu kayalık alanlara yönelmişlerdir (Castiglia et al. 2009). Soğuğa adapte ve dağ türleri Anadolu'da bulunan farklı yüksekliklerdeki dağ populasyonlarında izole halde parçalı dağılım gösterirler (Çıplak et al. 2008, Provan and Bennett 2008, Schmitt 2007, 2009). Anadolu yarımadası içinde türlerin yayılışlarını sınırlayan alanlar bulunmaktadır ve bu nedenle tür çeşitliliği hatta endemizm oranı oldukça yüksektir (Çıplak 2008, G. Hewitt 1999, Médail and Diadema 2009, Taberlet et al. 1998).

Kayalık yediuyuru *Dryomys laniger* (Felten and Storch 1968) soğuk-adapte, kayalık habitatlarda yaşayan bir dağ türüdür ve ayrıca Anadolu endemik memelilerinden birisidir (Felten et al. 1973, Spitzenberger and Eberl-Rothe 1974, Spitzenberger 1976). Türün göstermiş olduğu yayılış alanı üzerine şu zamana kadar bir çalışma yapılmadığı gibi bilinen yayılış alanı daha önce tür üzerine yapılan kayıtlara dayanmaktadır (Felten and Storch 1968, Felten et al. 1973, Kıvanç et al. 1997, Mursaloğlu 1973, Obuch 2001, Spitzenberger 1976, Yiğit et al. 2003) (Şekil 1.2).



**Şekil 1.2** *Dryomys laniger* bilinen yayılış haritası (Kryštufek and Kennerley 2019).

Tür üzerine yapılan moleküler çalışmalar *Dryomys* cinsi içerisinde karşılaştırmalı olarak değerlendirilmiş, tür içi çeşitlilik ve popülasyonların durumu üzerine bir çalışma yapılmamıştır (Kankılıç et al. 2018, Yigit et al. 2003). Gliridae familyası üzerinde yapılan çalışmalarda ise sadece türün filogenetik pozisyonu üzerine bilgi vardır (Bover et al. 2019, Montgelard et al. 2003). Tür kış uykusuna yatıp genel olarak 7 ay kış uykusuna kalmaktadır. Ekim ayının sonlarına doğru kış uykusuna yatan bireyler Nisan ayının ilk haftasında uyanmaktadırlar. Kış uykusu düzeni, kış uykusuna yatan memelilerden farksızdır (Kart Gür et al. 2014).

Bu çalışmada kayalık yediuyurunun (*D. laniger*) tür içi çeşitliliği ve popülasyonlar arası farklılıkları ele alınmıştır. Niş modeline bakarak türün bulunduğu dönemdeki ve en son buzul çağındaki (LGM) yayılım durumunun ne olduğu belirlenmeye çalışılmıştır. Bu bilgiler ışığında şu soruların cevapları aranmıştır; Türün sığınak olarak bulunduğu neresidir ve bu alanlar Anadolu biyocoğrafyası göz önüne alındığında öngörülen alanlar mıdır?, Tür içi çeşitliliğin az ya da çok olduğu alanlar neresidir ve bu alanlardaki çeşitliliğin azlığı ya da çokluğunun sebepleri nelerdir? Popülasyonlar arasında tür seviyesinde farklılıklar bulunmakta mıdır? Bu sorulara aranan cevaplar ışığında bir Anadolu endemiği olan *Dryomys laniger*'in filocoğrafyası tartışılmıştır.

## BÖLÜM 2

### MATERYAL VE METOD

#### 2.1 ÖRNEKLEME VE DNA EKSTRASYONU

Arazi çalışmaları 2015-2018 yılları arasında gerçekleştirildi. Çalışma boyunca Sherman tipi canlı hayvan yakalama kapanları kullanıldı. Kapanlama çalışması yapılacak uygun alana kapanlar bir gün öncesinden 10'ar metre aralıklar ile yerleştirildi ve ertesi gün sabah kapanlar araziden toplandı. Yem olarak çikolata ile karışık fındık, fıstık v.b. kuruyemişler kullanıldı. Yakalanan örneklerin geldiği nokta GPS cihazı ile ondalık derece formatında kaydedildi (Çizelge 3.1). Nokta kaydı alınan örnekler dissekte edildikten sonra moleküler çalışmalar için dokular RNA-later solüsyonu içine alınıp -86°C'de muhafaza edildi. DNA izolasyonu için karaciğer dokusu kullanıldı ve markanın (Qiagen) prosedürüne göre DNA izole edildi. İzole edilen DNA'lar ise -20°C'de muhafaza edildi. Arazi çalışması boyunca alan seçimi literatürde daha önce örneklem yapılmış noktalar referans alınarak gerçekleştirildi. Öncelikle literatüre göre daha önce yakalanan yüksek rakıma sahip kayalık alanlara kapanlama çalışması yapıldı. Daha sonra ise bu alanlara yakın ve habitat olarak uygun noktalar seçilerek bu noktalarda çalışma gerçekleştirildi.

#### 2.2 MİTOKONDRIYAL VE ÇEKİRDEK DNA AMPLİFİKASYONU

Bu çalışmada iki farklı organelden çıkarılan lokuslar kullanılmıştır. Bu iki organelden biri anneden yavruya aktarılan bölge olan mitokondri, diğeri ise hem anne hem babadan aktarılan çekirdek bölgesidir. Mitokondriden bir lokus (*cyt b*, 1126 bç) (Montgelard et al. 2002), çekirdekten ise her ikisi de ekson bölgesi olan lokuslar (GHR=büyüme hormonu reseptörü, 874 bç ve IRBP= fotoreseptör arası retinoid bağlayıcı protein, 1164 bç) kullanılmıştır (Blanga-Kanfi et al. 2009, Stanhope et al. 1992). Her lokus için kullanılan primer çifti Çizelge 2.1'de gösterilmiştir.

**Çizelge 2.1** Her lokus için kullanılan primer çiftleri.

Lokus	Forward 5' - 3'	Reverse 5' - 3'	Referans
cyt <i>b</i>	ACCAAT-GACAT-GAAAAAT CATCGTT	TCTC-ATTTCTGGTTTACA- AGAC	(Montgelard et al. 2002)
IRBP	ATGGCCAAGGTCCTCTTGG ATAACTACTCGTT-	CGCAGGTCATCATGATGA GCTTGCTCTGTGTTCTG	(Stanhope et al. 1992)
GHR	TAGGAAGGAAAATTRGARG AR	AAGGCTANGGCATGATRT TRT	(Banga-Kanfi et al. 2009)

Final veri setinde cyt *b* için 29 örnek (1 adet subaşı yaylası Antalya, 1 adet meydan yaylası Niğde örneği hariç) çekirdek geni için ise her noktadan 2 örnek toplamda 12 örnek kullanılmıştır. Ancak meydan yaylası, Niğde örnekleri GHR bölgesi için çalışmamıştır ve bu nedenle bu gen bölgesi için bu lokaliteden örnek bulunmamaktadır.

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) şartlarına göre her iki bölgede bulunan lokuslar için örnek başına 26 µl hacimde karışım hazırlanmıştır. Bu karışımda cyt *b* için; 2,5 µL buffer, 1.5 mM MgSO<sub>4</sub>, 0.5 mM dNTP, 0.5 µM Forward primer, 0.5 µM Reverse primer, 0.25 U Taq polimeraz ve 0.5 ng/µl kalıp DNA kullanılmıştır. PZR koşulları ise Çizelge 2.2'de verilmiştir. IRBP lokusu için hazırlanan karışımda ise 2,5 µL buffer, 1.5 mM MgSO<sub>4</sub>, 0.6 mM dNTP, 0.5 µM Forward primer, 0.5 µM Reverse primer, 0.25 U Taq polimeraz ve 2 ng/µl kalıp DNA kullanılmıştır. IRBP için PZR koşulları ise Çizelge 2.3'de verilmiştir. GHR lokusu için hazırlanan karışımda ise 2,5 µL buffer, 1.5 mM MgSO<sub>4</sub>, 0.5 mM dNTP, 0.5 µM Forward primer, 0.5 µM Reverse primer, 0.25 U Taq polimeraz ve 0.6 ng/µl kalıp DNA kullanılmıştır. GHR için PZR koşulları ise Çizelge 2.4'de verilmiştir.

**Çizelge 2.2** cyt *b* lokusu için PZR amplifikasyon koşulları.

	Sıcaklık	Süre	Döngü sayısı
Ön denatürasyon	95°C	5 dakika	1
Denatürasyon	95°C	30 saniye	40
Bağlanma	55°C	60 saniye	
Uzama	72°C	90 saniye	
Son Uzama	72°C	10 dakika	1

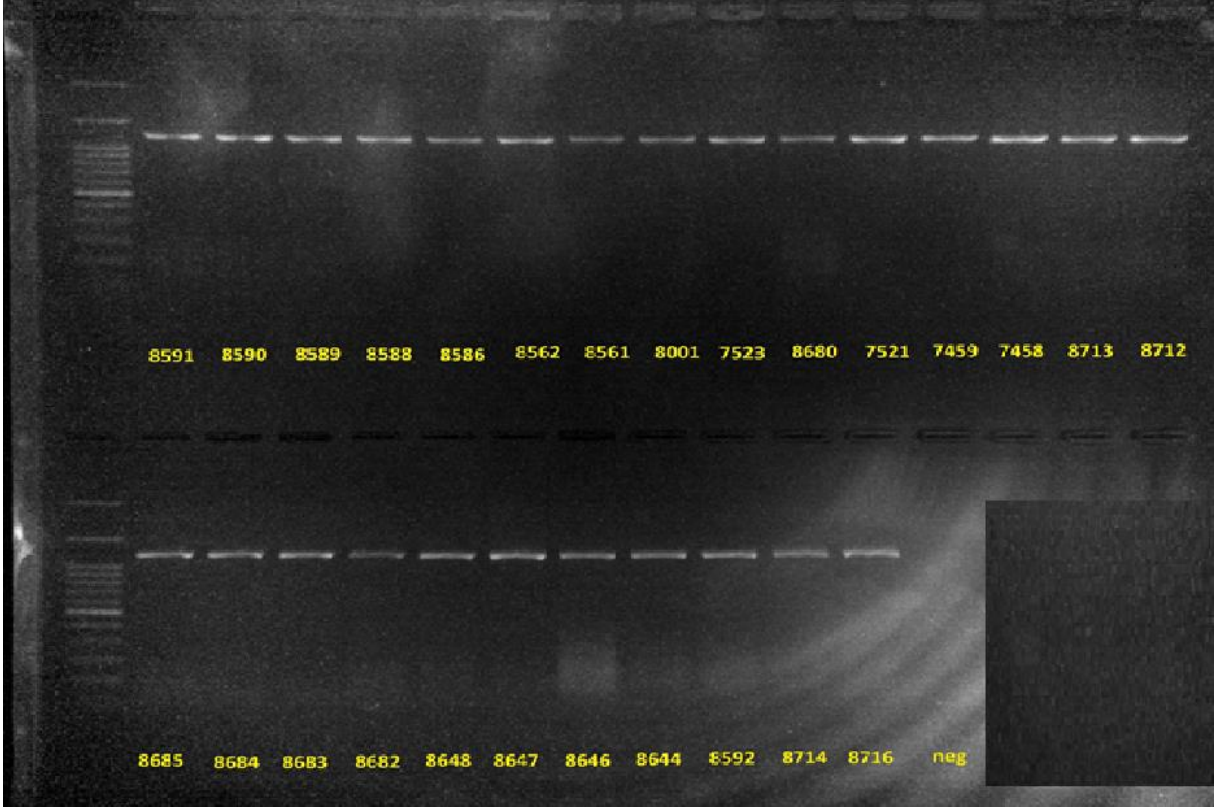
**Çizelge 2.3** IRBP lokusu için PZR amplifikasyon koşulları.

	Sıcaklık	Süre	Döngü sayısı
Ön denatürasyon	95°C	5 dakika	1
Denatürasyon	94°C	60 saniye	30
Bağlanma	55°C	60 saniye	
Uzama	70°C	180 saniye	
Son Uzama	72°C	10 dakika	1

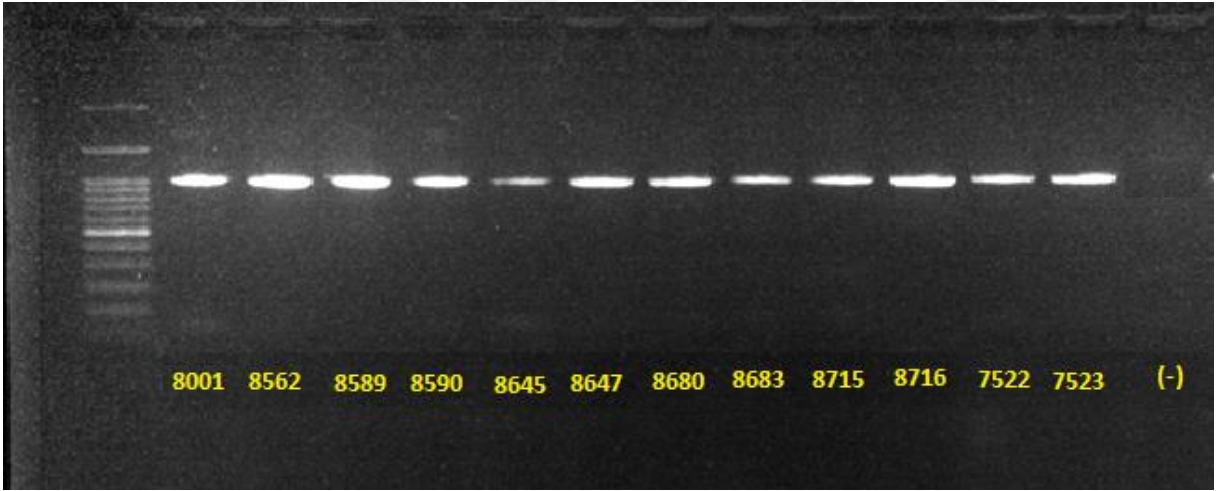
**Çizelge 2.4** GHR lokusu için PZR amplifikasyon koşulları.

	Sıcaklık	Süre	Döngü sayısı
Ön denatürasyon	95°C	5 dakika	1
Denatürasyon	95°C	30 saniye	40
Bağlanma	54°C	60 saniye	
Uzama	72°C	90 saniye	
Son Uzama	72°C	10 dakika	1

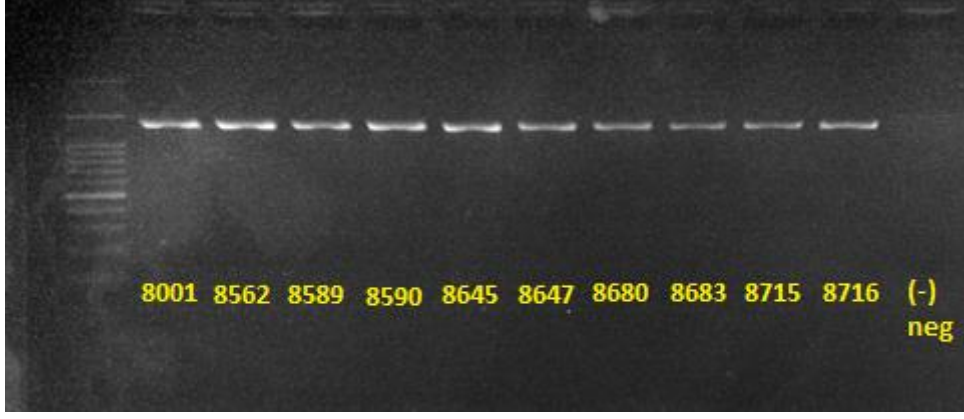
PZR sonucunda oluşan ürünler Jel Elektroforezi ile 120 voltta 60 dakika koşturulmuş ve her lokus için ürünlerin çalışıp çalışmadığı kontrol edilmiştir (Şekil 2.1, 2.2 ve 2.3). Jel elektroforezinde bant oluşturan ürünler bize reaksiyonun çalıştığını göstermiştir. Çalışan ürünler dizileme için ticari bir şirket olan MacroGen Inc. (Hollanda) şirketine gönderilmiştir.



Şekil 2.1 Jel Elektrofrezisi sonucu çalışan ürünlerin oluşturduğu bantlar (cyt b).



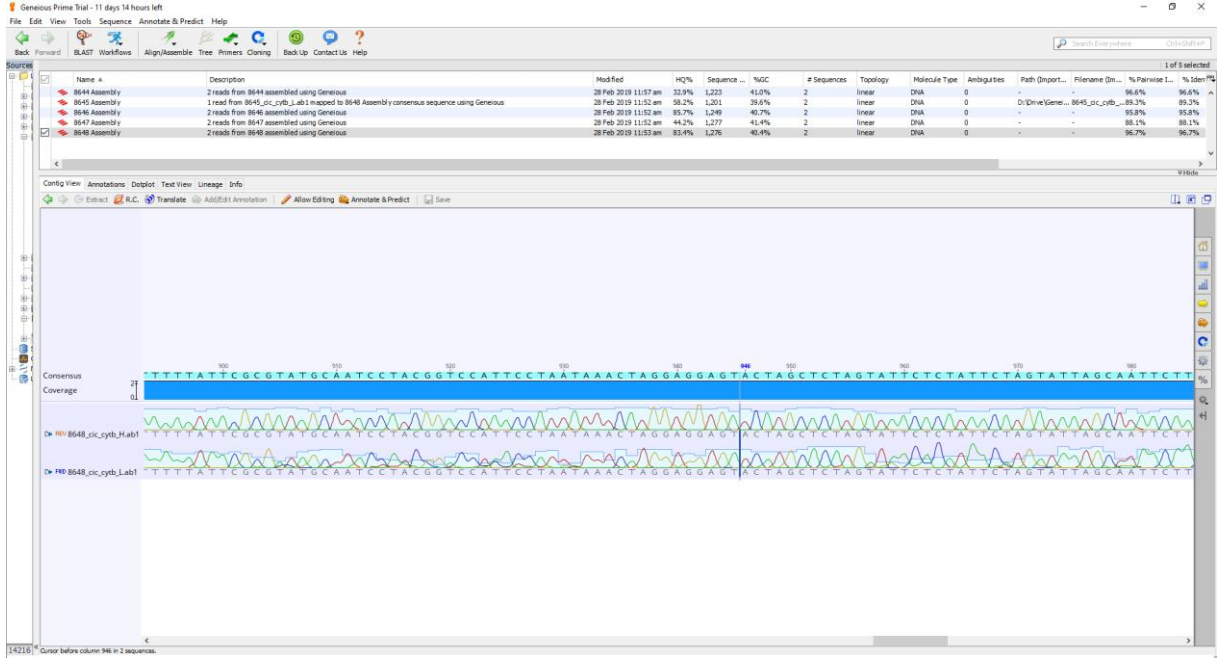
Şekil 2.2 Jel Elektrofrezisi sonucu çalışan ürünlerin oluşturduğu bantlar (IRBP).



Şekil 2.3 Jel Elektroforezi sonucu çalışan ürünlerin oluşturduğu bantlar (GHR).

### 2.3 MİTOKONDRIYAL GEN (CYT B) ANALİZLERİ

Şirketten gelen ham diziler Geneious (Kearse et al. 2012) programı ile önce otomatik daha sonra ise birer birer el ile düzenlendi ve bütün diziler ClustalW algoritması kullanılarak hizalandı (Şekil 2.4). Dizileri hizalama sırasında her üç lokus (*cyt b*, GHR, IRBP) içinde, Genbank'ta *D. laniger* için herhangi bir referans dizi olmadığından dolayı, *D. nitedula* (*cyt b* için Genbank no: AJ225116, GHR için Genbank no: KM397257, IRBP için Genbank no: AJ427236) referans organizma olarak kullanıldı.



**Şekil 2. 4** Geneious programı üzerinde örnek bir dizinin kromatogramı.

Mitokondriyel haplotipleri belirlemek için DnaSP v.5.0 (Rozas et al. 2017) programı kullanılmıştır. Daha sonra filogenetik ağaçları oluşturmadan önce dış grup seçimi yapılmıştır. Bu seçimde Genbank veritabanı (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) kullanılmıştır. Dış gruplar *Dryomys* cinsi ile aynı altfamilya (*Leithiinae*) altında buluna *Eliomys* cinsinden seçilmiştir. Seçilen diziler *Eliomys melanurus* (Genbank no: HE614010) ve *Eliomys quercinus* (Genbank no: AJ225030) türlerine ait dizilerdir. Dizileri analize sokmadan önce evrimsel model MrModelTest 2 (Nylander 2004) programı ile belirlenmiş Akaike Bilgi Kriteri (AIC) (Akaike 1974) altında seçilen en iyi evrimsel model analizlerde kullanılmıştır.

Evrimsel akrabalıkları belirlemek için iki farklı yaklaşımla filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. Birinci yaklaşım, Bayes çıkarımı, MrBayes 3.2 (Ronquist et al. 2012) programı kullanılarak oluşturulmuştur. Ağacı oluştururken Monte Carlo Markov chain (MCMC) 20 milyon jenerasyondan oluşan iki farklı tekrar yapılmıştır ve ağaçlar her 1000 nesilde bir örneklenmiştir. Analiz sonucu en olası ağacı görmek için tüm ağaçların %25'i analize sokulmamıştır (burn-in). Sonuç olarak en olası ağaç oluşturulmuş ve her nodun olasılık değeri (posterior probabilities) ağaç üzerinde gösterilmiştir.

İkinci yaklaşım ise Maximum Likelihood (ML) yaklaşımı RaxmlGUI (Silvestro and Michalak 2012) programı kullanılarak oluşturulmuştur. Bu programda analize başlamadan önce “ML+rapid bootstrap” seçeneği seçilmiş ve oluşacak ağacın istatistiksel olarak yüzde kaç destekleneceğini görmek için ise bootstrap sayısı 1000 olarak belirlenmiştir. Bunlarla birlikte birbirine eş (duplike) sekanslar analize dahil edilmemiştir.

Türün populasyonlarının birbirinden ayrıldığı jeolojik zamanı tarihlendirmek amacıyla Markov Chain Monte Carlo (MCMC) yaklaşımı BEAST2 (Bouckaert et al. 2014) programı kullanılarak ayrılma zamanı analizi yapılmıştır. Programa öncül bilgileri girmek için öncelikle BEAUti 2 programında veri dosyası hazırlanmıştır. Kalibrasyon noktası olarak ise 28.5 ( $\pm$  2.8) myö gerçekleşen *Dryomys/Eliomys* cinslerinin ayrımı ve 7.0 ( $\pm$  0.9) myö gerçekleşen *Eliomys melanurus/Eliomys quercinus* türlerinin ayrımı kullanılmıştır (Bover et al. 2019). 50 milyon jenerasyon için her 1000 yılda bir örneklenen jenerasyon olarak ayarlanmıştır. Moleküler saat olarak “strict clock” seçeneği seçilmiştir. Hazırlanan dosya BEAST2 programı ile açılıp analiz başlatılmıştır. Hem analiz devam ederken hem de analiz sonunda zincirlerin sabit dağılıma yakınsaması ve parametrelerin etkili örneklem boyutlarını (ESS) kontrol etmek için Tracer v.1.7.1 (Andrew Rambaut et al. 2018) programı kullanılmıştır. Filogenetik ağaçları oluştururken kullanılan her iki yaklaşım ve ayrılma zamanı sonucunda çizilen filogenetik ağaçlar ise FigTree v.1.4.2. (Rambaut 2012) programı kullanılarak görselleştirilmiştir.

Genetik varyasyonu ve populasyon demografisi hakkında bilgi edinmek için kullanılan testler DnaSP v6 (Rozas et al., 2017) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Bu testler; Haplotip sayısı, ayrılan bölge sayısı, haplotip çeşitliliği, nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı ve nükleotid çeşitliliği. Bunlarla birlikte populasyonların nötraliteden nasıl saptıklarını hesaplamak amacıyla DnaSP6 (Rozas et al., 2017) programı ile populasyon nötralite testleri yapılmıştır. Bu testler Tajima’s D (Tajima, 1989), Fu’s F (Fu and Li, 1993) ve Ramos-Onsins and Rozas (Ramos-Onsins and Rozas, 2002) testleridir.

Populasyonlar arası ve populasyonlar içi genetik uzaklık MEGA v.10.1.8 (Kumar et al. 2018) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Genetik uzaklık hesaplanırken Kimura'nın 2'li parametresi (K2P) (Kimura 1980) kullanılmış ve ayrıca hesaplanan her iki uzaklık (Populasyonlar arası ve populasyonlar içi) için en düşük ve en yüksek değerlerde kaydedilmiştir. Belirlenen cyt *b* haplotiplerinin birbirleri ile uzaklığını göstermek amacıyla oluşturulan network ağı PopART v.1.7 (Leigh and Bryant 2015) programı kullanılarak çizilmiştir.

## 2.4 ÇEKİRDEK GENLERİNİN (GHR VE IRBP) ANALİZLERİ

Her iki çekirdek DNA'ya ait lokus (GHR ve IRBP) DnaSP v.5.0 (Rozas et al. 2017) programı içinde bulunan ve Bayes algoritması kullanan PHASE 2.1 (Stephens et al. 2001, Stephens and Donnelly 2003) ile yeniden yapılandırılmıştır. MCMC simülasyonlarında 0.90 güven olasılık eşikleri altında 1000 iterasyon, 10'luk inceltme aralığı ve 100'lük yanma değeri ile analiz yapılmıştır. Analiz sonucunda çıkan her sekans ayrı bir birey olarak değerlendirilmiştir. Dizileri analize sokmadan önce evrimsel model MrModelTest 2 (Nylander 2004) programı ile belirlenmiş Akaike Bilgi Kriteri (AIC) (Akaike 1974) altında seçilen en iyi evrimsel model analizlerde kullanılmıştır.

Filogenetik ağaçları oluşturmadan önce dış grup seçimi yapılmıştır. Dış gruplar *Dryomys* cinsi ile aynı altfamilya (*Leithiinae*) altında buluna *Eliomys* cinsinden seçilmiştir. Dış grupların seçimi Genbank veritabanından (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) yapılmıştır. GHR için dış grup olarak seçilen dizi *Eliomys quercinus* (Genbank no: FM162076), IRBP için dış grup olarak seçilen dizi ise *Eliomys quercinus* (Genbank no: FM162056) 'a ait dizilerdir.

Evrimsel ağaç oluşturmak için MrBayes 3.2 (Ronquist et al. 2012) programı kullanılmıştır. Her iki lokus için evrimsel ağacı oluştururken Monte Carlo Markov chain (MCMC) 10 milyon jenerasyondan oluşan iki farklı tekrar yapılmıştır ve ağaçlar her 1000 nesilde bir örneklenmiştir. Analiz sonucu en olası ağacı görmek için tüm ağaçların %25'i analize sokulmamıştır (burn-in). Sonuç olarak en olası ağaç oluşturulmuş ve her nodun olasılık değeri (posterior probabilities) ağaç üzerinde gösterilmiştir.

Haplotipleri belirlemek, genetik varyasyon ve populasyon demografisi hakkında bilgi edinmek için kullanılan testler için DnaSP v.5.0 (Rozas et al. 2017) programı kullanılmıştır. Populasyonlar arası ve populasyonlar içi genetik uzaklık MEGA v.10.1.8 (Kumar et al. 2018) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Genetik uzaklık hesaplanırken Kimura'nın 2'li parametresi (K2P) (Kimura 1980) kullanılmış ve ayrıca hesaplanan her iki uzaklık (Populasyonlar arası ve populasyonlar içi) için en düşük ve en yüksek değerlerde kaydedilmiştir. Haplotiplerinin birbirleri ile uzaklığını göstermek amacıyla oluşturulan network ağı PopART v.1.7 (Leigh and Bryant 2015) programı kullanılarak çizilmiştir.

## 2.5 NİŞ MODELLEME

Niş modelleme analizinde yol göstermesi açısından “Tür Dağılım Modellemesi ile İklim Değişikliği Uygulamaları” notları üzerinden ilerlenilmiştir (Gür 2019). Modeli hesaplamaya başlamadan önce *D. laniger*'in bu çalışma ile yakalanmış noktalarla var verisi hazırlanmıştır. Varlık verisi için türü tespit ettiğimiz noktaların hepsi kullanılmıştır. Modeli yanlış hesaplamaktan kaçınma adına literatürde var verisi kesin olmayan örnek noktaları kullanılmamıştır. Analize ait iklim verileri (Çizelge 2.5) WorldClim internet sitesinden (<https://www.worldclim.org/>) indirilmiştir. Analiz MAXENT programı kullanılarak yapılmıştır. Mekansal otodüzelteyi (Spatial autocorrelation) azaltmak ve örneklem sapmasını doğrulamak için varlık kayıtları çoklu verileri tek veriye düşürecek şekilde 1 km uzaklık için filtrelenmiş ve bu filtreleme sonucunda kayıt sayısı 9'a düşmüştür (Boria et al. 2014). Arka planı seçerken “Bounding Box” kullanılmış ve arka plan verisini örneklemek için 100000 arka plan noktası seçilmiştir. Çalışma alanı tampon bölge mesafesi için ise 1 derece seçilmiştir. Modeli geliştirmek ve değerlendirmek için alansal bölümlenme için “Block(k=4)” seçeneği kullanılmış ve böylece veri dört bölüme ayrılmıştır.

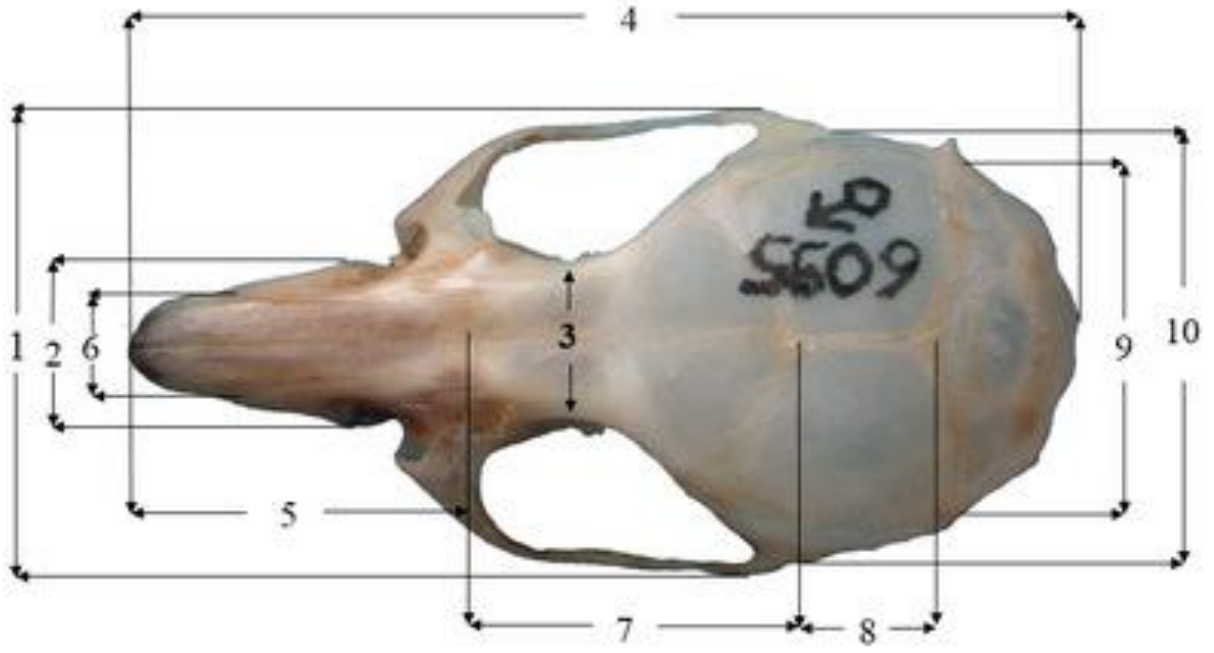
Bu algoritmada karmaşıklığı düzenlemek için öznelik sınıflarının (Doğrusal, Linear; Karesel, Quadratic; Kıvrım, Hinge; Çarpım, Product) hepsi ve düzenleştirme çarpanı için 1, 2, 3, 4 ve 5 değerleri kullanılmıştır. Bütün kombinasyonlarla toplam 25 model geliştirilmiştir. Model sonuçlarına göre en iyi model seçilmiştir. Sonuçlar tiff uzantılı olarak kaydedilmiş ve QGIS v3.16 ile görselleştirilmiştir.

**Çizelge 2.5** Biyoiklim verileri.

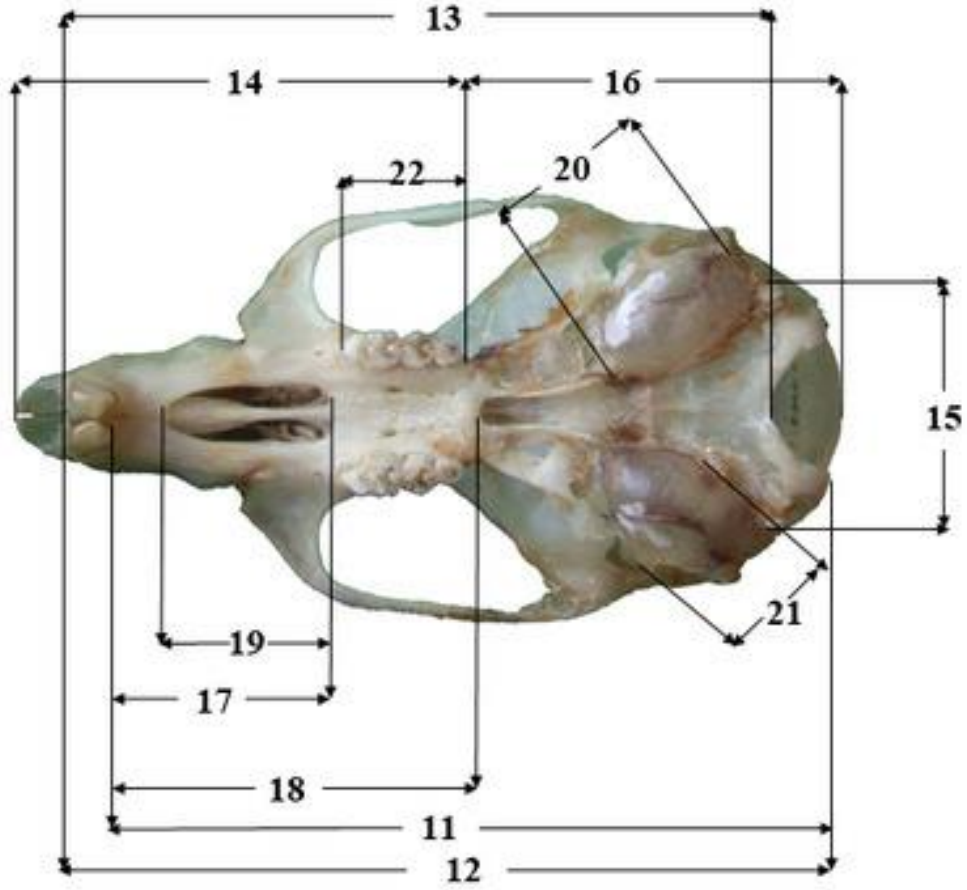
BIO 1	Yıllık Ortalama Sıcaklık
BIO 2	Aylık Ortalama Sıcaklık
BIO 3	İzotermallik
BIO 4	Mevsimsel Sıcaklık
BIO 5	En Sıcak Ayın Maksimum Sıcaklığı
BIO 6	En Soğuk Ayın Maksimum Sıcaklığı
BIO 7	Yıllık Sıcaklık Aralığı
BIO 8	En Yağışlı Çeyreğin Ortalama Sıcaklığı
BIO 9	En Kurak Çeyreğin Ortalama Sıcaklığı
BIO 10	En Sıcak Çeyreğin Ortalama Sıcaklığı
BIO 11	En Soğuk Çeyreğin Ortalama Sıcaklığı
BIO 12	Yıllık Yağış Miktarı
BIO 13	En Yağışlı Ayın Yağış Oranı
BIO 14	En Kurak Ayın Yağış Oranı
BIO 15	Mevsimsel Yağış Miktarı
BIO 16	En Yağışlı Çeyreğin Yağış Oranı
BIO 17	En Kurak Çeyreğin Yağış Oranı
BIO 18	En Sıcak Çeyreğin Yağış Oranı
BIO 19	En Soğuk Çeyreğin Yağış Oranı

## 2.6 MORFOLOJİK ANALİZLER

Bütün bireylerin kafatası ve çene kemikleri, ölçüm için kullanılmak üzere temizlendi. Temizlenme işleminde kemikler 80 °C'deki suda 10 dk bekletildikten sonra üzerinde bulunan kas dokusundan arındırıldı. Temizlenen kafatası ve çene kemiklerinden alınan ölçüler Niethammer (1978)'e göre alınmıştır (Şekil 2.5, 2.6, 2.7 ve 2.8). Alınan ölçüler üzerinden popülasyonları ikili olarak karşılaştırmak için t-testi uygulanmıştır. Ayrıca popülasyonlar arasındaki farkları göstermek adına temel bileşenler analizi (PCA) uygulanmıştır. İstatistik analizler R yazılımı üzerinden yapılmıştır.



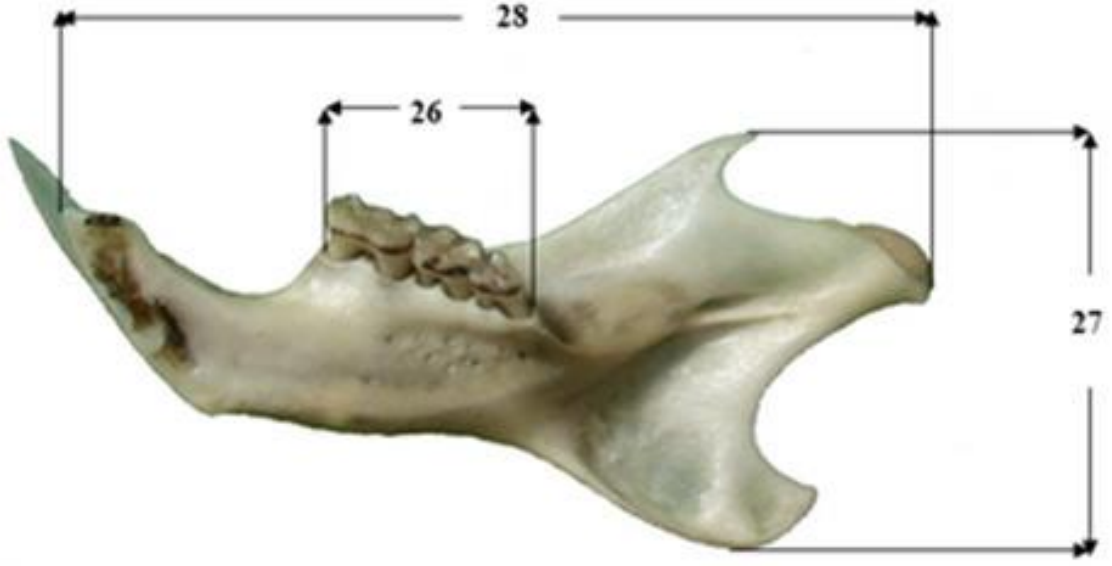
**Şekil 2.5** 1.Zigomatik genişlik, 2. Rostrum genişliği, 3. İnterorbital genişlik, 4. Oksipitonazal uzunluk, 5. Nazal uzunluk, 6. Nazal genişlik, 7. Frontal suture uzunluğu, 8. Parietal suture uzunluğu, 9. Oksipital genişlik, 10. Beyin kapsülü genişliği (Çoğal 2011).



**Şekil 2.6** 11.Kondilobazal uzunluk, 12. Kondilonazal uzunluk, 13. Bazal uzunluk, 14.Yüzbölgesi uzunluğu, 15. Mastoid genişlik, 16. Beyin kapsülü uzunluğu, 17. Diestema uzunluğu, 18. Damak uzunluğu, 19. Foramen insiva uzunluğu, 20. İşitme bullası uzunluğu, 21. İşitme bullası genişliği, 22. Üst diş sırası uzunluğu (Çoğal 2011).



**Şekil 2.7** 23. Rostrum yüksekliği, 24. Bullalı beyin kapsülü yüksekliği, 25. Bullasız beyin kapsülü yüksekliği (Çoğal 2011).



Şekil 2.8 26. Alt diş sırası uzunluğu, 27. Mandibul yüksekliği, 28. Mandibul uzunluğu (Çoğal 2011).



## BÖLÜM 3

### SONUÇLAR

#### 3.1 YAYILIŞ, FİLOGENİ, FARLILIK VE TARİHSEL DEMOGRAFİ

Çalışma boyunca toplam 6 farklı lokaliteden 31 adet örnek yakalanmıştır (Çizelge 3.1). Örnekler; Antalya ilinden, Subaşı ve Salamut yaylası olmak üzere iki farklı noktadan, Niğde ilinden, Meydan ve Çiçekliboyun yaylası olmak üzere iki farklı noktadan, Kahramanmaraş ilinden, Püren geçidinden, Tunceli ilinden, Eşekçayırı yaylasından yakalanmıştır (Şekil 3.1).



**Şekil 3.1** Örnek yakalanan noktalar. (a) Subaşı Yaylası, (b) Salamut Yaylası, (c) Meydan Yaylası, (d) Çiçekliboyun Yaylası, (e) Püren Geçidi, (f) Eşekçayırı Yaylası

**Çizelge 3.1** Yakalanan örneklerin lokalite, koordinat ve yükseklik bilgileri

Örnek No	Lokalite	İl	Enlem	Boylam	Yükseklik
7458	Subaşı yaylası	Antalya	36.58271	29.604592	2125 m
7521	Meydan yaylası	Niğde	37.41234	34.565286	2400 m
7522	Meydan yaylası	Niğde	37.41234	34.565286	2400 m
7523	Meydan yaylası	Niğde	37.41234	34.565286	2400 m
8001	Subaşı yaylası	Antalya	36.58271	29.604592	2125 m
8561	Subaşı yaylası	Antalya	36.58271	29.604592	2125 m
8562	Subaşı yaylası	Antalya	36.58271	29.604592	2125 m
8586	Salamut yaylası	Antalya	36.911253	31.951845	2050 m
8588	Salamut yaylası	Antalya	36.911253	31.951845	2050 m
8589	Salamut yaylası	Antalya	36.911253	31.951845	2050 m
8590	Salamut yaylası	Antalya	36.911253	31.951845	2050 m
8591	Salamut yaylası	Antalya	36.911253	31.951845	2050 m
8592	Salamut yaylası	Antalya	36.911253	31.951845	2050 m
8644	Çiçekliboyun	Niğde	37.889849	35.146693	2700 m
8645	Çiçekliboyun	Niğde	37.888656	35.148352	2700 m
8646	Çiçekliboyun	Niğde	37.888769	35.148517	2700 m
8647	Çiçekliboyun	Niğde	37.889207	35.148698	2700 m
8648	Çiçekliboyun	Niğde	37.888707	35.148124	2700 m
8662	Püren Geçidi	Kahramanmaraş	37.931851	36.503126	1700 m
8680	Püren Geçidi	Kahramanmaraş	37.931851	36.503126	1700 m
8682	Püren Geçidi	Kahramanmaraş	37.931851	36.503126	1700 m
8683	Püren Geçidi	Kahramanmaraş	37.931851	36.503126	1700 m
8684	Püren Geçidi	Kahramanmaraş	37.931851	36.503126	1700 m
8685	Püren Geçidi	Kahramanmaraş	37.931851	36.503126	1700 m
8712	Eşekçayırı Yaylası	Tunceli	39.420799	39.240681	1850 m
8713	Eşekçayırı Yaylası	Tunceli	39.420799	39.240681	1850 m
8714	Eşekçayırı Yaylası	Tunceli	39.420799	39.240681	1850 m
8715	Eşekçayırı Yaylası	Tunceli	39.420799	39.240681	1850 m
8716	Eşekçayırı Yaylası	Tunceli	39.420799	39.240681	1850 m

Literatürde kayıtlı olan Erzurum popülasyonundan örnek toplanamamıştır. Bu 6 popülasyondan Subaşı yaylası (Antalya), Çiçekliboyun yaylası (Demirkazık Niğde) ve Püren geçidi (Kahramanmaraş) popülasyonları tür için yeni yayılış kayıtlarıdır.

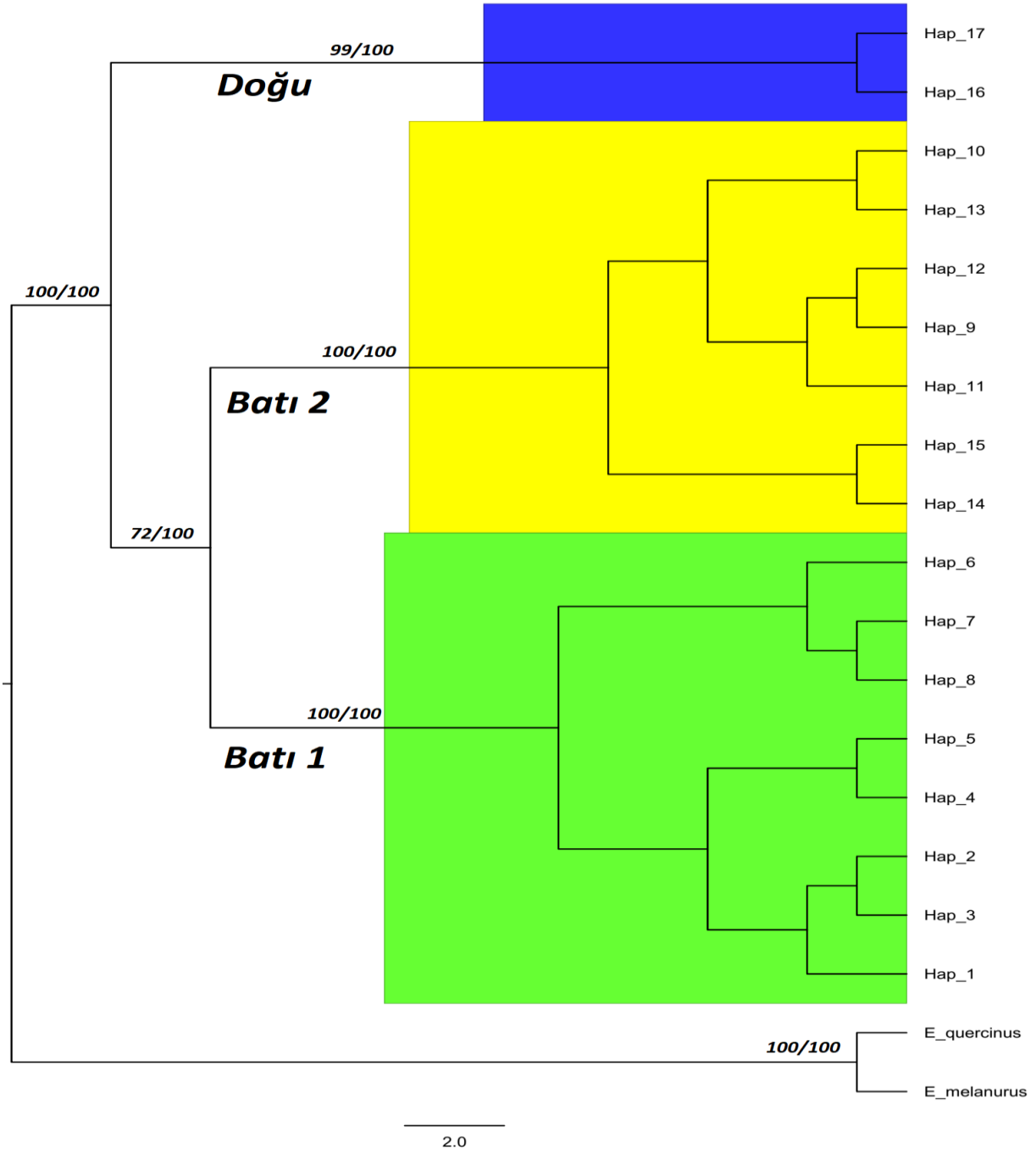
Örnekleme yapılan toplam 31 örnekten 29 tanesi sitokrom *b* belirteci için çalışmıştır. Çalışmayan 2 örnekten bir tanesi Subaşı yaylası, Antalya diğeri ise Meydan yaylası, Niğde lokalitelerinden yakalanan örneklerdir. Elde ettiğimiz 29 örneğe ait sitokrom *b* sekansından 17 özgün haplotip belirlendi (Çizelge 3.2). Yapılan analizlerde ise bu haplotipler kullanıldı. IRBP ve GHR belirteçleri için ise her lokaliteden ikişer örnek çalışılmıştır ancak sadece GHR belirteci için Meydan yaylası, Niğde örnekleri çalışmamıştır.

**Çizelge 3.2** Çalışma sonucunda *cyt b* lokusundan elde edilen haplotipler.

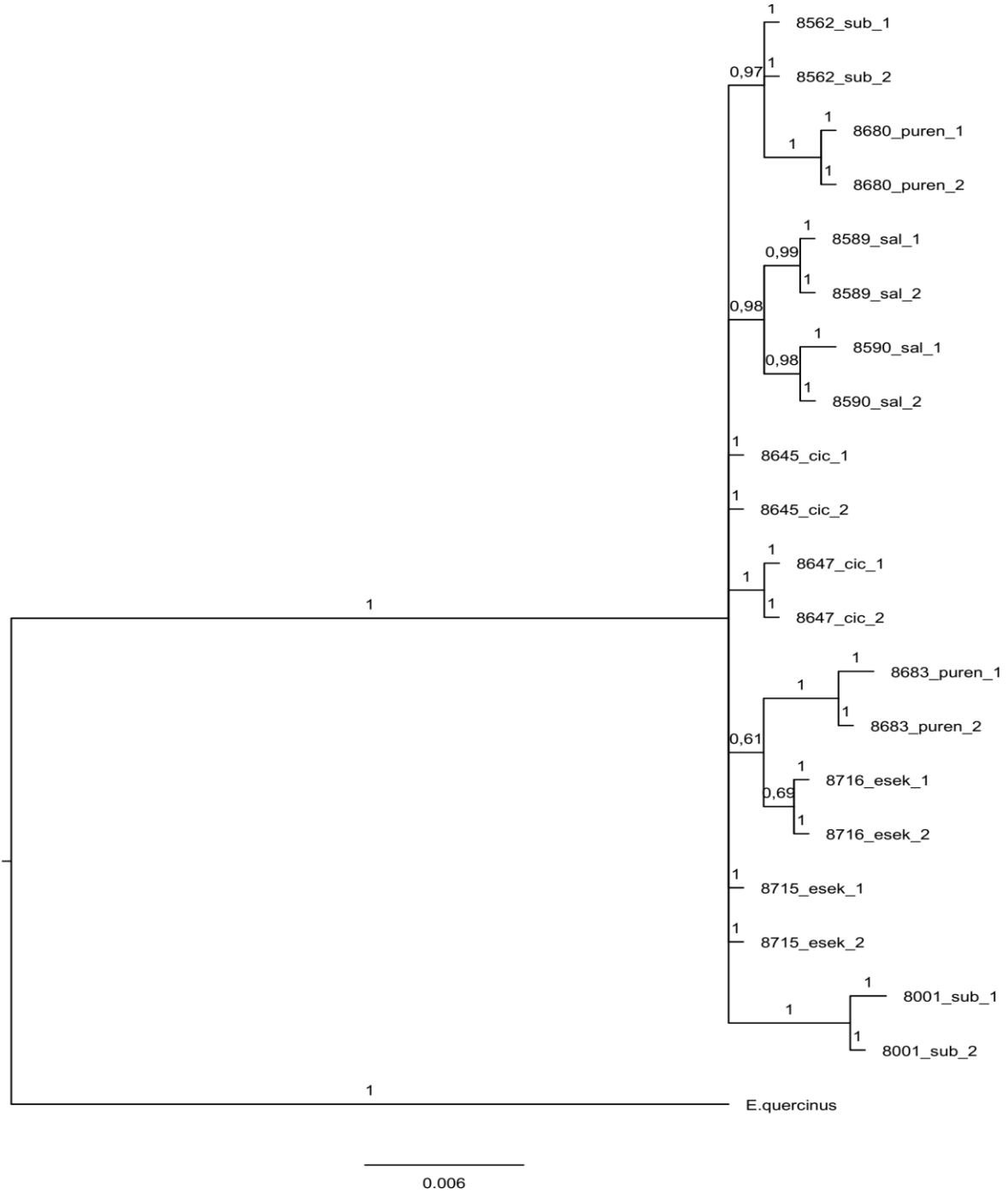
Haplotipler	Örnekler (Örnek no_Lokalite)
Haplotip 1	7458_Subaşı, 8561_Subaşı
Haplotip 2	8001_Subaşı
Haplotip 3	8562_Subaşı
Haplotip 4	8590_Salamut
Haplotip 5	8591_Salamut
Haplotip 6	8586_Salamut, 8588_Salamut
Haplotip 7	8589_Salamut
Haplotip 8	8592_Salamut
Haplotip 9	8646_Çiçekliboyun
Haplotip 10	8647_Çiçekliboyun
Haplotip 11	8645_Çiçekliboyun
Haplotip 12	8644_Çiçekliboyun, 8648_Çiçekliboyun
Haplotip 13	7523_Meydan
Haplotip 14	7521_Meydan
Haplotip 15	7522_Meydan
Haplotip 16	8684_Püren, 8685_Püren, 8683_Püren, 8682_Püren, 8680_Püren, 8662_Püren
Haplotip 17	8712_Eşekçayırı, 8713_Eşekçayırı, 8714_Eşekçayırı, 8715_Eşekçayırı, 8716_Eşekçayırı

Cyt *b* belirteci kullanılarak her iki yaklaşımla (ML ve Bayes) oluşturulan ağaçlar arasında güçlü bir uyum bulunmakta ve her iki ağaç topolojisi de benzerdir (Şekil 3.2). Her iki filogenetik ağaca bakıldığında haplotiplerin üç farklı soya bölündüğünü ve kümelendiği görüldü. Bu üç soya bakıldığında; birincisi, “Batı 1” (B1) olarak adlandırılan ve Antalya’da bulunan iki populasyon olan Salamut ve Subaşı yaylasını içeren kladdır, ikincisi ise “Batı 2” (B2) olarak adlandırılan ve Niğde’de bulunan iki populasyon olan Çiçekliboyun ve Meydan yaylasını içeren kladdır, üçüncü ve son olarak Eşekçayırı yaylası, Tunceli ve Püren geçidi, Kahramanmaraş populasyonlarını içeren “Doğu” (D) adı verilen soydur. Hiçbir populasyon arasında haplotip paylaşımamıştır. Her iki ağaca bakıldığında ise B1 ve B2 monofiletik bir kladı meydana getirirken D her iki klada uzak kalmaktadır. Her iki ağaç yaklaşımında da GTR-R evrimsel değişim modeli olarak seçilmiştir.

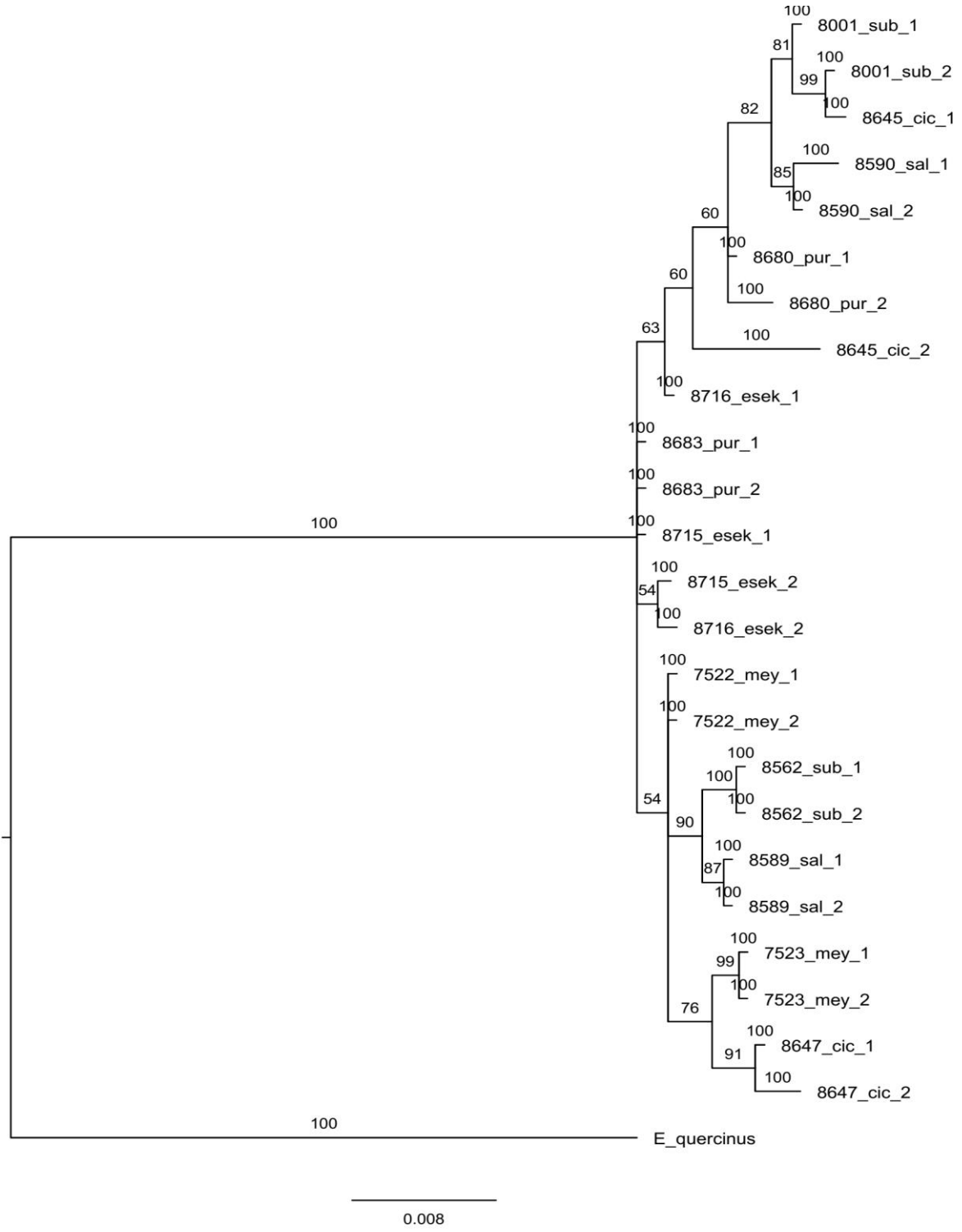
Çekirdek bölgesinden kullanılan belirteçlere dayalı ağaçlarda ise cyt *b* ağacına göre belirlediğimiz kladlar açık olarak ayrılmamıştır. Her iki belirteç için (GHR ve IRBP) ağaçlarda kladlar açık olarak ayrılmadığı gibi örnekler birbirlerinden bağımsız olarak ağaç içinde kümelenebilir. GHR belirteci için oluşturulan ağaçta sadece Salamut yaylası örnekleri bir arada bulunmaktadır (Şekil 3.3). IRBP belirteci için ise herhangi bir kümelenebilirlik olmamıştır (Şekil 3.4).



**Şekil 3.2** Sitokrom *b* belirtecine göre oluşan filogenetik ağaç ML ve Bayes olasılık oranları sırasıyla dallar üzerinde gösterilmiştir.



**Şekil 3.3** GHR belirtecine göre oluşan filogenetik ağaç. Olasılık oranları dallar üzerinde gösterilmiştir.



Şekil 3.4 IRBP belirtecine göre oluşan filogenetik ağaç. Olasılık oranları dallar üzerinde gösterilmiştir.

Cyt *b* için Kimura 2'li parametresine göre birbirine en yakın grup Batı 1 ile Batı 2 (K2P=0,019), en uzak grup ise Batı 1 ile Doğu (K2P=0,071). Batı 2 ile Doğu arasındaki uzaklıkta oldukça fazladır (K2P=0,071).

GHR için ise birbirine en yakın grup Batı 2 ile Doğu (K2P=0,006), cyt *b*'de olduğu gibi birbirine en uzak grup Batı 2 ile Doğu (K2P=0,003). Batı 1 ile Doğu arasındaki uzaklık ise K2P=0,004'tür.

IRBP gen bölgesine baktığımızda ise gruplar arası uzaklıklar arasında büyük bir fark gözükmemektedir buna göre B1 ile B2 K2P=0,006, B1 ile D K2P=0,006 ve B2 ile D K2P=0,006 gözükmemektedir (Çizelge 3.3).

**Çizelge 3.3** Kimura 2'li parametresine göre populasyonlar arası uzaklıklar.

	Klad	Batı 1	Batı 2	Doğu
<b>cyt <i>b</i></b>	Batı 1			
	Batı 2	0,019		
	Doğu	0,071	0,070	
<b>GHR</b>	Batı 1			
	Batı 2	0,004		
	Doğu	0,006	0,003	
<b>IRBP</b>	Batı 1			
	Batı 2	0,006		
	Doğu	0,007	0,006	

Populasyon içi uzaklıklara baktığımızda ise üç gen bölgesi içinde en yüksek uzaklıklar B1'de gözükmemektedir. Ayrıca cyt *b* için populasyon içi birbirine en uzak olan bireyler B1'de daha sonra B2'de ve diğerlerine göre en az uzak olan bireylerin olduğu populasyon ise D populasyonudur. GHR için populasyon içi birbirine en uzak olan bireyler B1'de en az uzak olan bireyler ise B2'de bulunmaktadır ancak GHR için Meydan yaylası populasyonu örnekleri çalışmadığı için burada örnek sayısı 4'tür. Son olarak IRBP için populasyon içi birbirine en uzak olan bireyler B1'de diğer iki populasyonun populasyon içi uzaklıkları ise neredeyse birbirine eşittir (Çizelge 3.4).

**Çizelge 3.4** Her üç belirteç için Kimura 2’li parametresine göre populasyonlar içi uzaklıklar. Tür içi farklılıklar yüzdesi (d), standart hata (SE), örnek sayısı (n) ve en yüksek ve en alçak değer için uzaklık aralığı (min-max).

	Klad	d	SE	n	min-max
<b>cyt b</b>	Batı 1	0,012	0,002	10	0 - 0,023
	Batı 2	0,010	0,002	8	0 - 0,027
	Doğu	0,009	0,002	11	0 - 0,067
<b>GHR</b>	Batı 1	0,005	0,002	8	0 - 0,010
	Batı 2	0,001	0,001	4	0 - 0,008
	Doğu	0,004	0,001	8	0 - 0,012
<b>IRBP</b>	Batı 1	0,007	0,002	8	0 - 0,007
	Batı 2	0,003	0,001	8	0 - 0,011
	Doğu	0,004	0,001	8	0 - 0,007

Populasyonlardaki genetik çeşitlilik ve farklılaşmaya baktığımızda üç belirteç arasında cyt *b* toplamda en çok farklılık barındıran belirteç olarak gözükmektedir. Cyt *b* için genetik farklılığın en yüksek olduğu populasyonlar B1 ve B2 populasyonlarıdır ve farklılaşan bölge sayısı, haplotip sayısı, haplotip çeşitliliği, farklılığın ortalama sayısı, nükleotid çeşitliliği en yüksek bu iki populasyonda gözlemlenmiştir. Doğu için ise durum daha farklıdır. Bu kladı oluşturan Püren geçidi, Kahramanmaraş ve Eşekçayırı yaylası, Tunceli populasyonları kendi içlerinde yüksek düzeyde genetik çeşitlilik barındırmadığından dolayı bu iki populasyona ait bireylerde populasyon içi genetik çeşitlilik neredeyse aynıdır. Bu nedenle haplotip sayısı D için 2’dir.

GHR için ise en çok çeşitlilik barındıran populasyon B1’dir. Çeşitliliği en az olan populasyon ise B2’dir. Diğer bir belirteç olan IRBP’de ise çeşitlilik en fazla B2 populasyonunda gözükmektedir. Bu belirteç içinde D en az çeşitlilik barındıran populasyondur (Çizelge 3.5).

**Çizelge 3.5** Populasyonlardaki genetik çeşitlilik ve farklılaşma. Örnek sayısı (n), Farklılaşan bölge sayısı (S), Haplotip sayısı (h), Haplotip çeşitliliği (Hd), Farklılığın ortalama sayısı (K) ve Nükleotid çeşitliliği (Pi).

	n	S	h	Hd	K	Pi
<b>cyt b</b>						
Batı 1	10	33	8	0,956	13,33	0,012
Batı 2	8	36	7	0,964	11,07	0,010
Doğu	11	19	2	0,545	10,36	0,009
Total	29	131	17	0,931	44,28	0,039
<b>GHR</b>						
Batı 1	8	11	6	0,928	4,50	0,005
Batı 2	4	1	2	0,666	0,67	0,001
Doğu	8	8	5	0,893	3,53	0,004
Total	20	18	13	0,963	3,90	0,004
<b>IRBP</b>						
Batı 1	8	12	6	0,9286	5,107	0,004
Batı 2	8	20	6	0,9286	7,571	0,007
Doğu	8	8	6	0,8930	3,429	0,003
Total	24	25	18	0,9746	6,859	0,006

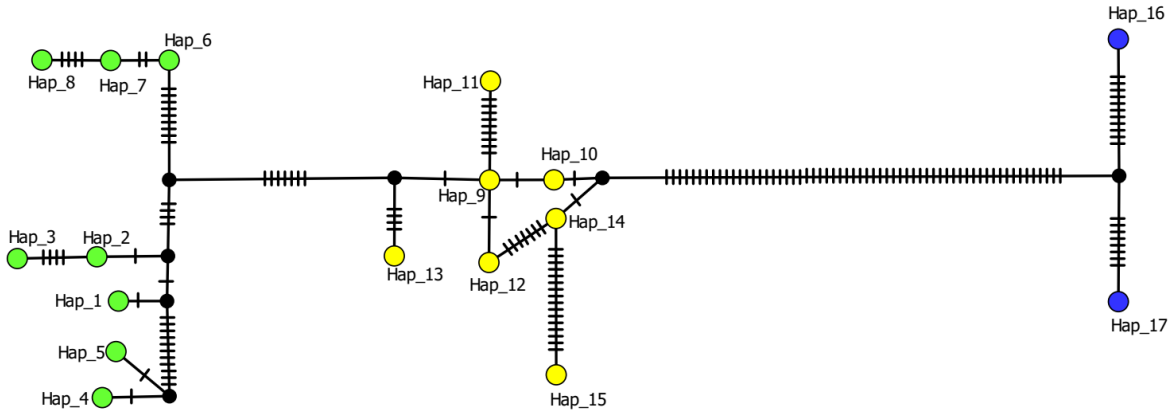
Populasyon demografik yapısını, *cyt b* belirteci kullanarak, öğrenmek adına tüm *D. laniger* populasyona (Batı1+Batı2+Doğu) Tajima's D ve Fu's F testi yapılmıştır. Her üç populasyona (B1, B2 ve D) ise ayrı ayrı bu testler yerine Ramos-Onsins and Rozas, R2 testi yapılmıştır. Populasyonun tamamına ve alt populasyonlara farklı testler uygulanmıştır çünkü örnek sayısı >20 olan populasyonlar için en güçlü test Tajima's D ve Fu's F iken örnek sayısı <20 olan populasyonlarda en güçlü test Ramos-Onsins and Rozas, R2 testidir (Ramos-Onsins and Rozas 2002). Bu testler sayesinde populasyonların nötraliteden nasıl saptığını görülmüştür.

Her iki test Tajima's D ve Fu's F anlamsız (Anlamsız,  $P > 0.10$ ) ve pozitif değer almıştır (Çizelge 3.6). Bu değere göre Anadolu'da yayılış gösteren tüm *D. laniger* populasyonunun daralma halinde olduğu sonucuna varılmıştır. Diğer alt populasyonlara baktığımızda ise tüm populasyonlar için test sonuçları >0.05 olduğundan her üç populasyonda (B1, B2, D) demografik olarak daralma durumundadır.

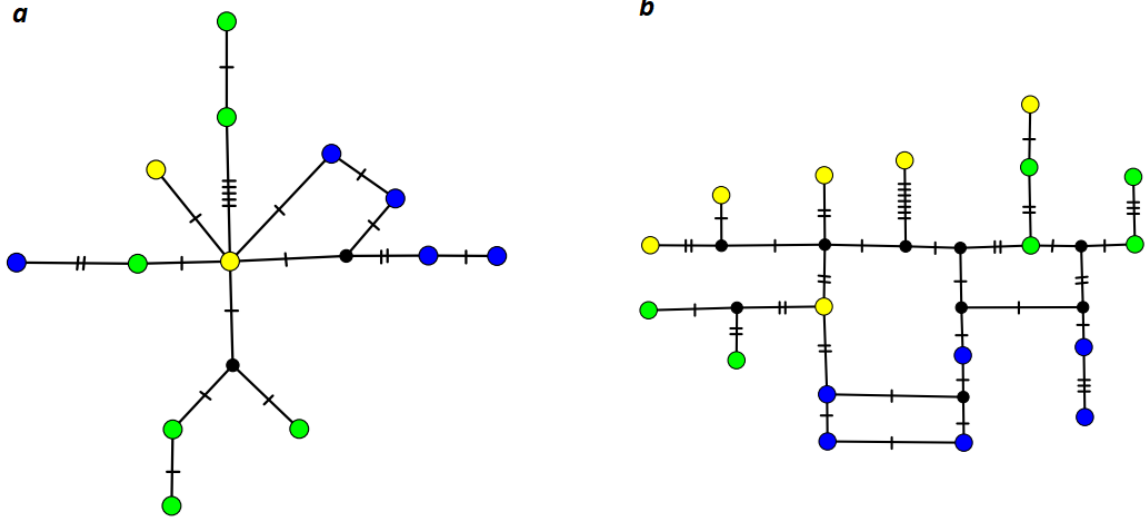
**Çizelge 3.6** Populasyon nötralite testleri.

	<i>Ramos-Onsins and Rozas, R2</i>	<i>Tajima's D</i>	<i>Fu's F</i>
<i>Batı 1</i>	0,1796	-	-
<i>Batı 2</i>	0,1525	-	-
<i>Doğu</i>	0,2727	-	-
<i>Total</i>	-	0,97131	5,454

Her belirteç için ayrı ayrı çizilen network ağında öncelikle *cyt b* belirtecine göre çizilen haplotip ağında populasyonlar açık bir şekilde ayrılmıştır. B1 ve B2 arasında fark fazla değilken (7 baz) Batıda bulunan populasyonlarla (B1 ve B2) Doğu populasyonu arasındaki fark oldukça fazladır (60 baz). Doğu içinde ise Kahramanmaraş ve Tunceli populasyonları arasında da fark (18 baz) bulunmaktadır (Şekil 3.5). Çekirdek genlerinin network ağına baktığımızda ise her iki gen bölgesi için hem *cyt b*'den hem de birbirlerinden farklı desenler ortaya çıkmıştır. GHR networküne (Şekil 3.6a) baktığımızda yıldız şeklinde bir desen görülmektedir ve merkezde B2 populasyonuna ait bir birey yerleşmiştir. IRBP networküne (Şekil 3.6b) baktığımızda ise daha karışık bir desen ortaya çıkmaktadır.



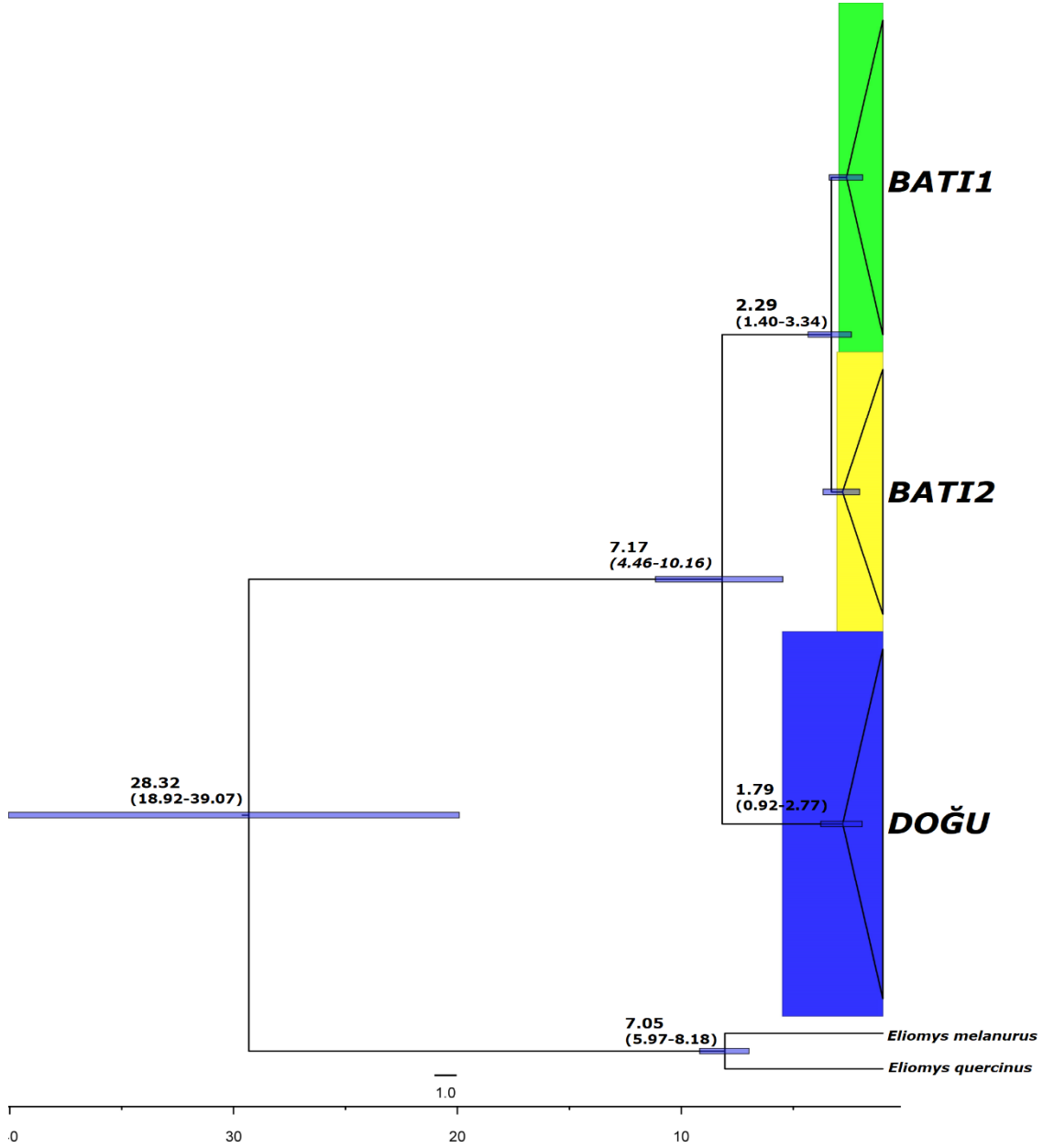
**Şekil 3.5** *cyt b* belirteci için network ağı. B1 (yeşil), B2 (sarı) ve D (mavi).



Şekil 3.6 (a) Network of GHR ve (b) IRBP. B1 (yeşil), B2 (sarı) ve D (mavi).

### 3.2 AYRILMA ZAMANI

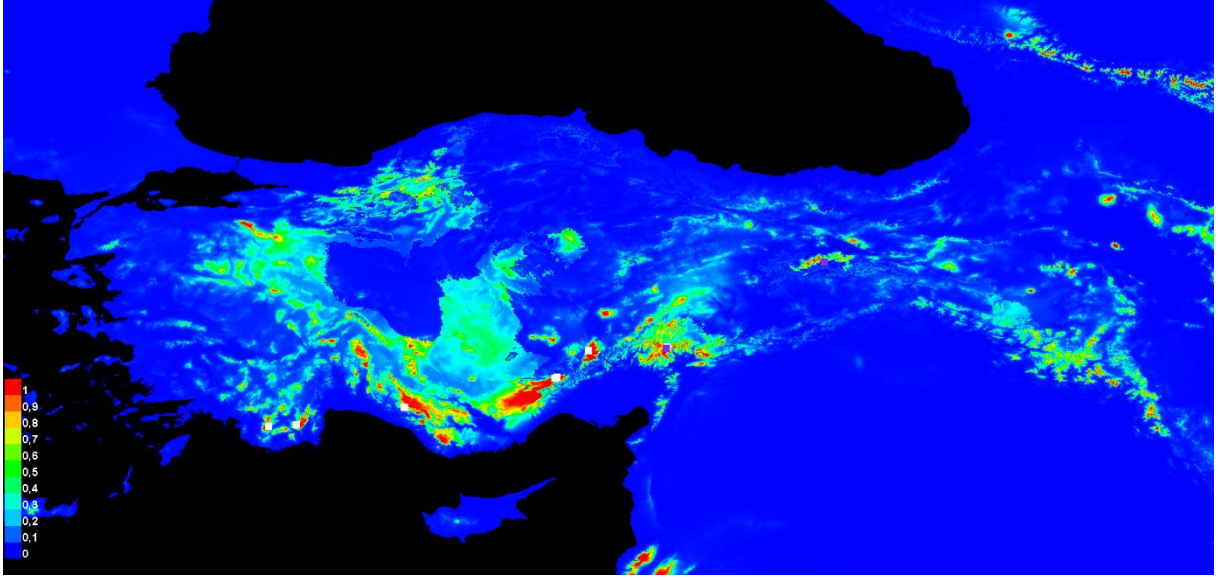
Populasyonlar arası evrimsel geçmiş hakkında bilgi sahibi olmak için yapılan ayrılma zamanı analizinde B1 ve B2 populasyonlarını içeren Batı kladı ve Doğu kladı arasındaki ayrım yaklaşık 7.17 myö (4.46 – 10.16) Pliyosen öncesine dayanmaktadır. Ayrıca ayrılma zamanı analizinde kalibrasyon noktası olarak kullanılan 28.5 ( $\pm$  2.8) myö gerçekleşen *Dryomys/Eliomys* cinslerinin ayrımı ve 7.0 ( $\pm$  0.9) myö gerçekleşen *Eliomys melanurus/Eliomys quercinus* için tutarlılık göstermiştir. Batı kladı içinde bulunan iki soy (Batı1 ve Batı2) ise 2.29 (1.40 – 3.34) myö birbirlerinden ayrılmış gözükmektedir. Bu ayrımın Pleistosen'de başladığını göstermektedir. Ayrıca Doğu kladı içinde bulunan Tunceli ve Kahramanmaraş populasyonları ise tam olarak 1.79 (0.92 – 2.77) myö Orta Pleistosen'de ayrılmıştır (Şekil 3.7).



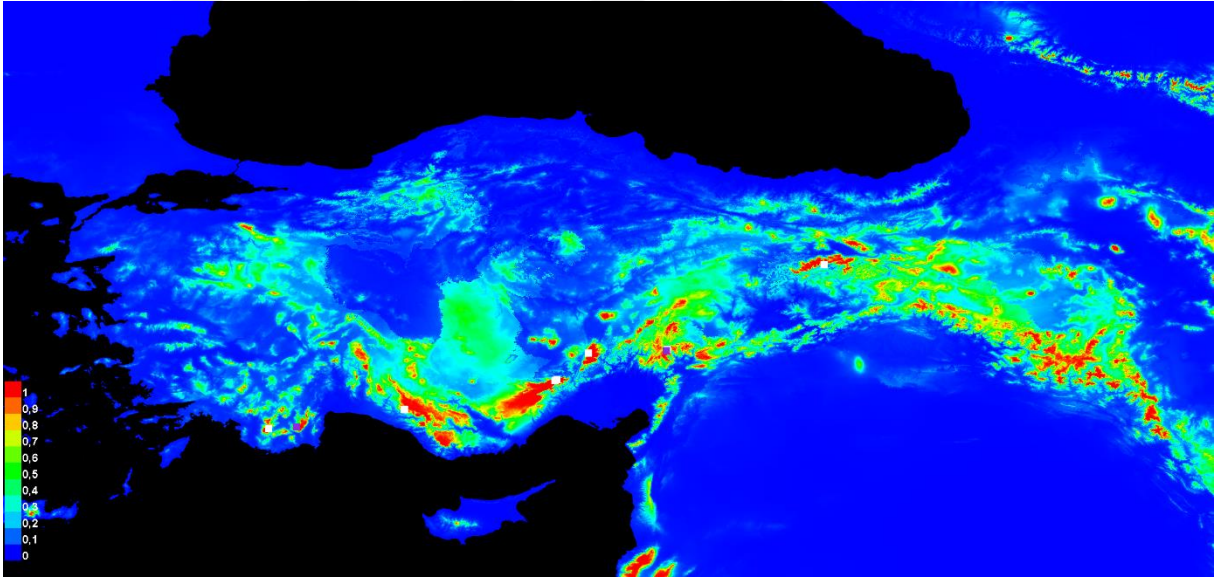
Şekil 3.7 Populasyonlar arası ayrılma zamanı.

### 3.3 NİŞ MODELLEME

*D. laniger*'in günümüz ve geçmiş (LGM) potansiyel yayılış modeli hesaplanmıştır. Potansiyel olarak yayılışı gösterebileceği alanlar Batı ve Orta Toroslar, Güneydoğu Torosların batısı, Munzur dağları ve Palandöken üzerinde gözükmektedir. Geçmiş (LGM) dönemde ise yayılış alanı daha geniş gözükmektedir (Şekil 3.8 ve Şekil 3.9).



Şekil 3. 8 Günümüz potansiyel yayılış haritası.



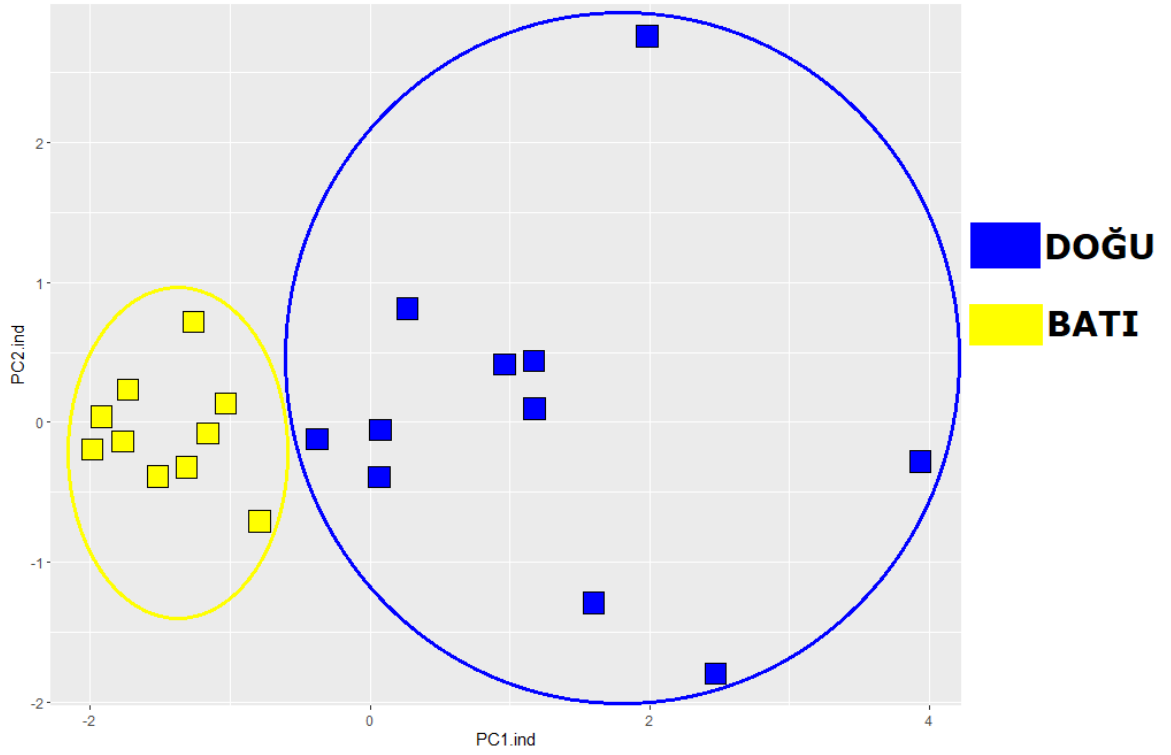
Şekil 3.9 Geçmiş (LGM) dönem potansiyel yayılış haritası.

### 3.4 MORFOLOJİ

Morfolojiye göre ölçülen karakterlerin dört tanesine göre iki ana populasyon (Doğu ve Batı) arasında farklılık gözlemlenmiştir. Bu karakterler; Nazal genişlik, Damak Uzunluğu, Rostrum Yüksekliği ve Alt Diş Sırası Uzunluğu (Çizelge 3.7). Bu ölçümlere göre Doğu populasyonunun Batı populasyonuna göre daha büyük olduğu belirlenmiştir. Ayrıca iki ana populasyon bu karakterler ile karşılaştırıldığında Temel Bileşenler Analizine (PCA) göre de birbirinden ayrılmışlardır (Şekil 3.10).

**Çizelge 3.7** İki ana populasyonu ayıran dört morfolojik karakterlerin ortalaması ve p değerleri.

Morfolojik Karakterler	Batı Populasyonu ortalaması	Batı Populasyonu ortalaması	p-değeri
Nazal genişlik	1.48 mm	1.01 mm	$p = 0.001$
Damak Uzunluğu	7.34 mm	5.82 mm	$p = 0.002$
Rostrum Yüksekliği	1.86 mm	1.32 mm	$p = 0.0004$
Alt Diş Sırası Uzunluğu	1.52 mm	1.09 mm	$p = 0.001$



**Şekil 3.10** Morfolojik karakterlere göre oluşturulan Temel Bileşenler Analizi (PCA) grafiği.

### **3.5 DRYOMYS ANATOLICUS SP. NOV.**

**Holotip;** Yetişkin dişi; kafatası; mandibul ve doku örneği; Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi Moleküler Sistemik Laboratuvarı (8716); 18 Eylül 2017 tarihinde Ortaç ÇETİNTAŞ, Ferhat MATUR ve Mustafa SÖZEN tarafından toplanmıştır. Arazide yapılan gözlemede yakalanan örnekler tahnit edilmediği için türün postu bulunmamaktadır.

**Tip Lokalitesi ve yayılış;** Türün tip yeri Munzur dağları, Eşekçayırı yaylası, Ovacık, Tunceli (39.420799 N, 39.240681 E, 1800 m). Bu alan dışında Püren geçidi, Göksun, Kahramanmaraş (37,931851 N, 36,503126 E, 1700 m) noktasında da yayılış göstermektedir.

**Paratipler;** Tip yerinden 18 Eylül 2017 tarihinde 4 dişi (8712, 8713, 8714, 8715) 11 Eylül 2017 tarihinde Püren geçidi, Göksun, Kahramanmaraş lokalitesinden 1 erkek, 5 dişi (8662, 8680, 8682, 8683, 8684, 8685) Ortaç ÇETİNTAŞ, Ferhat MATUR ve Mustafa SÖZEN tarafından toplanmıştır. Müze örnekleri (kafatası; mandibul ve doku örneği) Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi Moleküler Sistemik Laboratuvarı'nda saklanmaktadır.

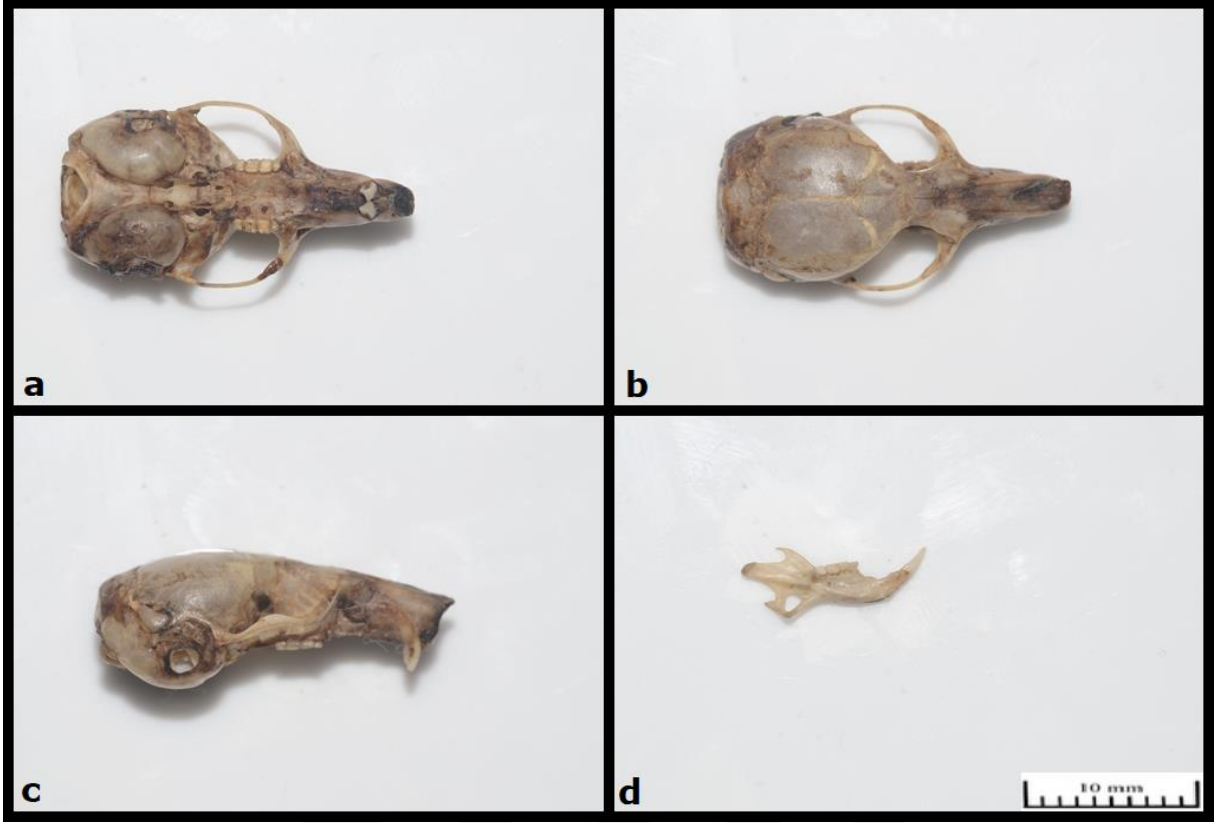
**Holotipin Ölçüleri;** Dış karakterler ve kafatası ölçümleri (ağırlık g olarak diğer ölçümler ise mm olarak verilmiştir); Tüm boy, 180; Baş vücut, 103; Kuyruk; 77, Ard ayak, 20; Kulak; 15; Ağırlık, 21; Zigomatik genişlik, 12; Rostrum genişliği, 3; İnterorbital genişlik, 2; Nazal Uzunluk, 7.3; Nazal genişlik, 1.9; Frontal suture uzunluğu, 6.4; Parietal suture uzunluğu, 4; Beyin kapsülü genişliği, 9.7; Yüzbölgesi uzunluğu, 12; Diestema uzunluğu, 4.5; Damak uzunluğu, 10; Foramen insiva uzunluğu, 4.2; Üst diş sırası uzunluğu, 1.3; Rostrum yüksekliği, 2; Alt diş sırası uzunluğu, 2; Mandibul yüksekliği, 4.4; Mandibul uzunluğu, 12.

**Habitat;** 1700 m yüksekliğin üzerinde dağlık alanlarda yayılış göstermektedir. Tür, seyrek bitki örtüsüne sahip kayalık alanlarda yaşamaktadır. Türün yayılış alanı parçalı olup tip yeri olan Munzur dağları dışında Kahramanmaraş, Püren geçidinde de yayılış göstermektedir.

**Etimoloji;** Tür Anadolu'ya endemik bir tür olduğundan *D. anatolicus* ismi tercih edilmiştir.



**Şekil 3.11** *D. laniger*'e (Subaşı yaylası)ait kafatası ve çene kemiği fotoğrafları. a) Kafatası (alttan görünüm), b) ) Kafatası (üstten görünüm), c) Kafatası (yandan görünüm), d) Çene kemiği.



**Şekil 3.12** *D. anatolicus*'a (Eşekçayırı yaylası)ait kafatası ve çene kemiği fotoğrafları. a) Kafatası (alttan görünüm), b) Kafatası (üstten görünüm), c) Kafatası (yandan görünüm), d) Çene kemiği.

## BÖLÜM 4

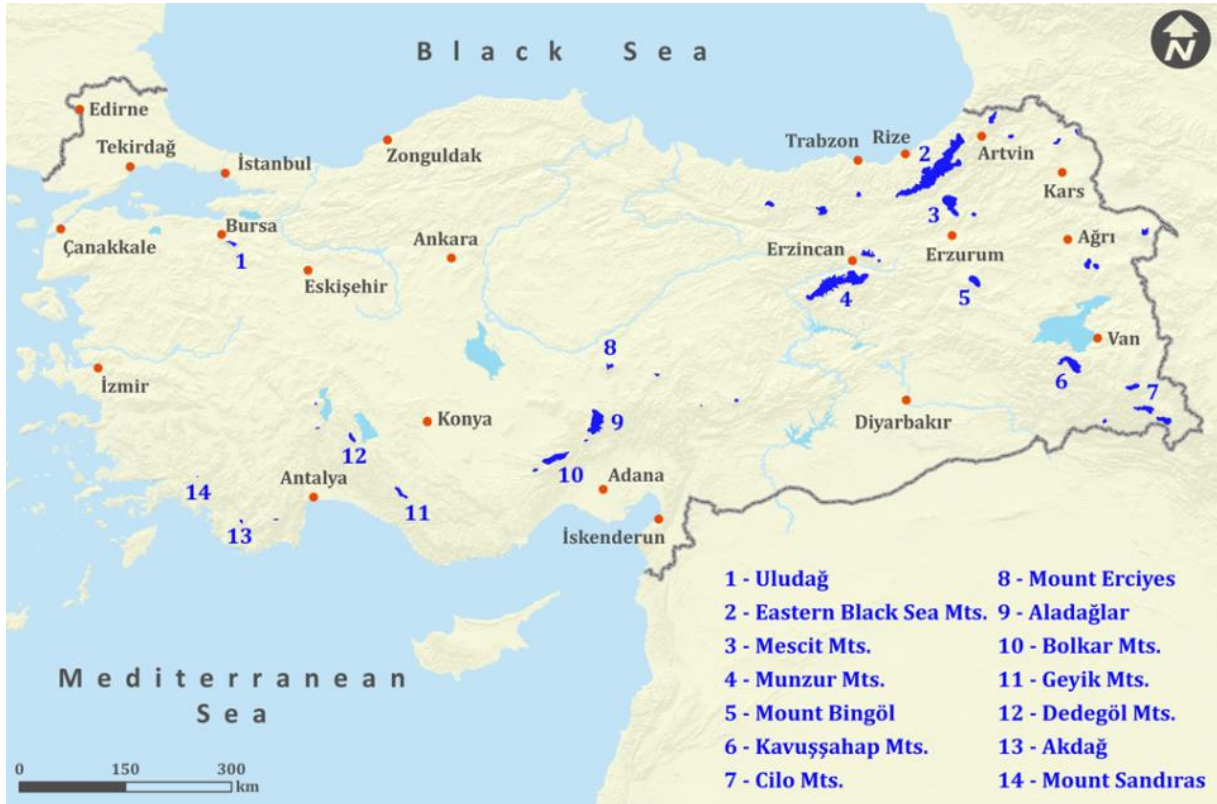
### TARTIŞMA

Mitokondriyel DNA (cyt *b*) lokusuna göre oluşturulan evrimsel ağaçta Doğu (D) ve Batı (B) popülasyonlarının monofiletik olduğu hatta bu iki popülasyondan batı (B) popülasyonun da kendi içinde monofiletik alt iki popülasyona (B1: Antalya ve B2: Niğde) ayrıldığı görülmektedir. Doğu soyu ayrı bir tür, *Dryomys anatolicus*, olarak tanımlanmıştır. Bu popülasyonların demografisine baktığımızda ise türün son buzul maksimumundan günümüze kadar devam etmekte olan ısınmanın sonucu olarak yayılış alanını daraltmakta olduğu görülmektedir.

Ilıman bölge türleri, buzul dönemlerde popülasyon daralması ve sonra gelen buzullararası sıcak iklimin hakim olduğu dönemde popülasyon genişlemesi yaşamaktadır. Ancak bu durum *Dryomys laniger* gibi alpin bölgede yayılan türler için tam tersidir (Hewitt, 2000, 2004, Ibrahim et al. 1996). Alpin türlerin buzullar arası dönemde, yüksek rakım sığınaklarına çekilmesiyle popülasyon daralmaya girer ve bu sığınak alanlarda genetik çeşitlilik oldukça yüksektir (Hewitt, 2000). Bu çalışmada ise genetik çeşitliliğin yüksek olduğu popülasyonlar *Dryomys laniger*'e ait B1 (Antalya) ve B2 (Niğde) popülasyonları olarak belirlenmiştir. Bu alanların *D. laniger* için muhtemel sığınak alanları olduğu gözükmektedir. Bu alanlar, Anadolu'da birçok tür için benzer şekilde sığınak olarak kullanılmaktadır (Bilgin 2011, Gündüz et al. 2007, Gür 2013, Korkmaz et al. 2014, Rokas et al. 2003).

Buzul çağlarda Anadolu hiçbir zaman buz tabakası ile kaplanmamış, sadece yüksek dağların zirveleri daha fazla buz ile kaplanmıştır ve günümüzde de bu alanların bir kısmında güncel buzullar hala bulunmaktadır (Akçar et al. 2017, Atalay 1996, Çiner 2004). *D. laniger* ve *D. anatolicus*'un bu çalışmada ve literatürde tespit edilen yayılış alanı ise Anadolu'da bulunan buzul alanlarla örtüşmektedir. Bu çalışmada tespit edilen lokaliteler de bu güncel buzul bölgelerindedir ve niş modele göre öngörülen potansiyel yayılış alanları da bu lokalitelerle örtüşmektedir (Şekil 4.1).

İki tür arasındaki ayrılma zamanı hesaplamalarını düşündüğümüzde, *D. laniger* ve *D. anatolicus* yaklaşık 7 myö birbirinden ayrılmış gözükmektedir. Bu dönem Messiniyen kuraklığının başlangıcı olan zamana denk gelmekte ve iklimin aşırı ısınması soğuk seven bir tür olan *D. laniger*'in bu iki ana soyunu birbirinden uzaklaştırmış görünmektedir. Ancak *D. laniger*'in iki soyu (B1 ve B2) Kuvaterner başında son buzul maksimumu başladıktan sonra birbirinden ayrılmış ve birbirlerinden izole kalmışlardır. Ancak bu iki popülasyon devam eden buzul çağlarda bir araya gelmemiş ve izole kalmışlardır. Ayrıca bu iki popülasyon arasındaki genetik uzaklık (%1.9) ise tür içi seviyede bir uzaklığa işaret etmektedir (Bradley and Baker 2001). Daha sonra devam eden özellikle son 500 bin yılda meydana gelen buzul ve buzullar arası dönemlerde iki tür izole kalmaya devam etmiş ve bir araya gelmemişlerdir. Özellikle yüksek dağ türlerinde popülasyonlar arası izolasyon tür içi çeşitliliği etkilemektedir. (Amori et al., 2019; Gillespie and Roderick, 2014; Steinbauer et al., 2016).



Şekil 4.1 Kuvaterner'de Anadolu Dağları'ndaki buzulların maksimum kapsamı (Akçar et al. 2017).

Hava soğudukça dağ tepesinden aşağıya dağın eteklerine doğru uygun habitatlar boyunca ve uygun iklim aralığı boyunca göç başlar ve göç devam ettikçe oluşan yeni uç populasyonlar darboğaz geçirirler. Darboğaza giren bu populasyonlarda ise genetik çeşitlilik başlangıç populasyonlarına göre daha az olmaktadır (Hewitt 1996, 2000). Bu durumdan daha sonra ise iklim değişip ısınmaya başladığında en başta göçün başladığı iklimin onlar için daha uygun olduğu sığınak alanlara geri çekileceklerdir. Böylece sığınağa çekilen türlerde genetik çeşitlilik artarken sığınağa geri dönemeyen uç populasyonlar tekrar darboğaza girerek genetik çeşitliliklerini kaybedeceklerdir (Combe et al. 2016, Galbreath et al. 2009, Hewitt 1996, Petit et al. 1998). *Dryomys laniger* üzerinden bu göç örüntüsüne bakarsak, batıdaki iki soyun tüm bireyleri sığınak alanda bir araya gelip bu alanda oluşan genetik çeşitliliğe katkıda bulunmuştur. *Dryomys anatolicus* ise bu göç dinamiği sonucunda oluşan bir uç popülasyondur ve bu nedenle geçirdiği darboğaz sonucu genetik çeşitliliği düşüktür.

Bunlarla birlikte *cyt b* network ağına baktığımızda iki tür açık bir şekilde birbirinden ayrılmış gözükmemektedir. Çekirdek genlerinin oluşturduğu network ağına baktığımız zaman ise *cyt b* kadar açık bir ayrım gözükmemektedir. Bununla birlikte GHR network ağına baktığımızda ise yıldız şeklinde bir desen gözükmemekte ve bu şeklin ortasında *D. laniger*'e ait B2 populasyonu bulunmaktadır. Bu durum B2 populasyonun geri kalan diğer populasyonlara genetik anlamda eşit uzaklıkta olabileceğini ve diğer alanlara katkının buradan sağlanmış olabileceğini önermektedir. IRBP network ağına baktığımızda ise, verinin daha karışık bir durum ortaya koyduğunu görmekteyiz. İki çekirdek DNA'da görülen bu iki farklı sonucun nedeni sekanslama sonucunda Meydan yaylası, Niğde popülasyonunun amfilikasyon hatası sonucu analize dahil edilememesinden kaynaklanmaktadır.

Çekirdek genlerine göre hesaplanan; ayrım gösteren bölgeler (S, Segregating sites), haplotip sayısı (h), Haplotip çeşitliliği (Hd), farklılığın ortalama sayısı (K), Nucleotid çeşitliliği (Pi) değerlerine göre çeşitlilik *D. laniger*'e ait (B1 ve B2) populasyonlarında daha fazla *D. anatolicus*'ta ise daha düşüktür. *D. anatolicus*'ta gözükken düşük çeşitlilik geçirdiği darboğazdan kaynaklanmaktadır.

Kayalık yediuyuru (*Dryomys laniger*) IUCN kırmızı listeye göre DD (Data deficient) kategorisindedir (Kryštufek and Kennerley, 2019). Arazi gözlemleri ve türün bulunduğu habitat göz önüne alındığında insan etkisi, özellikle madencilik faaliyetleri, türün yayılışına olumsuz anlamda etki edebilir. Ayrıca tür belli bir habitatı tercih ettiğinden dolayı bu alanlarda oluşabilecek habitat tahribatı geri dönüşü olmayan sonuçlar doğurabilecektir. Küresel iklim değişimleri nedeni ile şu an yüksek dağ sığınak alanlarında bulunan populasyonlar/türler koruma adına oldukça önem arz etmektedir.

#### 4.1 ANADOLUYA ENDEMİK YENİ BİR TÜR

Populasyonlar arası genetik uzaklığa baktığımızda özellikle iki ana populasyon arasındaki genetik uzaklık %7 olarak hesaplanmıştır. Bu oran memelilerde önerilen türler arası eşik değerinden (%2) oldukça yüksek gözükmektedir (Bradley and Baker 2001, Tobe et al. 2010). Ayrıca evrimsel geçmişlerine baktığımızda bu iki populasyon iki farklı tür olacak seviyede birbirinden izole kalmışlardır (7myö). Morfolojik farklılıkları da göz önüne aldığımızda bu iki populasyondan Doğu populasyonu Anadolu'ya endemik yeni bir tür olarak önerilmektedir. Ayrıca genetik çeşitlilik olarak karşılaştırıldığın *D. laniger*'in genetik çeşitliliği daha fazla gözükmektedir. Bu sonuçlara dayanarak Doğu populasyonun peripatrik türleşme ile farklılaşmış ve bu nedenle yeni bir tür oluşturmuş olabileceği önerilmektedir. Günümüzde Seyhan nehrinin oluşturduğu çöküntü alanının iki türün izolasyonunu sağladığı öngörülmektedir.

Literatürde mevcut ve bu çalışmada sağlanan verilere göre *Dryomys laniger*'in en batı yayılış sınırı Subaşı yaylası çevresi (Antalya), en doğu yayılış sınırı ise muhtemelen Saimbeyli-Tufanbeyli hattıdır. *D. anatolicus*'un yayılış alanı ise en batıda Adana-Kahramanmaraş sınırındaki Tahtalı dağları, doğuda ise Erzurum bölgesidir.

## KAYNAKLAR

- Akaike H** (1974) A New Look at the Statistical Model Identification. *IEEE Trans, Aut, Control*, 19, 716–723.
- Akçar N, Yavuz V, Yeşilyurt S, Ivy-Ochs S, Reber R, Bayrakdar C, Kubik P W, Zahno, C, Schlunegger F and Schlüchter C** (2017) Synchronous Last Glacial Maximum across the Anatolian peninsula. In *Geological Society Special Publication* (Vol. 433, Issue 1, pp. 251–269) Geological Society of London.
- Amori G, Boitani L, Milana G, Maiorano L and Luiselli L** (2019) Endemism and diversity in European montane mammals: macro-ecological patterns. *Biological Journal of the Linnean Society*, 1–13.
- Ansell S W, Stenøien H K, Grundmann M, Russell S J, Koch M A, Schneider H, and Vogel J C** (2011) The importance of Anatolian mountains as the cradle of global diversity in *Arabis alpina*, a key arctic-alpine species. *Annals of Botany*, 108(2), 241–252.
- Atalay I** (1996) Palaeosols as indicators of the climatic changes during Quaternary period in S. Anatolia. *Journal of Arid Environments*, 32(1), 23–35.
- Bilgin R** (2011) Back to the suture: The distribution of intraspecific genetic diversity in and around Anatolia. In *International Journal of Molecular Sciences* (Vol. 12, Issue 6, pp. 4080–4103).
- Bilton D T, Mirol P M, Mascheretti S, Fredga K, Zima J and Searle J B** (1998) Mediterranean Europe as an area of endemism for small mammals rather than a source for northwards postglacial colonization. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 265(1402), 1219–1226.
- Blanga-Kanfi S, Miranda H, Penn O, Pupko T, Debry R W and Huchon D** (2009) Rodent phylogeny revised: Analysis of six nuclear genes from all major rodent clades. *BMC Evolutionary Biology*, 9(1).
- Boria R A, Olson L E, Goodman S M and Anderson R P** (2014) Spatial filtering to reduce sampling bias can improve the performance of ecological niche models. *Ecological Modelling*, 275, 73–77.
- Bouckaert R, Heled J, Kühnert D, Vaughan T, Wu C H, Xie D, Suchard M A, Rambaut A and Drummond A J** (2014) BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. *PLoS Computational Biology*, 10(4).

## KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Bover P, Mitchell K J, Torres-Roig E, Llamas B, Thomson V A, Alcover J A, Agustí J, Cooper A, and Pons J** (2019) Ancient DNA from an extinct Mediterranean micromammal—*Hypnomys morpheus* (Rodentia: Gliridae)—Provides insight into the biogeographic history of insular dormice. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*.
- Bradley R D and Baker R J** (2001) A test of the genetic species concept: Cytochrome-b sequences and mammals. *J. Mammal.* 82: 960–973.
- Castiglia R, Annesi F, Kryštufek B, Filippucci M G and Amori G** (2009) The evolutionary history of a mammal species with a highly fragmented range: The phylogeography of the European snow vole. *Journal of Zoology*, 279(3), 243–250.
- Combe F J, Ellis J S, Lloyd K L, Cain B, Wheater C P and Harris W E** (2016) After the ice age: The impact of post-glacial dispersal on the phylogeography of a small mammal, *Muscardinus avellanarius*. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 4(JUN).
- Comes H P and Kadereit J W** (1998) The effect of Quaternary climatic changes on plant distribution and evolution. *Trends in Plant Science*, 3(11), 432–438.
- Çiner A** (2004) Turkish glaciers and glacial deposits. In *Developments in Quaternary Science* (Vol. 2, Issue PART 1, pp. 419–429). Elsevier Ltd.
- 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.
- Çıplak B** (2004) Systematics, phylogeny and biogeography of *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae): evolution within a refugium. *Zoologica Scripta*, 33, 19–44.
- Çıplak B** (2008) The analogy between interglacial and global warming for the glacial relicts in a refugium: A biogeographic perspective for conservation of Anatolian Orthoptera. In S. Fattorini (Ed.), *Insect Ecology and Conservation* (pp. 135–163).
- Çıplak B, Şirin D, Taylan M S and Kaya S** (2008) Altitudinal size clines, species richness and population density: case studies in Orthoptera. *Journal of Orthoptera Research*, 17(2), 157–163.
- Çoğal M** (2011) Zonguldak İli Kemirici Türlerinin ve Yayılış Alanlarının Belirlenmesi. *Yüksek Lisans Tezi*, Zonguldak Karaelmas Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, Zonguldak, 139 sayfa.
- Dubey S, Cosson J F, Vohralík V, Kryštufek B, Diker E and Vogel P** (2007) Molecular evidence of Pleistocene bidirectional faunal exchange between Europe and the Near East: The case of the bicoloured shrew (*Crocidura leucodon*, Soricidae). *Journal of Evolutionary Biology*, 20(5), 1799–1808.

## KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Dubey S, Zaitsev M, Cosson J F, Abdukadier A and Vogel P (2006)** Pliocene and Pleistocene diversification and multiple refugia in a Eurasian shrew (*Crocidura suaveolens* group). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 38(3), 635–647.
- Felten H and Storch G (1968)** Eine neue Schlafte- Art, *Dryomys laniger* n. sp. aus Kleinasien (Rodentia: Gliridae) *Senckenbergiana Biologica*, 49(6), 429–435.
- Felten, Heinz, Spitzenberger, F., and Storch, G. (1973)** Zur Kleinsugerfauna West-Anatoliens. Teil II. *Senckenbergiana Biologica*, 54, 227–290.
- Fu Y X and Li W H (1993)** Statistical Tests of Neutrality of Mutations. *Genetics Society of America*, 133, 693–709.
- Galbreath K E, Hafner D J and Zamudio K R (2009)** When cold is better: Climate-driven elevation shifts yield complex patterns of diversification and demography in an alpine specialist (american pika, *ochotona princeps*). *Evolution*, 63(11), 2848–2863.
- Gillespie R M and Roderick G K (2014)** Geology and climate drive diversification. *Nature*, 509, 297–298.
- Gndz I, Jaarola M, Tez C, Yenyurt C, Polly P D and Searle J B (2007)** Multigenic and morphometric differentiation of ground squirrels (*Spermophilus*, Scuridae, Rodentia) in Turkey, with a description of a new species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43(3), 916–935.
- Gr H (2013)** The effects of the Late Quaternary glacial–interglacial cycles on Anatolian ground squirrels: range expansion during the glacial periods? *Biological Journal of the Linnean Society*, 109, 19–32.
- Gr H (2019)** Tr Dađılım Modellemesi ile İklim Deđişikliği Uygulamaları. *Ekoloji ve Evrimsel Biyoloji Derneđi Yayınları*, No. 1.
- Hays J D, Imbrie J and Shackleton N J (1976)** Variations in the Earth’s Orbit: Pacemaker of the Ice Ages For 500,000 years, major climatic changes have followed variations in obliquity and precession. *Science*, 194, 1121–1132.
- Hewitt G (1996)** Some genetic consequences of ice ages, and their role, in divergence and speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*, 58, 247–276.
- Hewitt G (1999)** Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68, 87–112.
- Hewitt G (2000)** The genetic legacy of the Quaternary ice ages. *Nature*, 405, 907–913.
- Hewitt G (2004)** Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 359, 183–195.
- Hewitt G (2011)** Quaternary phylogeography: The roots of hybrid zones. *Genetica*, 139(5), 617–638.

## KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Hughes P D and Woodward J C** (2017) Quaternary glaciation in the Mediterranean mountains: A new synthesis. In *Geological Society Special Publication* (Vol. 433, Issue 1, pp. 1–23)
- Hughes P D, Woodward J C and Gibbard P L** (2006) Quaternary glacial history of the Mediterranean mountains. *Progress in Physical Geography*, 30(3), 334–364.
- Ibrahim K M, Nichols R A and Hewitt G.** (1996) Spatial patterns of genetic variation generated by different forms of dispersal during range expansion. *Heredity*, 77, 282–291.
- Kankılıç T, Şeker P S, Erdik A C, Kankılıç T, Selvi E, Yiğit N and Çolak E** (2018) Determination of genetic variations in the genus *Dryomys* Thomas, 1906 (Rodentia: Gliridae) distributed in Turkey using NADH dehydrogenase 1 (ND1) gene. *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 29(6), 933–942.
- Kart Gür M, Bulut Ş, Gür H and Refinetti R** (2014) Body temperature patterns and use of torpor in an alpine glirid species, woolly dormouse. *Acta Theriologica*, 59(2), 299–309.
- Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, Buxton S, Cooper A, Markowitz S, Duran C, Thierer T, Ashton B, Meintjes P and Drummond A** (2012) Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12), 1647–1649.
- Kimura M** (1980) A Simple Method for Estimating Evolutionary Rates of Base Substitutions Through Comparative Studies of Nucleotide Sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16, 111–120.
- Kıvanç E, Sözen M, Çolak E and Yiğit N** (1997) Karyological and Phallic Characteristics of *Dryomys laniger* (Rodentia: Gliridae) Felten and Storch, 1968 in Turkey. *Israel Journal of Zoology*, 43(4), 401–403.
- Korkmaz E M, Lunt D H, Çıplak B. Değerli N and Başibüyük H H** (2014) The contribution of Anatolia to European phylogeography: The centre of origin of the meadow grasshopper, *Chorthippus parallelus*. *Journal of Biogeography*, 41(9), 1793–1805.
- Kryštufek B. and Kennerley R** (2019) *Dryomys laniger*. The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T6859A78318542.
- 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(6), 1547–1549.
- Leigh J W and Bryant D** (2015) POPART: Full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9), 1110–1116.
- Médail F and Diadema K** (2009) Glacial refugia influence plant diversity patterns in the Mediterranean Basin. *Journal of Biogeography*, 36(7), 1333–1345.

## KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Montgelard C, Bentz S, Tirard C, Verneau O and Catzeflis F M** (2002) Molecular systematics of Sciurognathi (Rodentia): The mitochondrial cytochrome b and 12s rRNA genes support the Anomaluroidea (Pedetidae and Anomaluridae) *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 22(2), 220–233.
- Montgelard C, Matthee C A and Robinson T J** (2003) Molecular systematics of dormice (Rodentia: Gliridae) and the radiation of Graphiurus in Africa. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1527), 1947–1955.
- Mursaloğlu B** (1973) New records for Turkish Rodent (Mammalia). *Communications (Série C), Fac. Sci. Univ. Ankara*, 17, 213 – 219.
- Nithammer J and Krapp F** (1978) Handbuch der Säugetiere Europas. Bd. 1, Nagetiere I. (Sciuridae, Castoridae, Gliridae, Muridae) Akademische Verlagsgesellschaft., I, 1-476.
- Nylander J A A** (2004) MrModeltest v2. Program distributed by the author. In *Evolutionary Biology Centre Uppsala University*.
- Obuch J** (2001) Dormice in the Diet of Owls In the Middle East. *Trakya University Journal of Scientific Research Series B*, 2(2), 145–150.
- Petit R J, Aguinagalde I, de Beaulieu J L, Bittkau C, Brewer S, Cheddadi R, Ennos R, Fineschi S, Grivet D, Lascoux M, Mohanty A, Müller-Starck G, Demesure-Musch B., Palmé A, Pedro Martín J, Rendell S and Vendramin G G** (1998) Glacial Refugia: Hotspots But Not Melting Pots of Genetic Diversity. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 19, 315.
- Provan J and Bennett K D** (2008) Phylogeographic insights into cryptic glacial refugia. In *Trends in Ecology and Evolution* (Vol. 23, Issue 10, pp. 564–571)
- Racey A, Bacon P J, Dallas J F, Piertney S B and Hewitt G** (1999) Post-glacial recolonization of European biota. In *Biological Journal of the Linnean Society* (Vol. 68)
- Rambaut A** (2012) *FigTree. Version 1.4. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh*.
- Rambaut A, Drummond A J, Xie D, Baele G and Suchard M A** (2018) Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology*, 67(5), 901–904.
- Ramos-Onsins S E and Rozas J** (2002) Statistical properties of new neutrality tests against population growth. *Molecular Biology and Evolution*, 19(12), 2092–2100.
- Rokas A, Atkinson R J, Webster L M I, Csóka G and Stone G N** (2003) Out of Anatolia: Longitudinal gradients in genetic diversity support an eastern origin for a circum-Mediterranean oak gallwasp *Andricus quercustozae*. *Molecular Ecology*, 12(8), 2153–2174.

## KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Ronquist F, Teslenko M, Van Der Mark P, Ayres D L, 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. *Systematic Biology*, 61(3), 539–542.
- Rozas J, Ferrer-Mata A, Sanchez-DelBarrio J C, Guirao-Rico S, Librado P, Ramos-Onsins S E and Sanchez-Gracia A** (2017) DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12), 3299–3302.
- Schmitt T** (2007) Molecular biogeography of Europe: Pleistocene cycles and postglacial trends. *Frontiers in Zoology*, 4(11)
- Schmitt T** (2009) Biogeographical and evolutionary importance of the European high mountain systems. *Frontiers in Zoology*, 6(9)
- Silvestro D and Michalak I** (2012) RaxmlGUI: A graphical front-end for RAxML. *Organisms Diversity and Evolution*, 12(4), 335–337.
- Spitzenberger F and Eberl-Rothe G** (1974) Der Sohlenhaftmechanismus von *Dryomys laniger*. I. Teil: Makroskopische Untersuchung. II. Teil: Mikroskopische Untersuchung. *Annalen Des Naturhistorischen Museums in Wien*, 78, 485–494.
- Spitzenberger F** (1976) Beiträge zur Kenntnis von *Dryomys laniger* Felten et Storch, 1968 (Gliridae, Mammalia) *Zeitschrift Für Säugetierkunde*, 78, 485–494.
- Stanhope M J, Czelusniak J, Si J S, Nickerson J and Goodman M** (1992) A molecular perspective on mammalian evolution from the gene encoding interphotoreceptor retinoid binding protein, with convincing evidence for bat monophyly. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1(2), 148–160.
- Steinbauer M J, Field R, Grytnes J A, Trigas P, Ah-Peng C, Attorre F, Birks H J B, Borges, P A V, Cardoso P, Chou C H De Sanctis, M de Sequeira M M, Duarte M C, Elias R B, Fernández-Palacio J M, Gabriel R, Gereau R E, Gillespie R G, Greimler, J, Beierkuhnlein C** (2016) Topography-driven isolation, speciation and a global increase of endemism with elevation. *Global Ecology and Biogeography*, 25(9), 1097–1107.
- Stephens M and Donnelly P** (2003) A Comparison of Bayesian Methods for Haplotype Reconstruction from Population Genotype Data. *American Journal of Human Genetics*, 73(5), 1162–1169.
- Stephens M, Smith N J and Donnelly P** (2001) A new statistical method for haplotype reconstruction from population data. *American Journal of Human Genetics*, 68(4), 978–989.
- Stewart J R and Dalén L** (2008) Is the glacial refugium concept relevant for northern species? A comment on Pruett and Winker 2005. *Climatic Change*, 86(1–2), 19–22.
- Stewart J R and Lister A M** (2001) Cryptic northern refugia and the origins of the modern biota. *TRENDS in Ecology and Evolution*, 16(11), 608–613.

## KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Taberlet P, Fumagalli L, Wust-Saucy A G and Cosson J F** (1998) Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology*, 7(4), 453–464.
- Tajima F** (1989) Statistical Method for Testing the Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism. *Genetics Society of America*, 123, 585–595.
- Tobe S S, Kitchener A C and Linacre A M T** (2010) Reconstructing Mammalian Phylogenies: A Detailed Comparison of the Cytochrome band Cytochrome Oxidase Subunit I Mitochondrial Genes. *PLoS One*, 5(11).
- Webb T and Bartlein P J** (1992) GLOBAL CHANGES DURING THE LAST 3 MILLION YEARS: Climatic Controls and Biotic Responses. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 23, 141–173.
- Yiğit N, Çolak E, Çolak R, Özkan B and Özkurt Ş** (2003) On the Turkish populations of *Dryomys nitedula* (Pallas, 1779) and *Dryomys laniger* Felten and Storch, 1968 (Mammalia: Rodentia) *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 49(SUPPL. 1), 147–158.



## ÖZGEÇMİŞ

Ortaç ÇETİNTAŞ, İlk ve orta öğrenimini aynı şehirde tamamladı. Zonguldak Mehmet Çelikel Anadolu Lisesi'nden mezun oldu. 2005 yılında Pamukkale Üniversitesi Biyoloji Bölümü'ne girdi. 2011 yılında Bülent Ecevit Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı'nda yüksek lisans programına başladı ve 2014 yılında eğitimini bitirdi.