

ZONGULDAK BÜLENT ECEVİT ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ANADOLU'YA ENDEMİK İKİ TARLA FARESİNİN (*Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii*) GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE YAYILIŞ ALANININ BELİRLENMESİ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ
SERCAN IRMAK

ARALIK 2021

**ZONGULDAK BÜLENT ECEVİT ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

ANADOLU'YA ENDEMİK İKİ TARLA FARESİNİN (*Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii*) GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE YAYILIŞ ALANININ BELİRLENMESİ

**BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ
SERCAN IRMAK**

**DANIŞMAN : PROF. DR. MUSTAFA SÖZEN
İKİNCİ DANIŞMAN : PROF. DR. FERHAT MATUR**

**ZONGULDAK
ARALIK 2021**

KABUL:

Sercan IRMAK tarafından hazırlanan “Anadolu’ya Endemik İki Tarla Faresinin (*Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii*) 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/oyçokluğuyla kabul edilmiştir. 17/12/2021

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

Üye: Prof. Dr. İ. Raşit BİLGİN
Boğaziçi Üniversitesi, Çevre Bilimleri Enstitüsü

Üye: Doç. Dr. Hakan GÜR
Ahi Evran Üniversitesi, Çiçekdağı Meslek Yüksekokulu

Üye: Dr. Öğr. Üy. Faruk ÇOLAK
Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü

Üye: Dr. Öğr. Üy. 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.”

Sercan IRMAK

ÖZET

Doktora Tezi

ANADOLU'YA ENDEMİK İKİ TARLA FARESİNİN (*Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii*) GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİ VE YAYILIŞ ALANININ BELİRLENMESİ

Sercan IRMAK

Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Mustafa SÖZEN

İkinci Danışman: Prof. Dr. Ferhat MATUR

Aralık 2021, 105 sayfa

Biyocoğrafik modellerin tanımlanması, türlerin evrimsel tarihlerini anlamak ve koruma planlarını geliştirmek için önemlidir. Bu çalışmada Anadolu'ya endemik olduğu kabul gören *Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii*'nin genetik çeşitliliklerinin ve yayılış alanlarının tespit edilmesi amaçlandı. Her iki tür de Socialis grubu tarla fareleri altında sınıflandırılmaktadır. Socialis grubunun Balkanlar'dan Ortadoğu'ya kadar geniş yayılış alanına sahip 10'a yakın türü tanımlanmıştır. Bu grup üzerine yapılan filogenetik çalışmalar yüksek seviyede kriptik tür çeşitliliğine işaret etmektedir. Ancak, bu grubun Anadolu'daki türlerinin populasyon yapıları ve coğrafik dağılımları hakkındaki bilgiler yetersizdir. Hedef türlerin yayılış alanlarının belirlenmesi amacıyla bilinen kayıt noktalarından başlamak üzere Anadolu boyunca 137 lokalitede örnekleme yapıldı. Ayrıca İran'dan yedi lokaliteden *Microtus* örnekleri temin edildi. Neticede çalışmamızda Anadolu ve İran'daki yedi farklı soya ait 87 lokaliteden 253 bireye ait mitokondriyal CYTB gen verisi ve ek olarak GenBank'tan daha önceki çalışmalarda tanımlanmış 103 dizi verisini birlikte değerlendirdik.

ÖZET (devam ediyor)

CYTB dizilerine ek olarak iki adet nuDNA lokusu ile birlikte yedi adet polimorfik mikrosatellit markırını da çalışmaya dahil ettik.

Elde ettiğimiz veriler, *M. anatolicus*'un, Orta Anadolu çanağının güneyine sıkışmış, dar yayılışlı bir soy olduğunu göstermektedir. *M. anatolicus*'a ait örnekler, Aksaray, Antalya, Karaman, Konya ve Niğde illerinden elde edilmiştir. Bu tür için yirmi yedi örneğe ait toplamda 10 adet mtDNA haplotipi tanımladık, bu haplotiplerden yedisi ilk defa bu çalışmada tanımlanmıştır. *M. anatolicus*'un genetik çeşitliliği, *Socialis* grubu içindeki diğer mtDNA kladları ile kıyaslandığında, dar yayılış alanı ile uyumlu bir şekilde düşüktür ($H_d=0,809$). Mitokondrial verilerle oluşturulan networkler, *M. anatolicus*'un populasyon yapısı sığ iki alt populasyonunun varlığını göstermektedir, yani haplotipler coğrafyaya göre net bir şekilde ayrılamamaktadır. *Microtus anatolicus* ile *M. irani*'nin simpatrik yayılışları Toroslar boyunca görülmektedir.

Microtus dogramacii Anadolu dışında geniş bir yayılış alanına sahiptir. Anadolu'daki yayılışı batıda Afyonkarahisar'dan Amasya'ya kadar uzanmakta iken, doğuda Elazığ'da görülmektedir. Anadolu dışında ise Ürdün ve İran'ın kuzeyinde yayılışı bulunmaktadır. *Micortus dogramacii* tüm yayılış alanı içindeki haplotipler ile birlikte değerlendirildiğinde Anadolu ile Ürdün ve Doğu Anadolu (Elazığ) ile Kuzey İran olmak üzere iki alt popülasyona ayrılmaktadır. *M. dogramacii*'nin Anadolu'daki genetik çeşitliliği *Guentheri* grubu içindeki diğer türlere göre daha yüksektir ($H_d=0,914$). Toplamda *M. dogramacii* için 33 örneğe ait yedi tanesi yeni olmak üzere toplamda 18 adet mtDNA haplotipi tanımlamış olduk. Bu türün Anadolu'daki yayılışı, aynı tür grubu içinde sınıflandırılan *M. hartingi* ile büyük ölçüde simpatriktir.

Elde ettiğimiz veriler üzerinden dört genel sonuca varmak mümkündür. İlk olarak, mtDNA veri setine göre *Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii* iyi desteklenmiş iki filoğrafik grup oluşturmaktadır. İkinci olarak, İran'a endemik olarak tanımlanan *M. qazvinensis*'in Elazığ'da tanımladığımız haplotiplerinin analizine göre *M. dogramacii* ve *M. qazvinensis* aynı türden (*M. dogramacii*) olup yayılışı sadece Anadolu ile sınırlı olmayıp İran'a kadar devam etmektedir ve yüksek bir genetik çeşitliliğe sahiptir. Bu durumda *M. dogramacii* bir Türkiye endemiği değildir. Üçüncü olarak, *Socialis* grubu türlerinde nükleer ve mitokondriyal DNA verileri tür ayrımları açısından farklı sonuçlar vermektedir. *M. anatolicus* ve *M. irani* taksonları

ÖZET (devam ediyor)

mtDNA'ya göre ayrı türler olarak tanımlanmış olmasına rağmen, mikrosatellit markırlara dayanılarak yaptığımız genetik analizler, bu türlerin Toroslar'da simpatrik olarak tanımladığımız populasyonları arasında üreme bariyerinin bulunmadığına ve iki taksonun hibritleştiğine işaret etmektedir. Nükleer DNA lokuslarının analizleri de benzer şekilde iki klad arasında haplotiplerin paylaşıldığını göstermektedir. Bu verilere göre *M. anatolicus* ve *M. irani* aynı tür olarak *M. irani* içinde birleştirilmelidir. Son olarak, verilerimize göre *Microtus socialis*'in Türkiye'de yayılışı bulunmamaktadır.

Bu sonuçlar, *M. anatolicus* ve *M. dogramacii*'nin taksonomik statülerinin değişmesi gerektiğini ve Anadolu endemiği olmadıklarını göstermektedir. *Socialis* türleri mitokondriyal olarak ayrı birer tür olarak sınıflandırılmalarına rağmen, nükleer markırlar, bu türlerin tamamlanmamış soy dağılımından ya da yakın bir zamanda devam eden bir gen akışından etkilenmiş olduğunu göstermektedir. Bu çalışma, tarla faresi populasyonlarındaki genetik soyların yayılış alanlarının Anadolu içerisindeki sığınak alanlarıyla uyumlu olduğunu bildirmektedir.

Anahtar Kelimeler: Arvicolinae, Filocoğrafya, Gen Akışı, *Sumeriomys*.

Bilim Kodu: 401.04.03



ABSTRACT

Ph. D. Thesis

DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY AND DISTRIBUTION OF TWO ANATOLIAN ENDEMICS VOLES (*Microtus anatolicus* & *M. dogramacii*)

Sercan IRMAK

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

Thesis Advisor: Prof. Dr. Mustafa SÖZEN

Co-Advisor: Prof. Dr. Ferhat MATUR

December 2021, 105 pages

Identification of biogeographic patterns are important for promoting conservation plans and understanding the evolutionary history of refugial endemic species. In this study, we aim to determine the genetic diversity and geographic range of two Anatolian endemic vole species, *M. anatolicus* and *M. dogramacii*. Both voles species are classified under the Socialis group. Social voles consist of ten widespread species from the Balkans to the Middle East. Phylogenetic studies on social voles display high level cryptic species diversity. However, the knowledge about the geographic range and population structure of their species within Anatolia is still unclear.

In order to determine the distribution range of target species, we sampled 137 localities throughout Anatolia. We also obtained *Microtus* samples from seven localities from Iran. Finally, we sequenced the mitochondrial CYTB gene of 253 individuals throughout Anatolia and Iran from 87 localities and utilized them together with 103 GenBank sequences.

ABSTRACT (continued)

In addition to CYTB sequences, two nuclear exon regions and seven polymorphic microsatellite markers are added to mtDNA data set.

We showed that *M. anatolicus* is a narrow distributed clade, restricted to Central Anatolian steppes. Anatolian voles were collected from Aksaray, Antalya, Karaman, Konya and Nigde Province. We identified 10 mtDNA haplotypes for *M. anatolicus*, seven haplotypes for the first time in this study. The genetic diversity of Anatolian vole populations is low in parallel with its narrow distribution ($H_d=0.809$) when compared with the other mtDNA clades in Socialis group. The TCS network that obtained from mtDNA data shows the presence of two subpopulations of *M. anatolicus* which has weak population structure. In the Taurus Mountains, we found *M. anatolicus* and *M. irani* populations in sympatry.

Microtus dogramacii has a wide range of distribution. The distribution regions of *M. dogramacii* are in North-central Anatolia, East Anatolia, Jordan and North Iran. It is separated to two subpopulations as Anatolia - Jordan and East Anatolia - Iran. The genetic diversity of *M. dogramacii* is higher than other species in the Guentheri group ($H_d=0.914$). In total, we observed 18 mtDNA haplotypes (seven of which is new), belonging to 33 samples for *M. dogramacii*. The distribution area of *M. dogramacii* in Anatolia is largely sympatric with *M. hartingi* which is defined in the same species group.

The data can be concluded as four major results. Firstly, *Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii* form two well-supported phylogeographic groups due to mtDNA data set. Secondly, we assigned that *M. dogramacii* and *M. qazvinensis* are the same species. In this case, *M. dogramacii* is not a Turkish endemic mammal species. Thirdly, we defined mitonuclear discordance among Socialis species group. *Microtus anatolicus* and *M. irani* were classified as separate species in regard to mitochondrial data, however microsatellite markers indicate that there are no reproduction barrier between these sympatric populations at Taurus and both species hybridize between their populations. Similarly, the nuclear exons demonstrated that some haplotypes are shared between these two clades. For these reason, *M. anatolicus* and *M. irani* were classified as two subspecies of same species. In conclusion, none of the Anatolian populations seem belong to *M. socialis* genetically.

ABSTRACT (continued)

These results show the taxonomic status of *M. anatolicus* and *M. dogramacii* should be changed since they are not Anatolian endemics. Even though social voles are classified as separate species in regard to mitochondrial data, nuclear markers indicate that they are more likely to be affected by incomplete lineage sorting or recent gene flow. This study highlighted that diversity patterns in vole populations support occurrence of refugial areas within Anatolia.

Keywords: Arvicolinae, Phylogeography, Gene Flow, *Sumeriomys*.

Science Code: 401.04.04





TEŞEKKÜR

İlk olarak tezin danışmanları Prof. Dr. Mustafa SÖZEN ve Prof. Dr. Ferhat MATUR’a çalışma boyunca sağladıkları rehberlik ve geri dönüşleri için kendilerine teşekkürlerimi sunuyorum. Tez dönemim süresince bilgi birikimlerinden yararlanma şansına sahip olduğum Prof. Dr. Raşit BİLGİN, Doç. Dr. Hakan GÜR, Dr. Öğr. Üyesi Faruk ÇOLAK ve Dr. Öğr. Üyesi Alexey YANCHUKOV’a teşekkürlerimi sunarım.

Laboratuvar ve arazi çalışmalarındaki desteklerinden dolayı ekip arkadaşlarım Ortaç ÇETİNTAŞ, Dr. Öğr. Üyesi Ceylan POLAT, Dr. Muhsin ÇOĞAL ve Kenan Kürşat KALKAN’a teşekkür ederim. Dokuz Eylül Üniversitesi Mikrobiyoloji Anabilim Dalı’ndaki laboratuvar olanaklarını bizimle paylaştığı için Prof. Dr. Mehmet Ali ÖKTEM’e çok büyük bir teşekkür borçluyum. Doktora tezimin bu formatı almasında emeği büyük olan Dr. Emrah ÇORAMAN’a teşekkür ederim. Ayrıca doktora çalışmalarım esnasında Berlin Doğa Tarihi Müzesi’nden Dr. Frida MAYER’e küratörlüğünü yaptığı Biyoçeşitlilik Departmanında iki haftalık çalışma fırsatı sunduğu için kendisine minnettarım. İran’dan örnekleri sağlayan Alireza Khalil ARIA’a da ayrıca teşekkür ederim.

Balıkesir Üniversitesi’ndeki çalışma arkadaşlarıma tez süresi boyunca gösterdikleri anlayış için kendilerine teşekkürlerimi sunuyorum. Uzakta olsalar da manevi destekleri ile her zaman yanımda hissettiğim dostlarım Yeşim, Gözde, Gülçin, Bilgin ve az da olsa emeklerinin karşılığını vermiş olmanın rahatlığıyla Annem, Babam ve Abim’e teşekkür ederim.

En büyük teşekkürümü bu süreçte paha biçilmez desteği ile her zaman yanımda olan sevgili eşim Emel ve canım oğlum Meriç’e ediyorum.

Bu tez 113R029 numaralı “Anadolu Endemik Memelilerinin Yayılış Alanlarının ve Genetik Çeşitliliklerinin Belirlenmesi, Öncelikli Koruma Alanlarının Önerilmesi” başlıklı proje kapsamında TÜBİTAK tarafından desteklenmiştir.



İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
KABUL:	ii
ÖZET	iii
ABSTRACT	vii
TEŞEKKÜR	xi
İÇİNDEKİLER.....	xiii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xv
ÇİZELGELER DİZİNİ	xvii
EK AÇIKLAMALAR DİZİNİ.....	xix
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	xxi
 BÖLÜM 1 GİRİŞ.....	 1
1.1 Çalışma Motivasyonum.....	1
1.2 Anadolu Biyocoğrafyası.....	2
1.3 Markır Seçimi	4
1.4 Genus <i>Microtus</i>	5
1.5 Literatür Özeti	8
1.6 Çalışmanın Amacı	14
 BÖLÜM 2 MATERYAL METOD	 17
2.1 Örnek Koleksiyonu ve Laboratuvar Prosedürleri.....	17
2.2 Filogenetik Analizler	19
2.3 Ayrılma Zamanı Analizleri.....	19
2.4 Populasyon Yapısı Analizleri	20

İÇİNDEKİLER (devam ediyor)

BÖLÜM 3 SONUÇLAR.....	23
3.1 Veri Setinin Tanımlanması.....	23
3.2. Mitokondriyal Filogeni.....	24
3.3. Socialis Grubunun Filocoğrafik Analizi.....	26
3.4. Guentheri Grubunun Filocoğrafik Analizi	31
3.5. Ayrılma Zamanı Analizleri.....	36
3.6. Nükleer (NuDNA) Populasyon Yapısı Analizi	39
3.6.1. Nükleer DNA’ya Göre mtDNA Kladların Populasyon Yapısı Analizi.....	39
3.6.2. Mikrosatelit Lokuslarına Göre MtDNA Kladlarının Populasyon Yapısı Analizi	40
BÖLÜM 4 TARTIŞMA	43
4.1. Anadolu Buzul Sığınağı: <i>Microtus anatolicus</i> ve <i>M. dogramacii</i>	43
4.2. <i>Microtus irani</i> ’nin Filocoğrafyası	50
4.3. Kontak Zonlar Arası Güncel Gen Akışı	52
4.4. Sonuç ve Geleceğe Yönelik Çalışma Öngüleri	53
KAYNAKLAR.....	55
EK AÇIKLAMALAR A: ÖRNEK KOLEKSİYONU.....	73
EK AÇIKLAMALAR B: PRİMERLER VE PCR PROTOKOLLERİ.....	94
EK AÇIKLAMALAR C: POPULASYON YAPISI ANALİZİ SONUÇLARI.....	98
ÖZGEÇMİŞ	105

ŞEKİLLER DİZİNİ

<u>No</u>	<u>Sayfa</u>
Şekil 1.1. Konya'dan <i>Microtus anatolicus</i> (sol) ve Amasya'dan <i>M. dogramacii</i> (sağ).....	7
Şekil 1.2. <i>Socialis</i> grubunun günümüzde bilinen yayılış alanı	9
Şekil 2.1. GenBank ile birlikte örneklerle ait tüm lokaliteler	17
Şekil 3.1. CYTB genine göre oluşturulan filogenetik ağaç.....	24
Şekil 3.2. <i>Socialis</i> soyuna ait mtDNA kladlarının yayılışı.....	27
Şekil 3.3. <i>Socialis</i> grubuna ait mtDNA kladların CYTB haplotiplerinin istatistiksel parsimoni ağı.....	27
Şekil 3.4. <i>Socialis</i> grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlara ait populasyonlarındaki CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı, istatistiksel parsimoni ağı ve filogenetik alt grupları.....	29
Şekil 3.5. <i>Microtus irani</i> populasyonlarındaki merkez CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı	30
Şekil 3.6. <i>Guentheri</i> grubuna ait mtDNA kladlarının yayılışı.....	31
Şekil 3.7. <i>Guentheri</i> grubuna ait mtDNA kladlarının CYTB haplotiplerinin istatistiksel parsimoni ağı.	32
Şekil 3.8. <i>Guentheri</i> grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlara ait populasyonlarındaki CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı ve istatistiksel parsimoni ağı ve filogenetik alt grupları	34
Şekil 3.9. <i>Microtus hartingi</i> populasyonlarındaki merkez CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı.....	35
Şekil 3.10. Tüm mtDNA kladları arasındaki soy ayrılma tahminleri	37
Şekil 3.11. <i>Microtus irani</i> 'nin günümüz populasyonlarının soy ayrılma tahminleri	38
Şekil 3.12. Tanımlanan mtDNA kladlarına göre nuDNA lokusları RAG2 ve GHR'nin TCS haplotip networkleri	40
Şekil 3.13. Populasyon yapısı analizi sonuçları	41



ÇİZELGELER DİZİNİ

<u>No</u>	<u>Sayfa</u>
Çizelge 3.1. Oluşturulan veri setindeki örnek sayıları.	23
Çizelge 3.2. CYTB genine dayalı olarak <i>Microtus</i> kladları içinde tanımlanan türler arasındaki evrimsel mesafe.....	26
Çizelge 3.3. Socialis grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlarına ait genetik çeşitlilik istatistikleri.....	30
Çizelge 3.4. Guentheri grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlarına ait genetik çeşitlilik istatistikleri.....	35
Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan nuDNA lokuslarının genetik çeşitlilik istatistikleri.....	39



EK AÇIKLAMALAR DİZİNİ

Sayfa

EK A: ÖRNEK KOLEKSİYONU	73
EK B: PRİMERLER VE PCR PROTOKOLLERİ	94
EK C: POPULASYON YAPISI ANALİZİ SONUÇLARI	98





SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Bç	: Baz çifti
BIC	: Bayesian Information Criterion; Bayesian Bilgi Kısıtası
CYTB	: Sitokrom <i>b</i>
DNA	: Deoksiribonükleit asit
HD	: Haplotip çeşitliliği
GHR	: Büyüme Hormonu Reseptörü
RAG2	: Rekombinasyonu Aktive Eden Gen
IUCN	: Uluslararası Doğayı Koruma Birliği
Red List	: Nesli Tükenme Tehlikesi Altında Olan Türlerin Kırmızı Listesi
Myö	: Milyon yıl öncesi
PCA	: Temel Bileşenler Analizi
PCR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
K	: Grup (Küme) Sayısı
K2P	: Kimura-2 Parametresi
KYA	: Bin yıl öncesi
LIG	: 130-115 Kya arası buzullar arası dönemi (MIS5)
LGM	: Son Buzul Maksimum
MIS	: Denizel İzotop Katları ya da Deniz Oksijen İzotop Aşamaları
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
nuDNA	: Nükleer DNA (ekzon)
NUMT	: Nükleer kökenli mitokondriyal diziler
SD	: Standart Sapma
TCS	: İstatistiksel Parsimoni Networkü
TMRCa	: En yakın ortak atadan ayrılma zamanı tahmini
H	: Haplotip Sayısı
N	: Örnek Sayısı
Pi (π)	: Nükleotit çeşitliliği



BÖLÜM 1

GİRİŞ

1.1 ÇALIŞMA MOTİVASYONUM

Yüksek lisansım boyunca fauna araştırmaları üzerinde çalışma fırsatım oldu. O günlerde yarasalar türlerinde en çok ilgimi çeken konu birbirine inanılmaz derecede benzeyen türler bulunmasıydı (Mayer and Helversen 2001, Furman et al. 2010, Çoraman et al. 2013). Kriptik türler sadece yarasalarla sınırlı değildir. Pek çok farklı omurgalı grubu içinde tanımlanmamış tür komplekslerinin bulunduğu bilinmektedir (Bickfold et al. 2007). Günümüze geldiğimizde kriptik tür komplekslerinin oldukça yaygın olduğunu bilmekteyiz (Struck et al. 2018).

Anadolu'ya endemik olarak kabul gören iki endemik tarla faresi, *Microtus anatolicus* ve *Microtus dogramacii*, Socialis grubu içinde tanımlanmaktadır (Kryštufek and Vohralík 2005). Socialis grubu morfolojik olarak birbirine benzeyen 10 kadar kriptik türü barındırmaktadır (Kryštufek et al. 2009b, Burgin et al. 2020). Her iki tür de Socialis grubunun altındaki Socialis soyu ve Guentheri soyu olarak iki ayrı ana soy hattında bulunmaktadır (Kryštufek et al. 2009a, 2012). Socialis türlerinin teşhisi geleneksel olarak, morfolojik ve karyolojik yöntemlere dayanır. Ancak Socialis türlerinin pek çoğu benzer kromozom ve kol sayılarına sahiptir (Zima et al. 2013, Arslan et al. 2016). Çalışmamızın başında, her *Microtus* örneğini veri setine dahil etmeden önce, CYTB dizilerini kullanarak genetik olarak hangi soya ait olup olmadığı belirledik (Johnson et al. 2008). İlk çalışma sonuçları, bu türlerin yayılış alanlarının literatür ile uymadığını göstermekteydi. Bir başka sonuç ise Anadolu içinde birden fazla Socialis türünün simpatri göstermesiydi. Bu sebeple, çalışma alanımızı Anadolu'ya endemik iki türün kesin yayılış sınırlarını tespit etmek için büyütme kararı verdik. Oluşturduğumuz veri setine, Türkiye'nin doğu bölgelerinden eski müze örneklerini de ekledik. İki endemik türün nükleer ekzonlar ve mikrosatelit verilerini üretirken yeterli çözünürlüğü sağlayabilmek adına, Socialis grubunun Türkiye ve İran'ın Kuzeyinde yayılış gösteren tüm türlerini yaptığımız çalışmanın içine dahil ettik. Böylece, bu çalışmanın ana iskeletini ortaya çıkarmış olduk.

1.2 ANADOLU BİYOCOĞRAFYASI

Son yüzyılda insan kaynaklı faaliyetlerin artması sonucunda yaban hayatı üzerindeki olumsuz etkiler günden güne büyümektedir. Bunun bir sonucu olarak, onbilerce canlı türü ihtiyaç duyduğu habitatları daralma, parçalanma ve kirlenme tehdidi ile karşı karşıyadır (Ceballos et al. 2017). Altıncı yok oluş olarak tanımlanan bu olgu beraberinde yeni bir biyoloji alt disiplininin doğmasına öncülük etmiştir. Dünya'daki biyoçeşitliliğin sağlıklı bir biçimde sürdürülebilmesi, koruma biyolojisinin en büyük görevlerinden bir tanesi olarak kabul edilmektedir (Soulé 1985). Son yıllarda nesli tehdit altındaki türlerin popülasyonlarının geri döndürülmesi amacı ile ekosistem koruma stratejilerinden, türlerin değişen iklim koşullarına adaptif potansiyelinin belirlenmesine kadar farklı hedefler önerilmektedir (Dağ Gorili: Gray et al. 2013, Asya Gergedanı: Havmøller et al. 2016).

Deniz tabanından yükseldiği günden beri Asya, Avrupa ve Afrika kıtaları arasında bir göç yolu olarak tanımlanan Anadolu, Dünya üzerinde tanımlanmış 34 sıcak noktadan üçü olan Akdeniz, İran-Anadolu ve Kafkas bölgelerini içinde barındırmaktadır (Mittermeier et al. 2011). Anadolu, floristik açıdan tüm Avrupa'daki bitki türlerinin sayısı kadar türe sahip olması yanı sıra (Ekim 2006, Noroozi et al. 2019), Akdeniz coğrafyasındaki memeli türlerinin de neredeyse yarısına yakınına ev sahipliği yapmaktadır (Temple and Cuttelod 2009).

Türkiye zengin memeli faunasına rağmen, günümüzde koruma planları oluşturma ve yönetme uygulamalarına sahip olmaması bakımından istenilenden uzak bir konumdadır (Şekercioğlu et al. 2011). Anadolu'nun beş tanesi endemik tür olmak üzere, toplamda 116 adet küçük memeli türüne (Soricomorpha, Rodentia, Chiroptera) ev sahipliği yaptığı bilinmektedir (Kryštufek and Vohralík 2009b, Karataş et al. 2021). Endemik memelilerin tümü kemirici takımına ait türlerden oluşmakla birlikte, IUCN kırmızı listesinde “yetersiz veri” kategorisinde yer almaktadır. Pek çok memeli türüne ait yayılış alanları yalnızca kaydedildikleri lokaliteler (Yavuz et al. 2009, Kryštufek et al. 2010, Yiğit et al. 2016) göz önünde bulundurularak çizilmiştir. Günümüzde Anadolu'da yalnızca bir kaç noktadan bilinen memeli türleri mevcuttur.

IUCN (2011), endemik türü “belli bir coğrafik bölgede sadece doğal olarak yayılış gösteren organizma” olarak tanımlamaktadır. Endemik ya da sınırlı bir alanda görülen türlerin diğerlerine göre yok olmaya daha yakın oldukları kabul edilir (Ohlemüller et al. 2008, Işık 2011). Geniş yayılışlı türler farklı ekotiplerde bulunabilmeleri sayesinde yüksek genetik çeşitliliğe sahipken, nadir türler ise genellikle sınırlı dar bir ekotipte özelleşmişlerdir (Stebbins 1942). Dar yayılışlı türlere ait populasyonların genetik yapılarının ve filocoğrafik geçmişlerinin araştırılması ile türlerin alt populasyonlarının ortaya çıkarılması, aralarındaki gen akışının gözlenmesi, evrimsel olarak önemli birimlerinin belirlenmesi ve tür seviyesinde taksonomik belirsizliklerin çözülmesi sağlanabilmektedir (Moritz 1994, Frankham 2010).

Kuvaterner'deki iklim dalgalanmaları, Avrupa'da pek çok populasyonun zaman içinde ayrılmasına ve bulundukları coğrafyalarda farklılaşmalarına olanak sağlamıştır (Taberlet et al. 1998; Hewitt 1999, 2004). Balkanlar, İtalya ve İberya Avrupa'da etkin sığınak alanları oluşturmaktadır. Farklı filocoğrafya çalışmaları günümüz Avrupasında yayılışı bulunan pek çok farklı omurgalı ve omurgasız türünün evrimsel geçmişinde Anadolu'nun etkin bir sığınak rolü olduğunu vurgulanmaktadır (Çıplak 2003, Çoraman et al. 2013; Korkmaz et al. 2014; Perктаş et al. 2015).

Anadolu'daki yüksek biyolojik çeşitliliğin bir diğer nedeni ise yüksek topografik ve iklimsel heterojenliğe sahip olmasıdır (Gür 2016). Anadolu muhtemel son buzul çağı esnasında allopatrik sığınaklarında farklılaşmış kriptik soylar bakımından zengindir (Akin et al. 2010; Furman et al. 2010). Buzul çağ sonunda sığınaklardan çıkan farklılaşmış genetik soylardan bazıları zaman içinde yayılmalarının daraldığı, bazılarının ise zaman içinde genişlediği görülmektedir (Davis and Shaw 2001). Bunun bir sonucu olarak birbirleri yayılışları ile kesişen soylar arasında kontak bölgeler ortaya çıkmaktadır (Shurtliff 2013; Beysard and Heckel 2014, Furman et al. 2018). Genetik olarak farklılaşmış soylar, simpatrik olarak bulundukları kontak bölgelerde bir arada üreme becerisi gösterebilmektedir (Bastos-Silveira et al. 2012, Beysard et al. 2012). Hibritleşme günümüzde devam etmekle birlikte (Beysard and Heckel 2014), aynı zamanda tarihsel süreç içerisinde farklı kladların evrimsel tarihleri açısından önemlidir (Figueiró et al. 2017; Çoraman et al. 2019, 2020). Anadolu kriptik faunası, hibrit zonlar ve hibritleşmenin anlaşılabilmesi, türleşmenin genetiği ve üreme izolasyon mekanizmaları üzerinde yeni modellerin önerilmesine olanak sağlayabilecek potansiyele sahiptir.

1.3 MARKIR SEÇİMİ

Her bir lokus, genomun farklı bir örneği olarak değerlendirilir. Genetik sürüklenme ve rekombinasyon gibi farklı evrimsel güçler genomlar üzerinde etkindir (Seehausen 2004). Bu farklılıklardan olayı genomun farklı bölgeleri farklı akrabalık geçmişlerine sahip olabilir (Edwards and Bensch 2009). Bu nedenle, tek lokusa dayalı filogenetik ilişkileri tahmin etme yüksek oranda bir örneklem hatası getirmektedir (Ballard and Whitlock 2004, Fink et al. 2010, Dávalos et al. 2014). Farklı özellikteki lokuslar, popülasyonları karşılaştırırken bize daha güçlü bir kanıt sunmaktadır (Carbone and Kohn 2001). Bu sebeple karşılaştırmaları analizlerde birden fazla lokus ve moleküler markırlar çok daha yaygın olarak kullanılmaya başlamıştır (Brito and Edwards 2009).

Mitokondriyal DNA (mtDNA) anneden yavruya aktarılır, nükleer kısımdaki tamir mekanizmalarına sahip değildir (Avice 2000). mtDNA, çalışmasının kolay, mutasyon oranının yüksek, rekombinasyondan yoksun ve genetik çeşitlilik çalışmalarında en popüler bölge olması nedeniyle filogenetik çalışmalarda avantaj sağlamaktadır (Pfunder et al. 2004). Ancak mtDNA evriminin nötralitesi tartışmalı bir konu olmaya devam etmektedir (Freeland et al. 2020, Balloux 2009). Diğer dezavantajları ise yalancı genler ve nükleer kökenli mitokondriyal diziler (NUMT) içermeleri gibi görünmektedir (DeWoody et al. 1999, Bensasson et al. 2001, Triant and DeWoody 2006). Mitokondriyal markırlar ile yakın zamanlı ayrılmaların tahmini de sağlanabilmektedir (Herman et al. 2014)

Ekzonlar, DNA dizilerinde amino asit olarak kodlanan bölgelerdir. Nükleer gen dizileri olan ekzonlar görece düşük bir hızda evrimleştikleri için düşük varyasyon gösterirler. Ayrıca, bu nükleer bölgeler, hem anne hem de babadan kalıtıldıkları için popülasyonların yapısı yansıtmada daha iyi bir alternatif sunabilmektedirler (Freeland 2020), fakat yine de nuDNA ile mtDNA'nın sahip olduğu dezavantajlardan kaçınmak mümkündür. Örneğin, hibritleşmenin ve farklılaşmasını tamamlamamış kladların tespiti için kullanıma uygundur (Freeland 2020).

Mikrosatellitler, nükleer DNA içinde yer alan kısa tekrarlı dizilerden meydana gelmektedir. Bu diziler, DNA replikasyonu sırasında gerçekleşen kaymalardan ötürü yüksek çeşitlilik göstermektedir. Populasyon içi polimorfizmleri ve yüksek seviye heterozigotluk içeren bu bölgeler ile akrabalık ve gen akışı gibi farklı ekolojik sorulara yanıt bulmak mümkün olabilmektedir (Selkoe and Toonen 2006). Genomun farklı bölgelerinin analizleri ile sığ filogenetik ilişkilerin ve yakın akraba türler arasındaki sistematik belirsizliklerin daha doğru bir çözümü üretilebilir.

1.4 GENUS *MICROTUS*

Arvicolinae, Holoarktik (Palearktik ve Nearktik) içerisinde yayılış gösteren en kalabalık kemirici familyasıdır. Arvicolin grupları sistematik açıdan en karışık kemirici gruplarını içermektedir (Wilson et al. 2017). Şimdiye kadar tanımlanmış 28 cins ve 162 tür ile temsil edilmektedir (Wilson et al. 2017, Burgin et al. 2020). Bu alt familyanın sistematigi farklı morfolojik çalışmalar ve mtDNA arasındaki çelişkiler nedeniyle genel olarak problemlidir (Carleton and Musser 2005). Arvicolinler içinde ilk ayrılma 7 Myö *Prometheomys* ile grubun diğer cinsleri arasında gerçekleşmektedir. Ardından kalan Arvicolinler düşük destekli beş monofiletik klada ayrılır (Steppan and Schenk 2017). Dünya üzerindeki en doğurgan türlere sahip olmakla birlikte, yine *Microtus* gibi en fazla sayıda türü barındıran cinsleri de içerir (Jaarola et al. 2004).

Microtus oldukça küçük kuyruk ve kulaklara sahip küçük boyutlu Arvicolinler olarak tanımlanabilir (Kryštufek and Vohralík 2005). Tarla fareleri, sıklıkla belirgin yaz kuraklığının hakim olduğu çayır ekosistemleri ve buna komşu tarım arazilerinde toprak altındaki yuvalarında kalabalık gruplar halinde yaşarlar (Shenbrot and Krasnov 2005). *Microtus*, Holoartik içinde toplamda 65 türü ile Arvicolinae içerisinde en fazla sayıda türü barındıran cinsi teşkil etmektedir (Wilson and Reeder 2005; Burgin et al. 2020). *Microtus* türlerine ait fosil veriler oldukça kısıtlıdır. Paleontolojik verilere göre yaklaşık olarak 2-2,4 milyon yılları arasında *Allophaiomys* olarak tanımlanan örnekler *Microtus*'un atası kabul edilmektedir (Chaline and Graf 1988; Brunet-Lecomte and Chaline 1991). Anadolu'daki fosil daha genç dönemden itibaren görülmeye başlar. *Microtus guentheri*'ye ait ilk örnekler ise Orta Pleyistosen'inin sonlarından (120.000 yıl önce) itibaren İsrail'de görülmeye başlamaktadır (Tchernov 1975). Anadolu'daki günümüz *Microtus* türleri ise Orta ve Geç Pleyistosen stratigrafi katmanlarından itibaren görülmeye başlar (Alpaslan 2011, Erdal et al. 2018).

Microtus soyları Palearktik ve Nearktik olmak üzere her iki zoocoğrafik bölgede birden bulunmaktadır. *Microtus*'un klasik kolonizasyon hipotezi, atasal *Microtus* formlarının Orta Asya'da köken aldığını öne sürmektedir. Bu hipoteze göre, atasal *Microtus* türleri Kuzey Asya'dan Avrupa ve Bering boğazı üzerinden ise Amerika'ya yayılmaktadır (Chaline et al. 1999). Genetik analizler, günümüzde farklı zamanlar içinde kolonizasyon dalgaları ile Asya'dan hem Avrupa, hem de Amerika'ya geçişlerin olabileceğini göstermektedir (Fink et al. 2010, Barbosa et al. 2018).

Microtus filogenisi, Nearktik (Kuzey Amerika) ve Palearktik türler olmak üzere iki ana soydan oluşmaktadır (Buzan et al. 2008, Martínková and Moravec 2012). Palearktik türler, *Terricola* ve *Microtus* olarak yine iki soy hattına ayrılmaktadır (Jaarola et al. 2004). *Microtus* ise kendi içinde Arvalis ve Socialis gibi farklı tür gruplarını barındırmaktadır. Nearktik türleri Paleartik *Microtus* türleri ile monofiletik durumdadır (Conroy and Cook 2000). *Microtus*'a en yakın akraba cins olarak kar fareleri olarak isimlendirilen *Chionomys* gözükmemektedir (Nadachowski 1991, Carleton and Musser 2005).

Türkiye'de farklı araştırmacılar tarafından şimdiye kadar çoğu morfolojik, karyolojik verilere dayanarak 13 farklı *Microtus* türü tanımlanmıştır. Türkiye'de yayılış gösteren tarla fareleri genel olarak üç farklı morfolojik ve filogenetik grup altında toplanmaktadır: Arvalis, Socialis ve Terricola (Kryštufek and Vohralík 2005, Kryštufek et al. 2009a). Terricola grubu, çam fareleri olarak adlandırılır, görece küçük gözleri ve iki yada üç çift meme ucu ile diğer gruplardan kolaylıkla ayrılabilir. Terricola grubu, Anadolu'nun kuzeyi boyunca, yüksek rakımlı çam ormanları ve yaylalarda yayılış göstermektedir. Terricola grubu, Anadolu ve Trakya'da üç tür ile yayılış göstermektedir: *Microtus subterraneus*, Batı ve Orta Karadeniz'in kıyı şeridi boyunca, Trakya, Güney Marmara ve Ege'nin yüksek rakımlı yaylaları boyunca geniş bir yayılışa sahip olduğu bilinmektedir. *Microtus majori*'nin Doğu Karadeniz boyunca; *Microtus daghestanicus*, Doğu Anadolu'nun yüksek rakımlı yaylalarından kayıtları bulunmaktadır (Neuhäuser 1936, Çolak et al. 1998, Macholán et al. 2001, Kryštufek and Vohralík 2004).

Arvalis grubu, diğer gruplara nazaran daha uzun kuyruklu ve altı adet ayak altı pedine sahip olmaları ile diğer gruplardan ayrılmaktadır (Kryštufek and Vohralík 2005). Arvalis grubu, Türkiye’de iki tür ile temsil edilmektedir. *M. mystacinus*, Anadolu’nun kuzey ve orta bölgeleri ile birlikte Trakya’da geniş bir yayılışa sahipken; *Microtus obscurus* sadece Doğu Anadolu bölgesinde mevcuttur (Kefelioğlu 1995, Yiğit et al. 2003, Kryštufek and Vohralík 2005, Kryštufek et al. 2009b, Tougard et al. 2013).

Socialis grubu olarak tanımlanan kısa kuyruklu, diğer gruplara nazaran daha geniş bulla ve beyin kapsülüne sahiptir (Kryštufek and Vohralík 2005). Özellikle Rus araştırmacılar tarafından sıklıkla *Sumeriomy*s alt cinsi içinde değerlendirilirler (Golenishchev et al. 2002; Zorenko and Golenishchev 2015). Mitokondriyal DNA dizilerinden elde edilen bulgular *Microtus* alt cinsi içinde olduklarını göstermektedir (Jaarola et al. 2004). Socialis türleri, Anadolu dahil Orta Doğu, Balkanlar (Güney), Orta Asya ve Libya (Kuzey Afrika)’ya kadar geniş bir yayılış alanına sahiptir (Shenbrot and Krasnov 2005). Günümüzde Socialis grubu içinde ikisi Anadolu’ya endemik toplam 10 kriptik türün varlığı kabul edilmektedir (Burgin et al. 2020). *M. dogramacii*’nin Amasya ve Tuz Gölü civarında kayıtları bulunurken (Kefelioğlu 1995; Şekercioğlu et al. 2011, Selçuk et al. 2017), *M. anatolicus*’un yayılışı Tuz Gölü, Konya civarındadır (Kryštufek and Kefelioğlu 2001b; Yavuz et al. 2009). Bu iki türün dışında (Şekil 1.1), Yiğit et al. (2016), Kilis’ten daha önceden *M. irani* (2n=46) olarak tanımlanmış örnekleri, karyotip sayısı ve belirgin morfolojik farklılıklar içerdiği belirtilerek *M. elbeyli* ismi ile yeni bir tür olarak tanımlanmıştır. *Microtus dogramacii* ve *M. elbeyli* dışındaki Socialis türleri karyolojik açıdan benzersizdir (Zima et al. 2013).



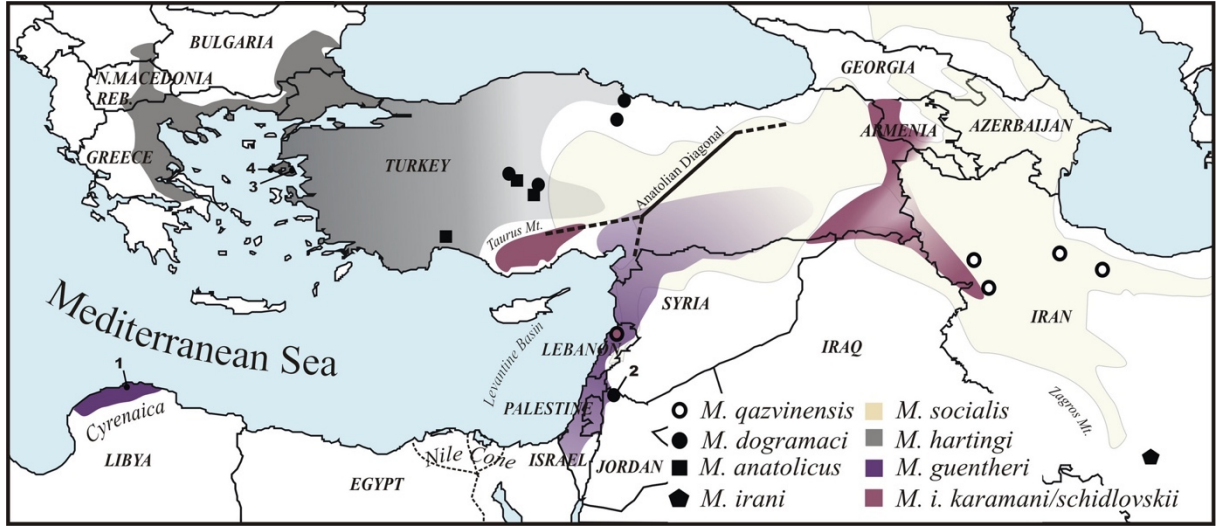
Şekil 1.1. Soldan sağa: *Microtus anatolicus* (Konya) ve *Microtus dogramacii* (Amasya)
Fotoğraflar: Prof. Dr. Mustafa SÖZEN

1.5 LİTERATÜR ÖZETİ

Socialis grubu içinde Guentheri ve Socialis olmak üzere iki farklı soy hattının varlığı kabul edilmektedir (Ellerman 1941, Kryštufek et al. 2012). Guentheri tür kompleksi altı farklı türden oluşmaktadır. Bunlardan ilk olarak *Microtus hartingi* Yunanistan ve Batı Anadolu’da yayılış göstermektedir. İkincisi olan *M. guentheri* ise Kahramanmaraş ve Levant bölgesinde yayılış göstermektedir. Üçüncü olarak, *M. (mustersi) cyrenaica* ise Libya’da tek noktadan kaydı bulunmaktadır (Happold 2013, Thanou et al. 2019). Dördüncüsü olan *M. dogramacii* Amasya ve çevresinde birkaç lokaliteden yayılış kayıtlarına sahip olmakla birlikte Ürdün’den yeni haplotipleri bulunmaktadır (Thanou et al. 2019). Beşinci olarak, *M. elbeyli* Kilis’teki tek bir noktadan bilinmektedir (Yiğit et al. 2016). Son olarak, *M. qazvinensis*’in yayılışı İran’ın Kuzeyi ile sınırlıdır.

Socialis tür kompleksi ise dört türü barındırmaktadır. Birincisi, *M. socialis* Hazar Gölü, Kafkaslar, Kırım ve Kazakistan boyunca geniş bir yayılış göstermektedir. İkinci olarak *M. anatolicus* ise Tuz gölü ve güneyinde, birkaç lokalitede bilinmektedir (Kryštufek and Kefelioğlu 2001, Yavuz et al. 2009). Üçüncüsü olan *M. irani* Toroslardan İran’a kadar olan bölge içerisinde parçalı bir yayılış alanına sahiptir (Kryštufek et al. 2010, Demirtaş et al. 2018). Farklı araştırmacılar *M. irani*’nin Doğu Anadolu ve Ermenistan örneklerini *M. schidlovskii* alttürü olarak tanımlamaktadır (Zorenko et al. 2014, Wilson et al. 2017). Son olarak, *M. paradoxus*, Türkmenistan ve İran’da yayılış göstermektedir (Kryštufek et al. 2012).

Socialis grubunun taksonomisi ve sistematigi ile ilgili şimdiye kadar yapılmış çalışmalar genel itibariyle metodolojik yaklaşımdan uzak görünmektedir. Türlerin yayılış sınırları karyolojik tanımlama için yakalanmış sınırlı sayıda örnek üzerinden çıkarılmaya çalışılmıştır. Bunun yanında, tür teşhisleri eldeki sınırlı materyaller ile yalnızca morfolojik karakterler göz önünde bulundurularak yapılmıştır. Bu sebeple Anadolu’daki *Microtus* türlerinin bilinen yayılış sınırları gerçek durumu doğru bir şekilde yansıtmaktan uzaktır (Şekil 1.2). Anadolu’da farklı karyolojik özelliğe sahip populasyonlar ilgi çekici olmakla birlikte, hiçbir çalışmada türlerin kesin yayılış sınırlarının ve populasyon yapılarının ortaya çıkarılması hedeflenmemiştir. Türlerin yayılış sınırlarının belirlenmesi ve yakın akraba türler arasındaki taksonomik belirsizliklerin çözülmesi ancak geniş bir örneklem üzerinde planlanacak biyocoğrafik çalışmalar ile mümkündür.



Şekil 1.2. Socialis grubunun günümüzde bilinen yayılış alanı ve bazı türlerinin tespit edildikleri lokaliteler (Thanou et al. 2019’den alınmıştır).

Türkiye’deki Socialis grubunun taksonomisine ilişkin ilk çalışmalarda farklı araştırmacıların ikili ya da üçlü tür yaklaşımını benimsemiş oldukları görülmektedir (Ellerman 1948). Bunun dışındaki, bütün Socialis tür grubu taksonlarının *M. socialis* altında birleşmesi gerektiğini düşünen yazarlar da mevcuttur (Corbet 1978, Harrison and Bates 1991). Danford and Alston (1880), Anadolu’dan yeni memeli türlerini tanımladıkları yayında ilk kez Kahramanmaraş’tan *Arvicola guentheri*’yi tanımladılar. Blackler (1916), Batı Anadolu’da *Microtus guentheri* olarak tanımlanmış populasyonların *M. lydius* adı altında yeni bir tür olarak isimlendirmesini teklif etmiş, yine aynı araştırmacı *M. guentheri*’nin Kilikya bölgesi’nde Kahramanmaraş’ta; *M. hartingi*’nin ise Selanik’te olduğunu bildirmiştir. Chaworth-Musters (1932), Makedonya bölgesinde yaptığı çalışmalarda *M. hartingi*’yi doğrulamasına karşın, bu tarla faresinin Anadolu’daki *M. guentheri*’nin bir başka “ırkı” olabileceğini düşünmüştür.

Ellerman (1948), Socialis grup içerisinde üç türün bulunduğunu bildirdiği makalesinde *M. irani*’nin *M. socialis*’e görece daha büyük; *M. guentheri*’ye göre ise daha geniş bir bullaya sahip olduğunu vurguladı ve *M. lydius*’un *M. guentheri*’nin bir alttürü olarak kabul etti. Farklı araştırmacılar tarafından Anadolu ve çevresinden *M. philisticus*, *M. sheveti*, *M. strandzensis* ve *M. ankaraensis* gibi farklı tür ve alttürler farklı dönemler içinde önerilmeye devam edildi (Thomas 1917, Neuhauser 1936, Markov 1960, Yiğit and Çolak 2002). Bunlarla birlikte *M. guentheri*’ye ilişkin Anadolu’nun pek çok farklı noktasından yeni kayıtlar gelmeye devam etmiştir (Neuhäuser 1936, Missonne 1957, Steiner and Vauk 1966).

Kumerloeve (1975) yaptığı çalışmada, *M. irani*'nin yayılış sınırları olarak Doğu ve Güneydoğu Anadolu olarak belirledi. Daha sonrasında Panteleev (1990), üç türün ilk kez yayılış haritalarını çıkarttığı çalışmasında, *M. socialis*'in Adana ve Hatay dahil Doğu Anadolu ve Orta Anadolu'nun doğusunda yayılış gösterdiğini ve *M. irani*'nin ise Suriye sınırı boyunca ve Bitlis civarında yayılışının olduğunu tespit etti. Ayrıca, Akhverdyan et al. (1991a), Ermenistan örneklerinin *M. schidlovskii* adı altında yeni bir tür olarak önerdi. Akhverdyan et al. (1991a) çalışmasında bu türün kromozom kol sayıları bakımından farklılık göstermekle birlikte, *M. socialis* örnekleri ile yapılan çaprazlama deneylerinin sonucunda steril döller verdiğini ileri sürmüştür.

Kefelioğlu (1995), *M. guentheri*'nin iki alttürünü doğrulamaktadır. Bu çalışmada, *M. guentheri lydius*'un yayılış alanı olarak Elmalı (Antalya) ve Kemalpaşa (İzmir) belirlenirken, diğer alttür *M. guentheri guentheri*'nin yayılış alanını ise Türkoğlu (Maraş) ve Tarsus (Mersin) olarak belirledi. Yine aynı çalışmada, Kefelioğlu (1995), Demirözü (Bayburt), Aşkale (Erzurum), Nizip, Kesiktaş (Gaziantep), Hafik, Celali ve Zara (Sivas)'dan aldığı örnekleri ise *M. socialis* olarak tanımladı. Bunun aksine, Çolak et al. (1997), Güneydoğu illerinde *M. socialis*'e rastlamaz iken, kendi tanımladığı örneklerin *M. guentheri* ve *M. irani* olduğunu ve Güneydoğu'da *M. socialis*'in varlığının şüpheli olduğuna kanaat getirmişti.

Kefelioğlu and Kryštufek (1999), daha önce *M. socialis* olarak tanımladıkları Amasya'daki populasyonların şimdiye kadar tanımlanmış *Socialis* türlerinden farklı bir tür olduğunu belirttiler. Bu çalışmada araştırmacılar *M. dogramacii*'yi Anadolu'ya endemik yeni bir tür olarak tanımladılar. *Microtus dogramacii*'nin en belirgin ayırıcı morfolojik karakteri olarak $2n=48$ diploid kromozom sayısına sahip olmasıdır. Öte yandan, Mitokondriyal DNA dizileri türün *M. qazvinensis* ile yakın akraba olduğuna işaret etmektedir (Mahmoudi et al. 2015). Aynı yazarlar, Cihanbeyli (Konya)'de *M. irani*'den farklı morfotipte bir tarla faresi populasyonu belirledi. Bu populasyonu da *M. anatolicus* adında yeni bir tür olarak tanımladılar (Kryštufek and Kefelioğlu 2001a). Günümüzde her iki tür de yalnızca tip lokalitesi ve yakın çevresindeki birkaç lokaliteden bilinmektedir (Yavuz et al. 2009, Şekeroğlu et al. 2011, Selçuk et al. 2017). *Microtus anatolicus*, filogenetik olarak *M. socialis* ve *M. irani*'ye yakın görünmektedir (Kryštufek et al. 2009a, Kryštufek et al. 2012, Mahmoudi et al. 2014a).

Yiğit ve Çolak (2002), yaptıkları çalışmada Anadolu'daki *M. guentheri* olarak tanımlanan populasyonların bakulum ve kafatası karakterleri bakımından iki farklı türe ayrılmakta olduğunu gösterdiler. Yine aynı çalışmada bu iki türün yayılış sınırlarının Anadolu Diyagonali tarafından bölündüğü ifade edilmiştir. Yazarlar, *M. guentheri*'nin Batı Anadolu'da yayılış gösteren populasyonlarının *M. lydius* olarak düzeltilmesini önerdiler. Daha sonraki çalışmalar Batı Anadolu ve Balkanlar ile Güney Doğu Anadolu'daki populasyonların birbirlerinden farklı iki mtDNA kladından oluştuğu doğrulamıştır. Ancak tür ismi olarak *M. lydius* yerine daha eskiden tanımlanan sinonimlerden *M. hartingi* seçilmiştir (Kryštufek et al. 2009b). *Microtus hartingi*'nin Balkanlar ve Batı Anadolu'daki populasyonlarının alttür düzeyinde ayrıldığı iddaa edilmiş olmasına karşın (Markov et al. 2014), her iki populasyon arasındaki kara bağlantısının son buzul maksimumuna kadar devam ettiği bilinmektedir (Perissoratis and Conispoliatis 2003, Kerey et al. 2004, Kougioumoutzis et al. 2017). Bu nedenle farklı iki kıtada kalan bu populasyonların ayrı birer tür olması iddası olası görülmemektedir (Thanou et al. 2012, Wilson et al. 2017).

Guentheri grubu içinde tanımlanmış bir diğer tür olan *Microtus qazvinensis* İran'a endemik olarak kabul edilen bir türdür (Mahmoudi et al. 2015) *M. qazvinensis*'in molarlarındaki varyasyon ve çapraz hibritleşme testlerinde F1 döllerinin steril olması sebebiyle yeni bir tür olarak önerildi (Golenishchev et al. 2002a). Yapılan filogenetik çalışma *M. qazvinensis* ile *M. dogramacii*'nin yakın akraba olduğu gösterilmektedir (Mahmoudi et al. 2015).

İki binli yılların başına doğru farklı araştırmacılar yeni türlerin tanımlanması için karyolojik ve morfolojik özellikler kullanmaktaydı (Akhverdyan et al. 1991a, Akhverdyan et al. 1991b, Kefelioğlu and Kryštufek 1999, Kryštufek and Kefelioğlu 2001b, Yiğit and Çolak 2002). Türler arası karyotip karşılaştırmaları filogenileri belirlemede kuvvetli birer kanıt sunmasına karşın, özellikle birbirine yakın akraba türler arasında yeterli çözünürlük sağlanamaz (Lenskaya et al. 2010). Bir diğer karyolojik yaklaşım olan klasik bantlama yöntemleri ile Socialis grubu içindeki taksonomik sorunları çözmek mümkün görünmemektedir (Chassovnikarova et al. 2008, Zima et al. 2013, Mahmoudi et al. 2014b, Arslan et al. 2016).

Golenishchev et al. (2002b), *M. schidlovskii*'yi farklı *M. socialis* alttürleri ile morfolojik ve karyolojik bakımdan karşılaştırdı. Bunun sonucunda türün geçerliliğini onaylayan bir diğer araştırmacı oldu. Yiğit et al. (2006), Van ve Yüksekova'dan karyotipini tanımladıkları örneklerin *M. schidlovskii*'ye ait olduğu sonucuna ulaştılar. Ayrıca, Kryštufek et al. (2009b), hazırladıkları memeli listesinde *M. schidlovskii* ve *M. irani*'ye yer verdi. Ardından morfolojisini şüpheli buldukları Balkusan (Karaman) örneklerini Sitokrom *b* (CYTB) dizileri üzerinden araştırdılar. İki populasyon arasındaki 2000 km'lik mesafeyi de hesaba katıp, *M. irani karamanii*'yi, *M. irani*'nin yeni bir alt türü olarak tanımladılar (Kryštufek et al. 2010).

Öte yandan, Karaman'dan tanımlanan *M. irani karamanii*, Antalya'daki *M. anatolicus* ile Van ve Hakkari'den tanımlanan *M. schidlovskii*'nin karyotip sayısı, NF değeri ve eşey kromozomu aynı özelliklere sahiptir (Yiğit et al. 2006, Yavuz et al. 2009, Kryštufek et al. 2010). Benzer örnekler Anadolu'nun farklı bölgeleri için de verilebilir (Arslan et al. 2016). Karyotip analizlerinin tür teşhisi için yeterli çözünürlüğü sunmadığı böyle durumlarda, tür teşhislerinin türün yayılışının bulunduğu coğrafya etkisinde kalınarak yapıldığı sonucuna varmak mümkündür (Aulagnier et al. 2009). Bu nedenle, *Socialis* türlerinin bilinen yayılış sınırları konusunda büyük belirsizlikler bulunmaktadır.

Örnek verecek olursak, *M. socialis*, *Socialis* grubu içinde en geniş yayılışına sahip tür olarak kabul edilmektedir (Kryštufek and Vohralik 2005, Shenbrot and Krasnov 2005). Ancak, *M. socialis*'in literatürdeki yayılış alanı içerisinde *M. irani*'ye ait yeni mtDNA verileri eklenmektedir (Kryštufek et al. 2013, Mahmoudi et al. 2014, Zorenko et al. 2014, Demirtaş and Gürler 2018). Bu noktada, her iki türün yayılış alanlarının tam sınırları konusunda literatür ile çelişkiler bulunmaktadır. *Microtus irani*'nin günümüzde bilinenden daha büyük bir yayılışa sahip olacağı düşünülmektedir (Wilson et al. 2017).

Wilson et al. (2017), yaptıkları son değerlendirmede *Socialis* grubundan altı tarla faresi türünün Türkiye'de yayılışını bildirmekle birlikte, *M. qazvinensis*'i *M. dogramacii*'nin alttürü olarak tanımlamıştır. Thanou et al. (2019), Ürdün'den *M. dogramacii*'ya ait yeni bir mtDNA kladı tanımlamaları bu durumu desteklemektedir. Her iki çalışmada da, Yiğit et al. (2016) tarafından tanımlanan yeni türün (*M. elbeyli*) kromozom sayısının *M. dogramacii*'ya benzemesinden ötürü *Guentheri* grubuna dahil olabileceği belirtilmektedir.

Pek çok araştırmacı, *Socialis* grubunun sanıldığından daha kompleks bir filogenetik geçmişi olacağını yorumlamakla birlikte, gruplar içinde türleşmenin halen devam eden bir süreç olduğunu savunmaktadır (Jaarola et al. 2004, Hellborg et al. 2005). Genel olarak, Arvicolinae içinde mtDNA CYTB dayanılarak yapılan çalışmalarda yüksek genetik farklılıklara sahiptir (Brunhoff et al. 2003, Conroy et al. 2016, Petrova et al. 2016). Aynı şekilde, Thanou et al. (2019), yaptığı çalışmada *Socialis* grubu için benzer sonuçlar önermiştir. Araştırmacı, *Socialis* grubunun iki farklı soyunun (*Guentheri* ve *Socialis*) birbirinden ayrılmasının yaklaşık olarak 0,9 Myö gerçekleştiği sonucuna ulaşmıştır. Araştırmacı aynı çalışmasında, *Socialis* grubuna dahil türlerin ortaya çıkışlarının 0,4 ile 0,6 Myö arasındaki bir döneme dayandığını savunmuştur. *Microtus* cinsi içerisindeki türleri ayırmada mtDNA dizi farklılıkları da önemli bir parametre olarak kabul edilmesine karşın, literatürde herhangi bir konsensus bulunmamaktadır. Fosil kalibrasyonlarına dayanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar, farklı genetik etkiler nedeniyle ayrılma analizi tahminlerinde sapmalar gösterebilmektedir (Ho et al. 2011). Bu sebeple mutasyon değişim oranları yakın zamanda pek çok *Microtus* türü için kullanılmaya başlanmıştır (*Microtus arvalis*, Martínková et al. 2013, *Microtus agrestis*, Herman et al. 2014; *Microtus cabrerea*, Barbosa et al. 2017). Ancak bu çalışmalarda kullanılan oranların genellikle tür içi ayrılmalarını vermekte daha başarılı sonuçlar verdiği görülmektedir (Mahmoudi et al. 2017).

Aynı zamanda *Microtus* en hızlı memeli yayılmalarından biri olarak örnek gösterilmektedir (Lischer et al. 2014, Stepan and Schenk 2017). Hızlı yayılma görülen bunun gibi taksonlarda filogenetik ağaçlar, farklı lokusların birleştirilmesi ile yapılan analizler sonucunda yüksek destek alan hatalı kladlar ortaya çıkarmaktadır (Kubatko and Degnan 2007). Öte yandan birleştirilen lokuslar yerine genom bazlı yaklaşımın *Microtus* filogenisinde daha yüksek bootstrap değerlerine sahip olduğunu göstermektedir (Fink et al. 2010). Aynı yazarlar, sahip olduğu düşük mutasyon oranı nedeniyle nükleer DNA (nuDNA) bölgesi olan GHR (büyüme hormonu reseptör geni) lokusunda filogeniler için yeterli çözünürlüğü vermediğini savunmaktadır. Bu sebeple genomun farklı özellikteki her lokusunun kendi veri seti içinde değerlendirilmesinin doğru tercih olacağı kaçınılmazdır (Degnan and Rosenberg 2009, Yang and Rannala 2012). Bunun yerine, haplotip networkleri, DNA sekanslarının varyasyonunu gösterebilmek için filogenetik ağaçlara göre daha çok bilgi sağlamakta ve güvenilir bir soy tahmini sunulabilmektedir (Mardulyn 2012). *Socialis* türlerine ait populasyon yapılarının bu temel üzerinden incelenebilmesi faydalı görünmektedir.

1.6 ÇALIŞMANIN AMACI

Sumeriomys grubu olarak da adlandırılan *Socialis* grubunun şimdiye kadar Batı Palearktik bölge içerisinde *Guentheri* ve *Socialis* adı altında iki ana soy ayrılmaktadır. *Socialis* grubu, benzer morfolojik özellikleri ve hızlı farklılaşmalarından ötürü taksonomi ve sistematikleri zordur (Conroy and Cook 2000, Fink et al. 2010).

Socialis grubu içinde tanımlanmış toplam 10 kriptik türü bulunmaktadır (Kryštufek et al. 2009a). *Guentheri* soyu a) *Microtus hartingi*, b) *M. guentheri*, c) *M. cyrenaica*, d) *M. dogramacii*, e) *M. elbeyli* (Yiğit et al. 2016) ve f) *M. qazvinensis*'ten oluşmaktayken, *Socialis* soyu ise a) *M. socialis*, b) *M. anatolicus*, c) *M. irani* (Doğu Anadolu ve Ermenistan'da *M. schidlovskii* Zorenko et al. 2014) ve d) *M. paradoxus* türlerinden oluşmaktadır (Kryštufek et al. 2009a). Daha önceki çalışmalarda *M. paradoxus* bazen bu iki gruba bazal pozisyonunda yer bulmaktadır (Kryštufek et al. 2012). *M. dogramacii* ve *M. qazvinensis* filogenetik olarak kardeş türlerdir (Mahmoudi et al. 2015). Benzer şekilde *M. guentheri* ve *M. cyrenaica* da birbirilerinin kardeş türleridir (Thanou et al. 2019). Ayrıca, *Microtus elbeyli*'nin *M. dogramacii* ve *Microtus qazvinensis*'e yakın akraba olabileceği düşünülmektedir (Wilson et al. 2017). Ayrıca, *Socialis* grubu içinde yer alan *M. cyrenaica*, *M. qazvinensis*'ve *M. paradoxus*'un dışındaki tüm türleri Anadolu ve Trakya'da yayılış göstermektedir.

Diğer grup için ise, *M. socialis* ve *M. irani*, *M. anatolicus*'a göre daha yakın akrabadır (Kryštufek et al. 2012, Mahmoudi et al. 2015). Anadolu'ya endemik olduğu kabul edilen *M. dogramacii* ve *M. anatolicus* türlerinden her ikisinin de farklı soylar altında bulunduğu görülmektedir (Kryštufek et al. 2012, Mahmoudi et al. 2014a, 2015). *Socialis* türleri allopatrik popülasyonlara sahip oldukları için hepsi birer ayrı tür olarak tanımlanmıştır (Kryštufek et al. 2012). *Socialis* grubunun ayrı birer tür olduklarını çapraz hibritleşme testleri de desteklemektedir (Golenishchev et al. 2002a, Zorenko et al. 2016). Ancak, bu hiç bir zaman Anadolu'daki doğal popülasyonlarında test edilmemiştir.

Bu tez konusu Anadolu'ya endemik olduđu kabul g ren *Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii*'nin genetik  e itliliklerini ve yayılı  alanlarının belirlenmesi  zerinedir. Bunun i in, Anadolu ve etrafındaki b lgede yayılı  g steren *Socialis* t rlerinin GenBank verilerinin yanısıra, mitokondriyal ve n kleer markırları geni  bir  rneklem  zerinde kullandık.

 alı manın ana ama larını  u  ekilde sıralayabiliriz:

- a) Literat r verilerinde yer alan t r yayılı  haritalarındaki bo lukları doldurmak,
- b) Anadolu endemikleri *M. anatolicus* ve *M. dogramacii* evrimsel tarihlerini ve filoco rafik  r nt lerini ara tırmak,
- c) *M. anatolicus* ve *M. dogramacii*'nin genetik yapısının belirlenerek, Anadolu'daki muhtemel buzul sığınaklarının incelenmesi
- d) Birbirine yakın akraba oldu u bilinen *M. anatolicus* ile *M. irani* simpatrik populasyonlarının bulunup bulunmadı ını belirleyip, bu iki t r n hibrit zonları arasında gen alı verinin olup olmadı ını de erlendirmek.

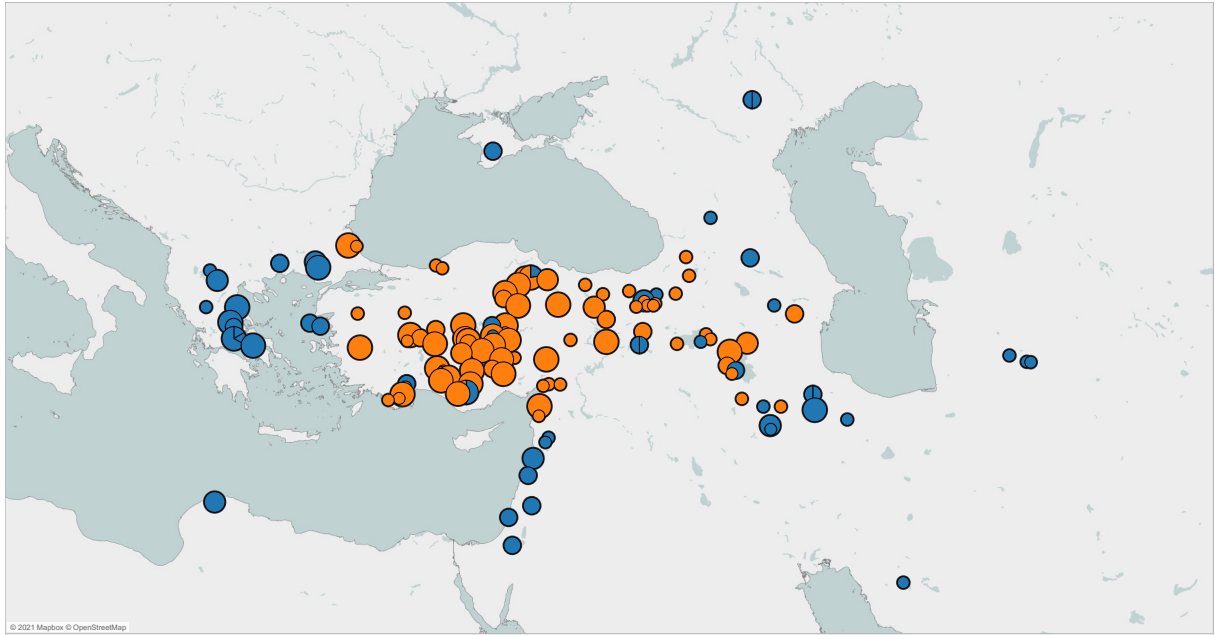


BÖLÜM 2

MATERYAL METOD

2.1 ÖRNEK KOLEKSİYONU VE LABORATUVAR PROSEDÜRLERİ

Anadolu tarla farelerini genetik olarak araştırmak için kullanılan örnekler Trakya ve Anadolu'dan 2007-2019 arasında yapılan arazi çalışmalarından elde edildi (Şekil 2.1). Yakalanan tüm örnekler ile ilgili Orman ve Su İşleri Bakanlığı izni 18.07.2017 tarihinde alındı (Onay No: 153696). Çalışma alanı içerisinde *Microtus* cinsine ait farklı türlerden 137 farklı lokaliteden, toplamda 710 örnek toplandı. Anadolu boyunca populasyon yapısını ortaya çıkarabilmek için yoğun bir şekilde birbirine yakın lokalitelerden örnekleme yapmaya odaklandık. Bunun yanında, Alireza Khalil ARIA (Batı Azerbaycan Eyaleti Tarımsal Araştırma Merkezi, İran) tarafından İran'ın Kuzey bölgelerinden 7 lokaliteden toplam 18 örnek çalışmaya dahil edildi.



Şekil 2.1. GenBank ile birlikte örneklere ait tüm lokaliteler. Turuncu bu çalışmada kullanılan örneklere ait lokaliteleri, mavi ise GenBank'tan alınan örneklere dair lokaliteleri göstermektedir.

Fareler, servikal dislokasyon ile sakrifiye edildikten sonra karaciğer ve dalak dokuları steril bir bistüri yardımıyla alındı. 2007 ile 2014 yılları arasında yakalanan örneklerin doku örnekleri etil alkolde muhafaza edilmektedir. Proje başlangıcından itibaren yakalanan örnekler ise RNA stabilize edici solüsyonu içinde -80°C’de saklanmaktadır. Doku örneklerinden DNA elde etmek için üretici firmanın kullanım talimatları takip edilerek EZNA Tissue DNA kitlerini (OMEGA BIO-TEK) kullandık.

Farklı *Microtus* türlerine ait 253 örneğin tümünü yaygın biçimde kullanılan mitokondriyal CYTB lokusu (586 bç) ile çoğalttık. Bunun yanında iki çekirdek DNA (nuDNA) geninin dizilerini kullandık: Rekombinasyon aktive edici gen (RAG2, 900 bç, n=28) ve büyüme hormonu reseptörü (GHR, 900 bç, n=51). GHR ve RAG2 lokuslarının çoğaltılmaları için yuvalanmış PCR sürecinden geçirdik. Hem GHR hem de RAG2 lokusları D1, R1, D2, R2 (Çizelge B.3) primerleri kullanılarak çoğaltıldı (Blanga-Kanfi et al. 2009). CYTB lokusu ise L14727-SP ve H15915 primerleri kullanılarak çoğaltıldı (Jaarola and Searle 2002). Bunlara ek olarak GenBank’tan bu lokuslara ait dizileri de (CYTB= 113, GHR=9 , RAG2=1) oluşturduğumuz veri setine ekledik (Çizelge A.1).

Tüm lokuslara ait kromotogramları Geneious R9 (Biomatters Ltd) programı kullanılarak düzenlendi (Kearse et al. 2012). Tüm diziler varsayılan parametreler ile MUSCLE kullanılarak hizalandı (Edgar 2004). Tüm sekanslar GenBank’ta yer almaktadır (Çizelge A.2).

Mikrosatelit analizlerini uygulayabilmek için, üç farklı mitokondriyal kladtan 85 örneği kullandık. *Microtus arvalis* için geliştirilen 10 polimorfik lokus (Çizelge B.3) üç çoklu set ile çoğaltıldı (Gauffre et al. 2007, Walser and Heckel 2008). Allel skorları Geneious R9 programı (Biomatters Ltd) ile belirlendi. Üç lokusu oldukça düşük sayıda allele sayısına sahip olması ve hayalet alleller içermesi yorumlamalarını güçleştirdiği için ileri analizlere dahil etmedik. Mikrosatelit verileri içerisinde büyük allel sapması ve noksan allellerin varlığına dair bir delile rastlanmadı. Ham veriler MICRO-CHECKER 2.2 programı ile kontrol edildi (Van Oosterhout et al. 2004). *M. dogramacii* için de planlanan bu analizler bütçe yetersizliği nedeniyle yapılamamıştır.

2.2 FİLOGENETİK ANALİZLER

Öncelikle Türkiye’deki tüm *Microtus* türlerinin filogenetik ilişkilerini inceleyebilmek için elimizdeki her mtDNA kladtan bir veri seti oluşturdum. Dış grup olarak *Chionomys nivalis*’i seçtim. Filogenetik ağaçlar için iki farklı metodoloji uyguladım. İlk olarak Bayesci yaklaşım ile MrBayes 3.2 programı ile filogenetik ilişkileri çözmeyi amaçladım (Ronquist et al. 2012). Bağımsız MCMC analizleri 50.000.000 jenerasyon üzerinden yürütüldü ve her 1.000 jenerasyon da bir örneklendi. İlk oluşturulan ağaçlardan %10’luk kısmı elimine edildi. Analiz edilen diziler, düzeltilmiş Bayesian bilgi kriterine (corrected Bayesian information criterion) göre en uygun mutasyon değişim (substitution) modeli olarak ModelTest-NG ile Hasegawa-Kishino-Yano (HKY) modeli belirlendi (Darriba et al. 2019). İkinci yaklaşım olarak Maksimum Olasılık (ML) için RaxMLGUI 2.0 programını kullandım (Edler et al. 2021). Programda “ML+ rapid bootstrap” opsiyonunu seçtim. Bootstrap sayısını da istatistiksel olarak desteklenmesi için 1.000 olarak belirledim.

2.3 AYRILMA ZAMANI ANALİZLERİ

Ayrılma zamanı tahmini için tanımlanan bütün mtDNA soylarından CYTB dizileri seçerek bir veri seti hazırladım. Veri seti için, her klad içerisinde birbirine en uzak olan haplotipleri seçtim (Çizelge A.2). Analizler için Bayesian MCMC algoritması kullanılarak BEAST v.2.5.1 programını kullandım. Fosil kalibrasyonlarına dayanarak oluşturulan filogenetik ağaçlar, tamamlanmamış soy dağılımının yüksek olduğu ve gen dizisi farklılıklarının tür farklılaşmasından daha da uzağında yer aldığı durumlarda topoloji tahmininde güçsüzlükler gösterebilmektedir (Tiley et al. 2020). Bu sebeple kalibrasyon noktasına gerek duymaksızın, mutasyon değişim oranı kullanarak, radyokarbon tarihleri ile örneklerin stratigrafi pozisyonlarının birbiri ile uyumlu olduğu, Arvalis grubu içerisindeki farklı türleri içeren veri seti için kullanılan bir oranı Socialis grubu içindeki ayrılma zamanını tahmin edebilmek için kullandım (1.25×10^{-7} substitutions/site/year⁻¹; Baca et al. 2021). Mutasyon değişim oranları yakın zamanda pek çok *Microtus* türü için kullanılmıştır (*Microtus arvalis*, Martínková et al. 2013, *Microtus agrestis*, Herman et al. 2014; *Microtus cabrerea*, Barbosa et al. 2017). Ancak bu çalışmalarda kullanılan oranlar genellikle tür içi ayrılmaları vermekte türler arasına göre daha başarılı sonuçlar verdiği görülmektedir (Mahmoudi et al. 2017). Bu veri seti içine de dış grup olarak *Chionomys nivalis*’i ekledim.

Bağımsız MCMC analizleri 50 milyon jenerasyon üzerinden yürütüldü ve her 1000 jenerasyon da bir örneklendi. İlk oluşturulan ağaçlardan %10'luk kısmı elimine edildi. Analize birbirine yakın akraba türleri dahil edilmiştir, bu sebeple Yule türleşme modelini UPMGA başlangıç ağacı olarak seçildi (Drummond and Rambaut 2007). Efektif populasyon büyüklüğü (ESS) ve yakınsama tahminleri TRACER v 1.5'de olasılık grafiklerine bakılarak değerlendirildi. Final ağacı, oluşturulan MCMC ağaçları üzerinden TreeAnnotator v 2.6.3'deki maksimum klad güvenilirlik topolojisi kullanılarak düzenlendi (Drummond and Rambaut 2007). Ağacın posterior olasılıkları 0,5 ile sınırlandırılmış ve nod ortalama değerleri alınmıştır. Tüm ağaçları FigTree v.1.4.4 (Rambaut 2012) programı kullanarak çizdim.

Mikondriyal DNA kladları arası ve içindeki genetik mesafeleri hesaplamak için MEGAX'deki benzerlik matrisleri p-distance metodu kullanılarak hesaplandı (Kumar et al. 2018).

2.4 POPULASYON YAPISI ANALİZLERİ

Tanımlanan mtDNA kladlarının haplotip ve nükleotid çeşitliliklerini hesaplamak için DNAsp v5.10.01 programı kullanıldı (Librado and Rozas 2009). nuDNA haplotiplerin çıkarılması için Bayesian algoritması kullanılarak DNAsp'daki PHASE programı kullanıldı (Librado and Rozas 2009). mtDNA ve nuDNA haplotipleri arasındaki varyasyonu görüntüleyebilmek için alternatif bir yaklaşım olan istatistiksel parsimoni networkleri (TCS) (Templeton et al. 1992; Clement et al. 2000), POPART (Leigh and Bryant 2015) programı kullanılarak çizildi. Oluşturduğumuz networkleri her kladın alt gruplarının filogenetik ilişkilerini göz önünde bulundurarak görselleştirdik.

Microtus anatolicus, *M. hartingi* ve *M. irani* arasındaki populasyon yapısını araştırmak için iki farklı yaklaşım kullandım. Bunlardan ilkinde mikrosatellit verileri birer metrik veri olarak tanımlandıktan sonra, Temel Bileşenler Analizi (PCA), R'de adegenet paketi (Jombart 2008) kullanılarak tanımlanan üç farklı mitokondriyal kladın bireyleri arasındaki çoklu genotip farklılaşmasının örüntülerini görselleştirmek için kullanıldı.

İkinci olarak, bir Bayesian kümeleme yaklaşımı olan STRUCTURE 2.3.4 programını karışım model ve ilişkili allel frekansları özellikleri üzerinden günümüz gen alışverişi tespit etmek için kullandım (Pritchard et al. 2000). Bir ile dört hipotetik populasyon ($K=1-5$) sınaması amacıyla 10 bağımsız tekrarlı 100.000 MCMC zinciri yürütüldü ve ilk 50.000 jenerasyonu elimine edildi. Programı LocPrior modülünde farklı mtDNA kladları farklı populasyonlar şeklinde tanımladık. Structure sonuçları, CLUMPAK sunucusu kullanılarak görselleştirildi (Kopelman et al. 2015). Sonuçlardan elde edilen olasılık skorlarını (Q değeri) belirli genetik gruplara ayırmak için kullandım. Tüm analizleri için genetik grupların yayılışlarını haritalamak için Tablaeu v.2021.1 programını (URL-1 2021-1) kullanıldı.





BÖLÜM 3

SONUÇLAR

3.1 VERİ SETİNİN TANIMLANMASI

Bu çalışma için genomun farklı karakteristiğe sahip üç farklı bölgesine yoğunlaştık. Bunlardan ilki olan mtDNA için hedef gruba ait yedi farklı klad içinden 56'sı ilk defa bu çalışmada tespit edilen, toplamda 127 CYTB haplotipi tanımlamış olduk. Mitokondriyal veri seti toplamda 168 ayırıcı bölge (ss) içermektedir. Nükleer genler özelinde GHR için dokuz farklı mtDNA kladtan 52 birey, RAG2 için ise yedi farklı mtDNA kladtan 27 birey analiz edildi (Çizelge 3.1). Mikrosatelitler için ise üç farklı mtDNA kladtan (*M. irani*, *M. anatolicus* ve *M. hartingi*) 85 adet bireyin genotipi çalışmaya dahil edildi.

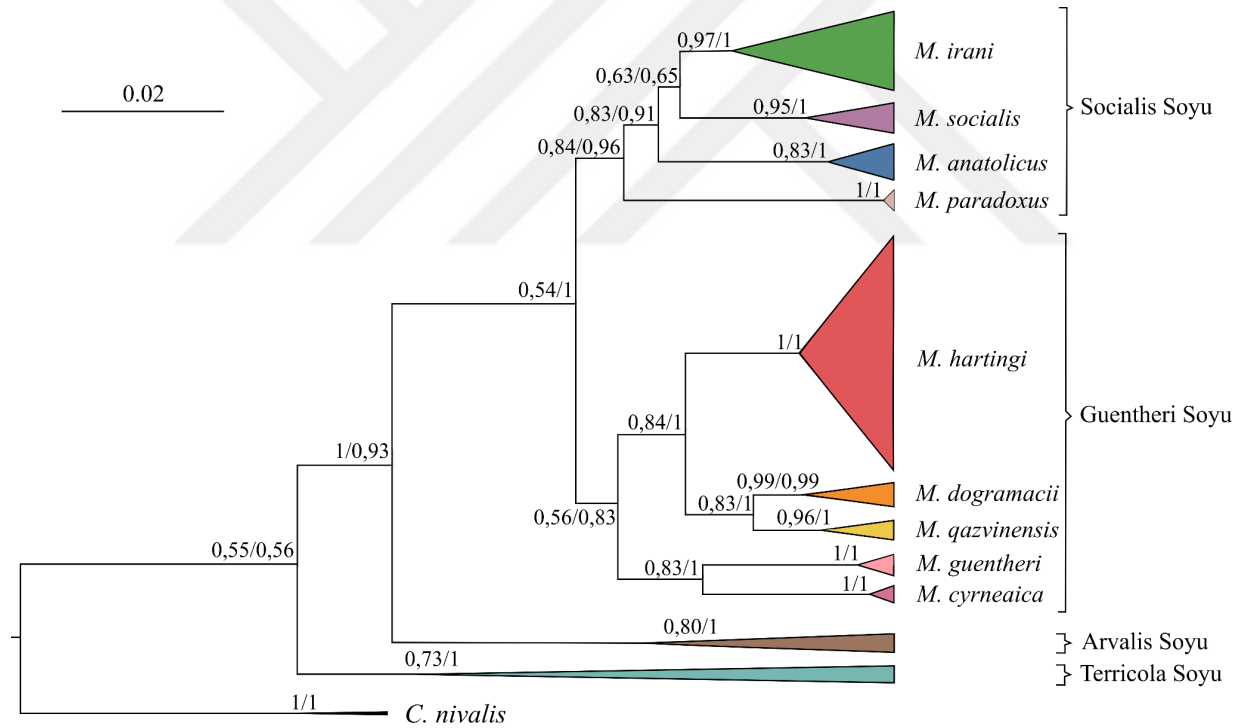
Çizelge 3.1. Oluşturulan veri setindeki örnek sayıları.

Grup	Tür	Bu çalışma			GenBank		
		CYTB	GHR	RAG2	CYTB	GHR	RAG2
Socialis	<i>M. anatolicus</i>	24	5	4	3	-	-
	<i>M. dogramacii</i>	13	2	-	5	-	-
	<i>M. guentheri</i>	10	-	-	6	2	1
	<i>M. hartingi</i>	130	32	12	42	1	-
	<i>M. irani</i>	50	4	5	15	1	-
	<i>M. paradoxus</i>	-	-	-	3	-	-
	<i>M. qazvinensis</i>	5	1	-	10	1	-
	<i>M. cyrenaica</i>	-	-	-	3	-	-
	<i>M. socialis</i>	12	2	1	11	1	-
Arvalis	<i>M. mystacinus</i>	2	2	2	-	1	-
	<i>M. obscurus</i>	2	3	2	-	-	-
	<i>M. arvalis</i>	-	-	-	2	2	-
Terricola	<i>M. subterraneus</i>	2	1	-	-	-	-
	<i>M. daghestanicus</i>	1	-	1	-	-	-
	<i>M. majori</i>	-	-	-	2	-	-
Chionomys	<i>C. nivalis</i>	2	-	-	-	-	-

Dokuz mtDNA kladının TCS network analizlerine göre tür içi soylar *M. guentheri* ve *M. cyrenaica* dışında iki alt gruptan oluştuğu görülmektedir. Anadolu'ya endemik oldukları kabul edilen *Microtus anatolicus* zayıf bir gruplaşma göstermekteyken, *M. dogramacii*'nin Anadolu ve Lübnan haplotipleri iki gruba bölünmektedir.

3.2. MİTOKONDRIYAL FİLOGENİ

CYTB dizilerinin filogenetik rekonstrüksiyonu, hem Bayes ağacı hem de ML için aynı topolojiyi desteklemektedir. Yaptığımız analizler, Socialis grubu içinde dokuz farklı monofiletik kladın yer aldığını göstermektedir. *Chionomys nivalis*, *Microtus* filogenisinin bazalında yer almaktadır (Şekil 3.1). Terricola grubu (*Microtus subterraneus*, *M. daghestanicus* ve *M. majori*) düşük olasılık değeri ile ayrı bir dalda gruplanmıştır. Arvalis grubu (*Microtus obscurus* ve *M. mystacinus*) ile Socialis grubuna daha yakın akraba olarak bulunmaktadır.



Şekil 3.1. CYTB genine göre oluşturulan filogenetik ağaç. ML ve Bayes olasılıkları sırasıyla gösterilmektedir.

Socialis grubu temel olarak Guentheri soyu ve Socialis soyu olmak üzere iki ana soya bölünmektedir. Bunlardan ilki olan Guentheri soyu beş farklı kladdan *Microtus hartingi*, *M. dogramacii*, *M. qazvinensis* ve *M. guentheri* ve *M. cyrenaica*'dan oluşmaktadır. İkincisi ise *M. socialis*, *M. anatolicus*, *M. irani* ve *M. paradoxus* yer aldığı Socialis soyudur. *Microtus paradoxus* bazı analizlerimde düşük olasılıklı olarak Socialis grubunun bazasında konumlanmaktadır. İlk soy içerisinde *M. dogramacii* ile *M. qazvinensis* yakın akraba iken, *M. cyrenaica* ve *M. guentheri* ile yakın akraba durumundadır. *Microtus dogramacii*, *M. hartingi* kladına *M. guentheri*'den daha yakın akrabadır. İkinci soy içerisinde ise *M. socialis*, *M. irani* kladı ile yakın akraba iken, *M. anatolicus* bu iki kladın kardeş taksonudur.

Socialis grubu içerisinde tanımlanan mtDNA kladları arasındaki ortalama genetik farklılıklar yaklaşık olarak % 7'yi geçmemektedir. *Microtus paradoxus* diğer tüm tanımlanan kladlardan ortalama % 6 farklıdır. *Microtus irani*, *M. socialis*'ten yaklaşık olarak %3 farklıdır. Socialis tür kompleksi içerisinde *M. anatolicus*, *M. irani* ve *M. socialis*'ten yaklaşık % 5 farklı iken, Guentheri tür kompleksi içerisinde *M. dogramacii* ile *M. qazvinensis* arasında %2; *M. hartingi* ile %3,5; *M. guentheri* ve *M. cyrenaica* ile %5 civarında farklılık olduğu görülmektedir. *Microtus cyrenaica* ise *M. guentheri*'den yaklaşık % 4 farklılık görülmekte iken, grubun diğer türleri ile bu oran % 5 civarındadır (Çizelge 3.2).

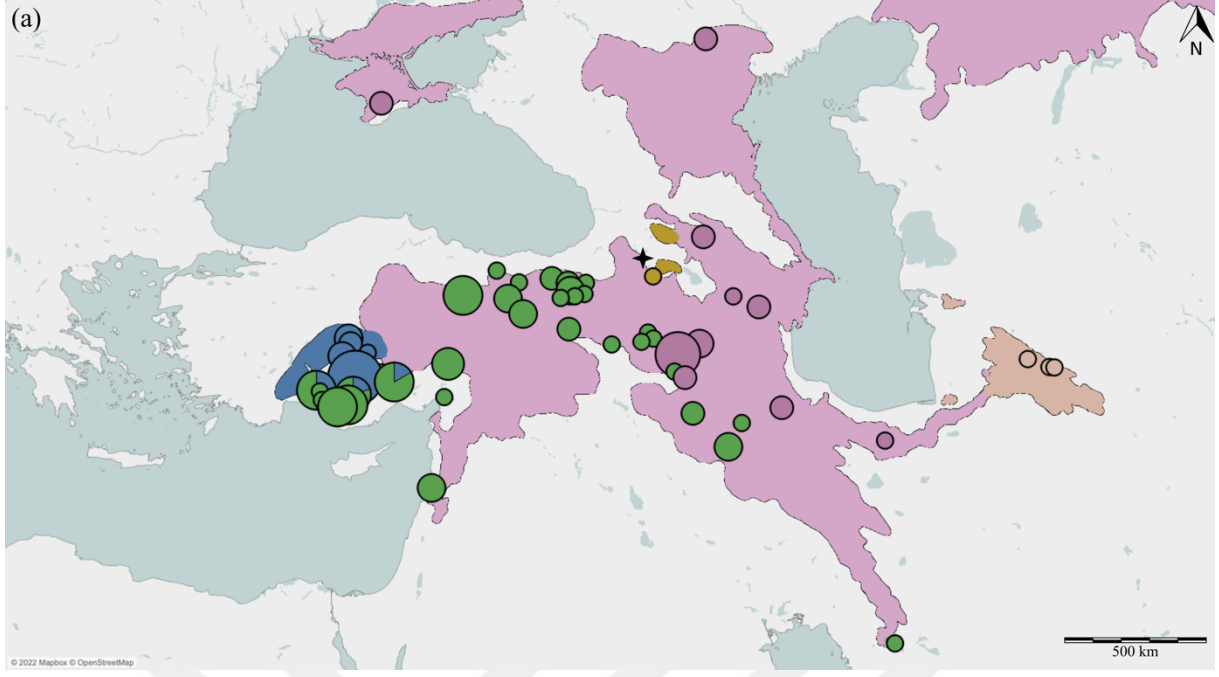
Kladlar içi ortalama genetik farklılığın *M. irani* dışında %1'i geçmediği görülmektedir. *Microtus guentheri*, *M. paradoxus* ve *M. cyrenaica*'nın tür içi genetik farklılığı %0.5'ten küçük; *Microtus anatolicus*, *M. dogramacii*, *M. hartingi* ve *M. qazvinensis* için %0.5'ten büyük; *Microtus socialis* ve *M. irani* için ise %1 ve üzerindedir. Bunun yanında, *M. irani*, *M. socialis* ve *M. hartingi*'de tür içi genetik uzaklık %3'ten büyüktür (Çizelge 3.2).

Çizelge 3.2. CYTB genine dayalı olarak *Microtus* kladları içinde tanımlanan türler arasındaki evrimsel mesafe (alt diyagonal); diyagonalin üzerinde standart hata değerleri (üst diyagonal) ve diyagonal üzerinde kladlar içindeki en yüksek evrimsel mesafe gösterilmektedir.

Soy	Klad	N	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Socialis	1) <i>M. irani</i>	65	0,036	0,007	0,008	0,009	0,009	0,008	0,008	0,009	0,009
	2) <i>M. socialis</i>	23	0,034	0,034	0,009	0,009	0,009	0,009	0,009	0,009	0,009
	3) <i>M. anatolicus</i>	27	0,046	0,049	0,019	0,010	0,011	0,010	0,010	0,010	0,011
	4) <i>M. paradoxus</i>	3	0,057	0,059	0,065	-	0,010	0,009	0,010	0,010	0,010
Guentheri	5) <i>M. hartingi</i>	172	0,051	0,057	0,073	0,074	0,032	0,007	0,007	0,010	0,009
	6) <i>M. dogramacii</i>	18	0,046	0,049	0,067	0,055	0,035	0,026	0,005	0,009	0,009
	7) <i>M. qazvinensis</i>	15	0,041	0,052	0,066	0,064	0,033	0,020	0,020	0,009	0,010
	8) <i>M. guentheri</i>	15	0,059	0,059	0,063	0,066	0,056	0,049	0,052	0,005	0,008
	9) <i>M. cyrenaica</i>	3	0,051	0,052	0,072	0,064	0,056	0,047	0,055	0,043	0,005

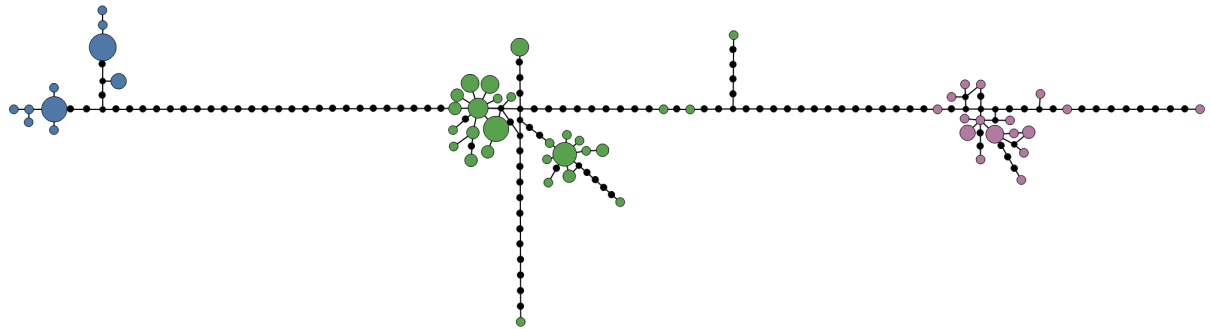
3.3. SOCIALIS GRUBUNUN FİLOCOĞRAFİK ANALİZİ

Grup içerisinde tanımlanan üç mtDNA kladın Batı Palearktik içerisinde Batı'dan Doğu'ya doğru yayılış gösterdikleri görülmektedir. Mitokondriyal DNA kladlarının herbirinin yayılışı kontak bölgelerde çakışmaktadır. *Microtus anatolicus* ile *M. irani* arasındaki kontrak bölge Batı Toroslar (Antalya, Konya, Karaman) boyunca devam etmektedir. *Microtus irani* ile *M. socialis* arasında ise Kuzey İran'da yer alan Urmiye bölgesidir. Bunun yanında, *Microtus irani* ile *M. anatolicus*'un simpatrik olarak bulunduğu üç lokalite tespit etmiş bulunmaktayız (Şekil 3.2). Tanımlanan mtDNA kladları arasından *M. socialis*'e ait haplotipler Anadolu'nun doğusundaki Kafkas bölgesi boyunca görülmektedir. Ayrıca *M. socialis*'e ait haplotiplere Karadeniz'in kuzeyinde (Kırım-Ukrayna) rastlanmaktadır (Şekil 3.2). Doğu Anadolu'da bulunan bazı *M. irani* haplotipleri, *M. socialis* haplotiplerine görece yakın konumlanmaktadır (Şekil 3.3).



Şekil 3.2. Socialis soyuna ait mtDNA kladlarının yayılışı. Yayılış haritaları IUCN Kırmızı Listesi internet sayfasından alınmıştır. Yeşil, *M. irani* (Mahmoudi and Kennerley 2019); mor, *M. socialis* (Tsytulina et al. 2016) mavi, *M. anatolicus* (Dando and Kennerley 2021) ve sütlü kahve, *M. paradoxus* (Shenbrot and Kryštufek 2016). Siyah yıldız ile gösterilen sarımsı yeşil örnek *M. schidlovskii*'yi göstermektedir.

Tanımlanan mtDNA kladları içerisinde, *M. irani* en geniş yayılışa sahiptir. Yayılışın en batısı Anadolu'da Toroslardan başlayıp Anadolu Diyagonalı boyunca Doğu Anadolu'ya, Kuzey İran ve Güney'de Shiraz (İran)'a kadar uzanmaktadır (Şekil 3.4). *Microtus socialis* ile kardeş taksonu oluşturmaktadır. *M. irani* haplotip ve nükleotid çeşitliliği bakımından *M. socialis*'e benzemektedir. Bu klad için 65 örneğe ait 20 tanesi ilk defa bu çalışmada olmak üzere toplamda 30 adet mtDNA haplotipi tanımladık (Çizelge 3.3).



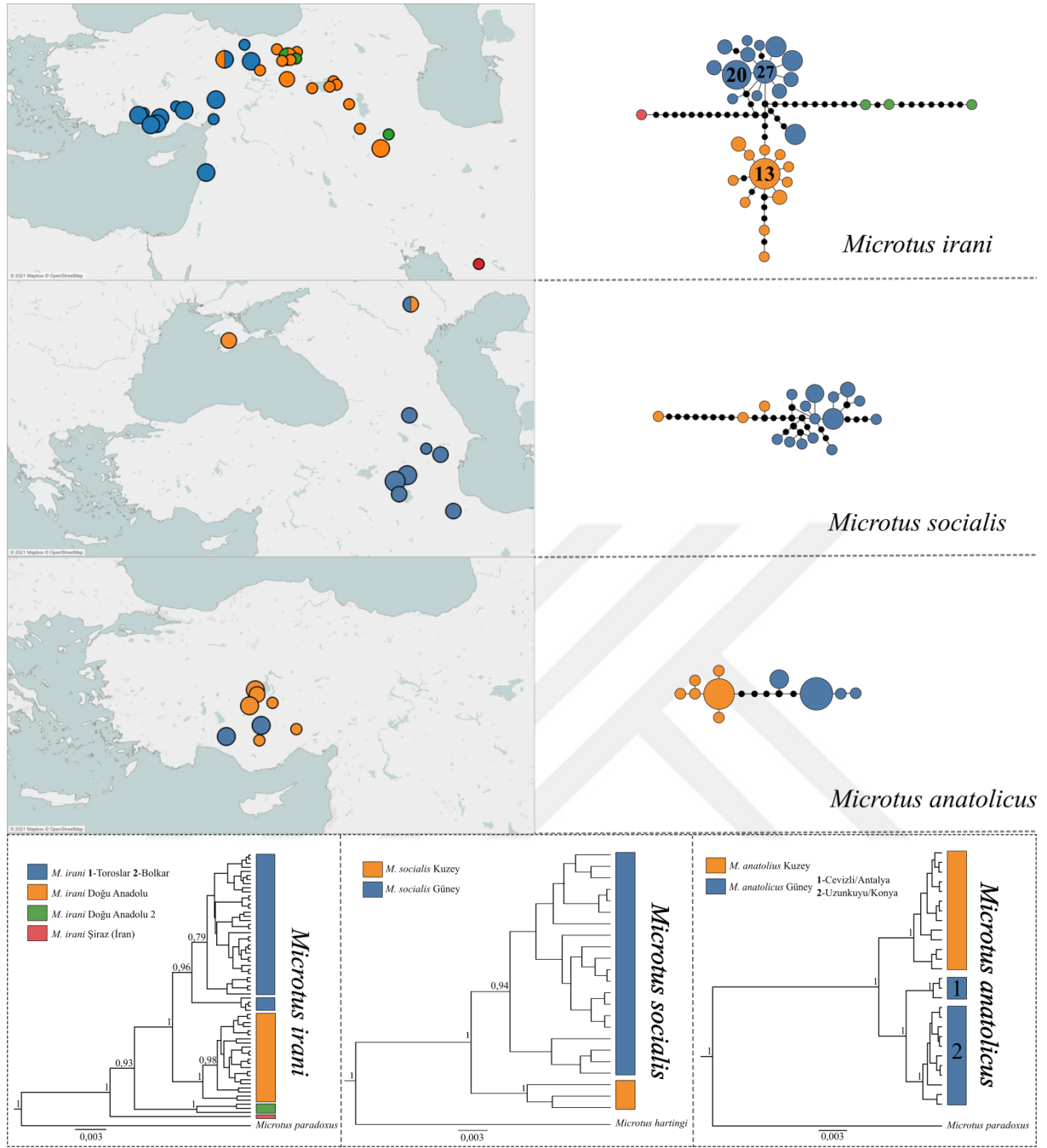
Şekil 3.3. Socialis (Irani) grubuna ait mtDNA kladların CYTB haplotiplerinin istatistiksel parsimoni ağı. TCS networkünde yer alan noktalar mtDNA kladları arasındaki temel baz farklılıklarını göstermektedir (Mavi, *M. anatolicus*; Mor, *M. socialis*; Yeşil, *M. irani*).

Microtus irani haplotiplerinin yayılışı ve network yapısı yüksek mtDNA yapısı göstermektedir. *Microtus irani* haplotipleri, Batı (Toroslar, Anadolu Diyagonali), Doğu (Doğu Anadolu, İran), Doğu II (Doğu Anadolu'daki farklılaşmış haplotipler) ve Şiraz (İran) olmak üzere farklı dört soyun varlığını önermektedir. Anadolu'da yaygın olarak rastladığımız *M. irani*'nin Batı ve Doğu alt kladlarının her ikisi de merkez bir haplotip çevresinde (H13, H20 ve H27) yıldız şeklinde bir yayılış göstermektedir (Şekil 3.4). *M. irani*'nin Doğu II ve Şiraz alt kladları birbirinden ortalama 14 mutasyon basamağı uzaklıkta iki farklı alt-populasyonun (kırmızı ve yeşil haplotipler) daha olduğunu göstermektedir (Şekil 3.4). *Microtus irani*'nin birbirinden farklılaşmış haplotiplerinin bulunması eski ve daha devamlı populasyonların varlığına işaret etmektedir. *Microtus irani*'nin batıdaki haplotipleri doğuda yayılış gösteren haplotiplere oranla daha homojen bir yapıya sahiptir.

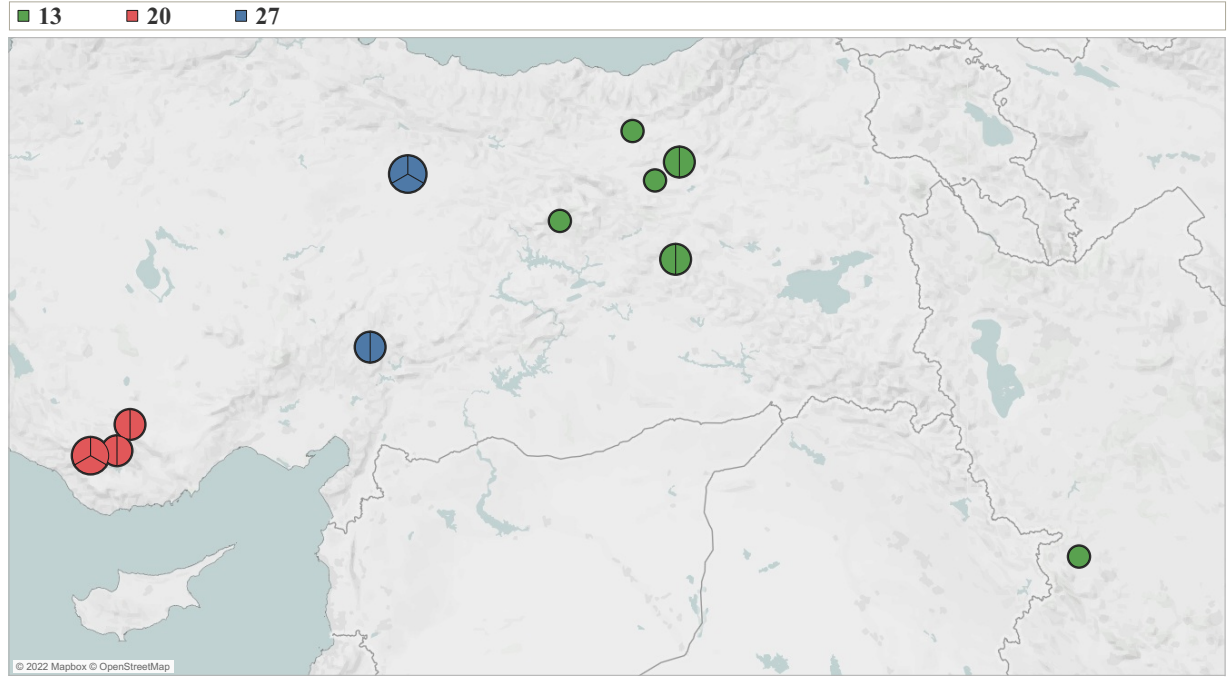
Tanımlanan mtDNA kladları içerisinde, *M. socialis* en yüksek nükleotid ve haplotip çeşitliliğine sahiptir. Bu klad için 23 örneğe ait yedi tanesi ilk defa bu çalışmada olmak üzere toplamda 17 adet mtDNA haplotipi tanımladık (Çizelge 3.3). *Microtus socialis*, *M. irani*'den sonra en geniş yayılışa sahip olandır. *Microtus socialis*'in yayılışının en batı ucu Anadolu'nun en doğusu olup, yayılışı Hazar Denizi'nin doğusuna kadar devam etmektedir (Şekil 3.4). *Microtus socialis*, *M. irani*'nin kardeş taksonudur.

Microtus socialis haplotiplerinin yayılışı ve network yapısı Kuzey (Kırım, Kafkaslar) ve Güney (İran) olmak üzere farklı iki soyun varlığını önermektedir. Güney kladı, Kuzey kladına görece daha büyük bir alanda yayılış göstermektedir. *M. socialis*'in güney kladı için görece merkezi bir haplotip çevresinde konumlanmıştır. *M. socialis*'in kuzey kladı (Turuncu) ise birbirlerinden sekiz mutasyon basamağı uzaklıkta iki farklı alt populasyona ayrılmaktadır (Şekil 3.4).

Tanımlanan mtDNA kladları içerisinde, *M. anatolicus* en dar yayılışa sahiptir. Tuz Gölü'nün güneyi ile Batı Toroslar arasında yayılış göstermektedir (Şekil 3.4). Aynı gruptaki diğer mtDNA kladları ile kıyaslandığında, *M. anatolicus*'un genetik çeşitliliği daha azdır. Bu klad için 27 örneğe ait yedisi yeni olmak üzere toplamda 10 adet mtDNA haplotipi tanımladık (Çizelge 3.3). *M. anatolicus* haplotiplerinin yayılışı ve network yapısı sınırlı mtDNA yapısına sahiptir. *M. anatolicus* haplotipleri birbirlerinden dört mutasyon basamağı uzaklıkta iki zayıf alt populasyonun varlığını önermektedir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. *Socialis* grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlara ait populasyonlarındaki CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı, istatistiksel parsimoni ağı ve filogenetik alt grupları gösterilmektedir. TCS networkünde yer alan noktalar haplotipler arasındaki temel baz farklılıklarını göstermektedir. Mavi batı; turuncu ise doğu populasyonlarını göstermektedir. Haplotipler üzerinde yer alan rakamlar, Şekil 3.5'teki merkezi haplotiplerin yayılışlarını göstermek için yazılmıştır.



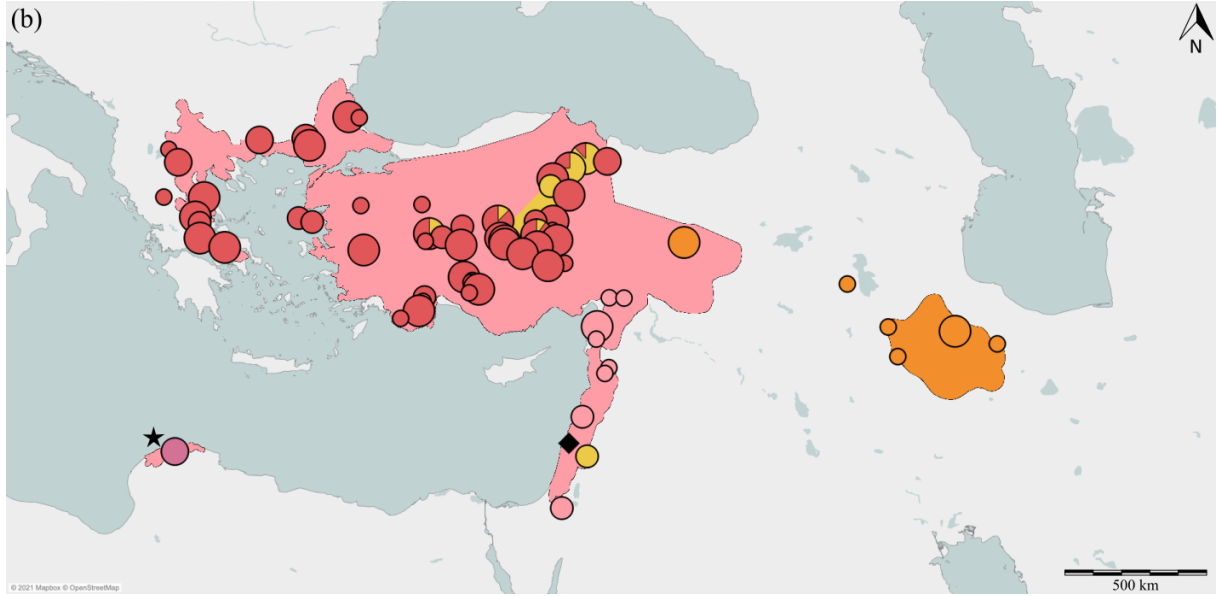
Şekil 3.5. *Microtus irani* populasyonlarındaki merkez CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı

Çizelge 3.3. Socialis grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlarına ait genetik çeşitlilik istatistikleri: Analiz edilen örnek sayısı (N), haplotip sayısı (h), ayırma bölgeleri (ss) ve standart sapmaları (SD) ile birlikte nükleotit (π) ve haplotip çeşitlilikleri (Hd).

İstatistik	<i>M. irani</i>	<i>M. socialis</i>	<i>M. anatolicus</i>	<i>M. paradoxus</i>
N	65	23	27	3
h	30	17	10	3
ss	49	35	14	1
π (SD)	0,01091 (0,00106)	0,00960 (0,00192)	0,00769 (0,00047)	-
Hd (SD)	0,952 (0,012)	0,960 (0,027)	0,809 (0,053)	-

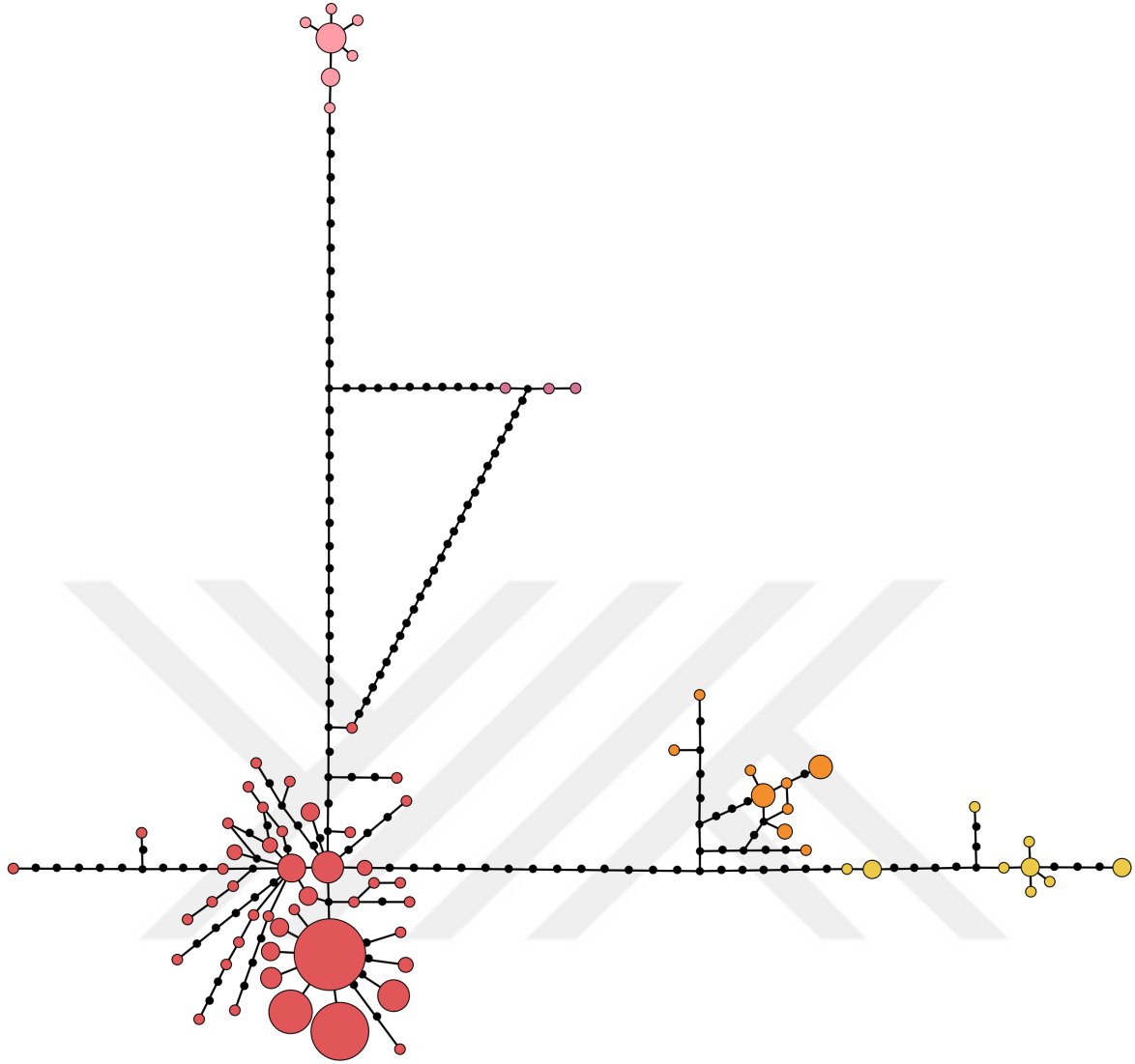
3.4. GUENTHERI GRUBUNUN FİLOCOĞRAFİK ANALİZİ

Grup içerisinde tanımlanan beş mtDNA kladının Batı'dan Doğu'ya doğru yayılış gösterdikleri ve birbirinin kardeş taksonu olan her mtDNA kladın yayılış alanının Anadolu diyagonalı tarafından sınırlandırıldığı görülmektedir (Şekil 3.6). *Microtus hartingi* ile *M. dogramacii*'nin simpatrik olarak yayılış gösterdiği beş lokalite bulunmaktadır (Şekil 3.6). *Microtus dogramacii*, *M. qazvinensis*'e göre nispeten daha geniş bir yayılışa sahiptir. Tanımlanan mtDNA kladları arasındaki haplotiplerin network yapısı *M. qazvinensis* haplotiplerinden birkaçının *M. dogramacii*'ya yakın mesafede konumlandığını göstermektedir (Şekil 3.7). Bununla birlikte, *M. cryenaica* haplotipleri *M. hartingi* ve *M. guentheri* arasında bulunmaktadır (Şekil 3.7).



Şekil 3.6. Guentheri grubuna ait mtDNA kladlarının yayılışı. Yayılış haritaları IUCN Kırmızı Listesi internet sayfasından alınmıştır. Kırmızı, *M. hartingi* (Amori 2016); turuncu, *M. dogramacii* (Kryštufek et al. 2017); sarı (siyah elmas, Lübnan'daki *M. dogramacii*), *M. qazvinensis* (Kennerley 2016); pembe, *M. guentheri* (Amori 2016) ve lavanta *M. cryenaica* (Amori 2016) (siyah yıldız) örneklerini göstermektedir.

Microtus hartingi geniş bir yayılışa sahiptir. *Microtus hartingi* haplotiplerinin yayılışı Balkanlar boyunca devam edip Anadolu Diyagonalı'na kadar uzanmaktadır (Şekil 3.8). *Microtus hartingi* grup içinde tanımlanan mtDNA soylar içerisinde genetik çeşitliliği görece en yüksek olanıdır. *Microtus hartingi*'nin 172 örneğe ait 17 tanesi yeni olmak üzere toplamda 45 adet mtDNA haplotipi tanımladık (Çizelge 3.4). *Microtus hartingi* haplotiplerinin yayılışı ve network yapısı yüksek mtDNA yapısı göstermektedir. *M. hartingi* populasyonlarının birbirine oldukça yakın konumlanmış yıldız şeklinde üç merkezi haplotip üzerinde bulunmaktadır.



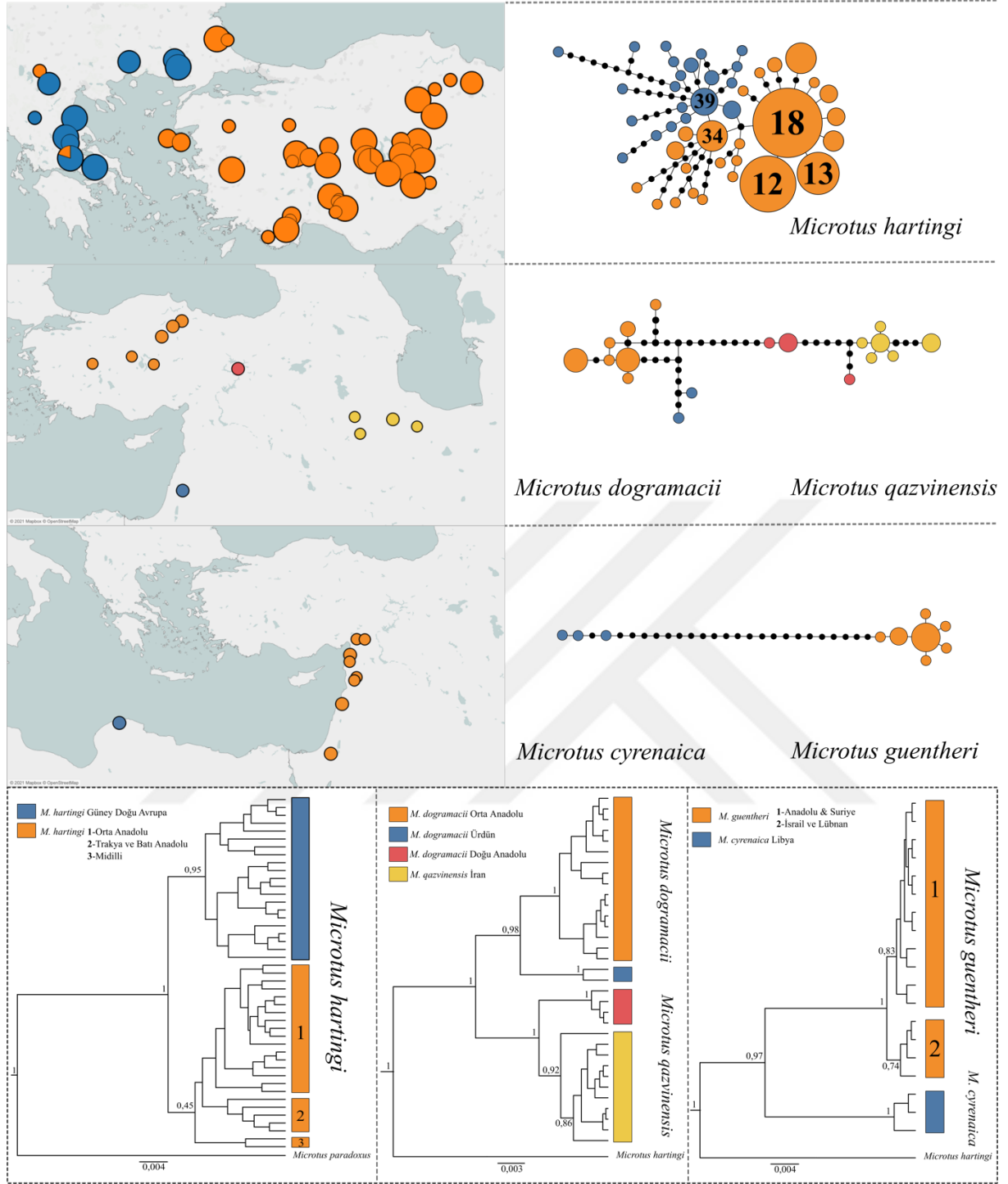
Şekil 3.7. Guentheri grubuna ait mtDNA kladlarının CYTB haplotiplerinin istatistiksel parsimoni ağı. TCS networkünde yer alan noktalar mtDNA kladları arasındaki temel baz farklılıklarını göstermektedir (Sarı, *M. qazvinensis*; Turuncu, *M. dogramacii*; Pembe, *M. guentheri*; Lavanta, *M. cyrenaica*; Kırmızı, *M. hartingi*).

Microtus hartingi'nin ilk merkezi haplotipi (H18), Orta Anadolu içerisindeki örnekleri çok büyük kısmını kendi başına barındırmaktadır. *Microtus hartingi*'nin ikinci merkezi haplotip ise Yunanistan yarımadası boyunca birbirlerinden farklılaşmış haplotiplerle bağlantılıdır. *Microtus hartingi*'nin üçüncü merkezi haplotip (H34) üzerinde, hem Anadolu, hem de Balkanlar'daki populasyonlarda görülmektedir (Şekil 3.9). Örneğin, Midilli adasındaki *M. hartingi* haplotipleri, Anadolu'daki haplotiplere görece yakın konumlanmaktadır (Şekil 3.8). *Microtus hartingi*'nin haplotip analizi, Anadolu populasyonlarının günümüze doğru merkezi bir haplotip üzerinden genişlediğini göstermektedir. bunun aksine *Microtus hartingi*'nin balkan haplotiplerinin ise daha eski ve kalıcı populasyonlar olması muhtemeldir.

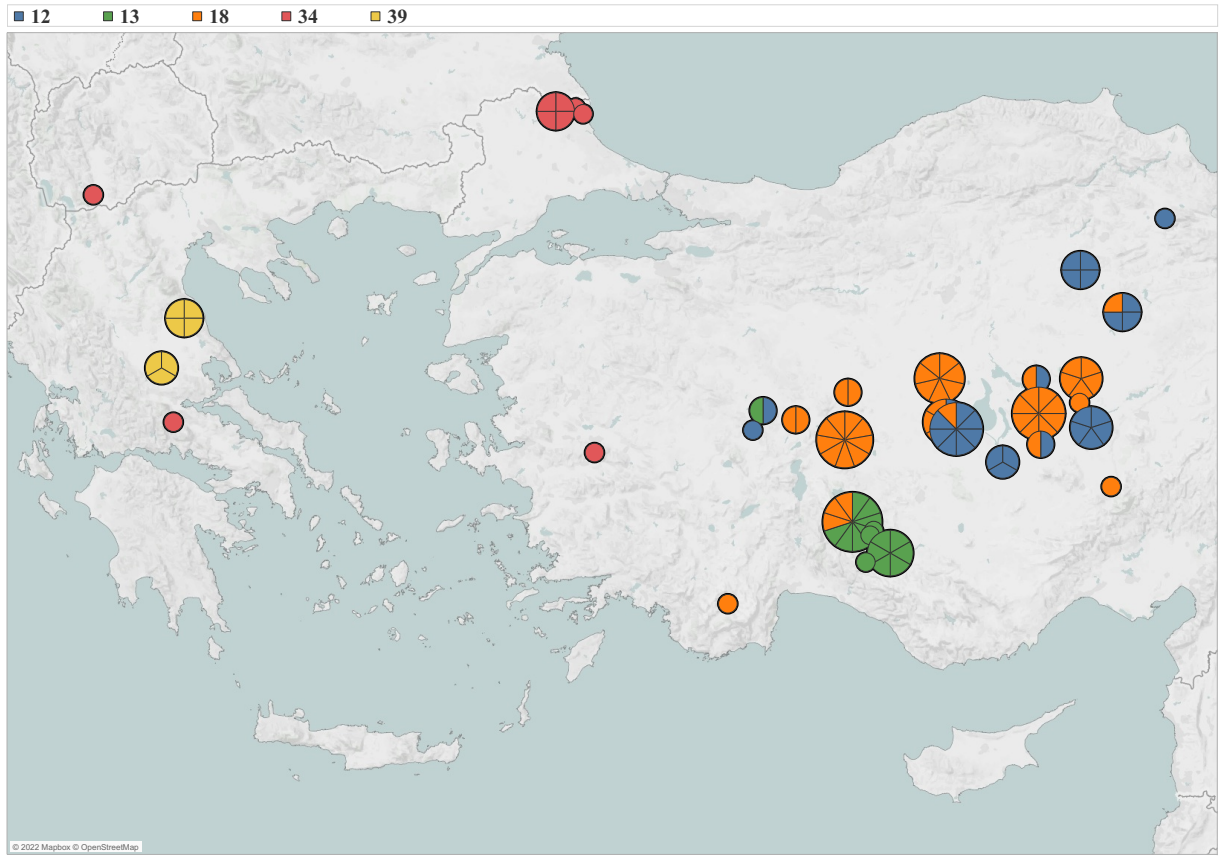
Tanımlanan mtDNA kladları içerisinde, *M. dogramacii* geniş bir yayılışa sahiptir. *Microtus dogramacii* haplotiplerinin yayılışı Anadolu'nun batısında Amasya'dan Afyon'a kadar uzanması yanı sıra, Anadolu dışından Ürdün'den haplotipleri bulunmaktadır. *Microtus dogramacii*'nin Anadolu'daki haplotipleri ile Ürdün'deki haplotipleri arasında altı baz farkı bulunmaktadır (Şekil 3.8). *Microtus dogramacii* Ürdün'den tanımlanan haplotipleri ile birlikte değerlendirildiğinde görece yüksek mtDNA yapısı görülmektedir. *Microtus dogramacii*, yakın akrabası *M. qazvinensis*'e 12 mutasyon farkı uzaklıktadır (Şekil 3.8). *Microtus dogramacii*'nin *Microtus qazvinensis*'e göre genetik çeşitliliği daha az olup, bu klad için 18 örneğe ait dört tanesi yeni olmak üzere toplamda dokuz adet mtDNA haplotipi tanımladık (Çizelge 3.4).

Tanımlanan mtDNA kladları içerisinde, *M. qazvinensis* en fazla genetik çeşitliliğe sahiptir (Çizelge 3.4). *Microtus qazvinensis*'e ait 15 örneğe ait üç tanesi yeni olmak üzere toplamda dokuz adet mtDNA haplotipi tanımladık (Çizelge 3.4). Filogenetik olarak, *Microtus qazvinensis* ile *Microtus dogramacii* kardeş taksondur. *Microtus qazvinensis* haplotiplerinin yayılışının en batı noktası Elazığ'dan Kuzey İran bölgesine kadar uzanmaktadır (Şekil 3.8). *Microtus qazvinensis* haplotiplerinin yayılışı ve networkü sınırlı bir mtDNA yapısı göstermektedir. *Microtus qazvinensis*'in Elazığ haplotipleri dışındaki örneklerin merkezi bir haplotipten yayıldığı görülmektedir (Şekil 3.8).

Tanımlanan mtDNA kladları içerisinde, *M. guentheri* en dar yayılışa sahip olandır. Bilinen en kuzey noktasını Gaziantep; en güneyi ise Ürdün olacak şekildedir. (Şekil 3.8). *Microtus guentheri*, grup içinde tanımlanan mtDNA kladlar içerisinde genetik çeşitliliği en az olanıdır. Bu klad için 16 örneğe ait üç tanesi yeni olmak üzere toplamda yedi adet mtDNA haplotipi tanımladık (Çizelge 3.4). *Microtus guentheri*'nin en yakın akrabası *M. cyrenaica*'dır. *Microtus cyrenaica*'nın şimdiye kadar Libya'dan tanımlanmış yalnızca üç haplotipi bulunmaktadır. *Microtus guentheri* ile *M. cyrenaica* arasında 22 baz farkı bulunmaktadır (Şekil 3.8). Bunun dışında tanımlanan tüm *M. guentheri* haplotipleri merkezdeki bir haplotip ile sınırlı bir mtDNA yapısı sergilemektedir (Şekil 3.8).



Şekil 3.8. Socialis grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlara ait populasyonlardaki CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı ve istatistiksel parsimoni ağı ve filogenetik alt grupları gösterilmektedir. TCS networkünde yer alan noktalar haplotipler arasındaki temel baz farklılıklarını göstermektedir. Turuncu, Anadolu’da ve Trakya’daki merkezi haplotipleri, Mavi ise Yunanistan yarımadası içerisindeki merkez haplotip ve komşusu olan haplotipleri göstermektedir. Haplotipler üzerinde yer alan rakamlar, Şekil 3.9’deki merkezi haplotiplerin yayılışlarını göstermek için yazılmıştır.



Şekil 3.9. *Microtus hartingi* populasyonlarındaki merkez CYTB haplotiplerinin coğrafik dağılımı

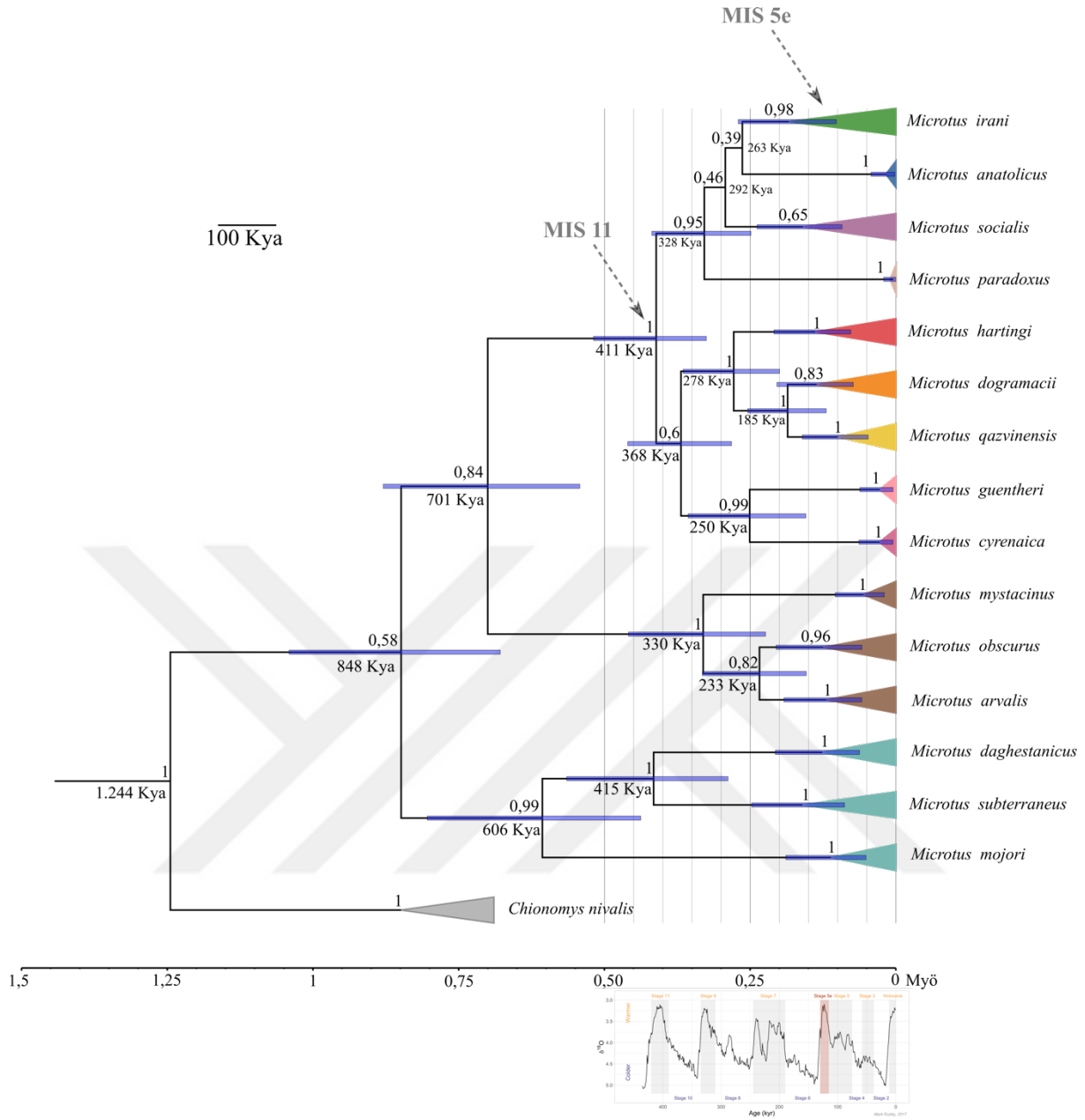
Çizelge 3.4. Guentheri grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlarına ait genetik çeşitlilik istatistikleri: Analiz edilen örnek sayısı (N), haplotip sayısı (h), ayırma bölgeleri (ss) ve standart sapmaları ile birlikte nükleotit (π) ve haplotip çeşitlilikleri (Hd).

İstatistik	<i>M. hartingi</i>	<i>M. dogramacii</i>	<i>M. qazvinensis</i>	<i>M. guentheri</i>	<i>M. cryenaica</i>
N	172	18	15	16	3
h	45	9	9	7	3
ss	53	18	16	6	-
π (SD)	0,00574 (0,00047)	0,00723 (0,00162)	0,00913 (0,00124)	0,00175 (0,00039)	-
Hd (SD)	0,883 (0,017)	0,863 (0,057)	0,914 (0,047)	0,742 (0,105)	-

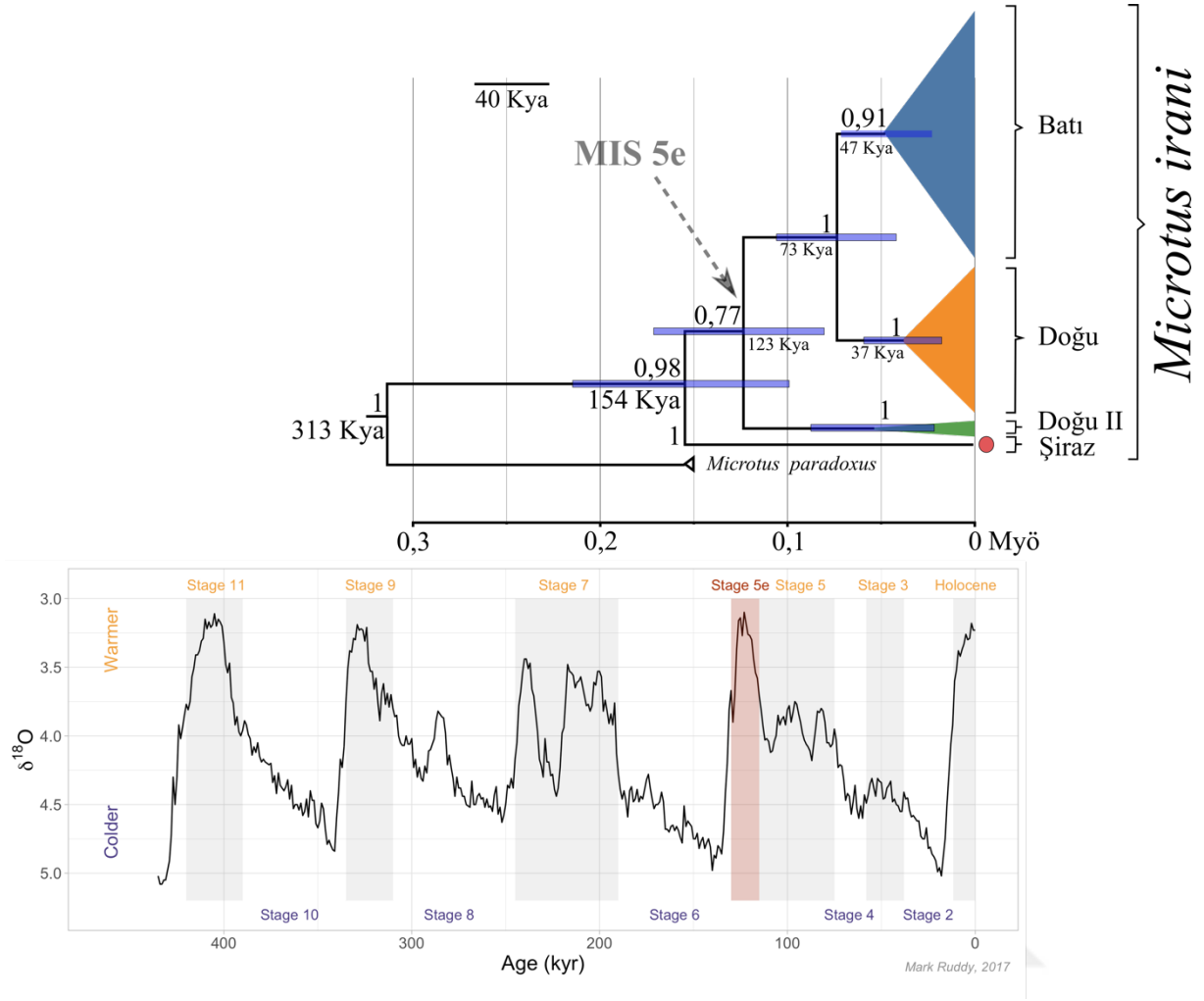
3.5. AYRILMA ZAMANI ANALİZLERİ

Ayrılma zamanı analizleri için son çalışmalarda farklı *Microtus* türlerinin ayrılma zamanı tahminleri için kullanılmış bir mutasyon oranı seçtik. Ayrılma zamanı sonuçları, *Socialis* grubuna ait iki ana soy hattının yaklaşık olarak 411 bin yıl öncesinde birbirlerinden ayrıldığını göstermektedir. *Socialis* grubu içinde tanımlanan mtDNA kladlarının yaşları ise Orta Pleyistosen'in sonu kadar gitmektedir. Tüm mtDNA kladların 20 bin ile 140 bin yıl arasında koalese oldukları görülmektedir. Bu sonuçlar, *Socialis* grubu mtDNA kladları için daha önceden bildirilenden daha genç bir ayrılmayı işaret etmektedir. Bu ayrılma zamansal olarak Pleyistosen'in MIS11'deki buzullararası dönem gerçekleştiği görülmektedir (Şekil 3.10). Tarihsel olarak tüm kladların farklılaşmaları üzerinde son buzullar arası periyodun (MIS5e-LIG) bir sonucu olarak görülebilir.

Populasyon yapısı olarak *Socialis* grubu içinde en çeşitli filocoğrafik grupların *Microtus irani* içinde olduğu görülmektedir. *M. irani*'nin mtDNA kladları arasında en eski ortak atanın yaklaşık 150 bin yıla kadar geçmişe sahip olduğu görülmektedir. *Microtus irani* içindeki en eski soylardan olan Doğu II ve Şiraz alt kladlarının 100 bin yıldan daha öncesinde son buzullar arası dönem içerisinde (MIS5e) birbirlerinden ayrıldığı görülmektedir. Doğu II alt kladının son interglasiyel dönem içinde Anadolu'da yaygın haplotiplerine rastladığımız iki gruptan (Batı ve Doğu I) ayrıldığı görülmektedir. Son buzul maksimuma gelene kadar bütün ana soy hatlarının ortaya çıktığı görülmektedir (Şekil 3.3).



Şekil 3.10. Tüm mtDNA kladları arasındaki soy ayrılma tahminleri. Posterior olasılıklar dalların üstlerinde yer almaktadır. Socialis grup içerisindeki ana ayrılmanın son 400 bin yıl öncesindeki interglacial dönem (MIS11) içinde başladığını gösterilmektedir. Ayrılma zamanları Denizel Oksijen İzotop Katlarından (MIS) elde edilen veriler ile örtüşmektedir (Görsel kaynak URL-1’den alınmıştır).



Şekil 3.11. *Microtus irani*'nin günümüz populasyonlarının soy ayrılma tahminleri. Posterior olasılıklar dalların üstlerinde yer almaktadır. *Microtus irani* alt kladları yaklaşık olarak Pleyistosen içindeki son interglasiyel dönem (LIG) ve hemen öncesinde birbirilerinden ayrılmaktadır; altta ise son 400 bin yıl önceden günümüze kadar geçen süre içinde denizel oksijen izotop katlarının zaman içerisindeki değişimi gösterilmektedir (Görsel URL-1'den alınmıştır). Ana alt kladlar şu gruplardan oluşmaktadır: Batı, Toroslar ve Anadolu Diyagonali boyunca görülmektedir; Doğu, Doğu Anadolu ve İran'ın kuzeyinde; Doğu II, Doğu Anadolu'daki daha eski haplotipler ve Şiraz, *M. irani*'nin tip lokalitesi.

3.6. NÜKLEER (nuDNA) POPULASYON YAPISI ANALİZİ

3.6.1. Nükleer DNA'ya Göre mtDNA Kladlarının Populasyon Yapısı Analizi

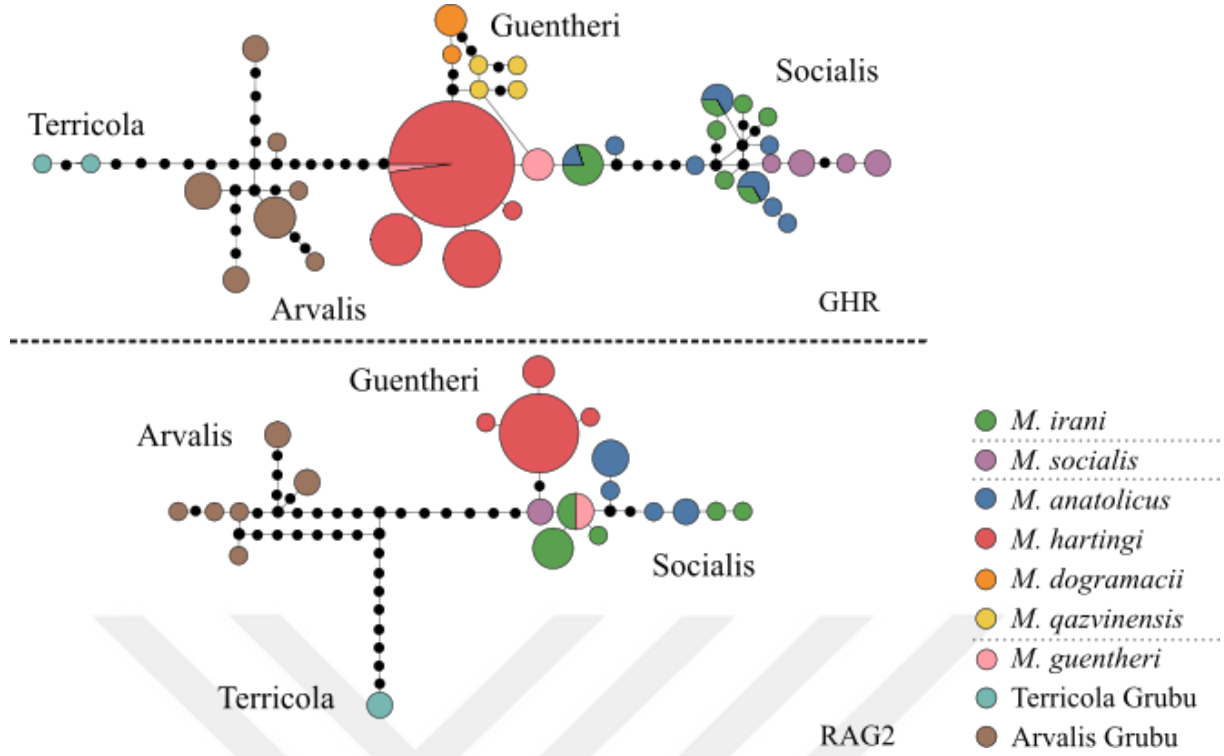
Toplamda iki nuDNA lokus ile 78 örneği dört ana *Microtus* soyunu temsil edecek şekilde sekansladık (Ek Çizelge 1). Nükleer lokusların analizi sonucunda, Anadolu'da yayılış gösteren *Microtus* türlerinin üç ana gruba bölündüğü görülmektedir. Arvalis ve Terricola grupları iyi bir şekilde ayırım gösterirken, Guentheri ve Socialis grupları görece daha yakın görünen ya da üst üste binmiş haplotipler barındırmaktadır.

GHR networkünde, *M. irani* ile *M. anatolicus* örnekleri; *M. hartingi* ile de *M. guentheri* örnekleri birkaç haplotipi paylaşmaktadır. *Microtus hartingi*'nin çok sayıdaki bireyi, *M. guentheri* ile de paylaştığı yaygın merkezi bir haplotip tarafından temsil edilmektedir. *Microtus socialis* yakın akrabaları ile her iki nuDNA lokusu için herhangi bir haplotip paylaşımamaktadır (Şekil 3.12). Bu *Microtus* türleri için soy sınıflandırması tam olmaktan uzak görünmektedir. RAG2 networkünde, herhangi bir farklılaşma görünmemektedir. Bu durumun temel sebebi olarak, az sayıda örnek büyüklüğünden kaynaklı olabileceğini düşünmekteyiz.

GenBank'a *M. socialis* olarak kaydedilen örneğin aslında *M. socialis guentheri* olduğu anlaşılmaktadır (Ek Çizelge 2; Fux and Eilam 2009). Bu örnek hem *Guentheri* grubu haplotiplerine hem de *Socialis* grubu haplotiplerine komşu pozisyonundadır.

Çizelge 3.5. Çalışmada kullanılan nuDNA lokuslarının genetik çeşitlilik istatistikleri: Analiz edilen örnek sayısı (N), ayırma bölgeleri (ss), haplotip sayısı (h), standart sapmaları ile birlikte haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotit (π) çeşitliliği.

Lokus	GHR	RAG2
N	62	26
Uzunluk (bç)	850	895
ss	75	48
h	38	21
Hd (SD)	0,837 (0,031)	0,869 (0,038)
π (SD)	0,00847 (0,00080)	0,00923 (0,00125)

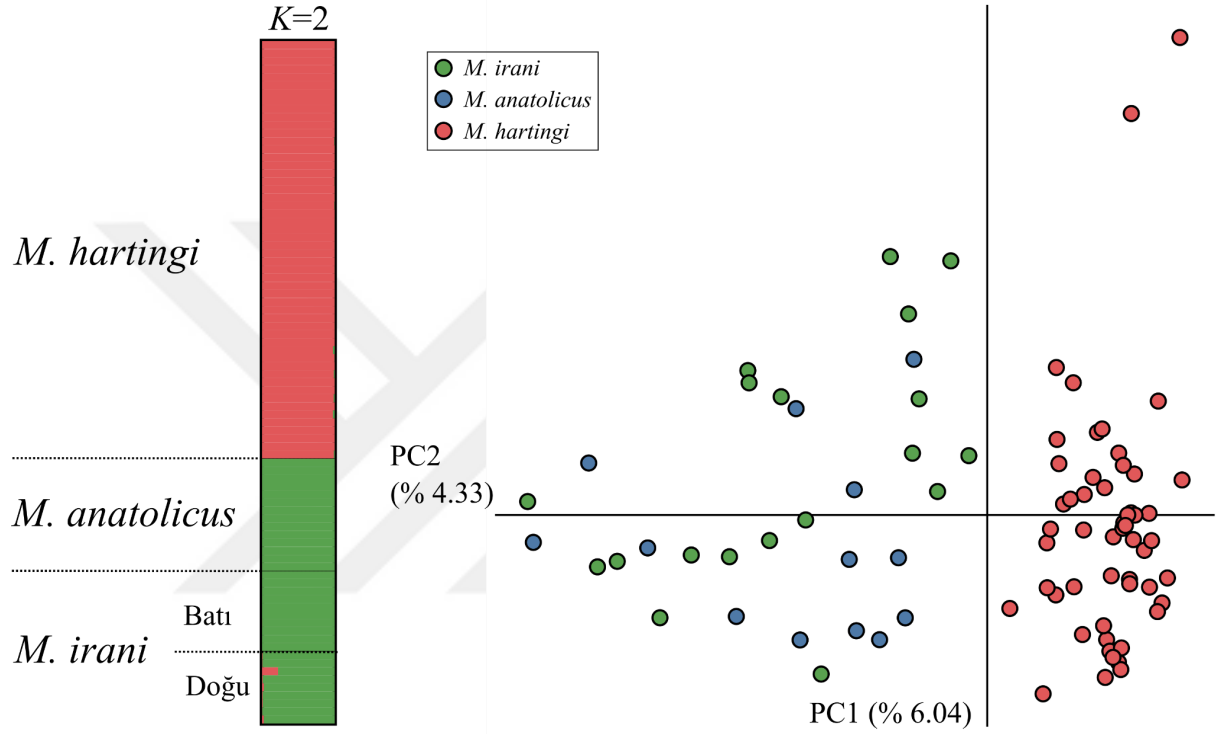


Şekil 3.12. Tanımlanan mtDNA kladlarına göre nuDNA lokusları RAG2 ve GHR'nin TCS haplotip networkleri. Halkalarda yer alan renklerin her biri bir mtDNA kladın temsil etmektedir. Networkteki noktalar haplotipler arasındaki temel baz farklılıklarını göstermektedir.

3.6.2. Mikrosatelit Lokuslarına Göre mtDNA Kladlarının Populasyon Yapısı Analizi

Populasyonların genetik yapısını çıkarsamak için iki farklı yaklaşım kullandık. Mitokondriyal kladların PCA analizi için, bireyler arasındaki çoklu genotip farklılaşma örüntüsünü inceledik. Veri setini büyük bir örneklem alanı içerisinde elde ettik. Simpatrik ve allopatrik populasyonların bulunduğu lokalitelerden birkaç birey olacak şekilde örnekleme yapılmıştır. Bunun için, üç mtDNA kladını birlikte *M. irani* (N=19), *M. anatolicus* (N=14) ve *M. hartingi* (N=52)'yi birlikte analiz ettik. Mikrosatellit lokuslarının PCA'daki analizi *M. irani* ve *M. anatolicus* arasında herhangi bir farklılaşma görülmemektedir (Şekil 3.13). İlk bileşen (PCA1), *M. anatolicus* birlikte *M. irani*'yi *M. hartingi*'den ayırmaktadır (açıklanan varyasyon % 6,04) (Şekil 3.13). *M. irani* ve *M. anatolicus*'un birlikte kümelendiği görülmektedir. Diğer klad *M. hartingi* örneklerinin ayrı bir grup olarak kümelendiği görülmektedir. *Microtus dogramacii*'ye ait örnekler bütçe yetersizliğinden ötürü analizlere katılamamıştır.

İkinci yaklaşım olarak kullandığımız Structure analizi benzer biçimde Loc Prior model üzerinden iki gruplu ($K=2$) modelini desteklemektedir (Şekil 3.13). *Microtus hartingi*, *M. anatolicus* ve *M. irani*'den farklı bir genetik grup olarak tanımlanmaktadır. Analiz sonucunda, *M. irani* (Toros ve Doğu Anadolu populasyonları) ile *M. anatolicus* ise aynı populasyon içinde tanımlanmıştır. Bu durumda, örneklem büyüklüğünün sonuçları etkileme durumu da göz önünde bulundurulmalıdır (Puechmaille 2016).



Şekil 3.13. Populasyon yapısı analizi sonuçları **A)** STRUCTURE programı kullanılarak farklı üç *Microtus* kladına ait bireyler için populasyon kümeleme analizleri Loc Prior model ile en iyi $K=2$ populasyona ayırdığını göstermektedir. *Microtus irani* Batı; Konya, Karaman, *M. irani* Doğu ise Erzurum, Erzincan ve Bitlis populasyonlarından oluşmaktadır. **B)** Aynı data set üzerinden allellik frekanslarından yola çıkarak oluşturulan PCA grafiği. PCA için her eksen tarafından açıklanan toplam varyasyonun yüzdeleri parantez içinde gösterilmektedir.



BÖLÜM 4

TARTIŞMA

4.1. ANADOLU BUZUL SIĞINAĞI: *Microtus anatolicus* ve *M. dogramacii*

Biz bu çalışmada, Anadolu'ya endemik olarak kabul gören tarla faresi türleri *M. anatolicus* ve *M. dogramacii* ile birlikte, Anadolu'da yayılış gösteren diğer *Socialis* türlerinin genetik yapıları ile ilgili geniş çaplı ilk değerlendirmeyi yaptık. Mitokondriyal ve nükleer DNA verilerine dayanan analizlerimiz, günümüzde *Socialis* grubunu iki ana soy hattı üzerinden (*Guentheri* ve *Socialis*) dokuz farklı mtDNA kladın görece yakın bir zaman aralığı içinde ortaya çıktığını göstermektedir. *Socialis* grubu içindeki her iki ana soyun birbirine paralel şekilde Batı Paleartik boyunca Batı-Doğu uzanımlı birbirine benzeyen bir yayılış örüntüsüne sahip olduğu görülmektedir (Ahmadzadeh et al. 2013). *Socialis* grubuna ait kladların günümüz yayılışı, Anadolu'nun önemli bir habitat çeşitliliği gösteren step alanları boyunca devam etmektedir (Kryštufek and Vohralík 2005, Gür 2013; 2016, Ambarlı et al. 2016). Anadolu, *Socialis* soyu içerisinde *M. socialis* dışındaki iki kladı olan *M. anatolicus* ve *M. irani*'ye ev sahipliği yapmaktadır. *Microtus anatolicus* Orta Anadolu'da sınırlı bir yayılışa sahipken, *M. irani* Anadolu'dan İran'a geniş iki farklı coğrafyada birden görülmektedir. Ayrıca bu iki tür, *M. anatolicus* ve *M. irani* Toroslar'da simpatrik olarak bulunmaktadır. Aynı zamanda, Anadolu *Guentheri* soyu için *M. cryenaica* dışındaki dört klada ev sahipliği yapmaktadır. *Microtus hartingi*, Batı Anadolu ve Balkanlar boyunca geniş bir yayılış alanına sahip olup Anadolu diyagonalinin doğusunda görülmemektedir. *Microtus dogramacii* ise Anadolu'nun kuzey iç kesimleri ile Lübnan'da tek bir noktada bulunmakla birlikte büyük bir yayılış alanını işgal etmektedir. *Microtus hartingi* ile *M. dogramacii* Anadolu diyagonalinin batısında büyük bir alanda simpatrik olarak yayılış göstermektedirler. *Microtus dogramacii*'nin alttürü *M. dogramacii qazvinensis* ise Anadolu diyagonalinin doğusundan itibaren İran'ın Kuzey bölgesinde görülmektedir. Son olarak, *M. guentheri*'nin Anadolu'daki yayılışı güneydoğu Akdeniz ile sınırlıyken, tüm yayılış alanı Anadolu'dan Levant bölgesine kadar uzanmaktadır.

Socialis grubu tarla farelerinin taksonomik statüleri pek çok araştırmacı arasında uzunca bir süredir tartışma konusu olmuştur. Bu çalışmada populasyon yapısı analizlerinden elde ettiğimiz sonuçlar, mtDNA ve nuDNA markırları arasında uyumsuzluklar olduğunu göstermektedir. Mitochondriyal DNA'ya ait filogeni belirgin bir coğrafik örüntüyü parapatrik yayılışlı dokuz mtDNA kladın varlığı ile göstermektedir (Şekil 3.3, Şekil 3.7). Buna karşın, her iki soy içindeki mtDNA kladları arasında aynı nuDNA haplotiplerinin paylaşıldığı gözlenmiştir (Şekil 3.12). GHR nükleer lokusu üzerinde, *M. anatolicus* ile *M. irani* ve *M. guentheri* ile *M. hartingi* aynı nükleer haplotipleri paylaşmaktadır. Bu sonuçlar, Socialis grubu arasında birbirilerinden ayrılmış mtDNA kladlarının olmasına karşın, nükleer lokusların farklılaşmanın daha erken bir evresinde olduğunu göstermektedir. Braaker and Heckel (2009), Avrupa'da yaygın olarak görülen *M. arvalis* ile yaptıkları çalışmada mtDNA kladlarının nuDNA kladlarına göre daha iyi çözünürlük verdiğini göstermiştir. Bu çalışmada ulaştıkları sonuçlar farklı *M. arvalis* soylarının eşeylere bağlı olarak farklı ekolojik mekanizmalardan etkilendiklerini göstermektedir. Genellikle dişi bireylerin güçlü filopatrik eğilimlerinden ötürü maternal örüntüler daha iyi çözünürlüğe sahip olurken, aksine erkek bireyler tarafından gen akışının sağlanması biparental örüntüler için daha belirsiz sonuçlara neden olmaktadır. Farklı araştırmalar, erkek yanlı gen akışının birbirine yakın akraba hayvan grupları arasındaki genetik yapıyı şekillendiren önemli bir mekanizma olduğunu göstermektedir (Toews and Brelsford 2012).

Öte yandan, kullandığımız nükleer DNA lokusları Socialis grubunun farklı mtDNA kladları içerisinde sınırlı sayıda varyasyon göstermektedir. Literatürde farklı *Microtus* türlerini tanımlamak için ekzon bölgeleri sıklıkla kullanılmaktadır (Fink et al. 2010, Barbosa et al. 2017, Lissovsky et al. 2018). Paupério et al. (2012) yaptığı çalışmada, *M. agrestis*'e ait Portekiz, Kuzey ve Güney mitokondriyal soyları için kullandıkları RAG1, BRCA1 gibi ekzon genleri üzerinde alt populasyonlarının ayrımlarını açıklayabilecekleri farklılıklar bulmuşlardır. GHR geninin de Arvicolinae türleri arasındaki varyasyonu açıklayabileceği savunulmuştur (Galewski et al. 2006). Bu durumda, Socialis grubu için kullandığımız gen bölgelerinin evrimsel soyların arasında varyasyon göstermiyor olmasını tamamlanmamış soy dağılımı olarak da tanımlamak mümkündür. Socialis grubu içerisindeki kladlar arası ve kladlar içi farklılaşmaların gözlenmesi, veri setinin daha fazla sayıda örnekleme içerecek şekilde revize edilmesi ve intronlar gibi tür içi daha yüksek çeşitlilik gösteren markırların kullanılması ile mümkün olabilir (Igea et al. 2010).

Verilerden elde ettiğimiz kanıtlar, *Socialis* grubunun evrimsel tarihini ve populasyonlarının genetik yapısının Pleyistosen buzul dönemi boyunca güçlü bir şekilde etkilendiğini göstermektedir. Sonuçlarımızın fosil kayıtları ile uyumlu olduğu görülmektedir (Tchernov 1975, Erdal et al. 2018). *Socialis* grubuna ait ilk fosil kayıtları Orta Pleyistosen dönemi içerisinde itibaren görülmeye başlamaktadır. Örneğin, *Microtus guentheri*'ye ait en eski fosiller İsrail'de bulunmuştur (Tchernov 1975). Kullandığımız tarihlendirme yaklaşımı, *Socialis* grubu içerisindeki türlerin Orta Pleyistosen dönemi içerisinde ortak bir atadan evrimleştiğini önermektedir. Bu atasal soyun Pleyistosen boyunca devam eden iklimsel dalgalanmalar neticesinde vikaryans ve dispersal ile iki farklı biyoma yayıldığını göstermektedir. Ayrılma zamanı analizlerimiz, *Socialis* grubu içinde iki ana soy hattı üzerinden tanımladığımız dokuz farklı mtDNA kladın görece yakın bir zaman aralığı içinde Anadolu ve Ortadoğu'da ortaya çıktığını göstermektedir.

Socialis soylarının ayrılma zamanlarının kesin bir tarihinin elde edilmesi, Anadolu'nun sığınak rolü hakkında çıkarımlarımızı güçlendirecek olması açısından önemlidir. Ayrılma zamanı analizleri için iki farklı yaklaşım benimsenmektedir. Geleneksel yöntem olarak önerilen kalibrasyon metodu fosil kayıtların zayıf olduğu birbirine yakın akraba gruplarının analizinde hatalara neden olmaktadır (Ho et al. 2011). Ayrıca, eski tarihli fosil kayıtları evrimsel dalların ortaya çıkışlarını geriye çekerek tahminleri olumsuz etkilemektedir (Tiley et al. 2020). İkinci bir yaklaşım olarak mutasyon oranı tahminleri ise mtDNA gibi kısa sürede fikse olan bölgelerin tahmininde yaygın olarak kullanılmaya başlanmıştır (Martínková et al. 2013, Herman et al. 2014, Barbosa et al. 2017). Mutasyon oranlarının tahmini, çoğunlukla günümüz türlerine ait fosil yataklarından elde edilen antik populasyonların yaş tayinleri ile kalibre edilerek kullanılmaktadır (Baca et al. 2021).

Bu çalışmada kullandığımız türler arası ayrılma analizleri *Socialis* grubu için fosil kalibrasyon yaklaşımına göre oluşturulan hesaplamalardan yaklaşık olarak iki kat daha genç bir ayrılma göstermektedir (Thanou et al. 2019). Fosil kalibrasyonu ile oluşturan tahminler, mutasyon oranı tahminini kullananlara göre yakın tür gruplarının ayrılma zamanlarını olduğundan daha fazla gösterdiği bildirilmektedir (Ho et al. 2011). *Microtus* cinsinin son 1-2 milyon yıl içerisinde hızlı bir yayılım geçirdiği düşünülmektedir (Jaarola et al. 2004, Fink et al. 2010). CYTB farklılıklarının % 4 ile 8 arasında değişen pek çok farklı *Microtus* türü arasında ayrılmaların son 100 bin yıl içinde olduğu bildirilmektedir (Barbosa et al. 2017, Lin et al. 2018, Fletcher et al. 2019) *Socialis* grubu türleri arasında bulduğumuz genetik mesafeler de göz önünde bulundurulduğunda ayrılma zamanı sonuçlarımızın literatür ile uyumlu olduğu görünmektedir (Tougaard et al. 2013, Mahmoudi et al. 2017). *Microtus* dışındaki farklı Arvicolinae türlerinden *Lasiopodomys gregalis* için de farklılaşmalar benzer zamanlara denk geldiği görülmektedir (Baca et al. 2019).

Socialis grubunun günümüzdeki yayılışı Anadolu'daki yaygın filocoğrafik kırılmaları yansıtmaktadır. Bilgin (2011), Anadolu'da yaygın olarak görülen hayvan ve bitki türlerinin filocoğrafik örüntülerini, mitokondriyal farklılıklarından yola çıkarak üç farklı yayılış örüntüsü üzerinden açıklamaya çalışmıştır. Bunlardan birincisi Trakya ve Anadolu arasındaki kladların filocoğrafik kırılmalarını ifade ederken, ikinci örüntü ise Anadolu içerisindeki farklı kladlar arasındaki bir filocoğrafik kırılmanın varlığını açıklamaya odaklanır. Son olarak üçüncü örüntü bu iki örüntüyü de göstermekle birlikte, bu örüntüyü gösteren türler komşu bölgeler ile kıyaslandıklarında Anadolu'nun tür için genetik çeşitlilik merkezi olduğunu söylemektedir. Çalışmamızda, *M. hartingi* Trakya ve Anadolu popülasyonları olarak iki alt gruba ayrılmakla birlikte, arasında bir kontak zon göstermesi bakımından birinci örüntüye (Pattern I) uymaktadır. Buna benzer genetik örüntülere *Apodemus flavicollis* (Michaux et al. 2004), *Crocidura suaveolens* (Dubey et al. 2007) ve *Myotis capaccinii* (Bilgin et al. 2008) gibi farklı memeli grupları içerisinde de rastlanmaktadır. Anadolu içerisinde parapatrik bir kontak zona sahip olup ikinci örüntüye (Pattern II) uyan türler ise *Microtus irani* ile *M. anatolicus*'dur. Her iki tür Toroslar'da parapatrik bir zon oluşturmaktadır. Ayrıca *M. irani*'nin de Batı ve Doğu alt popülasyonları Anadolu diyagonalı üzerinde parapatrik dağılımı ikinci örüntüye uymaktadır. Benzer biçimde bu örüntüye uygun şekilde yayılış gösteren *Spermophilus xanthoprymnus* (Gündüz et al. 2007, Gür 2013), *Rhinolophus ferrumequinum* (Bilgin et al. 2009), kardeş taksonlar *Miniopterus schreibersii* (Bilgin et al. 2006) ile *M. pallidus* (Furman et al. 2010) gibi farklı memeli türlerine rastlanmaktadır.

Benzer biçimde ikinci örüntüye uyan, *M. dogramacii dogramacii* ile *M. dogramacii qazvinensis*'in Anadolu diyagonalı tarafından bölünen farklı allopatrik populasyonlarının bulunması, *M. dogramacii*'nin tüm Anadolu ve İran boyunca daha geniş yayılışlı bir tür olduğu sonucuna varmak mümkün görünmektedir. *Microtus dogramacii*'nin Anadolu ve Ürdün'deki yeni populasyonlarının keşfi, Orta Anadolu'da benzer yayılış alanına sahip türlerden *Allactaga williamsi* ile benzerlik göstermektedir. (Kryštufek et al. 2013a). Ürdün vadisi ayrıca *Socialis* grubunun diğer türleri için de kriptik zenginlik göstermektedir (Kryštufek et al. 2013b). Son yıllarda Suriye sınırından yeni bir tür olarak tanımlanan, *M. elbeyli* bu yayılış örüntüsünü tamamlar niteliktedir (Yiğit et al. 2016). *Microtus elbeyli*'nin "agrestis" tipteki dış morfolojisi ile *M. dogramacii*'ya yakın akraba olabileceği ihtimalini güçlendirmektedir (Wilson et al. 2017). Bu türün Pleyistosen dönemi boyunca tarihsel yayılış alanı içerisinde birden fazla sığınağa bölünmüş olması muhtemeldir. *Microtus dogramacii* içinde tanımlanan tüm soylarının yayılış örüntüleri literatürde ağaç kurbağaları (*Hyla orientalis*, Dufresnes et al. 2016), duvar kertenkeleri (*Darevskia* spp., Rato et al. 2020) ve dağ engerekleri (*Montivipera* spp., Ahmadi et al. 2021) gibi farklı omurgalı gruplarında da yaygın olarak rastlanılmaktadır.

Socialis grubu yarı kurak step, stepik orman, orman açıklıkları gibi pek çok ekosisteme adaptasyon sağlamıştır. *Socialis* grubunun yayılış sınırları Akdeniz ve İran-Turan biyoçeşitlilik sıcak noktaları olmak üzere genel olarak iki farklı iklim kuşağında yer alır (Mittermeier et al. 2011). Guentheri grubu içerisinde yer alan kladlar daha nemli bir iklimle ilişkilendirilen Akdeniz biyomu içerisinde görülürken, *Socialis* grubu içerisinde tanımladığımız kladlar daha kurak olan karasal İran-Turan biyomu içerisinde görülmektedir. *Socialis* türlerinin yayılış alanlarını düzenleyen en önemli faktör jeolojik dönemler boyunca gerçekleşen iklim değişimleri neticesinde bu step (çayır) alanlarının genişleyip daralmasıdır (Kryštufek and Vohralík 2005). Çayır alanları Pleyistosen'den itibaren (2,4 milyon yıl) kalıcı olmaya başlamıştır (Pärtel et al. 2005). Buzul çağlar ile birlikte çayır alanları genişlemiş ve buzullar arası dönem ile birlikte daha küçük alanlara bölünmüştür (Pärtel et al. 2005) Buzullararası dönemlerde yağış miktarının artması ile ormanlık alanların genişlediği bilinmektedir (Jimenez-Moreno et al. 2015, Pickarski et al. 2015). Böyle durumlarda ağaca bağımlı türlerin yayılışlarının arttırdığı bilinmektedir (Aghbolaghi et al. 2019).

Son buzul maksimum sonrası Avrupa biyotasının kolonizasyonu ile ilgili yapılan çalışmalarda, *Microtus* cinsinin yaygın bilinen Güney Avrupa sığınaklarının (*Microtus agrestis*, Paupério et al. 2012) yanı sıra, Orta ve Kuzey Avrupa sığınak alanları boyunca hayatta kalabildiği bildirilmektedir (*Microtus arvalis*, Stojak et al. 2015, Pedreschi et al. 2019). Öte yandan, antik örneklerden elde edilen son bulgular *Microtus* cinsine ait türlerin her buzul sığınağında aynı hayatta kalma başarısını gösteremediğini ortaya koymaktadır (Baca et al. 2020). Sonuçlarımız, *Socialis* grubunun Pleyistosen dönemi boyunca farklı buzul sığınaklarında sağ kalıp zaman içerisinde farklılaştıklarını göstermektedir. *Socialis* grubu için düşündüğümüz biyocoğrafik senaryoda atasal soyun ilk olarak Transkafkasya bölgesinde evrimselleştiği düşünülmektedir (Zima et al. 2013). Elde ettiğimiz sonuçlar, Orta Pleyistosen içerisinde bu atasal soyun Anadolu'ya dispersali ile iki ana soya bölündüğünü göstermektedir. Bu bölünme ile birlikte iki soy evrimsel süreçlerini farklı iklim özelliğine sahip iki biyom üzerinden gerçekleştirmiş olabilir. Guentheri tür grubu Anadolu'nun batısında Akdeniz kökenli bir soy olarak evrimleşirken, *Socialis* tür grubu ise atasal yayılış alanı İran-Turan bölgesi ve Transkafkasya bölgeleri içerisinde evrimleşmiştir.

Socialis grubunun atasal soyları İran-Turan, Transkafkasya ve Karadenizin Kuzeyindeki step alanlarına doğru yayılışını buzul dönem boyunca genişletti. Pleyistosen dönemi içerisinde gelişen göl sistemi *Socialis* soyunun Orta Anadolu'daki atasal populasyonlarının, Doğu'daki atasal populasyonlardan ayrılmasına imkan sağlamış olabilir (Kuzucuoğlu et al 1999). Ayrıca, İran-Turan bölgesinde iklim koşullarının buzul ve buzullar arası dönemlerde kayması neticesinde, *Socialis* grubunun atasal populasyonları dispersal kapasitelerini vejetasyon değişiklikleri nedeniyle kaybetmiş olabilirler (Pickarski et al. 2015). Pleyistosen (MIS5e) dönemi boyunca gerçekleşen iklimsel dalgalanmaların Avrupa'daki ılıman iklimin aksine, Doğu Anadolu ve İran'ın farklı bölgelerinde daha kurak bir iklimin hakim olması ile *M. irani* populasyonları üzerinde etkili olması muhtemeldir (Orland et al 2019).

Guentheri grubunun yayılışı ise Orta Pleyistosen sonunda üç biyocoğrafik alana vikaryans ile bölünmüş olabilir. Guentheri grubu içinden ilk ayrılma Levant bölgesine yerleşen ise *M. guentheri* ve *M. cryenaica*'ye ait atasal populasyonlar Kuzey Afrika kıyılarına kadar geniş bir alana yayılmışlardı. Pleyistosen boyunca Orta Doğu coğrafyası en radikal iklim değişimlerinin olduğu bölgelerden biri olduğu bilinmektedir (Stribna et al. 2019). Yeşil Sahara dönemi de denen bu dönemin bitmesi ile iki türün atasal populasyonları allopatrik iki popülasyona dönüşmüş olması muhtemel görünmektedir. Buzul çağlar sonucu oluşan dispersal ile birlikte popülasyon büyüklüklerindeki hızlı düşüşün her iki kladın genetik çeşitliliklerinin kaybolmasına ve hızlı allelik frekans değişimlerine neden olabilmektedir (Templeton 2008, Nevado et al. 2018). Bu durum haplotip analizlerimizle uyumlu görünmektedir. İkinci bir grup atasal popülasyon ise Batı Anadolu ve Yunanistan'ın güneyi boyunca Akdeniz biyomu içerisindeki çayırılık alanlara yerleşen *M. hartingi* ile tekrar Anadolu stepleri üzerinden İran'a kadar geniş bir yayılım alanı kolonize eden sahip olan *M. dogramacii dogramacii* ile *M. dogramacii qazvinensis*'ye ait atasal populasyonlar olması muhtemel görünmektedir. Ayrıca, Anadolu ve Avrupa'da birlikte rastlanılan yaygın haplotipler, *M. hartingi* için boğazların tarihsel olarak bir bariyer teşkil etmediğini göstermektedir. Benzer şekilde Anadolu'daki farklı memeli türleri için de Anadolu ile kara bağlantısının devam ettiğini gösteren dair kanıtlar mevcuttur (Kougioumoutzis et al. 2017, Minoudi et al. 2018).

Anadolu'nun sahip olduğu kriptik çeşitliliğinin anlaşılması için sığınak alanlarının tespiti önemlidir. *Microtus anatolicus* ile *M. dogramacii*'nin Anadolu'daki filogenetik alt gruplarının kısıtlı bir yayılım alanına sahip olması, bizlere "Sığınak içinde sığınak" konseptine uygun evrimsel olarak önemli populasyonlar olduklarını göstermektedir (Gómez and Lunt 2007, Abellán and Svenning 2014). Genelde İberya Yarımadası'ndaki tür yayılım örüntülerini açıklamak için kullanılan bu hipotez, Anadolu'daki pek çok farklı organizma grubu için de önerilmektedir (Çam kese böceği; İpekdağ et al. 2020, Seyyahotu çiçeği; Özudoğru et al. 2020 Duvar kertenkelesi; Rato et al. 2021). Bu iki türün Anadolu'daki populasyonları atasal gruplarından ayrıldıktan sonra, Pleyistosen boyunca Anadolu biyocoğrafik bölgesi içerisinde var olan sığınak alanlarında hayatta kalabildiklerini düşünebiliriz (Bilgin 2011, Ambarlı et al. 2016, Gür 2016). Popülasyon yapılarından, günümüz yayılım alanlarına ise Holosen dönemi içinde ulaştıkları çıkarılabilir. İki soyun gösterdikleri biyocoğrafik örüntü evrimleştikleri olası sığınak alanları hakkında spekülasyon yapmak mümkündür. Verilerimiz, *Microtus anatolicus* için Konya havzasının; *M. dogramacii* için ise Orta Anadolu'nun kuzeyini bu iki tür için ana buzul sığınak alanları olarak değerlendirebileceğini desteklemektedir.

4.2. *Microtus irani*'NİN FİLOCOĞRAFYASI

Morfolojik olarak tanımlanması güç kriptik türlerin yayılışlarını değerlendirmek mtDNA gibi moleküler markırlar kullanarak belirlenebilir (Moritz 1994). Bu bakımdan, *M. irani*'nin Anadolu ve çevresindeki coğrafyadan tanımlanmış muammalı iki alttürü bulunmaktadır: *M. irani karamanii*, ve *M. irani schidlovskii* (Kryštufek et al. 2010, Zorenko et al. 2014).

Microtus irani'nin Batı kladının (Toroslar) yayılışı diyagonal boyunca doğuya doğru uzanmaktadır. *Microtus irani* Doğu Anadolu'da ise birbirlerinden farklılaşmış iki farklı alt kladın yayılışına sahiptir (Şekil 3.3). Populasyon analizlerimiz, *M. irani*'ye ait Batı Anadolu'daki populasyonların merkezi bir haplotip (H27) etrafında bulunduğunu göstermektedir. Populasyon yapısı ve ayrılma zamanı analizlerimiz, günümüzde *M. irani* populasyonlarının genişlediğini göstermektedir. *M. socialis*'in Anadolu'dan yayılış kayıtları verilmiş olmasına karşın (Kryštufek and Kefelioğlu 2001a, Kryštufek and Vohralík 2005), yapılan çalışmada Anadolu içinde haplotiplerine rastlanmamıştır. Bunun yerine *M. irani*'nin haplotiplerine rastlanmaktadır. Bu bakımdan, bulgularımız bu iki mtDNA kladın günümüzde tanımlanan yayılışları ile örtüşmemektedir. *M. socialis*'in asıl yayılış alanının aslında sadece Türkiye-İran sınırının doğu kısmında kaldığını, Anadolu'ya girmediğini göstermektedir. *M. socialis*'in Anadolu'daki varlığı kuşkulu görünmektedir (Wilson et al. 2017). Diğer yandan, günümüzde sanılanın aksine, *M. irani* populasyonlarının yayılışının Toroslardan Anadolu diyagonalı boyunca devam edip Doğu Anadolu ve Zagros Dağları boyunca Basra körfezinin doğusuna kadar geniş bir yayılış alanı kapladığı görülmektedir.

Sonuçlar geniş bir yayılış alanına sahip olan türün literatürde düşünülenin aksine farklı coğrafyalarda farklı türler altında sınıflandırıldığını göstermektedir (Aulagnier et al. 2009). Anadolu'daki görece daha küçük ve daha uzun kuyruklu olan *Socialis* tarla farelerini morfolojik olarak *M. socialis*, Ermenistan'da ise *M. schidlovskii* olarak tanımlamışlardır (Akhverdyan et al. 1991a, Zorenko et al. 2014). Anadolu'nun zengin topografik çeşitliliği geçmişte gerçekleşen buzul-buzullar arası döngülerle aynı coğrafya içinde birbirinden farklı genetik alt grupların oluşmasını tetiklemiş olması muhtemeldir (Gür 2013).

CYTB geni verilerine göre türler arası genetik mesafenin % 5'ten yüksek olması nedeniyle, kriptik türlerin tanımlanması için güçlü bir delil olduğu savunulmaktadır (Baker and Bradley 2006). Tanımlanan mtDNA kladları arasındaki genetik mesafenin % 2-7 arasında değiştiği görülmektedir (Thanou et al. 2012, Kryštufek et al. 2009a, 2012, Mahmoudi et al. 2014a, 2015). *Socialis* tür kompleksi içerisinde tanımlanan mtDNA kladlardan hiçbirisi genetik uzaklık olarak % 5'den daha yüksek değildir (Çizelge 3.2). Öte yandan, *Guentheri* tür kompleksinde yer alan alttürler *M. dogramacii dogramacii* ile *M. dogramacii qazvinensis* arasında % 2 fark grup içindeki en düşük genetik mesafeyi göstermektedir. Diğer yandan, mtDNA kladlarından üç tanesinin tür içi genetik farklılıkları %3'ten daha büyük bir değer göstermesi, mtDNA kladının yayılışını gösterdiği coğrafya içinde birbirlerinden farklı uzaklıkta yer alan geniş bir haplotip havuzuna sahip olduğuna kanıttır. Yüksek genetik çeşitliliğin nedeni olarak Anadolu'nun farklı sığınak alanlara sahip olmasını gösterebiliriz (Bilgin 2011).

İrani tarla faresine ait dört farklı mtDNA soyu genel olarak iki farklı alt tür olarak tanımlanmaktadır fakat bu mitokondriyal grupların yayılışının daha önceden önerilmiş yayılış alanları ile uygun olmadığı görülmektedir (Wilson et al. 2017, Thanou et al. 2019). Ancak, daha önceki hiçbir çalışmada bu tür içindeki genetik gruplar göz önünde bulundurulup, *M. irani*'ye ait alttürlerin morfolojik ayrımları ortaya konulmamıştır. Bunun yerine farklı mitokondriyal soylara ait farklı örnekler analizlere dahil edilmiştir. Örneğin, Anadolu'dan elde edilen tüm örnekleri tek bir popülasyonmuş gibi analiz edilmiştir. Bu durum alttürler arasındaki olası önemli morfolojik farklılıkların saptanmasının önüne geçmektedir (Arslan et al. 2016). Gelecekte, bu alttürlerin geçerliliğini değerlendirecek morfolojik çalışmalar genetik gruplar arasındaki ayırıcı fenotipik karakterler ve bu çalışmada tespit ettiğimiz kontak zonlar arasındaki muhtemel karakter değişimleri analiz edilmelidir. Bu çalışmada gösterdiğimiz genetik sonuçlara ve daha önceden belirlenmiş tip lokalitelerine göre, *Microtus irani*'nin Batı'daki alt popülasyonunun *M. irani kahramanii*; Doğu Anadolu'daki alt popülasyonlarının ise *M. irani schidlovskii* alttürleri olarak kalmasını öneriyoruz.

4.3. KONTAK ZONLAR ARASI GÜNCEL GEN AKIŞI

Mikrosatellit verilerinin analizi, *Socialis* grubu içerisindeki mtDNA kladları arasında gen akışı gerçekleştiğine dair kanıt sunmaktadır. *Microtus irani* ile *M. anatolicus* populasyonlarının yayılış alanlarının çakıştığı Toroslar'da bir hibrit zon bulunmaktadır. Populasyon yapısı analizlerinden elde edilen sonuçlar, *M. anatolicus* ile *M. irani* farklı coğrafyalarda buzul sığınaklar içerisinde farklılaşmış evrimsel soylar olmalarına karşın, hibrit zon içerisinde birbirleri ile üremeye devam eden bireyleri bulunmakta olduğunu göstermektedir. Farklı *Microtus* türlerinde de hibrit zonlarına sık rastlanabildiği bilinmektedir (Bastos-Silveria et al. 2012, Beysard et al. 2012, Beysard and Heckel 2014, Lin et al. 2018).

Öte yandan nuDNA kullanılarak familya altı kategorilerde filogenetik ilişkiler çıkarsamak mümkün olabilmesine rağmen (Galewski et al. 2006), birbirine yakın akraba tür grupları için yeterli çözünürlük vermemektedir (Fink et al. 2010, Barbosa et al. 2013). Nükleer lokusların mtDNA kladlarındaki gibi benzer bir filocoğrafik örüntüye sahip olmamasının sebebi olarak, mtDNA'nın sahip olduğu yüksek mutasyon oranı ile kladların ayrılmasını daha hızlı bir biçimde sağlamasına karşın, nuDNA'nın yüksek bir mutasyon hızının bulunmamasıdır (Avice 2000). Bu durumu açıklamak için, erkek-eğilimli yayılma, tamamlanmamış soy dağılımı, mtDNA gen değişimi gibi ekolojik mekanizmalar uyumsuzlukların temel sebepleri olarak önerilmiştir (Braaker and Heckel 2009, Toews and Brelsford 2012).

Anadolu'daki tarla faresi populasyonlarının taksonomik statüleri uzun bir süredir tartışma konusu olmuştur (Kryštufek et al. 2009a, Mahmoudi et al. 2014b, Thanou et al. 2019). Korunmuş morfolojik karakterleri sınıflandırmada belirsizliklere neden olmaktadır (Kryštufek et al. 2012). *Microtus anatolicus* aynı durum göz önünde bulundurularak 2001 yılında yeni bir tür olarak tanımlanmıştır (Kryštufek and Kefelioğlu 2001b). Sonuçlarımız, Anadolu'da yayılış gösteren *M. anatolicus* populasyonlarının düşük tür içi çeşitliliğine sahip olduğunu ve dar bir yayılış alanı içerisinde bulunduğunu göstermektedir. Bunun aksine, *Microtus irani* populasyonlarının birbirinden farklılaşmış ve eski haplotiplere sahip olduğu sonucuna ulaşmak mümkündür. Bu nedenle, *Microtus anatolicus* için *M. irani*'nin Anadolu içerisindeki buzul çağdan kalma atasal görece genç bir soyun devamı olduğunu düşünebiliriz.

Analizlerimiz, Socialis grubunun hibritleşme deneylerinden yola çıkarak ayrı birer tür olmalarını gerektiğini gösteren sonuçların aksini göstermektedir. Socialis grubunun gen alışverişini sürdüren ve görece jeolojik olarak yakın zamanlı soylar olduğu düşünüldüğünde, *Microtus anatolicus*'un ayrı bir nominal takson olması tartışmalı hale gelmektedir. Elde ettiğimiz verilere göre *M. anatolicus*'un *M. irani*'nin bir alttürü olarak yeniden değerlendirilmesini öneriyoruz. Gelecekte, Socialis tür grubu içerisinde örneklerin katılacağı genomik çalışmalar ile tür grubuna ait farklı kladların taksonomik seviyede tanımlanması mümkün olabilecektir.

4.4. SONUÇ VE GELECEĞE YÖNELİK ÇALIŞMA ÖNGÜLERİ

Sonuç olarak, iki tarla faresine ait popülasyonlardan elde ettiğimiz mtDNA ve nuDNA verileri, bu türlerin filocoğrafyasının incelenmesine olanak sağlamıştır. Ayrıca bu çalışma türlerin evrimsel tarihlerinin, Pleyistosen iklimsel dalgalanmalarından derin bir şekilde etkilendiğine dair kuvvetli bir kanıt sağlamaktadır. Bu çalışmadaki en çarpıcı sonuçlarından biri, nükleer verilerin Socialis türleri arasında halen devam eden bir gen akışının bulunduğuna dair delil sunuyor olmasıdır. Biz bu çalışmada yaygın bilinenin aksine, Anadolu'da yayılış gösteren Socialis türlerinin pek çoğunun parapatrik yayılışa sahip olduğunu ortaya koymakla birlikte, grubun içindeki çeşitliliğin temel sebebinin Anadolu'nun sahip olduğu topoğrafik çeşitlilik gösterilebilir. Socialis grubunun evrimsel tarihi üzerinde Akdeniz ve İran-Turan biyomlarının etkisinin olduğu görülmektedir.

Socialis grubuna ait ayrılma tahminleri ana soyların ayrılmaların Orta Pleyistosen içinde gerçekleştiğini göstermektedir. Kriptik tür çeşitliliğinin kaynağı olarak Orta, Kuzey ve Doğu Anadolu bölgelerindeki Pleyistosen sığınakları ile ilişkili olması muhtemeldir. Kladlar arası parapatrik zonların temel sebebi, son buzul çağı sonrası gerçekleşen popülasyon genişlemeleridir. Gelecekte parapatrik zonların üzerinde yoğunlaşan ekolojik çalışmalar ile popülasyon genişlemelerinin kesin tespiti sağlanabilecektir.

Sonuçlarımız, *Socialis* grubu altında Anadolu'ya endemik olarak tanımlanan iki tür *M. anatolicus* ve *M. dogramacii*'nin günümüzdeki taksonomik statülerini sorgulamaktadır. Analizlerimiz, Anadolu'da tanımlanan bu popülasyonların her ikisinin yakın akraba gruplarından yeterince farklılaşmadığını ortaya koymaktadır. Çalışmamız her iki türün de Anadolu'ya endemik olamayacağını ortaya çıkarmakla birlikte, *Microtus dogramacii*'nin Anadolu ve dışında geniş bir yayılım tür olduğunu doğrulamaktadır. Toroslarda simpatrik popülasyonları arasında herhangi bir üreme bariyerinin bulunmadığını tespit ettiğimiz *Microtus anatolicus*'un ise *M. irani*'nin bir alttürü olarak değerlendirilmesini önermekteyiz.

Socialis türleri Anadolu'nun en hassas habitatlarından biri olan stepler boyunca görülmektedir. Step ekosistemleri, aşırı otlatma vb. nedenlerden ötürü koruma önceliğine sahip alanlardır. Bu türlere ait popülasyonların korunması için tür içi çeşitliliklerinin sürdürülmesi hedeflenmelidir. Bu sebeple planlanacak koruma programları, türlerin uzun dönemli koruma planlarını en avatajlı bir biçimde uygulayabilmek için, bu çalışmada bulunan genetik örüntüleri hesaba katmalıdır.

KAYNAKLAR

- Abellán P and Svenning J C** (2014) Refugia within refugia–patterns in endemism and genetic divergence are linked to Late Quaternary climate stability in the Iberian Peninsula. *Biological Journal of the Linnean Society*, 113 (1): 13-28.
- Aghbolaghi M A, Ahmadzadeh F, Kiabi B and Keyghobadi N** (2019) The permanent inhabitant of the oak trees: phylogeography and genetic structure of the Persian squirrel (*Sciurus anomalus*). *Biological Journal of the Linnean Society*, 127 (2): 197-212.
- Ahmadi M, Hemami M R, Kaboli M, Nazarizadeh M, Malekian M, Behrooz R, Geniez P, Alroy J and Zimmermann N E** (2021) The legacy of Eastern Mediterranean mountain uplifts: rapid disparity of phylogenetic niche conservatism and divergence in mountain vipers. *BMC ecology and evolution*, 21 (1): 1-13.
- Ahmadzadeh F, Flecks M, Rödder D, Böhme W, Ilgaz Ç, Harris D J, Engler J O, Üzümlü N and Carretero M A** (2013) Multiple dispersal out of Anatolia: biogeography and evolution of oriental green lizards. *Biological Journal of the Linnean Society*, 110 (2): 398-408.
- Akhverdyan M R, Vorontsov N N and Lyapunova E A** (1991a) On the species independence of the plateau vole *Microtus schidlovskii* (Rodentia, Cricetidae) from the Western Armenia. *Biologicheskii Zhurnal Armenii*, 4 (44): 260-265.
- Akhverdyan M R, Vorontsov N N and Lyapunova E A** (1991b) The plateau vole *Microtus schidlovskii* (Rodentia, Cricetidae) is an independent species from Armenia. *Biologicheskii Zhurnal Armenii*, 4 (44): 266-271.
- Akin C, Bilgin M and Bilgin C C** (2010) Discordance between ventral colour and mtDNA haplotype in the water frog *Rana (ridibunda) caralitana*, 1988 Arkan. *Amphibia-Reptilia*, 31 (1): 9-20.
- Alpaslan F S** (2011) Some small mammal fossils of Üçağızlı cave (Hatay, Turkey). *Turkish Journal of Zoology*, 35 (5): 755-768.
- Amori G** (2016) *Microtus guentheri*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T13463A115518923.
- Arslan A, Toyran K, Gözütok S, Yorulmaz T and Zima J** (2016) Comparison of the chromosome banding patterns in three species of social voles (*Microtus irani karamani*, *M. schidlovskii*, *M. anatolicus*) from Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 40 (6): 910-916.

- Aulagnier S, Haffner P, Mitchell-Jones A J, Moutou F and Zima J** (2009) *Mammals of Europe, North Africa and the Middle East*. 1st Edition, ISBN: 9781408113998, A. & C. Black, 272.
- Avise J C** (2000) *Phylogeography: the history and formation of species*. ISBN: 9780674666382, Harvard University Press, 447.
- Baker R J and Bradley R D** (2006) Speciation in mammals and the genetic species concept. *J Mammal*, 87: 643-662.
- Baca M, Popović D, Lemanik A, Baca K, Horáček I and Nadachowski A** (2019) Highly divergent lineage of narrow-headed vole from the Late Pleistocene Europe. *Scientific reports*, 9 (1): 1-10.
- Baca M, Popović D, Baca K, Lemanik A, Doan K, Horáček I, Lopez-García M L, Banuls-Cardona S, Pazonyi P, Desclaux E, Crégut-Bonnoure E, Berto C, Lenardic J M, Miekina B, Murelaga X, Guenca-Bescos G, Krajcarz M, Markovic Z, Petculescu A, Wilczynski J, Knul M V, Stewart J R and Nadachowski A** (2020) Diverse responses of common vole (*Microtus arvalis*) populations to Late Glacial and Early Holocene climate changes—Evidence from ancient DNA. *Quaternary Science Reviews*, 233, 106239.
- Baca M, Popović D, Lemanik A, Fewlass H, Talamo S, Zima J, Ridush B, Popov V and Nadachowski A** (2021) The Tien Shan vole (*Microtus ilaeus*; Rodentia: Cricetidae) as a new species in the Late Pleistocene of Europe. *Ecology and evolution*, 11 (22): 16113-16125.
- Ballard J W O and Whitlock M C** (2004) The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular ecology*, 13 (4): 729-744.
- Balloux F** (2009) The worm in the fruit of the mitochondrial DNA tree. *Heredity*, 104 (5): 419.
- Barbosa S, Paupério J, Searle J B and Alves P C** (2013) Genetic identification of Iberian rodent species using both mitochondrial and nuclear loci: application to noninvasive sampling. *Molecular Ecology Resources*, 13 (1): 43-56.
- Barbosa S, Paupério J, Herman J S, Ferreira C M, Pita R, Vale-Gonçalves H M, Cabral J A, Garrido-García J A, Soriguer R C and Beja P** (2017) Endemic species may have complex histories: Within-refugium phylogeography of an endangered Iberian vole. *Molecular Ecology*, 26 (3): 951-967.
- Barbosa S, Paupério J, Pavlova S V, Alves P C and Searle J B** (2018) The *Microtus* voles: Resolving the phylogeny of one of the most speciose mammalian genera using genomics. *Molecular phylogenetics and evolution*, 125: 85-92.
- Bastos-Silveira C, Santos S M, Monarca R, Mathias M d L and Heckel G** (2012) Deep mitochondrial introgression and hybridization among ecologically divergent vole species. *Molecular Ecology*, 21 (21): 5309-5323.
- Bensasson D, Zhang D-X, Hartl D L and Hewitt G M** (2001) Mitochondrial pseudogenes: evolution's misplaced witnesses. *Trends in ecology & evolution*, 16 (6): 314-321.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Beysard M, Perrin N, Jaarola M, Heckel G and Vogel P** (2012) Asymmetric and differential gene introgression at a contact zone between two highly divergent lineages of field voles (*Microtus agrestis*). *Journal of Evolutionary Biology*, 25 (2): 400-408.
- Beysard M and Heckel G** (2014) Structure and dynamics of hybrid zones at different stages of speciation in the common vole (*Microtus arvalis*). *Molecular Ecology*, 23 (3): 673-687.
- Bickford D, Lohman D J, Sodhi N S, Ng P K, Meier R, Winker K, Ingram, K K and Das I** (2007) Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Trends in ecology & evolution*, 22(3), pp.148-155.
- Bilgin R, Karataş A, Çoraman E, Pandurski I, Papadatou E and Morales J C** (2006) Molecular taxonomy and phylogeography of *Miniopterus schreibersii* (Kuhl, 1817) (Chiroptera: Vespertilionidae), in the Eurasian transition. *Biological Journal of the Linnean Society*, 87 (4): 577-582.
- Bilgin R, Karataş A, Çoraman E and Morales J C** (2008) The mitochondrial and nuclear genetic structure of *Myotis capaccinii* (Chiroptera: Vespertilionidae) in the Eurasian transition, and its taxonomic implications. *Zoologica Scripta*, 37(3): 253-262.
- Bilgin R, Çoraman E, Karataş A and Morales J C** (2009) Phylogeography of the greater horseshoe bat, *Rhinolophus ferrumequinum* (Chiroptera: Rhinolophidae), in southeastern Europe and Anatolia, with a specific focus on whether the Sea of Marmara is a barrier to gene flow. *Acta Chiropterologica*, 11 (1): 53-60.
- Bilgin R** (2011) Back to the Suture: The distribution of intraspecific genetic diversity in and around Anatolia. *International Journal of Molecular Sciences*, 12 (6): 4080-4103.
- Bilgin R** (2012) The conservation genetics of three cave-dwelling bat species in southeastern Europe and Anatolia. *Turkish Journal of Zoology*, 36 (3): 275-282.
- Blackler W F G** (1916) On a new species of *Microtus* from Asia Minor. *Annals and Magazine of Natural History: Series 8*, 17 (102): 426-427.
- Blanga-Kanfi S, Miranda H, Penn O, Pupko T, DeBry R and Huchon D** (2009) Rodent phylogeny revised: analysis of six nuclear genes from all major rodent clades. *BMC Evolutionary Biology*, 9 (1): 71.
- Braaker S and Heckel G** (2009) Transalpine colonisation and partial phylogeographic erosion by dispersal in the common vole (*Microtus arvalis*). *Molecular Ecology*, 18 (11): 2518-2531.
- Brito P H and Edwards S V** (2009) Multilocus phylogeography and phylogenetics using sequence-based markers. *Genetica*, 135 (3): 439-455.
- Brunet-Lecomte P and Chaline J** (1991) Morphological evolution and phylogenetic relationships of the European ground voles (Arvicolidae, Rodentia). *Lethaia*, 24 (1): 45-53.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Brunhoff C, Galbreath K E, Fedorov V B, Cook J A and Jaarola M** (2003) Holarctic phylogeography of the root vole (*Microtus oeconomus*): implications for late Quaternary biogeography of high latitudes. *Molecular ecology*, 12 (4): 957-968.
- Burgin C J, Wilson D E, Mittermeier R A, Rylands A B, Lacher T E and Sechrest W** (2020) *Illustrated Checklist of the Mammals of the World*. Lynx.
- Buzan E V, Kryštufek B, Hänfling B and Hutchinson W F** (2008) Mitochondrial phylogeny of Arvicolinae using comprehensive taxonomic sampling yields new insights. *Biological Journal of the Linnean Society*, 94 (4): 825-835.
- Carbone I and Kohn L M** (2001) A microbial population–species interface: nested cladistic and coalescent inference with multilocus data. *Molecular Ecology*, 10 (4): 947-964.
- Carleton M and Musser G** (2005) Order Rodentia. *Mammal species of the world: A taxonomic and geographic reference* 2, 745-2142.
- Ceballos G, Ehrlich P R and Dirzo R** (2017) Biological annihilation via the ongoing sixth mass extinction signaled by vertebrate population losses and declines. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114 (30): E6089.
- Chaline J and Graf J-D** (1988) Phylogeny of the Arvicolidae (Rodentia): biochemical and paleontological evidence. *Journal of Mammalogy*, 69 (1): 22-33.
- Chaline J, Brunet-Lecomte P, Montuire S, Viriot L and Courant F** (1999) Anatomy of the arvicoline radiation (Rodentia): palaeogeographical, palaeoecological history and evolutionary data. *Annales Zoologici Fennici*, 36: 239-267.
- Chassovnikarova T G, Markov G G, Atanasov N I and Dimitrov H A** (2008) Sex chromosome polymorphism in Bulgarian populations of *Microtus guentheri* (Danford & Alston, 1880). *Journal of Natural History*, 42 (5-8): 261-267.
- Chaworth-Musters J L** (1932) A contribution to our knowledge of the mammals of Macedonia and Thessaly. *Annals and Magazine of Natural History*, 9 (50): 166-171
- 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 & Conservation*, 12 (1): 47-64.
- Clement M, Posada D and Crandall K A** (2000) TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular ecology*, 9 (10): 1657-1659.
- Çolak E, Yiğit N, Sözen M and Özkurt Ş** (1997) Distribution and taxonomic status of the genus *Microtus* (Mammalia: Rodentia) in Southeastern Turkey. *Israel Journal of Zoology*, 43 (4): 391-396.
- Çolak E, Yiğit N, Sözen M and Özkurt Ş** (1998) A study on Taxonomic Status of *Microtus subterraneus* (de Selys Longchamps, 1836) and *Microtus majori* Thomas, 1906 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 22: 119-129.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Conroy C J and Cook J A** (2000) Molecular systematics of a Holarctic rodent (*Microtus*: Muridae). *Journal of Mammalogy*, 81 (2): 344-359.
- Conroy C J, Patton J L, Lim M C, Phuong M A, Parmenter B and Höhna S** (2016) Following the rivers: historical reconstruction of California voles *Microtus californicus* (Rodentia: Cricetidae) in the deserts of eastern California. *Biological Journal of the Linnean Society*, 119 (1): 80-98.
- Çoraman E, Furman A, Karataş A and Bilgin R** (2013) Phylogeographic analysis of Anatolian bats highlights the importance of the region for preserving the Chiropteran mitochondrial genetic diversity in the Western Palaearctic. *Conservation Genetics*, 14 (6): 1205-1216.
- Çoraman E, Dietz C, Hempel E, Ghazaryan A, Levin E, Presetnik P, Zagmajster M and Mayer F** (2019) Reticulate evolutionary history of a Western Palaearctic Bat Complex explained by multiple mt DNA introgressions in secondary contacts. *Journal of Biogeography*, 46 (2): 343-354.
- Çoraman E, Dundarova H, Dietz C and Mayer F** (2020) Patterns of mtDNA introgression suggest population replacement in Palaearctic whiskered bat species. *Royal Society Open Science*, 7 (6): 191805.
- Corbet G B** (1978) The mammals of the Palaearctic region: a taxonomic review. *British Museum (Natural History)*.
- Dando T and Kennerley R** (2021) *Microtus anatolicus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2021: e.T136237A137237409.
- Danford C G and Alston E R** (1880) On the mammals of Asia Minor, Part II. *Proceedings of the zoological Society London* 270-281.
- Darriba D, Posada D, Kozlov A M, Stamatakis A, Morel B and Flouri T** (2019) ModelTest-NG: A new and scalable tool for the selection of DNA and protein evolutionary models. *Molecular Biology and Evolution*, 37 (1): 291-294.
- Dávalos L M and Russell A L** (2014) Sex-biased dispersal produces high error rates in mitochondrial distance-based and tree-based species delimitation. *Journal of Mammalogy*, 95 (4): 781-791.
- Davis M B and Shaw R G** (2001) Range shifts and adaptive responses to Quaternary climate change. *Science*, 292 (5517): 673-679.
- Degnan J H and Rosenberg N A** (2009) Gene tree discordance, phylogenetic inference and the multispecies coalescent. *Trends in Ecology & Evolution*, 24 (6): 332-340.
- Demirtaş S and Gürler A T** (2019) New records of the Iranian Vole, *Microtus irani* Thomas, 1921, from eastern Turkey (Mammalia: Rodentia). *Zoology in the Middle East*, 65 (1): 91-94.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- DeWoody J A, Chesser R K and Baker R J** (1999) A translocated mitochondrial cytochrome b pseudogene in voles (Rodentia: *Microtus*). *Journal of Molecular Evolution*, 48 (3): 380-382.
- Drummond A J and Rambaut A** (2007) BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC evolutionary biology*, 7 (1): 214.
- Dubey S, Cosson J F, Magnanou E, Vohralík V, Benda P, Frynta D, Hutterer R, Vogel V and Vogel P** (2007) Mediterranean populations of the lesser white-toothed shrew (*Crocidura suaveolens* group): an unexpected puzzle of Pleistocene survivors and prehistoric introductions. *Molecular Ecology*, 16 (16): 3438-3452.
- Dufresnes C, Litvinchuk S N, Leuenberger J, Ghali K, Zinenko O, Stöck M and Perrin N** (2016) Evolutionary melting pots: a biodiversity hotspot shaped by ring diversifications around the Black Sea in the Eastern tree frog (*Hyla orientalis*). *Molecular Ecology*, 25 (17): 4285-4300.
- Edler D, Klein J, Antonelli A and Silvestro D** (2021) raxmlGUI 2.0: a graphical inference and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML. *Methods in Ecology and Evolution*, 12 (2): 373-377.
- Edwards S and Bensch S** (2009) Looking forwards or looking backwards in avian phylogeography? A comment on Zink and Barrowclough 2008. *Molecular Ecology*, 18 (14): 2930-2933.
- Eken G, Bozdoğan M, İsfendiyoğlu S, Kılıç D T and Lise T** (2006) Türkiye'nin Önemli Doğa Alanları. Doğa Derneği, Ankara, Turkey.
- Ekim T** (2006) *Türkiye'nin Bitkileri*, Doğa Derneği, Ankara.
- Ellerman J R** (1941) The families and genera of living rodents. Vol II-Muridae. *The families and genera of living rodents. Vol II-Muridae*.
- Ellerman J R** (1948) Key to the rodents of South-West Asia in the British Museum collection. *Proceedings of the Zoological Society of London*, 118 (3): 765-816.
- Erdal O, Erturaç M K, Dalfes H N and Sen S** (2018) Rodents from the Middle Pleistocene of Niksar Basin (Tokat-Turkey): implications on palaeoenvironment and the North Anatolian Fault. *Neues Jahrbuch für Geologie und Paläontologie-Abhandlungen*, 289 (1): 77-111.
- Figueiró H V, Li G, Trindade F J, Assis J, Pais F, Fernandes G, Santos S H D, Hughes G M, Komissarov A, Antunes A, Trinca C S, Rodrigues M R, Linderöth T, Bi K, Silveira L, Azevedo F C C, Kantek D, Ramalho E, Brassaloti R A, Villela P M S, Nunes A L V, Teixeira R H F, Morato R G, Loska D, Saragüeta P, Gabaldón T, Teeling E C, O'Brien S J, Nielsen R, Coutinho L L, Oliveira G, Murphy W J and Eizirik E** (2017) Genome-wide signatures of complex introgression and adaptive evolution in the big cats. *Science Advances*, 3 (7): e1700299.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Fink S, Fischer M C, Excoffier L and Heckel G** (2010) Genomic scans support repetitive continental colonization events during the rapid radiation of voles (Rodentia: *Microtus*): the utility of AFLPs versus mitochondrial and nuclear sequence markers. *Systematic Biology*, 59 (5): 548-572.
- Fletcher N K, Acevedo P, Herman J S, Paupério J, Alves P C and Searle J B** (2019) Glacial cycles drive rapid divergence of cryptic field vole species. *Ecology and evolution*, 9 (24): 14101-14113.
- Frankham R** (2010) Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. *Biological Conservation*, 143 (9): 1919-1927.
- Freeland J R** (2020) *Molecular Ecology*. 3rd Edition, ISBN: 978-1-119-42615-8, John Wiley & Sons, 384.
- Furman A, Çoraman E, Bilgin R and Karatas A** (2009) Molecular ecology and phylogeography of the bent-wing bat complex (*Miniopterus schreibersii*) (Chiroptera: Vespertilionidae) in Asia Minor and adjacent regions. *Zoologica Scripta*, 38: 129-141.
- Furman A, Postawa T, Öztunç T and Çoraman E** (2010) Cryptic diversity of the bent-wing bat, *Miniopterus schreibersii* (Chiroptera: Vespertilionidae), in Asia Minor. *BMC Evolutionary Biology*, 10 (1): 121.
- Furman A, Çoraman E, Nagy Z L, Postawa T, Bilgin R, Gajewska M and Bogdanowicz W** (2013) Phylogeography of the large *Myotis* bats (Chiroptera: Vespertilionidae) in Europe, Asia Minor, and Transcaucasia. *Biological Journal of the Linnean Society*, 108 (1): 189-209.
- Furman A, Çelik Y E, and Çoraman E** (2018) *Myotis myotis* (Chiroptera: Vespertilionidae) diverges into two distinct, Anatolian and European, populations. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 183 (1): 226-235.
- Fux M and Eilam D** (2009) How barn owls (*Tyto alba*) visually follow moving voles (*Microtus socialis*) before attacking them. *Physiology & behavior*, 98 (3): 359-366.
- Galewski T, Tilak M-k, Sanchez S, Chevret P, Paradis E and Douzery E J** (2006) The evolutionary radiation of Arvicolinae rodents (voles and lemmings): relative contribution of nuclear and mitochondrial DNA phylogenies. *BMC Evolutionary Biology*, 6 (1): 80.
- Galtier N, Nabholz B, Glémin S and Hurst G D D** (2009) Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular Ecology*, 18 (22): 4541-4550.
- Gauffre B, Galan M, Bretagnolle V and Cosson J F** (2007) Polymorphic microsatellite loci and PCR multiplexing in the common vole, *Microtus arvalis*. *Molecular Ecology Notes*, 7 (5): 830-832.
- Golenishchev F N, Malikov V G, Nazari F, Vaziri A S, Sablina O V and Polyakov A V** (2002a) New species of vole of “*guentheri*” group (Rodentia, Arvicolinae, *Microtus*) from Iran. *Russian Journal of Theriology*, 1 (2): 117-123.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Golenishchev F N, Sablina O V, Borodin P M and Gerasimov S** (2002b) Taxonomy of voles of the subgenus *Sumeriomys* Argyropulo, 1933 (Rodentia, Arvicolinae, *Microtus*). *Russian Journal of Theriology*, 1 (1): 43-55.
- Gómez A and Lunt D H** (2007) Refugia within refugia: patterns of phylogeographic concordance in the Iberian Peninsula. *Phylogeography of southern European refugia*, 155-188. Springer, Dordrecht.
- Gray M, Roy J, Vigilant L, Fawcett K, Basabose A, Cranfield M, Uwingeli P, Mburanumwe I, Kagoda E and Robbins M M** (2013) Genetic census reveals increased but uneven growth of a critically endangered mountain gorilla population. *Biological Conservation*, 158 230-238.
- Gündüz İ, 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.
- Gür 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 (1): 19-32.
- Gür H** (2016) The Anatolian diagonal revisited: Testing the ecological basis of a biogeographic boundary. *Zoology in the Middle East*, 62 (3): 189-199.
- Happold D** (2013) *Microtus mustersi* Musters's Vole, *The mammals of Africa, Volume III* Kingdon J (Ed.), ISBN: 9781408122532, Bloomsbury, 211-212.
- Harrison D L and Bates P J J** (1991) The mammals of Arabia. 2nd. *Harrison Zoological Museum Publication*, Sevenoaks, Kent, UK.
- Havmøller R G, Payne J, Ramono W, Ellis S, Yoganand K, Long B, Dinerstein E, Williams A C, Putra R H and Gawi J** (2016) Will current conservation responses save the critically endangered Sumatran rhinoceros *Dicerorhinus sumatrensis*? *Oryx*, 50 (2): 355-359.
- Hellborg L, Gündüz İ and Jaarola M** (2005) Analysis of sex-linked sequences supports a new mammal species in Europe. *Molecular Ecology*, 14 (7): 2025-2031.
- Herman J S, McDevitt A D, Kawalko A, Jaarola M, Wójcik J M and Searle J B** (2014) Land-bridge calibration of molecular clocks and the post-glacial colonization of Scandinavia by the Eurasian field vole *Microtus agrestis*. *Plos One*, 9 (8): e103949.
- Hewitt G M** (1999) Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68 (1-2): 87-112.
- Hewitt G M** (2004) Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 359 (1442): 183-195.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Ho S Y, Lanfear R, Bromham L, Phillips M J, Soubrier J, Rodrigo A G and Cooper A** (2011) Time-dependent rates of molecular evolution. *Molecular ecology*, 20 (15): 3087-3101.
- Igea J, Juste J, and Castresana J** (2010) Novel intron markers to study the phylogeny of closely related mammalian species. *BMC evolutionary biology*, 10 (1): 1-13.
- Işık K** (2011) Rare and endemic species: why are they prone to extinction? *Turkish Journal of Botany*, 35 (4): 411-417.
- IUCN** (2011) IUCN Red List Categories and Criteria: Version 3.1. IUCN Species Survival Commission, IUCN, Gland, Switzerland and Cambridge, UK.
- İpekdağ K, Burban C, Sauné L, Battisti A and Kerdelhué C** (2020) From refugia to contact: Pine processionary moth hybrid zone in a complex biogeographic setting. *Ecology and Evolution*, 10 (3): 1623-1638.
- Jaarola M and Tegelstrom H** (1995) Colonization history of North European field voles (*Microtus agrestis*) revealed by Mitochondrial-DNA. *Molecular Ecology*, 4 299-310.
- Jaarola M and Searle J B** (2002) Phylogeography of field voles (*Microtus agrestis*) in Eurasia inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Ecology*, 11: 2613-2621.
- Jaarola M, Martínková N, Gündüz İ, Brunhoff C, Zima J, Nadachowski A, Amori G, Bulatova N S, Chondropoulos B and Fraguadakis-Tsolis S** (2004) Molecular phylogeny of the speciose vole genus *Microtus* (Arvicolinae, Rodentia) inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33 (3): 647-663.
- Jaarola M and Searle J B** (2004) A highly divergent mitochondrial DNA lineage of *Microtus agrestis* in southern Europe. *Heredity*, 92 228-234.
- Jiménez-Moreno G, Alçiçek H, Alçiçek M C, van den Hoek Ostende L and Wesselingh F P** (2015) Vegetation and climate changes during the late Pliocene and early Pleistocene in SW Anatolia, Turkey. *Quaternary Research*, 84 (3): 448-456.
- Johnson M, Zaretskaya I, Raytselis Y, Merezuk Y, McGinnis S and Madden T L** (2008) NCBI BLAST: a better web interface. *Nucleic acids research*, 36 (suppl_2), W5-W9.
- Jombart T** (2008) adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24 (11): 1403-1405.
- Karataş A, Filiz H, Erciyas-Yavuz K, Özeren S C and Tok C V** (2021) The Vertebrate Biodiversity of Turkey. *Biodiversity, Conservation and Sustainability in Asia*, Öztürk M, Altay V and Efe R (Eds.), ISBN: 978-3-030-59928-7, Springer, Cham, 175-274.
- Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, Buxton S, Cooper A, Markowitz S and Duran C** (2012) Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28 (12): 1647-1649.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Kefelioğlu H** (1995) The taxonomy of the genus of *Microtus* (Mammalia: Rodentia) and its distribution in Turkey. *Turk. J. Zool.*, 19 35-63.
- Kefelioğlu H and Kryštufek B** (1999) The taxonomy of *Microtus socialis* group (Rodentia : Microtinae) in Turkey, with the description of a new species. *Journal of Natural History*, 33 (2): 289-303.
- Kennerley R** (2016) *Microtus qazvinensis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T136565A22350870.
- Kerey I E, Meriç E, Tunoğlu C, Kelling G, Brenner R L and Doğan A U** (2004) Black Sea–Marmara Sea Quaternary connections: new data from the Bosphorus, Istanbul, Turkey. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 204 (3-4), 277-295.
- 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.
- Kosswig C** (1955) Zoogeography of the near East. *Systematic Zoology*, 4 (2): 49-96.
- Kougioumoutzis K, Valli A T, Georgopoulou E, Simaiakis S M, Triantis K A, and Trigas P** (2017) Network biogeography of a complex island system: The Aegean Archipelago revisited. *Journal of Biogeography*, 44(3): 651-660.
- Kryštufek B and Kefelioğlu H** (2001a) The Social Vole *Microtus socialis* in the Near East. *Mammal Review*, 31 (3): 229-237.
- Kryštufek B and Kefelioğlu H** (2001b) Redescription and species limits of *Microtus irani* Thomas, 1921, and description of a new social vole from Turkey (Mammalia: Arvicolinae). *Bonner Zoologische Beiträge*, 50: 1-14.
- Kryštufek B and Vohralík V** (2004) Molar size variation in three species of pine vole in Asia Minor: *Microtus subterraneus*, *M. majori*, and *M. daghestanicus* (Rodentia : Arvicolinae). *Israel Journal of Zoology*, 50: 311-319.
- Kryštufek B and Vohralík V** (2005) *Mammals of Turkey and Cyprus: Rodentia I: Sciuridae, Dipodidae, Gliridae, Arvicolinae*. ISBN: 9789616033602, Univerza na Primorskem, Znanstveno-raziskovalno središče, Založba Annales, Koper, 292.
- Kryštufek B, Buzan E V, Vohralík V, Zareie R and Özkan B** (2009a) Mitochondrial cytochrome b sequence yields new insight into the speciation of social voles in south-west Asia. *Biological Journal of the Linnean Society*, 98 (1): 121-128.
- Kryštufek B, Vohralík V and Obuch J** (2009b) Endemism, vulnerability and conservation issues for small terrestrial mammals from the Balkans and Anatolia. *Folia Zoologica*, 58 (3): 297-302.
- Kryštufek B and Vohralík V** (2009) *Mammals of Turkey and Cyprus: Rodentia II : Cricetinae, Muridae, Spalacidae, Calomyscidae, Capromyidae, Hystricidae, Castoridae*, ISBN: 9789616732116, Univerza na Primorskem, Znanstveno-raziskovalno središče, Založba Annales, Koper, 373.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Kryštufek B, Vohralík V, Zima J, Koubinova D and Buzan E V** (2010) A new subspecies of the Iranian Vole, *Microtus irani* Thomas, 1921, from Turkey. *Zoology in the Middle East*, 50: 11-18.
- Kryštufek B, Zorenko T and Buzan E V** (2012) New insights into the taxonomy and phylogeny of social voles inferred from mitochondrial cytochrome b sequences. *Mammalian Biology-Zeitschrift für Säugetierkunde*, 77 (3): 178-182.
- Kryštufek B, Arslan A, Shehab A, Abi-Said M R, Zupan S and Lužnik M** (2013a) Mitochondrial sequences point on a cryptic species in five-toed jerboas, subgenus *Paralactaga*. *Mammalia*, 77 (4): 433-438.
- Kryštufek B, Abi-Said M and Hladnik M** (2013b) The Iranian vole *Microtus irani* occurs in Lebanon (Mammalia: Rodentia). *Zoology in the Middle East*, 59 (2): 101-106.
- Kryštufek B, Yigit N, Kefelioğlu H and Sözen M** (2017). *Microtus dogramacii*. The IUCN Red List of Threatened Species 2017: e.T136535A22349286.
- Kubatko L S and Degnan J H** (2007) Inconsistency of phylogenetic estimates from concatenated data under coalescence. *Systematic Biology*, 56 (1): 17-24.
- Kumerloewe H** (1975) Die säugetiere (Mammalia) des Turkei, *Veröffentlichungen Zoologische Staatssammlung*, München, 18: 71-158.
- 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.
- Kuzucuoğlu C, Bertaux J, Black S, Deneffe M, Fontugne M, Karabiyikoğlu M, Kashima K, Lomondin-Lozouet N, Mouralis D and Orth P** (1999) Reconstruction of climatic changes during the Late Pleistocene, based on sediment records from the Konya Basin (Central Anatolia, Turkey). *Geological Journal*, 34 (1-2): 175-198.
- Leigh J W and Bryant D** (2015) POPART: full-feature software for haplotype network construction. *Methods in Ecology and Evolution*, 6 (9): 1110-1116.
- Lenskaya N, Romanenko S, Golenishchev F, Rubtsova N, Sablina O, Serdukova N, O'Brien P M, Fu B, Yiğit N, Ferguson-Smith M, Yang F and Graphodatsky A** (2010) Chromosomal evolution of Arvicolinae (Cricetidae, Rodentia). III. Karyotype relationships of ten *Microtus* species. *Chromosome Research*, 18 (4): 459-471.
- Librado P and Rozas J** (2009) DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25 (11): 1451-1452.
- Lin D, Bi K, Conroy C J, Lacey E A, Schraiber J G and Bowie R C** (2018) Mito-nuclear discordance across a recent contact zone for California voles. *Ecology and evolution*, 8 (12): 6226-6241.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Lischer H E L, Excoffier L and Heckel G** (2014) Ignoring heterozygous sites biases phylogenomic estimates of divergence times: Implications for the evolutionary history of *Microtus* voles. *Molecular Biology and Evolution*, 31 (4): 817-831.
- Lissovsky A A, Petrova T V, Yatsentyuk S P, Golenishchev F N, Putincev N I, Kartavtseva I V, Sheremetyeva I N and Abramson N I** (2018) Multilocus phylogeny and taxonomy of East Asian voles *Alexandromys* (Rodentia, Arvicolinae). *Zoologica Scripta*, 47 (1): 9-20.
- Macholán M, Filippucci M G and Zima J** (2001) Genetic variation and zoogeography of pine voles of the *Microtus subterraneus/majori* group in Europe and Asia Minor. *Journal of Zoology*, 255 (1): 31-42.
- Mahmoudi A, Darvish J and Aliabadian M** (2014a) The Karaman vole *Microtus irani karamani* is a new record for Iran (Arvicolinae; *Microtus*). *Iranian Journal of Animal Biosystematics*, 10 (1): 51-56.
- Mahmoudi A, Darvish J, Aliabadian M, Khosravi M, Golenishchev F N and Kryštufek B** (2014b) Chromosomal diversity in the genus *Microtus* at its southern distributional margin in Iran. *Folia Zoologica*, 63 (4): 290-295.
- Mahmoudi A, Darvish J and Aliabadian M** (2015) Taxonomic identity of *Microtus qazvinensis* Golenishchev et al. 2003 (Rodentia, Arvicolinae) from the northwest of Iran. *Mammal Research*, 60 (1): 71-79.
- Mahmoudi A, Darvish J, Aliabadian M, Moghaddam F Y and Kryštufek B** (2017) New insight into the cradle of the grey voles (subgenus *Microtus*) inferred from mitochondrial cytochrome b sequences. *Mammalia*, 81 (6): 583-593.
- Mahmoudi A and Kennerley R** (2019) *Microtus irani*. The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T112465090A115589476.
- Mardulyn P** (2012) Trees and/or networks to display intraspecific DNA sequence variation? *Molecular Ecology*, 21 (14): 3385-3390.
- Markov G** (1960) *Microtus güentheri strandzensis* subsp. nov., eine neue wühlmaus-unterart im Strandza-Gebirge, Ostbulgarien. *Comptes rendus de l 'Academia bulgare des Sciences*, 13: 615-617.
- Markov G, Yigit N, Colak E, Kocheva M and Gospodinova M** (2014) Epigenetic diversity and similarity of the voles of "Guentheri" group (Mammalia: Rodentia) in Anatolian Peninsula and south-eastern part of the Balkan Peninsula. *Acta Zoologica Bulgarica*, 66 (2): 159-164.
- Martínková N and Moravec J** (2012) Multilocus phylogeny of arvicoline voles (Arvicolini, Rodentia) shows small tree terrace size. *Folia Zoologica*, 61 (3-4): 254-267.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Martínková N, Barnett R, Cucchi T, Struchen R, Pascal M, Fischer M C, Higham T, Brace S, Ho S Y W, Quéré J-P, O'Higgins P, Excoffier L, Heckel G, Rus Hoelzel A, Dobney K M and Searle J B** (2013) Divergent evolutionary processes associated with colonization of offshore islands. *Molecular Ecology*, 22 (20): 5205-5220.
- Michaux J R, Libois R, Paradis E and Filippucci M G** (2004) Phylogeographic history of the yellow-necked fieldmouse (*Apodemus flavicollis*) in Europe and in the Near and Middle East. *Molecular phylogenetics and evolution*, 32 (3): 788-798.
- Minoudi S, Papapetridis I, Karaïskou N, Chatzinikos E, Triantaphyllidis C, Abatzopoulos T J and Triantafyllidis A** (2018) Genetic analyses of brown hare (*Lepus europaeus*) support limited migration and translocation of Greek populations. *Plos One*, 13 (10): e0206327.
- Mittermeier R A, Turner W R, Larsen F W, Brooks T M and Gascon C** (2011) Global biodiversity conservation: the critical role of hotspots. *Biodiversity Hotspots*, Zachos F E and Habel J C (Eds), ISBN: 9783642209918, Springer, 3-22.
- Moritz C** (1994) Defining 'evolutionarily significant units' for conservation. *Trends in ecology & evolution*, 9 (10): 373-375.
- Nadachowski A** (1991) Systematics, geographic variation, and evolution of snow voles (*Chionomys*) based on dental characters. *Acta Theriologica*, 36 (1-2): 1-45.
- Neuhäuser G** (1936) Diagnosen neuer kleinasiatischer mäuse. *Z. Säugetierkunde*, 11: 159-160.
- Nevado B, Contreras-Ortiz N, Hughes C and Filatov D A** (2018) Pleistocene glacial cycles drive isolation, gene flow and speciation in the high-elevation Andes. *New Phytologist*, 219 (2): 779-793.
- Noroozi J, Zare G, Sherafati M, Mahmoodi M, Moser D, Asgarpour Z and Schneeweiss G M** (2019) Patterns of endemism in Turkey, the meeting point of three global biodiversity hotspots, based on three diverse families of vascular plants. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 7, 159.
- Ohlemüller R, Anderson B J, Araújo M B, Butchart S H M, Kudrna O, Ridgely R S and Thomas C D** (2008) The coincidence of climatic and species rarity: high risk to small-range species from climate change. *Biology Letters*, 4 (5): 568-572.
- Orland I J, He F, Bar-Matthews M, Chen G, Ayalon A and Kutzbach J E** (2019) Resolving seasonal rainfall changes in the Middle East during the last interglacial period. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116 (50): 24985-24990.
- Osborn D J** (1962) Rodents of the subfamily Microtinae from Turkey. *Journal of Mammalogy*, 43 (4): 515-529.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Özüdoğru B and Mummenhoff K** (2020) Phylogenetic and biogeographical history confirm the Anatolian origin of *Bornmuellera* (Brassicaceae) and clade divergence between Anatolia and the Balkans in the Plio-Pleistocene transition. *Turkish Journal of Botany*, 44 (6): 593-603.
- Pärtel M, Bruun H H and Sammul M** (2005). Biodiversity in temperate European grasslands: origin and conservation. *Grassland science in Europe*, 10 (1): 14.
- Paupério J, Herman J S, Melo-Ferreira J, Jaarola M, Alves P C, and Searle J B** (2012) Cryptic speciation in the field vole: a multilocus approach confirms three highly divergent lineages in Eurasia. *Molecular Ecology*, 21 (24): 6015-6032.
- Pedreschi D, García-Rodríguez O, Yannic G, Cantarello E, Diaz A, Golicher D, Korstjens A H, Heckel G, Searle J B, Gillingham P, Hardouin E A and Stewart J R** (2019) Challenging the European southern refugium hypothesis: Species-specific structures versus general patterns of genetic diversity and differentiation among small mammals. *Global Ecology and Biogeography*, 28 (2): 262-274.
- Perissoratis C and Conispoliatis N** (2003) The impacts of sea-level changes during latest Pleistocene and Holocene times on the morphology of the Ionian and Aegean seas (SE Alpine Europe). *Marine Geology*, 196 (3-4): 145-156.
- Perktaş U, Gür H, Sağlam İ K and Quintero E** (2015) Climate-driven range shifts and demographic events over the history of Kruper's Nuthatch *Sitta krueperi*. *Bird Study*, 62 (1): 14-28.
- Petrova T V, Zakharov E S, Samiya R and Abramson N I** (2015) Phylogeography of the narrow-headed vole *Lasiopodomys (Stenocranius) gregalis* (Cricetidae, Rodentia) inferred from mitochondrial cytochrome b sequences: an echo of Pleistocene prosperity. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 53 (2): 97-108.
- Pfunder M, Holzgang O, and Frey J E** (2004) Development of microarray-based diagnostics of voles and shrews for use in biodiversity monitoring studies, and evaluation of mitochondrial cytochrome oxidase I vs. cytochrome b as genetic markers. *Molecular Ecology*, 13 (5): 1277-1286.
- Pickarski N, Kwiecien O, Djamali M and Litt T** (2015) Vegetation and environmental changes during the last interglacial in eastern Anatolia (Turkey): a new high-resolution pollen record from Lake Van. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 435: 145-158.
- Puechmaille S J** (2016) The program structure does not reliably recover the correct population structure when sampling is uneven: subsampling and new estimators alleviate the problem. *Molecular Ecology Resources*, 16 (3): 608-627.
- Rato C, Stratakis M, Sousa-Guedes D, Sillero N, Corti C, Freitas S, Harris D J and Carretero M A** (2020) The more you search, the more you find: Cryptic diversity and admixture within the Anatolian rock lizards (Squamata, *Darevskia*). *Zoologica Scripta*, 50 (2): 193-209.

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.
- Ruda M, Ziak D, Gauffere B, Zima J and Martínková N** (2008) Comprehensive cross-amplification of microsatellite multiplex sets across the rodent genus *Microtus*. *Molecular Ecology Resources*, 9 (3): 974-978.
- Seehausen O** (2004) Hybridization and adaptive radiation. *Trends in ecology & evolution*, 19 (4): 198-207.
- Şekercioğlu Ç H, Anderson S, Akçay E, Bilgin R, Can Ö E, Semiz G, Tavşanoğlu Ç, Yokeş M B, Soyumert A, İpekdağ K, Sağlam İ K, Yücel M and Nüzhet Dalfes H** (2011) Turkey's globally important biodiversity in crisis. *Biological Conservation*, 144 (12): 2752-2769.
- Şekeroğlu Z A, Kefelioğlu H and Şekeroğlu V** (2011) Cytogenetic characteristics of *Microtus dogramacii* (Mammalia: Rodentia) around Amasya, Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 35 (4): 593-598.
- Selçuk A Y, Kaya A, and Kefelioğlu H** (2017) "Geomorphometric differences among four species of *Microtus* in Turkey (Mammalia: Rodentia)." *Zoology in the Middle East* 64 (1): 27-37.
- Selkoe K A and Toonen R J** (2006) Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters*, 9 615–629.
- Shenbrot G I and Krasnov B R** (2005) *Atlas of the geographic distribution of the arvicoline rodents of the world (Rodentia, Muridae: Arvicolinae)*. ISBN: 9789546423740, Pensoft, 336.
- Shenbrot G I and Kryštufek B** (2016) *Microtus paradoxus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T136216A22351652.
- Shurtliff Q R** (2013) Mammalian hybrid zones: a review. *Mammal Review*, 43 (1): 1-21.
- Soulé M E** (1985) What is conservation biology? *BioScience*, 35 (11): 727-734.
- Stebbins G L** (1942) The Genetic Approach to Problems of Rare and Endemic Species. *Madroño*, 6 (8): 241-258.
- Steiner H M and Vauk G** (1966) Säugetiere aus dem Beyşehir-Gebiet (Konya, Kleinasien). *Zool. Anzeiger*, 176: 97-102.
- Steppan S J and Schenk J J** (2017) Muroid rodent phylogenetics: 900-species tree reveals increasing diversification rates. *Plos one*, 12 (8): e0183070.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Stojak J, McDevitt A D, Herman J S, Searle J B and Wójcik J M** (2015) Post-glacial colonization of eastern Europe from the Carpathian refugium: evidence from mitochondrial DNA of the common vole *Microtus arvalis*. *Biological Journal of the Linnean Society*, 115 (4): 927-939.
- Stribna T, Romportl D, Demjanovič J, Vogeler A, Tschapka M, Benda P, Horacek I, Juste J, Goodman S M and Hulva P** (2019) Pan African phylogeography and palaeodistribution of rousettine fruit bats: Ecogeographic correlation with Pleistocene climate vegetation cycles. *Journal of Biogeography*, 46 (10): 2336-2349.
- Struck T H, Feder J L, Bendiksby M, Birkeland S, Cerca J, Gusarov V I, Kistenich S, Larsson K H, Liow L H, Nowak M D, Stedje B, Bachmann L and Dimitrov D** (2018). Finding evolutionary processes hidden in cryptic species. *Trends in Ecology & Evolution*, 33 (3): 153-163.
- 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.
- Tchernov E** (1975) Rodent faunas and environmental changes in the Pleistocene of Israel. *Rodents in Desert Environments*, Parakash I and Ghosh P K (Ed), ISBN: 97894010-19446, 331-362.
- Temple H J and Cuttelod A** (2009) *The Status and Distribution of Mediterranean Mammals*. ISBN: 9782831711638, Cambridge, Gland, Switzerland and Cambridge, UK: IUCN, 32.
- Templeton A R, Crandall K A and Sing C F** (1992) A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data. III. Cladogram estimation. *Genetics*, 132 (2): 619.
- Templeton A R** (2008). The reality and importance of founder speciation in evolution. *Bioessays*, 30: (5), 470-479.
- Thanou E, Tryfonopoulos G, Chondropoulos B and Fragedakis-Tsolis S** (2012) Comparative phylogeography of the five Greek vole species infers the existence of multiple South Balkan subrefugia. *Italian Journal of Zoology*, 79 (3): 363-376.
- Thanou E, Paragamian K and Lymberakis P** (2019) Social but lonely: Species delimitation of Social voles and the evolutionary history of the only *Microtus* species living in Africa. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 58 (1): 475-498.
- Thomas O** (1917) A new vole from Palestine [*Microtus philistinus*, a form of Gunther's Vole]. *The Annals and Magazine Natural. History*, 19: 450.
- Tiley G P, Poelstra J W, dos Reis M, Yang Z and Yoder A D** (2020) Molecular clocks without rocks: New solutions for old problems. *Trends in Genetics*, 36 (11): 845-856.
- Toews D P L and Brelsford A** (2012) The biogeography of mitochondrial and nuclear discordance in animals. *Molecular Ecology*, 21 (16): 3907-3930.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Tougard C, Montuire S, Volobouev V, Markova E, Contet J, Aniskin V and Quere J-P** (2013) Exploring phylogeography and species limits in the Altai vole (Rodentia: Cricetidae). *Biological Journal of the Linnean Society*, 108 (2): 434-452.
- Tsytsulina K, Kryštufek B, Yigit N, Bukhnikashvili A and Shenbrot G** (2016) *Microtus socialis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T13458A115114745.
- Triant D A and DeWoody J A** (2006) Accelerated molecular evolution in *Microtus* (Rodentia) as assessed via complete mitochondrial genome sequences. *Genetica*, 128 (1-3): 95-108.
- URL-1** <http://www.stage5e.com/last-interglacial/>, Ziyaret tarihi: 08.01.2022
- Van Oosterhout C, Hutchinson W F, Wills D P and Shipley P** (2004) MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4 (3): 535-538.
- Walser B and Heckel G** (2008) Microsatellite markers for the common vole (*Microtus arvalis*) and their cross-species utility. *Conservation Genetics*, 9 (2): 479-481.
- Wilson D E and Reeder D M** (2005) *Mammal Species of the World. A Taxonomic and Geographic Reference*. 3rd Edition, ISBN: 9780801882210, Johns Hopkins University Press, 2000.
- Wilson D E, Lacher T E, Mittermeier R A and Russell A** (2017) *Handbook of the Mammals of the World, Rodents II: Volume 7*, ISBN: 9788416728046, Lynx, 1008.
- Yang Z and Rannala B** (2012) Molecular phylogenetics: principles and practice. *Nature reviews genetics*, 13(5): 303-314.
- Yavuz M, Oz M and Albayrak İ** (2009) Two new locality records extend the distribution of *Microtus anatolicus* Kryštufek and Kefelioğlu, 2002 (Mammalia: Rodentia) into Antalya Province in Turkey. *North-Western Journal of Zoology*, 5 (2): 364-369.
- Yiğit N and Çolak E** (2002) On the distribution and taxonomic status of *Microtus guentheri* (Danford and Alston, 1880) and *Microtus lydius* Blackler, 1916 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Tr. J. Zoology*, 26 197-204.
- Yigit N, Gharkheloo M M, Çolak E, Özkurt Ş, Bulut Ş, Kankılıç T and Çolak R** (2006) The karyotypes of some rodent species (Mammalia: Rodentia) from Eastern Turkey and Northern Iran with a new record, *Microtus schidlovskii* Argyropulo, 1933, from Eastern Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 30: 459-464.
- Yiğit N, Çolak, E and Sözen, M** (2016) A new species of voles, *Microtus elbeyli* sp. nov., from Turkey with taxonomic overview of social voles distributed in southeastern Anatolia. *Turkish Journal of Zoology*, 40 (1): 73-79.
- Zima J, Arslan A, Benda P, Macholán M and Kryštufek B** (2013) Chromosomal variation in social voles: a Robertsonian fusion in Gunther's vole. *Acta Theriologica*, 58 (3): 255-265.

KAYNAKLAR (devam ediyor)

- Zorenko T A, Koren T and Kryštufek B** (2014) Cytochrome b yields new insight into taxonomic scope of *Microtus schidlovskii* (Rodentia, Arvicolinae, *Microtus*). *Russian J Theriol*, 13 47-52.
- Zorenko T A and Golenishchev F N** (2015) The spermatozoa structure peculiarities of the subgenus *Sumeriomys* (Rodentia, Arvicolinae, *Microtus*). *Russian Journal of Theriology*, 14 (1): 105-111.
- Zorenko T A, Atanasov N, and Golenishchev F N** (2016) Behavioral differentiation and hybridization of the European and Asian forms of Harting' vole *Microtus hartingi* (Rodentia, Arvicolinae). *Russian J. Theriol*, 15: 133-150.



EK AÇIKLAMALAR

EK A: ÖRNEK KOLEKSİYONU

Çizelge A.1. Bu çalışmada GenBank'tan elde edilen sekansların listesi

Orijin	Lokus	GenBank No	Referans
mtDNA	CYTB	AY220777-AY220778	Haynes et al. 2003
		AY513793-AY513831	Jaarola et al. 2004
		DQ841703	Martínková et al. 2007
		FJ641110-FJ641141	Thanou et al. 2012
		FJ767739-FJ767752	Kryštufek et al. 2009a
		GQ352468	Bannikova et al. 2010
		GU987118	Fink et al. 2010
		KC953617-KC953621	Kryštufek et al. 2013
		KC953622-KC953627	Kryštufek et al. 2012
		KM269334-KM269339	Mahmoudi et al. 2014a
		KM390972-KM390981	Mahmoudi et al. 2014a
		KM656487	Baskevich et al. 2016
		MH686214-MH686218	Demirtas et al. 2018
		MK6231990-MK6231998	Thanou et al. 2019
nuDNA	GHR	AM392386-AM392397	Galewski et al. 2006
		FM162073 ^A	Blanga-Kanfi et al. 2009
		KP057335-KP057336	Petrova et al. 2016
		KX455575-KX455588	Abramson and Petrova 2017
	RAG2	FM162088 ^A	Blanga-Kanfi et al. 2009

A. Bu çalışmada *Microtus guentheri* olarak analizlere eklendi (Fux and Eilam 2009)

Çizelge A.2. Çalışmada kullanılan tüm örneklerin listesi. Tür, örnek numaraları, şehir, ülke, lokalite bilgileri, halotip numaraları ve GenBank erişim numaraları sırasıyla gösterilmektedir. Kalın yazı tipi ile gösterilen örnek numaraları ayrılma zamanı tahminleri analizlerinde kullanılmıştır.

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus anatolicus</i>	7233_ana	Konya	Türkiye	38.511570	32.995222	7233_ana_TR3	OM144763	OM174233	OM174174
<i>Microtus anatolicus</i>	7282_ana	Aksaray	Türkiye	38.251240	33.610220	7282_ana_TR3	OM144764	OM174234	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7294_ana	Antalya	Türkiye	37.184920	31.765995	7294_ana_TR7	OM144765	OM174235	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7342_ana	Konya	Türkiye	38.511570	32.995222	7342_ana_TR3	OM144766	OM174236	OM174175
<i>Microtus anatolicus</i>	7372_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7372_ana_TR8	OM144767	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7373_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7373_ana_TR8	OM144768	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7374_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7374_ana_TR8	OM144769	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7395_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7395_ana_TR8	OM144770	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7420_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7420_ana_TR8	OM144771	OM174237	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7421_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7421_ana_TR8	OM144772	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7422_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7422_ana_TR10	OM144773	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7423_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7423_ana_TR9	OM144774	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7424_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7424_ana_TR8	OM144775	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7425_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7425_ana_TR8	OM144776	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7426_ana	Konya	Türkiye	37.536210	33.157451	7426_ana_TR8	OM144777	-	OM174176
<i>Microtus anatolicus</i>	7468_ana	Antalya	Türkiye	37.184920	31.765995	7468_ana_TR7	OM144778	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7469_ana	Antalya	Türkiye	37.184920	31.765995	7469_ana_TR7	OM144779	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7494_ana	Konya	Türkiye	38.158460	32.694268	7494_ana_TR1	OM144780	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus anatolicus</i>	7495_ana	Konya	Türkiye	38.158460	32.694268	7495_ana_TR3	OM144781	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7498_ana	Konya	Türkiye	38.158460	32.694268	7498_ana_TR4	OM144782	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7499_ana	Konya	Türkiye	38.158460	32.694268	7499_ana_TR3	OM144783	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7503_ana	Konya	Türkiye	38.511570	32.995222	7503_ana_TR3	OM144784	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	7693_ana	Karaman	Türkiye	37.061690	33.085450	7693_ana_TR6	OM144785	-	OM174177
<i>Microtus anatolicus</i>	8500_ana	Niğde	Türkiye	37.419786	34.564527	8500_ana_TR3	OM144786	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	FJ767740_ana	Konya	Türkiye	38.656880	32.923300	FJ767740_ana_TR2	FJ767740	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	FJ767741_ana	Konya	Türkiye	38.656880	32.923300	FJ767741_ana_TR3	FJ767741	-	-
<i>Microtus anatolicus</i>	FJ767742_ana	Konya	Türkiye	38.656880	32.923300	FJ767742_ana_TR5	FJ767742	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	7216_dog	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	7216_dog_TR6	OM144750	OM174238	-
<i>Microtus dogramacii</i>	7329_dog	Afyon	Türkiye	38.793840	30.380850	7329_dog_TR2	OM144751	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	7366_dog	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7366_dog_TR6	OM144752	OM174239	-
<i>Microtus dogramacii</i>	7773_dog	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	7773_dog_TR4	OM144753	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8202_dog	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	8202_dog_TR2	OM144754	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8204_dog	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	8204_dog_TR6	OM144755	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8225_dog	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	8225_dog_TR6	OM144756	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8231_dog	Amasya	Türkiye	40.785860	35.811220	8231_dog_TR2	OM144757	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8336_dog	Çorum	Türkiye	40.536850	35.250020	8336_dog_TR2	OM144758	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8362_dog	Çorum	Türkiye	40.062270	34.579500	8362_dog_TR6	OM144759	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus dogramacii</i>	8363_dog	Çorum	Türkiye	40.062270	34.579500	8363_dog_TR7	OM144760	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8470_dog	Çorum	Türkiye	40.536850	35.250020	8470_dog_TR2	OM144761	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8471_dog	Çorum	Türkiye	40.536850	35.250020	8471_dog_TR1	OM144762	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	AY513793_dog	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	AY513793_dog_TR5	AY513793	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	AY513794_dog	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	AY513794_dog_TR1	AY513794	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	AY513795_dog	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	AY513795_dog_TR3	AY513795	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	MK6231997_dog	Irdib	Ürdün	32.556809	35.846887	MK6231997_dog_JO8	MK6231997	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	MK6231998_dog	Irdib	Ürdün	32.556809	35.846887	MK6231998_dog_JO9	MK6231998	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	7713_gun	Hatay	Türkiye	36.283390	36.192740	7713_gun_TR7	OM144799	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	7715_gun	Hatay	Türkiye	36.283390	36.192740	7715_gun_TR7	OM144800	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	7858_gun	Hatay	Türkiye	36.256925	36.247844	7858_gun_TR2	OM144801	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	8395_gun	Gaziantep	Türkiye	37.048320	36.615890	8395_gun_TR3	OM144802	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	8440_gun	Gaziantep	Türkiye	37.038700	37.125870	8440_gun_TR7	OM144803	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	8532_gun	Hatay	Türkiye	36.251905	36.194203	8532_gun_TR7	OM144804	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	8533_gun	Hatay	Türkiye	36.251905	36.194203	8533_gun_TR7	OM144805	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	8534_gun	Hatay	Türkiye	36.251905	36.194203	8534_gun_TR4	OM144806	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	8545_gun	Hatay	Türkiye	35.901401	36.166302	8545_gun_TR7	OM144807	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	8558_gun	Hatay	Türkiye	36.371556	36.284187	8558_gun_TR7	OM144808	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	AY513805_gun	Aqrabat	Suriye	34.935735	36.463093	AY513805_gun_SY7	AY513805	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	AY513806_gun	-	İsrail	31.039482	34.971180	AY513806_gun_IL5	AY513806	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus guentheri</i>	AY513807_gun	-	İsrail	31.039482	34.971180	AY513807_gun_IL5	AY513807	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	FJ767743_gun	Rabiah	Suriye	35.098971	36.602860	FJ767743_gun_SY6	FJ767743	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	KC953620_gun	Chouf	Lübnan	33.700250	35.684600	KC953620_gun_LB5	KC953620	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	KC953621_gun	Chouf	Lübnan	33.700250	35.684600	KC953621_gun_LB1	KC953621	-	-
<i>Microtus guentheri</i>	soc_FM162073	Tel Aviv	İsrail	32.111309	34.806581	-	-	FM162073	-
<i>Microtus guentheri</i>	FM162088_soc	Tel Aviv	İsrail	32.111309	34.806581	-	-	-	FM162088
<i>Microtus guentheri</i>	gun_KX455575	-	Türkiye	-	-	-	-	KX455575	-
<i>Microtus hartingi</i>	5701_har	Kırklareli	Türkiye	41.901280	27.853560	5701_har_TR34	OM144620	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	5729_har	Kırklareli	Türkiye	41.867560	27.587760	5729_har_TR34	OM144621	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	5732_har	Kırklareli	Türkiye	41.867560	27.587760	5732_har_TR34	OM144622	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	5733_har	Kırklareli	Türkiye	41.867560	27.587760	5733_har_TR34	OM144623	-	OM174178
<i>Microtus hartingi</i>	5734_har	Kırklareli	Türkiye	41.867560	27.587760	5734_har_TR34	OM144624	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	5741_har	Kırklareli	Türkiye	41.842450	27.954880	5741_har_TR34	OM144625	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7229_har	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	7229_har_TR12	OM144626	OM174201	-
<i>Microtus hartingi</i>	7234_har	Konya	Türkiye	38.600110	32.984766	7234_har_TR12	OM144627	OM174202	-
<i>Microtus hartingi</i>	7236_har	Konya	Türkiye	38.674430	32.847838	7236_har_TR12	OM144628	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7237_har	Konya	Türkiye	38.600110	32.984766	7237_har_TR12	OM144629	OM174203	-
<i>Microtus hartingi</i>	7238_har	Konya	Türkiye	38.600110	32.984766	7238_har_TR18	OM144630	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7241_har	Konya	Türkiye	38.674430	32.847838	7241_har_TR18	OM144631	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	7246_har	Konya	Türkiye	38.600110	32.984766	7246_har_TR12	OM144632	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7261_har	Afyon	Türkiye	38.986028	31.525139	7261_har_TR18	OM144633	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7262_har	Afyon	Türkiye	38.697060	30.821989	7262_har_TR18	OM144634	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7263_har	Afyon	Türkiye	38.793840	30.380850	7263_har_TR12	OM144635	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7264_har	Afyon	Türkiye	38.588510	30.243458	7264_har_TR12	OM144636	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7265_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7265_har_TR18	OM144637	OM174204	-
<i>Microtus hartingi</i>	7266_har	Aksaray	Türkiye	38.439340	34.123303	7266_har_TR18	OM144638	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7267_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7267_har_TR18	OM144639	OM174205	-
<i>Microtus hartingi</i>	7268_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7268_har_TR18	OM144640	OM174206	-
<i>Microtus hartingi</i>	7269_har	Aksaray	Türkiye	38.251240	33.610220	7269_har_TR9	OM144641	OM174207	-
<i>Microtus hartingi</i>	7270_har	Çorum	Türkiye	40.255620	34.658402	7270_har_TR12	OM144642	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7271_har	Yozgat	Türkiye	39.821040	35.223747	7271_har_TR12	OM144643	OM174208	-
<i>Microtus hartingi</i>	7274_har	Çorum	Türkiye	40.255620	34.658402	7274_har_TR10	OM144644	OM174209	-
<i>Microtus hartingi</i>	7275_har	Aksaray	Türkiye	38.439340	34.123303	7275_har_TR9	OM144645	OM174210	-
<i>Microtus hartingi</i>	7276_har	Çorum	Türkiye	40.255620	34.658402	7276_har_TR12	OM144646	OM174211	-
<i>Microtus hartingi</i>	7277_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7277_har_TR18	OM144647	OM174212	-
<i>Microtus hartingi</i>	7279_har	Yozgat	Türkiye	39.821040	35.223747	7279_har_TR12	OM144648	OM174213	-
<i>Microtus hartingi</i>	7280_har	Yozgat	Türkiye	39.821040	35.223747	7280_har_TR18	OM144649	OM174214	-
<i>Microtus hartingi</i>	7285_har	Yozgat	Türkiye	39.821040	35.223747	7285_har_TR12	OM144650	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	7286_har	Afyon	Türkiye	38.986028	31.525139	7286_har_TR18	OM144651	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7287_har	Afyon	Türkiye	38.697060	30.821989	7287_har_TR18	OM144652	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7288_har	Afyon	Türkiye	38.793840	30.380850	7288_har_TR11	OM144653	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7289_har	Konya	Türkiye	37.472200	31.824318	7289_har_TR13	OM144654	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7291_har	Antalya	Türkiye	37.184920	31.765995	7291_har_TR13	OM144655	OM174215	-
<i>Microtus hartingi</i>	7292_har	Afyon	Türkiye	38.793840	30.380850	7292_har_TR13	OM144656	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7297_har	Konya	Türkiye	38.600110	32.984766	7297_har_TR12	OM144657	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7298_har	Konya	Türkiye	38.600110	32.984766	7298_har_TR12	OM144658	OM174216	-
<i>Microtus hartingi</i>	7299_har	Konya	Türkiye	38.600110	32.984766	7299_har_TR14	OM144659	-	OM174179
<i>Microtus hartingi</i>	7300_har	Aksaray	Türkiye	38.251240	33.610220	7300_har_TR12	OM144660	OM174217	-
<i>Microtus hartingi</i>	7301_har	Aksaray	Türkiye	38.251240	33.610220	7301_har_TR12	OM144661	OM174218	-
<i>Microtus hartingi</i>	7302_har	Aksaray	Türkiye	38.251240	33.610220	7302_har_TR12	OM144662	OM174219	-
<i>Microtus hartingi</i>	7303_har	Konya	Türkiye	37.281720	32.095241	7303_har_TR13	OM144663	OM174220	OM174180
<i>Microtus hartingi</i>	7304_har	Konya	Türkiye	37.281720	32.095241	7304_har_TR13	OM144664	OM174221	-
<i>Microtus hartingi</i>	7305_har	Konya	Türkiye	37.281720	32.095241	7305_har_TR13	OM144665	OM174222	OM174181
<i>Microtus hartingi</i>	7306_har	Konya	Türkiye	37.281720	32.095241	7306_har_TR13	OM144666	OM174223	OM174182
<i>Microtus hartingi</i>	7307_har	Konya	Türkiye	37.281720	32.095241	7307_har_TR13	OM144667	-	OM174183
<i>Microtus hartingi</i>	7308_har	Konya	Türkiye	37.281720	32.095241	7308_har_TR13	OM144668	OM174224	-
<i>Microtus hartingi</i>	7309_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7309_har_TR18	OM144669	OM174225	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	7310_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7310_har_TR15	OM144670	OM174226	-
<i>Microtus hartingi</i>	7311_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7311_har_TR18	OM144671	OM174227	-
<i>Microtus hartingi</i>	7312_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7312_har_TR18	OM144672	OM174228	-
<i>Microtus hartingi</i>	7313_har	Aksaray	Türkiye	38.763230	34.096038	7313_har_TR18	OM144673	OM174229	-
<i>Microtus hartingi</i>	7314_har	Konya	Türkiye	38.674430	32.847838	7314_har_TR18	OM144674	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7316_har	Konya	Türkiye	38.674430	32.847838	7316_har_TR12	OM144675	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7319_har	Konya	Türkiye	38.674430	32.847838	7319_har_TR18	OM144676	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7321_har	Konya	Türkiye	38.674430	32.847838	7321_har_TR12	OM144677	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7328_har	Afyon	Türkiye	38.793840	30.380850	7328_har_TR11	OM144678	OM174230	-
<i>Microtus hartingi</i>	7344_har	Nevşehir	Türkiye	39.129680	34.668928	7344_har_TR18	OM144679	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7345_har	Nevşehir	Türkiye	39.129680	34.668928	7345_har_TR18	OM144680	OM174231	-
<i>Microtus hartingi</i>	7346_har	Nevşehir	Türkiye	39.129680	34.668928	7346_har_TR18	OM144681	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7347_har	Nevşehir	Türkiye	39.129680	34.668928	7347_har_TR18	OM144682	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7348_har	Nevşehir	Türkiye	38.877830	34.646789	7348_har_TR18	OM144683	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7349_har	Nevşehir	Türkiye	39.129680	34.668928	7349_har_TR18	OM144684	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7371_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7371_har_TR13	OM144685	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7375_har	Nevşehir	Türkiye	38.615370	34.803723	7375_har_TR12	OM144686	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7379_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7379_har_TR18	OM144687	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7382_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7382_har_TR18	OM144688	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	7383_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7383_har_TR18	OM144689	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7385_har	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7385_har_TR18	OM144690	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7386_har	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7386_har_TR18	OM144691	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7387_har	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7387_har_TR18	OM144692	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7388_har	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7388_har_TR18	OM144693	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7389_har	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7389_har_TR18	OM144694	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7390_har	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7390_har_TR18	OM144695	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7393_har	Nevşehir	Türkiye	38.615370	34.803723	7393_har_TR12	OM144696	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7394_har	Konya	Türkiye	39.131410	32.760539	7394_har_TR18	OM144697	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7396_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7396_har_TR13	OM144698	OM174232	-
<i>Microtus hartingi</i>	7397_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7397_har_TR13	OM144699	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7398_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7398_har_TR18	OM144700	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7400_har	Nevşehir	Türkiye	38.615370	34.803723	7400_har_TR12	OM144701	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7401_har	Nevşehir	Türkiye	38.615370	34.803723	7401_har_TR12	OM144702	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7402_har	Nevşehir	Türkiye	38.615370	34.803723	7402_har_TR12	OM144703	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7403_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7403_har_TR18	OM144704	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7404_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7404_har_TR18	OM144705	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7405_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7405_har_TR18	OM144706	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7406_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7406_har_TR18	OM144707	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	7407_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7407_har_TR18	OM144708	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7408_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7408_har_TR18	OM144709	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7409_har	Konya	Türkiye	38.485900	31.481850	7409_har_TR18	OM144710	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7410_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7410_har_TR13	OM144711	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7411_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7411_har_TR13	OM144712	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7412_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7412_har_TR13	OM144713	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7413_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7413_har_TR13	OM144714	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7417_har	Konya	Türkiye	37.616130	31.585374	7417_har_TR18	OM144715	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7474_har	Nevşehir	Türkiye	37.926210	34.490802	7474_har_TR9	OM144716	-	OM174184
<i>Microtus hartingi</i>	7475_har	Nevşehir	Türkiye	37.926210	34.490802	7475_har_TR9	OM144717	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7476_har	Nevşehir	Türkiye	37.926210	34.490802	7476_har_TR9	OM144718	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7477_har	Nevşehir	Türkiye	37.926210	34.490802	7477_har_TR9	OM144719	-	OM174185
<i>Microtus hartingi</i>	7479_har	Nevşehir	Türkiye	37.926210	34.490802	7479_har_TR9	OM144720	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7485_har	Aksaray	Türkiye	38.439340	34.123303	7485_har_TR9	OM144721	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7486_har	Aksaray	Türkiye	38.439340	34.123303	7486_har_TR9	OM144722	-	OM174186
<i>Microtus hartingi</i>	7487_har	Aksaray	Türkiye	38.439340	34.123303	7487_har_TR12	OM144723	-	OM174187
<i>Microtus hartingi</i>	7505_har	Konya	Türkiye	38.511570	32.995222	7505_har_TR12	OM144724	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7510_har	Konya	Türkiye	38.511570	32.995222	7510_har_TR14	OM144725	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7513_har	Konya	Türkiye	38.511570	32.995222	7513_har_TR12	OM144726	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	7517_har	Konya	Türkiye	38.511570	32.995222	7517_har_TR14	OM144727	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7531_har	Çorum	Türkiye	40.255620	34.658402	7531_har_TR12	OM144728	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7532_har	Çorum	Türkiye	40.255620	34.658402	7532_har_TR12	OM144729	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7565_har	Konya	Türkiye	37.522500	31.871390	7565_har_TR13	OM144730	-	OM174188
<i>Microtus hartingi</i>	7712_har	Balıkesir	Türkiye	39.543586	28.008177	7712_har_TR32	OM144731	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7742_har	Antalya	Türkiye	36.687141	30.023650	7742_har_TR16	OM144732	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7743_har	Antalya	Türkiye	36.687141	30.023650	7743_har_TR16	OM144733	-	OM174189
<i>Microtus hartingi</i>	7744_har	Antalya	Türkiye	36.687141	30.023650	7744_har_TR22	OM144734	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7745_har	Antalya	Türkiye	36.687141	30.023650	7745_har_TR20	OM144735	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7746_har	Antalya	Türkiye	36.687141	30.023650	7746_har_TR16	OM144736	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7747_har	Antalya	Türkiye	36.687141	30.023650	7747_har_TR16	OM144737	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7748_har	Antalya	Türkiye	36.946837	30.162807	7748_har_TR19	OM144738	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7850_har	İzmir	Türkiye	38.351854	28.108765	7850_har_TR33	OM144739	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7851_har	İzmir	Türkiye	38.351854	28.108765	7851_har_TR33	OM144740	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7853_har	İzmir	Türkiye	38.351854	28.108765	7853_har_TR33	OM144741	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	7854_har	İzmir	Türkiye	38.351854	28.108765	7854_har_TR34	OM144742	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	8009_har	Kütahya	Türkiye	39.570900	30.125750	8009_har_TR6	OM144743	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	8239_har	Tokat	Türkiye	40.710310	36.547310	8239_har_TR17	OM144744	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	8248_har	Tokat	Türkiye	40.710310	36.547310	8248_har_TR17	OM144745	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	8264_har	Tokat	Türkiye	40.710310	36.547310	8264_har_TR17	OM144746	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	8338_har	Çorum	Türkiye	40.536850	35.250020	8338_har_TR42	OM144747	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	8483_har	Antalya	Türkiye	36.477178	29.386815	8483_har_TR21	OM144748	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	8655_har	Niğde	Türkiye	37.991429	35.072043	8655_har_TR18	OM144749	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	AY513804_har	Gravia	Yunanistan	38.672637	22.432872	AY513804_har_GR34	AY513804	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641110_har	Sykourio	Yunanistan	39.757639	22.579491	FJ641110_har_GR39	FJ641110	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641111_har	Sykourio	Yunanistan	39.757639	22.579491	FJ641111_har_GR39	FJ641111	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641112_har	Sykourio	Yunanistan	39.757639	22.579491	FJ641112_har_GR39	FJ641112	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641113_har	Sykourio	Yunanistan	39.757639	22.579491	FJ641113_har_GR39	FJ641113	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641114_har	Amyntaio	Yunanistan	40.686538	21.681315	FJ641114_har_GR29	FJ641114	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641115_har	Amyntaio	Yunanistan	40.686538	21.681315	FJ641115_har_GR31	FJ641115	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641116_har	Amyntaio	Yunanistan	40.686538	21.681315	FJ641116_har_GR30	FJ641116	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641117_har	Thebes	Yunanistan	38.422447	23.292597	FJ641117_har_GR27	FJ641117	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641118_har	Thebes	Yunanistan	38.422447	23.292597	FJ641118_har_GR27	FJ641118	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641119_har	Thebes	Yunanistan	38.422447	23.292597	FJ641119_har_GR28	FJ641119	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641120_har	Thebes	Yunanistan	38.422447	23.292597	FJ641120_har_GR7	FJ641120	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641121_har	Domokos	Yunanistan	39.240752	22.273256	FJ641121_har_GR39	FJ641121	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641122_har	Domokos	Yunanistan	39.240752	22.273256	FJ641122_har_GR35	FJ641122	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641123_har	Domokos	Yunanistan	39.240752	22.273256	FJ641123_har_GR39	FJ641123	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641124_har	Dmokos	Yunanistan	39.240752	22.273256	FJ641124_har_GR39	FJ641124	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641125_har	Dadia	Yunanistan	41.127562	26.225838	FJ641125_har_GR36	FJ641125	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641126_har	Dadia	Yunanistan	41.127562	26.225838	FJ641126_har_GR36	FJ641126	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641127_har	Dadia	Yunanistan	41.127562	26.225838	FJ641127_har_GR36	FJ641127	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641128_har	Dadia	Yunanistan	41.127562	26.225838	FJ641128_har_GR37	FJ641128	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641129_har	Gravia	Yunanistan	38.672637	22.432872	FJ641129_har_GR38	FJ641129	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641130_har	Gravia	Yunanistan	38.672637	22.432872	FJ641130_har_GR40	FJ641130	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641131_har	Gravia	Yunanistan	38.672637	22.432872	FJ641131_har_GR41	FJ641131	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641132_har	Gravia	Yunanistan	38.672637	22.432872	FJ641132_har_GR8	FJ641132	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641134_har	Paranesti	Yunanistan	41.267186	24.499161	FJ641134_har_GR23	FJ641134	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641135_har	Balbouma	Yunanistan	39.769752	21.182861	FJ641135_har_GR2	FJ641135	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641136_har	Paranesti	Yunanistan	41.267186	24.499161	FJ641136_har_GR1	FJ641136	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641137_har	Karyes	Yunanistan	39.081479	22.423730	FJ641137_har_GR3	FJ641137	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641138_har	Karyes	Yunanistan	39.081479	22.423730	FJ641138_har_GR35	FJ641138	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641139_har	Evros	Yunanistan	41.314303	26.100246	FJ641139_har_GR26	FJ641139	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641140_har	Evros	Yunanistan	41.314303	26.100246	FJ641140_har_GR24	FJ641140	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ641141_har	Evros	Yunanistan	41.314303	26.100246	FJ641141_har_GR25	FJ641141	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ767744_har	Bitola	Makedonya	41.024244	21.355053	FJ767744_har_MK34	FJ767744	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ767745_har	Kırşehir	Türkiye	39.123262	34.063134	FJ767745_har_TR12	FJ767745	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus hartingi</i>	FJ767746_har	Kırşehir	Türkiye	39.123262	34.063134	FJ767746_har_TR18	FJ767746	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ767747_har	Elmalı	Türkiye	36.736678	29.906058	FJ767747_har_TR18	FJ767747	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ767751_har	Antalya	Türkiye	37.064917	30.214983	FJ767751_har_TR4	FJ767751	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	FJ767752_har	Antalya	Türkiye	37.064917	30.214983	FJ767752_har_TR5	FJ767752	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	MK6231990_har	Lesvos	Yunanistan	39.105091	26.324793	MK6231990_har_GR45	MK6231990	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	MK6231991_har	Lesvos	Yunanistan	39.105091	26.324793	MK6231991_har_GR45	MK6231991	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	MK6231992_har	Lesvos	Yunanistan	39.211421	25.852546	MK6231992_har_GR43	MK6231992	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	MK6231993_har	Lesvos	Yunanistan	39.211421	25.852546	MK6231993_har_GR44	MK6231993	-	-
<i>Microtus hartingi</i>	har_AM392397	Gravia	Yunanistan	38.672637	22.432872	-	-	AM392397	-
<i>Microtus irani</i>	5430_ira	Bayburt	Türkiye	40.321838	40.235047	5430_ira_TR13	OM144619	-	-
<i>Microtus irani</i>	5432_ira	Erzurum	Türkiye	39.783370	40.555060	5432_ira_TR13	OM144618	-	-
<i>Microtus irani</i>	5502_ira	Erzincan	Türkiye	39.765470	38.658720	5502_ira_TR22	OM144617	-	-
<i>Microtus irani</i>	5503_ira	Erzincan	Türkiye	39.765470	38.658720	5503_ira_TR22	OM144616	-	-
<i>Microtus irani</i>	5504_ira	Erzincan	Türkiye	39.765470	38.658720	5504_ira_TR22	OM144615	-	-
<i>Microtus irani</i>	5507_ira	Giresun	Türkiye	40.534440	38.253470	5507_ira_TR22	OM144614	-	-
<i>Microtus irani</i>	5556_ira	Erzurum	Türkiye	39.828430	41.064270	5556_ira_TR8	OM144613	-	-
<i>Microtus irani</i>	6239_ira	Bitlis	Türkiye	38.485590	42.388770	6239_ira_TR7	OM144612	-	-
<i>Microtus irani</i>	7290_ira	Konya	Türkiye	37.281720	32.095241	7290_ira_TR23	OM144611	OM174240	-
<i>Microtus irani</i>	7295_ira	Antalya	Türkiye	37.184920	31.765995	7295_ira_TR23	OM144610	OM174241	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus irani</i>	7415_ira	Konya	Türkiye	37.605560	34.073874	-	-	OM174242	-
<i>Microtus irani</i>	7536_ira	Antalya	Türkiye	37.184920	31.765995	7536_ira_TR23	OM144608	-	-
<i>Microtus irani</i>	7537_ira	Antalya	Türkiye	37.184920	31.765995	7537_ira_TR23	OM144607	-	-
<i>Microtus irani</i>	7606_ira	Karaman	Türkiye	36.706130	32.523910	7606_ira_TR15	OM144606	-	-
<i>Microtus irani</i>	7610_ira	Karaman	Türkiye	36.706130	32.523910	7610_ira_TR20	OM144605	-	-
<i>Microtus irani</i>	7614_ira	Karaman	Türkiye	36.706130	32.523910	7614_ira_TR20	OM144604	-	-
<i>Microtus irani</i>	7648_ira	Karaman	Türkiye	36.763160	32.899510	7648_ira_TR24	OM144603	-	OM174192
<i>Microtus irani</i>	7683_ira	Karaman	Türkiye	37.061690	33.085450	7683_ira_TR20	OM144602	-	-
<i>Microtus irani</i>	7685_ira	Karaman	Türkiye	36.706130	32.523910	7685_ira_TR20	OM144601	-	-
<i>Microtus irani</i>	7686_ira	Karaman	Türkiye	37.061690	33.085450	7686_ira_TR19	OM144600	-	-
<i>Microtus irani</i>	7687_ira	Karaman	Türkiye	37.061690	33.085450	7687_ira_TR18	OM144599	-	-
<i>Microtus irani</i>	7688_ira	Karaman	Türkiye	36.706130	32.523910	7688_ira_TR20	OM144598	-	-
<i>Microtus irani</i>	7689_ira	Karaman	Türkiye	36.763160	32.899510	7689_ira_TR21	OM144597	-	OM174193
<i>Microtus irani</i>	7692_ira	Karaman	Türkiye	37.061690	33.085450	7692_ira_TR20	OM144596	-	OM174194
<i>Microtus irani</i>	7695_ira	Karaman	Türkiye	36.763160	32.899510	7695_ira_TR21	OM144595	-	OM174195
<i>Microtus irani</i>	7888_ira	Niğde	Türkiye	37.419786	34.564527	7888_ira_TR14	OM144594	-	-
<i>Microtus irani</i>	8111_ira	Erzurum	Türkiye	39.891655	41.408733	8111_ira_TR29	OM144593	-	-
<i>Microtus irani</i>	8502_ira	Niğde	Türkiye	37.419786	34.564527	8502_ira_TR14	OM144592	-	-
<i>Microtus irani</i>	8503_ira	Niğde	Türkiye	37.419786	34.564527	8503_ira_TR14	OM144591	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus irani</i>	8504_ira	Niğde	Türkiye	37.419786	34.564527	8504_ira_TR14	OM144590	-	-
<i>Microtus irani</i>	8523_ira	Osmaniye	Türkiye	36.987749	36.365545	8523_ira_TR16	OM144589	-	-
<i>Microtus irani</i>	8659_ira	K.maraş	Türkiye	37.935453	36.502079	8659_ira_TR25	OM144588	-	-
<i>Microtus irani</i>	8660_ira	K.maraş	Türkiye	37.935453	36.502079	8660_ira_TR27	OM144587	-	-
<i>Microtus irani</i>	8698_ira	Tunceli	Türkiye	39.338966	39.201506	8698_ira_TR13	OM144586	-	-
<i>Microtus irani</i>	8717_ira	K.maraş	Türkiye	37.935453	36.502079	8717_ira_TR25	OM144585	-	-
<i>Microtus irani</i>	8718_ira	Tunceli	Türkiye	39.338966	39.201506	8718_ira_TR13	OM144584	-	-
<i>Microtus irani</i>	8719_ira	K.maraş	Türkiye	37.935453	36.502079	8719_ira_TR27	OM144583	-	-
<i>Microtus irani</i>	8806_ira	Sivas	Türkiye	39.853466	37.037175	8806_ira_TR27	OM144582	-	-
<i>Microtus irani</i>	8807_ira	Sivas	Türkiye	39.853466	37.037175	8807_ira_TR27	OM144581	-	-
<i>Microtus irani</i>	8811_ira	Sivas	Türkiye	39.853466	37.037175	8811_ira_TR9	OM144580	-	-
<i>Microtus irani</i>	8820_ira	Sivas	Türkiye	39.853466	37.037175	8820_ira_TR27	OM144579	-	-
<i>Microtus irani</i>	8821_ira	Sivas	Türkiye	39.853466	37.037175	8821_ira_TR10	OM144578	-	-
<i>Microtus irani</i>	8906_ira	Sivas	Türkiye	39.853466	37.037175	8906_ira_TR10	OM144577	-	-
<i>Microtus irani</i>	8992_ira	Bingöl	Türkiye	38.914950	40.848062	8992_ira_TR13	OM144576	-	-
<i>Microtus irani</i>	8995_ira	Bingöl	Türkiye	38.914950	40.848062	8995_ira_TR13	OM144575	-	-
<i>Microtus irani</i>	9039_ira	Van	Türkiye	38.819099	43.695483	9039_ira_TR2	OM144574	-	-
<i>Microtus irani</i>	9051_ira	Van	Türkiye	38.650552	43.891435	9051_ira_TR4	OM144573	-	-
<i>Microtus irani</i>	IR45_ira	Piranshahr	İran	36.520000	45.309990	IR45_ira_IR11	OM144572	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus irani</i>	IR67_ira	Takab	İran	36.240000	47.069990	IR67_ira_IR28	OM144571	-	-
<i>Microtus irani</i>	IR69_ira	Urmiye	İran	37.716680	44.649810	IR69_ira_IR5	OM144570	-	-
<i>Microtus irani</i>	5434_ira	Gümüşhane	Türkiye	40.211780	39.054160	-	-	-	OM174191
<i>Microtus irani</i>	7416_ira	Konya	Türkiye	37.605560	34.073874	7416_ira_TR18	OM144609	OM174243	-
<i>Microtus irani</i>	FJ767739_ira	Shiraz	İran	29.591760	52.583690	FJ767739_ira_IR1	FJ767739	-	-
<i>Microtus irani</i>	FJ767748_ira	Karaman	Türkiye	36.763160	32.899510	FJ767748_ira_TR20	FJ767748	-	-
<i>Microtus irani</i>	FJ767749_ira	Karaman	Türkiye	36.763160	32.899510	FJ767749_ira_TR20	FJ767749	-	-
<i>Microtus irani</i>	FJ767750_ira	Karaman	Türkiye	36.763160	32.899510	FJ767750_ira_TR24	FJ767750	-	-
<i>Microtus irani</i>	KC953617_ira	Ehden	Lübnan	34.334440	35.907770	KC953617_ira_LB17	KC953617	-	-
<i>Microtus irani</i>	KC953618_ira	Ehden	Lübnan	34.334440	35.907770	KC953618_ira_LB17	KC953618	-	-
<i>Microtus irani</i>	KC953619_ira	Ehden	Lübnan	34.334440	35.907770	KC953619_ira_LB26	KC953619	-	-
<i>Microtus irani</i>	KM269337_ira	Shiraz	İran	35.545821	46.587203	KM269337_ira_IR13	KM269337	-	-
<i>Microtus irani</i>	KM269338_ira	Shiraz	İran	35.545821	46.587203	KM269338_ira_IR6	KM269338	-	-
<i>Microtus irani</i>	KM269339_ira	Shiraz	İran	35.545821	46.587203	KM269339_ira_IR6	KM269339	-	-
<i>Microtus irani</i>	MH686214_ira	Erzurum	Türkiye	39.984666	40.901282	MH686214_ira_TR13	MH686214	-	-
<i>Microtus irani</i>	MH686215_ira	Erzurum	Türkiye	39.984666	40.901282	MH686215_ira_TR13	MH686215	-	-
<i>Microtus irani</i>	MH686216_ira	Erzurum	Türkiye	40.199912	41.460088	MH686216_ira_TR12	MH686216	-	-
<i>Microtus irani</i>	MH686217_ira	Van	Türkiye	38.560235	43.459863	MH686217_ira_TR3	MH686217	-	-
<i>Microtus irani</i>	MH686218_ira	Erzurum	Türkiye	39.984666	40.901282	MH686218_ira_TR30	MH686218	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus irani</i>	ira_KX455576	-	Türkiye	-	-	-	-	KX455576	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8039_qaz	Elazığ	Türkiye	38.555448	39.207898	8039_qaz_TR1	OM144809	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8040_qaz	Elazığ	Türkiye	38.555448	39.207898	8040_qaz_TR2	OM144810	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8041_qaz	Elazığ	Türkiye	38.555448	39.207898	8041_qaz_TR2	OM144811	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	8217_qaz	Elazığ	Türkiye	38.555448	39.207898	8217_qaz_TR2	OM144812	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	IR71_qaz	Urmiye	İran	37.425930	44.862670	IR71_qaz_IR3	OM144813	OM174249	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390972_qaz	Qazvin	İran	35.767700	50.057270	KM390972_qaz_IR5	KM390972	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390973_qaz	Zanjan	İran	36.120340	48.593790	KM390973_qaz_IR6	KM390973	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390974_qaz	Zanjan	İran	36.120340	48.593790	KM390974_qaz_IR9	KM390974	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390975_qaz	Zanjan	İran	36.120340	48.593790	KM390975_qaz_IR9	KM390975	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390976_qaz	Zanjan	İran	36.120340	48.593790	KM390976_qaz_IR9	KM390976	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390977_qaz	Zanjan	İran	36.120340	48.593790	KM390977_qaz_IR4	KM390977	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390978_qaz	Zanjan	İran	36.120340	48.593790	KM390978_qaz_IR4	KM390978	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390979_qaz	Zanjan	İran	36.120340	48.593790	KM390979_qaz_IR4	KM390979	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390980_qaz	Saghez	İran	36.238940	46.277970	KM390980_qaz_IR7	KM390980	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	KM390981_qaz	Gazerderah	İran	35.410440	46.610590	KM390981_qaz_IR8	KM390981	-	-
<i>Microtus dogramacii</i>	qaz_KX455586	-	İran	-	-	-	-	KX455586	-
<i>Microtus socialis</i>	IR08_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	IR08_soc_IR11	OM144787	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR09_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	IR09_soc_IR14	OM144788	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus socialis</i>	IR20_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	IR20_soc_IR12	OM144789	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR21_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	IR21_soc_IR13	OM144790	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR39_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	IR39_soc_IR12	OM144791	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR41_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	IR41_soc_IR13	OM144792	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR42_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	IR42_soc_IR12	OM144793	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR40_soc	Salmas	İran	38.202140	44.770550	-	-	OM174250	-
<i>Microtus socialis</i>	IR74_soc	Marand	İran	38.507500	45.550500	IR74_soc_IR15	OM144795	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR88_soc	Moghan	İran	39.533500	47.683990	IR88_soc_IR7	OM144796	-	OM174200
<i>Microtus socialis</i>	IR89_soc	Marand	İran	38.507500	45.550500	IR89_soc_IR15	OM144797	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR99_soc	Moghan	İran	39.533500	47.683990	IR99_soc_IR8	OM144798	-	-
<i>Microtus socialis</i>	IR73_soc	Marand	İran	38.507500	45.550500	IR73_soc_IR15	OM144794	OM174251	-
<i>Microtus socialis</i>	AY513829_soc	Iori	Gürcistan	41.451060	45.685260	AY513829_soc_GE10	AY513829	-	-
<i>Microtus socialis</i>	AY513830_soc	Iori	Gürcistan	41.451060	45.685260	AY513830_soc_GE5	AY513830	-	-
<i>Microtus socialis</i>	AY513831_soc	Reine	İran	36.683000	48.508720	AY513831_soc_IR9	AY513831	-	-
<i>Microtus socialis</i>	GQ352468_soc	Kalmykia	Rusya	46.567680	45.773160	GQ352468_soc_RU4	GQ352468	-	-
<i>Microtus socialis</i>	GU987118_soc	Hankendi	Azerbaycan	39.826520	46.765570	GU987118_soc_AZ6	GU987118	-	-
<i>Microtus socialis</i>	KC953625_soc	Crimea	Ukrayna	44.952110	34.102410	KC953625_soc_UA2	KC953625	-	-
<i>Microtus socialis</i>	KC953626_soc	Crimea	Ukrayna	44.952110	34.102410	KC953626_soc_UA1	KC953626	-	-
<i>Microtus socialis</i>	KC953627_soc	Kalmykia	Rusya	46.567680	45.773160	KC953627_soc_RU3	KC953627	-	-

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus socialis</i>	KM269334_soc	Zanjan	İran	36.683000	48.508720	KM269334_soc_IR17	KM269334	-	-
<i>Microtus socialis</i>	KM269335_soc	Azerbajian	İran	37.546120	45.025180	KM269335_soc_IR12	KM269335	-	-
<i>Microtus socialis</i>	KM269336_soc	Azerbajian	İran	37.546120	45.025180	KM269336_soc_IR16	KM269336	-	-
<i>Microtus socialis</i>	soc_KP057336	-	İran	-	-	-	-	KP057336	-
<i>Microtus cyrenaica</i>	MK6231994_cyr	Cyrenaica	Libya	32.697348	21.565384	MK6231994_cyr_LY	MK6231994	-	-
<i>Microtus cyrenaica</i>	MK6231995_cyr	Cyrenaica	Libya	32.697348	21.565384	MK6231995_cyr_LY	MK6231995	-	-
<i>Microtus cyrenaica</i>	MK6231996_cyr	Cyrenaica	Libya	32.697348	21.565384	MK6231996_cyr_LY	MK6231996	-	-
<i>Microtus paradoxus</i>	KC953622_par	KopetDag	Türkmenistan	38.073025	57.360378	KC953622_par_TM	KC953622	-	-
<i>Microtus paradoxus</i>	KC953623_par	Firjuza	Türkmenistan	37.848355	58.139034	KC953623_par_TM	KC953623	-	-
<i>Microtus paradoxus</i>	KC953624_par	Ashgabat	Türkmenistan	37.835341	58.318935	KC953624_par_TM	KC953624	-	-
<i>Microtus arvalis</i>	arv_AM392386	Kiev	Ukrayna	51.271778	30.221667	-	-	AM392386	-
<i>Microtus arvalis</i>	arv_KP057335	-	Rusya	-	-	-	-	KP057335	-
<i>Microtus arvalis</i>	AY220777_arv	Göttingen	Almanya	51.538699	9.875278	AY220777_arv_DE	AY220777	-	-
<i>Microtus arvalis</i>	AY220778_arv	Lauwersee	Hollanda	53.392359	6.137961	AY220778_arv_NL	AY220778	-	-
<i>Microtus mystacinus</i>	7355_lev	Amasya	Türkiye	40.783890	35.797180	7355_lev_TR	OM144816	-	-
<i>Microtus mystacinus</i>	IR72_lev	Urmiye	İran	37.716680	44.649810	IR72_lev_IR	OM144817	-	-
<i>Microtus mystacinus</i>	7273_lev	Amasya	Türkiye	40.800350	35.538638	-	-	OM174244	-
<i>Microtus mystacinus</i>	7357_lev	Amasya	Türkiye	40.800350	35.538638	-	-	OM174245	OM174196
<i>Microtus mystacinus</i>	lev_KX455588	Kemerovo	Rusya	55.343202	86.069604	-	-	KX455588	-
<i>Microtus mystacinus</i>	7358_lev	Amasya	Türkiye	40.800350	35.538638	-	-	-	OM174197

Çizelge A.2 (Devam ediyor)

Tür	Örnek No	Şehir	Ülke	Enlem	Boylam	CYTB Haplotip Adı	GENBANK ERİŞİM NUMARASI		
							CYTB	GHR	RAG2
<i>Microtus obscurus</i>	8081_obs	Erzurum	Türkiye	39.826194	41.325141	8081_obs_TR	OM144814	-	-
<i>Microtus obscurus</i>	5522_obs	Erzurum	Türkiye	39.966710	40.917150	5522_obs_TR	OM144815	OM174246	OM174198
<i>Microtus obscurus</i>	6940_obs	Kars	Türkiye	40.233858	42.329033	-	-	OM174247	-
<i>Microtus obscurus</i>	6941_obs	Kars	Türkiye	40.845776	42.933557	-	-	OM174248	OM174199
<i>Microtus daghestanicus</i>	6942_dag	Ardahan	Türkiye	41.479824	42.796030	6942_dag_TR	OM144820	-	OM174190
<i>Microtus daghestanicus</i>	KM656487_dag	Ossetia	Rusya	42.788310	43.900013	KM656487_dag_RU	KM656487	-	-
<i>Microtus majori</i>	AY513814_maj	Diyarbakır	Türkiye	38.451439	40.694523	AY513814_maj_TR	AY513814	-	-
<i>Microtus majori</i>	DQ841703_maj	Diyarbakır	Türkiye	38.451439	40.694523	DQ841703_maj_TR	DQ841703	-	-
<i>Microtus subterraneus</i>	6284_sub	Zonguldak	Türkiye	41.099815	31.812938	-	-	OM174252	-
<i>Microtus subterraneus</i>	6273_sub	Zonguldak	Türkiye	41.195139	31.536265	6273_sub_TRL2	OM144818	-	-
<i>Microtus subterraneus</i>	7828_sub	Antalya	Türkiye	36.536930	29.875664	7828_sub_TR	OM144819	-	-
<i>Chionomys nivalis</i>	7857_niv	Niğde	Türkiye	37.458579	34.621480	7857_niv_TR	OM144821	-	-
<i>Chionomys nivalis</i>	8219_niv	Malatya	Türkiye	38.620898	37.592680	8219_niv_TR	OM144822	-	-

EK B: PRİMERLER VE PCR PROTOKOLLERİ

Çizelge B.1. Kullanılan primerlere ait özellikler

Lokus Tipi	Lokus İsmi	Primer Adı	Yönü	Primer Dizi	Referans
mtDNA	CYTB	L14727-SP	İleri yönlü	GACAGGAAAAATCATCGTTG	Jaarola and Searle 2002
		H15915-SP	Geri yönlü	TTCATTACTGGTTTACAAGAC	
nuDNA	RAG1	D1	İleri yönlü	CGCTGCACAGAGAAAGACTT	Blanga-Kanfi et al. 2009
		R1	Geri yönlü	AAGGATTTCTTGGCAGGAGT	
	RAG2	D2	İleri yönlü	TAYAGYCGAGGGAAAAGYATGGG	
		R2	Geri yönlü	GACAAGTGGATGAGTGTGCGTTC	
	GHR1	D1	İleri yönlü	TAGGAAGGAAAATTRGARGARGTNAA	Blanga-Kanfi et al. 2009
		R1	Geri yönlü	AAGGCTANGGCATGATRTRTT	
	GHR2	D2	İleri yönlü	GGAAAATTRGAGGAGGTGAAYACNATHTT	
		R2	Geri yönlü	GATTTTGTTCAGTTGGTCRGTRCT-NAC	
	Mar003	F	İleri yönlü	GGAGATACAAGGCCCAAACA	Gauffre et al. 2007 Ruda et al. 2008 Walser and Heckel 2008
		R	Geri yönlü	TGGCATTAGATGACCTGTGG	
	Mar012	F	İleri yönlü	TTTGCTCAATTCTCTCATAAAAGG	
		R	Geri yönlü	TGTCATGGATTGGGCATACA	
	Mar049	F	İleri yönlü	GGAAATGCCTGTTTGTATGAGA	
		R	Geri yönlü	TGTGATGTGGGAACCAGAGA	
	Mar063	F	İleri yönlü	GCCTGGACACAACCAAACTT	
		R	Geri yönlü	GGCTATGGGCAGCTCCTG	

Çizelge B.1 (Devam ediyor)

Lokus Tipi	Lokus İsmi	Primer Adı	Yönü	Primer Dizi	Referans
NuDNA	Mar076	F	İleri yönlü	TCACCAGGACCTACTGAGCA	Gauffre et al. 2007 Ruda et al. 2008 Walser and Heckel 2008
		R	Geri yönlü	GCCAGCTTCATTTCAAGAGG	
	Mar080	F	İleri yönlü	ATGGATCATTCCGCTTCTGT	
		R	Geri yönlü	AACCTTCAGCCCAAACCATT	
	MSMM2	F	İleri yönlü	TAACCACAACCCCTCCAACCTG	
		R	Geri yönlü	TCATTTGGAGTTGCTGAGAAC	
	MSMM6	F	İleri yönlü	TACAAATCTATCCTCTGACCTC	
		R	Geri yönlü	TACAAAGCCATTGTTCCCTGC4	
	Ma81	F	İleri yönlü	TCCTCATATTGAGCTTCTGTCC	
		R	Geri yönlü	AACTTGCAGGTGACCGAGC	
	Ma80	F	İleri yönlü	ATGGATCATTCCGCTTCTGT	
		R	Geri yönlü	AACCTTCAGCCCAAACCATT	

Çizelge B.2. Cytb PCR Protokolü (mtDNA)

Derece	Süre		PCR Karışımı	Toplam Hacim 50 µl
95	5 dakika		dH ₂ O	38
95	30 saniye	35 döngü	Buffer	5
54	60 saniye		MgCl ₂	3
72	90 saniye		dntp	1
72	10 dakika		Forward Primer	1
4	beklet		Reverse Primer	1
			Taq Polimeraz	0,5
			DNA	0,5

Çizelge B.3. RAG1 ve RAG2 Protokolü (nuDNA)

Derece	Süre		PCR Karışımı	1. Set	2. Set
95	5 dakika		dH ₂ O	18,75	18,25
95	30 saniye	35 döngü	Buffer	2,5	2,5
59	60 saniye		MgCl ₂	1,5	1,5
72	90 saniye		dntp	0,5	0,5
72	10 dakika		Forward Primer	0,5	0,5
4	beklet		Reverse Primer	0,5	0,5
			Taq Polimeraz	0,25	0,25
			DNA	0,5	1 rag1 µl

Çizelge B.4. GHR1 ve GHR2 Protokolü (nuDNA)

Derece	Süre		PCR Karışımı	Toplam Hacim 25 µl (Her iki set için)
95	5 dakika		dH ₂ O	18,25
95	30 saniye	40 döngü	Buffer	2,5
54	60 saniye		MgCl ₂	1,5
72	90 saniye		dntp	0,5
72	10 dakika		Forward Primer	0,5
4	beklet		Reverse Primer	0,5
			Taq Polimeraz	0,25
			DNA	1

EK C: POPULASYON YAPISI ANALİZİ SONUÇLARI

Çizelge C.1. Populasyon yapısı analizlerinde kullanılan 85 örneğe ait mikrosatellit genotipleri

Sıra No	Örnek No	Mar003	Mar076	Mar063	Mar049	MSMM6	Ma81	Ma88
1	5730_har	169	127	289	251	148	196	144
2	5741_har	181	121	289	251	148	184	154
3	7229_har	171	113	303	231	144	196	116
4	7234_har	171	113	303	241	144	210	118
5	7237_har	171	113	303	241	134	184	118
6	7238_har	169	115	295	251	134	184	118
7	7246_har	169	115	291	251	146	184	118
8	7265_har	169	123	289	239	146	184	152
9	7267_har	177	117	295	241	146	196	150
10	7268_har	177	117	291	239	146	196	122
11	7269_har	169	117	289	243	146	184	120
12	7270_har	177	109	291	249	134	184	148
13	7271_har	171	113	283	239	144	184	134
14	7274_har	177	113	299	255	144	184	124
15	7275_har	173	115	291	239	148	184	118
16	7276_har	177	109	291	243	148	184	116
17	7277_har	171	121	291	239	146	184	120
18	7279_har	171	113	293	239	146	184	118
19	7280_har	173	109	293	245	144	212	128
20	7285_har	171	115	0	239	144	204	118
21	7288_har	167	123	289	245	130	208	120
22	7291_har	171	127	289	249	144	184	120
23	7297_har	171	113	291	245	144	184	126
24	7298_har	171	113	305	241	144	184	120
25	7300_har	171	117	297	239	144	200	118

Çizelge C.1 (Devam ediyor)

Sıra No	Örnek No	Mar003	Mar076	Mar063	Mar049	MSMM6	Ma81	Ma88
26	7301_har	169	117	299	249	148	202	150
27	7303_har	175	0	299	247	144	184	120
28	7304_har	171	0	283	249	144	184	120
29	7305_har	173	117	283	247	144	184	118
30	7306_har	173	117	283	255	144	184	118
31	7307_har	173	127	0	247	150	206	152
32	7308_har	171	127	289	247	144	184	162
33	7309_har	177	117	295	261	134	184	150
34	7310_har	175	117	291	239	146	184	122
35	7311_har	179	121	291	239	150	184	148
36	7313_har	177	117	291	241	134	198	120
37	7314_har	171	113	295	245	146	184	120
38	7316_har	165	115	291	251	144	184	118
39	7328_har	169	115	303	239	156	184	122
40	7344_har	177	115	291	243	146	184	130
41	7345_har	171	109	291	241	156	184	150
42	7369_har	169	109	291	253	138	190	118
43	7379_har	169	115	291	251	158	194	118
44	7385_har	147	117	299	245	146	184	116
45	7394_har	161	115	297	245	152	184	118
46	7396_har	177	125	297	245	150	204	116
47	7397_har	173	129	283	245	140	184	116
48	7401_har	171	115	299	253	138	196	118
49	7403_har	147	113	297	249	134	202	118
50	7404_har	147	115	299	243	150	202	116
51	7405_har	169	117	299	249	162	184	116

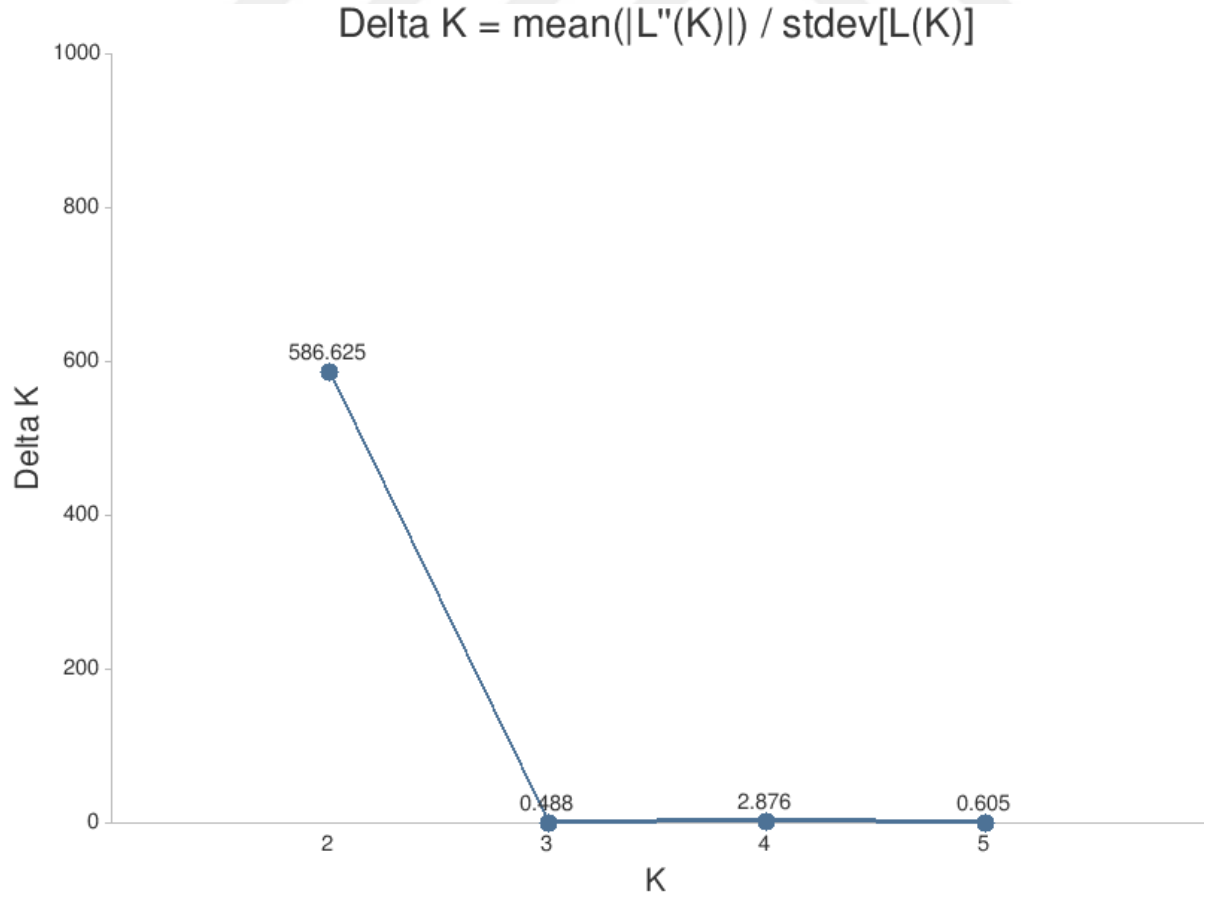
Çizelge C.1 (Devam ediyor)

Sıra No	Örnek No	Mar003	Mar076	Mar063	Mar049	MSMM6	Ma81	Ma88
52	7410_har	169	121	283	245	144	184	118
53	7233_ana	155	111	283	239	132	184	124
54	7282_ana	159	113	269	237	134	184	130
55	7294_ana	145	119	271	239	142	190	132
56	7342_ana	145	117	275	237	136	184	130
57	7368_ana	159	113	269	231	134	186	130
58	7372_ana	159	107	269	245	134	186	130
59	7373_ana	145	115	269	231	142	200	124
60	7374_ana	145	107	283	247	142	186	130
61	7420_ana	159	115	283	231	134	184	130
62	7421_ana	145	107	283	245	130	186	130
63	7426_ana	153	115	283	245	134	186	130
64	7468_ana	145	117	277	239	142	192	134
65	7469_ana	145	119	283	239	140	188	132
66	7495_ana	149	113	293	233	132	192	116
67	5429_ira	157	113	267	235	134	196	134
68	5430_ira	161	113	275	247	136	192	126
69	5432_ira	151	111	275	249	144	204	134
70	5434_ira	133	115	275	253	140	190	130
71	5463_ira	151	107	285	241	134	208	134
72	5464_ira	151	115	269	241	138	208	138
73	5503_ira	143	113	277	237	142	180	116
74	5556_ira	151	109	273	233	136	186	132
75	6239_ira	149	113	283	239	140	184	128
76	7290_ira	145	117	271	253	142	190	132
77	7295_ira	145	117	277	239	142	188	132

Çizelge C.1 (Devam ediyor)

Sıra No	Örnek No	Mar003	Mar076	Mar063	Mar049	MSMM6	Ma81	Ma88
78	7415_ira	149	113	277	245	132	192	132
79	7416_ira	145	111	275	221	144	186	128
80	7536_ira	145	117	277	253	142	190	132
81	7537_ira	145	119	277	239	132	188	132
82	7610_ira	151	111	285	233	144	190	126
83	7648_ira	155	117	271	237	136	194	134
84	7692_ira	149	113	273	235	144	188	136
85	7695_ira	155	111	271	237	136	194	122

Şekil C.1. Toplam K Skorlarının Gruplar Arası Karşılaştırılmasının Grafiksel Gösterimi (K=1-5) (*Microtus hartingi*, *M. anatolicus*, *M. irani* Toros ve *M. irani* Doğu Anadolu için En iyi K değeri)



Çizelge C.2. *Microtus hartingi*, *M. anatolicus* ve *M. irani* örnekleri için Q değerleri

No	Örnek No	Pop No	Kayıp Değer	Q21	Q22
1	7288_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
2	7328_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
3	7396_har	Hartingi	0	0.9979	0.0021
4	7397_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
5	7410_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
6	7229_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
7	7265_har	Hartingi	0	0.9994	0.0006
8	7267_har	Hartingi	0	0.9990	0.0010
9	7268_har	Hartingi	0	0.9993	0.0007
10	7277_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
11	7309_har	Hartingi	0	0.9990	0.0010
12	7310_har	Hartingi	0	0.9993	0.0007
13	7311_har	Hartingi	0	0.9953	0.0047
14	7313_har	Hartingi	0	0.9989	0.0011
15	7291_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
16	5730_har	Hartingi	0	0.9989	0.0011
17	7344_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
18	7345_har	Hartingi	0	0.9970	0.0030
19	7314_har	Hartingi	0	0.9987	0.0013
20	7316_har	Hartingi	-14	0.9980	0.0020
21	7275_har	Hartingi	0	0.9961	0.0039
22	7270_har	Hartingi	0	0.9994	0.0006
23	7274_har	Hartingi	0	0.9982	0.0018
24	7276_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
25	5741_har	Hartingi	0	0.9984	0.0016
26	7379_har	Hartingi	0	0.9986	0.0014
27	7403_har	Hartingi	-14	0.9991	0.0009
28	7404_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008

Çizelge C.2 (Devam ediyor)

No	Örnek No	Pop No	Kayıp Değer	Q21	Q22
29	7405_har	Hartingi	0	0.9979	0.0021
30	7385_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
31	7394_har	Hartingi	-14	0.9992	0.0008
32	7271_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
33	7279_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
34	7280_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
35	7285_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
36	7269_har	Hartingi	0	0.9982	0.0018
37	7300_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
38	7301_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
39	7369_har	Hartingi	0	0.9773	0.0227
40	7401_har	Hartingi	0	0.9971	0.0029
41	7303_har	Hartingi	0	0.9993	0.0007
42	7304_har	Hartingi	0	0.9884	0.0116
43	7305_har	Hartingi	0	0.9981	0.0019
44	7306_har	Hartingi	0	0.9990	0.0010
45	7307_har	Hartingi	0	0.9862	0.0138
46	7308_har	Hartingi	0	0.9992	0.0008
47	7234_har	Hartingi	0	0.9744	0.0256
48	7237_har	Hartingi	0	0.9988	0.0012
49	7238_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
50	7246_har	Hartingi	0	0.9991	0.0009
51	7297_har	Hartingi	0	0.9990	0.0010
52	7298_har	Hartingi	0	0.9887	0.0113
53	7233_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
54	7282_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
55	7294_ana	Anatolicus	0	0.0008	0.9992
56	7342_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990

Çizelge C.2 (Devam ediyor)

No	Örnek No	Pop No	Kayıp Değer	Q21	Q22
57	7368_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
58	7372_ana	Anatolicus	0	0.0008	0.9992
59	7373_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
60	7374_ana	Anatolicus	0	0.0007	0.9993
61	7420_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
62	7421_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
63	7426_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
64	7468_ana	Anatolicus	0	0.0010	0.9990
65	7469_ana	Anatolicus	0	0.0009	0.9991
66	7495_ana	Anatolicus	0	0.0016	0.9984
67	7290_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
68	7295_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
69	7415_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
70	7416_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
71	7536_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
72	7537_ira	Irani_Toros	0	0.0009	0.9991
73	7610_ira	Irani_Toros	0	0.0034	0.9966
74	7648_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
75	7692_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
76	7695_ira	Irani_Toros	0	0.0010	0.9990
77	5429_ira	Irani_Dogu	0	0.0084	0.9916
78	5430_ira	Irani_Dogu	0	0.0066	0.9934
79	5432_ira	Irani_Dogu	0	0.2206	0.7794
80	5434_ira	Irani_Dogu	0	0.0091	0.9909
81	5463_ira	Irani_Dogu	0	0.0278	0.9722
82	5464_ira	Irani_Dogu	-14	0.0089	0.9911
83	5503_ira	Irani_Dogu	0	0.0092	0.9908
84	5556_ira	Irani_Dogu	0	0.0051	0.9949
85	6239_ira	Irani_Dogu	0	0.0255	0.9745

ÖZGEÇMİŞ

Sercan IRMAK 2009 yılında BEÜN Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü'nden mezun oldu. 2012 yılında Bülent Ecevit Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında yüksek lisansını tamamladı. 2013 yılında Balıkesir Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Uygulama ve Araştırma Merkezi'nde öğretim görevlisi olarak çalışmaya başladı. Halen BEÜN Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı'nda doktora programında öğrenimini sürdürmektedir. Evli ve bir çocuk babasıdır.