

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

TÜRKİYE’NİN KUZEYİNDE YAYILIŞ GÖSTEREN *Microtus* VE *Chionomys*
CİNSLERİNE AİT TÜRLERİN (MAMMALIA: RODENTIA) GENETİK
VARYASYONLARININ VE FİLOGENETİK İLİŞKİLERİNİN SAPTANMASI

Derya ÇETİNTÜRK

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

ANKARA
2021

Her hakkı saklıdır

ÖZET

Doktora Tezi

TÜRKİYE’NİN KUZEYİNDE YAYILIŞ GÖSTEREN *Microtus* ve *Chionomys*
CİNSLERİNE AİT TÜRLERİN (MAMMALIA: RODENTIA) GENETİK
VARYASYONLARININ ve FİLOGENETİK İLİŞKİLERİNİN SAPTANMASI

Derya ÇETİNTÜRK

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Nuri YİĞİT

Microtus Shrank, 1798 cinsi en çok türleşmeye uğrayan ve en hızlı evrimleşen kemirgen cinslerinden biri olarak kabul edilmekte olup, şu ana kadar Anadolu’da 14 adet *Microtus* cinsi tarla faresi türünün kaydı verilmiştir. *Chionomys* Miller, 1908 cinsi ise, *Microtus* cinsi ile yakın akraba kar farelerini içermekte ve Anadolu’da yayılışı bulunan üç adet tür ile temsil edilmektedir. Bu çalışmada, Türkiye’nin kuzeyinde yayılış gösteren *Microtus* ve *Chionomys* cinslerine ait 32 lokaliteden alınan 163 adet örneğin, Genbank’dan alınan 30 adet ve BoldSystem’den alınan 7 adet örneğin mitokondriyal COXI ve 12S rRNA ile nükleer IRBP gen bölgeleri analiz edildi. Elde edilen verilere göre, *Microtus* ve *Chionomys* cinslerinin farklı cinsler olduğu ve *Chionomys nivalis*, *Chionomys roberti* ve *Chionomys gud* türlerinin birbirlerinden ayrıldıkları belirlendi. *Microtus* türleri ile ilgili olarak; *Microtus arvalis* “arvalis” ve “obscurus” formlarının Doğu Anadolu popülasyonu da dahil olmak üzere aynı tür oldukları saptandı. *Microtus mystacinus* Trakya ve Anadolu popülasyonu arasındaki coğrafi izolasyonun farklı türler oluşturmaları için yeterli olmadığı görüldü. *Microtus majori* ve *Microtus subterraneus* türlerinin farklı türler oldukları, *Microtus subterraneus* Trakya ve Anadolu popülasyonlarının devam eden türleşme sürecinde oldukları ve henüz ayrı türler düzeyinde farklılaşmış olmadıkları belirlendi. Guentheri grubuna ait ve İç Anadolu’nun kuzeyinde bulunan endemik *Microtus dogramacii*’nin geçerli bir takson olduğu, ancak Guentheri grubu Trakya ve Batı Anadolu popülasyonlarının genetik belirteçler bakımından henüz tam olarak ayrı türler olma kriterini sağlamadıkları kanıtlandı ve *Microtus hartingi* olarak kabul edildi.

Aralık 2021, 162 sayfa

Anahtar Kelimeler: *Microtus*, *Chionomys*, Kuzey Anadolu, Mitokondriyal DNA, Nükleer DNA

ABSTRACT

Ph.D. Thesis

DETERMINING GENETIC VARIATIONS and PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS of GENUS *Microtus* and *Chionomys* SPECIES (MAMMALIA: RODENTIA) DISTRIBUTED in NORTHERN TURKEY

Derya ÇETİNTÜRK

Ankara University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Biology

Supervisor: Prof. Dr. Nuri YİĞİT

Genus *Microtus* Shrank, 1798 is considered to be one of the most differentiated and rapidly evolving rodent genus, and 14 vole species of genus *Microtus* have been recorded in Anatolia so far. Genus *Chionomys* Miller, 1908 comprises of snow voles closely related to *Microtus* and is represented by three species distributed in Anatolia. In this study, mitochondrial *COXI* and 12S rRNA and nuclear *IRBP* gene regions of 163 samples from 32 localities, 30 samples from Genbank and 7 samples from BoldSystem belong to *Microtus* and *Chionomys* genera distributed in the north of Turkey were analysed. According to the obtained data, it was determined that *Microtus* and *Chionomys* are different genera and *Chionomys nivalis*, *Chionomys roberti* and *Chionomys gud* separated from each other. Regarding *Microtus* species; it was stated that "arvalis" and "obscurus" forms of *M. arvalis* are the same species, including the eastern Anatolian population. It was observed that the geographical isolation between *Microtus mystacinus* Thracian and Anatolian populations was not sufficient to form different species. It was determined that *Microtus majori* and *Microtus subterraneus* are different species, and Thracian and Anatolian populations of *Microtus subterraneus* are involved in the ongoing speciation process. It was proved that endemic *Microtus dogramacii* belong to Guentheri Group and distributed in the north of Central Anatolia are a valid taxon; however, Thrace and Western Anatolian populations of the Guentheri group have not yet completely fulfilled the criterion of being a separate species in terms of genetic markers and were accepted as *Microtus hartingi*.

December 2021, 162 pages

Key Words: *Microtus*, *Chionomys*, northern Anatolia, Mitochondrial DNA, Nuclear DNA

TEŞEKKÜR

Tez çalışmam sırasında, bilgi ve tecrübelerini esirgemeyen tez danışmanım, değerli hocam Prof. Dr. Nuri Yiğit'e, tezim süresince öneri ve görüşleri ile katkıda bulunan değerli hocalarım Prof. Dr. Ercüment Çolak ve Prof. Dr. Ali GÜL'e teşekkür ederim. Maddi ve manevi destekleri esirgemeyen ve her zaman yanımda olan aileme ve Samet Eray YALNIZ'a destekleri için teşekkür ederim.

Bu tez çalışması, Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Müdürlüğü 17L0430003 No'lu lisansüstü tez projesi kapsamında desteklenmiştir.

Derya ÇETİNTÜRK
Ankara, Aralık 2021

İÇİNDEKİLER

TEZ ONAY SAYFASI

ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR	iv
KISALTMALAR DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ	xi
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER.....	15
2.1 Ordo: Rodentia (Mammalia)	15
2.2 Familya: Cricetidae.....	16
2.3 Altfamilya: Arvicolinae	17
2.4 Cins: <i>Microtus</i> Schrank, 1798	18
2.4.1 <i>Microtus arvalis</i> Pallas, 1779	18
2.4.2 <i>Microtus subterraneus</i> de Selys Longchamps, 1836.....	19
2.4.3 <i>Microtus hartingi</i> Barret-Hamilton, 1903.....	20
2.4.4 <i>Microtus majori</i> Thomas, 1906	21
2.4.5 <i>Microtus mystacinus</i> de Filippi, 1865	22
2.4.6 <i>Microtus lydius</i> Blackler, 1916.....	23
2.4.7 <i>Microtus dogramacii</i> Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999.....	24
2.4.8 <i>Chionomys nivalis</i> Martins, 1842	25
2.4.9 <i>Chionomys roberti</i> Thomas, 1906	25
2.4.10 <i>Chionomys gud</i> Satunin, 1909	26
2.5 Mitokondriyal DNA (mtDNA) Sitokrom Oksidaz 1 ve 12S rRNA Gen Bölgeleri	27
2.6 Nükleer DNA (nucDNA) ve <i>IRBP</i> Gen Bölgesi	28
2.7 Anadolu'nun Jeolojik ve İklimsel Tarihi	29
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	33
3.1 Örneklemeye.....	33
3.2 DNA İzolasyonu.....	45
3.3 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile DNA'ların Çoğaltılması	51
3.4 Agaroz Jel Elektroforezi.....	53

3.5 Çoğaltılan DNA Dizilerinin Analizleri	55
4. ARAŞTIRMA BULGULARI	57
4.1 <i>Microtus arvalis</i> Pallas, 1778 Türünün mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları	57
4.2 <i>Microtus arvalis</i> Pallas, 1778 Türünün nucDNA <i>IRBP</i> Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları	62
4.3 <i>Microtus mystacinus</i> de Filippi, 1865 Türünün mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları	66
4.4 <i>Microtus mystacinus</i> de Filippi, 1865 Türünün nucDNA <i>IRBP</i> Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları	70
4.5 <i>Microtus subterraneus</i> de Selys Longchamps, 1836- <i>Microtus majori</i> Thomas 1906 Türlerinin mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Gen Bölgesi Analizi	75
4.6 <i>Microtus subterraneus</i> de Selys Longchamps, 1836- <i>Microtus majori</i> Thomas, 1906 Türlerinin nucDNA <i>IRBP</i> Gen Bölgesi Analizi	80
4.7 Guentheri Grubu Türlerin mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Gen Bölgesi Analizi	83
4.8 Guentheri Grubu Türlerin nucDNA <i>IRBP</i> Gen Bölgesi Analizi	88
4.9 <i>Chionomys</i> Miller, 1908 Cinsi mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Gen Bölgesi Analizi	92
4.10 <i>Chionomys</i> Miller, 1908 Cinsi nucDNA <i>IRBP</i> Gen Bölgesi Analizi	96
4.11 <i>Microtus</i> Shrank, 1798 ve <i>Chionomys</i> Miller, 1908 Cinsleri mtDNA 12S rRNA Gen Bölgesi Analizi	102
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	107
5.1 <i>Microtus arvalis</i> Pallas, 1778 Türünün mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi	107
5.2 <i>Microtus mystacinus</i> de Filippi, 1865 Türünün mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi	111
5.3 <i>Microtus subterraneus</i> de Selys Longchamps, 1836- <i>Microtus majori</i> Thomas, 1906 Türlerinin mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi	115
5.4 Guentheri Grubu Türlerin mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi	122
5.5 <i>Chionomys</i> Miller 1908 Cinsi mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi	128
KAYNAKLAR	136
ÖZGEÇMİŞ	160

KISALTMALAR DİZİNİ

%	Yüzde
+	Artı
±	Artı-eksi
°C	Santigrat derece
2n	Diploid Kromozom Sayısı
µl	Mikro litre
AIC	Akaike Information Criterion (Akaike Bilgi Kriteri)
BIC	Bayesian Information Criterion (Bayesian Bilgi Kriteri)
bp	Baz çifti
<i>COXI</i>	Sitokrom oksidaz-1
<i>CYTB</i>	Sitokrom- <i>b</i>
<i>d</i>	Gruplar arası genetik uzaklık
DNA	Deoksiribonükleik asit
dNTP	Deoksiribonükleotid trifosfat
FN	Temel kromozom kol sayısı
FN _a	Otozomal kromozomlara ait kol sayısı
g	Santrifüj dönme kuvveti
HCL	Hidroklorik asit
<i>Hd</i>	Haplotip Çeşitliliği
HKY	Hasegawa, Kishino ve Yano mutasyon modeli
HKY+G	Gamma parametrelili Hasegawa, Kishino ve Yano mutasyon modeli
<i>IRBP</i>	Fotoreseptör retinoid bağlayıcı protein
m	Metre
mg	Miligram
MgCl ₂	Magnezyum diklorür
ml	Mililitre
mm	Milimetre
mM	Milimolar

mtDNA	Mitokondriyal DNA
MÖ	Milattan önce
MYÖ	Milyon Yıl Önce
NF	Temel kromozom kol sayısı
NFa	Otozomal kromozomlara ait kol sayısı
nucDNA	Nükleer DNA
nm	Nanometre
ng	Nanogram
Pi	Nükleotit Çeşitliliği
pmol	Pika mol
pp	Posterior probability
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
rpm	Santrifüjün dakikada dönme sayısı
TAE	Tris-asetat-EDTA

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1 Anadolu'nun coğrafi pozisyonu ve ana topografik bileşenleri).....	30
Şekil 3.1a Arazi çalışmalarından fotoğraflar	34
Şekil 3.1b Arazi çalışmalarından fotoğraflar	34
Şekil 3.2 <i>Microtus</i> cinsine ait yuva deliği ve yürüme yolu.....	35
Şekil 3.3 <i>Microtus</i> yuvası kenarına yerleştirilmiş canlı yakalama kapanı	35
Şekil 3.4 Çalışmada kullanılan örneklerin toplandıkları lokasyonlar	36
Şekil 3.5 COXI gen bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü.....	54
Şekil 3.6 IRBP gen bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü	55
Şekil 3.7 12S rRNA gen bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü	55
Şekil 4.1 HKY Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>M. arvalis</i> COXI bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları	60
Şekil 4.2 <i>M. arvalis</i> Anadolu, Asya ve Avrupa populasyonlarına ait COXI haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	61
Şekil 4.3 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>M.</i> <i>arvalis</i> IRBP bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanı.....	64
Şekil 4.4 <i>M. arvalis</i> Anadolu ve Avrupa populasyonlarına ait IRBP haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	65
Şekil 4.5 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>M.</i> <i>mystacinus</i> COXI bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları.....	69
Şekil 4.6 <i>M. mystacinus</i> Anadolu ve Avrupa populasyonlarına ait COXI haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı.....	70
Şekil 4.7 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>M.</i> <i>mystacinus</i> IRBP bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları.....	73
Şekil 4.8 <i>M. mystacinus</i> Anadolu ve Trakya populasyonlarına ait IRBP haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	74
Şekil 4.9 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>M.</i> <i>majori-M. subterraneus</i> COXI bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları.....	78
Şekil 4.10 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türlerine ait COXI haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	79
Şekil 4.11 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>M.</i> <i>majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türleri IRBP bölgesi Bayesian Dendrogramı	82
Şekil 4.12 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türlerine ait IRBP haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	83

Şekil 4.13 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>Guentheri Grubu</i> türleri ile <i>M. socialis</i> ait COXI bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları)	86
Şekil 4.14 <i>Guentheri Grubu</i> türleri ile <i>M. socialis</i> ait COXI haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	87
Şekil 4.15 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>Guentheri Grubu</i> türleri ile <i>M. socialis</i> ait IRBP bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları.....	90
Şekil 4.16 <i>Guentheri Grubu</i> türleri ile <i>M. socialis</i> ait IRBP haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	91
Şekil 4.17 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi COXI gen bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları.....	95
Şekil 4.18 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsine ait COXI haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı.....	96
Şekil 4.19 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi IRBP gen bölgesi Bayesian Dendrogramı ..	100
Şekil 4.20 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsine ait IRBP haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı.....	101
Şekil 4.21 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi 12S rRNA gen bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları.....	105
Şekil 4.22 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsine ait 12S rRNA haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı	106
Şekil 5.1 <i>M. arvalis</i> Pallas, 1779 türünün yayılış haritası.....	111
Şekil 5.2 <i>M. mystacinus</i> de Filippi, 1865 türünün yayılış haritası	114
Şekil 5.3 <i>M. subterraneus</i> de Selys Longchamps, 1836 türünün yayılış haritası	120
Şekil 5.4 <i>M. majori</i> Thomas, 1906 türünün yayılış haritası.....	121
Şekil 5.5 <i>M. subterraneus</i> ve <i>M. majori</i> türlerinin elde edildiği lokasyonlar	121
Şekil 5.6 <i>Guentheri</i> grubu türlerinin Anadolu'daki yayılışı ve elde edildiği lokasyonlar	127
Şekil 5.7 <i>C. nivalis</i> (Martins, 1842) türünün yayılışı ve örneklerin elde edildiği lokasyonlar	132
Şekil 5.8 <i>C. gud</i> (Satunin, 1909) türünün yayılışı ve örneklerin elde edildiği lokasyonlar	132
Şekil 5.9 <i>C. roberti</i> (Thomas, 1906) türünün yayılışı ve örneklerin elde edildiği lokasyonlar	133

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları....	36
Çizelge 3.2 Çalışmada kullanılan GenBank ve BoldSystem örnekleri.....	43
Çizelge 3.3 İzole edilen DNA'ların miktarları (ng/μl) ve 260/280 nm'de saflık değerleri.....	46
Çizelge 3.4 DNA amplifikasyonunda kullanılan primerler ve baz dizileri.....	52
Çizelge 3.5 <i>COXI</i> , 12S rRNA ve <i>IRBP</i> bölgelerinin amplifikasyonunda kullanılan PZR bileşenleri ve bu bileşenlerin miktarları.....	52
Çizelge 3.6 <i>COXI</i> bölgesinin amplifikasyonu için PZR koşulları	53
Çizelge 3.7 12S rRNA bölgesinin amplifikasyonu için PZR koşulları	53
Çizelge 3.8 <i>IRBP</i> bölgesinin amplifikasyonu için PZR koşulları	53
Çizelge 4.1 <i>M. arvalis</i> <i>COXI</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları	58
Çizelge 4.2 <i>M. arvalis</i> <i>COXI</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	58
Çizelge 4.3 <i>M. arvalis</i> türü <i>COXI</i> gen bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri	58
Çizelge 4.4 <i>M. arvalis</i> <i>IRBP</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları	62
Çizelge 4.5 <i>M. arvalis</i> <i>IRBP</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	63
Çizelge 4.6 <i>M. arvalis</i> türü <i>IRBP</i> gen bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri.....	63
Çizelge 4.7 <i>M. mystacinus</i> <i>COXI</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları	67
Çizelge 4.8 <i>M. mystacinus</i> <i>COXI</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri.....	67
Çizelge 4.9 <i>M. mystacinus</i> türü <i>COXI</i> gen bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri.....	68
Çizelge 4.10 <i>M. mystacinus</i> <i>IRBP</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları.....	71
Çizelge 4.11 <i>M. mystacinus</i> <i>IRBP</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	72
Çizelge 4.12 <i>M. mystacinus</i> türü <i>IRBP</i> gen bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri	75
Çizelge 4.13 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türleri <i>COXI</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları	76

Çizelge 4.14 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türleri <i>COXI</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	76
Çizelge 4.15 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türleri <i>COXI</i> bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri	77
Çizelge 4.16 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türleri <i>IRBP</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları	81
Çizelge 4.17 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türleri <i>IRBP</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	81
Çizelge 4.18 <i>M. majori</i> ve <i>M. subterraneus</i> türleri <i>IRBP</i> bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri.....	81
Çizelge 4.19 Guentheri grubu türleri ile <i>M. socialis</i> türü <i>COXI</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları.....	84
Çizelge 4.20 Guentheri grubu türleri ile <i>M. socialis</i> türü <i>COXI</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	85
Çizelge 4.21 Guentheri grubu türleri ile <i>M. socialis</i> türü <i>COXI</i> bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri	85
Çizelge 4.22 <i>Guentheri</i> Grubu türleri ile <i>M. socialis</i> türü <i>IRBP</i> bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları.....	88
Çizelge 4.23 Guentheri grubu türleri ile <i>M. socialis</i> türü <i>IRBP</i> bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	89
Çizelge 4.24 Guentheri grubu türleri ile <i>M. socialis</i> türü <i>IRBP</i> bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri	89
Çizelge 4.25 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi <i>COXI</i> gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları.....	92
Çizelge 4.26 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi <i>COXI</i> gen bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	94
Çizelge 4.27 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi <i>COXI</i> gen bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri.....	94
Çizelge 4.28 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi <i>IRBP</i> gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları.....	97
Çizelge 4.29 <i>Chionomys</i> türleri <i>IRBP</i> gen bölgesi genetik çeşitlilik değerleri	98
Çizelge 4.30 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi <i>IRBP</i> gen bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri.....	99
Çizelge 4.31 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi 12S rRNA gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları	103

Çizelge 4.32 <i>Chionomys</i> türleri 12S rRNA gen bölgesi genetik çeşitlilik değerleri.....	104
Çizelge 4.33 <i>Chionomys</i> ve <i>Microtus</i> cinsi 12S rRNA gen bölgesine ait Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapma değerleri.....	104



1. GİRİŞ

Microtus Shrank, 1798 cinsi tarla fareleri Rodentia (Kemiriciler) takımı, Cricetidae familyası ve Arvicolinae altfamilyasına mensuptur. *Microtus* cinsine ait 15 altcins ve yaklaşık 59 tür Holoarktik Bölge’de yayılış göstermektedir (Musser ve Carleton 2005, Kryštufek ve Vohralík 2009, Burgin vd. 2020). *Microtus* cinsi memelilerde hızlı evrimleşme sürecine örnek oluşturmakta ve en çok türleşmeye uğrayan kemirgen cinslerinden biri olarak kabul edilmektedir (Musser ve Carleton 1993, Nowak 1999, Barbosa vd. 2018). Arvicolinae altfamilyasına ait türlerin yaklaşık yarısını içinde barındıran *Microtus* cinsinde (Musser ve Carleton 1993, Chaline vd. 1999, Conroy ve Cook 1999, Bužan vd. 2008) türleşmenin hala devam ettiği ve yeni türler tanımlandığı görülmektedir (Kefelioğlu ve Kryštufek 1999, Kryštufek ve Kefelioğlu 2001, Golenishchev vd. 2002, Jaarola vd. 2004, Tryfonopoulos vd. 2008, Kryštufek vd. 2009, Yiğit vd. 2016).

Arvicolinae altfamilyasında yer alan kar fareleri *Chionomys* Miller, 1908 cinsi uzun bir süre *Microtus* cinsine ait bir alt cins olarak ele alınmış (Neuhäuser 1936, Corbet 1978, Krapp 1982), ancak, kraniyal (Pietsch 1980), dental (Nadachowski 1991), kromozomal (Agadzhanjan ve Jatsenko 1984, Zima ve Král 1984) ve genetik kanıtlar (Graf 1982, Jaarola vd. 2004) göz önünde bulundurularak farklı bir cins olarak kabul edilmiştir (Musser ve Carleton 2005). *Chionomys* cinsi Avrupa, Orta Doğu ve Kafkaslar’da geniş bir yayılışa sahip *Chionomys nivalis* Martins 1842 ile yayılışı Orta Doğu ve Kafkaslar ile sınırlı olan *Chionomys roberti* Thomas 1906 ve *Chionomys gud* Satunin 1909 ile temsil edilmektedir. Bununla birlikte Wilson vd. (2017) ve Burgin vd. (2020) tarafından *C. gud* iki ayrı tür olarak listelenmiş ve Anadolu popülasyonu *C. lasistanius* olarak, Gürcistan-Rusya arasındaki bölgede yüksek dağlarda yayılış gösteren popülasyon *C. gud* olarak verilmiştir.

Türkiye kemirici türleri bakımından oldukça zengin bir bölge olup, bu bölgede yaklaşık 67 kemirici türü yaşamaktadır (Kryštufek ve Vohralík 2005, 2009, Yiğit vd. 2006). Yiğit vd. (2006, 2016)’ya göre, *Microtus* cinsine ait 14 tür ve *Chionomys* cinsine ait 3 tür olmak üzere toplamda 17 türün kaydı verilmiştir:

- 1) *Microtus socialis* Pallas, 1773
- 2) *Microtus arvalis* Pallas, 1779 (Burgin vd. 2020'ye göre *M. obscurus*)
- 3) *Microtus subterraneus* de Selys Longchamps, 1836
- 4) *Microtus guentheri* Dandford ve Alston, 1880
- 5) *Microtus hartingi* Barret-Hamilton, 1903
- 6) *Microtus majori* Thomas, 1906
- 7) *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865
- 8) *Microtus lydius* Blackler, 1916
- 9) *Microtus daghestanicus* Schidlovsky, 1919
- 10) *Microtus irani* Thomas, 1921
- 11) *Microtus schidlovskii* Argyropulo, 1933 (Burgin vd. 2020'ye göre *M. irani schidlovskii*)
- 12) *Microtus dogramacii* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999
- 13) *Microtus anatolicus* Kryštufek ve Kefelioğlu, 2001
- 14) *Microtus elbeyli* Yiğit vd. 2016
- 15) *Chionomys nivalis* Martins, 1842
- 16) *Chionomys roberti* Thomas, 1906
- 17) *Chionomys gud* Satunin, 1909 (Burgin vd. 2020'ye göre *C. lasistanius*)

M. arvalis Pallas, 1779 Paleartik Bölge'deki yayılışı en geniş memeli türlerinden biridir ve Avrupa'nın batısından Güneydoğu Asya'ya kadar geniş bir alanda yayılış göstermektedir ve Türkiye'de de Doğu Anadolu Bölgesi'nde sınırlı bir yayılışa sahiptir (Kefelioğlu 1995). Ognev (1924) Tiflis'den *M. arvalis transcausicus* alttürünü tanımlamıştır. Neuhäuser (1936) ve Ellerman (1948) *M. arvalis muhlisi* alttürünün; Neuhäuser (1936), Kratochvíl vd. (1959) ve Lehmann (1966) *M. arvalis relictus* alttürünün Türkiye'den kayıtlarını vermişlerdir. Mitchell-Jones vd. (1999) kromozomal farklılıklara göre *M. arvalis* türünün batıda "arvalis" ve doğuda "obscurus" olmak üzere 2 form bulunduğunu belirtmiştir. Bu 2 form aynı kromozom sayısına sahip ($2n=46$) olmakla birlikte, kromozom kol sayıları (NF) arvalis formunda 84 ve obscurus formunda 72 olmak üzere farklılık göstermektedir. Orlov ve Malygin (1969) arvalis ve obscurus formlarının sınırının Rusya'nın Avrupa kısmı ve Ermenistan olduğunu ve bu yerlerde allopatrik olarak yayılış gösterdiklerini öne sürmüştür. Akhverdyan vd. (1999)

ve Meyer vd. (1999) her 2 formun esaret altında birbirleri ile çiftleştiklerini gözlemlemişlerdir. Mazurok vd. (2001) kromozom bantlama yapmış ve arvalis ve obscurus formları arasında farklar bulmuştur. Malygin ve Panteleichuk (2003) arvalis ve obscurus bireylerinin oluşturduğu F1, F2 ve kalan nesillerin azalan verime rağmen fertilitite gösterdiklerini belirtmişlerdir. Sitokrom-*b* (*CYTB*) gen bölgesi kullanılarak yapılan çalışmalarda arvalis ve obscurus formları birbirlerinden ayrılmış ancak genetik uzaklık değerleri düşük bulunmuştur (Haynes vd. 2003, Jaarola vd. 2004, Fink vd. 2004, Lavrenchenko vd. 2009, Bužan vd. 2010, Thanou vd. 2012, Tougaard vd. 2013, Mahmoudi vd. 2017, Barbosa vd. 2018). Bu çalışmalardan sadece Tougaard vd. (2013) söz konusu iki formu *M. arvalis* ve *M. obscurus* olmak üzere farklı türler olarak ele almıştır. Ayrıca Wilson vd. (2016) ve Burgin vd. (2020) bu iki formu ayrı türler olarak vermiştir. Nükleer gen bölgeleri (tümör protein-53 geni, tek nükleotit polimorfizmleri) ile yapılan çalışmalarda da benzer sonuçlar elde edilmiştir (Lavrenchenko vd. 2009, Barbosa vd. 2018) Bulatova vd. (2007, 2010) arvalis ve obscurus formlarının Rusya'nın Avrupa tarafında birbirleri ile temas ettiklerini ve hibrit bireyler meydana getirdiklerini belirtmişlerdir. Markov vd. (2009) yaptıkları çalışmada ikiz türler olan *M. arvalis* ve *M. mystacinus* türlerinin ayırıcı biyometrik özelliklerini ortaya koymuşlardır. Yorulmaz vd. (2013) tarafından yapılan çalışmada ise *M. arvalis* türünde kromozom bantlama yapılarak türün kromozomal özellikleri ortaya konulmuştur.

M. mystacinus de Filippi, 1865 Karadeniz Bölgesi'nin kuzeydoğu bölümü ve Güneydoğu Anadolu hariç, Türkiye'nin hemen hemen her yerinde sulak stepler, çayırlar ve ovalar, göl ve dere kenarlarındaki çayırılık alanlar, orman kenarlarındaki ekili alanlarda sıklıkla bulunmaktadır (Yiğit vd. 2006). *M. levis* Miller, 1908, *M. rossiaemeridionalis* Ognev 1924, *M. epiroticus* Ondrias, 1966 ve *M. subarvalis* Meyer, Orlov ve Skholl, 1972 *M. mystacinus* türünün sinonimleridir. *M. mystacinus* Avrupa'da Finlandiya'dan Balkan Yarımadası'na, Asya'da Anadolu, Kafkaslar ve Baykal Gölü'ne kadar Rusya'nın batı bölümünde geniş bir alanda yaşamaktadır (Zima 1999, Shenbrot ve Krasnov 2005, Zagorodnyuk vd. 2008). Miller (1908) Gagani, Prohova, Romanya'dan *Microtus mystacinus* türünü vermiştir. Ognev (1924) Perama, Epirus, Yunanistan'dan *M. epiroticus* (= *M. mystacinus*) türünün kaydını vermiştir. Kefelioğlu ve Doğramacı (1988) $2n=54$ kromozom sayısına sahip Samsun, Türkiye örneklerini *M.*

arvalis olarak tanımlamış, ancak Doğramacı (1989) bu örneklerin *M. epiroticus* olduğunu belirlemiştir. Musser ve Carleton (1993) ve Kryštufek ve Vohralik (2001) *M. epiroticus* yerine, *M. rossiameridionalis* ismini kullanmışlardır. Yiğit vd. (2003) *M. rossiameridionalis* türünün Türkiye boyunca yayılış gösterdiğine dair kayıtlar vermişlerdir. Jaarola vd. (2004) *CYTB* bölgesi ile yaptıkları çalışmada *M. mystacinus* türünün Avrupa ve Anadolu populasyonlarının filogenetik dendrogramlarda farklı kladlara yerleştiğini tespit etmişlerdir. Markov vd. (2009) *M. arvalis* ve *M. mystacinus* türlerinin ayırıcı biyometrik özelliklerini belirlemişlerdir. Markov vd. (2009, 2014) tarafından yapılan çalışmalarda Trakya ve Anadolu populasyonlarının nonmetrik karakterlerinde fark saptanamamıştır. Thanou vd. (2012) *M. mystacinus* Türkiye, Yunanistan ve Avrupa örnekleri arasındaki net genetik uzaklık değerlerinin *CYTB* bölgesine göre düşük olduğunu ileri sürmüşlerdir. Mohammadi vd. (2013) *M. mystacinus* İran örneklerinin kromozomal özelliklerini rapor etmişlerdir. Mahmoudi vd. (2014) *M. levis* yerine tip lokalitesi Lar Vadisi (Tahran'ın kuzeydoğusu, İran) olan *M. mystacinus* (de Filippi 1865) ismini kullanmıştır. Ghorbani vd. (2015) Türkiye ve İran örneklerinin karyolojik açısından benzer ($2n=54$; otozomal kromozomlara ait kol sayısı $FN_a=52$), ancak Avrupa örneklerinden farklı olduğunu ($2n=54$; $FN_a=54$) ve Türkiye, İran ve Avrupa örneklerinin morfolojik açıdan farklılık göstermediklerini saptamışlardır. Selçuk ve Kefelioğlu (2018) Anadolu'da yayılış gösteren *M. mystacinus* türünün karyolojik özelliklerini C-bantlama metodu ile belirlemişlerdir. Mahmoudi vd. (2017) *CYTB* gen bölgesine göre İran ve Avrupa (Türkiye, Yunanistan, Ukrayna, Finlandiya, Makedonya, Svalbard Adası) populasyonları arası genetik uzaklık değerini % 5,1; Türkiye ve diğer Avrupa populasyonları arasındaki genetik uzaklık değerini ise % 2,2 olarak hesaplamışlardır ve elde ettikleri filogenetik dendrogramlarda söz konusu populasyonlar ayrılmıştır.

Microtus subterraneus türü Trakya ve Batı Anadolu'yu kapsayacak şekilde Türkiye'nin kuzeyinde yayılış göstermekte ve yumuşak topraklı orman açıklıklarında bulunurken, *Microtus majori* Doğu Karadeniz Bölgesi'nde karışık orman içlerinde ve kenarlarındaki çimenliklerde yaşamaktadır (Yiğit vd. 2006). de Selys Longchamps (1836) Belçika'dan *M. subterraneus* türünü tanımlamıştır. Thomas (1906) Meryemana, Trabzon, Türkiye'den *M. majori* türünü tanımlamıştır. Thomas (1906), Ognev (1948), Ondrias

(1966), Niethammer (1982) ve Storch (1982) ayırt edici karakterler olarak *M. subterraneus*'da 4, *M. majori*'de 6 adet meme ucu bulunduğunu, Kryštufek (1999) ve Çolak vd. (1998) ise her 2 türde 4 meme ucu bulunduğunu ve meme ucu sayısının ayırt edici bir özellik olmadığını öne sürmüşlerdir. Kurtonur (1975) Türkiye'nin Trakya bölgesinden *M. subterraneus* kaydı vermiştir. Osborn (1962) Anadolu'nun çeşitli yerlerinden *M. subterraneus* kayıtları vermiştir. Zima ve Král (1984), Lyapunova, Akhverdyan ve Vorontsov (1988), Sablina vd. (1989), Kryštufek vd. (1994), Baskevich (1997) söz konusu türler ile ilgili karyotip çalışmaları, Chaline ve Graf (1988), Kryštufek vd. (1994) ve Mezhzherin vd. (1995) ise allozim çalışmaları yapmışlardır. Kıvanç (1986) Türkiye'nin Trakya bölgesinden, Niethammer (1984) Yunanistan'dan *M. majori* kayıtları vermiştir. Zagorodnyuk (1992) Doğu Avrupa *M. subterraneus* formunun ekolojik yönden farklı özelliklere sahip olması nedeni ile farklı tür olabileceğini ileri sürmüştür. Brunet-Lecomte vd. (1992) Bulgaristan'dan Geç Pleistosen Dönemi'ne (0,129-0,018 MYÖ) ait fosilleri *M. grafi* olarak tanımlamıştır. Kryštufek vd. (1994) elektroforetik, karyolojik ve dental özellikler bakımından *M. majori* ve *M. subterraneus* türlerinin farklı türler olduklarını ileri sürmüşlerdir. Çolak vd. (1998) *M. subterraneus* türünün Trakya ve Anadolu populasyonları arasında kraniyal ve diş karakterleri açısından farklılık bulmuş, ayrıca Trakya örneklerini *M. subterraneus* olarak tanımlamışlardır. Santel ve Koenigswald (1998) Trakya'dan (Yarımburgaz Mağarası, İstanbul) Orta Pleistosen Dönemi'ne (0,900-0,780 MYÖ) ait *Terricola* fosilleri bulmuştur. Brunet-Lecomte vd. (2001) *M. grafi* türünü *M. subterraneus* alttürü olarak tanımlamıştır. Macholan vd. (2001) *M. subterraneus*'un Polonya ve Anadolu populasyonlarının X kromozomu açısından farklılık gösterdiğini ve *M. subterraneus* Anadolu ve Avrupa populasyonları ile *M. subterraneus* ve *M. majori* arasındaki allozim datası genetik uzaklık değerlerinin Nei (Nei 1978) ve CS67 (Cavalli-Sforza ve Edwards 1967) parametrelerine göre sırası ile ortalama 0,073 ve 0,169 olduğunu ve bazı *M. subterraneus* tür içi uzaklık değerlerinin *M. majori* ile arasındaki uzaklık değerlerinden büyük olduğunu bulmuşlardır. Aynı zamanda, *M. majori*'nin batı sınırının Trabzon olduğunu ve *M. subterraneus* türünün yayılışının doğuda Trabzon'a kadar uzandığını öne sürmüşlerdir. Macholan vd. (2001) aynı zamanda *M. subterraneus* ve *M. majori* türlerinin ayrılma zamanını ortalama 0,350 MYÖ olarak hesaplamışlardır. Kryštufek ve Vohralík (2004) molar diş özelliklerine göre tür içi çeşitliliğin *M.*

subterraneus'da daha yüksek olduğunu ve batıdan doğuya gittikçe 1. Molar diş uzunluğunun azaldığını rapor etmişlerdir. Yiğit vd. (2003) Türkiye'nin kuzeyinden *M. subterraneus* ve *M. majori* kayıtları vermiştir. Jaarola vd. (2004) *M. subterraneus* türünde yüksek oranda tür içi *CYTB* gen çeşitliliğini haplotipler arası % 6-7 uzaklık değerleri ile tespit etmişler ve *M. majori* ile ayrıldığını filogenetik dendrogramlar ile belirlemişlerdir. Baskevich vd. (2007) tarafından yapılan çalışmada, *CYTB* analizine göre Anadolu ve Avrupa *M. subterraneus* örnekleri filogenetik dendrogramlarda ayrılmamış ve genetik uzaklık oldukça düşük bulunmuştur (% 3,7). Bulatova vd. (2007) Rusya'nın Avrupa bölümünde *M. subterraneus* 2n= 52 ve 2n= 54 sitotiplerini rapor etmişlerdir. Mitsainas vd. (2010) Yunanistan *M. subterraneus* örneklerinin karyolojik özelliklerini belirlemişlerdir. Thanou vd. (2012) tarafından yapılan ve *CYTB* gen bölgesinin analiz edildiği çalışmada, *M. subterraneus* Anadolu örneklerinin Yunanistan ve Avrupa örneklerine olan net genetik uzaklık değerleri sırası ile % 3,3 ve % 2,8 olarak hesaplanmış ve filogenetik dendrogramlarda bu örnekler *M. majori* örneğinden ayrılarak bir araya gelmişlerdir. Martínková ve Moravec (2012) çok sayıda mitokondriyal ve nükleer geni baz alarak filogenetik dendrogramlar oluşturmuşlar ve *M. subterraneus* ve *M. majori* bu dendrogramlarda ayrılmıştır. Tougard (2017) *CYTB*'ye göre *M. subterraneus* ve *M. majori* ayrılmış olup, *Terricola* altcinsinin kökeninin 4,05 MYÖ (Erken Pliyosen Dönemi) olarak hesaplanmıştır. Selçuk ve Kefelioğlu (2018) tarafından yapılan karyolojik çalışmada *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya popülasyonlarının karyolojik özellikleri C-bantlama yöntemine dayalı olarak incelenmiştir. Bogdanov vd. (2020)'e göre nükleer *BRCA1* (Meme kanseri tip 1 duyarlılık) geni Exon 11 bölgesi ile *XIST* (X inaktif) geni analizlerinde ve Bogdanov vd. (2021)'e göre mitokondriyal *CYTB* ve nükleer *BRCA1* ve *IRBP* geni analizlerinde *M. subterraneus* ve *M. majori* örnekleri ayrılmıştır.

Microtus cinsinin *Sumeriomys* Argyropulo 1933 altcinsinde bulunan 2n = 54 diploid kromozom sayısına sahip olan tarla fareleri "Guentheri Soy Hattı"na aittir (Ellerman 1941). Ayrıca diploid kromozom sayısı (2n) = 48 olan endemik *M. dogramacii* Guentheri grubuna alınmasına rağmen taksonomik durumu tartışmalıdır (Golenishchev vd. 2002). Blackler (1916) *Microtus lydius* türünü (İzmir) ve *M. guentheri shevketi* (Mersin-Tarsus) alttürünü tanımlamıştır. Ellerman ve Morrison-Scott (1951) *M. lydius*

türünü *M. guentheri*'nin alttürü olarak kabul etmişlerdir. Ondrias (1966) *M. hartingi*'nin Trakya ve Batı Anadolu'da bulunduğunu ileri sürmüştür. Santel ve Koenigswald (1998) Trakya'dan (Yarımburgaz Mağarası, İstanbul) Orta Pleistosen Dönemi'ne (0,900-0,780 MYÖ) ait *M. hartingi* fosilleri bulmuştur. Kefelioğlu (1999) *M. guentheri*'yi *M. hartingi*'nin sinonimi olarak kabul etmiştir. Kefelioğlu ve Kryštufek (1999) Suluova-Amasya'dan karyolojik ve morfolojik özelliklerine göre *M. dogramacii* türünü tanımlamışlardır. Yiğit ve Çolak (2002) morfolojik ve biyometrik kanıtlar ışığında tip yeri İzmir olan *M. lydius*'un geçerli bir takson olabileceğini belirtmişlerdir. İç ve Batı Anadolu popülasyonunu *M. lydius* olarak; Batı Anadolu'nun kıyı kesimindeki popülasyonu *M. lydius lydius* ve İç Anadolu popülasyonunu *M. lydius ankaraensis* olarak kabul etmişlerdir. Jaarola vd. (2004) *M. dogramacii* türünün CYTB analizine göre *M. guentheri*'ye *M. socialis*'den daha yakın olduğunu saptamışlardır. Musser ve Carleton (2005) *M. lydius* ve *M. guentheri*'yi, Wilson and Reeder (2005) ise *M. hartingi* ve *M. guentheri*'yi sinonim olarak kabul etmişlerdir. Kryštufek vd. (2009, 2012) CYTB sekansları kullandıkları çalışmalarında, Trakya ve Batı Anadolu popülasyonlarını *M. hartingi* olarak tanımlamışlardır. Ayrıca, *M. hartingi* ile *M. dogramacii*'nin çok yakın türler olduğu belirtilmiştir. Şekeroğlu vd. (2011) *M. dogramacii* türünün G-, C- ve NOR-bantlı örneklerinde karyotip varyasyonu tespit etmişler ve bu türün kromozomal türleşme sürecinde olduğunu öne sürmüşlerdir. Alpaslan (2011) Hatay Üçağızlı Mağarası'ndan Üst Paleolitik Dönem'e (50000-10000 yıl önce) ait *M. guentheri* fosilleri bulmuşlardır. Yiğit vd. (2012) bakulumdaki morfolojik ayırıcı özellikler ve 23 metrik kriterdeki istatistikî farklılıklar baz alınarak Trakya popülasyonunu *M. hartingi*, Batı Anadolu popülasyonunu *M. lydius* olarak ele almışlardır. Thanou vd. (2012) CYTB gen bölgesine göre, Yunanistan ve Batı Anadolu popülasyonları arasındaki genetik uzaklık değerlerinin düşük olduğunu, bu popülasyonlar ile güneydeki *M. guentheri* popülasyonları arasındaki uzaklığın daha yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca, Guentheri grubu popülasyonları ile *M. dogramacii*'nin yakın türler olduğunu belirtmişlerdir. Markov vd. (2014), 32 adet metrik olmayan niteliksel kafatası karakterlerinin analizi ile Anadolu ve Balkanlar'daki "Guentheri" grubunun tamamen *M. guentheri* türüne ait olamayacağını belirtmişlerdir. Zima vd. (2013) Güneydoğu Avrupa (Trakya ve Yunanistan) örneklerini *M. hartingi*, Batı ve Doğu Anadolu örneklerini *M. guentheri* karyolojik özelliklerine göre olarak tanımlamışlar, C-

heterokromatin bantlarının sayısı ve dağılımı açısından Güneydoğu Avrupa ve Anadolu örneklerinde farklılıklar olduğunu belirtmişlerdir. Mahmoudi vd. (2015) *CYTB* analizlerinde *M. dogramacii* türünü İran'da yayılış gösteren *Microtus qazvinensis* türüne diğer Guentheri grubu türlerine göre daha yakın bulmuş ve her 2 tür arasındaki genetik uzaklık değerini oldukça düşük (% 2,8) bulmuştur. Wilson vd. (2017) ve Burgin vd. (2020) bu iki türün ayrı olmadıklarını kabul ederek ikisini birden *M. dogramacii* altında vermiştir. Zorenko vd. (2016) Bulgar ve Batı Anadolu *M. hartingi* bireyleri ile gerçekleştirdikleri hibridizasyon çalışmasında, F1 döllerinin hayatta kalma oranlarının yüksek ve üremelerinin verimli olduğunu, ancak, sonraki kuşaklara ait bireylerde yüksek mortalite, azalan vücut ağırlığı ve spermatozoa kalitesi ile düşük düzeyde spermatogenez görüldüğünü rapor etmişlerdir. Yiğit vd. (2017) mitokondriyal DNA (Sitokrom Oksidaz 1, *CYTB* ve 12S rRNA) verilerine göre Trakya ve Batı Anadolu populasyonları arasındaki farklılığı düşük bulmuşlar ve bu populasyonları *M. hartingi* olarak tanımlamışlardır.

Daha önceleri *Microtus* cinsi içerisinde yer alan *Microtus nivalis* Martins 1842 ve *M. gud* Satunin 1909 gibi türler *Chionomys* cinsi içine yerleştirilmiştir (Wilson ve Reeder 1993, Mitchell-Jones vd. 1999). *Chionomys roberti* ve *Chionomys gud* türleri Karadeniz bölgesinin doğusunda sınırlı bir alanda ve Kafkaslar'da bulunurken, *C. nivalis* türü Doğu Karadeniz'in batı kısımlarında bulunmakta, ayrıca buzul dönemlerde yüksek dağları sığınak olarak kullanması nedeniyle, Anadolu'nun ve Avrupa'nın çeşitli yerlerinde birbirlerinden izole populasyonlar halinde de bulunmaktadır (Gromov ve Polyakov 1977, Nadachowski 1991). Martins (1842) Faulhorn, Bernese Oberland, İsviçre'den *C. nivalis* türünü tanımlamıştır. Thomas (1906) Sümela, Trabzon, Türkiye'den *C. roberti* türünü tanımlamıştır. Satunin (1909) Gudaaur, Kafkasya'dan *C. gud* türünü vermiştir. Aharoni (1932) ve Neuhäuser (1936) *Hypudaeus syriacus* (Brants 1827) türünü *C. nivalis* türünün sinonimi olarak vermişlerdir. Spitzenberger ve Steiner (1962) *C. roberti*'nin Türkiye örneklerini nominatif alttür olarak tanımlamışlardır. Spitzenberger (1971) *C. gud* ve *C. nivalis*'in Doğu Toroslar'da (Niğde ve Mersin) simpatrik olarak bulunduğunu rapor etmiştir. Steiner (1972) Kuzeydoğu Türkiye'den (Rize (Ovit, Elevit), Ardahan (Yalnızçam)) *C. nivalis* ve *C. gud* kayıtları vermiştir. Chaline (1972) Fransa'dan, Van der Meulen (1973) İtalya'dan yaklaşık 1,6 milyon yıl

yaşında *C. nivalis* fosilleri tespit etmişlerdir. Chaline ve Graf (1988) biyokimyasal verilere göre *Chionomys* cinsinin farklılaşmasının 2,4 milyon yıldan daha eski olduğunu öne sürmüşlerdir. Schidlovskii (1976) ve Bukhnikashvili ve Kandaurov (1998) *C. nivalis* ve *C. gud* türlerinin Kafkasya’da allopatrik olarak bulunduğunu belirtmişlerdir. Gromov ve Polyakov (1977) ve Pavlinov ve Rossolimo (1987) biyokimyasal veriler ışığında *Microtus* ve *Chionomys*’i farklı türler olarak kabul etmişler, Graff ve Scholl (1975) ve Graf (1982) *Microtus* cinsinin *Chionomys* cinsine olan genetik uzaklığının *Arvicola* cinsine olan genetik uzaklığından yüksek olduğunu bulmuşlardır. Nadachowski (1991)’ye göre dental karakterlere bakıldığında *Chionomys* ve *Microtus* farklı cinslerdir ve *Chionomys* türünde stabil bir karyoloji ve ilkel diş karakterleri mevcuttur. *Chionomys* cinsi için, *C. nivalis* ilk ayrılan gruptur ve Avrupa’da evrimleşmiştir. *C. gud/roberti* grubu ise Kafkasya ve Orta Doğu kökenlidir. Ek olarak, *C. nivalis* türünü diş yapısındaki farklılıklara göre 9 adedi doğuda olmak üzere 20 alttüre ayırmaktadır. Buna göre, Türkiye örnekleri “cedrorum” (*C. n. cedrorum*, *C. n. olympius*) ve “spitzenbergerae” (*C. n. spitzenbergerae*) olmak üzere 2 gruba ayrılmaktadır. Ayrıca Nadachowski (1991)’e göre, Avrupa ve Anadolu’da bulunan Orta Pleistosen Dönemi’ne (0,900-0,780 MYÖ) ait *C. nivalis* fosilleri Fransa’dan *C. n. leucurus* ve *C. n. lebrunii* ile birlikte en ilkel formları oluşturmaktadır. Ancak, Kafkaslar’da bulunan *C. gud* ve *C. roberti* fosilleri sadece Geç Pleistosen Dönemi’ne (0,129-0,018 MYÖ) aittir. Filippucci vd. (1991) *C. nivalis*’in İsrail ve Avrupa popülasyonlarında allozim varyasyonu saptamıştır. Wilson ve Reeder (1993, yeni baskısı Wilson vd. 2017) ve Mitchell-Jones vd. (1999) *M. nivalis* Martins 1842 ve *M. gud* Satunin 1909 türlerini *Chionomys* cinsi içine yerleştirmişlerdir. Montuire vd. (1994) Emirkaya (Anadolu)’dan Orta Pleistosen Dönemi’ne (0,900-0,780 MYÖ) ait *C. nivalis* fosilleri bulmuştur. Jaarola vd. (2004) bu cinsleri *CYTB* bölgesine göre, *Chionomys* Arvicolini grubunun bazal grubu olacak şekilde ayırmıştır. Zykov (2004) Orta Zagros, İran’dan *C. layi* türünü dış morfolojik ve kraniyal özelliklerine göre vermiştir. Darvish vd. (2005) İran’ın Binaloud ve Elburz Dağları’ndan *C. nivalis* kayıtlarını vermiş ve türün doğudaki en uzak kaydı olduğunu belirtmişlerdir. Galewski (2006)’nin çalışmasında ise, *CYTB* ve nükleer Büyüme Hormonu Geni’ne (*GHR*) göre *Chionomys* ve *Microtus* ayrı cinslerdir. Robovský vd. (2007) *CYTB* ve nükleer *GHR* geni exon 10 bölgesi analizlerinde *Microtus* ve *Chionomys*’i kardeş gruplar olarak belirlemiştir.

Bužan ve Kryštufek (2008) *CYTB*'ye göre *Chionomys*'in *nivalis* ve *roberti/gud* olmak üzere iki monofiletik grup oluşturduğunu belirlemişlerdir. Acosta vd. (2007) satellite DNA Msat-160 bölgesi için *C. nivalis* ve *Microtus* türlerini filogenetik dendrogramlarda yakın gruplar olarak belirlemişlerdir. Abramson vd. (2009) nükleer *LCAT* ve *GHR* bölgelerine göre, *Chionomys* ve *Microtus* filogenetik ağaçlarda farklı kladlara yerleşmiştir. Castiglia vd. (2009) *CYTB* gen bölgesine göre *C. nivalis* türünü Tatra Dağları, İberik Yarımadası, Balkanlar ve Orta Doğu olmak üzere 4 allopatrik hatta ve Alpler ve Apeninler'de simpatrik 2 hatta ayırmışlardır. Sözen vd. (2009) ilk defa Anadolu'da yayılış gösteren *C. gud* türünün karyotipik özelliklerini ve ek olarak morfolojik ve biyolojik özelliklerini vermişlerdir. Hatay Üçağızlı Mağarası'ndan Üst Paleolitik Dönem'e (50,000-10,000 yıl önce) ait *C. nivalis* fosilleri Alpaslan (2011) tarafından tespit edilmiştir. Yannic vd. (2012) Türkiye örneklerinin de kullanıldığı, *CYTB* ve Y-kromozomal bölgelerini analiz ettikleri çalışmalarında, söz konusu *Chionomys* türlerinin iki monofiletik grup şeklinde (*nivalis* ve *roberti/gud*) Kafkasya ve Orta Doğu'dan köken aldığını ve *Chionomys* ve *Microtus* cinslerinin birbirlerinden farklı cinsler olduğunu belirtmişlerdir. Türkmenistan Kopet Dağı'ndan *C. n. dementievi* örneklerinin de Kafkaslar'dan *C. n. trialeticus* başta olmak üzere, diğer *C. nivalis* örneklerinden farklılık gösterdiğini vurgulamışlardır. Bannikova vd. (2013) mitokondriyal *CYTB* ve nükleer *GHR* Exon 1 ve *BRCA1* Exon 11 analizi ile *Chionomys* türlerini Arvicolini grubunun bazal grubu olarak ayırmış ve ortak atadan hızlı bir farklılaşma olduğunu vurgulamışlardır. Ek olarak, Toros Dağları'ndan bir adet *C. nivalis* örneğinin diğer populasyonlardan farklılık gösterdiğini ve farklı tür olabileceğini ileri sürmüşlerdir. Arslan vd. (2017) tarafından yapılan çalışmada *CYTB*'ye göre 3 tür filogenetik olarak ayrılmış ve Avrupa ve Asya *C. nivalis* populasyonları farklı kladlara yerleşmiştir. Ayrıca, Bannikova vd. (2013) çalışmasındaki Toros Dağları örneğinin *C. nivalis* kladına yerleştiğini belirlemişlerdir. Dorkova vd. (2016) *CYTB* gen bölgesi analizlerinde Batı Karpatlar'da bulunan *C. nivalis mirhanreini* alttürünü doğrulamıştır. Mahmoudi vd. (2017) *C. layi* türünün *C. nivalis* alttürü olduğunu *CYTB* ve *GHR* bölgeleri analizleri ile belirlemişlerdir. Wilson vd. (2017) mitokondriyal dizi analizlerine göre *C. gud* Anadolu populasyonunu *C. lasistanius* olarak ele almış, Kafkas populasyonlarının *C. gud* olarak tanımlanması gerektiğini ileri sürmüşlerdir.

Söz konusu tezin odak noktasını oluşturan ve yukarıda literatür özeti verilen bu türlerle alakalı olarak;

1. Yayılış alanı en geniş *Microtus* türü olarak kabul edilen *M. arvalis*'in batı (arvalis) ve doğu (obscurus) formlarının taksonomik statüsü tartışmalıdır. Türkiye'nin doğusunda bulunan *M. arvalis* populasyonları obscurus formuna ait olmakla birlikte, bu populasyonların Asya'daki diğer obscurus populasyonları ve Avrupa populasyonları (arvalis formu) ile olan ilişkileri henüz aydınlatılamamıştır. Türkiye *M. arvalis* türü ile yapılan çalışmalar morfoloji ve karyoloji ağırlıklıdır (Kefelioğlu 1995, Markov vd. 2009, 2014, Yorulmaz vd. 2013) ve Türkiye örneklerini içeren tek moleküler çalışma *CYTB* gen bölgesinin analiz edildiği Tougard vd. (2013) tarafından yapılan çalışmadır. *M. arvalis*'in oldukça geniş bir dağılıma sahip olması, türün mobilitesinin sınırlı olması ve hibrit bölgesinin tek ve sınırlı bir bölgede olduğu dikkate alındığında (Tougard vd. 2013), arvalis ve obscurus formlarının zaman içinde farklı türler oluşturabilmeleri olasıdır. Bu tez çalışmasında, obscurus formuna ait Türkiye örnekleri moleküler belirteçler yardımıyla analiz edilmiş ve taksonomik durumu aydınlatılmaya çalışılmıştır.

2. *M. mystacinus* türü Karadeniz Bölgesi'nin kuzeydoğusu haricinde Türkiye'nin neredeyse tamamında yayılış göstermekle birlikte, Trakya ve Anadolu populasyonlarının taksonomik durumları ve filogenetik ilişkileri belirsizdir. Bu populasyonlarla ilgili mevcut çalışmalar daha çok morfolojik ve karyolojik yöntemlere dayalı olup (Markov vd. 2009, 2014, Ghorbani vd. 2015), moleküler yöntemler kullanılarak yapılan çalışmalar Jaarola vd. (2004), Thanou vd. (2012) Mahmoudi vd. (2017) tarafından sadece *CYTB* bölgesi analiz edilerek ve sınırlı sayıda örnek kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bu nedenle, bu tez çalışması *M. mystacinus* türü ile alakalı ilk kapsamlı moleküler çalışmayı içermektedir. Filocoğrafik açıdan bakıldığında, Marmara Denizi'nde yer alan ve Geç Pliosen Dönemi'nde (yaklaşık 2 MYÖ) oluşan İstanbul ve Çanakkale Boğazları *Microtus* cinsi tarla fareleri gibi karasal ve yeraltında yaşayan memelilerin farklılaşması için potansiyel bir bariyerdir (Tortonese 1985, Bacescu 1985, Yaltırak vd. 2000, Çağatay vd. 2000). *Microtus* türlerinin evrimleşme zamanlarının 0,5-3,5 MYÖ oluşunun yanısıra (Lemskaya vd. 2010), *Microtus* türlerinin türleşmelerinin önemli bir kısmının 1 milyon yıldan kısa bir zaman önce gerçekleştiği

de (Bannikova vd. 2010, Tougard 2017) göz önüne alındığında, *M. mystacinus* Avrupa ve Anadolu populasyonlarının farklı türler oluşturacak şekilde farklılaşmaları olasıdır.

3. *M. subterraneus* ve *M. majori* türleri *Terricola* altcinsinin Anadolu'daki temsilcileri olarak Türkiye'nin kuzeyinde olarak yayılış göstermektedirler. *M. subterraneus* Trakya ve Kuzeybatı Anadolu'da, *M. majori* türü ise Karadeniz Bölgesi'nin doğusunda bulunmaktadır. *M. subterraneus* Anadolu, Balkan Yarımadası, Rusya'nın Onega Bölgesi ve Estonya, Güney ve Güneybatı Avrupa, Ukrayna'nın sol kıyısı, Rusya'nın Don Bölgesi'nin sağ kıyısı, Orta ve Yukarı Volga olmak üzere mozaik bir dağılıma sahip iken, *M. majori* ise Anadolu ve Kafkaslar'da yayılış göstermektedir (Ellermann ve Morrison-Scott 1965, Corbet 1978, Kryštufek vd. 1994). *M. subterraneus* önceleri politipik bir tür olarak kabul edilmekte olup, *M. subterraneus majori*, *M. subterraneus daghestanicus* gibi alttürler dahil olmak üzere 25 alttüre ayrılmıştır (Niethammer ve Krapp 1982, Ellermann ve Morrison-Scott 1965); ancak bu alttürler sonraları karyolojik yönden farklı türler olarak tanımlanmıştır (Baskevich vd. 2007). *M. subterraneus* ve *M. majori* dış morfolojik özellikler açısından farklılıklar göstermektedir (Yiğit vd. 2006), ancak kraniyal ve bakulum morfolojileri benzerdir (Çolak vd. 1998). Diğer taraftan, *M. subterraneus* türünün Trakya ve Anadolu populasyonları kraniyal ve dış özelliklerinin yanı sıra karyolojik olarak da farklılık göstermekte; Trakya populasyonlarında $2n = 52$, $NFa = 56$ ve $NF = 60$ iken, Anadolu populasyonlarında $2n = 54$, $NFa = 56$ ve $NF = 60$ ve *M. majori*'de $2n = 54$, $NFa = 56$ ve $NF = 60$ idir (Çolak vd. 1998). Ayrıca, $2n = 54$ kromozom sayısı *M. subterraneus* Kuzey Avrupa örneklerinde (Macholan vd. 2001), $2n = 52$ kromozom sayısı Doğu Avrupa'nın kuzeyinde görülmektedir (Zagorodnyuk 1992). Doğu Avrupa'nın güneyindeki $2n = 54$ kromozom sayısına sahip örnekler ise *M. dacius* Miller 1912 olarak farklı tür kabul edilmiştir (Zagorodnyuk 1992). Bu türler ile ilgili yapılan moleküler çalışmaların azlığı, populasyonların taksonomik durumlarının belirlenmesinde sorun teşkil etmektedir. *M. subterraneus* ve *M. majori* türlerinin farklı türler olup olmadığının yanı sıra, *M. subterraneus* Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarının da aynı türe ait olup olmadığı belirsizdir. Yukarıda bahsedildiği gibi, *Microtus* gibi karasal hayvanların gen akışını engelleyen İstanbul ve Çanakkale Boğazları *M. subterraneus* populasyonları için de coğrafi bir bariyer olarak rol oynamaktadır. Bu populasyonların morfolojik ve karyolojik olarak farklılık göstermesi

boğazların etkisi ile izole oldukları ve farklı türler olarak evrimleştikleri ihtimaline işaret etmektedir. Batı Anadolu populasyonlarının *M. majori* ile benzer karyolojik ve morfolojik özelliklere sahip olması da bu iki populasyonun aynı tür olma olasılığını göstermektedir. Bu tez çalışması, *M. subterraneus* ve *M. majori* populasyonlarının mitokondriyal ve nükleer gen bölgelerinin birlikte analiz edildiği ilk moleküler çalışmadır ve bu yolla tür statülerinin ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

4. *Sumeriomys* altcinsine ait Guentheri grubu tarla fareleri kromozom sayısı $2n=54$ olan türleri (*M. guentheri*, *M. hartingi* ve *M. lydius*) içermektedir (Ellermann 1941). İç Anadolu'nun kuzeyinde bulunan *M. dogramacii* türü ise kromozom sayısı $2n=48$ olmasına rağmen Guentheri grubuna dahil edilmiştir (Golenishchev vd. 2002). Bu türlerle ilgili çalışmalar daha çok morfolojik ve karyolojik yöntemler içermektedir (Yiğit vd. 2012, Şekeroğlu vd. 2011, Zima vd. 2013, Markov vd. 2014) ve moleküler çalışmalar Yiğit vd. (2017) haricinde az sayıda örnek ve sadece *CYTB* gen bölgesi analiz edilerek yapılmıştır (Jaarola vd. 2004, Kryštufek vd. 2009, 2012, Thanou vd. 2012). Özellikle *M. dogramacii* ile ilgili çalışmalar türün taksonomik durumunun belirlenmesi açısından yetersizdir. *M. hartingi* (Trakya) ve *M. lydius* (Batı Anadolu) populasyonlarının farklı türler olup olmadıkları tartışmalıdır ve endemik *M. dogramacii* türünün geçerli bir tür olup olmadığı belirsizdir. İstanbul ve Çanakkale Boğazları'nın Trakya ve Anadolu populasyonlarını yaklaşık 2 milyon yıldır ayırmasının yanı sıra, $2n=54$ kromozom sayısı *Microtus* cinsi için atasaldır (Lenskaya vd. 2010). *Microtus* türlerinin 0,5-3,5 MYÖ ayrıldıkları (Lenskaya vd. 2010) ve türleşme süreçlerinin devam ettiği rapor edilmiştir (Jaarola vd. 2004, Tryfonopoulos vd. 2008). Bu faktörler göz önüne alındığında, Guentheri grubu Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarının farklı türler olması ve *M. dogramacii* gibi yeni türlerin meydana gelmesi olasıdır ve bu tez çalışması ile konuya açıklık getirilmesi hedeflenmiştir.

5. *C. nivalis*, *C. roberti* ve *C. gud* türleri önceleri *Microtus* cinsine ait olarak kabul edilmiş, Wilson ve Reeder (1993), Mitchell-Jones vd. (1999) gibi yazarlar tarafından da *Chionomys* cinsine dahil edilmiştir. *Microtus* ve *Chionomys* cinslerinin farklı cinsler olup olmadığı tartışmalıdır ve söz konusu türler ile ilgili yapılan moleküler çalışmalar

sınırlı sayıdadır. Cinsin kökeninin Kafkasya-Anadolu bölgesi olması ve cinse ait 3 türün de bu bölgede yayılışı olduğu bilinmektedir (Shenbrot ve Krasnov 2005). Yapılan çalışmalara göre (Nadachowski vd. 1991, Yannic vd. 2012), *C. nivalis* ilk evrimleşen *Chionomys* türüdür ve Anadolu'dan Avrupa'ya yayılmıştır. *C. roberti* ve *C. gud* türlerinin yayılışı ise Anadolu ve Kafkaslar ile sınırlı kalmıştır. Bu tez çalışması ile *Chionomys* cinsinin geçerli bir cins olup olmadığı ve kapsadığı bu 3 türün birbirleri ile olan ilişkileri mitokondriyal ve nükleer gen belirteçleri yardımı ile aydınlatılmaya çalışılmış ve Anadolu'nun türleşme merkezi olmasının nedenleri ve önemi *Chionomys* cinsi üzerinden vurgulanmıştır.



2. KURAMSAL TEMELLER

2.1 Ordo: Rodentia (Mammalia)

Rodentia (Kemiriciler) ordosu 35 familya, 400'den fazla cins ve yaklaşık 2543 tür ile Mammalia sınıfının en büyük takımını oluşturmaktadır. Yaşayan memeli türlerinin % 42'sinden fazlasını içeren bu takım Placentalia alt sınıfı içinde yer almaktadır (Wilson ve Reeder 2005, Wilson vd. 2017).

Kemiriciler kutup bölgeleri, Yeni Zelanda ve bazı okyanus takımadaları hariç, dünyanın neredeyse her yerinde bulunurlar ve karasal, boreal, toprak altı, yarı-sucul gibi çeşitli habitatlara uyum gösterirler. Kendi içlerindeki filogenetik durumları oldukça karışık olan kemiricilerin sınıflandırılmasında kullanılan en önemli kriterler çiğneme kasları ve kafa iskeletidir.

Rodentia ordosu, kafatası yapısı ve çenenin kafatası ile yaptığı bağlantıya göre Sciuromorpha, Castorimorpha, Myomorpha, Anomaluomorpha ve Hystricomorpha olmak üzere 5 alttakımdan oluşmaktadır. Söz konusu tezde çalışılan tarla ve kar fareleri Myomorpha alttakımına dahildirler (Wilson ve Reeder 2005).

Rodentia ordosundaki en önemli diagnostik karakter diastema boşluğu olup, köpek dişleri ve ön azı dişlerinin kaybolması ile meydana gelmekte ve üst kesici dişlerle 1. molar diş arasında bulunmaktadır. Bu boşluk besin toplama amacı ile kullanılmaktadır. Kemiricilerde çenelerin önünde ikişer tane ve köksüz olarak bulunur ve devamlı olarak büyürler. Kesici dişlerin kırıldığı zaman yerine yenisi çıkmaz ve kırılan dişin karşısındaki diş devamlı uzayarak hayvanın beslenmesine engel olur ve hayvanın ölümüne neden olur (Ognev 1948). Molar dişler kesici dişlerin tersine kemirme amaçlı kullanılmaz. Molar dişlerin çiğneme yüzeylerinde mine katlanmaları bulunur. Kemiricilerin genel diş formülü $(1/1 \ 0/0 \ 0/0 \ 3/3) \times 2 = 16$ 'dır. Kemiricilerde en fazla 22 diş bulunur (Harrison ve Bates 1991).

Kemiricilerin mideleri basit ve körbağırsakları uzundur. Hamster gibi bazı türlerde bulunan yanak keseleri besinin toplanması için kullanılır. Bazı türlerde pullarla örtülü olmak üzere, kuyrukları çoğunlukla uzundur. Toprak altında tüneller kazarak yaşayanlarda tırnaklar gelişmiş; gözler küçülmüştür veya tamamen körelmiştir. Gececi türlerde ise göz oldukça büyüktür ve gözler başın yan taraflarında yer aldıkları için ön ve arka tarafları aynı anda görebilirler. Sucul türlerde gözler başın üst kısmına doğrudur. Kulak şekli de yaşam biçimine göre değişir; toprak altında yaşayanlarda ve sucul türlerde önemli ölçüde küçülmüştür. Kemiriciler çoğunlukla herbivordur. Bazı türler ise omnivordur. Hızlı üreme kapasitesine sahiptirler ve yılda birkaç defa doğurabilirler. 14-170 günlük gebelik süresinin ardından 1-18 adet yavru meydana getirirler. Bazı kemirici türleri hastalık taşıyıcıları nedeniyle veya üretim mallarına zarar vermelerinden ötürü ekonomik yönden zararlı olarak kabul edilir (Buckie ve Smith 1994, Brown vd. 2008).

2.2 Familya: Cricetidae

6 alt familya, 131 cins ve 794 türü içeren Cricetidae familyası Muridae familyasından sonraki en kalabalık ikinci kemirici familyasıdır (Wilson ve Reeder 2005, Steppan ve Schenk 2017, Wilson vd. 2017). Arvicolinae (fareler, yabani sıçanlar, Misk sıçanları), Cricetinae (hamsterlar), Lophiomyinae (yeleli sıçan), Neotominae (Kuzey Amerika sıçan ve fareleri), Sigmodontinae (Yeni Dünya sıçan ve fareleri) ve Tylomyinae (Vesper sıçanları ve tırmanma sıçanları) Cricetidae familyasının altfamilyalarını oluşturmaktadır (Musser ve Carleton 2005). Tarım alanları, otlaklar, çalılıklar, ormanlar, çöller, kayalık dağlar, şehirler, sahiller, göller, göletler, dereler ve bataklıklar Cricetidlerin yaşam alanlarıdır (Nowak 1999).

Bazı türler ağaçlık alanlarda, bazıları ise toprakta yaşamaktadırlar. Bazıları sucul yaşama adapte olmuştur. Bazı türler karasal ve bireysel (soliter) iken, diğer türler ise büyük kolonilerde ya da küçük sosyal gruplarda yaşamaktadırlar. Besinleri yapraklar, meyveler, kabuklu yemişler, yumru kökler, çam iğneleri, tohumlar, bitki kökleri, bitki sapları, sürgünler, mantarlar, sümüksü böcekler, böcekler, örümcekler, sucul kabuklular, yer solucanları, küçük karasal omurgalılar ve balıklardır (Nowak 1999). Diş formülleri

ise $(1/1 \ 0/0 \ 0/0 \ 3/3) \times 2 = 16$ 'dır (Smith vd. 1972, Carleton ve Musser 1984, Nowak 1999).

2.3 Altfamilya: Arvicolinae

Arvicolinae alt familyası Kuzey Amerika'dan Kuzey Guatemala'ya, Avrasya'dan Kuzey Hindistan, Tayvan, Japonya, Güneybatı Çin, Anadolu dahil Ortadoğu ve Afrika'da Libya'ya kadar Holoarktik Bölge'de oldukça geniş bir yayılım göstermekte (Carleton ve Musser 1984) ve 28 cins ve yaklaşık 151 türü içermektedir (Nowak 1999, Wilson ve Reeder 2005).

Arvicolinae türleri ovalar, stepler, tarım alanları, yaprak döken ve konifer (iğne yapraklı herdem yeşil) ormanlar, çalılık ya da kayalık dağ etekleri, dağlık çayırlar, yarı çöller, tundralar ve sulak alanlar olmak üzere ılıman, kuzey ve dağlık habitatlarda bulunurlar (Carleton ve Musser 1984, Nowak 1999).

Vücut büyüklükleri orta büyüklükte olup, vücut uzunlukları 70-300 mm, kuyruk uzunlukları 5-295 mm arasında değişir ve kuyruk uzunluğu vücut uzunluğundan kısadır. Vücut ağırlıkları 15 gramdan ile 1,8 kilograama kadar değişir. Kulakları yuvarlaktır, bacakları kısadır ve vücutları tombuldur. Burunları keskin değildir. Gözler göreceli olarak büyüktür. Çoğunun parmaklarında toprak kazmada kullanılan tırnaklar bulunur. Kürkleri uzun ya da kısa, yumuşak ya da sert olabilir. Türlerin çoğunda kuyruk kürkle kaplıdır ve bazı türlerde dorsal taraf ventral taraftan daha koyu olduğu için iki renkli kuyruk vardır. Kürkün dorsal kısmı kahverengi, gri, açık kırmızı veya sarı tonlarındadır. Kürkün ventrali ise gri, açık kahverengi, sarımsı ya da gridir. (Carleton ve Musser 1984, Gruder-Adams ve Getz 1985, Nowak 1999).

Arvicolinae türlerinin çoğu herbivordur. Bazı türler omnivor olabilir. Yaprak, çimen, kök, ağaç kabuğu, çam iğnesi, meyve, kabuklu yemiş, liken, mantar, böcek, kerevit, midye ve küçük balıklar üzerinden beslenirler. (Carleton ve Musser 1984, Nowak 1999).

2.4 Cins: *Microtus* Schrank, 1798

Microtus cinsi Arvicolinae türlerinin yaklaşık % 50'sini meydana getirmekte ve en hızlı evrimleşen kemirici cinslerinden biri olarak Holoarktik Bölge'de yaklaşık 65 tür ile temsil edilmektedir (Musser ve Carleton 1993, Nowak 1999). Kuzey Yarımküre'deki birçok habitata ekolojik olarak büyük oranda uyum sağlamıştır ve çoğu tür meralar ve çayırlar gibi açık alanlarda, bazıları ise ormanlarda ve dağlarda yaşamaktadır (Nowak 1999). *Microtus* cinsinde morfolojik olarak önemli farklılıkların görülmesinin yanısıra, karyolojik açıdan da yüksek oranda çeşitlilik gözlenmekte olup, kromozom sayıları 17-62 arasındadır (Zima ve Král 1984).

Morfolojik olarak bakıldığında, küçük gözler ve kulaklara sahiptirler. Molar dişlerde sivri uçlu mine kaplı çıkıntılar bulunur ve köksüzdürler. Molar dişler yaşam boyu büyür. Ayak tabanları 6 adet yastıkçık ihtiva eder. Toprak altında yaşarlar. Yabani otlar, buğdaylar, kökler, tohumlar ve yumrular üzerinden beslenirler (Feldhamer vd. 2007).

2.4.1 *Microtus arvalis* Pallas, 1779

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 148 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 34 mm'dir (Kefelioğlu 1995).
- Dorsal kürk rengi soluk sarımsıdan koyu kahverengiye kadar değişiklik göstermektedir ve yanlara doğru daha açık bir renk meydana gelmektedir. Ventral kürk rengi ise, duman grisinden griye kadar değişir. Kürkün dorsal ve ventrali arasında belirgin bir geçiş bölgesi yoktur.
- İki renkli kuyruk bulunur.
- Kafatası *Microtus majori* ile benzerlik göstermekle birlikte, zigomatik yay daha geniştir.
- M³ diş morfolojisi normal formdadır (Yiğit vd. 2006).
- Diploid kromozom sayısı (2n) 54 ve kromozom kol sayısı (FN) ise 72'dir.

- Yalnızca, Türkiye'nin doğusunda ve 1900 metre üzeri çayırliklarda yayılış gösterir (Kefelioğlu 1995).
- Diurnaldirler.
- *Canna* sp. gibi geniş yapraklı bitkiler ile beslenirler (Lay 1967).
- Dişi bireyler büyük yuvalarda gruplar halinde yaşarlarken, erkek bireyler soliter ve dağınık olarak yaşarlar. Populasyon yoğunluğu arttığı zaman, bazı dişiler gruplarından ayrılmaya zorlanır (Rozenfeld ve Dobly 2000).

2.4.2 *Microtus subterraneus* de Selys Longchamps, 1836

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 126,5 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 30,5 mm'dir (Çolak vd. 1998).
- Dorsal kürk rengi açık kırmızımsı kahverengi olup, ventral kürk beyazımsı grimsidir.
- Kulaklar kıllarla kaplıdır.
- Kuyruk dorsalde açık kırmızımsı kahverengi, ventralde beyazımsı kahverengi olmak üzere iki renklidir.
- Ön ve arka ayaklar beyazımsı sarı kıllarla kaplıdır. Topuklar çıplaktır.
- Kafatası kısa ve geniştir. Rostrum nasal kemiklerde öne doğru eğilmiştir ve beyin kutusu ve interorbital bölge neredeyse düzdür. Palatin kemikte arkaya doğru bir gerileme mevcuttur ve timpanik bullalar orta büyüklüktedir.
- Bakulum proksimal kemik ve proksimal kemiğe bağlı distal kemikten oluşur. Proksimal kemik yukarıya doğru bir çıkıntı ve incelmış gövde ile birlikte yanlara doğru genişlemiş kök kısmına sahiptir. Distal kemik üç adet kıkırdak yapıda çıkıntıdan oluşmuştur.
- Diploid kromozom sayısı Trakya populasyonunda (2n) 52, Doğu Karadeniz populasyonunda 54'tür. Kromozom kol sayısı (FN) 60'tır (Çolak vd. 1998).
- Türkiye'nin Karadeniz Bölgesi'nde hem Trakya hem Batı Anadolu'yu kapsayacak şekilde yayılış gösterir. Yumuşak topraklı orman açıklıklarındaki çayırliklarda bulunur.

- Nokturnaldirler ve hibernasyona girmezler. Tüm yıl aktiftirler.
- Polivoltin bir türdür. Gebelik süresi 21 gündür ve 2-3 adet yavru meydana getirir (Yiğit vd. 2006).

2.4.3 *Microtus hartingi* Barret-Hamilton, 1903

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 145,2 mm (erkeklerde) ve 143,6 mm (dişilerde), kuyruk uzunlukları ise ortalama 28,50 mm'dir (Ondrias 1966, Yiğit vd. 2012).
- Koyu kahverengimsi sarı renkteki dorsal kürk böğürlere doğru daha açık ve daha sarı bir renk alır. Ventral kürk rengi grimsi sarı renktedir. Kürkün dorsal ve ventrali arasında belirgin bir geçiş bölgesi yoktur. (Ondrias 1966, Sağlam 2004).
- İki renkli kuyruğun dorsal tarafı dorsal kürk ile aynı renkte iken, ventral tarafı daha açık kahverengidir.
- Nasal kemik öne doğru eğimli olup, kesici dişleri geçmez. Uzun bir nasal bölge vardır ve parietal ve interparietal kemiklerin etrafında kabarık suturelar bulunmaz. Beyin kapsülü ve rostrum eğimlidir ve zigomatik yayın maksiller çıkıntısında dışarı doğru hafif bir genişleme vardır. Geniş bir interorbital bölge ve ince ve uzun mandibul bulunur. Koronoid çıkıntı göreceli olarak büyüktür ve kondiloid çıkıntı'dan ayrılmıştır (Yiğit vd. 2006).
- M^2 non-agrestis tiptedir. M^3 'ler % 90 oranında normal formda, % 10 oranında ise kompleks formdadır (Sağlam 2004).
- Diploid kromozom sayısı (2n) 54'tür ve kromozomlar akrosentrik yapıdadır (Zima vd. 2013).
- Avrupa'nın güneydoğusunda yayılış göstermektedir (Ondrias 1966, Yiğit vd. 2012, Zima vd. 2013, Markov vd. 2014).
- Nokturnaldirler ve gündüz nadiren görülürler (Harting 1893).
- Yuvaları basit veya komplekstir. Basit yuvalar en az 1 adet hazne ve birbirinden 20 cm ya da daha fazla uzaklıkta bulunan 3 ya da 4 girişten oluşurken, kompleks yuvalarda 1'den fazla yuva haznesi ve sayısı 50'ye ulaşabilen çok sayıda girişi olan tünel

sistemleri mevcuttur. Yuva girişlerinde 4-5 cm çapında açıklıklar bulunur ve bu girişler 10-20 cm derinliğe ulaşana kadar (bazı durumlarda 45 cm) 30-45 derece ile aşağıya doğru eğim yapar. Yuva hazneleri 10-18 cm çapında ve 8-14 cm yüksekliğindedir. Hazneler tünellerin kenarlarında ya da ortalarında olabilir; ortalarında olduğu zaman tünellerin devamı olarak işlev görürler. Hazneler kuru çimlerle kaplıdır. Besin haznelerinde besin depo edilir ve depolama için ayrı bir alan mevcut değildir (Yiğit vd. 2006).

- Üreme zamanları bahar ayları ve yazın ilk dönemleridir. 21 gün süren hamileliğin sonunda, 3-4 yavru meydana getirirler (Ondrias 1965).

2.4.4 *Microtus majori* Thomas, 1906

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 132 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 45 mm'dir.
- Dorsal kürk koyu kırmızımsı kahverengidir. Ventral kürk rengi hafif sarımsı renklenmelerle birlikte siyahımsı gridir ve boyun bölgesinden kuyruk başlangıcına kadar sarımsı dar bir hat bulunur.
- Kuyruk iki renklidir ve dorsali koyu kahverengi, ventrali ise sarımsı gridir.
- Kulaklar göreceli olarak uzundur.
- Ön ve arka ayaklar dorsal olarak beyazımsı sarı kıllarla kaplıdır. Topuklar çıplaktır. Ayak tabanında beş adet yastık bulunur.
- Kafatası ve bakulum yapısı *Microtus subterraneus* ile benzerdir.
- Diploid kromozom sayısı (2n) 54'tür ve kromozom kol sayısı (FN) 60'tır (Çolak vd. 1998).
- Karadeniz Bölgesi'nin doğu tarafında yayılım göstermektedir. Karışık ormanların içinde ve kenarlarında çimenle kaplı topraklarda yaşarlar.
- Biyolojisi genel olarak *M. subterraneus* ile benzerdir (Yiğit vd. 2006).

2.4.5 *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 141,7 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 33,3 mm'dir (Yiğit ve Çolak 2002).
- Dorsal kürk rengi bazı örneklerde koyu sarımsı iken, koyu grimsi renk görülmesi de olasıdır. Dorsal kürk rengi böğürlere doğru daha sarımsı bir renk alır. Ventral kürk açık sarıdır. Dorsal kürk ve ventral kürk arasındaki geçiş bölgesi hafif belirgindir.
- Kuyruk iki renkli olup, dorsali dorsal kürk rengi ile benzer renkte iken ventrali açık sarıdır (Yiğit vd. 2006). Kefelioğlu (1995)'e göre, kış kürkü yaz kürküne göre koyu renkte ve yaşlı bireylerde dorsal kürk rengi daha açık renktedir.
- Ön ayakların topuk kısmı çıplak ya da seyrek kıllarla kaplıdır. Arka ayakların topuk kısmı ise seyrek kıllarla kaplı ve ön ayaklardan daha koyu renktedir.
- Kafatası göreceli olarak ince ve oksipital kondiller yukardan görünür haldedir. Nasal kemik önemli ölçüde kısa ve aşağıya doğru eğimlidir. Beyin kutusu dar ve timpanik bullalar göreceli olarak kısadır (Yiğit vd. 2006).
- M² diş morfolojisi non-agrestis formdadır (Sağlam 2004).
- Diploid kromozom sayısı (2n) ve kromozom kol sayısı (FN) 54 iken otozomal kromozomlara ait kol sayısı (FNa) 56'dır. Otozomal kromozomlar 46 akrosentrikten oluşur. X kromozomu büyük akrosentrik iken, Y kromozomu küçük akrosentriktir (Kefelioğlu 1995).
- Karadeniz Bölgesi'nin kuzeydoğusu hariç tüm Türkiye'de bulunur. Sulak stepler ve çayırliklar, göl ve dere kenarlarındaki çayırliklar, sulak ovalar, orman kenarlarında ekili ve yabani yonca alanlarında yaşarlar (Yiğit vd. 2006).
- Tüm yıl boyunca ürerler. Hamilelik süreleri 20-21 gündür ve 4-5 adet yavru meydana getirirler. Sütten kesilme süresi 15-17 gündür. Dişiler en az 35 günde, erkekler ise 42 günde üreme olgunluğuna erişirler (Kankılıç 2000).

2.4.6 *Microtus lydius* Blackler, 1916

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 132,4 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 25,7 mm'dir (Yiğit ve Çolak 2002).
- Dorsal kürk rengi sarımsı kahverengi renktedir ve burun ucundan kuyruğa kadar tekdüzedir, ancak bazen daha koyu bir orta hat görülebilir. Ventral kürk kirli beyaza yakın gridir. Kürkün dorsal ve ventrali arasında belirgin bir geçiş bölgesi yoktur.
- Kulaklar göreceli olarak küçüktür ve kürk altında gizlenmiştir. Kulakların iç ve dış tarafları sarımsı kahverengi renkte kıllar ile örtülüdür.
- Kuyrukta kısa kıllar bulunur ve dorsal ve ventralde renk dorsal kürk rengi ile benzerdir. Bazen ventral kuyruk rengi dorsal kuyruk rengine göre soluktur, bu yüzden kuyruk iki renkli gibi görünebilir.
- Ön ayaklar dorsalde mat sarımsı, ventralde kirli beyaz renktedir. Arka ayaklar dorsalde mat sarımsı, ventralde daha koyudur.
- Beyin kutusu yuvarlaktır ve parietal ile interparietal kemiklerde posterior olarak aşağıya doğru uzanmıştır.
- M^2 diş morfolojisi non-agrestis iken, M^3 diş morfolojisi normal formdadır (Yiğit vd. 2006).
- Diploid kromozom sayıları (2n) ve kromozom kol sayıları (FN) 54'tür. X kromozomu orta boy akrosentrik, Y kromozomu ise en küçük akrosentriktir (Çolak vd. 1998).
- Anadolu Diyagonali'nin batısından Ege kıyılarına kadar yayılış gösterirler ve habitatları stepler, tahıl tarlaları, çayırliklar ve bazen zeytinliklerdir (Yiğit vd. 2006).
- Diurnal bir türdür ve hibernasyon görülmez.
- Besin kaynakları *Cirsium* sp., *Silene* sp., *Allyssum* sp. türlerinin ve buğdaygillerin yeşil kısımlarıdır. Besin depolamazlar.
- Yuvalarında birçok giriş ve bölme vardır. Toprak yüzeyine yakın olarak konumlanmışlardır. Tünel sistemlerinin giriş sayısı ve şekli değişiklik gösterir. Giriş kısımları yuvarlak ve 5-7 cm çapındadır. Galeri bölümü giriş kısımlarının gerisinde ya keskin bir şekilde ya da 20-30 derece eğim ile aşağıya doğrudur. Tüneller genellikle

10-15 cm derinliğe sahiptir. Bazı galeriler genişleme yapmadan 50-80 cm derinlikte sonlanır. Yuvalarda depo ya da atık bölmeleri yoktur. Yuva haznesi 7-9 cm çapında, yaklaşık 13 cm uzunluğunda olup, etrafı kuru çimlerle çevrilidir.

- Eylül ve Haziran ayları arasında ürerler. 20-21 günlük hamilelik süresinde 2-10 adet yavru oluşturlar (Çolak vd. 1998).

2.4.7 *Microtus dogramacii* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 140 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 23 mm'dir (Kefelioğlu ve Kryštufek 1999).
- Dorsal kürk bazı bireylerde koyu kahverengimsi sarı iken, bazı bireylerde koyu grimsi renktedir ve dorsal kürk yanlara doğru daha sarımsı bir renk alır. Ventral kürk rengi açık sarıdır. Dorsal ve ventral kürk arasındaki geçiş bölgesi hafif belirgindir.
- Kuyruk iki renkli olup, dorsal tarafı dorsal kürk rengi ile aynı renkte ve ventral tarafı açık sarıdır.
- Ön ayaklarda topuklar çıplak veya seyrek kıllarla kaplıdır. Arka ayakların topukları ise seyrek kıllarla kaplıdır ve rengi ön ayaklara göre daha koyudur.
- Kafatası *Microtus socialis* ile benzerdir ancak kafatası daha kısadır ve beyin kutusu daha geniştir.
- M² diş morfolojisi *agrestis* formdadır (Sağlam 2004).
- Kefelioğlu ve Kryštufek (1999)'e göre, diploid kromozom sayısı (2n) 54 ve kromozom kol sayıları (FN) Amasya örneklerinde 50 ve 52, Konya örneklerinde 54'tür. X kromozomu büyük metasentrik, Y kromozomu orta boyutlu subtelosentriktir.
- Orta Anadolu'nun kuzey bölgelerinde endemik bir tür olarak yayılış gösterirler. Tahıl alanlarının iç kısımlarında yaşarlar.
- Ekolojik ya da biyolojik olarak kayıtları bulunmamakla birlikte, *socialis* grubu türleri ile benzer olduğu düşünülmektedir (Yiğit vd. 2006).

2.4.8 *Chionomys nivalis* Martins, 1842

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 147-181 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 40-60 mm'dir.
- Vücut rengi açısından önemli ölçüde varyasyon görülmektedir. Elazığ örneklerinde (*C. n. cedrorum* alttürü) sarımsı kahverengi dorsal kürk rengine, beyazımsı ventral kürk rengine, soluk kuyruk ve ayak rengine sahiptir. Uludağ, Kayseri ve Kuzeydoğu Türkiye örnekleri *Chionomys gud* türü ile aynı dış morfolojik özelliklere sahip olup, kahverengimsi gri renktedir.
- Kuyruk uzunluğu *C. gud* türünün kuyruk uzunluğundan kısadır.
- Kafatası *C. gud* ve *C. roberti* türlerine göre daha yüksektir ve cins içindeki en geniş beyin kutusuna sahiptir.
- M³ diş morfolojisi kısa posteriokonid kompleks ile birlikte basit (simple) formdadır.
- Diploid kromozom sayısı (2n) 54, kromozom kol sayısı (FN) 56 iken, otozomal kromozomlara ait kol sayısı (FNa) 52'dir.
- Türkiye'nin hemen hemen her yerinde 1800 m üzerinde, dağların kayalık kısımlarında bulunur (Kefelioğlu 1995).

2.4.9 *Chionomys roberti* Thomas, 1906

- Toplam vücut uzunlukları ortalama 140 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 95,2 mm'dir (Kryštufek 1999).
- Türkiye'deki en büyük *Chionomys* türüdür. Dorsal kürk rengi koyu kahverengidir ve yanlara doğru grimsi bir renk alır. Ventral kürk gri ya da kirli beyazdır. Kürkün dorsal ve ventrali arasında belirgin bir geçiş bölgesi yoktur.
- Kuyruk baş ve vücut uzunluğunun % 60'ından uzundur ve tek renklidir.
- Kafatası göreceli olarak sağlamdır ve rostrum kısadır. Beyin kutusu ventral olarak eğimli değildir ve düzdür. Zigomatik yay göreceli olarak sağlamdır ve dışarıya doğru hafifçe genişlemiştir. İnterorbital bölge geniştir. Oksipital kondiller dorsalden

görülmemektedir. Parietal ve interparietal bölgeler arasında belirgin süturlar mevcut değildir. İnsisiv foramina göreceli olarak uzundur ancak post palatal foramina nokta boyutundadır. Damağın posterior kenarı 3. molar dişin posterior kenarına bağlı çizgiye posterior olarak konumlanmıştır. Timpanik bullalar orta boydadır. Mandibulun koronoid çıkıntısı kondiloid çıkıntısından önemli ölçüde ayrılmış haldedir (Yiğit vd. 2006).

- M^3 diş morfolojisi kompleks formdadır.
- Diploid kromozom sayısı (2n) ve kromozom kol sayısı (FN) 54'tür. Otozomal kromozomlar 1 çift metasentrik ve 26 çift akrosentrik kromozomdan oluşur. X kromozomu büyük boyutlu submetasentrik, Y kromozomu ise küçük akrosentriktir (Kefelioğlu 1995).
- Türkiye'de sadece Trabzon ve çevresindeki yaprak döken ağaçlardan oluşan ormanlardan kaydı verilmiştir (Yiğit vd. 2006).

2.4.10 *Chionomys gud* Satunin, 1909

- Toplam baş ve vücut uzunlukları ortalama 121,1 mm ve kuyruk uzunlukları ortalama 71,9 mm'dir (Kryštufek 1999).
- Dorsali kahverengimsi gri ve ventrali kahverengi gölgeler olmaksızın gri renktedir.
- Kuyruk soluk renkte olup, tek renkli veya belli belirsiz olarak iki renklidir. Ayaklar gri renktedir.
- Kafatası yüksek değildir ve timpanik bullalar küçüktür.
- Diş morfolojisi *C. roberti* ile benzerdir (Yiğit vd. 2006).
- Diploid kromozom sayısı (2n) 54, kromozom kol sayısı (FN) 58 ve otozomal kromozomlara ait kol sayısı (FNa) 54'tür. X kromozomu submetasentrik ve Y kromozomu akrosentriktir (Sözen vd. 2009)
- Türkiye'den Doğu Karadeniz'de sınırlı bir alanda 1500-3200 m yükseklikteki dağ otlakları ve seyrek köknar ormanlarındaki kaya oyuklarından kaydı verilmiştir (Steiner 1972, Kryštufek 1999).

- Ekolojisi ve biyolojisi hakkındaki bilgiler sınırlıdır. Kryštufek (1999) 5 adet dişide 3-4 yavru (ortalama 3,6) tespit etmiştir.

2.5 Mitokondriyal DNA (mtDNA) Sitokrom Oksidaz 1 ve 12S rRNA Gen Bölgeleri

Mitokondri, ökaryotlarda enerji üretiminde görev alan ve kendi genomuna, transkripsiyon, translasyon sistemine sahip bir organeldir (Wolstenholme 1992, Dimmock vd. 2010). Mitokondriyal DNA oksidatif fosforilasyon sistemindeki polipeptitleri kodlamaktadır (Fernandez-Silva vd. 2003) ve maternal olarak (anne aracılığı ile) kalıtılmaktadır (Avisé 1991, Birky 1995). Memeli mtDNA genomu 37 adet gen içermektedir; bu genlerden 2 adedi 12S rRNA ve 16S rRNA ile 22 adedi tRNA geni olup, 13 adedi ise polipeptit kodlayan genlerdir (Anderson vd. 1981). Rekombinasyon ve tamir mekanizması olmaması, intron içermemesi, hızlı bir evrimleşme hızına sahip olması gibi nedenlerden ötürü, mtDNA genetik, moleküler sistematik ve filogeni çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır (Clary ve Wolstenholme 1985, Wolstenholme 1992, Nabholz vd. 2009, Fernandez-Silva vd. 2003, Ballard ve Whitlock 2004, Aanen vd. 2014).

Sitokrom Oksidaz 1 (*COXI*) gen bölgesi neredeyse tüm hayvan grupları için kabul edilmiş tek standart barkod genidir. Sitokrom c Oksidaz mitokondride bulunan büyük bir transmembran proteinidir ve oksidatif fosforilasyonda görevlidir. Solunum döngüsünde terminal elektron alıcısı olup, oksijenin suya yıkılmasını ve protonların krista membranları boyunca pompalanmasını katalize etmektedir. 648 baz çiftlik bu gen türler arası yeterli ölçüde varyasyon sağlamaktadır ve tür içi varyasyon % 10'un altındadır. İnsersiyon ve delesyonlar da az sayıdadır. (Waugh 2007). *COXI* geninin evrimleşme hızının yüksek olmasından dolayı (Hebert vd. 2003), tür ayrımında (Pfunder vd. 2004) ve yakın türlerin sistematiklerinin aydınlatılmasında (Zardoya ve Meyer 1996) ideal olduğu rodentler ile yapılan çalışmalar ile de gösterilmiştir (Pfunder vd. 2004, Partridge vd. 2007, Jiang vd. 2012, Montaser ve Mahmoud 2013, Yiğit vd. 2017).

Ribozomal RNA protein sentezinde görev alan ribozomları oluşturmak için polipeptitlerle birlikte üç boyutlu yapılar meydana getirir (Sun 2005). 12S rRNA yaklaşık 819 ila 958 baz çiftlik bir gen bölgesidir ve mtDNA tarafından kodlanmaktadır. 12S rRNA haberci RNA'nın (mRNA) protein oluşturmak üzere translasyonu için gereklidir (Yang 2014). Uzun zamandır kuş, memeli ve diğer hayvan türlerinin belirlenmesinde kullanılmasının yanısıra, yüksek derecede korunmuş bölgeleri içermesinden dolayı cins, familya gibi farklı seviyelerdeki hayvan gruplarının filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi için de ideal bir belirteçtir (Alves-Gomes vd. 1995, Douzery ve Catzeflis 1995, Gatesy vd. 1997, Murphy ve Collier 1996, 1997, 1999, Halanaych ve Robinson 1997, Wang vd. 2001).

2.6 Nükleer DNA (nucDNA) ve *IRBP* Gen Bölgesi

Nükleer DNA çekirdekte bulunur ve ökaryot genomunun büyük bir kısmını kodlar (Lombard vd. 2005). mtDNA'nın aksine, biparental yani yarısı anneden yarısı babadan gelecek şekilde kalıtılır (Hoekstra 2000). Ayrıca, tamir mekanizmasının olması, doğrusal bir yapı göstermesi, intronlara sahip olması, rekombinasyon göstermesi ve daha yavaş bir evrimleşme hızına sahip olması nedeniyle de mtDNA'dan farklılık gösterir (Bohr 2002, Zhang ve Hewitt 2003).

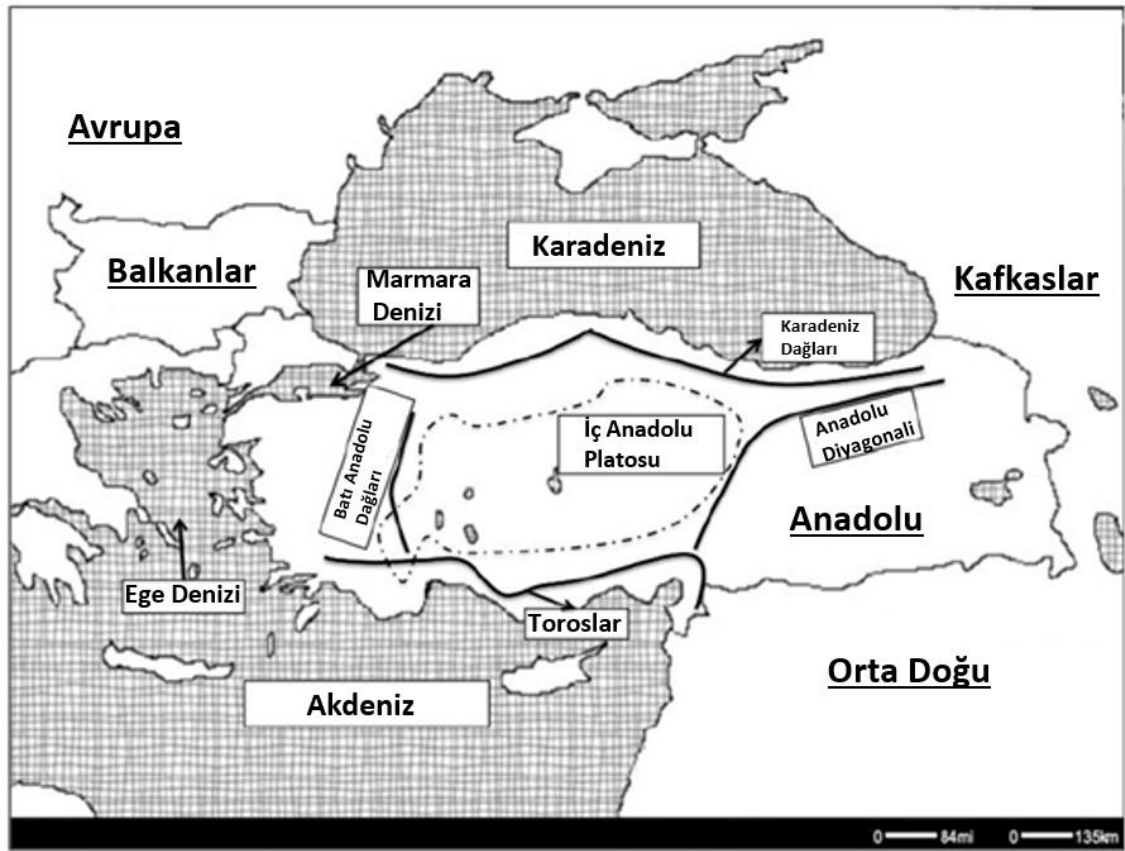
IRBP (Fotoreseptör retinoid bağlayıcı protein) fotoreseptör dış segmentleri ile retina pigment epiteli ve muhtemelen Müller hücreleri arasında görsel döngü retinoidlerinin taşınmasına aracılık ettiği için çubuk ve koni işlevi için gerekli kabul edilmiştir. Taşıma işlemi sırasında *IRBP*, retinolü izomerizasyon ve oksidasyondan korur. *IRBP*, görsel döngüdeki rolünün yanı sıra yağ asitlerini de bağlar ve retina gelişiminde rol oynayabilir. *IRBP* fotoreseptör matrisinde en bol bulunan proteindir. (Adler ve Martin 1982, Liou vd. 1982, Lai vd. 1982, Gonzalez-Fernandez vd. 1984, Pfeffer vd.1983, Fong vd. 1984, Crouch vd. 1992, Semenova 2003, Mata vd. 2002, Wu vd. 2007) *IRBP* nükleer belirteci de son zamanlarda rodent filogenisinin oluşturulmasına ve türlerin tanımlanmasına yönelik çalışmalarda tercih edilmektedir. Özellikle tür ayrımında ve çeşitli taksonomik seviyelerde yavaş evrimleşme hızına sahip *IRBP* belirtecinin kullanışlı olduğuna dair çalışmalar bulunmaktadır (Stanhope vd. 1992, Stanhope vd.

1996, Springer vd. 1997, Springer vd. 1999, Jansa ve Voss 2000, Debry ve Sagel 2001, Huchon vd. 2002, Voss ve Jansa 2003, Michaux vd. 2005, Galewski vd. 2006, Chaval vd. 2010, Pages vd. 2010, Barbosa vd. 2013).

2.7 Anadolu'nun Jeolojik ve İklimsel Tarihi

Anadolu tektonik açıdan oldukça hareketli bir bölge olup, bu bölgede Prekambriyen Zamanı'ndan bu yana (4,6 milyar-600 milyon yıl) orojenez (dağ oluşumu), transgresyon (deniz ilerlemesi) ve regresyon (deniz çekilmesi) gibi jeolojik olaylar sıklıkla meydana gelmiştir (Atalay 1987). Afrika, Arabistan ve Avrasya levhalarının arasında kalması ve özellikle Afrika ve Arabistan levhalarının kuzeye doğru hareket etmeleri günümüzdeki dağlar, ovalar, platolar gibi yer şekillerinin oluşmasına neden olmuştur (Erinç 1973, Sönmez ve Dölek 2016). Bu süreçte, Kuzey Anadolu Dağları ve Toroslar Mezozoik Zaman'da (254-65 MYÖ) oluşmuş olup (Ketin 1977), günümüzde de kemiriciler gibi küçük memeliler başta olmak üzere birçok karasal hayvan için coğrafi bariyer olarak rol oynamaktadırlar. Bu dağ sistemlerinin bulunduğu alanlar Tetis Denizi tarafından çevrelenmiş ve karasal materyallerin denize taşınması sonucu jeosenklinal (tortulaşmış) duruma geçmiştir. Alp Orogenezi ile bu jeosenklinal bölgeler yükselip kıvrılarak Anadolu'daki kıvrımlı dağları (Kuzey Anadolu Dağları ve Toroslar) oluşturmuşlardır (Sönmez ve Dölek 2016). Orta Miyosen Dönemi'nde (15,97-11,6 MYÖ) Doğu Anadolu'da Arabistan-Avrasya-Anadolu kıta çarpışması başlamış (Şaroğlu ve Güner 1981) ve Marmara Çukuru, İzmit Körfezi, Adapazarı, Düzce, Bolu, Malatya, Elazığ, Bingöl, Muş ovaları, Antakya-Maraş grabeni ve Van gölü havzası oluşmuştur. Kuaterner Dönemi'nde (2,58 MYÖ-günümüz) Ege Denizi Egeid Karası'nın çökmesi ve Akdeniz sularının bu bölgeye dolması ile oluşmuştur (Sönmez ve İskender 2016). Ağrı, Süphan, Erciyes ve Hasan gibi dağlar da bu dönemde volkanik aktiviteler sonucu oluşmuştur (Demirsoy 1996, Sönmez ve Dölek 2016). Pleistosen Dönemi'nde (2,6-0,11 MYÖ) Batı Anadolu çökmeye ve Doğu Anadolu yükselmeye devam etmiştir (Demirsoy 1996) ve Karadeniz Bölgesi'nin doğusunda kıyı şeritlerinde aşınma platformları şeklinde teraslar meydana gelmiştir (Brinkmann 1976). Pleistosen boyunca, Anadolu bugünkü şeklini hemen hemen almıştır. Ege plakasının batısı adalar haricinde çökmüş ve Kıbrıs Adası Anadolu'dan ayrılmıştır. İç Anadolu'daki göl sistemi gerilemeye

başlamış ve günümüzde dağınık göller halinde kalmıştır. Amanos Dağları'ndan Erzurum-Kars Platosu'na kadar uzanan ve İç Anadolu ve Güneydoğu Anadolu'yu birbirinden ayıran Anadolu Diyagonali'nin yanısıra (Davis 1971), Toroslar, Batı Anadolu Dağları ve Karadeniz Dağları'nın yükselmesi de bu dönemde devam etmiştir (Demirsoy 1996). Yaklaşık 2 milyon yıl önce, Türkiye'nin Avrupa ve Asya kısımlarını birbirinden ayıran İstanbul ve Çanakkale Boğazları nehirlerin erozyonla derin vadiler açması ile meydana gelmiştir (Bacescu 1985, Tortonese 1985, Demirsoy 1996, Çağatay vd. 2000, Yaltırak vd. 2000).



Şekil 2.1 Anadolu'nun coğrafi pozisyonu ve ana topografik bileşenleri (Bilgin 2011)
(Kesikli çizgiler Pleistosen'deki İç Anadolu Göl Sistemi'ni göstermektedir)

Anadolu'nun iklimsel tarihine bakıldığında, iklim dönemlere göre değişiklik göstermektedir. Tersiyer Dönemi'nde sıcak Erken Paleosen (66,0-61,6 MYÖ), daha tropik Orta Paleosen (61,6-59,2 MYÖ) ve daha soğuk Geç Paleosen (59,2-56 MYÖ) ile devam etmektedir (Russell 1975, Wolfe 1978, Krause ve Maas 1990). Oligosen Dönemi (33,7-23,8 MYÖ) Erken Senozoik dönemlerine göre daha soğuk ve kurudur (Wolfe

1978, 1985). Erken Miyosen boyunca (23-16,5 MYÖ) iklim enlemsel sıcaklık derecelenmesinin oluşumuyla beraber daha sıcak ve önemli ölçüde kuru bir hale gelmiştir (Kennett 1985). Bu değişiklikler Himalayalar'ın yükselmesi ve Akdeniz'i oluşturmak üzere Tetis Denizi'nin kapanması ile ilişkilidir (Berggren ve Van Couvering 1978, Kumar ve Singh 1988). Miyosen'in sonraki evrelerinde sabit bir sıcaklık azalması ve kurulukta devamlılık görülmüştür (Palmer ve Barret 2010). Artan dağ yükselmesi olayları da iklim üzerinde etkili olmuştur. Himalayalar'ın yükselmesi ile Orta Asya'ya muson rüzgârlarının ulaşması engellenmiştir (Kumar ve Singh 1988). 5,96-5,33 MYÖ (Erken Miyosen) meydana gelmiş olan Messiniyen Tuzluluk Krizi fauna ve flora elemanlarını büyük ölçüde etkilemiştir (Roveri vd. 2014). Cebelitarık Boğazı'nın kapanması ve meydana gelen yoğun tuz çökmesi sonucunda Akdeniz ve Karadeniz'de deniz seviyesi düşmüş ve daha soğuk ve kuru iklimlerin yanı sıra, savannaların genişlemesi artmıştır (Hsü vd. 1977, Krijgsman 2002, Duggen vd. 2003). 4-5 MYÖ (Geç Pliyosen) Akdeniz ve Atlantik Okyanusu'nun bağlantı yapması ile Messiniyen Tuzluluk Krizi sona ermiştir. Böylelikle, bu dönemde Akdeniz havzasında sıcak ve ılıman iklim hâkim olmuştur. Pleistosen Dönemi'nde ise Pliyosen'de başlayan küresel soğuma devam etmiştir ve bu dönemde belirgin olarak 4 buzul dönemi yaşanmıştır: Günz Buzul Devri (MÖ 600.000-540.000), Mindel Buzul Devri (MÖ 480.000-430.000), Riss Buzul Devri (240.000-180.000) ve Würm Buzul Devri (MÖ 120.000-8.000). Her buzul devrinin arasında, sıcaklığın günümüzdeki gibi yüksek olduğu bir interglasiyal (buzularası) evre bulunmaktadır (Demirsoy 1996). Buzul devirlerde Kuzey Amerika, Kuzey Avrupa gibi yüksek enlemler buzlarla kaplanmıştır (Webb ve Bartlein 1992). Ortalama küresel sıcaklık 4-8 derece civarındadır ve yağış miktarı artmıştır. Tersiyer türlerinin bir kısmı iklim değişikliği neticesinde ortadan kalkmış, bir kısmı ise güney bölgelerdeki sığınaklara sığınmış ve buzularası evrelerde özellikle Anadolu'daki sığınaklar yayılma ve gen merkezi olarak görev yapmışlardır. Denizlerin sıcak seven türleri de soğuma nedeniyle ortadan kalkmıştır. Buzul oluşumu ile azalan deniz seviyesi kara köprülerinin oluşumuna neden olmuştur ve böylelikle kara parçaları arasında fauna alışverişi meydana gelmiştir. Buzul kütlelerinin etrafında buzul göllerinin oluşması ile iç sularda su köprüleri meydana gelmiştir. Buzularası dönemlerde ise buzulların erimesi ile deniz seviyesi düşmüş ve kara köprüleri kapanmıştır (Demirsoy 1996). Güneye göç eden türlerin bir kısmı tekrar kuzeye gelirken, bir kısmı ise yüksek dağların tepelerine

ekilerek Arktik Relikt canlılar olarak yařamlarını srdrmřtr (Schmitt ve Varga 2012). Stepler Batı Asya'dan Orta Avrupa'ya kadar geniřlemiřtir. Holosen Devri'nde (son 10.000 yıl) hızlı bir iklimsel iyileřme olmuř, deniz seviyesi ykselmiř ve buzularası dnem bařlamıřtır (Demirsoy 1996).



3. MATERİYAL VE YÖNTEM

3.1 Örneklenme

Bu tez çalışmasında, Türkiye'nin kuzeyini kapsayacak şekilde 40. enlem ve üzerinde yayılış gösteren *Microtus arvalis*, *M. mystacinus*, *M. subterraneus*, *M. majori*, *M. hartingi*, *M. lydius*, *M. dogramacii*, *Chionomys nivalis*, *C. roberti* ve *C. gud* türleri ile dış grup olarak kullanılan *Microtus guentheri* ve *M. socialis* türlerine ait 200 adet sekans kullanılmıştır. Bu örneklerden 136 adedi Prof. Dr. Nuri YİĞİT ve Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK tarafından kurulmuş olan Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü Memeli Hayvanlar Araştırma Koleksiyonu'nda (AUMAC) bulunmaktadır. *M. subterraneus*, *M. majori*, *M. mystacinus*, *M. lydius*, *C. roberti* ve *C. gud* türlerine ait 27 örnek ise T.C. Çevre ve Orman Bakanlığı Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü tarafından 21264211-288.04 sayılı izni ve Ankara Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu'nun 2016-21-184 sayılı izni ile gerçekleştirilen arazi çalışmaları ile toplanmıştır (Şekil 3.1-3.3). Arazi çalışmalarında canlı yakalama kapanları ile yakalanan bireyler dietil eter koklatılarak öldürülmüş ve sırasıyla tüm vücut uzunluğu, kuyruk uzunluğu, kulak uzunluğu ve arka ayak uzunluğu ile vücut ağırlıkları ölçülmüştür. Bireylerin post ve kafataslarının yanısıra karaciğer, kalp, böbrek ve kas dokuları alınmıştır. Bu dokular uzun süreli kullanım amacıyla -86 °C'lik derin dondurucuda muhafaza edilmektedir. Çalışılacak türlere ait örnekler, Yiğit vd. 2006'ya göre kafatası ve post morfolojileri incelenerek yapılan tür teşhisleri ile belirlenmiştir.

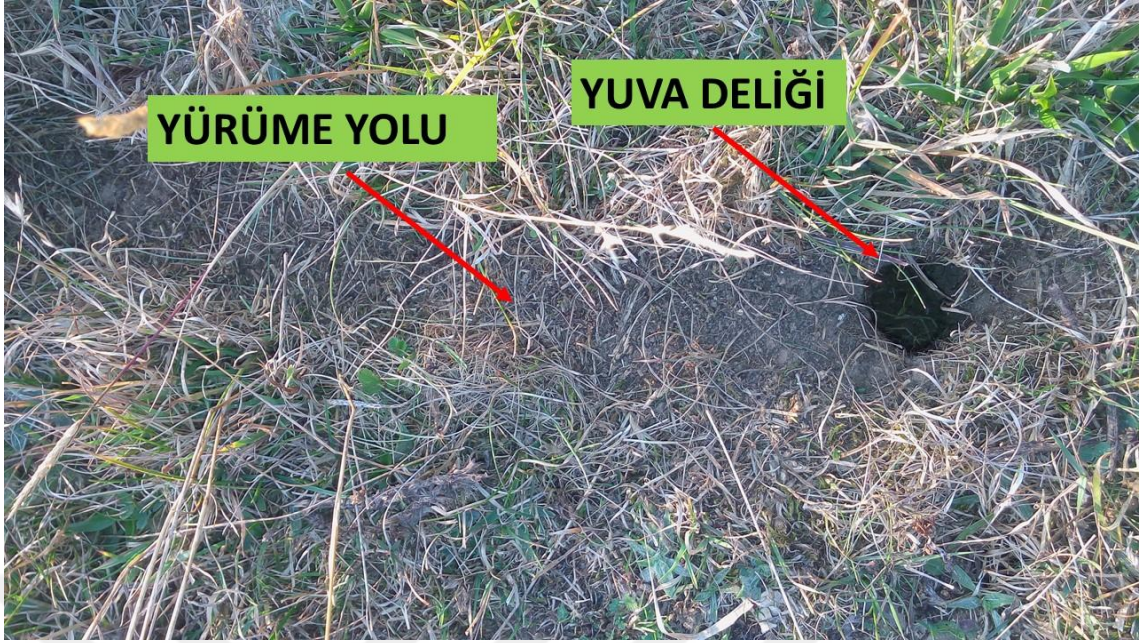
Bu çalışmada, 32 lokaliteden alınan toplam 163 adet örneğin yanısıra, analizlerde kullanılmak üzere GenBank'dan 30 adet ve BoldSystem'dan 7 adet DNA sekans dizisi de kullanılmıştır (Çizelge 3.1-3.2). Örneklerin toplandığı lokaliteler Şekil 3.4'te harita üzerinde gösterilmiştir.



Şekil 3.1a Arazi çalışmalarından fotoğraflar (20.07.2018, Samsun)



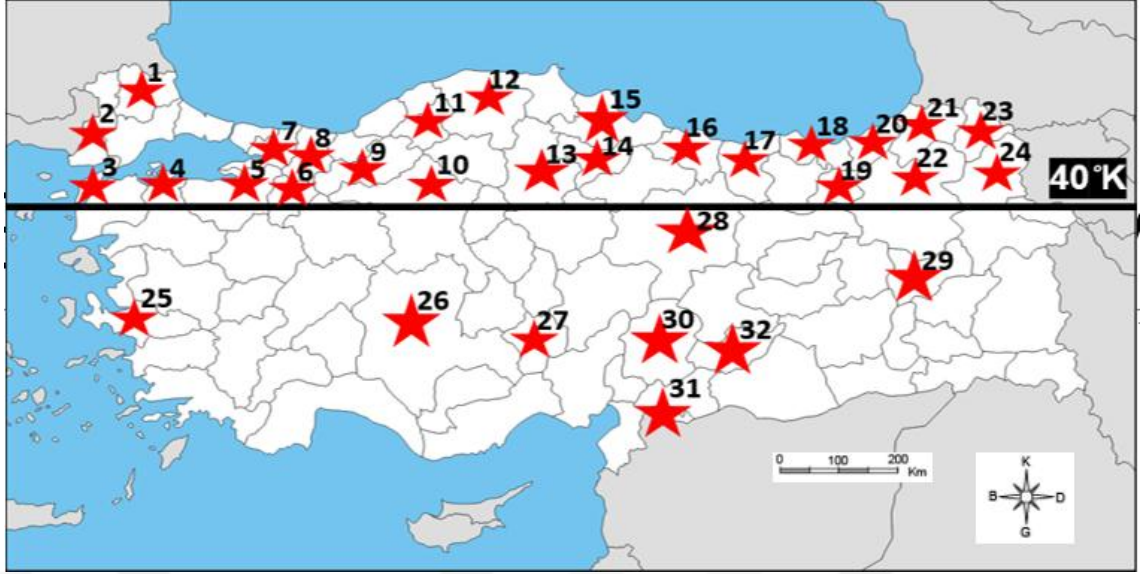
Şekil 3.1b Arazi çalışmalarından fotoğraflar (05.08.2017, Rize)



Şekil 3.2 *Microtus* cinsine ait yuva deliği ve tarla faresinin yürüme yolu



Şekil 3.3 *Microtus* yuvası kenarına yerleştirilmiş canlı yakalama kapağı



Şekil 3.4 Çalışmada kullanılan örneklerin toplandıkları lokasyonlar

(1: Kırklareli, 2: Edirne, 3: Çanakkale, 4: Balıkesir, 5: Bursa, 6: Bilecik, 7: Kocaeli, 8: Sakarya, 9: Bolu, 10: Ankara, 11: Karabük, 12: Kastamonu, 13: Çorum, 14: Amasya, 15: Samsun, 16: Ordu, 17: Giresun, 18: Trabzon, 19: Bayburt, 20: Rize, 21: Artvin, 22: Erzurum, 23: Ardahan, 24: Kars, 25: İzmir, 26: Konya, 27: Niğde, 28: Sivas, 29: Muş, 30: Kahramanmaraş, 31: Kilis, 32: Adıyaman)

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
1	<i>Microtus arvalis</i>	3510♀	Ardahan
2	<i>Microtus arvalis</i>	4519♂	Erzurum
3	<i>Microtus arvalis</i>	6365♂	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
4	<i>Microtus arvalis</i>	6366♂	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
5	<i>Microtus arvalis</i>	6367♀	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
6	<i>Microtus arvalis</i>	6368♀	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
7	<i>Microtus arvalis</i>	6369♂	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
8	<i>Microtus arvalis</i>	6378♀	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
9	<i>Microtus arvalis</i>	6379♀	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
10	<i>Microtus arvalis</i>	6380♀	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
11	<i>Microtus arvalis</i>	6390♀	Selim- Kars

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları (devam)

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
12	<i>Microtus arvalis</i>	6391♀	Çamlıçatal- Ardahan
13	<i>Microtus arvalis</i>	6424♂	Çamlıbel Geçidi 20. km Şavşat Doğu Ardahan
14	<i>Microtus arvalis</i>	M17 (?)	Macaristan
15	<i>Microtus arvalis</i>	M19 (?)	Macaristan
16	<i>Microtus arvalis</i>	M20 (?)	Macaristan
17	<i>Microtus arvalis</i>	M21 (?)	Macaristan
18	<i>Microtus arvalis</i>	S1 (?)	Sırbistan
19	<i>Microtus arvalis</i>	S2 (?)	Sırbistan
20	<i>Microtus arvalis</i>	S3 (?)	Sırbistan
21	<i>Microtus arvalis</i>	S24 (?)	Sırbistan
22	<i>Microtus arvalis</i>	S27 (?)	Sırbistan
23	<i>Microtus arvalis</i>	S28 (?)	Sırbistan
24	<i>Microtus arvalis</i>	S29 (?)	Sırbistan
25	<i>Microtus arvalis</i>	S30 (?)	Sırbistan
26	<i>Microtus arvalis</i>	S31 (?)	Sırbistan
27	<i>Microtus arvalis</i>	S32 (?)	Sırbistan
28	<i>Microtus arvalis</i>	S41 (?)	Sırbistan
29	<i>Microtus arvalis</i>	S42 (?)	Sırbistan
30	<i>Microtus mystacinus</i>	2378♂	Güney İğneada-Kırklareli
31	<i>Microtus mystacinus</i>	3010♀	Muş
32	<i>Microtus mystacinus</i>	3140♂	Ödemiş, İzmir
33	<i>Microtus mystacinus</i>	3178♀	Muratdere-Bozöyük-Bilecik
34	<i>Microtus mystacinus</i>	3179♀	Muratdere-Bozöyük-Bilecik
35	<i>Microtus mystacinus</i>	3185♀	Yeşilköy-Konya
36	<i>Microtus mystacinus</i>	3188♀	Beyşehir-Konya
37	<i>Microtus mystacinus</i>	3189♀	Beyşehir-Konya

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları (devam)

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
38	<i>Microtus mystacinus</i>	3190♀	Beyşehir-Konya
39	<i>Microtus mystacinus</i>	3486♀	Pasinler-Erzurum
40	<i>Microtus mystacinus</i>	3487♀	Pasinler-Erzurum
41	<i>Microtus mystacinus</i>	3488♂	Pasinler-Erzurum
42	<i>Microtus mystacinus</i>	3546♂	Yeşilköy-Konya
43	<i>Microtus mystacinus</i>	3547♂	Yeşilköy-Konya
44	<i>Microtus mystacinus</i>	3548♂	Yeşilköy-Konya
45	<i>Microtus mystacinus</i>	4704♀	Mesudiye-Ordu
46	<i>Microtus mystacinus</i>	4707♀	Mesudiye-Ordu
47	<i>Microtus mystacinus</i>	4371♀	Evciler-Pınarhisar-Kırklareli
48	<i>Microtus mystacinus</i>	4529♀	Madenköy-Niğde
49	<i>Microtus mystacinus</i>	5136♂	Velika Köprüsü-Istranca Ormanı-Kırklareli
50	<i>Microtus mystacinus</i>	6005♀	Sulucaova-Niğde
51	<i>Microtus mystacinus</i>	6060♀	Ulubat Gölü-Köyü-Bursa
52	<i>Microtus mystacinus</i>	6064♂	Kemalpaşa-Bursa
53	<i>Microtus mystacinus</i>	6074♀	Ulubat Gölü-Köyü-Bursa
54	<i>Microtus mystacinus</i>	6081♀	Gönen-Balıkesir
55	<i>Microtus mystacinus</i>	6095♂	Gönen-Balıkesir
56	<i>Microtus mystacinus</i>	6097♂	Gönen-Balıkesir
57	<i>Microtus mystacinus</i>	6107♂	Ezine-Çanakkale
58	<i>Microtus mystacinus</i>	6591♀	İskender Köyü-Edirne
59	<i>Microtus mystacinus</i>	6592♂	İskender Köyü-Edirne
60	<i>Microtus mystacinus</i>	6593♀	İskender Köyü-Edirne
61	<i>Microtus mystacinus</i>	6595♀	İskender Köyü-Edirne
62	<i>Microtus mystacinus</i>	6596♀	Avarız köyü-Edirne

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları (devam)

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
63	<i>Microtus mystacinus</i>	6597♀	Avarız köyü-Edirne
64	<i>Microtus mystacinus</i>	7120♂	Azatlı-Edirne
65	<i>Microtus mystacinus</i>	7126♂	Azatlı-Edirne
66	<i>Microtus mystacinus</i>	7127♂	Sütlüce-Gelibolu- Çanakkale
67	<i>Microtus mystacinus</i>	7327♀	Bıçkıdere Göleti-Kocaeli
68	<i>Microtus mystacinus</i>	7328♀	Bıçkıdere Göleti-Kocaeli
69	<i>Microtus mystacinus</i>	7330♀	Bıçkıdere Göleti-Kocaeli
70	<i>Microtus mystacinus</i>	7331♀	Bıçkıdere Göleti-Kocaeli
71	<i>Microtus mystacinus</i>	7333♀	Osmangazi-Gebze-Kocaeli
72	<i>Microtus mystacinus</i>	7335♂	Bıçkıdere Göleti-Kocaeli
73	<i>Microtus mystacinus</i>	7336♂	Bıçkıdere Göleti-Kocaeli
74	<i>Microtus mystacinus</i>	7386♀	Yukarı Kızılan Köyü- Ulubey- Ordu
75	<i>Microtus mystacinus</i>	7563♂	Ladik Gölü-Samsun
76	<i>Microtus mystacinus</i>	7564♂	Kunduz Ormanı- Vezirköprü-Samsun
77	<i>Microtus mystacinus</i>	7566♂	Ladik Gölü-Samsun
78	<i>Microtus mystacinus</i>	7624♂	Çubuk-Ankara
79	<i>Microtus mystacinus</i>	7635♂	Gölbaşı-Ankara
80	<i>Microtus mystacinus</i>	7639♂	Gölbaşı-Ankara
81	<i>Microtus mystacinus</i>	7648♂	Gölbaşı-Ankara
82	<i>Microtus mystacinus</i>	7681♂	Daday-Kastamonu
83	<i>Microtus subterrenaus</i>	2354♂	Velika Köprüsü-Istranca Ormanı-Kırklareli
84	<i>Microtus subterrenaus</i>	2355♀	Velika Köprüsü-Istranca Ormanı-Kırklareli
85	<i>Microtus subterrenaus</i>	2361♂	Velika Köprüsü-Istranca Ormanı-Kırklareli

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları (devam)

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
86	<i>Microtus subterrenaus</i>	2362♀	Velika Köprüsü-Istranca Ormanı-Kırklareli
87	<i>Microtus subterrenaus</i>	4551♀	Karabük
88	<i>Microtus subterrenaus</i>	4552♀	Karabük
89	<i>Microtus subterrenaus</i>	4553♂	Karabük
90	<i>Microtus subterrenaus</i>	4554♂	Karabük
91	<i>Microtus subterrenaus</i>	4696♂	Eğribel-Giresun
92	<i>Microtus subterrenaus</i>	4958♂	Kazdağı-Balıkesir
93	<i>Microtus subterrenaus</i>	4959♂	Kazdağı-Balıkesir
94	<i>Microtus subterrenaus</i>	7303♂	Kartepe-Kuzuyayla-Kocaeli
95	<i>Microtus subterrenaus</i>	7392♀	Kocaeli-Hendek arası dağlık alan Sakarya
96	<i>Microtus subterrenaus</i>	7393♂	Kocaeli-Hendek arası dağlık alan Sakarya
97	<i>Microtus subterrenaus</i>	7562♂	Ladik Gölü-Samsun
98	<i>Microtus subterrenaus</i>	7565♂	Vezirköprü Geyik Üretme Sahası-Samsun
99	<i>Microtus majori</i>	5384♀	Borçka-Artvin
100	<i>Microtus majori</i>	7337♂	Ulubey-Yukarı Kızılen Köyü-Ordu
101	<i>Microtus majori</i>	7384♀	Ulubey-Yukarı Kızılen Köyü-Ordu
102	<i>Microtus majori</i>	7385♀	Ulubey-Yukarı Kızılen Köyü-Ordu
103	<i>Microtus majori</i>	7426♂	Şavşat-Artvin
104	<i>Microtus majori</i>	7427♂	Şavşat-Artvin
105	<i>Microtus majori</i>	7428♂	Şavşat-Artvin

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları (devam)

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
106	<i>Microtus hartingi</i> *	5549♂	Dupnisa-İğneada-Kırklareli
107	<i>Microtus hartingi</i>	5550♂	Dupnisa-İğneada-Kırklareli
108	<i>Microtus hartingi</i>	5553♂	Dupnisa-İğneada-Kırklareli
109	<i>Microtus hartingi</i> *	6480♀	Dupnisa önü açıklık-Kırklareli
110	<i>Microtus hartingi</i> *	6481♀	Dupnisa önü açıklık-Kırklareli
111	<i>Microtus hartingi</i> *	6483♀	Dupnisa önü açıklık-Kırklareli
112	<i>Microtus hartingi</i> *	6478♂	Dupnisa önü açıklık-Kırklareli
113	<i>Microtus hartingi</i> *	6488♂	Dupnisa önü açıklık-Kırklareli
114	<i>Microtus hartingi</i>	6498♀	Dupnisa önü açıklık-Kırklareli
115	<i>Microtus hartingi</i> *	6919♂	Güneyli-Gelibolu-Çanakkale
116	<i>Microtus hartingi</i> *	7083♂	Gelibolu-Çanakkale
117	<i>Microtus lydius</i> *	2118♀	Polatlı-Ankara
118	<i>Microtus lydius</i>	2352♀	Ankara
119	<i>Microtus lydius</i>	2968♀	Ankara
120	<i>Microtus lydius</i> *	3253♂	Kurtboğazi-Ankara
121	<i>Microtus lydius</i> *	3309♂	Kurtboğazi-Ankara
122	<i>Microtus lydius</i> *	3907♂	Kurtboğazi-Ankara
123	<i>Microtus lydius</i>	4843♂	Kazdağı-Balıkesir
124	<i>Microtus lydius</i>	4853♀	Gerede-Ankara
125	<i>Microtus lydius</i>	7295♀	Sofular Köyü-Gölcük-Kocaeli
126	<i>Microtus lydius</i>	7332♂	Osmangazi-Gebze-Kocaeli
127	<i>Microtus lydius</i>	7333♀	Osmangazi-Gebze-Kocaeli
128	<i>Microtus lydius</i>	7608♂	Abant-Bolu
129	<i>Microtus dogramacii</i>	3449♀	Çorum
130	<i>Microtus dogramacii</i>	4743♀	Suluova-Amasya
131	<i>Microtus dogramacii</i>	4766♀	Suluova-Amasya
132	<i>Microtus dogramacii</i>	4893♀	Suluova-Amasya
133	<i>Microtus dogramacii</i>	4899♀	Suluova-Amasya

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları (devam)

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
134	<i>Microtus guentheri</i> *	2765♀	Kilis
135	<i>Microtus guentheri</i> *	3628♀	Göksun, Kahramanmaraş
136	<i>Microtus guentheri</i> *	3629♂	Göksun, Kahramanmaraş
137	<i>Microtus guentheri</i> *	4807♀	Türkoğlu, Kahramanmaraş
138	<i>Microtus guentheri</i> *	6720♀	Nemrut, Adıyaman
139	<i>Microtus guentheri</i> *	6721♀	Nemrut, Adıyaman
140	<i>Chionomys nivalis</i>	4694♀	Eğribel-Giresun
141	<i>Chionomys nivalis</i>	4701♀	Mesudiye-Ordu
142	<i>Chionomys nivalis</i>	4702♀	Mesudiye-Ordu
143	<i>Chionomys nivalis</i>	4703♂	Şebinkarahisar-Giresun
144	<i>Chionomys nivalis</i>	4706♀	Mesudiye-Ordu
145	<i>Chionomys nivalis</i>	4711♀	Şebinkarahisar-Giresun
146	<i>Chionomys roberti</i>	2351♂	Sümela-Maçka-Trabzon
147	<i>Chionomys roberti</i>	5342♂	Çat-Çamlıhemşin-Rize
148	<i>Chionomys roberti</i>	5399♀	Çamlıhemşin-Rize
149	<i>Chionomys roberti</i>	6338♂	Çat-Çamlıhemşin-Rize
150	<i>Chionomys roberti</i>	6339♀	Çat-Çamlıhemşin-Rize
151	<i>Chionomys roberti</i>	6340♀	Çat-Çamlıhemşin-Rize
152	<i>Chionomys roberti</i>	6342♀	Çat-Çamlıhemşin-Rize
153	<i>Chionomys roberti</i>	6372♂	Çat-Çamlıhemşin-Rize
154	<i>Chionomys roberti</i>	6392♀	Çat-Çamlıhemşin-Rize
155	<i>Chionomys roberti</i>	7417♀	İkizdere-Rize
156	<i>Chionomys gud</i>	4672♀	Verçenik Dağı-Rize
157	<i>Chionomys gud</i>	4685♀	Demirözü-Bayburt
158	<i>Chionomys gud</i>	4695♂	Demirözü-Bayburt
159	<i>Chionomys gud</i>	7410♂	Ovid Dağı-Rize
160	<i>Chionomys gud</i>	7413♂	Ovid Dağı-Rize

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin koleksiyon numaraları ve lokasyonları (devam)

Sıra	Tür	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
161	<i>Chionomys gud</i>	7418♂	Ovid Dağı-Rize
162	<i>Chionomys gud</i>	7429♂	Ovid Dağı-Rize
163	<i>Chionomys gud</i>	7430♂	Ovid Dağı-Rize

*: İşaretli DNA örnekleri yüksek lisans tezinden alınmıştır.

Çizelge 3.2 Çalışmada kullanılan GenBank ve BoldSystem örnekleri

Sıra	Sekans Numarası	Tür	Lokasyon	Gen Bölgesi
1	JF499315.1	<i>Microtus arvalis</i>	Rusya-Arkhangelsk Bölgesi	COXI
2	JF499316.1	<i>Microtus arvalis</i>	Rusya-Arkhangelsk Bölgesi	COXI
3	JF499317.1	<i>Microtus arvalis</i>	Rusya-Orenburg Bölgesi	COXI
4	KP190308.1	<i>Microtus arvalis</i>	Çin	COXI
5	KP190309.1	<i>Microtus arvalis</i>	Çin	COXI
6	KP190310.1	<i>Microtus arvalis</i>	Çin	COXI
7	KP190311.1	<i>Microtus arvalis</i>	Çin	COXI
8	KP190312.2	<i>Microtus arvalis</i>	Çin	COXI
9	JX457686.1	<i>Microtus arvalis</i>	İberik Yarımadası	IRBP
10	JX457687.1	<i>Microtus arvalis</i>	İberik Yarımadası	IRBP
11	JX457688.1	<i>Microtus arvalis</i>	İberik Yarımadası	IRBP
12	JX457689.1	<i>Microtus arvalis</i>	İberik Yarımadası	IRBP
13	BKMAM046-11	<i>Microtus mystacinus</i>	Bulgaristan	COXI
14	BKMAM053-11	<i>Microtus mystacinus</i>	Bulgaristan	COXI
15	DQ015676.1	<i>Microtus mystacinus</i>	Ukrayna	COXI
16	SKMZM335.07	<i>Microtus mystacinus</i>	Rusya	COXI
17	SKMZM621.08	<i>Microtus mystacinus</i>	Rusya	COXI

Çizelge 3.2 Çalışmada kullanılan GenBank ve BoldSystem örnekleri (devam)

Sıra	Sekans Numarası	Tür	Lokasyon	Gen Bölgesi
18	NOMAM054.09	<i>Microtus mystacinus</i>	Norveç	COXI
19	NOMAM055.09	<i>Microtus mystacinus</i>	Norveç	COXI
20	AY332685.1	<i>Microtus subterraneus</i>	İsviçre	COXI
21	KF152992.1	<i>Microtus socialis</i>	Çin	COXI
22	KF152993.1	<i>Microtus socialis</i>	Çin	COXI
23	KX451521.1	<i>Microtus guentheri</i>	Türkiye	IRBP
24	KP057389.1	<i>Microtus socialis</i>	Türkiye	IRBP
25	KT175904.1	<i>Chionomys nivalis</i>	Portekiz	IRBP
26	KT175905.1	<i>Chionomys nivalis</i>	Portekiz	IRBP
27	JX457671.1	<i>Chionomys nivalis</i>	İberik Yarımadası	IRBP
28	JX457672.1	<i>Chionomys nivalis</i>	İberik Yarımadası	IRBP
29	JX457673.1	<i>Chionomys nivalis</i>	İberik Yarımadası	IRBP
30	AM919424.1	<i>Chionomys nivalis</i>	-	IRBP
31	X99464.1	<i>Chionomys nivalis</i>	İsviçre	12S rRNA
32	AJ972917.1	<i>Microtus subterraneus</i>	İsviçre	12S rRNA
33	AJ972919.1	<i>Microtus lusitanicus</i>	Fransa	12S rRNA
34	AJ972918.1	<i>Microtus multiplex</i>	Fransa	12S rRNA
35	AJ972916.1	<i>Microtus pyrenaicus</i>	İspanya	12S rRNA
36	AJ972915.1	<i>Microtus duodecimcostatus</i>	Fransa	12S rRNA
37	AJ972914.1	<i>Microtus savii</i>	İtalya	12S rRNA
38	EF568704.1	<i>Mus musculus</i>	-	COXI
39	HM217730.1	<i>Rattus rattus</i>	Hindistan	COXI
40	AB125808.1	<i>Mus musculus musculus</i>	Güney Kore	IRBP
41	HM217754.1	<i>Rattus rattus</i>	Hindistan	IRBP
42	AY012114.1	<i>Mus musculus</i>	-	12S rRNA
43	AJ005780.1	<i>Rattus rattus</i>	-	12S rRNA

3.2 DNA İzolasyonu

86°C'lik buzdolabında saklanan kas, karaciğer, kalp ve böbrek dokuları kullanılarak 163 adet *Microtus* ve *Chionomys* bireyinden DNA elde edilmiştir. Bu amaçla, GeneAll® Exgene™ Tissue SV mini kit marka DNA izolasyon kiti kullanılmıştır. İzolasyon işleminde şu basamaklar izlenmiştir:

- 1) 20 mg'lık doku parçaları 1,5 ml'lik ependorf tüplerine koyulur ve 200 µl Buffer TL eklenir. Ardından, dokular ezilerek homojen hale getirilir.
- 2) 20 µl Proteinaz K eklenir ve tüpler vorteks yardımıyla karıştırılır. Dokular tamamen çözünene kadar 56°C'de 2-3 saat inkübe edilir.
- 3) RNA'yı uzaklaştırmak için, 4 µl RNase (100 mg/ml) eklenir ve tüpler vortekslenir. Oda sıcaklığında 2 dakika inkübe edilir.
- 4) 400 µl Buffer TB eklenir ve çözelti SV kolonlarına aktarılır ve 1 dakika santrifüj (>8000 rpm) yapılır. Alttaki biriktirme tüpü atılır ve yenisi yerleştirilir.
- 5) 600 µl Buffer BW eklenir. 30 saniye santrifüj (>8000 rpm) yapılır ve biriktirme tüpü atılarak yenisi yerleştirilir.
- 6) 700 µl Buffer TW eklenir. 30 saniye santrifüj (>8000 rpm) yapılır. Biriktirme tüpü boşaltılarak tekrar yerine takılır.
- 7) 1 dakika santrifüj (13000 rpm) yapılarak yıkama tamponlarından kalan artıklar temizlenir. SV kolonu 1,5 ml'lik ependorf tüplerine yerleştirilir.
- 8) 200 µl Buffer AE veya sterilize su eklenir. 2 dakika oda sıcaklığında inkübe edilir. 1 dakika santrifüj (13000 rpm) yapılır.

İzolasyon sonrası BioDrop7444 V2.01 marka ölçüm cihazında 1 µl'deki ng cinsinden DNA miktarları ve 260/280 nm'de saflık değerleri ölçülmüştür. Elde edilen değerler Çizelge 3.3'te gösterilmiştir.

Çizelge 3.3 İzole edilen DNA'ların miktarları (ng/µl) ve 260/280 nm'de saflık değerleri

Sıra	Koleksiyon Numarası	ng/µl *	260/280**
1	3510♀	2,2	1,81
2	4519♂	61,2	1,87
3	6365♂	4,0	1,98
4	6366♂	70,58	1,83
5	6367♀	49,5	1,93
6	6368♀	20	2,00
7	6369♂	30	2,00
8	6378♀	50	2,00
9	6379♀	50	2,00
10	6380♀	12,8	1,99
11	6390♀	2,7	1,88
12	6391♀	77,46	1,74
13	6424♂	30	2,00
14	M17 (?)	3,8	1,87
15	M19 (?)	2,0	1,8
16	M20 (?)	4,0	2,00
17	M21 (?)	13	2,00
18	S1 (?)	20	2,00
19	S2 (?)	55	2,00
20	S3 (?)	22,19	1,79
21	S24 (?)	77,46	1,74
22	S27 (?)	10	2,00
23	S28 (?)	11	1,79
24	S29 (?)	59,26	1,82
25	S30 (?)	107,40	1,83
26	S31 (?)	43,59	1,80
27	S32 (?)	4,11	1,80
28	S41 (?)	50,21	1,85
29	S42 (?)	19	1,90
30	2378♂	128,9	1,80
31	3010♀	21,6	2,00
32	3140♂	3,0	2,00
33	3178♀	10,4	1,88

Çizelge 3.3 İzole edilen DNA'ların miktarları (ng/μl) ve 260/280 nm'de saflık değerleri (devam)

Sıra	Koleksiyon Numarası	ng/μl *	260/280**
34	3179♀	5,8	1,80
35	3185♀	3,8	2,00
36	3188♀	36,4	1,80
37	3189♀	2,2	1,79
38	3190♀	11,8	2,00
39	3486♀	49,9	1,89
40	3487♀	35,0	1,91
41	3488♂	54,0	1,89
42	3546♂	4,50	1,85
43	3547♂	20,5	2,00
44	3548♂	4,0	1,83
45	4704♀	30,0	2,00
46	4707♀	45,0	1,80
47	4371♀	69,1	1,89
48	4529♀	2,9	1,87
49	5136♂	13,7	1,81
50	6005♀	70,7	1,82
51	6060♀	14,2	2,00
52	6064♂	9,7	1,98
53	6074♀	7,7	1,87
54	6081♀	77	1,89
55	6095♂	5,1	1,99
56	6097♂	17,4	1,85
57	6107♂	41,3	1,90
58	6591♀	37,3	1,85
59	6592♂	29,8	1,85
60	6593♀	17,2	1,82
61	6595♀	60,8	1,80

Çizelge 3.3 İzole edilen DNA'ların miktarları (ng/μl) ve 260/280 nm'de saflık değerleri (devam)

Sıra	Koleksiyon Numarası	ng/μl *	260/280**
62	6596♀	50,3	1,92
63	6597♀	38,3	1,80
64	7120♂	7,8	2,00
65	7126♂	9,6	2,01
66	7127♂	6,7	2,00
67	7327♀	10,9	1,93
68	7328♀	11,0	1,93
69	7330♀	19,0	1,80
70	7331♀	17,6	1,99
71	7333♀	10,8	1,99
72	7335♂	3,2	1,84
73	7336♂	11,3	1,92
74	7386♀	43,5	1,99
75	7563♂	30,0	2,00
76	7564♂	40,0	2,00
77	7566♂	13,04	1,76
78	7624♂	21,73	1,83
79	7635♂	10,75	1,74
80	7639♂	13,78	1,84
81	7648♂	10,39	1,81
82	7681♂	13,0	2,00
83	2354♂	54,7	1,85
84	2355♀	23,9	1,89
85	2361♂	20,2	1,80
86	2362♀	34,9	1,95
87	4551♀	22,1	2,0
88	4552♀	30,0	1,92
89	4553♂	17,5	2,00

Çizelge 3.3 İzole edilen DNA'ların miktarları (ng/μl) ve 260/280 nm'de saflık değerleri (devam)

Sıra	Koleksiyon Numarası	ng/μl *	260/280**
90	4554♂	56,4	1,99
91	4696♂	4,0	1,81
92	4958♂	5,5	2,00
93	4959♂	20,1	1,80
94	7303♂	18,0	1,88
95	7392♀	12,1	1,94
96	7393♂	20,0	2,00
97	7562♂	12,8	1,86
98	7565♂	2,2	1,80
99	5384♀	4,8	1,82
100	7337♂	14,6	1,96
101	7384♀	27,7	2,00
102	7385♀	6,9	2,00
103	7426♂	30,7	1,82
104	7427♂	12,4	1,87
105	7428♂	8,2	2,00
106	5549♂	51,9	1,84
107	6480♀	36,3	1,86
108	6481♀	35,5	1,85
105	7428♂	8,2	2,00
109	6483♀	22,7	1,91
110	6478♂	53,3	1,89
111	6488♂	19,7	1,80
112	6498♀	20,2	1,90
113	6919♂	50,0	1,87
114	7083♂	46,1	1,80
115	2118♀	11,6	1,92
116	2352♀	4,3	1,90

Çizelge 3.3 İzole edilen DNA'ların miktarları (ng/μl) ve 260/280 nm'de saflık değerleri (devam)

Sıra	Koleksiyon Numarası	ng/μl *	260/280**
117	2968♀	46,1	1,88
118	3253♂	3,4	1,92
119	3309♂	87,1	1,83
120	3907♂	24,4	1,80
121	4843♂	30,7	1,91
122	4853♀	10,0	2,00
123	7295♀	33,9	1,91
124	7332♂	22,8	1,74
125	7333♀	10,8	1,99
126	7608♂	4,8	2,00
127	3449♀	11,9	1,80
128	4743♀	41,3	1,86
129	4766♀	15,7	1,99
130	4893♀	56,6	1,88
131	4899♀	38,0	1,94
132	2765♀	26,5	1,82
133	3628♀	50,3	1,90
134	3629♂	53,7	1,80
135	4807♀	53,8	1,82
136	6720♀	28,7	1,84
137	6721♀	28,4	1,83
138	4694♀	4,5	1,80
139	4701♀	23,8	1,82
140	4702♀	98,6	1,99
141	4703♂	22,0	1,92
142	4706♀	34,8	2,00
143	4711♀	10,0	2,00
144	2351♂	56,8	1,80

Çizelge 3.3 İzole edilen DNA'ların miktarları (ng/μl) ve 260/280 nm'de saflık değerleri (devam)

Sıra	Koleksiyon Numarası	ng/μl *	260/280**
145	5342♂	89,9	1,81
146	5399♀	15,7	1,80
147	6338♂	44,5	2,00
148	6339♀	32,4	1,80
149	6340♀	9,54	1,89
150	6342♀	34,8	2,00
151	6372♂	20,0	2,00
152	6392♀	21,5	1,88
153	7417♀	67,8	1,90
154	4672♀	51,7	1,92
155	4685♀	59,7	1,87
156	4695♂	33,1	1,81
157	7410♂	20,0	2,00
158	7413♂	19,3	1,88
159	7418♂	27,3	1,80
160	7429♂	132,0	2,00
161	7430♂	76,8	2,00
162	5550♂	42,8	1,98
163	5553♂	22,7	1,83

3.3 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile DNA'ların Çoğaltılması

Çalışmada 32 lokaliteden elde edilen 163 adet *Microtus* ve *Chionomys* türlerine ait örneklerin iki mitokondriyal (Sitokrom Oksidaz 1 (COXI) ve 12S rRNA) ile bir nükleer (Fotoreseptör retinoid bağlayıcı protein geni-*IRBP*) gen bölgesinin Polimeraz Zincir Reaksiyonu ile DNA amplifikasyonu TECHNE TC-3000 Thermal Cycler cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. COXI, 12S rRNA ve *IRBP* bölgelerinin çoğaltılması

için kullanılan primer çiftleri, PZR karışımını oluşturan bileşenler ve miktarları ve reaksiyon şartları Çizelge 3.4-3.8’de verilmiştir.

Çizelge 3.4 DNA amplifikasyonunda kullanılan primerler ve baz dizileri

COXI (Robins vd. 2007)	Sekans dizisi
Forward (BatL5310)	5'-CCTACTCRGCCATTTTACCTATG-3'
Reverse (R6036R)	5'-ACTTCTGGGTGTCCAAAGAATCA-3'
IRBP (Sawyer vd. 2017)	Sekans dizisi
Forward (MSB_PIRBPF)	5'-CCAGGAGGTACTGAGTGAGC-3'
Reverse (MSB_PIRBPR)	5'-GCTGAGTAGTCCATGCTAGC-3'
12S rRNA (Mullis vd. 1986)	Sekans dizisi
Forward (F)	5'-AAAGCAAGGCACTGAAAATGCCTAGA-3'
Reverse (R)	5'-TCTTCTGGGTGTAGGCCAGATGCTTT-3'

Çizelge 3.5 COXI, 12S rRNA ve IRBP bölgelerinin amplifikasyonu için hazırlanan PZR bileşenleri ve bu bileşenlerin miktarları

Bileşen	Oran
dH ₂ O	28,75 µl
Tampon 750 mM Tris-HCl ph: 8,8 200 mM (NH ₄) ₂ SO ₄	5 µl
MgCl ₂ (2,0 mM)	4 µl
dNTP mix (2 mM)	1 µl
Primer (forward) (100 pmol)	0,5 µl
Primer (reverse) (100 pmol)	0,5 µl
Taq DNA Polimeraz (5U)	0,25 µl
DNA	10 µl
Toplam	50 µl

Çizelge 3.6 COXI bölgesinin amplifikasyonunda uygulanan PZR koşulları

Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94°C	2 dakika	1
Denatürasyon	94°C	30 saniye	35
Bağlanma	50°C	30 saniye	
Uzama	72°C	1 dakika	
Son Uzama	72°C	5 dakika	1

Çizelge 3.7 12S rRNA bölgesinin amplifikasyonunda uygulanan PZR koşulları

Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94°C	2 dakika	1
Denatürasyon	94°C	30 saniye	35
Bağlanma	62°C	30 saniye	
Uzama	72°C	1 dakika	
Son Uzama	72°C	5 dakika	1

Çizelge 3.8 IRBP bölgesinin amplifikasyonunda uygulanan PZR koşulları

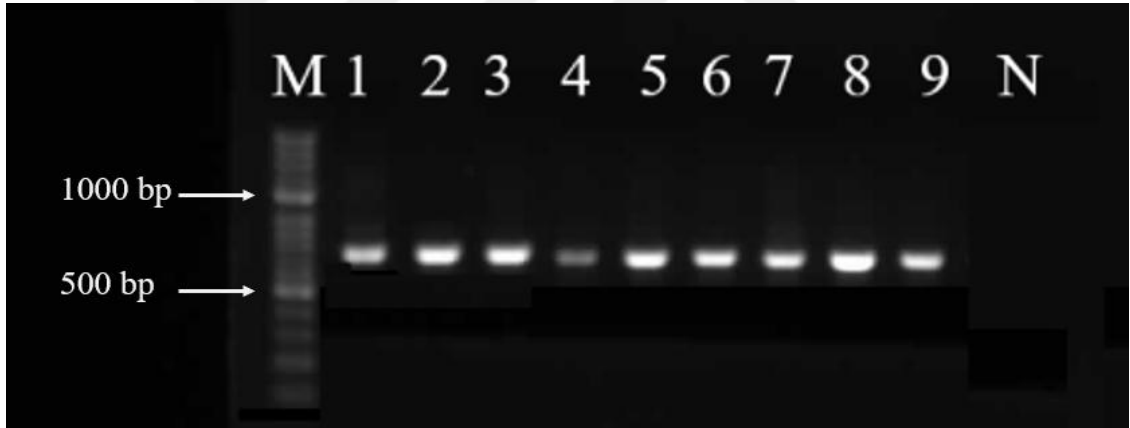
Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94°C	2 dakika	1
Denatürasyon	94°C	30 saniye	35
Bağlanma	60°C	30 saniye	
Uzama	72°C	1 dakika	
Son Uzama	72°C	5 dakika	1

3.4 Agaroz Jel Elektroforezi

Elde edilen PZR ürünleri % 0,8'lik agaroz jelde 70 Voltta 1 saat yürütülmüştür. Bu amaçla, 1X TAE (Trisma Base, Glacial Asetic Asid, EDTA) tamponu stok haldeki 50X TAE tamponundan 10 ml alınarak ve üzerine 490 ml distile su ilave edilerek hazırlanmıştır. Sonrasında % 0,8'lik agaroz jel elde etmek için 50 ml 1XTAE

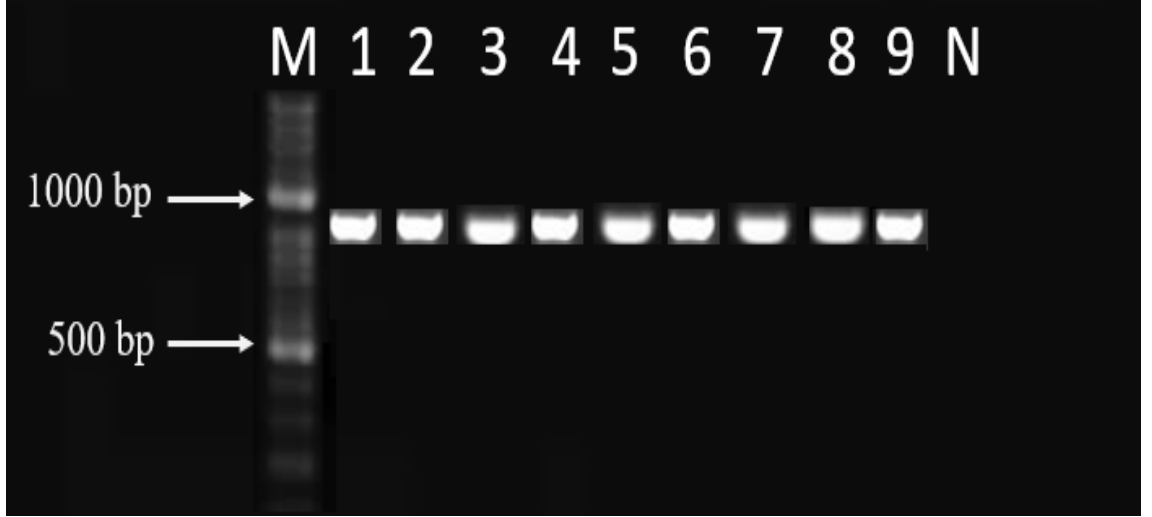
tamponuna 0,4 mg agaroz ilave edilmiş ve homojen bir çözelti edilene kadar mikrodalgada kaynatılmıştır. Jele 10 µl etidyum bromid çözeltisi (0,5 mg/ml) ilave edilmiş ve elektroforez kasedine dökülerek soğumaya bırakılmıştır. Yeterince soğuduktan sonra, kasetteki taraklar çıkarılmış ve kaset 1XTAE tamponu ile dolu elektroforez tankına yerleştirilmiştir. 5 µl'lik DNA örnekleri 5 µl yükleme tamponuyla (Xylene Cyanol FF ve Bromophenol Blue) karıştırılarak kasetteki kuyucuklara mikropipet yardımı ile yerleştirilmiş ve 70 Voltta 1 saat yürütülmüştür. Jellerin ultraviyole ışığı altında Syngene Bio Imaging Ingenius Jel Görüntüleme Sistemi ile görüntülenmesi yapılmış ve fotoğrafları çekilmiştir (Şekil 3.5-3.7).

Örneklerin dizi analizi Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri 17L0430003 numaralı lisansüstü tez projesi kapsamında MEDSANTEK ve BM Laboratuvar Sistemleri Ltd. Şti. firmalarına yaptırılmıştır.



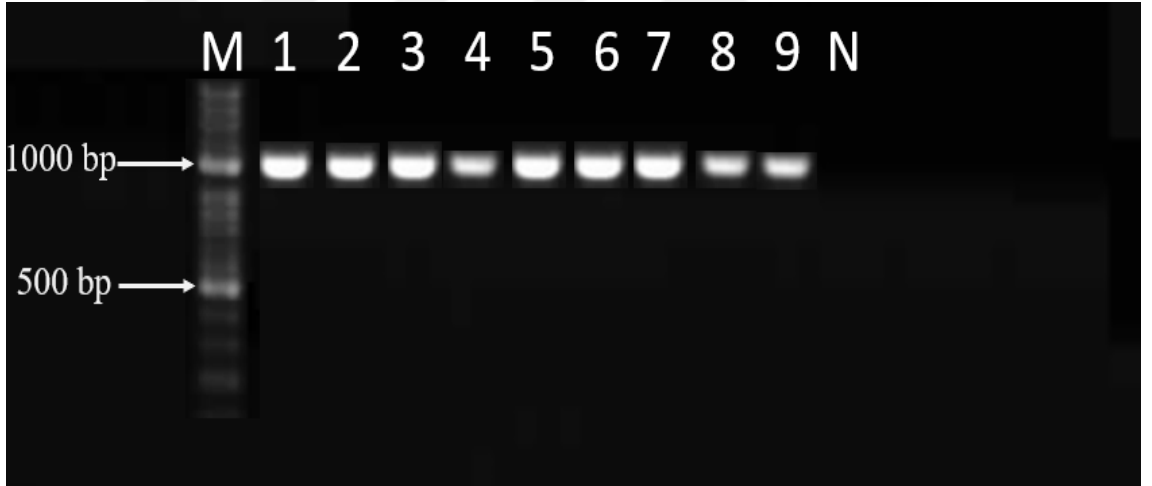
Şekil 3.5 *COXI* gen bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü

(M=Marker, 1=6378 (Ardahan), 2=7418 (Rize), 3=3178 (Bilecik), 4=7562 (Samsun), 5=7563 (Samsun), 6=4711 (Giresun), 7=7608 (Bolu), 8=6342 (Rize), 9=4551 (Karabük), N=Negatif Kontrol)



Şekil 3.6 *IRBP* gen bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü

(M=Marker, 1=M17 (Macaristan), 2=6390 (Kars), 3=3449 (Çorum), 4=4893 (Amasya), 5=7426 (Artvin), 6=7393 (Sakarya), 7=7392 (Sakarya), 8=7429 (Rize), 9=7565 (Samsun), N=Negatif Kontrol)



Şekil 3.7 12S rRNA gen bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü

(M=Marker, 1=4519 (Erzurum), 2=S28 (Sırbistan), 3=7384 (Ordu), 4=6392 (Rize), 5=4695 (Bayburt), 6=2351 (Trabzon), 7=7392 (Sakarya), 8=7086 (Ordu), 9=7303 (Kocaeli), N=Negatif Kontrol)

3.5 Çoğaltılan DNA Dizilerinin Analizleri

COXI, 12S rRNA ve *IRBP* gen bölgelerinden PZR ile elde edilen DNA dizileri Chromas Lite 2.1.1 (www.technelysium.com.au) programında görüntülenerek fasta formatında kaydedilmiştir. Forward ve Reverse diziler ile GenBank ve BoldSystem'dan alınan diziler MegaX Programı (Kumar vd. 2018) yardımı ile hizalanmıştır. Genetik

çeşitlilik değerlerinin hesaplanması (nükleotit ve haplotip çeşitlilik değerleri, parsimony informative ve singleton variable bölgelerini içeren polimorfik bölgeler ve mutasyon sayıları) ve haplotiplerin belirlenmesi DnaSP 6 (Rozas vd. 2017) programı ile yapılmıştır. *COXI*, 12S rRNA ve *IRBP* gen bölgelerine ait haplotipler kullanılarak, Network 10.2.0.0 Programı (Bandelt vd. 1999) ile Median-joining yöntemi ile populasyonlar arası, türler arası ve cinsler arası filogenetik ilişkiler belirlenmeye çalışılmıştır. Median-joining İlişki Ağı oluşturulurken varsayılan tercihler göz önüne alınmış ve dışgruplar çıkarılmıştır. Gruplar arası ortalama uzaklık (*d*) değerlerinin belirlenmesi 1000 tekrarlı bootstrap analizi ile Kimura-2 Parametresi (Kimura 1980) baz alınarak MegaX Programı (Kumar vd. 2018) ile gerçekleştirilmiştir. Sekans dizileri kullanılarak elde edilen Bayesian Dendrogramı ise, 5 zincirli 10000000'ar tekrar ile Beast v1.75 Programı (Drummond ve Rambaut 2007) ile oluşturulmuştur ve FigTree v1.4 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>) programında görüntülenmiştir. Tracer v1.5 (<http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>) programı ile ESS (Efektif Örnek Büyüklüğü) değerleri tespit edilmiş ve 200 ve üstünde değerler elde edilmesi durumunda Bayesian Dendrogramı için elde edilen sonuçlar dikkate alınmıştır. Bayesian Dendrogramı için Akaike Bilgi Kriteri (AIC) ve Bayesian Bilgi Kriteri (AIC) doğrultusunda en uygun evrimsel model jModelTest 2.1.7 Programı'nda (Posada 2008) belirlenmiştir. Evrimsel ayrılma zamanları ise mtDNA divergens oranı ($3,27 \times 10^{-7}$ mutasyon/bölge/yıl; Martinkova vd. 2013) ve nucDNA divergens oranı (1 milyon yılda % 0,8; Ochman ve Wilson 1987) ve *Microtus longicaudus* - *Microtus pennsylvanicus* ayrımı ($0,92 \pm 0,02$ MYÖ, Conroy ve Cook 2000) ile *Mus-Rattus* ayrımı ($11,7 \pm 0,4$ MYÖ) (Barome vd. 2001, Kennis vd. 2011) kalibrasyon noktaları kabul edilerek Beast v1.75 Programı (Drummond ve Rambaut 2007) ile hesaplanmıştır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1 *Microtus arvalis* Pallas, 1778 Türünün mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları

BatL5310 ve R6036R primer çiftleri kullanılarak Sitokrom Oksidaz 1 (*COXI*) gen bölgesinin yaklaşık 730 baz çiftlik bölgesi çoğaltılmıştır. Çift yönlü sekanslama işlemi sonrasında elde edilen 29 adet ve GenBank'tan alınan 8 adet DNA dizisinin hizalama ve budama işlemleri sonrasında toplam 37 örneğe ait 550 baz çiftlik bölge analiz edilmiştir.

Analizler sonucu 37 örneğe ait toplam 14 adet haplotip belirlenmiş olup, bu haplotiplerin 3 adedi Anadolu, 9 adedi Avrupa ve 2 adedi Asya popülasyonlarına aittir (Çizelge 4.1). Dış gruplar analizlere katılmamıştır. Genetik çeşitlilik değerleri Çizelge 4.2'de verilmiştir. Toplam haplotip çeşitliliği (*Hd*) 0,876 olarak bulunmuştur ve en yüksek haplotip çeşitliliği Avrupa popülasyonunda bulunurken (*Hd*= 0,850), en düşük haplotip çeşitliliği ise Anadolu popülasyonunda bulunmuştur (*Hd*= 0,295). Toplam nükleotit çeşitliliği (*Pi*) ise 0,013 olarak hesaplanmıştır. En yüksek nükleotit çeşitlilik değeri Avrupa popülasyonunda (*Pi*= 0,007), en düşük nükleotit çeşitlilik değeri ise Anadolu popülasyonunda görülmektedir (*Pi*= 0,0005). Polimorfik bölge sayısı en yüksek olan popülasyon Avrupa popülasyonudur ve mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayıları da Anadolu ve Asya popülasyonlarına göre yüksektir. Anadolu ve Asya popülasyonlarında bu değerler oldukça düşüktür; polimorfik bölgeler sayısı ile 2 ve 1 olmak üzere yalnız singleton bölgeden oluşmaktadır.

M. arvalis türünün Anadolu, Avrupa ve Asya popülasyonlarının arasındaki ortalama ve net genetik uzaklık değerleri (*d*) Kimura-2 Parametresi (Kimura 1980) ile hesaplanmıştır (Çizelge 4.3). Ortalama ve net genetik uzaklık değerleri % 1,1-2,9 civarında bulunmuştur. Buna göre, Avrupa popülasyonunun Anadolu ve Asya popülasyonlarına olan uzaklığı (% 2,1-2,9), Anadolu ve Asya popülasyonları arasındaki genetik uzaklık değerlerinden (% 1,1-1,2) daha yüksektir.

Çizelge 4.1 *M. arvalis* COXI bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
Anadolu	Hap-1 (11)	Kars (6390), Ardahan (3510, 6365, 6367, 6368, 6369, 6378, 6379, 6380, 6391, 6724)
	Hap-2 (1)	Erzurum (4519)
	Hap-3 (1)	Ardahan (6366)
Avrupa	Hap-4 (2)	Rusya-Arkhangelsk Bölgesi (JF499315.1, JF499316.1)
	Hap-7 (2)	Macaristan (M17, M20)
	Hap-8 (2)	Macaristan (M19, M21)
	Hap-9 (2)	Sırbistan (S1, S42)
	Hap-10 (1)	Sırbistan (S24)
	Hap-11 (6)	Sırbistan (S27, S29, S30, S31, S32, S41)
	Hap-12 (1)	Sırbistan (S28)
	Hap-13 (1)	Sırbistan (S2)
	Hap-14 (1)	Sırbistan (S3)
Asya	Hap-5 (5)	Rusya-Orenburg Bölgesi (JF499317.1), Çin (KP190308, KP190310, KP190311, KP190312)
	Hap-6 (1)	Çin (KP190309)

Çizelge 4.2 *M. arvalis* COXI bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

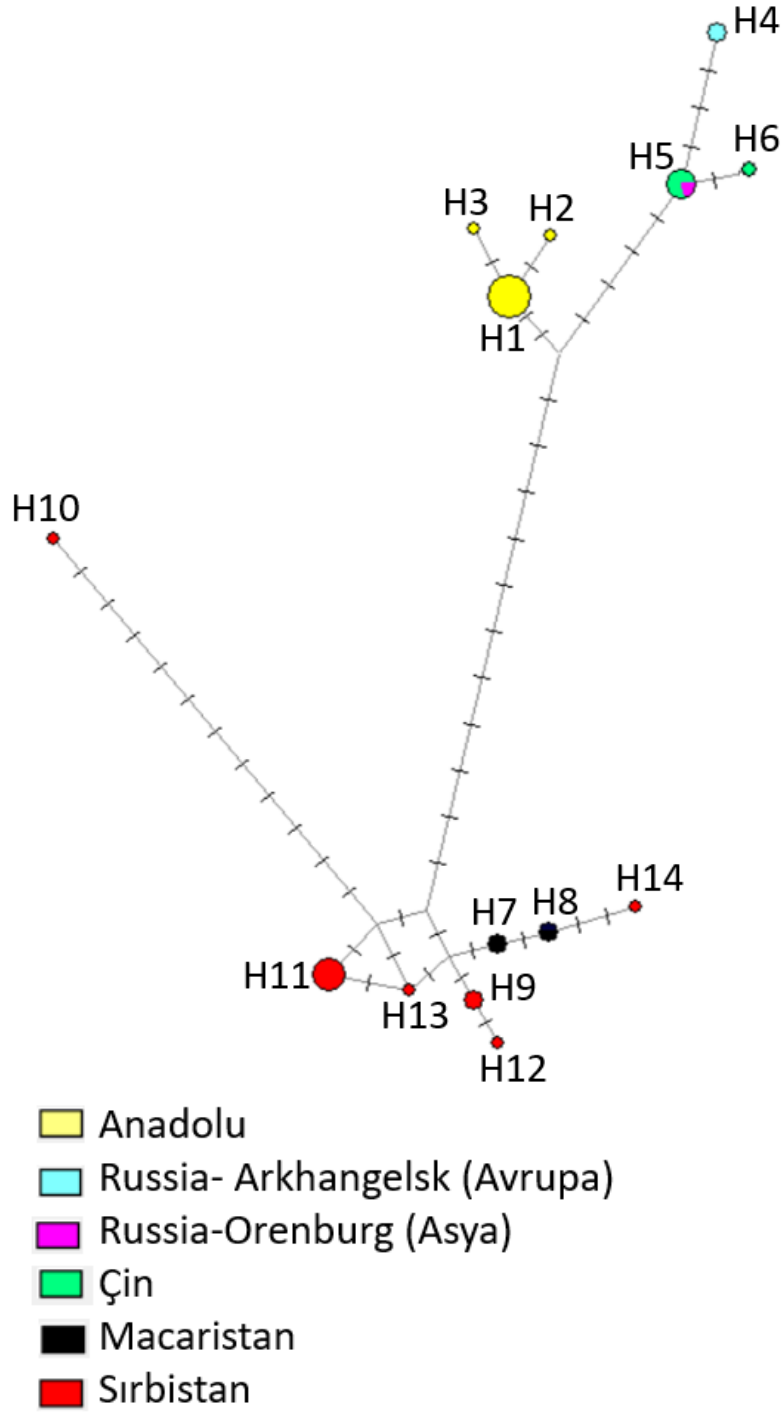
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
Anadolu	13	3	0,295	0,0005	2	0	2	2
Avrupa	18	9	0,850	0,007	33	23	10	34
Asya	6	2	0,333	0,006	1	0	1	1
Toplam	37	14	0,876	0,013	37	26	11	38

Çizelge 4.3 *M. arvalis* türü COXI gen bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (d) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
Anadolu-Avrupa	0,028±0,006	0,021±0,005
Anadolu-Asya	0,012±0,005	0,011±0,005
Avrupa-Asya	0,029±0,006	0,022±0,005

M. arvalis türü populasyonları arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek amacıyla Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı elde edilmiştir. HKY Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) kullanılarak oluşturulan Bayesian Dendrogramı'na bakıldığında, *arvalis* (Avrupa) ve *obscurus* (Anadolu ve Asya) formları birbirlerinden ayrılmıştır (pp= 1,00) (Şekil 4.1). Sırbistan ve Macaristan örnekleri diğer örneklerden bazal grup olarak ayrı bir klad meydana getirmiştir (pp= 0,99). Rusya'nın Avrupa (*arvalis*) örnekleri Asya (*obscurus*) örnekleri ile bir araya gelmiştir (pp= 1,00). Anadolu örnekleri ise Avrupa ve Asya örneklerinden farklı bir grup oluşturmuştur (pp= 1,00). *M. arvalis* haplotipleri ile oluşturulan Median-joining İlişki Ağı'na göre ise (Şekil 4.2), Sırbistan ve Macaristan haplotipleri Rusya-Arkhangelsk Bölgesi, Asya ve Anadolu haplotiplerinden, Anadolu haplotipleri ise Rusya-Arkhangelsk Bölgesi ve Asya haplotiplerinden ayrılmıştır. Rusya-Arkhangelsk Bölgesi haplotipleri Asya haplotipleri ile yakın olarak konumlanmıştır.

Ayrılma zamanlarına bakıldığında ise, Avrupa populasyonu Anadolu ve Asya populasyonlarından 0,298 MYÖ ayrılırken, Anadolu ve Asya populasyonları birbirlerinden 0,141 MYÖ ayrılmıştır.



Şekil 4.2 *M. arvalis* Anadolu, Asya ve Avrupa popülasyonlarına ait *COXI* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.2 *Microtus arvalis* Pallas, 1778 Türünün nucDNA IRBP Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları

IRBP gen bölgesinin yaklaşık 900 baz çiftlik bölgesi amplifiye edilmiş ve 571 baz çiftlik bölge hizalama ve budama işlemleri ile analiz edilmeye hazır hale getirilmiştir. Analizlerde 25 adedi AUMAC örnekleri ve 4 adedi GenBank'dan olmak üzere toplam 29 örneğe ait gen dizileri kullanılmıştır.

Analizlerde elde edilen 19 haplotipin 6 adedi Anadolu ve 11 adedi Avrupa populasyonlarına ait iken, 2 adet haplotip Anadolu ve Avrupa örnekleri tarafından paylaşılmıştır (Çizelge 4.4). Genetik çeşitlilik değerlerine bakıldığında (Çizelge 4.5), toplam haplotip çeşitliliği (H_d) 0,953 olarak bulunmuştur ve Avrupa populasyonunda ($H_d= 0,954$), Anadolu populasyonuna göre daha yüksektir ($H_d= 0,891$). Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) ise 0,006 olarak hesaplanmıştır ve her iki populasyonda nükleotit çeşitlilik değerleri eşittir ($P_i= 0,006$). Polimorfik bölge sayıları birbirlerine yakın olmakla birlikte Anadolu populasyonunda daha yüksektir. Anadolu populasyonunda singleton bölge sayısı parsimony informative bölge sayısına göre daha yüksek iken (sırası ile 13 ve 3), Avrupa populasyonunda tam tersidir (parsimony informative bölge sayısı= 11, singleton bölge sayısı= 3).

M. arvalis türünün arvalis (Avrupa) ve obscurus (Anadolu) populasyonları arasındaki ortalama ve net genetik uzaklık değerleri (d) Çizelge 4.6'da gösterilmiştir Kimura-2 Parametresi (Kimura 1980) baz alınarak hesaplanan ortalama ve net genetik uzaklık değerleri sırası ile % 0,6 ve % 0 olarak bulunmuştur.

Çizelge 4.4 *M. arvalis* IRBP bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
Anadolu	Hap-1 (1)	Erzurum (4519)
	Hap-2 (1)	Ardahan (6365)
	Hap-3 (1)	Ardahan (6366)
	Hap-5 (1)	Ardahan (6368)
	Hap-7 (1)	Kars (6390)
	Hap-8 (1)	Ardahan (6391)

Çizelge 4.4 *M. arvalis* IRBP bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları (devam)

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
Avrupa	Hap-9 (2)	İberik Yarımadası (JX457686.1, JX457687.1, JX457688.1)
	Hap-10 (1)	Macaristan (M19)
	Hap-11 (1)	Macaristan (M20)
	Hap-12 (1)	Sırbistan (S1)
	Hap-13 (3)	Sırbistan (S2, S24, S30)
	Hap-14 (1)	Sırbistan (S29)
	Hap-15 (1)	Sırbistan (S31)
	Hap-16 (1)	Sırbistan (S2)
	Hap-17 (1)	Sırbistan (S3)
	Hap-18 (1)	Sırbistan (S41)
	Hap-19 (1)	Sırbistan (S42)
Ortak Haplotipler (Anadolu ve Avrupa)	Hap-4 (3)	Ardahan (6367), M21 (Macaristan), S28 (Sırbistan)
	Hap-6 (5)	Ardahan (6369, 6378, 6379, 6380), İberik Yarımadası (JX457689.1)

Çizelge 4.5 *M. arvalis* IRBP bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

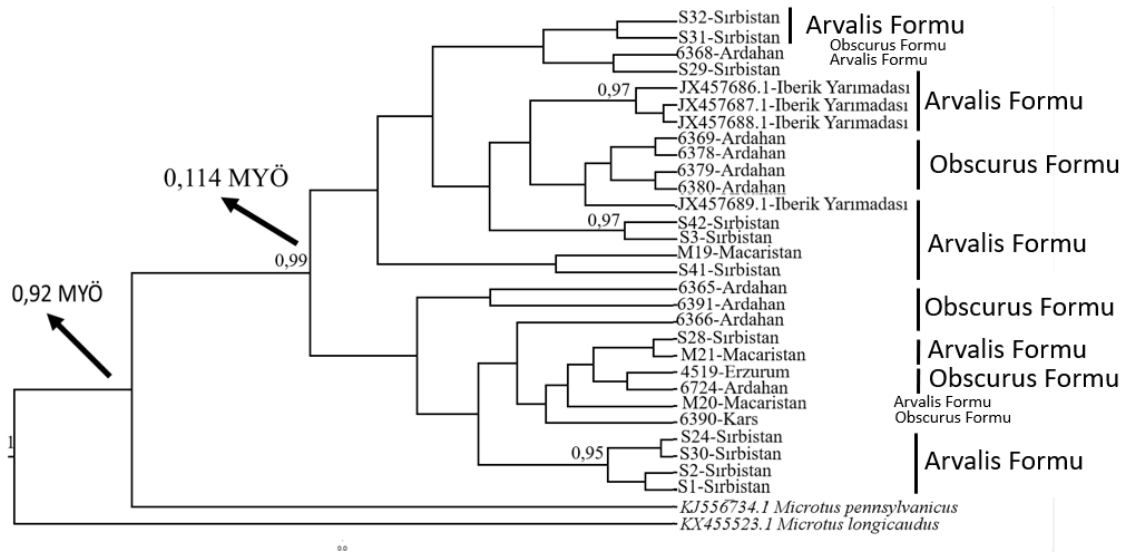
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (H_d)	Nükleotit Çeşitliliği (P_i)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
Anadolu	11	6	0,891	0,006	16	3	13	16
Avrupa	18	11	0,954	0,006	14	11	3	14
Toplam	29	19	0,953	0,006	27	13	14	27

Çizelge 4.6 *M. arvalis* türü IRBP gen bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (d) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
Anadolu-Avrupa	0,006±0,001	0

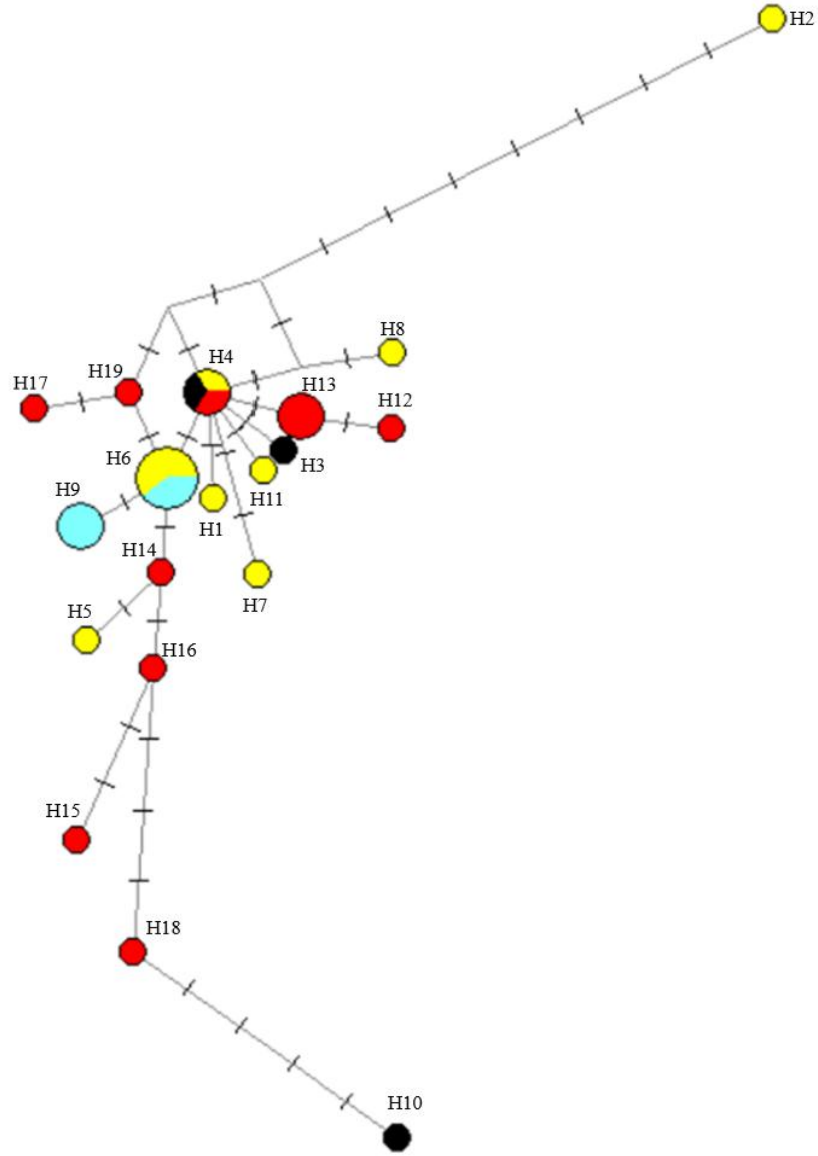
M. arvalis türü Anadolu ve Avrupa populasyonları arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı benzer sonuçlar vermiştir. HKY + G Parametresi'ne dayalı (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) kullanılarak oluşturulan Bayesian Dendrogramı'nda Anadolu ve Avrupa populasyonlarında net bir ayrım gözlenememiş ve posterior probability değerleri çoğunlukla düşük (<% 95) bulunmuştur (Şekil 4.3). Median-joining İlişki Ağı *M. arvalis* haplotipleri ile oluşturulmuş ve Anadolu ve Avrupa haplotipleri ile ortak haplotipler birbirlerinden ayrılmamışlardır (Şekil 4.4).

Ayrılma zamanlarına bakıldığında ise, Avrupa populasyonu Anadolu populasyonundan 0,114 MYÖ ayrılmıştır.



Şekil 4.3 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı *M. arvalis* IRBP bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanı

(Dallar üzerindeki sayılar % 95 ve üzeri posterior probability (pp) değerlerini göstermektedir)



- Anadolu
- İberik Yarımadası
- Macaristan
- Sırbistan

Şekil 4.4 *M. arvalis* Anadolu ve Avrupa populasyonlarına ait *IRBP* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.3 *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865 Türünün mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları

Bu tez çalışmasında Sitokrom Oksidaz 1 (COXI) gen bölgesinin yaklaşık 730 baz çiftlik bölgesi çoğaltılmıştır. Hizalama ve budama işlemleri sonucu elde edilen 570 baz çift uzunluğundaki gen dizileri analizlerde kullanılmış ve Anadolu ve Avrupa popülasyonları arasındaki filogenetik ilişki ve farklılaşmayı belirleme amacıyla söz konusu bölgelerden elde edilen örneklerin yanısıra, Genbank ve BoldSystem'dan alınan Bulgaristan, Ukrayna, Norveç ve Rusya örneklerine ait diziler de analiz edilmiştir.

Analizler sonucu 59 örneğe ait toplam 21 adet haplotip belirlenmiştir. Bu haplotiplerin 17 adedi Anadolu, 3 adedi Trakya ve 1 adedi Avrupa popülasyonlarına aittir. (Çizelge 4.7). Çizelge 4.8'de verilen genetik çeşitlilik değerlerine bakıldığında, toplam haplotip çeşitliliği (Hd) 0,914'tür ve Anadolu popülasyonundaki haplotip çeşitliliği ($Hd= 0,896$), Trakya popülasyonuna göre daha yüksektir ($Hd= 0,385$). Toplam nükleotit çeşitliliği (Pi) ise 0,009 olup, Anadolu popülasyonunda $Pi= 0,006$, Trakya popülasyonunda ise $Pi= 0,0007$ 'dir. Polimorfik bölge sayısı en yüksek olan popülasyon Anadolu popülasyonudur ve mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayıları da Trakya popülasyonuna göre çok daha yüksektir. Söz konusu genetik çeşitlilik değerleri Avrupa popülasyonunda 0 (sıfır)'dır.

M. mystacinus türünün Anadolu popülasyonunun Trakya ve Avrupa popülasyonları ile ortalama genetik uzaklık değeri sırası ile % 1,4 ve % 1,2, net genetik uzaklık değeri ise % 1,2 ve % 1,0 olarak bulunmuştur. Trakya ve Avrupa popülasyonları arası ortalama ve net genetik uzaklık değerleri ise % 0,2'dir (Çizelge 4.9).

Çizelge 4.7 *M. mystacinus* COXI bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
Anadolu	Hap-2 (1)	Erzurum (3486)
	Hap-3 (2)	Erzurum (3487, 3488)
	Hap-4 (1)	Ordu (4704)
	Hap-5 (1)	Ordu (4707)
	Hap-6 (5)	Samsun (7563, 7564), Ankara (7624, 7635, 7648)
	Hap-7 (1)	Samsun (7566)
	Hap-8 (1)	Ankara (7639)
	Hap-9 (1)	Kastamonu (7681)
	Hap-10 (2)	Muş (3010), Konya (3185)
	Hap-11 (15)	İzmir (3140), Bilecik (3178, 3179), Bursa (6060, 6064, 6074), Balıkesir (6081, 6097), Kocaeli (7327, 7328, 7330, 7331, 7333, 7335, 7336)
	Hap-12 (3)	Konya (3188, 3547, 3548)
	Hap-13 (1)	Konya (3189)
	Hap-14 (1)	Konya (3190)
	Hap-15 (1)	Konya (3546)
	Hap-16 (2)	Niğde (4529, 6005)
	Hap-17 (1)	Balıkesir (6095)
	Hap-18 (1)	Çanakkale (6107)
Trakya	Hap-1 (11)	Kırklareli (2378, 4371, 5136), Edirne (6593, 6595, 6596, 6597, 7120, 7126), Bulgaristan (BKMAM046-11, BKMAM053-11)
	Hap-19 (2)	Edirne (6591, 6592)
	Hap-20 (1)	Çanakkale (7127)
Avrupa	Hap-21 (5)	Ukrayna (DQ015676.1), Norveç (NOMAM054.09, NOMAM055.09), Rusya (SKMZM335.07, SKMZM621.08)

Çizelge 4.8 *M. mystacinus* COXI bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

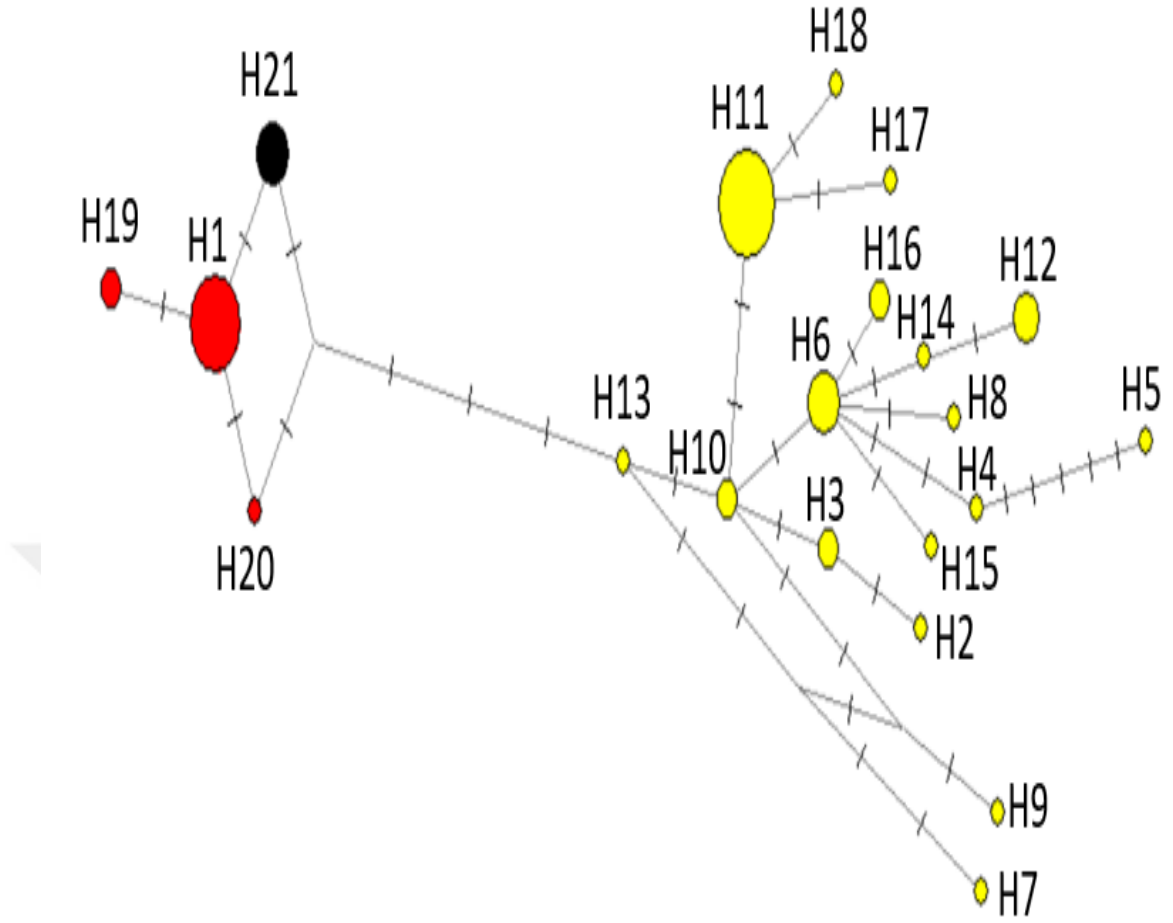
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informativ Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
Anadolu	40	17	0,896	0,006	28	11	17	30
Trakya	14	3	0,385	0,0007	2	1	1	2
Avrupa	5	1	0	0	0	0	0	0
Toplam	59	21	0,914	0,009	33	16	17	35

Çizelge 4.9 *M. mystacinus* türü *COXI* gen bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
Anadolu-Trakya	0,014±0,004	0,012±0,004
Anadolu-Avrupa	0,012±0,004	0,010±0,004
Trakya-Avrupa	0,002±0,002	0,002±0,004

M. mystacinus türünün Anadolu ve Avrupa populasyonları arasındaki filogenetik ilişkiler Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı ile ortaya konmuştur. HKY + G Parametresi'ne dayalı (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) Bayesian Dendrogramı'nda, her üç populusyona ait örnekler birbirlerinden tamamen ayrılmışlardır (pp= 1,00) (Şekil 4.5). Anadolu ve Trakya kladlarında da politomi gözlenmektedir. Median-joining İlişki Ağı'na bakıldığında, Anadolu ve Avrupa+Trakya haplotipleri az sayıda mutasyon ile, ayrı gruplar olarak konumlanmıştır (Şekil 4.6). Haplotip 1 (H1) Trakya (Türkiye ve Bulgaristan örneklerini, Haplotip 19 ve 20 Trakya (Türkiye) örneklerini ve Haplotip 21 Ukrayna, Norveç ve Rusya örneklerini içermektedir ve bu haplotipler birbirlerine yakın konumlu olarak bir araya gelmişlerdir.

Ayrılma zamanlarına bakıldığında ise, Anadolu populusyonu Avrupa populusyonundan 0,210 MYÖ ayrılmıştır. Trakya (Türkiye ve Bulgaristan) populusyonunun Ukrayna-Norveç-Rusya populusyonundan farklılaşması ise 0,08 MYÖ başlamıştır.



- Anadolu
- Trakya (Türkiye, Bulgaristan)
- Ukrayna, Norveç, Rusya

Şekil 4.6 *M. mystacinus* Anadolu ve Avrupa popülasyonlarına ait *COXI* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.4 *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865 Türünün nucDNA *IRBP* Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları

Bu tez çalışmasında *IRBP* gen bölgesinin yaklaşık 900 baz çiftlik bölgesi çoğaltılmış ve analizlerde 478 baz çiftlik bölge kullanılmıştır. Analizlerde 37 adedi Anadolu'dan, 12 adedi ise Trakya (Türkiye)'dan olmak üzere toplam 49 örnek çalışılmıştır.

Analizler sonucu belirlenen 13 adet haplotipin 10 adedi sadece Anadolu örneklerinden meydana gelirken, kalan 3 adet haplotip Anadolu ve Trakya örnekleri tarafından ortak haplotipler olarak paylaşılmıştır (Çizelge 4.10). Toplam haplotip çeşitliliği (H_d) 0,844 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.11) Anadolu popülasyonundaki haplotip çeşitliliği (H_d = 0,872), Trakya popülasyonuna göre daha yüksek çıkmıştır (H_d = 0,439). Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) ise 0,003 olup, Anadolu popülasyonunda P_i = 0,003, Trakya popülasyonunda ise P_i = 0,001 olarak hesaplanmıştır. Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı da Anadolu popülasyonda daha yüksek çıkmasına karşın genel olarak düşüktür.

M. mystacinus türünün Anadolu ve Trakya popülasyonlarının arasındaki ortalama genetik uzaklık değeri % 0,3, net genetik uzaklık değeri ise % 0 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.10 *M. mystacinus* IRBP bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Popülasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
Anadolu	Hap-3 (7)	Bilecik (3178), Erzurum (3488), Ordu (4704, 4707), Bursa (6074), Kocaeli (7336), Samsun (7563)
	Hap-5 (1)	Niğde (4529)
	Hap-6 (1)	Bursa (6060)
	Hap-7 (1)	Bursa (6064)
	Hap-8 (1)	Balıkesir (6081)
	Hap-9 (1)	Kocaeli (7327)
	Hap-10 (2)	Kocaeli (7328, 7330)
	Hap-11 (1)	Ordu (7386)
	Hap-12 (1)	Samsun (7566)
	Hap-13 (1)	Ankara (7639)
Anadolu+Trakya	Hap-1 (13)	Kırklareli (2378), Konya (3189), Erzurum (3486, 3487), Niğde (6005), Edirne (6591, 6592, 6593, 6596, 6597, 7120, 7126), Çanakkale (7127)
	Hap-2 (8)	Muş (3010), Bilecik (3179), Konya (3185, 3547, 3548), Kırklareli (6470), Kocaeli (7331, 7335)
	Hap-4 (11)	Konya (3190, 3546), Kırklareli (4371), Balıkesir (6095, 6097), Çanakkale (6107), Edirne (6595), Ankara (7648), Kastamonu (7681), Kocaeli (7333), Samsun (7563)

Çizelge 4.11 *M. mystacinus* IRBP bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

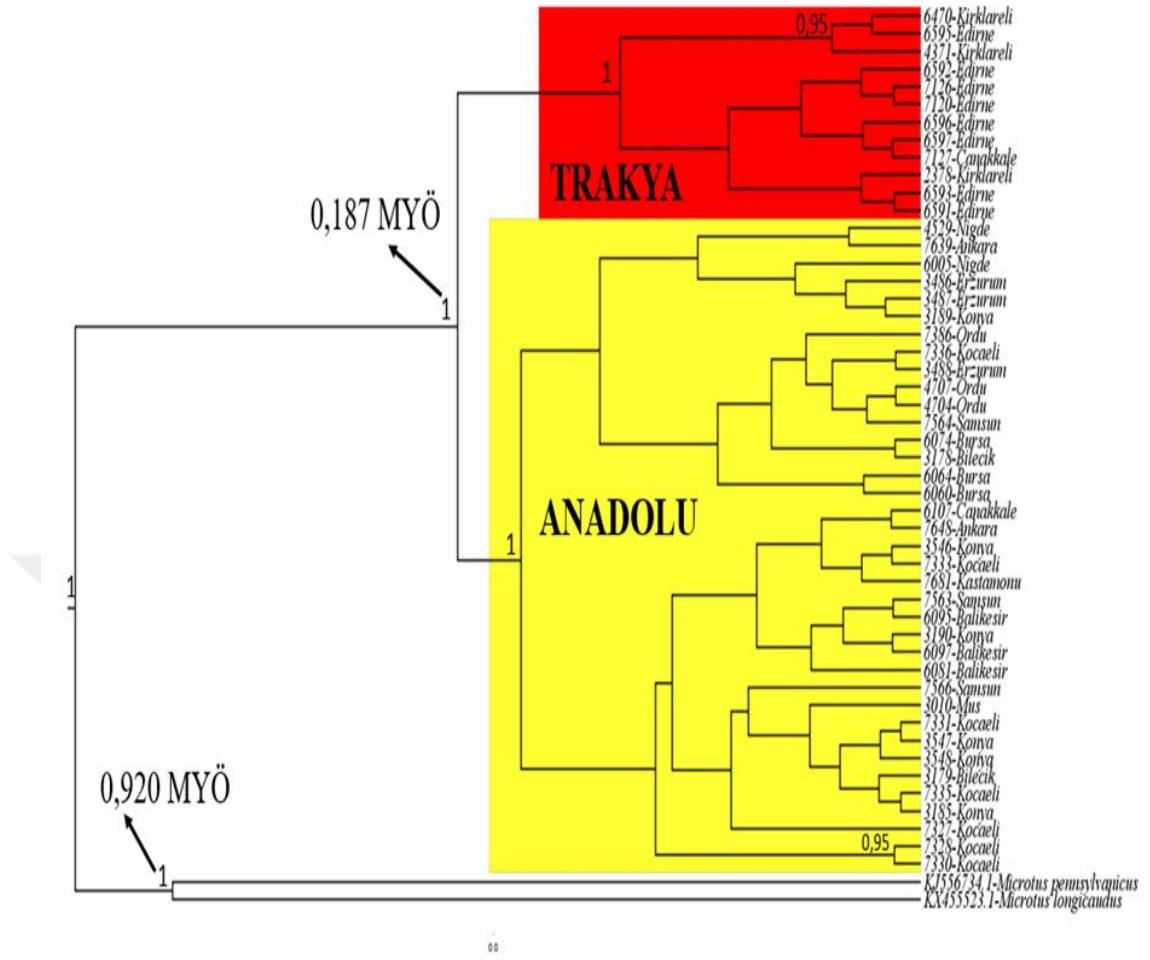
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
Anadolu	37	13	0,872	0,003	8	5	3	8
Trakya	12	3	0,439	0,001	2	1	1	2
Toplam	49	13	0,844	0,003	8	5	3	8

Çizelge 4.12 *M. mystacinus* türü IRBP gen bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
Anadolu-Trakya	0,003±0,001	0,000±0,000

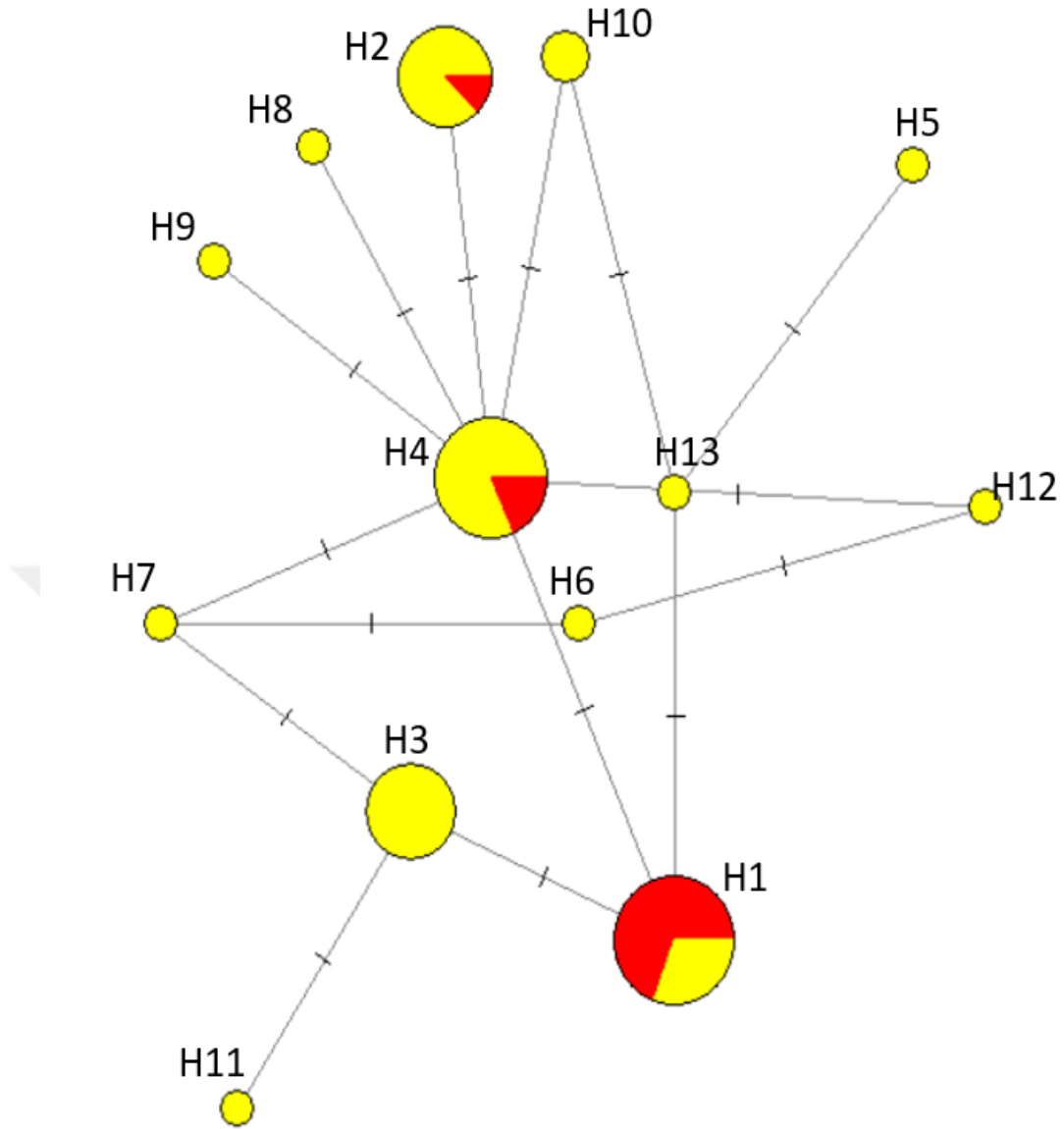
M. mystacinus türünün Anadolu ve Trakya populasyonları arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren Bayesian Dendrogramı, HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) kullanılarak oluşturulmuştur ve Anadolu ve Trakya örnekleri birbirlerinden tamamen ayrılmıştır (pp= 1,00) (Şekil 4.7). Anadolu populasyonu içinde de farklı kladlar düşük olasılık değerleri ile (pp<0,95) meydana gelmiş ancak lokalite veya bölge olarak net bir ayrım gözlenmemiştir. Median-joining İlişki Ağı'nda ise haplotipler az sayıda mutasyon ile karışık olarak konumlanmıştır (Şekil 4.8).

Anadolu ve Trakya populasyonları arası ayrılma zamanı ise 0,187 milyon yıl olarak hesaplanmıştır.



Şekil 4.7 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı *M. mystacinus* IRBP bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları

(Dallar üzerindeki sayılar % 95 ve üzeri posterior probability (pp) değerlerini göstermektedir)



 Anadolu

 Trakya

Şekil 4.8 *M. mystacinus* Anadolu ve Trakya populasyonlarına ait *IRBP* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.5 *Microtus subterraneus* de Selys Longchamps, 1836-*Microtus majori* Thomas 1906 Türlerinin mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Gen Bölgesi Analizi

Microtus majori ve *M. subterraneus* türlerine ait 24 adet örneğin COXI gen bölgesi çoğaltılmış ve analizlerde 529 baz çiftlik bölge kullanılmıştır. Bu örneklerin 7 adedi *M. majori* türüne ait iken, 5 adedi Trakya popülasyonu örneği ve 12 adedi Anadolu popülasyonu örneği olmak üzere *M. subterraneus* türüne ait 17 adet örnek kullanılmıştır.

Analizler sonucu söz konusu 2 türe ait 20 adet haplotip belirlenmiştir. *M. majori* türüne ait 5 haplotip tespit edilmiştir. Kalan 15 adet haplotip *M. subterraneus* türüne ait olup, 11 adedi Anadolu, 4 adedi Avrupa (3 adedi Trakya ve 1 adedi İsviçre) örneğine aittir (Çizelge 4.13). Toplam haplotip çeşitliliği (H_d) 0,986 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.14). *M. subterraneus* Anadolu popülasyonundaki haplotip çeşitliliği ($H_d= 0,985$), *M. subterraneus* Avrupa popülasyonuna ve *M. majori* türüne göre daha yüksek çıkmıştır ($H_d=$ sırası ile 0,900 ve 0,905). Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) ise 0,086 olup, her 2 türde birbirine yakındır. Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı da *M. majori* ve *M. subterraneus* Anadolu popülasyonunda *M. subterraneus* Avrupa popülasyonuna göre nispeten yüksektir.

M. majori türünün *M. subterraneus* Avrupa ve Anadolu popülasyonları ile arasındaki ortalama genetik uzaklık değerleri % 15,4 ve % 15,6; net genetik uzaklık değerlerinin her ikisi de % 11,0'dır. *M. subterraneus* Avrupa ve Anadolu popülasyonları arasındaki ortalama genetik uzaklık değeri % 5,6 ve net genetik uzaklık değeri % 1,3 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.13 *M. majori* ve *M. subterraneus* türleri COXI bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>M. subterraneus</i> (Avrupa)	Hap-1 (2)	Kırkclareli (2354, 2355)
	Hap-2 (1)	Kırkclareli (2361)
	Hap-3 (1)	Kırkclareli (2362)
	Hap-4 (1)	İsviçre (AY332685.1)
<i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	Hap-5 (1)	Kazdağı (4959)
	Hap-6 (1)	Kazdağı (4958)
	Hap-7 (1)	Karabük (4551)
	Hap-8 (1)	Karabük (4552)
	Hap-9 (1)	Karabük (4553)
	Hap-10 (1)	Karabük (4554)
	Hap-11 (2)	Samsun (7562, 7565)
	Hap-12 (1)	Kocaeli (7303)
	Hap-13 (1)	Sakarya (7392)
	Hap-16 (1)	Giresun (4696)
	Hap-20 (1)	Sakarya (7392)
<i>M. majori</i>	Hap-14 (1)	Ordu (7337)
	Hap-15 (2)	Ordu (7384, 7385)
	Hap-17 (1)	Artvin (7428)
	Hap-18 (1)	Artvin (7427)
	Hap-19 (2)	Artvin (5384, 7426)

Çizelge 4.14 *M. majori* ve *M. subterraneus* türleri COXI bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

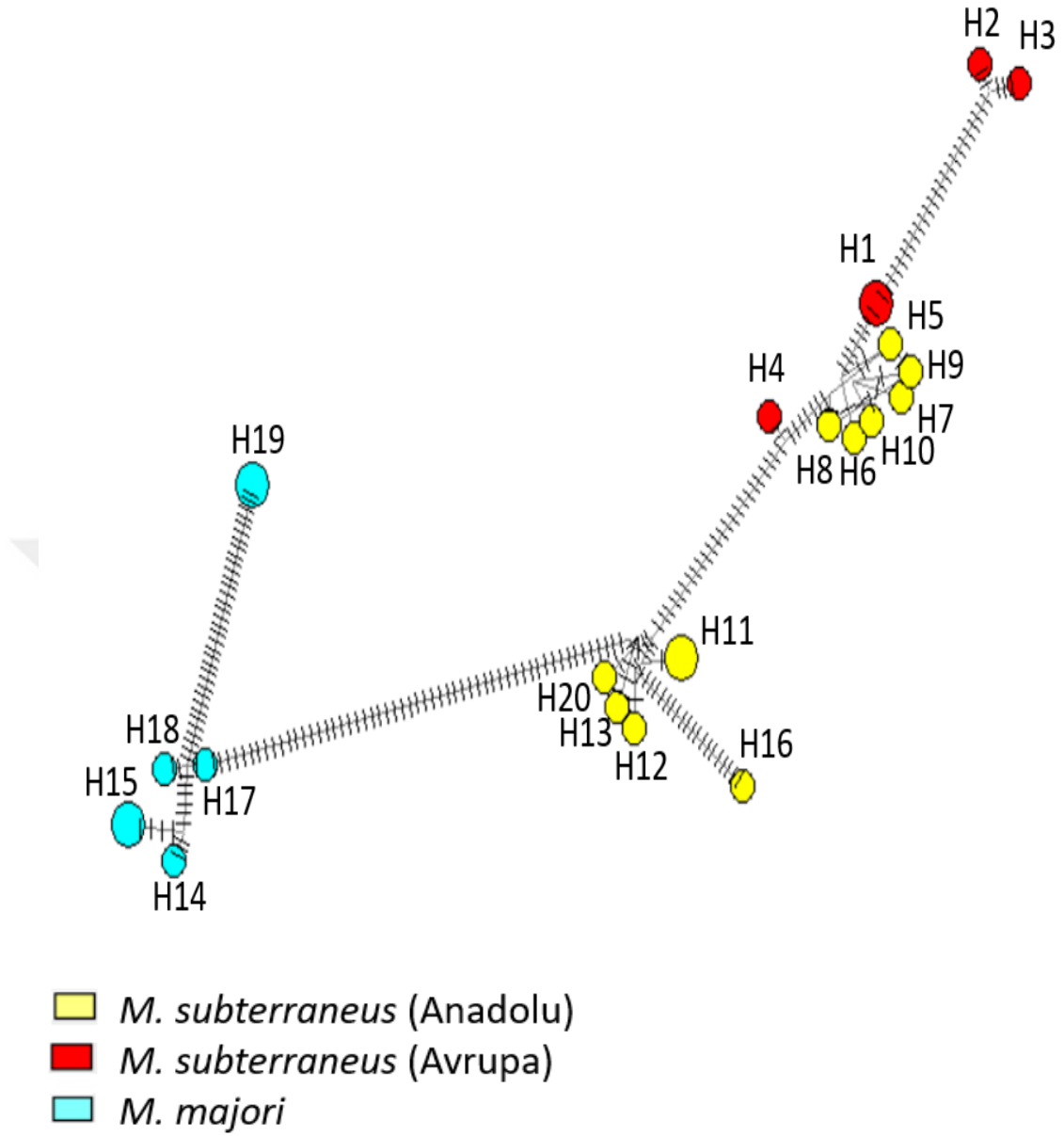
	Örnek Sayısı	Haplotip Sayısı	Haplotip Çeşitliliği (H_d)	Nükleotit Çeşitliliği (P_i)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
<i>M. subterraneus</i> (Avrupa)	5	4	0,900	0,040	40	24	16	42
<i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	12	11	0,985	0,041	52	38	14	55
<i>M. majori</i>	7	5	0,905	0,044	51	45	6	51
Toplam	24	20	0,986	0,086	130	117	13	149

Çizelge 4.15 *M. majori* ve *M. subterraneus* türleri COXI bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
<i>M. subterraneus</i> (Avrupa)- <i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	0,056±0,007	0,013±0,003
<i>M. majori</i> - <i>M. subterraneus</i> (Avrupa)	0,154±0,002	0,110±0,010
<i>M. majori</i> - <i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	0,156±0,001	0,110±0,018

HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) kullanılarak Bayesian Dendrogramı oluşturulmuştur ve *M. majori*, *M. subterraneus* (Anadolu) ve *M. subterraneus* (Avrupa) populasyonları birbirlerinden tamamen ayrılmıştır (pp= 0,94-1,00) (Şekil 4.9). Anadolu populasyonu içinde de Kocaeli, Kazdağı, Karabük ve Sakarya, Samsun, Giresun olmak üzere iki farklı hat meydana gelmiştir (pp= 1,00). Median-joining İlişki Ağı'nda ise söz konusu türler birbirlerinden ayrılmıştır. (Şekil 4.10). *M. subterraneus* Anadolu populasyonunda Kazdağı, Karabük ve Kocaeli, Sakarya, Samsun, Giresun olmak üzere iki grup meydana gelmiştir. *M. subterraneus* Avrupa populasyonu ise Anadolu populasyonu (Kazdağı, Karabük grubu) ile bir araya gelmiştir.

M. majori *M. subterraneus* türünden 1,28 MYÖ ayrılırken, *M. subterraneus* türü Anadolu ve Avrupa populasyonları 0,420 MYÖ ayrılmıştır.



Şekil 4.10 *M. majori* ve *M. subterraneus* türlerine ait *COXI* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı
(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.6 *Microtus subterraneus* de Selys Longchamps, 1836-*Microtus majori* Thomas, 1906 Türlerinin nucDNA IRBP Gen Bölgesi Analizi

23 adet *Microtus majori* ve *M. subterraneus* örneğinin IRBP gen bölgesi çoğaltılmış ve hizalama ve budalama işlemleri ile elde edilen 440 baz çiftlik bölge analiz edilmiştir. Belirlenen 6 adet haplotipin 2 adedi *M. majori* türüne ait iken, 3 adet haplotip *M. subterraneus* Anadolu popülasyonuna aittir. Kalan 1 haplotip *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya örnekleri arasında paylaşılmaktadır (Çizelge 4.16). Toplam haplotip çeşitliliği (H_d) 0,794 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.17) *M. subterraneus* Anadolu popülasyonundaki haplotip çeşitliliği $H_d = 0,742$ ve *M. majori* popülasyonunda $H_d = 0,571$ olarak hesaplanırken, *M. subterraneus* Trakya popülasyonunda 0 (sıfır) olarak bulunmuştur. Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) ise 0,004'tür ve *M. majori* ve *M. subterraneus* Anadolu popülasyonunda $P_i = 0,002$ 'dir. *M. subterraneus* Trakya popülasyonunda P_i değeri 0 (sıfır) olarak bulunmuştur. Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı *M. majori* ve *M. subterraneus* Anadolu popülasyonunda düşük ve birbirine yakın iken, bu değerler *M. subterraneus* Trakya popülasyonunda 0 (sıfır)'dır.

M. majori ile *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya popülasyonlarının arasındaki ortalama genetik uzaklık değerleri sırası ile % 0,6 ve % 0,4, net genetik uzaklık değeri ise sırası ile % 0,3 ve % 0,4 olarak bulunmuştur. *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya popülasyonlarının arasındaki ortalama genetik uzaklık değeri % 0,1 ve net genetik uzaklık değeri % 0,05'tir (Çizelge 4.18).

Çizelge 4.16 *M. majori* ve *M. subterraneus* türleri *IRBP* bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>M. subterraneus</i> (Trakya+Anadolu)	Hap-1 (9)	Kırklareli (2354, 2355, 2361, 2362), Giresun (4696), Sakarya (7392, 7393), Samsun (7562, 7565)
<i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	Hap-2 (2)	Kazdağı (4958, 4959)
	Hap-3 (4)	Karabük (4551, 4552, 4553, 4554)
	Hap-4 (1)	Kocaeli (7303)
<i>M. majori</i>	Hap-5 (4)	Artvin (7426), Ordu (7337, 7384, 7385)
	Hap-6 (3)	Artvin (5384, 7427, 7428)

Çizelge 4.17 *M. majori* ve *M. subterraneus* türleri *IRBP* bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

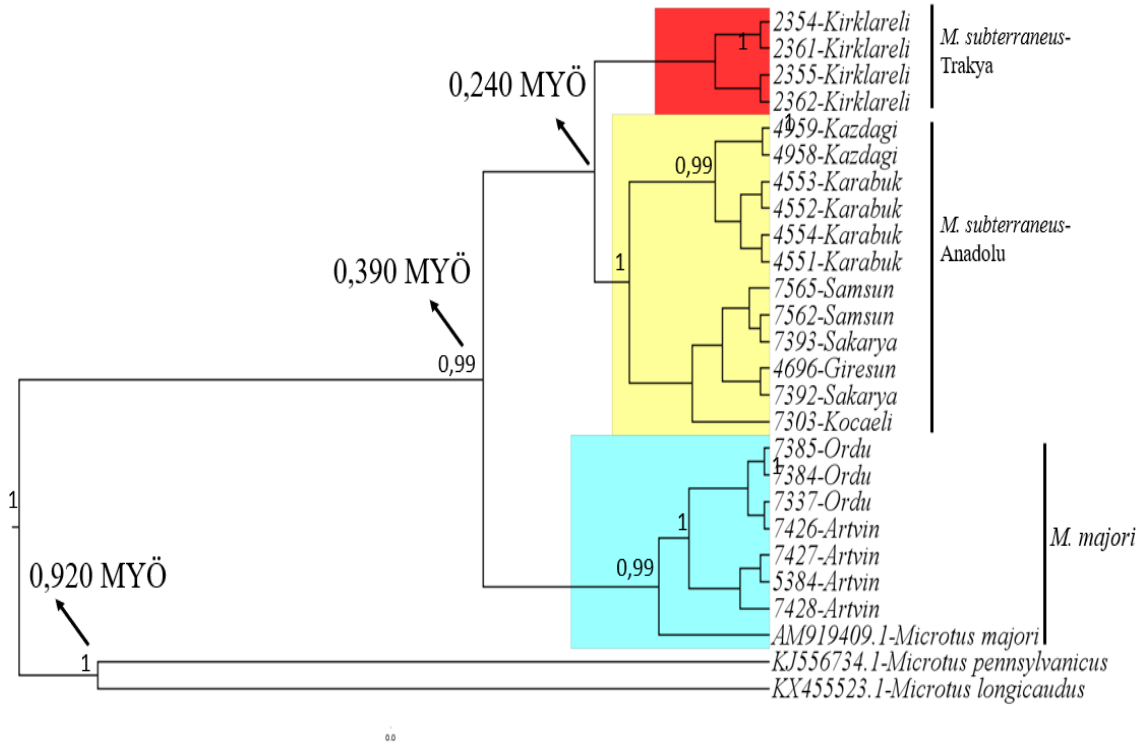
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (<i>H_d</i>)	Nükleotit Çeşitliliği (<i>P_i</i>)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informatif Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
<i>M. subterraneus</i> (Trakya)	4	1	0	0	0	0	0	0
<i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	12	4	0,742	0,002	3	2	1	3
<i>M. majori</i>	7	2	0,571	0,002	2	2	0	2
Toplam	23	6	0,794	0.004	6	5	1	6

Çizelge 4.18 *M. majori* ve *M. subterraneus* türleri *IRBP* bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
<i>M. subterraneus</i> (Trakya)- <i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	0,001±0,001	0,0005±0,000
<i>M. majori</i> - <i>M. subterraneus</i> (Trakya)	0,004±0,002	0,004±0,002
<i>M. majori</i> - <i>M. subterraneus</i> (Anadolu)	0,006±0,003	0,003±0,000

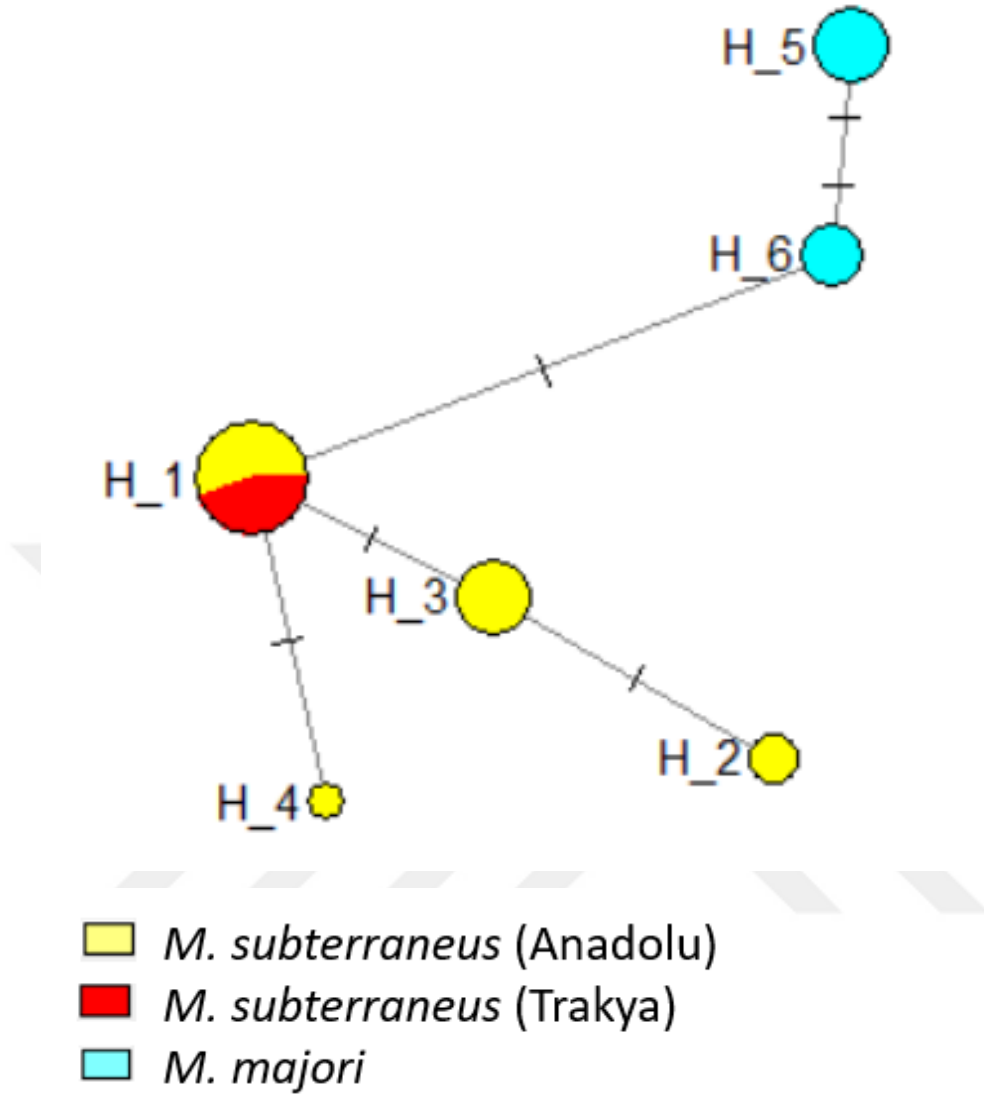
HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) kullanılarak oluşturulan Bayesian Dendrogramı'nda *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya örnekleri birbirlerinden pp= 0,50 ile *M. subterraneus* ve *M. majori* türleri de birbirlerinden pp= 0,99 ile tamamen ayrılmıştır (Şekil 4.11). *M. subterraneus* Anadolu popülasyonu içinde Kazdağı, Karabük ile Samsun, Giresun, Kocaeli ve Sakarya olmak üzere iki grup meydana gelmiştir (pp= 1,00). Median-joining İlişki Ağı'nda ise söz konusu 2 türe haplotipler oldukça az sayıda mutasyon ile birbirlerinden ayrılmışlardır. *M. subterraneus* türü Trakya örnekleri Anadolu örnekleri ile ortak haplotip oluşturmuşlar; bu haplotip ile diğer Anadolu haplotipleri de bir araya gelmişlerdir (Şekil 4.12).

M. majori *M. subterraneus* türünden 0,390 MYÖ ayrılırken, *M. subterraneus* türü Anadolu ve Avrupa popülasyonları birbirlerinden 0,240 MYÖ ayrılmıştır.



Şekil 4.11 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı *M. majori* ve *M. subterraneus* türleri IRBP bölgesi Bayesian Dendrogramı

(Dallar üzerindeki sayılar % 95 ve üzeri posterior probability (pp) değerlerini göstermektedir)



Şekil 4.12 *M. majori* ve *M. subterraneus* türlerine ait *IRBP* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.7 Guentheri Grubu Türlerin mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Gen Bölgesi Analizi

Guentheri grubuna ait *Microtus guentheri*, *M. hartingi*, *M. lydius* ve *M. dogramacii* örneklerinin yanısıra GenBank'dan alınan 2 adet *M. socialis* örneği 552 baz çiftlik *COXI* gen bölgesi analizlerinde kullanılmıştır. Belirlenen 17 adet haplotipin 4 adedi *M. guentheri*, 2 adet *M. hartingi*, 5 adedi *M. lydius*, 5 adedi *M. dogramacii* ve 1 adedi *M. socialis* türüne aittir (Çizelge 4.19). Toplam haplotip çeşitliliği (*Hd*) 0,794 olarak

hesaplanırken en yüksek haplotip çeşitliliği *M. dogramacii* türünde çıkmıştır ($H_d=1,000$) (Çizelge 4.20). En düşük haplotip çeşitliliği *M. socialis* ($H_d= 0,000$) ve *M. hartingi*'de ($H_d= 0,250$) görülmektedir. Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) ise 0,004 olup, *M. dogramacii*, *M. lydius* ve *M. guentheri* türlerinde ($P_i= 0,031, 0,030, 0,032$) *M. socialis* ($P_i= 0,000$) ve *M. hartingi* ($H_d= 0,001$) türlerine göre daha yüksektir. Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı *M. lydius* ve *M. guentheri* türlerinde en yüksek, *M. socialis* türünde 0 (sıfır)'dır.

Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama genetik uzaklık değerleri % 2,4-7,5; net genetik uzaklık değerleri ise % 0,7-7,5 arasındadır (Çizelge 4.21).

Çizelge 4.19 Guentheri Grubu türleri ile *M. socialis* türü COXI bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>M. guentheri</i>	Hap-5 (2)	Adıyaman (6720, 6721)
	Hap-6 (1)	Kahramanmaraş (4807)
	Hap-7 (2)	Kahramanmaraş (3628, 3629)
	Hap-8 (1)	Kilis (2765)
<i>M. lydius</i>	Hap-1 (1)	Ankara (2118)
	Hap-2 (2)	Ankara (2968)
	Hap-3 (6)	Ankara (3253, 3309, 3907, 2352), Kocaeli (7295, 7332)
	Hap-11 (2)	Ankara (4852), Balıkesir (4843)
	Hap-17 (2)	Bolu (7608)
<i>M. hartingi</i>	Hap-15 (7)	Kırklareli (5549, 6480, 6481, 6483, 6488, 6498), Çanakkale (6919)
	Hap-16 (1)	Çanakkale (7083)
<i>M. dogramacii</i>	Hap-4 (1)	Çorum (3449)
	Hap-9 (1)	Amasya (4743)
	Hap-10 (1)	Amasya (4766)
	Hap-12 (1)	Amasya (4893)
	Hap-14 (1)	Amasya (4899)
<i>M. socialis</i>	Hap-13 (2)	Çin (KF152992.1, KF152993.1)

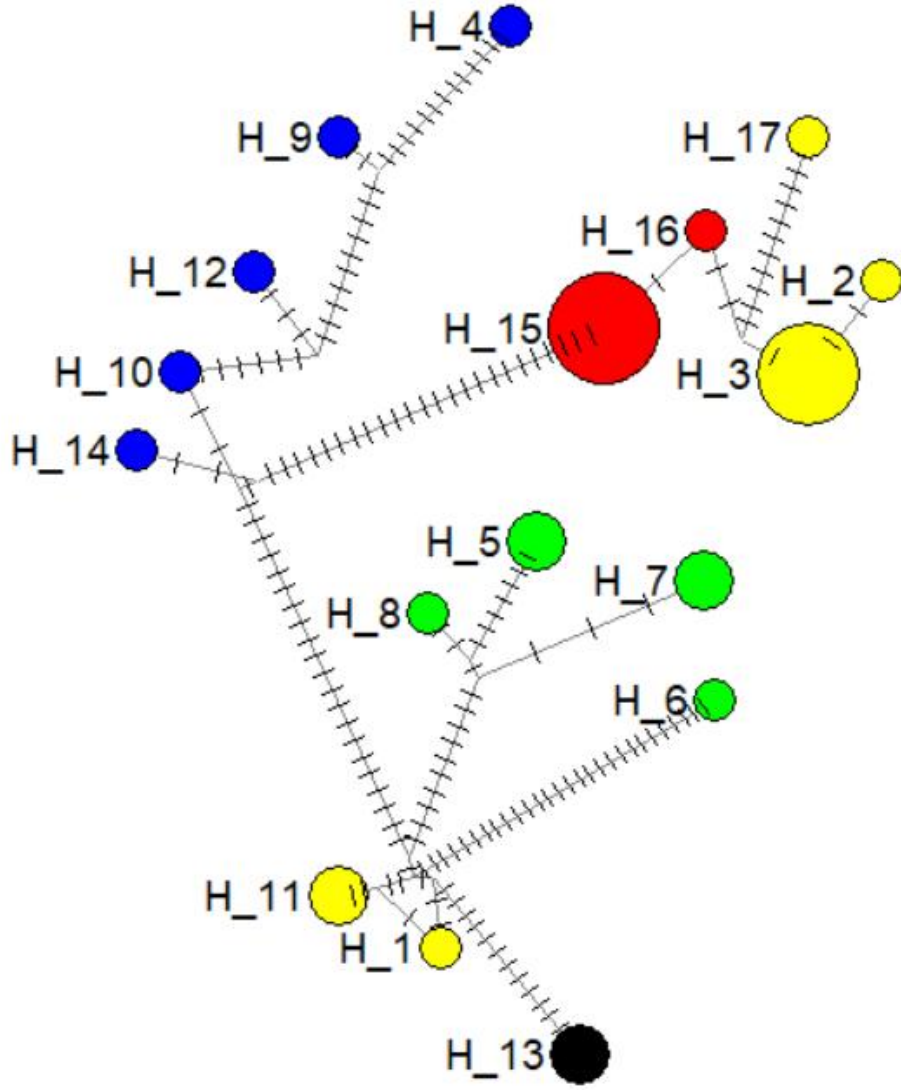
Çizelge 4.20 Guentheri Grubu türleri ile *M. socialis* türü *COXI* bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (<i>Hd</i>)	Nükleotit Çeşitliliği (<i>Pi</i>)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
<i>M. guentheri</i>	6	4	0,867	0,032	47	11	36	47
<i>M. lydius</i>	11	5	0,709	0,030	45	33	12	45
<i>M. hartingi</i>	8	2	0,250	0,001	1	0	1	1
<i>M. dogramacii</i>	5	5	1,000	0,031	35	18	17	35
<i>M. socialis</i>	2	1	0,000	0,000	0	0	0	0
Toplam	23	17	0,794	0,004	110	84	26	117

Çizelge 4.21 Guentheri Grubu türleri ile *M. socialis* türü *COXI* bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
<i>M. hartingi-M. lydius</i>	0,024±0,004	0,007±0,002
<i>M. hartingi-M. dogramacii</i>	0,058±0,004	0,042±0,008
<i>M. lydius-M. dogramacii</i>	0,062±0,008	0,029±0,005
<i>M. guentheri-M. dogramacii</i>	0,075±0,009	0,041±0,007
<i>M. socialis-M. dogramacii</i>	0,069±0,011	0,069±0,011
<i>M. hartingi-M. guentheri</i>	0,075±0,011	0,053±0,009
<i>M. hartingi-M. socialis</i>	0,075±0,012	0,075±0,012
<i>M. lydius-M. guentheri</i>	0,070±0,009	0,037±0,006
<i>M. lydius-M. socialis</i>	0,065±0,010	0,049±0,008
<i>M. guentheri-M. socialis</i>	0,044±0,007	0,027±0,006

HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) baz alınarak oluşturulan Bayesian Dendrogramı'nda söz konusu türler birbirlerinden tamamen ayrılmıştır (pp= 0,76-1,00) (Şekil 4.13). *M. dogramacii* *M. hartingi/lydius*'a daha yakın olarak konumlanmıştır (pp=0,97). Median-joining İlişki Ağı'nda ise *M. dogramacii* türü *M. hartingi* haplotiplerine en yakın olacak şekilde ayrı bir grup oluşturmuştur. *M. guentheri/M. hartingi/M. lydius* haplotipleri birbirlerinden ayrılmamışlardır (Şekil 4.14).



- *M. dogramacii*
- *M. lydius*
- *M. hartingi*
- *M. guentheri*
- *M. socialis*

Şekil 4.14 Guentheri Grubu türleri ile *M. socialis* türüne ait *COXI* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.8 Guentheri Grubu Türlerin nucDNA IRBP Gen Bölgesi Analizi

6 adet *Microtus guentheri*, 11 adet *M. hartingi*, 6 adet *M. lydius* ve 4 adet *M. dogramacii* ve 1 adet *M. socialis* örneğine ait 609 baz çiftlik IRBP gen bölgesi analiz edilmiştir. Toplamda 10 adet haplotip elde edilmiş olup, 3 adedi *M. guentheri*, 1'er adedi *M. hartingi*, *M. dogramacii* ve *M. socialis*, 2 adedi *M. lydius* türüne aittir; 1'er adet haplotip *M. hartingi* ve *M. lydius* örnekleri ile *M. hartingi* ve *M. guentheri* örneklerini içermektedir (Çizelge 4.22). Toplam haplotip çeşitliliği (H_d) 0,767 olarak bulunmuştur ve en yüksek haplotip çeşitliliği *M. guentheri* ($H_d = 0,867$) türünde ve düşük haplotip çeşitliliği ise *M. dogramacii* ($H_d = 0,000$) türündedir (Çizelge 4.23). Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) 0,009'dur ve *M. lydius* türünde en yüksek çıkmıştır ($P_i = 0,008$). *M. dogramacii* türünde $P_i = 0,000$ olarak bulunmuştur. Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı *M. lydius* örneğinde en yüksek, *M. dogramacii* türünde 0 (sıfır)'dır. *M. socialis* türünde 1 örnek çalışıldığı için genetik çeşitlilik değerleri yorumlanmamıştır.

Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı genetik ortalama genetik uzaklık değerleri % 0,5-2,3, net genetik uzaklık değerleri ise % 0-2,3 arasındadır (Çizelge 4.24).

Çizelge 4.22 *Guentheri* Grubu türleri ile *M. socialis* türü IRBP bölgesine ait haplotipleri ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Populasyon	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>M. guentheri</i>	Hap-1 (2)	Adıyaman (6720), Kilis (2765)
	Hap-3 (1)	Kahramanmaraş (3629)
	Hap-4 (1)	Kahramanmaraş (3628)
<i>M. guentheri</i> + <i>M. hartingi</i>	Hap-2 (2)	Kırklareli- <i>M. hartingi</i> (6498) Kahramanmaraş- <i>M. guentheri</i> (4807) Türkiye- <i>M. guentheri</i> (KX455521.1)
<i>M. lydius</i>	Hap-7 (1)	Balıkesir (4843)
	Hap-8 (2)	Ankara (4852),
<i>M. hartingi</i>	Hap-10 (7)	Kırklareli (6482)
<i>M. lydius</i> + <i>M. hartingi</i>	Hap-5 (13)	Ankara (2352, 3253, 3309, 3907) Çanakkale (6919, 7083) Kırklareli (5549, 5550, 5553, 6480, 6481, 6486, 6488)
<i>M. dogramacii</i>	Hap-6 (4)	Çorum (3449), Amasya (4743, 4766, 4893)
<i>M. socialis</i>	Hap-9 (1)	Iran (KP057389.1)

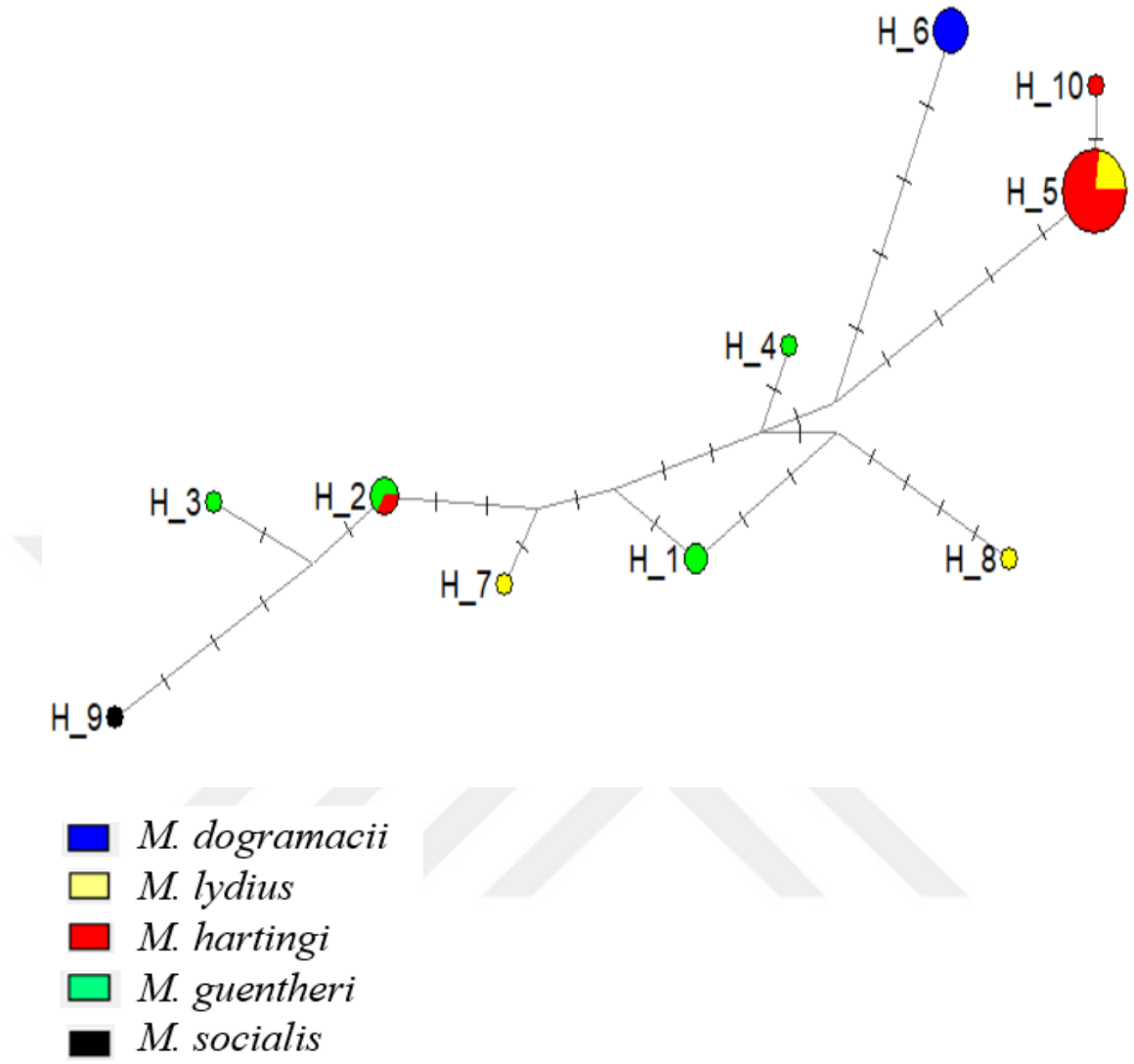
Çizelge 4.23 Guentheri grubu türleri ile *M. socialis* türü *IRBP* bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (<i>Hd</i>)	Nükleotit Çeşitliliği (<i>Pi</i>)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
<i>M. guentheri</i>	6	4	0,867	0,006	8	4	4	8
<i>M. lydius</i>	6	3	0,600	0,008	13	4	9	13
<i>M. hartingi</i>	11	3	0,345	0,002	7	0	7	7
<i>M. dogramacii</i>	4	1	0,000	0,000	0	0	0	0
<i>M. socialis</i>	1	1	1,000	0,000	0	0	0	0
Toplam	28	10	0,767	0,009	23	13	10	23

Çizelge 4.24 Guentheri grubu türleri ile *M. socialis* türü *IRBP* bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
<i>M. hartingi-M. lydius</i>	0,005±0,003	0,000±0,002
<i>M. hartingi-M. dogramacii</i>	0,013±0,004	0,012±0,004
<i>M. lydius-M. dogramacii</i>	0,014±0,004	0,009±0,003
<i>M. guentheri-M. dogramacii</i>	0,015±0,004	0,011±0,003
<i>M. socialis-M. dogramacii</i>	0,023±0,006	0,023±0,006
<i>M. hartingi-M. guentheri</i>	0,011±0,004	0,007±0,002
<i>M. hartingi-M. socialis</i>	0,015±0,005	0,014±0,004
<i>M. lydius-M. guentheri</i>	0,010±0,003	0,003±0,001
<i>M. lydius-M. socialis</i>	0,015±0,004	0,011±0,004
<i>M. guentheri-M. socialis</i>	0,009±0,003	0,006±0,003

HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) ile oluşturulan Bayesian Dendrogramı'nda *M. dogramacii* diğer türlerden yüksek olasılık değeri ile (pp= 0,94) ayrılmıştır. Diğer taraftan, *M. hartingi* *M. lydius*, *M. guentheri* ve *M. socialis* türlerinden, *M. lydius*, *M. guentheri* ve *M. socialis* türlerinden düşük olasılık değeri ile (pp= 0,32 ve 0,35) ayrılmıştır. *M. socialis* İran örneği ile *M. guentheri* örnekleri de aynı klada yerleşmiştir (pp= 0,99) (Şekil 4.15). Median-joining İlişki Ağı'nda ise *M. dogramacii* türü *M. hartingi* haplotiplerine en yakın olacak şekilde ayrı bir grup



Şekil 4.16 Guentheri grubu türleri ile *M. socialis* türüne ait *IRBP* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.9 *Chionomys* Miller, 1908 Cinsi mtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Gen Bölgesi Analizi

507 baz çiftlik *COXI* gen dizileri kullanılarak *Chionomys nivalis* (6 adet), *C. roberti* (10 adet) ve *C. gud* (8 adet) türleri ile *Microtus* cinsine ait örnekler (51 adet) analiz edilmiştir. Elde edilen 16 adet haplotip 4, 5 ve 7 adet olmak üzere sırası ile *C. roberti*, *C. nivalis* ve *C. gud* türlerine aittir (Çizelge 4.25). Toplam haplotip çeşitliliği (Hd) 0,946 olup, *C. nivalis* ($Hd= 0,933$) ve *C. gud* ($Hd= 0,964$) türlerinde *C. roberti* türüne göre ($Hd= 0,711$) yüksektir. Toplam nükleotit çeşitliliği (Pi) 0,090'dır ve *C. gud* türünde en yüksektir ($Pi= 0,052$). Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı en yüksek *C. gud* ve ardından *C. nivalis* türlerindedir; *C. roberti* türünde diğer türlere göre oldukça düşük çıkmıştır (Çizelge 4.26).

Ortalama genetik uzaklık değerleri *Chionomys* türleri arasında % 14,6-14,9, *Chionomys* ve *Microtus* cinsleri arasında % 18,5 iken, net genetik uzaklık değerleri ise *Chionomys* türleri arasında % 11,4-14,3, *Chionomys* ve *Microtus* cinsleri arasında % 7,4'tür (Çizelge 4.27).

Çizelge 4.25 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi *COXI* gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Cins	Türler ve Haplotipler	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>Chionomys</i>	<i>C. nivalis</i>	
	Hap-43 (2)	Ordu (4702), Giresun (4711)
	Hap-44 (1)	Giresun (4694)
	Hap-45 (1)	Giresun (4703)
	Hap-46 (1)	Ordu (4706)
	Hap-47 (1)	Ordu (4701)
	<i>C. gud</i>	
	Hap-34 (1)	Rize (4672)
	Hap-35 (1)	Bayburt (4685)
	Hap-36 (1)	Bayburt (4695)
	Hap-40 (1)	Rize (7410)
	Hap-41 (1)	Rize (7418)
	Hap-42 (2)	Rize (7429, 7430)
	Hap-48 (1)	Rize (7413)
	<i>C. roberti</i>	

Çizelge 4.25 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi COXI gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları (devam)

Cins	Türler ve Haplotipler	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>Chionomys</i>	Hap-1 (1)	Trabzon (2351)
	Hap-37 (5)	Rize (5342, 6340, 6342, 6372, 7417)
	Hap-38 (1)	Rize (5399)
	Hap-39 (3)	Rize (6338, 6339, 6392)
<i>Microtus</i>	<i>M. lydius</i>	
	Hap-2 (1)	Ankara (2968)
	Hap-3 (2)	Ankara (3309), Kocaeli (7333)
	Hap-10 (1)	Balıkesir (4843)
	Hap-15 (1)	Bolu (7608)
	<i>M. hartingi</i>	
	Hap-14 (5)	Çanakkale (6919, 7083), Kırklareli (6483, 6488, 6498)
	<i>M. dogramacii</i>	
	Hap-4 (1)	Çorum (3449)
	Hap-8 (1)	Amasya (4743)
	Hap-9 (1)	Amasya (4766)
	Hap-11 (1)	Amasya (4893)
	Hap-13 (1)	Amasya (4899)
	<i>M. guentheri</i>	
	Hap-5 (2)	Adıyaman (6720, 6721)
	Hap-6 (1)	Kahramanmaraş (4807)
	Hap-7 (1)	Kilis (2765)
	<i>M. socialis</i>	
	Hap-12 (2)	Çin (KF152992.1, KF152993.1)
	<i>M. arvalis</i>	
	Hap-16 (2)	Ardahan (6368, 6369)
	Hap-17 (2)	Rusya (JF499317.1), Çin (KP190308.1)
	Hap-18 (1)	Çin (KP190309.1)
	Hap-19 (1)	Macaristan (M20)
	Hap-20 (1)	Macaristan (M21)
	Hap-21 (1)	Sırbistan (S1)
	Hap-22 (1)	Sırbistan (S24)
	<i>M. subterraneus</i>	
	Hap-24 (1)	İsviçre (AY332685.1)
	Hap-25 (1)	Sakarya (7393)
	Hap-26 (1)	Kazdağı (4959)
	Hap-27 (1)	Samsun (7562)
	Hap-28 (1)	Samsun (7565)
	Hap-29 (1)	Sakarya (7393)

Çizelge 4.25 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi COXI gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları (devam)

Cins	Türler ve Haplotipler	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>Microtus</i>	<i>M. majori</i>	
	Hap-30 (1)	Ordu (7337)
	Hap-31 (2)	Ordu (7384, 7385)
	Hap-32 (1)	Artvin (7428)
	Hap-33 (1)	Artvin (7426)
	<i>M. mystacinus</i>	
	Hap-49 (1)	Erzurum (3487)
	Hap-50 (1)	Kastamonu (7681)
	Hap-51 (1)	Muş (3010)
	Hap-52 (2)	Izmir (3140), Bursa (6074)
	Hap-53 (1)	Niğde (6005)
	Hap-54 (1)	Edirne (6591)
	Hap-55 (2)	Edirne (6593, 6596)
	Hap-33 (1)	Artvin (7426)

Çizelge 4.26 *Chionomys* cinsi COXI gen bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

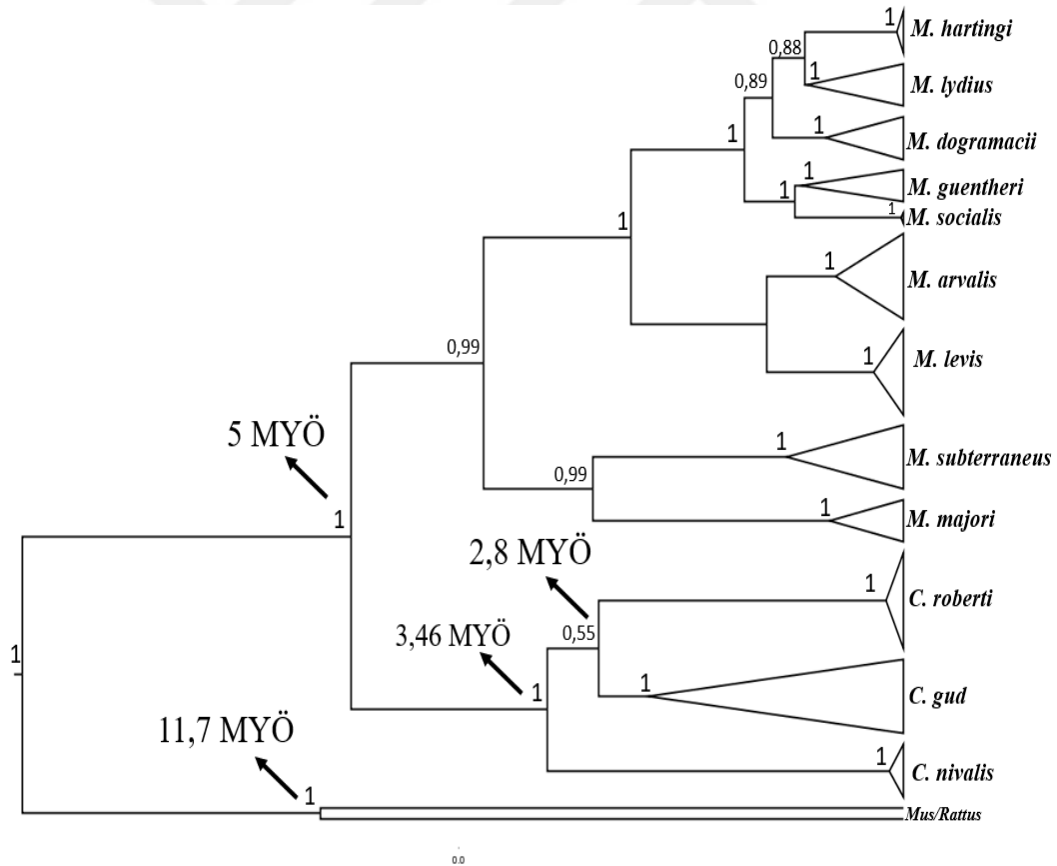
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
<i>C. nivalis</i>	6	5	0,933	0,003	60	60	1	61
<i>C. roberti</i>	10	4	0,711	0,004	9	4	5	9
<i>C. gud</i>	8	7	0,964	0,052	74	69	5	74
Toplam	24	16	0,946	0,090	111	105	5	116

Çizelge 4.27 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi COXI gen bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (d) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
<i>C. nivalis</i> - <i>C. gud</i>	0,149±0,014	0,118±0,006
<i>C. nivalis</i> - <i>C. roberti</i>	0,147±0,018	0,143±0,019
<i>C. gud</i> - <i>C. roberti</i>	0,146±0,017	0,114±0,015
<i>Chionomys</i> - <i>Microtus</i>	0,185±0,015	0,074±0,009

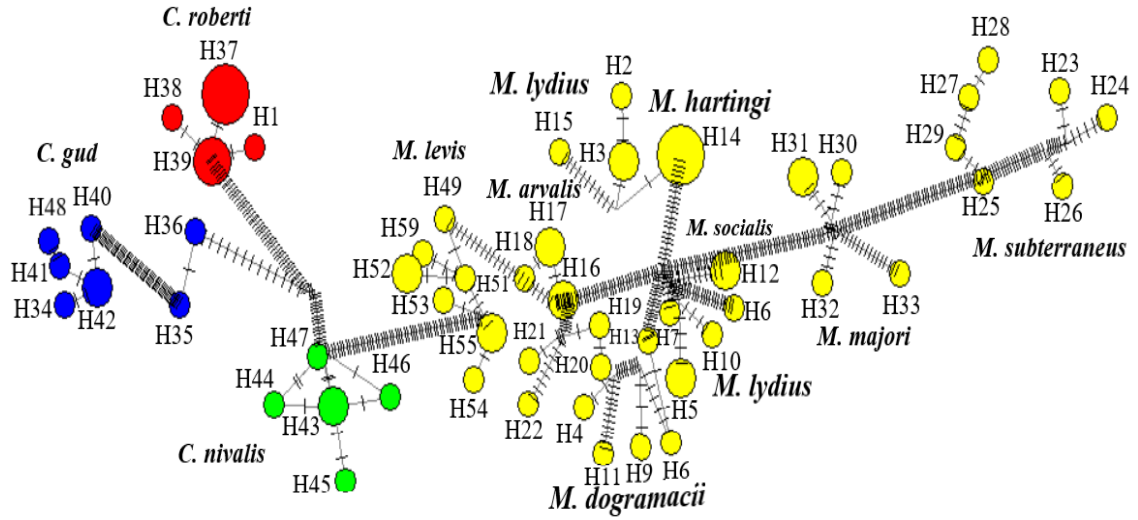
HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) ile oluşturulan Bayesian Dendrogramı'nda *C. gud* ve *C. roberti* türleri birbirlerinden (pp= 0,55) ve *C. nivalis* türünden ayrılmıştır (pp= 1,00). Diğer taraftan, *Chionomys* cinsi *Microtus* cinsinden pp= 1,00 ile tamamen ayrılmıştır. *Microtus* türleri de kendi içlerinde pp= 0,88-1,00 değerleri ile ayrı kladlara yerleşmişlerdir (Şekil 4.17). Median-joining İlişki Ağı'nda ise Bayesian Dendrogramı'na benzer şekilde *Chionomys* türleri *C. roberti* ve *C. gud* daha yakın olmak üzere birbirlerinden ve *Microtus* cinsinden ayrılmıştır. *Microtus* türleri de birbirlerinden ayrı gruplar oluşturmakla birlikte, *COXI* belirteci *M. hartingi* ve *M. lydius* türleri için ayırıcı olmamıştır (Şekil 4.18).

Chionomys ve *Microtus* cinsinin ayrılma zamanı yaklaşık 5 MYÖ olarak hesaplanırken, *C. nivalis*, *C. roberti* ve *C. gud* türlerinden 3,46 MYÖ ayrılmış, *C. roberti* ve *C. gud* türleri ise 2,8 MYÖ önce birbirlerinden ayrılmıştır.



Şekil 4.17 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı *Chionomys* ve *Microtus* cinsi *COXI* gen bölgesi Bayesian Dendrogramı ve ayrılma zamanları

(Dallar üzerindeki sayılar % 95 ve üzeri posterior probability (pp) değerlerini göstermektedir)



Şekil 4.18 *Chionomys* ve *Microtus* cinsine ait COXI haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.10 *Chionomys* Miller, 1908 Cinsi nucDNA IRBP Gen Bölgesi Analizi

Chionomys nivalis (11 adet), *C. roberti* (10 adet) ve *C. gud* (6 adet) türleri ile *Microtus* cinsine ait örneklerin (76 adet) 419 baz çiftlik IRBP gen bölgesi analiz edilmiş ve toplam 29 haplotip elde edilmiştir. Bu haplotiplerin 2 adedi *C. nivalis*, 3 adedi *C. roberti* ve 4 adedi *C. gud* türlerine aittir (Çizelge 4.28). Toplam haplotip çeşitliliği (H_d) 0,831 olup, *C. gud* (H_d = 0,800) türünde en yüksek, *C. roberti* türünde (H_d = 0,378) en düşüktür. Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) 0,008'dir ve *C. nivalis* ve *C. gud* türlerinde (P_i = 0,008 ve 0,007) *C. roberti*'ye (P_i = 0,001) göre yüksektir. Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı en yüksek *C. gud* türünde olmakla birlikte birbirlerine yakındır (Çizelge 4.29).

Ortalama genetik uzaklık değerleri *Chionomys* türleri arasında % 0,8-1,3, *Chionomys* ve *Microtus* cinsleri arasında % 2,8 iken, net genetik uzaklık değerleri ise *Chionomys* türleri arasında % 0,3-0,5 ve *Chionomys* ve *Microtus* cinsleri arasında % 2,0'dır (Çizelge 4.30).

Çizelge 4.28 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi *IRBP* gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Cins	Türler ve Haplotipler	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>Chionomys</i>	<i>C. nivalis</i>	
	Hap-29 (5)	Ordu (4701, 4702, 4706), Giresun (4694, 4703)
	Hap-34 (6)	Portekiz (KT175904.1, KT175905.1), İberik Yarımadası (JX457671.1, JX457672.1, JX457673.1), Bilinmeyen Lokasyon (AM919424.1)
	<i>C. gud</i>	
	Hap-28 (1)	Bayburt (4695)
	Hap-32 (3)	Rize (74103, 7418, 7430)
	Hap-33 (1)	Rize (7429)
	Hap-35 (1)	Rusya (KX455510.1)
	<i>C. roberti</i>	
	Hap-27 (8)	Trabzon (2351), Rize (5342, 6338, 6339, 6340, 6372, 6392, 7417)
	Hap-30 (1)	Rize (5399)
	Hap-31 (1)	Rize (6342)
<i>Microtus</i>	<i>M. lydius</i>	
	Hap-24 (1)	Balıkesir (4843)
	Hap-25 (1)	Ankara (4852)
	<i>M. lydius</i> + <i>M. hartingi</i>	
	Hap-5 (14)	Ankara (2352, 3253, 3309, 3907), Çanakkale (6919, 7083), Kırklareli (5549, 5550, 5553, 6480, 6481, 6482, 6486, 6488)
	<i>M. dogramacii</i>	
	Hap-6 (4)	Çorum (3449), Amasya (4743, 4766, 4893, 4899)
	<i>M. guentheri</i>	
	Hap-1 (2)	Kilis (2765), Adıyaman (6720)
	Hap-2 (1)	Kahramanmaraş (4807)
	Hap-3 (1)	Kahramanmaraş (3628)
	Hap-3 (1)	Kahramanmaraş (3629)
	<i>M. socialis</i>	
	Hap-26 (1)	Iran (KP057389.1)
	<i>M. arvalis</i>	
	Hap-11 (8)	Ardahan (6369, 6378, 6379, 6380), Sırbistan (S42), Macaristan (M21), İberik Yarımadası (JX457689.1)

Çizelge 4.28 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi *IRBP* gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları (devam)

Tür	Haplotip	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>Microtus</i>	<i>M. arvalis</i>	
	Hap-12 (1)	Kars (6390)
	Hap-13 (1)	Iberik Yarımadası (JX457688.1)
	Hap-14 (1)	Macaristan (M19)
	Hap-15 (2)	Macaristan (M20), Sırbistan (S3)
	Hap-16 (1)	Sırbistan (S41)
	<i>M. mystacinus</i>	
	Hap-8 (4)	Muş (3010), Bilecik (3179), Konya (3548), Kırklareli (6470)
	Hap-19 (8)	Erzurum (3488), Ordu (4704), Bursa (6074), Kocaeli (7333), Samsun (7563)
	Hap-20 (1)	Niğde (4529)
	Hap-21 (1)	Balıkesir (6081)
	Hap-22 (1)	Samsun (7566)
	Hap-23 (1)	Ankara (7639)
	<i>M. subterraneus</i>	
	Hap-9 (4)	Kazdağı (4958, 4959), Karabük (4551, 4552)
	Hap-10 (3)	Sakarya (7392, 7393)
	<i>M. majori</i>	
	Hap-17 (4)	Ordu (7337, 7384, 7385), Artvin (7426)
	Hap-18 (3)	Artvin (5384, 7427, 7428)

Çizelge 4.29 *Chionomys* türleri *IRBP* gen bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

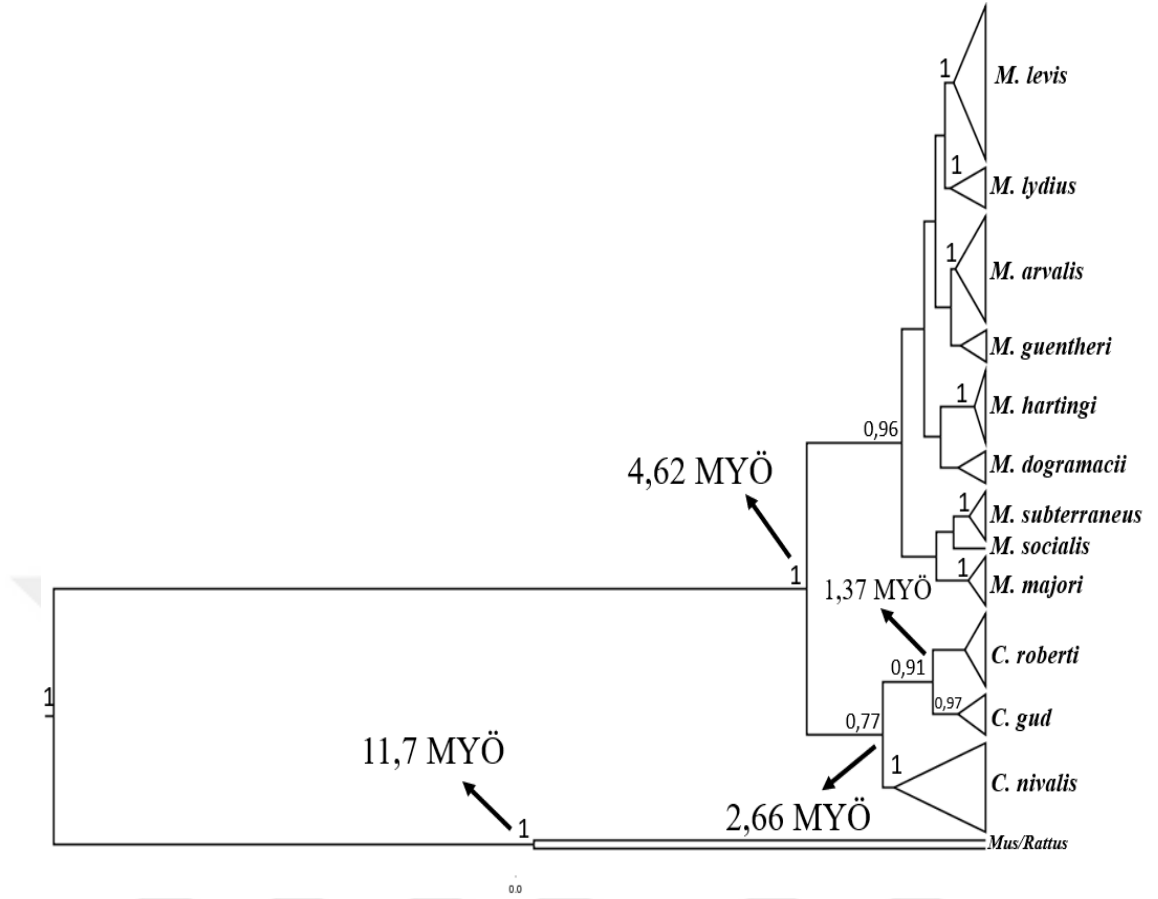
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (<i>Hd</i>)	Nükleotit Çeşitliliği (<i>Pi</i>)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
<i>C. nivalis</i>	11	2	0,545	0,006	5	0	5	5
<i>C. roberti</i>	10	3	0,378	0,001	2	0	2	2
<i>C. gud</i>	6	4	0,800	0,007	8	1	7	8
Toplam	27	9	0,831	0.008	13	7	6	13

Çizelge 4.30 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi *IRBP* gen bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapma değerleri

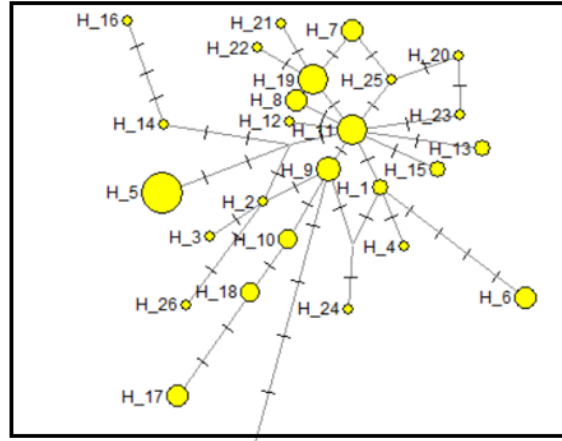
	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
<i>C. nivalis</i> - <i>C. gud</i>	0,013±0,009	0,004±0,002
<i>C. nivalis</i> - <i>C. roberti</i>	0,008±0,003	0,003±0,001
<i>C. gud</i> - <i>C. roberti</i>	0,010±0,004	0,005±0,003
<i>Chionomys</i> - <i>Microtus</i>	0,028±0,007	0,020±0,006

HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) ile oluşturulan Bayesian Dendrogramı'nda *Chionomys* cinsi *Microtus* cinsinden $pp = 1.00$ ile tamamen ayrılmıştır. *C. gud*, *C. nivalis* ve *C. roberti* türleri birbirlerinden ayrılmıştır ($pp = 0,77-0,91$). *Microtus* türleri birbirlerinden ayrılmasına rağmen pp değerleri bir adet 0,96 olasılık değeri haricinde 0,50'den düşüktür ve yakın türler birbirlerinden uzak olarak konumlanmıştır (Şekil 4.19). Median-joining İlişki Ağı'nda ise *Chionomys* türleri biraraya gelmiş, ancak birbirlerinden ayrılmamışlardır. *Microtus* türlerine ait haplotipler de içiçe geçmiştir (Şekil 4.20).

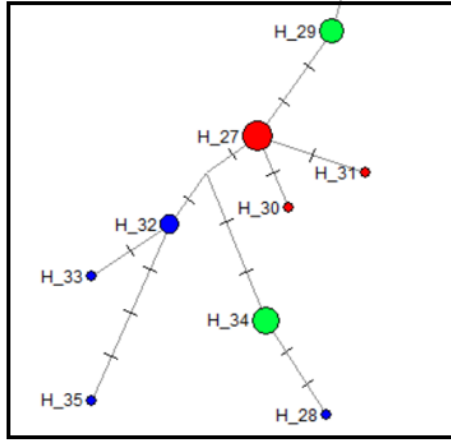
Chionomys ve *Microtus* cinsinin ayrılma zamanı yaklaşık 4,62 MYÖ olarak hesaplanırken, *C. nivalis*, *C. roberti* ve *C. gud* türlerinden 2,66 MYÖ ve *C. roberti* ve *C. gud* türleri birbirlerinden 1,37 MYÖ ayrılmışlardır.



Şekil 4.19 HKY + G Parametresi'ne (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) dayalı *Chionomys* ve *Microtus* cinsi *IRBP* gen bölgesi Bayesian Dendrogramı
(Dallar üzerindeki sayılar % 95 ve üzeri posterior probability (pp) değerlerini göstermektedir)



***Microtus* spp.**



***Chionomys* spp.**

***C. nivalis*: Yeşil nodlar**

***C. roberti*: Kırmızı nodlar**

***C. gud*: Mavi nodlar**

Şekil 4.20 *Chionomys* ve *Microtus* cinsine ait *IRBP* haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

4.11 *Microtus* Shrank, 1798 ve *Chionomys* Miller, 1908 Cinsleri mtDNA 12S rRNA Gen Bölgesi Analizi

467 baz çiftlik 12S rRNA gen bölgesi kullanılarak, 5'er adet *Chionomys nivalis* ve *C. gud* ile 9 adet *C. roberti* analiz edilmiştir ve sırası ile 5, 3 ve 2 adet haplotip olmak üzere toplam 10 haplotip elde edilmiştir (Çizelge 4.31). Toplam haplotip çeşitliliği (H_d) 0,877'dir ve *C. nivalis* ($H_d = 1,000$) türünde en yüksek, *C. roberti* türünde ($H_d = 0,500$) en düşüktür. Toplam nükleotit çeşitliliği (P_i) 0,033 olarak hesaplanmıştır ve *C. nivalis* türünde ($P_i = 0,072$) en yüksek, *C. roberti*'de ($P_i = 0,003$) en düşüktür. Polimorfik bölge sayısı, mutasyon sayısı, parsimony informative ve singleton bölge sayısı en yüksek *C. nivalis* türünde olmakla birlikte *C. gud* türünde *C. roberti*'ye göre yüksektir (Çizelge 4.32).

Ortalama genetik uzaklık değerleri *Chionomys* türleri arasında % 2,2-2,8, *Chionomys* ve *Microtus* cinsleri arasında % 4,2 iken, net genetik uzaklık değerleri ise *Chionomys* türleri arasında % 1,3-2,8 ve *Chionomys* ve *Microtus* cinsleri arasında % 3,0'dür (Çizelge 4.32).

Çizelge 4.31 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi 12S rRNA gen bölgesine ait haplotipler ve frekansları (parantez içinde) ve lokasyonları

Cins	Türler ve Haplotipler	Lokasyon (Örnek Numarası)
<i>Chionomys</i>	<i>C. nivalis</i>	
	Hap-7 (1)	Ordu (4701)
	Hap-8 (1)	Giresun (4703)
	Hap-9 (1)	Giresun (4706)
	Hap-10 (1)	Giresun (4711)
	Hap-12 (1)	İsviçre (X99464.1)
	<i>C. gud</i>	
	Hap-5 (1)	Rize (4672)
	Hap-6 (1)	Bayburt (4695)
	Hap-13 (3)	Rize (7413, 7418, 7429)
	<i>C. roberti</i>	
	Hap-4 (6)	Trabzon (2351), Rize (5342, 6340, 6342, 6372, 7417)
	Hap-11 (3)	Rize (6338, 6339, 6392)
<i>Microtus</i>	<i>M. lydius</i>	
	Hap-17 (1)	Ankara (2118)
	<i>M. lydius</i> + <i>M. hartingi</i>	
	Hap-18 (10)	Ankara (3253, 3309, 3907), Çanakkale (6919, 7083), Kırklareli (5549, 6480, 6481, 6483, 6488)
	<i>M. arvalis</i>	
	Hap-1 (1)	Erzurum (4519)
	Hap-2 (6)	Ardahan (6365, 6366, 6367, 6368, 6379, 6391)
	Hap-3 (2)	Macaristan (M17, M18)
	Hap-14 (1)	Ardahan (6378)
	Hap-15 (1)	Ardahan (6380)
	Hap-16 (4)	Sırbistan (S2, S28, S30, S41)
	<i>M. subterraneus</i>	
	Hap-20 (1)	Kazdağı (4958)
	Hap-21 (1)	Sakarya (7392)
	Hap-22 (1)	Kocaeli (7303)
	<i>M. majori</i>	
	Hap-19 (1)	Ordu (4704)
	Hap-23 (1)	Ordu (7337)
	Hap-24 (1)	Ordu (7384)
	Hap-25 (1)	Ordu (7385)
	Hap-26 (1)	Artvin (7426)

Çizelge 4.32 *Chionomys* türleri 12S rRNA gen bölgesi genetik çeşitlilik değerleri

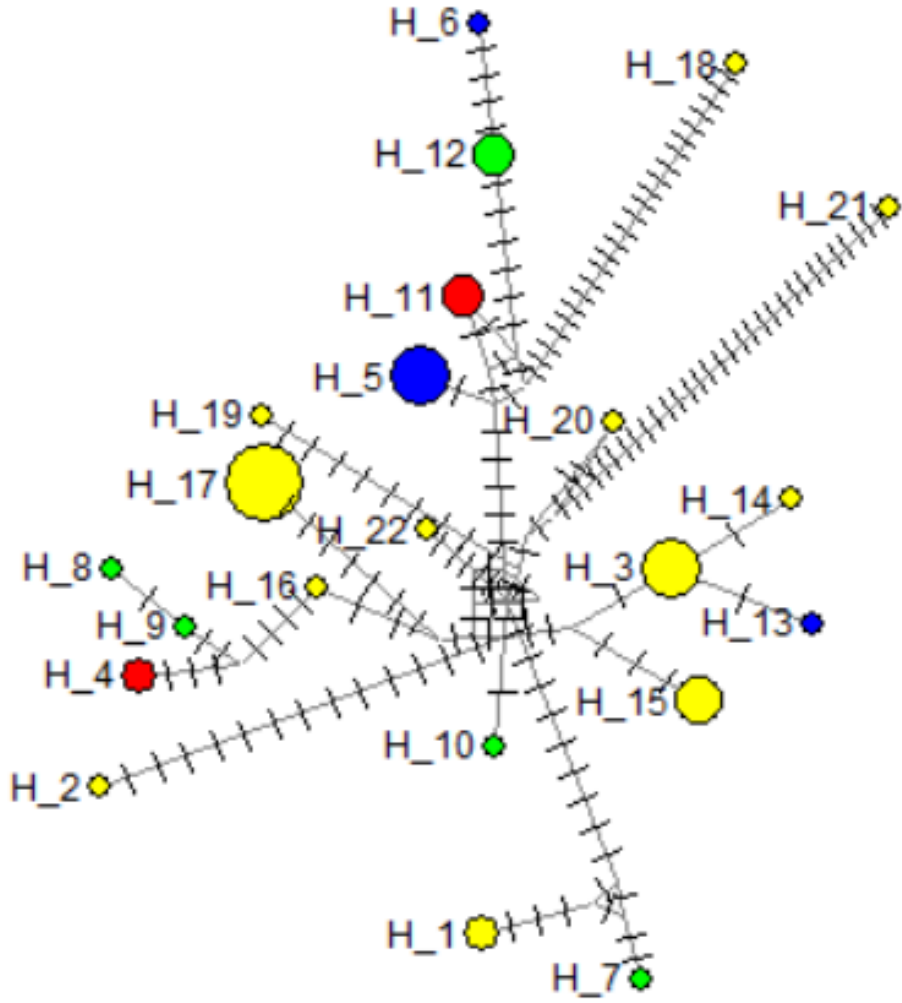
	Örnek Sayısı	Haplotip sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Polimorfik Bölge Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı
<i>C. nivalis</i>	5	5	1,000	0,072	80	9	71	81
<i>C. roberti</i>	9	2	0,500	0,003	3	0	3	3
<i>C. gud</i>	5	3	0,700	0,016	18	2	16	18
Toplam	19	10	0,877	0,033	89	25	64	95

Çizelge 4.33 *Chionomys* ve *Microtus* cinsi 12S rRNA gen bölgesine ait, Kimura-2 Parametresi'ne (Kimura 1980) dayalı ortalama ve net genetik uzaklık (d) değerleri ve standart sapma değerleri

	Ortalama genetik uzaklık	Net genetik uzaklık
<i>C. nivalis</i> - <i>C. gud</i>	0,028±0,008	0,018±0,007
<i>C. nivalis</i> - <i>C. roberti</i>	0,030±0,008	0,028±0,007
<i>C. gud</i> - <i>C. roberti</i>	0,022±0,006	0,013±0,004
<i>Chionomys</i> - <i>Microtus</i>	0,042±0,006	0,030±0,007

Bayesian Dendrogramı HKY + G Parametresi (Hasegawa, Kishino ve Yano 1985) ile oluşturulmuş ve *Chionomys* cinsi *Microtus* cinsinden $pp= 1,00$ ile ayrılmıştır. İstisna olarak, 1 adet *M. majori* örneği düşük olasılık değeri ile ($pp= 0,55$) *Chionomys* grubuna yerleşmiştir. *C. nivalis* *C. gud* ve *C. roberti* türlerinden ayrılmış ($pp= 1,00$) ve *C. gud* ve *C. roberti* türleri daha yakın olarak konumlanmıştır ($pp= 0,90$). *Microtus* türleri için net bir ayırım söz konusu olmamıştır (Şekil 4.21). Median-joining İlişki Ağı'nda ise *Chionomys* türleri ve *Microtus* türleri bir araya gelmiştir (Şekil 4.22).

Chionomys ve *Microtus* cinsinin ayrılma zamanı yaklaşık 1,05 MYÖ olarak hesaplanırken, *C. nivalis* *C. roberti* ve *C. gud* türlerinden 0,75 MYÖ, *C. roberti* ve *C. gud* türleri birbirlerinden 0,55 MYÖ ayrılmışlardır.



Yeşil nodlar: *C. nivalis*

Kırmızı nodlar: *C. roberti*

Mavi nodlar: *C. gud*

Sarı nodlar: *Microtus*

Şekil 4.22 *Chionomys* ve *Microtus* cinsine ait 12S rRNA haplotipleri ile elde edilen Median-joining İlişki Ağı

(Mutasyon sayıları dallar üzerindeki siyah çizgiler ile gösterilmiştir. Nod büyüklükleri birey sayısı ile orantılıdır)

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

5.1 *Microtus arvalis* Pallas, 1778 Türünün mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi

M. arvalis türü yayılışı en geniş *Microtus* türü olarak kabul edilmekle birlikte, Anadolu'daki dağılımı Doğu Anadolu ile sınırlıdır (Kefelioğlu 1995). Bu sınırlı yayılışın nedeni Anadolu'daki diğer *Microtus* türleri ile rekabet halinde olması ve/veya sınırlı ekolojik toleransa sahip bir tür olmasından kaynaklı olabilir (Kryštufek ve Vohralík 2005). Örnek olarak, *M. arvalis*'in ikiz türü olan *M. mystacinus* de Fiilippi, 1865 Türkiye'nin neredeyse tamamında yayılış göstermekle birlikte, Doğu Anadolu'da söz konusu iki tür simpatrik olarak yaşamaktadır. *M. arvalis* 1900 metre üzeri çayırlikları tercih ederken, *M. mystacinus* ekseriyetle sulak çayırliklarda yaşamaktadır (Kefelioğlu 1995, Yiğit vd. 2006). *M. majori* de Selys Longchamps, 1836 türü de Karadeniz Bölgesi'nin doğusunda yayılış göstermekte ve *M. arvalis* ile simpatrik olduklarına dair herhangi bir çalışma bulunmamaktadır (Yiğit vd. 2006). *M. arvalis* ile yapılan çalışmalara bakıldığında, Orlov ve Malygin (1969) Ermenistan ve Rusya'nın Avrupa kısmının arvalis ve obscurus formlarının sınır bölgesi olduğunu ve söz konusu iki formun allopatrik olarak yayılış gösterdiklerini ileri sürmüştür. Kryštufek ve Vohralík (2005) Anadolu popülasyonunu *M. obscurus* olarak tanımlamış; *M. arvalis*'i ise Palearktik Bölge'deki çok sayıda ikiz türün genel isimlendirmesi olarak kabul etmiştir. Aynı kromozom sayısına sahip ($2n=46$) arvalis ve obscurus formları sırası ile $NF=84$ ve $NF=72$ olmak üzere farklı kromozom kol sayılarına sahiptir (Şekil 5.1) (Mitchell-Jones vd. 1999). Bunun yanısıra, arvalis formunda dört çift, Anadolu popülasyonu da dahil olmak üzere obscurus formunda ise on çift akrosentrik kromozom gözlenmiştir (Malygin ve Orlov 1974, Kefelioğlu 1995). GTG Bantlama ve gümüş boyama metotlarına göre de arvalis ve obscurus formları arasında farklılıklar mevcuttur (Mazurok vd. 2001).

Moleküler çalışmalara bakıldığında ise, mevcut çalışmalar mitokondriyal Cytochrome-*b* (*CYTB*) gen bölgesi ağırlıktadır. Bu nedenle, bu tez çalışması Sitokrom Oksidaz 1 (*COXI*) bölgesinin yanısıra, nükleer gen bölgesi (*IRBP*) içeren ilk çalışmadır. *M.*

arvalis formları arasındaki *CYTB* gen bölgesi net genetik uzaklık değerleri Haynes vd. (2003) tarafından % 1-1,19; Jaarola vd. (2004) tarafından % 2,0-4,0; Fink vd. (2004) tarafından % 2,37-3,52; Bužan vd. (2010) tarafından % 2,3-3,6; Thanou vd. (2012) tarafından % 2,9; Tougard vd. (2013) tarafından % 3,3-5,4; Mahmoudi vd. (2017) tarafından % 4,2 ve Barbosa vd. (2018) tarafından % 2,7 olarak verilmiştir. Bu tez çalışmasındaki *COXI* gen bölgesi sonuçlarına bakıldığında (Çizelge 4.3), *arvalis* (Avrupa) ve *obscurus* (Asya ve Anadolu) formları arasındaki ortalama ve genetik uzaklık değerleri % 2 ,1-2,8 arasında değişmektedir ve literatürdeki değerler ile hemen hemen uyumludur. Diğer taraftan, nükleer *IRBP* gen bölgesine göre Avrupa ve Anadolu *M. arvalis* populasyonları arasındaki ortalama genetik uzaklık değeri % 0,6 ve net genetik uzaklık değeri % 0 (sıfır)'dır (Çizelge 4.6).

Tougard vd. (2013) *CYTB* gen bölgesi için haplotip çeşitlilik değerlerini (*Hd*) Güney Kafkasya populasyonu için 0,929; Rusya-Çin populasyonu için 0,971 ve Avrupa populasyonları için 0,900-1,000 olarak; nükleotit çeşitliliği (*Pi*) değerlerini ise Güney Kafkasya populasyonu için 0,0042; Rusya-Çin için 0,0052 ve Avrupa populasyonları için 0,0048- 0,0133 olarak hesaplamıştır. Bu çalışmanın sonuçlarında ise, *COXI* bölgesinde Avrupa populasyonu için haplotip çeşitliliği 0,850 olarak hesaplanırken; Asya ve Anadolu populasyonlarında sırası ile 0,333 ve 0,295 olarak bulunmuştur. Nükleotit çeşitliliği ise, Avrupa populasyonu için 0,007 olarak hesaplanırken; Asya ve Anadolu populasyonlarında sırası ile 0,006 ve 0,0005 olarak bulunmuştur. Diğer genetik çeşitlilik değerleri (polimorfik bölge ve mutasyon sayıları) Avrupa populasyonu için daha yüksek olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.1). *IRBP* gen bölgesi için, haplotip çeşitliliği Avrupa ve Anadolu populasyonunda birbirlerine yakın (0,891-0,954) ve nükleotit çeşitlilik değerleri eşit çıkmıştır ($Pi= 0,006$). Polimorfik bölge ve mutasyon sayıları da her iki populasyon için benzerdir (Çizelge 4.4).

Literatürdeki çalışmalarda, *CYTB* gen dizileri ile oluşturulan filogenetik dendrogramlarda *arvalis* ve *obscurus* formları ayrılmıştır (Haynes vd. 2003, Fink vd. 2004, Bužan vd. 2010, Jaarola vd. 2004, Mahmoudi vd. 2017). Ek olarak, Mahmoudi vd. (2017) tarafından yapılan çalışmada da, Güney Kafkasya ve İran örnekleri ile Çin ve Rusya örnekleri iki farklı soy hattı meydana getirmiştir. Bu çalışmalarla uyumlu olarak,

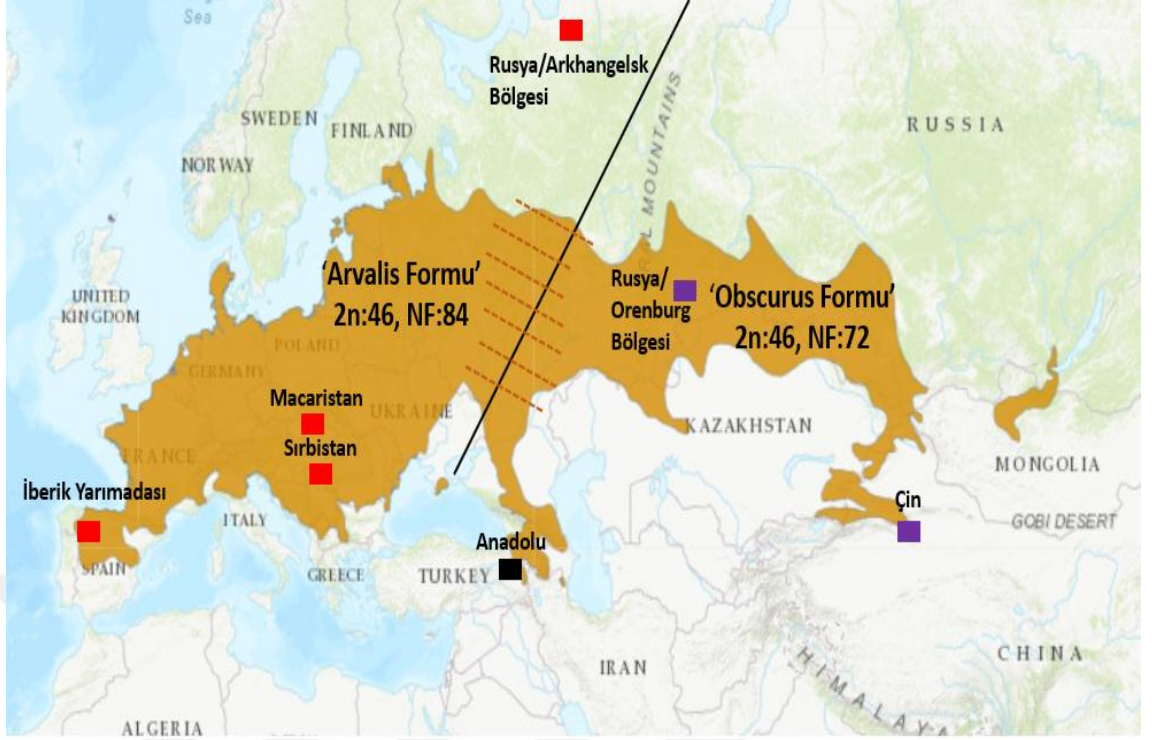
COXI gen bölgesinin Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı benzer sonuçlar vermiştir (Şekil 4.1-4.2). Anadolu ve Asya örnekleri birbirlerinden ayrılmış ve Avrupa örneklerinden ayrı olarak konumlanmıştır. Rusya'nın Avrupa örnekleri Rusya'nın Asya örnekleri ve Çin örnekleri ile bir araya gelmiştir. Bu durum, obscurus formunun yayılış alanının kabul edilenden daha batıya uzandığını gösterebilir. *IRBP* gen bölgesi Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı'nda ise, obscurus ve arvalis örnekleri bir araya gelerek, ayrım göstermemişlerdir (Şekil 4.3-4.4). Arvalis ve obscurus formlarının ayrılma zamanları *COXI* geni için 0,298 MYÖ olarak hesaplanmış; Asya ve Anadolu populasyonları da birbirlerinden 0,141 MYÖ ayrılmışlardır. *IRBP* genine göre ise de, arvalis ve obscurus formları 0,114 MYÖ ayrılmışlardır. Literatürdeki çalışmalarda iki formun ayrılma zamanları Fink vd. (2004)'e göre 0,587-0,237 MYÖ ve Tougard vd. (2013)'e göre 0,478 MYÖ'dir. Lemskaya vd. (2010) *Microtus* cinsinin türleşme zamanının 3,5 MYÖ başladığını rapor ederken, Jaarola vd. (2004) ve Tryfonopoulos vd. (2008) ise bu sürenin *Microtus* türleri için devam eden bir türleşme süreci olduğunu rapor etmişlerdir.

Genetik uzaklık değerleri açısından bakıldığında, genel olarak türler arası genetik uzaklık değerleri % 2 ve % 11 arasında değişmektedir (Bradley ve Baker 2001). Kemiriciler için ortalama tür içi genetik uzaklık değeri % 1,5 (% 0,0-4,7), *Microtus* cinsi özelinde % 2,0 (% 0,2-4,4) olarak rapor edilmiştir (Baker ve Bradley 2006). Çalışmamızdaki genetik uzaklık değerleri tür içi genetik uzaklık değerleri ile uyum göstermektedir.

M. arvalis ile ilgili hibridizasyon çalışmaları ise arvalis ve obscurus formlarının birbirleri ile üreyebildiklerini göstermektedir (Akhverdyan vd. 1999, Meyer vd. 1999, Bulatova 2007, 2010). Malygin ve Panteleichuk (2003) arvalis ve obscurus formlarının oluşturduğu F1, F2 ve diğer nesillerin azalan verimlilik ile birlikte fertilitate gösterdiklerini gözlemlemiştir. Lavrenchenko vd. (2009) arvalis ve obscurus formlarını *CYTB*, nükleer p53 geni ve sitogenetik çalışmalara göre semi-tür olarak tanımlamıştır. Bahsedilen çalışmalar arasında sadece Tougard vd. (2013) *M. arvalis*'in yayılış alanının çok geniş olması, tek ve sınırlı bir hibrit zonunun biliniyor olması ve türün mobilite yeteneklerinin sınırlı olmasından ötürü arvalis ve obscurus formlarını farklı tür olarak

tanımlamıştır. Wilson vd. (2017) ve Burgin vd. (2020) de doğu formunu *M. obscurus* olarak kabul etmişlerdir. *M. arvalis* formlarında olduğu gibi, farklı kromozomal formlar doğada ve laboratuvar koşullarında fertil bireyler meydana getirebilirler; bu durumun örneklerinden biri Türk hamsterı *Mesocricetus brandti*'dir. *Mesocricetus brandti* $2n=42$ kromozom sayısına sahip olmakla birlikte, Anadolu'nun batısındaki populasyonlar 82 adet kromozom kol sayısına, Anadolu'nun doğusundaki populasyonlar ise 84 adet kromozom kol sayısına sahiptir (Yiğit vd. 2000) ve söz konusu iki kromozomal form laboratuvarında fertil yavrular meydana getirebilmektedirler (Çam vd. 2015).

Analiz sonuçlarının ışığında, Anadolu populasyonu *M. arvalis* türü için sınır populasyonu olarak kabul edilebilir ve bu nedenle, düşük genetik çeşitlilik değerleri normal sayılabilir. Ortalama ve net genetik uzaklık değerleri de % 0,0-2,8 arasındadır (Çizelge 4.3 ve Çizelge 4.6). Özellikle, Asya ve Anadolu populasyonları arasındaki genetik uzaklık, Avrupa populasyonunun Asya ve Anadolu populasyonlarına uzaklığından daha düşüktür. Bu uzaklık değerleri söz konusu populasyonları farklı tür olarak tanımlayabilmek için oldukça düşüktür. Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı COXI gen bölgesi analizlerinde her 2 formu büyük ölçüde ayırsa da (Şekil 4.1-4.2), IRBP geni için net bir ayrım sağlanamamıştır (Şekil 4.3-4.4). Mitokondriyal COXI, nükleer IRBP ve literatürdeki mitokondriyal CYTB, karyoloji ve hibridizasyon çalışmaları göz önüne alındığında, *M. arvalis* türünün farklı kromozom kol sayılarına sahip, Batı Avrupa'dan Çin'e kadar uzanan batı ve doğu populasyonlarını içine alan geçerli bir tür olduğu, ancak kromozomal formların farklı bir tür olarak kabul edilmesi için yeterli kanıt olmadığı görülmektedir. Bu durumda, Anadolu populasyonu ve diğer populasyonların türünün *M. arvalis* olarak kabul edilmesi bu tez çalışması ile desteklenmektedir. Obscurus formu için Sibirya'dan (Altay Dağları) verilen *M. arvalis obscurus* Eversmann 1841 alttürü başta olmak üzere çok sayıda alttür Kafkasya gibi Anadolu'ya yakın bölgelerden verilmiştir ancak taksonomik durumları şüphelidir (Kryštufek ve Vohralík 2005). Anadolu populasyonu için, geçerli alttür olan *M. arvalis obscurus* Eversmann, 1841 alttürü bu tez çalışması kapsamında kabul edilmektedir, ancak *M. arvalis* alttürleri için aydınlatıcı çalışmalara ihtiyaç vardır.



Şekil 5.1 *M. arvalis* Pallas, 1779 türünün yayılış haritası (Yiğit vd. 2016)

(Tez çalışmasında kullanılan örneklerin ait olduğu lokasyonlar harita üzerinde gösterilmiştir; siyah çizgi arvalis ve obscurus formlarının sınır bölgesini, kesikli çizgiler iki formun muhtemel hibrid zonunu göstermektedir)

5.2 *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865 Türünün mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi

Türkiye'nin Trakya ve Anadolu popülasyonlarını ayıran en önemli coğrafi bariyerler yaklaşık 2 MYÖ önce Geç Pliyosen Dönemi'nde oluşan ve Marmara Denizi'nde bulunan Çanakkale ve İstanbul Boğazları'dır (Bacescu 1985, Tortonese 1985, Demirsoy 1996, Çağatay vd. 2000, Yaltırak vd. 2000). Bu bariyerler tarla fareleri gibi karasal ve yer altı yaşama uyum sağlamış türlerin kontakt kurmasını engelleyerek farklılaşmalarına zemin hazırlamaktadır. *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865 türü Trakya ve Anadolu'nun hemen hemen her bölgesinde yayılış gösteren bir kemirici türüdür. Bu popülasyonların boğazlar etkisi ile farklılaşmaları olası olmakla birlikte, popülasyonların taksonomik durumları ile ilgili moleküler çalışmalar kısıtlı olup, sadece CYTB bölgesi içermektedir. Bu tez çalışmasında mtDNA (*COXI*) ve nucDNA (*IRBP*)

gen bölgeleri kullanılarak türün Trakya (Avrupa) ve Anadolu populasyonlarının filogenetik ilişkileri ve farklılaşma dereceleri belirlenmiştir.

Literatürdeki mevcut çalışmalar incelendiğinde, non-metrik kafatası karakterleri analiz edilen ve Markov vd. (2014) tarafından yapılan çalışmada, Trakya ve Anadolu *M. mystacinus* populasyonlarının benzerlik gösterdiği ancak epigenetik çeşitliliğin diğer *Microtus* türlerine göre daha yüksek çıktığı gözlenmiştir. Mahmoudi vd. (2014) kromozomal farklılıklara göre İran (Doğu) örneklerini diğer *Microtus* türlerinden (*M. socialis*, *M. paradoxus*, *M. qazvinensis*, *M. transcaspicus* ve *M. irani*) ayırmış ve tip lokalitesi Lar Vadisi (Tahran'ın kuzeydoğusu, İran) olan *M. mystacinus* de Filippi, 1865 ismini *M. levis* yerine kullanmıştır. Ghorbani vd. (2015)'e göre, Avrupa, İran ve Türkiye örnekleri morfolojik olarak birtakım varyasyonlar gözlenmekle birlikte benzerlik göstermektedir. Ancak, İran ve Türkiye örnekleri karyoloji açısından birbirine benzemekle birlikte Avrupa örneklerinden farklıdır.

Mevcut moleküler çalışmalar ise *CYTB* gen bölgesine göre Avrupa ve Asya populasyonlarının filogenetik ağaçlarda farklı kladlara yerleştiğini ancak genetik uzaklık değerlerinin düşük olduğunu göstermektedir. Jaarola vd. (2004) Avrupa (Finlandiya ve Norveç) ve Anadolu (İstanbul, Kayseri ve Sivas) örneklerinin Maksimum Olabilirlik, Maksimum Parsimony ve Bayesian dendrogramlarında ayrıldığını rapor etmiştir. Thanou vd. (2012) Türkiye, Yunanistan ve Avrupa örnekleri arasındaki net genetik uzaklık değerlerinin % 1,2-1,5 olduğunu ve filogenetik ağaçlardaki ayrımın simultane olduğunu ileri sürmüşlerdir. Benzer şekilde, Mahmoudi vd. (2017)'e göre, Bayesian ağacı ve Neighbor-Net Filogenetik İlişki Ağı'nda İran ve Avrupa (Türkiye, Yunanistan, Ukrayna, Finlandiya, Makedonya, Svalbard Adası) populasyonları farklı kladlara yerleşmiştir. Ek olarak, İran ve Avrupa populasyonları arası genetik uzaklık değeri % 5,1 ile Türkiye ve diğer Avrupa populasyonları arasındaki genetik uzaklık değeri % 2,2 olarak bulunmuştur. *M. mystacinus* populasyonlarının ayrılma zamanını 0,147 MYÖ, grup içi farklılaşma zamanlarını ise 0,022-0,117 MYÖ olarak hesaplamışlardır. Bu tez çalışmasında *COXI* gen bölgesi analizleri ile elde edilen sonuçlar literatür ile uyumludur. Anadolu populasyonunun Trakya ve Avrupa populasyonları ile ortalama genetik uzaklık değeri sırası ile % 1,4 ve

% 1,2, net genetik uzaklık değeri ise % 1,2 ve % 1,0 olarak bulunmuştur. Trakya ve Avrupa populasyonları arası ortalama ve net genetik uzaklık değerleri ise eşittir (% 0,2) (Çizelge 4.9). Bayesian Dendrogramı'nda her 3 populasyon birbirinden ayrılmış ve Median-Joining İlişki Ağı'nda Anadolu populasyonu Avrupa ve Trakya populasyonlarından ayrılırken, Avrupa ve Trakya haplotipleri yakın olarak konumlanmıştır (Şekil 4.5-4.6). Anadolu örneklerinin haplotip çeşitliliği (H_d), nükleotit çeşitliliği (P_i), polimorfik bölge ve mutasyon sayıları da Trakya ve Avrupa örneklerine göre yüksektir (Çizelge 4.8). *IRBP* gen bölgesi analizlerinde ise, *COXI* sonuçları ile uyumlu olarak Anadolu örneklerinin genetik çeşitlilik değerleri Trakya örneklerine göre daha yüksek bulunmuştur (Çizelge 4.11). Elde edilen 13 adet haplotipin 10 adedi Anadolu örneklerinden oluşurken, 3 adet haplotip ise Trakya örnekleri ve Anadolu örneklerinden oluşan ortak haplotiplerdir (Çizelge 4.10) ve bu haplotipler Median-joining İlişki Ağı'nda karışık olarak yerleşmişlerdir (Şekil 4.8). Bayesian ağacında ise, Trakya ve Anadolu örnekleri farklı kladlara yerleşmelerine karşın (Şekil 4.7), ortalama ve net genetik uzaklık değerleri oldukça düşük çıkmıştır (% 0,3 ve % 0,000) (Tablo 4.9). Kemiriciler için ortalama tür içi genetik uzaklık değerinin % 1,5 (% 0,0-4,7), *Microtus* cinsi özelinde ise % 2,0 (% 0,2-4,4) olarak kabul edildiği dikkate alınırsa (Baker ve Bradley 2006), bu tez çalışmasında elde edilen genetik uzaklık değerleri türler arası genetik uzaklıktan ziyade tür içi genetik uzaklık değerleri ile örtüşmektedir. Ayrılma zamanları ise, *COXI* ve *IRBP* gen bölgeleri için sırasıyla 0,210 MYÖ (Anadolu ve Trakya/Avrupa)- 0,080 MYÖ (Trakya-Avrupa) ve 0,187 MYÖ (Anadolu-Trakya) olarak bulunmuştur ve Anadolu ve Avrupa populasyonlarının ayrılma zamanı Pleistosen Dönemi Ionian Buzul Devri'ne (0,780-0,126 MYÖ) denk gelmektedir. Elde edilen sonuçlardan görüldüğü gibi, Trakya dahil Avrupa ve Anadolu populasyonları arasındaki ayırım tür seviyesi için oldukça düşüktür. Söz konusu populasyonlar için coğrafi bariyerler olan İstanbul ve Çanakkale Boğazları'nın Geç Pliosen'de (Yaklaşık 2 MYÖ) meydana geldiği bilinmektedir (Bacescu 1985, Tortonese 1985, Çağatay vd. 2000, Yaltırak vd. 2000). Ancak, Pleistosen Devri'nde aralıklı olarak açılıp kapandıkları (Meriç 1995, Tchapyga 1995); ek olarak, *M. mystacinus*'un sulak alanları habitat olarak kullandığı ve suya karşı bir adaptasyon gösterdiği göz önüne alınırsa (Yiğit vd. 2006), boğazların türün ayırımına etkisinin zayıf kaldığı öne sürülebilir. *M. mystacinus* Türkiye'nin yanı sıra, Ermenistan, Azerbaycan, Bulgaristan, Finlandiya, Rusya,

Ukrayna, Sırbistan gibi bölgelerde de yayılış göstermektedir (Zima 1999, Shenbrot ve Krasnov 2005, Zagorodnyuk vd. 2008). Dolayısıyla, Asya ve Avrupa popülasyonlarının İstanbul ve Çanakkale Boğazları gibi coğrafi bariyerlerin varlığına rağmen, yayılış gösterdikleri Avrupa ve Asya bölgelerinde temasa geçtiği düşünülebilir (Şekil 5.2). mtDNA ve nucDNA sonuçlarının ışığında *M. mystacinus* Trakya ve Anadolu popülasyonlarının farklı türler olarak değerlendirilemeyeceği ancak *Microtus* cinsinin en hızlı evrimleşen kemirici türlerinden biri olduğu (Musser ve Carleton 1993, Nowak 1999) ve türleşmelerinin önemli bir kısmının 1 milyon yıldan kısa bir zaman önce gerçekleştiği de (Tougard 2017, Bannikova vd. 2010) göz önüne alınarak, söz konusu popülasyonların devam eden bir türleşme aşamasında olabilecekleri sonucuna varılmıştır.



Şekil 5.2 *M. mystacinus* de Filippi, 1865 türünün yayılış haritası (Zagorodnyuk vd. 2008)

(Tez çalışmasında kullanılan örneklerin ait olduğu lokasyonlar harita üzerinde gösterilmiştir; kesikli çizgiler Trakya, Avrupa ve Anadolu popülasyonlarının muhtemel kontakt yollarını göstermektedir)

5.3 *Microtus subterraneus* de Selys Longchamps, 1836-*Microtus majori* Thomas, 1906 Türlerinin mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi

Terricola Fatio, 1867 altcinsi Batı Palearktik Bölge’de 14 adet çamlık tarla faresi türü içermekte olup (Musser ve Carleton 2005, Gornung vd. 2011), Türkiye’de kaydı verilen üç *Terricola* türü bulunmaktadır (Yiğit vd. 2006). Bu türler *M. subterraneus* de Selys Longchamps, 1836; *M. majori* Thomas, 1906 ve *M. daghestanicus* Schidlovsky, 1919 türleridir. Önceleri *M. majori* ve *M. daghestanicus* türleri *M. subterraneus* türünün alttürleri olarak kabul edilmekle birlikte (Niethammer ve Krapp 1982, Ellermann ve Morrison-Scott 1965), yapılan karyolojik çalışmalarla farklılıkları tespit edilmiş ve ayrı türler olarak verilmiştir (Baskevich vd. 2007). *M. subterraneus* Anadolu, Balkan Yarımadası, Rusya’nın Onega Bölgesi ve Estonya, Güney ve Güneybatı Avrupa, Ukrayna’nın sol kıyısı, Rusya’nın Don Bölgesi’nin sağ kıyısı, Orta ve Yukarı Volga olmak üzere mozaik bir dağılıma sahiptir ve Anadolu’nun Trakya ve Batı Anadolu bölgelerinde yumuşak topraklı orman açıklıklarındaki çayırarda bulunur. *M. majori* ise Anadolu ve Kafkaslar’da yayılış göstermekte ve Karadeniz Bölgesi’nin doğusunda karışık ormanların içinde ve kenarlarında çimenle kaplı topraklarda yaşamaktadır (Şekil 5.3-5.4) (Ellermann ve Morrison-Scott 1965, Corbet 1978, Kryštufek vd. 1994, Çolak vd. 1998, Yiğit vd. 2006, Baskevich vd. 2018). Literatürdeki çalışmalar *M. subterraneus* ve *M. majori* türlerinin karyolojik, ekolojik, morfolojik, allozim ve mtDNA *CYTB* gen bölgesi yönünden farklı türler olabileceğine işaret etmektedir (Kryštufek vd. 1994, Çolak vd. 1998, Macholan vd. 2001, Jaarola vd. 2004, Thanou vd. 2012, Tougard vd. 2017, Selçuk ve Kefelioğlu 2018, Bogdanov vd. 2020, 2021). Aynı zamanda, *M. subterraneus* Trakya ve Anadolu populasyonları arasında kraniyal, diş morfolojisi ve karyotip özellikleri açısından farklılıklar da gözlenmiştir (Çolak vd. 1998, Selçuk ve Kefelioğlu 2018). *M. subterraneus* Trakya populasyonlarında ve *M. majori*’de $2n = 52$, $NF = 60$ ve $NFa = 56$ iken, Anadolu populasyonlarında $2n = 54$, $NF = 60$ ve $NFa = 56$ ’dır (Çolak vd. 1998). $2n = 54$ kromozom sayısının *M. subterraneus* Kuzey Avrupa örneklerinde de gözlenmiş olmasının (Macholan vd. 2001) ve Rusya’nın Avrupa bölümünde *M. subterraneus* $2n = 52$ ve $2n = 54$ sitotiplerinin bulunmasının yanı sıra (Bulatova vd. 2007), *M. subterraneus* için *CYTB* gen bölgesine dayalı tür içi çeşitliliğin yüksek olduğunun tespit edildiği çalışmalar da mevcuttur (Macholan vd.

2001, Jaarola vd. 2004). Görüldüğü gibi *M. subterraneus* ve *M. majori* türleri ile *M. subterraneus* Trakya/Avrupa ve Anadolu populasyonlarında farklılıklar mevcuttur ancak farklı türler olup olmadıklarının belirlenmesi için kapsamlı moleküler çalışmalara ihtiyaç vardır. Bu tez çalışması *M. subterraneus* ve *M. majori* türleri mitokondrial (*COXI*) ve nükleer (*IRBP*) gen bölgelerinin birlikte analiz edildiği ilk çalışmadır.

CYTB gen bölgesi ile gerçekleştirilen çalışmalara bakıldığında, Anadolu ve Avrupa *M. subterraneus* örnekleri arasındaki genetik uzaklık Tamura-Nei Parametresi'ne göre (Tamura ve Nei 1993) % 3,7 (Baskevich vd. 2007), *p*-distance Parametresi'ne göre (Hamming 1950) *M. subterraneus* Anadolu örneklerinin Yunanistan ve Avrupa örneklerine olan net genetik uzaklık değerleri sırası ile % 3,3 ve % 2,8 olarak hesaplanmıştır (Thanou vd. 2012). Allozim datası Nei (Nei 1978) ve CS67 (Cavalli-Sforza ve Edwards 1967) parametrelerine göre ise, *M. subterraneus* Anadolu ve Avrupa populasyonları ile *M. subterraneus* ve *M. majori* arasındaki ortalama genetik uzaklık değerleri sırası ile 0,073 ve 0,169 olarak belirlenmiştir (Macholan vd. 2001). Bu tez çalışmasında, Kimura-2 Parametresi (Kimura 1980) ortalama ve net genetik uzaklık değerleri *COXI* gen bölgesi için *M. subterraneus* ve *M. majori* arasında % 11-15,6 arasında değişirken, *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya populasyonları arasında ortalama genetik uzaklık değeri % 5,6 ve net genetik uzaklık değeri % 1,3'tür (Çizelge 4.15). *IRBP* gen bölgesi için ise, ortalama ve net genetik uzaklık değerleri *M. subterraneus* ve *M. majori* arasında % 0,3-0,6 civarındadır ve *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya populasyonları arasında ortalama genetik uzaklık değeri % 0,1 ve net genetik uzaklık değeri % 0,05'tir (Çizelge 4.18). Literatürdeki çalışmalar ile kıyaslandığında, *COXI* bölgesi genetik uzaklık değerleri uyumlu sonuçlar vermiştir. Diğer taraftan, *IRBP* gen bölgesi sonuçları *COXI* bölgesi sonuçlarına oranla daha düşüktür. *IRBP* geni çeşitli taksonomik seviyelerde rodent filogenisi ve tür teşhisi çalışmalarında son yıllarda sıklıkla tercih edilmektedir (Stanhope vd. 1996, Springer vd. 1999, Jansa ve Voss 2000, Debry ve Sagel 2001, Huchon vd. 2002, Voss ve Jansa 2003, Michaux vd. 2005, Galewski vd. 2006, Chaval vd. 2010, Pages vd. 2010, Barbosa vd. 2013). Diğer taraftan, *IRBP* geninde gözlenen sinyal azlığı ve eksik soy sınıflandırması nedeni ile mtDNA ile uyumsuz sonuçlar elde edilebilmesi mümkündür (Salichos ve Rokas 2013).

Literatürdeki *CYTB* gen bölgesi analiz edilerek yapılan çalışmalarda, elde edilen filogenetik dendrogramlarda *M. subterraneus* ve *M. majori* örnekleri ayrı kladlara yerleşirken, *M. subterraneus* Anadolu ve Avrupa örnekleri bu dendrogramlarda ayrılmamıştır (Jaarola vd. 2004, Baskevich vd. 2007, Thanou vd. 2012, Tougard 2010). Ek olarak, Martínková ve Moravec (2012) çok sayıda mitokondriyal ve nükleer gen baz alınarak oluşturdukları filogenetik dendrogramlarda *M. subterraneus* ve *M. majori*'nin ayrıldıklarını tespit etmişlerdir. Bogdanov vd. (2020)'e göre nükleer *BRCA1* (Meme kanseri tip 1 duyarlılık) geni Exon 11 bölgesi ile *XIST* (X inaktif) genlerine göre ve Bogdanov vd. (2021)'e göre de mitokondriyal *CYTB* ve nükleer *BRCA1* ve *IRBP* geni analizlerinde *M. subterraneus* ve *M. majori* örnekleri ayrılmıştır. Bu tez çalışmasında *COXI* Bayesian Dendrogramı'nda ve Median-joining İlişki Ağı'nda (Şekil 4.9-4.10), *M. subterraneus* ve *M. majori* birbirlerinden ayrılmıştır. Bayesian Dendrogramı'nda *M. subterraneus* Anadolu ve Avrupa popülasyonu birbirlerinden ayrılırken (pp= 1,00), Anadolu popülasyonu içinde de Kocaeli, Kazdağı, Karabük ve Sakarya, Samsun, Giresun olmak üzere iki farklı hat meydana gelmiştir (pp= 0,94-1,00). Median-joining İlişki Ağı'nda Kazdağı, Karabük ve Kocaeli, Sakarya, Samsun, Giresun olmak üzere iki grup meydana gelmiş ve *M. subterraneus* Avrupa popülasyonu Anadolu popülasyonu (Kazdağı, Karabük grubu) ile bir araya gelmiştir. *IRBP* gen bölgesi esas alınarak oluşturulan Bayesian Dendrogramı'nda *M. subterraneus* ve *M. majori* türleri de birbirlerinden pp= 0,99 ile tamamen ayrılırken, *M. subterraneus* Anadolu ve Trakya örnekleri birbirlerinden düşük posterior probability değeri (pp= 0,50) ile ayrılmıştır (Şekil 4.11). *M. subterraneus* Anadolu popülasyonu içinde Kazdağı, Karabük ile Samsun, Giresun, Kocaeli ve Sakarya olmak üzere iki grup meydana gelmiştir (pp= 1,00). Median-joining İlişki Ağı'nda ise söz konusu 2 türe haplotipler oldukça az sayıda mutasyon ile birbirlerinden ayrılmışlardır. *M. subterraneus* türü Trakya örnekleri Anadolu örnekleri ile ortak haplotip oluşturmuşlar; bu haplotip ile diğer Anadolu haplotipleri de bir araya gelmişlerdir (Şekil 4.12). Mevcut çalışmalardaki filogenetik dendrogramlarda gözlenen ayrım, tez çalışması kapsamında da gözlenmiştir.

Ayrılma zamanlarına bakıldığında, Macholan vd. (2001) *M. subterraneus* ve *M. majori* türlerinin ayrılma zamanını allozim datasına göre ortalama 0,350 MYÖ olarak belirlerken, Tougard (2010) *CYTB* gen bölgesine göre *Terricola* altcinsinin kökenini

4,05 MYÖ (Erken Pliyosen) olarak hesaplamıştır. Bu tez çalışmasında, *M. majori* ve *M. subterraneus* türlerinin ayrılma zamanları ise *COXI* ve *IRBP* bölgeleri için sırası ile 1,28 MYÖ ve 0,390 MYÖ iken, *M. subterraneus* türü Anadolu ve Avrupa/Trakya popülasyonlarının ayrılma zamanları sırası ile 0,420 MYÖ ve 0,240 MYÖ'dür. Görüldüğü gibi, *COXI* ve *IRBP* gen bölgelerine göre hesaplanan ayrılma zamanları farklılık göstermektedir; bu farklılık nucDNA'nın türler arası ilişkilerden ziyade daha yüksek filogenetik seviyelerdeki ilişkileri çözme gücünün göstergesi olabilir (Springer vd. 1997).

Bu tez çalışması ve literatürdeki sonuçlar, *Terricola* altcinsi türlerinden *M. subterraneus* ve *M. majori* türlerinin farklı türler olduklarına işaret etmektedir. Bizim çalışmamızda, özellikle *COXI* geni her 2 türü genetik uzaklık, Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı bakımından ayırmıştır. Söz konusu 2 tür arası genetik uzaklık değerleri % 11-15,6 olup (Çizelge 4.15), *COXI* gen bölgesi için tür içi varyasyon % 10'un altındadır (Waugh 2007). Ayrıca, genel olarak türler arası genetik uzaklık değerleri % 2-11 arasındadır (Bradley ve Baker 2001). Bu tez çalışması ile moleküler sistematik, karyolojik, ekolojik, morfolojik ve allozim verileri ışığında *M. subterraneus* ve *M. majori* türlerinin geçerli türler olduğu kabul edilmektedir. Ayrıca, *M. subterraneus* popülasyonu Karadeniz'in doğusuna (Giresun) kadar, *M. majori* popülasyonu da Ordu'ya kadar genişlemektedir. Bu durum, iki türün yayılışının Karadeniz'in doğusunda kesiştiğini ve bu bölgede allopatrik olarak bulunduklarını göstermektedir. Türlerin ayrılma zamanları da *COXI* gen bölgesine göre Pleistosen Dönemi Günz Glasiyal Dönemi'ne (1,18-0,82 MYÖ) denk gelmektedir ve bu dönemde iki tür Anadolu, Kafkaslar ve İran'da farklılaşmış ve *M. subterraneus* buradan Batı Avrupa'ya yayılmıştır (Tougard vd. 2017). Geç Miyosen-Pliyosen Dönemi'nde Avrasya ve Arabistan plakalarının çarpışması ile Doğu Avrupa, Anadolu ve Orta Asya'nın batısında hızlı bir dağ yükselişi olmuş ve *Terricola* popülasyonları izole olmuştur (Ruban vd. 2007, Mosar vd. 2010). Anadolu'nun kuzeyinin dağlık bir bölge olması ve Canik Dağları, Küre Dağları, Ilgaz Dağları ve Doğu Karadeniz Dağları'nın bu bölgede olması *Terricola* gibi düşük rakımı tercih eden türler için önemli bariyerler meydana getirmektedir. Sonraki dönemlerde artan global soğuma ılıman konifer ve yaprak dökmen ormanların oluşumuna neden olmuş ve bu sayede *Terricola* türlerinin Avrupa'ya doğru

kolonileşmesi için uygun vejetasyon meydana gelmiştir (Fauquette ve Bertini 2003, Pross ve Klotz 2002, Thompson ve Fleming 1996, Willis vd. 1999). Bu durum, Anadolu'nun kemirgen türleri için önemli bir türleşme ve farklılaşma merkezi olduğunun kanıtlarından biridir.

M. subterraneus türünün Anadolu ve Avrupa populasyonları arasındaki farklılaşmanın ise düşük oranda olduğu görülmektedir. *COXI* gen bölgesi için ortalama genetik uzaklık değeri % 5,6 ve net genetik uzaklık değeri % 1,3'tür (Çizelge 4.15). Baker ve Bradley (2006)'ya göre kemiriciler için ortalama tür içi genetik uzaklık değeri % 1,5 (% 0,0-4,7) iken, *Microtus* cinsi için % 2,0 (% 0,2-4,4)'dir. Tez çalışmamızın sonuçları daha çok tür içi genetik uzaklık değerleri ile örtüşmekte, filogenetik yaklaşımlarda ise *COXI* bölgesi Bayesian Dendrogramı haricinde bir ayrım görülmemektedir (Şekil 4.9-4.12). Ek olarak, *M. subterraneus*'un Anadolu populasyonunun kendi içinde farklı gruplara ayrılması da tür içi çeşitliliğin yüksek olduğunu ve devam eden bir ayrılma süreci olduğunun göstergesidir. Elde edilen sonuçlar Avrupa/Trakya ve Anadolu populasyonlarının aynı türe (*M. subterraneus*) ait olduğunu göstermekle birlikte, *M. subterraneus*'un yayılış alanındaki populasyonların birbirlerinden karyolojik ve morfolojik açıdan farklılık gösterdikleri (Çolak vd. 1998, Selçuk ve Kefelioğlu 2018) ve tür içi çeşitliliğin yüksek olduğu (Macholan vd. 2001, Jaarola vd. 2004) göz önüne alınırsa *M. subterraneus* içinde kriptik türlerin olması olasıdır. *M. subterraneus* konifer ve yaprak döken ormanlarda bulunmaktadır ve bu habitatlar sınırlı ve fragmentasyondan dolayı tahribata uğradıkları için özellikle Balkanların güneydoğusu için populasyonlar arası bir izolasyondan söz edilebilir (Thanou vd. 2012). Yukarıda bahsedildiği gibi Anadolu'nun kuzeyindeki dağlık bölgeler (batıda Samanlı Dağları, Köroğlu Dağları, Ilgaz Dağları ve Küre Dağları, doğuda Canik Dağları ve Doğu Karadeniz Dağları- Şekil 5.5) Anadolu kemirgen populasyonlarını birbirlerinden ayırmakta ve farklılaşmalarını etkilemektedir. Trakya ve Anadolu populasyonları için ise İstanbul ve Çanakkale Boğazları karasal ve yeraltında yaşayan memelilerin türleşmesi için önemli bir bariyerdir (Bacescu 1985, Tortonese 1985, Çağatay vd. 2000, Yaltırak vd. 2000). Çalışmamızda Trakya ve Anadolu populasyonlarının ayrılma zamanları 0,390-0,240 MYÖ'dir ve Pleistosen Devri Buzul Dönemleri'nde Balkan ve Anadolu refugiyumlarında birbirlerinden izole oldukları ve farklılaştıkları (Bilton vd. 1998,

Taberlet vd. 1998, Schmitt 2007), günümüzde de İstanbul ve Çanakkale Boğazları etkisi ile ayrı kaldıkları göz önüne alınırsa devam eden bir türleşme sürecinde oldukları görülmektedir. Ayrıca, Brunet-Lecomte vd. (1992) tarafından Bulgaristan'dan *M. grafi* türünün verilmesi ve daha sonra Brunet-Lecomte vd. (2001)'in *M. grafi* türünün *M. subterraneus* alttürü olduğunu ileri sürmesi, Türkiye Trakya popülasyonunun *M. subterraneus grafi* alttürüne ait olabileceğini düşündürmektedir. Ek olarak, Baskevich vd. (2018) Doğu Avrupa *M. subterraneus* popülasyonlarında gözlenen $2n=52$ ve $2n=54$ karyoformlarındaki sitogenetik farklılıkların Robertsonian translokasyonundan kaynaklandığını, ancak bu durumun aralarındaki üreme izolasyonu için yetersiz olduğunu ileri sürmüşlerdir. Bununla birlikte, türün ve popülasyonlarının sistematığının aydınlatılması için yayılış alanını kapsayan ve daha kapsamlı moleküler çalışmalara ihtiyaç vardır.



Şekil 5.3 *M. subterraneus* de Selys Longchamps, 1836 türünün yayılış haritası (Amori vd. 2016)



Şekil 5.4 *M. majori* Thomas, 1906 türünün yayılış haritası (Kryštufek vd. 2016)



Şekil 5.5 *M. subterraneus* ve *M. majori* türlerinin elde edildiği lokasyonlar

(*M. subterraneus* örnekleri kırmızı renk yıldız ile işaretlenmiş lokasyonlardan, *M. majori* örnekleri mavi renk yıldız ile işaretlenmiş lokasyonlardan toplanmıştır) (Türkiye fiziki haritası <http://cografyaharita.com/> adresinden alınmıştır)

5.4 Guentheri Grubu Türlerin mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi

Anadolu sahip olduğu kemirici türleri açısından oldukça zengin bir bölge olup, yaklaşık 67 türe ev sahipliği yapmaktadır. Bu türlerden 14 adedi *Microtus* cinsi tarla fareleridir. Dogramacı'nın tarla faresi, *Microtus dogramacii* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999; *Microtus lydius* Blackler, 1916; *Microtus anatolicus* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999 ve *Microtus elbeyli* Yiğit vd. 2016 ile birlikte Anadolu'ya endemik bir *Microtus* türüdür (Yiğit vd. 2006). *Sumeriomys* altcinsinde bulunan $2n=54$ diploid kromozom sayısına sahip olan tarla fareleri "Guentheri Soy Hattı"na (*M. guentheri*, *M. hartingi*, *M. lydius*) alınmakta (Ellermann 1941) ve diploid kromozom sayısı $2n=48$ olan *Microtus dogramacii* türü "Guentheri grubu"na dahil edilmek ile birlikte mevcut çalışmaların azlığı nedeniyle soy hattı bakımından taksonomik durumu tartışmalıdır (Golenishchev vd. 2002). Kefelioğlu ve Kryštufek (1999) *M. dogramacii* türünü Suluova, Amasya'dan *M. socialis* Pallas, 1773 ve *M. guentheri* Danford ve Alston, 1880 türlerinden karyolojik ve morfolojik farklılıklarına göre yeni bir tür olarak tanımlamıştır. *M. dogramacii* $2n=48$ diploid kromozom sayısı ile diğer türlerden ayrılmasının yanısıra ($2n=54$ -Guentheri grubu, $2n=62-64$ -*M. socialis*), morfolojik olarak da daha kısa kuyruk ve daha derin bir kafatası yapısı ile farklılık göstermektedir (Kryštufek 1999). Ek olarak, 2. Molar diş yapısı *M. dogramacii* türünde agrestis tipte, diğer Guentheri grubu türleri ile *M. socialis* türünde non-agrestis tiptedir (Sağlam 2004). *M. dogramacii* ile ilgili olarak yapılan moleküler çalışmalara bakıldığında, Jaarola vd. (2004) *M. dogramacii* türünün CYTB analizine göre *M. guentheri*'ye *M. socialis*'den daha yakın olduğunu saptamışlardır. Kryštufek vd. (2009, 2012) CYTB sonuçlarına göre *M. dogramacii* ve *M. hartingi*'yi yakın türler olarak ele almıştır. Thanou vd. (2012) ise *M. dogramacii* ile Guentheri grubu türlerin kardeş türler olduklarını ileri sürmüşlerdir. Mahmoudi vd. (2015) *M. dogramacii* ile İran'da yayılış gösteren *Microtus qazvinensis* arasındaki genetik uzaklığı % 2,8 olarak bulmuşlar, ancak söz konusu 2 türün coğrafi olarak uzaklığını göz önüne alarak bu türlerin yakın ilişkili geçerli türler olduğunu kabul etmişlerdir. Ayrıca, *M. dogramacii* *M. hartingi*, *M. guentheri* ve *M. socialis* türlerinden ayrılmıştır. Ancak Wilson vd. (2017) ve Burgin vd. (2020) *M. dogramacii* ve *M. qazvinensis*'i aynı tür olarak kabul edip her ikisini birden *M. dogramacii* altında vermiştir.

Ek olarak, *Microtus socialis* türünün Anadolu örneklerini içeren moleküler çalışmaların olmaması nedeni ile, bu çalışmada GenBank'dan alınan Çin ve İran örnekleri kullanılmıştır. Bu nedenle, *M. socialis* türünün Anadolu populasyonlarının moleküler belirteçler kullanılarak çalışılması ve taksonomik durumunun diğer *M. socialis* populasyonları ile karşılaştırılmak yolu ile aydınlatılması önem arz etmektedir.

Diğer taraftan Guentheri Grubu'na ait diğer türler olan Trakya'da yayılış gösteren *M. hartingi* ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren *M. lydius* türlerinin taksonomik durumları da tartışma konusudur. Yiğit ve Çolak (2002) ile Yiğit vd. (2012) tarafından yapılan morfolojik çalışmalarda Trakya populasyonu *M. hartingi*, Batı Anadolu populasyonu ise *M. lydius* olarak ele alınmış ve Yiğit ve Çolak (2002) Batı Anadolu'nun kıyı kesimlerine ait populasyonu *M. lydius lydius* ve İç Anadolu populasyonunu biyometrik olarak Ege kıyılarında yayılış gösteren populasyondan farklı olması sebebi ile *M. lydius ankaraensis* olarak tanımlamışlardır. Markov vd. (2014) ise, metrik olmayan 32 adet niteliksel kafatası karakterlerinin analizi ile Anadolu ve Balkanlar'da yayılış gösteren "Guentheri" grubuna ait türlerin farklı türler olması gerektiğini vurgulamışlardır. *M. hartingi* ve *M. lydius* türleri ile ilgili yapılan karyolojik çalışma Zima vd. (2013) tarafından gerçekleştirilmiş ve Trakya ve Yunanistan örnekleri *M. hartingi*, Batı ve Doğu Anadolu örnekleri *M. guentheri* olarak tanımlanmıştır. Zorenko vd. (2016) tarafından yapılan hibridizasyon çalışmasında, Bulgaristan ve Batı Anadolu'dan elde edilen *M. hartingi* bireylerinin oluşturduğu F1 döllerinin hayatta kalma oranlarının yüksek ve üremelerinin verimli olduğu, ancak sonraki kuşaklara ait bireylerde yüksek mortalite, azalan vücut ağırlığı ve spermatozoa kalitesi ile düşük düzeyde spermatogenez görülmüştür. Yapılan moleküler çalışmalar ise daha çok *CYTB* gen bölgesi ve az sayıda örnek ile gerçekleştirilmiştir (Kryštufek vd. 2009, Thanou vd. 2012, Kryštufek vd. 2009) ve bu çalışmalarda Trakya ve Batı Anadolu populasyonları arasındaki ayrım düşük çıkmış ve bu populasyonlar *M. hartingi* olarak ele alınmıştır. Benzer şekilde, Yiğit vd. (2017) mitokondriyal DNA (*COXI*, *CYTB* ve 12S rRNA) analizleri sonucu Trakya ve Batı Anadolu populasyonları arasındaki farklılığın düşük olmasından dolayı bu populasyonları *M. hartingi* olarak tanımlamışlardır.

Guentheri grubu Trakya ve Batı Anadolu populasyonları (*M. hartingi*/*M. lydius*) ile Güneydoğu Anadolu’da bulunan *M. guentheri* türü arasındaki filogenetik ilişkiler *COXI*, *CYTB* ve 12S rRNA gen bölgeleri kullanılarak 2015 yılında “Trakya ve Batı Anadolu’da Yayılış Gösteren *Microtus lydius* (2n= 54) ve *Microtus hartingi* (2n= 54) Türlerinin Filogenetik İlişkilerinin Ortaya Konulması” başlıklı yüksek lisans tez çalışmamızda ayrıntılı olarak çalışılmıştır. Bu nedenle, doktora tez çalışmasında daha çok *M. dogramacii* türünün taksonomik durumuna odaklanılmıştır. Bu amaçla, Guentheri grubu türlerinin yanısıra *M. socialis* türüne ait gen dizileri de kullanılarak İç Anadolu’nun kuzeyinde (Amasya ve çevresi) yayılış gösteren (Şekil 5.6) *M. dogramacii*’nin geçerli bir takson olup olmadığı belirlenmeye çalışılmıştır. *Microtus* türlerinin yakın zamanda (0,5-3,5 MYÖ) ayrıldıkları (Lenskaya vd. 2010) ve türleşme süreçlerinin hala devam ettiği göz önüne alınırsa (Jaarola vd. 2004, Tryfonopoulos vd. 2008), *M. dogramacii* gibi yeni tarla faresi türlerinin meydana gelmesi olasıdır.

CYTB gen bölgesinin analiz edildiği çalışmalara bakıldığında, Jaarola vd. (2004) *M. dogramacii* ve *M. guentheri* dahil olmak üzere yakın türler arasındaki net genetik uzaklık değerlerini % 4-7 olarak belirtmiştir, Kryštufek vd. (2009) ortalama genetik uzaklık değerlerini % 3,93 (*M. dogramacii*-*M. hartingi*), % 4,71 (*M. dogramacii*-*M. guentheri*) ve % 4,53 (*M. dogramacii*-*M. socialis*) olarak bulurken, Kryštufek vd. (2012) ortalama genetik uzaklık değerlerini % 4,32 (*M. dogramacii*-*M. hartingi*), % 5,26 (*M. dogramacii*-*M. guentheri*) ve % 4,34 (*M. dogramacii*-*M. socialis*) olarak bulmuştur. Thanou vd. (2012) ise net genetik uzaklık değerlerini % 3,7-3,9 (*M. dogramacii*-*M. hartingi*), % 5,1 (*M. dogramacii*-*M. guentheri*) ve % 5,3 (*M. dogramacii*-*M. socialis*) olarak hesaplamıştır. Mahmoudi vd. (2015) ise, ortalama genetik uzaklık değerlerini % 4,40 (*M. dogramacii*-*M. hartingi*), % 5 (*M. dogramacii*-*M. guentheri*) ve % 5,10 (*M. dogramacii*-*M. socialis*) olarak bulmuştur. Thanou vd. (2012) ise net genetik uzaklık değerlerini % 3,7-3,9 (*M. dogramacii*-*M. hartingi*), % 5,1 (*M. dogramacii*-*M. guentheri*) ve % 5,3 (*M. dogramacii*-*M. socialis*) olarak hesaplamıştır. Bizim çalışmamızda hesaplanan *COXI* gen bölgesi ortalama ve net genetik uzaklık değerleri *CYTB* sonuçları ile uyumluluk göstermektedir (Çizelge 4.21). *M. dogramacii* ile Guentheri grubu türleri ve *M. socialis* türleri arasındaki uzaklık değerleri % 2,9-7,5 arasında değişmektedir ve *M. dogramacii* türünün *M. hartingi* ve *M.*

lydius'a *M. guentheri* ve *M. socialis*'e göre daha yakın olduğu görülmektedir. *IRBP* gen bölgesi sonuçları ise *COXI* gen bölgesine göre daha düşük çıkmıştır ve benzer şekilde *M. dogramacii* *M. hartingi* ve *M. lydius*'a daha yakındır (Çizelge 4.24). Guentheri grubu Trakya ve Batı Anadolu populasyonları arasındaki ortalama genetik uzaklık % 2,4 iken, net genetik uzaklık % 0,7'dir ve bu *COXI* değerleri literatürdeki *CYTB* değerleri ile uyumludur (% 0,6-Thanou vd. 2012, % 0,2 -1,7-Yiğit vd. 2017). Yiğit vd. 2017 *COXI* bölgesine göre de ortalama ve net genetik uzaklık değerlerini % 1,7 ve % 0,2; 12S rRNA bölgesine göre de sırası ile % 0,3 ve % 0,2 olarak hesaplamıştır. *IRBP* gen bölgesi analizlerinde de ortalama ve net genetik uzaklık değerleri % 0,5 ve % 0 (sıfır) olarak belirlenmiştir. Genetik çeşitlilik değerlerinin de *COXI* bölgesi için *M. dogramacii* türünde oldukça yüksek olması farklılaşma sürecini işaret etmektedir (Çizelge 4.20)

Mevcut çalışmalarda elde edilen *CYTB* gen bölgesi filogenetik yaklaşımlarında ise *M. dogramacii* *M. hartingi*'ye (Trakya ve Batı Anadolu Guentheri grubu populasyonları) *M. guentheri* ve *M. socialis*'e göre daha yakındır (Jaarola vd. 2004, Kryštufek vd. 2009, 2012, Thanou vd. 2012). Bu çalışmalarla uyumlu olarak, *COXI* geni Bayesian Dendrogramı'nda çalışılan tüm türler birbirlerinden tamamen ayrılmıştır ve *M. dogramacii* *M. hartingi/lydius*'a daha yakın olarak konumlanmıştır (Şekil 4.13). Median-joining İlişki Ağı'nda ise *M. dogramacii* türü *M. hartingi* haplotiplerine en yakın olacak şekilde ayrı bir grup oluşturmuş, ancak *M. guentheri/M. hartingi/M. lydius* haplotipleri birbirlerine daha yakın olarak konumlanmıştır (Şekil 4.14). *IRBP* geni Bayesian Dendrogramı ve Median-Joining İlişki Ağı'nda ise (Şekil 4.15-4.16), *M. dogramacii* diğer türlerden net bir şekilde ayrılmasına karşın, *M. hartingi*, *M. lydius*, *M. guentheri* ve *M. socialis* türleri arasında güçlü bir ayrım yoktur ($pp < 0,50$). Bu durum, *COXI* gen bölgesinin yakın türleri ayırmada *IRBP* geninden daha avantajlı olduğunu göstermektedir.

Ayrılma zamanları ise *COXI* bölgesi için 0,424 MYÖ (*M. dogramacii* ve *M. hartingi/M. lydius*), 0,340 MYÖ (*M. hartingi* ve *M. lydius*), 0,548 MYÖ (*M. dogramacii/M. hartingi/M. lydius* ve *M. guentheri* ve *M. socialis*), 0,420 MYÖ (*M. guentheri* ve *M. socialis*) olarak hesaplanmıştır. *IRBP* bölgesi sonuçlarına bakıldığında, *M. dogramacii*

diğer türlerinden 0,690 MYÖ, söz konusu diğer türler 0,567 MYÖ önce farklılaşmaya başlamıştır. *M. hartingi/lydius* ayrılma zamanları Yiğit vd. (2017) ile uyuşmamaktadır (1,62 MYÖ-COXI, 0,73 MYÖ-CYTB, 0,20 MYÖ-12S rRNA). Bu durum örneklem ve/veya moleküler saat kalibrasyon farklılığından kaynaklanıyor olabilir.

COXI bölgesi için elde edilen genetik uzaklık değerleri, Bayesian Dendrogramı, Median-joining İlişki Ağı *M. dogramacii* ile Guentheri grubu türleri ve *M. socialis* arasındaki yüksek orandaki farklılaşmayı desteklemektedir. Tarla fareleri Güneybatı Asya kökenlidir ve Anadolu, İran ve Kafkaslar'da birçok tür bulunmaktadır (Shenbrot ve Krasnov 2005, Aulagnier 2009). Geç Miyosen'de meydana gelen Messiniyen Tuzluluk Krizi (5,97-5,33 MYÖ) (Roveri et al. 2014), Paretetis Denizi'nin kurumasına ve açık habitatların oluşumuna neden olmuştur. Bu sayede, *Microtus* türleri Güneybatı Asya'dan Anadolu'ya yayılmasının önü açılmıştır. Ayrılma zamanlarına bakıldığında da, Pleistosen Dönemi'ne (2,58-0,117 MYÖ) denk gelmektedir ve bu dönemde yaşanan glasiyal dönemlerdeki soğuk ve kuru koşullar popülasyonların refugiyumlarda kalmasına, dolayısıyla aralarındaki gen akışının engellenmesine neden olmuş olabilir (Bilton vd. 1998, Taberlet vd. 1998, Schmitt 2007). Ayrıca, *Microtus* türlerinin evrimleşme zamanları 0,5-3,5 MYÖ olarak rapor edilmiş (Lemskaya vd. 2010) ve *Microtus* türlerinin türleşmelerinin önemli bir kısmının 1 milyon yıldan kısa bir zaman önce gerçekleşmiştir (Tougard 2017, Bannikova vd. 2010). Bu nedenle, Anadolu'da *M. dogramacii* gibi yeni türlerin farklılaşması olasıdır. Literatürden ve elde ettiğimiz sonuçlardan görüleceği üzere Guentheri grubu ile *M. socialis* türü arasındaki genetik uzaklıklar % 10'dan düşüktür. *Microtus* türlerinde ortalama tür içi genetik % 2,0 (% 0,2-4,4) olarak rapor edilmiştir (Baker ve Bradley 2006) ve bu tez çalışmasındaki *M. dogramacii* ve diğer türler arasındaki ortalama genetik uzaklık sonuçları (% 5,8-7,5) bu değerlerin üzerindedir. Bu tez çalışmasının sonuçları ile literatürde belirtilmiş karyolojik ve morfolojik farklılıklar baz alınarak, *M. dogramacii* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999 türünün geçerli bir tür olduğu, *M. hartingi/lydius* grubundan farklılaştığı sonucu çıkarılabilir.

Diğer taraftan, Guentheri grubu Trakya ve Batı Anadolu popülasyonları arasındaki ayrım tez çalışması analizleri neticesinde güçlü bulunamamıştır. Genetik uzaklık

değerleri % 2,4 (ortalama) ve % 0,7 (net) olarak oldukça düşüktür ve tür içi çeşitliliği göstermektedir (Baker ve Bradley 2006). Bayesian Dendrogramları ve Median-Joining İlişki Ağı da her 2 popülasyonu genel olarak ayırmamıştır. Trakya ve Batı Anadolu'yu ayıran ve karasal hayvanların geçişini engelleyerek izole kalmalarına neden olan İstanbul ve Çanakkale Boğazları'nın (Bacescu 1985, Tortonese 1985, Çağatay vd. 2000, Yaltırak vd. 2000) söz konusu popülasyonları ayırmada türleşme yönünden yetersiz kaldığı, ancak morfolojik farklılıklar ve hibridizasyon çalışmalarına bakıldığında devam eden bir türleşme sürecinde oldukları söylenebilir. Bu nedenle, literatür verileri ve bu çalışmanın sonuçları göz önüne alınarak Guentheri grubu Trakya ve Batı Anadolu popülasyonlarının tek bir türe ait olduğu ve öncelik kuralına göre *M. hartingi* Barret-Hamilton, 1903 olarak tanımlanması gerektiği bu tez kapsamında önerilmektedir.



Şekil 5.6 Guentheri grubu türlerinin Anadolu'daki yayılımı ve elde edildiği lokasyonlar (Amori 2016, Kryštufek vd. 2017)

(*M. hartingi* örnekleri yeşil renk yıldız ile işaretlenmiş lokasyonlardan, *M. lydius* örnekleri mavi renk yıldız ile işaretlenmiş lokasyonlardan, *M. dogramacii* örnekleri siyah renk yıldız ile işaretlenmiş lokasyonlardan ve *M. guentheri* örnekleri beyaz renk yıldız ile işaretlenmiş lokasyonlardan toplanmıştır)

5.5 *Chionomys* Miller 1908 Cinsi mtDNA ve nucDNA Dizi Analizi Sonuçlarının Değerlendirilmesi

Chionomys cinsi *Microtus* cinsi ile yakın ilişkili ve en eski Arvicolinae cinslerinden biri olarak kabul edilmekte olup, *C. nivalis*, *C. roberti* ve *C. gud* olmak üzere tanımlanmış 3 türe sahiptir. Önceden *Microtus* cinsine ait türler olarak kabul edilmelerine karşın (Neuhäuser 1936, Corbet 1978, Krapp 1982), Wilson ve Reeder (1993), Mitchell-Jones vd. (1999) gibi yazarlar tarafından kraniyal (Pietsch 1980), dental (Nadachowski 1991), kromozomal (Agadzhanjan ve Jatsenko 1984, Zima ve Král 1984) ve genetik kanıtlara göre (Graf 1982, Jaarola vd. 2004) *Chionomys* cinsine dahil edilmişlerdir. *Chionomys* cinsinin kökeninin Kafkasya-Anadolu bölgesidir ve her 3 türün de bu bölgede yayılışı olduğu bilinmektedir (Şekil 5.7-5.9) (Shenbrot 2005). Yapılan çalışmalara göre (Nadachowski vd 1991, Yannic vd. 2012), *C. nivalis*, *C. roberti* ve *C. gud* türlerinden ayrılarak Anadolu'dan Avrupa'ya yayılmıştır. *C. nivalis* türüne ait yaklaşık 20 adet altcins mevcuttur ve bu altcinslerin ait olduğu populasyonlar Pleistosen Devri glasiyal dönemlerde refugiyum olarak yerleştikleri yüksek dağlarda izole populasyonlar halinde kalmışlardır (Gromov ve Polyakov 1977, Nadachowski 1991). Bu nedenle, *C. nivalis* içinde kriptik tür veya türler bulunması muhtemeldir. Diğer taraftan, *C. roberti* ve *C. gud* türleri sadece Anadolu ve Kafkaslar'da bulunmaktadır, ancak *C. gud* morfolojik olarak *C. nivalis*'e büyük ölçüde benzerlik göstermektedir ve bilinen yayılış alanının dışında kriptik populasyonlarının mevcut olması olasıdır. *Chionomys* türleri karyolojik ve morfolojik özellikler açısından ayırım göstermektedir (Kefelioğlu 1995, Kryštufek 1999, Yiğit vd. 2006, Sözen vd. 2009) ancak literatürdeki mevcut çalışmalara rağmen, cinsin taksonomisi tartışmalıdır ve bu nedenle kapsamlı moleküler çalışmalara ihtiyaç vardır. Bu çalışmada Türkiye'nin kuzeydoğusunda yayılış gösteren *Chionomys* cinsine ait türlerin birbirleri ile olan ilişkilerinin yanısıra, *Microtus* ve *Chionomys* cinsleri arasındaki ilişki mitokondriyal ve nükleer gen belirteçleri yardımı ile aydınlatılmaya çalışılmıştır. Bu amaçla, *Chionomys* türleri arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek için mitokondriyal COXI ve nükleer IRBP gen bölgeleri kullanılırken, *Microtus* ve *Chionomys* cinsleri arasındaki ilişkiyi aydınlatabilmek için ise 12S rRNA bölgesi analiz edilmiştir.

Chionomys türleri arası genetik uzaklıklara bakıldığında *COXI* gen bölgesi için % 11,4-14,9, *IRBP* gen bölgesi için % 0,8-1,3 ve 12S rRNA gen bölgesi için % 1,3-3,0'tür (Çizelge 4.27, 4.30, 4.33). *Chionomys* ve *Microtus* cinsleri arası genetik uzaklıklar ise *COXI* gen bölgesi için % 18,5 (ortalama)-7,4 (net), *IRBP* gen bölgesi için % 2,8 (ortalama) -%2,0 (net) ve 12S RNA gen bölgesi için % 4,2 (ortalama)- % 3,0 (net)-'tür. *IRBP* gen bölgesi haricinde *C. nivalis*'in *C. roberti* ve *C. gud* türlerine olan uzaklığı, *C. roberti* ve *C. gud* türlerinin aralarındaki uzaklıktan düşüktür. Nadachowski vd. (1991) biyokimyasal verilere göre iki cins arası uzaklık değerini Nei 1978 Parametresi'ne göre $D= 0,61$ olarak bulmuş ve orta düzeyde farklılaşmayı işaret etmiştir. Bannikova vd. (2013) *C. nivalis* ve *C. gud* arasındaki nükleer genlere dayalı genetik uzaklığı % 4,7 olarak hesaplamıştır.

Dorkova vd. (2016) *C. nivalis* Toros (Anadolu) popülasyonu için haplotip çeşitliliği (Hd) değerini 1,000 olarak, nükleotit çeşitlilik değerini (Pi) ise 0,002 olarak bulmuştur ve bu sonuçlar *CYTB* analizlerine dayanmakla birlikte, bizim çalışmamızın *COXI* gen bölgesi sonuçları ile uyumludur ($Hd= 0,933$ - $Pi=0,003$, Çizelge 4.26).

Mevcut moleküler çalışmalar *Chionomys* cinsinin *Microtus* cinsinden; *C. nivalis*, *C. roberti* ve *C. gud* türlerini de birbirinden ayrıldığını göstermektedir (Jaarola vd. 2004, Galewski vd. 2006, Robovský vd. 2007, Acosta vd. 2007, Abramson vd. 2009, Bannikova vd. 2013). Aynı zamanda, *C. nivalis* türü ilk ayrılan türdür ve *C. roberti* ve *C. gud* birbirlerine *C. nivalis*'e göre daha yakındır (Bužan ve Kryštufek 2008, Yannic vd. 2012). Bu çalışmada, *COXI* bölgesi Bayesian Dendrogramı ve Median-joining İlişki Ağı *Chionomys* türlerini ve *Chionomys-Microtus* cinslerini büyük ölçüde ayırmıştır (Şekil 4.17-4.18). *IRBP* bölgesi ise cinsleri net olarak ayırırken, tür ayrımı için yetersiz kalmıştır (Şekil 4.19-4.20). Diğer taraftan, 12S rRNA bölgesi Bayesian Dendrogramı'nda türleri ve cinsleri büyük ölçüde ayrılırken, Median-joining İlişki Ağı'nda cinslere ve türlere ait haplotipler yakın olarak biraraya gelmiştir (Şekil 4.21-4.22). Ek olarak, literatürdeki çalışmalar ile benzer şekilde *COXI* ve 12S rRNA Bayesian Dendrogramları *C. nivalis*'in bazal grup olarak ilk ayrılan tür olduğunu ve *C. roberti* ve *C. gud*'un birbirlerine daha yakın olduğunu göstermekte, *Chionomys* içindeki "nivalis" ve "roberti/gud" gruplarını doğrulamaktadır.

Abramson vd. (2009) iki cinsin ayrılma zamanını nükleer genlere göre ortalama 3 MYÖ olarak hesaplamıştır. Castiglia vd. (2009) *C. nivalis* hatları için ayrılma zamanını 0,158-0,84 MYÖ olarak vermiştir. Bu tez çalışmasında ise *Microtus* ve *Chionomys* cinslerinin ayrılma zamanları *COXI*, *IRBP* ve 12S rRNA için sırası ile 5,0; 4,62 ve 1,05 MYÖ olarak bulunmuştur. *C. nivalis*'in *C. roberti* ve *C. gud* türlerinden ayrılması 3,46 MYÖ (*COXI*), 2,66 (*IRBP*) ve 0,75 MYÖ (12S rRNA), *C. roberti* ve *C. gud* türlerinin birbirlerinden ayrılması ise 2,80 MYÖ (*COXI*), 1,37 (*IRBP*) ve 0,55 MYÖ (12S rRNA) gerçekleşmiştir.

Çalışma sonucu elde edilen veriler *Microtus* ve *Chionomys* cinslerinin birbirlerinden ayrıldıklarını, ayrıca “nivalis” grubunun “roberti/gud” grubundan farklılaşarak Anadolu ve Kafkaslar'dan Avrupa'ya doğru yayıldığını büyük ölçüde doğrulamaktadır. Söz konusu cinslerin kökenine bakıldığında, *Myodes* ve *Arvicola* gibi yakın cinslerle birlikte *Microtus* ve *Chionomys* cinslerinin de Pliyosen Dönemi'nde (5,33-2,6 MYÖ) *Mimomys* cinsinden köken aldıkları düşünülmektedir (Chaline ve Graf 1988). *Microtus* ve *Chionomys* cinslerinin atası ise *Allophaiomys deucalion* veya *Allophaiomys pliocaenicus* türleri olup (Chaline, 1966, Chaline 1972, Kretzoi, 1969, Van der Meulen 1973, Van der Meulen 1978), bu türlerin muhtemel atası *Mimomys lagurodontoides*, *Mimomys newtoni* veya *Mimomys pusillus*'tur (Chaline 1974, 1980, Rabeder 1981). Neartik Bölge'de yayılış gösteren *Microtus* türleri de Avrasya *Microtus* türlerinden köken almış ve Bering Köprüsü vasıtası ile bu türler Neartik Bölge'ye Pleistosen Dönemi'nde göç etmişlerdir. Amerika'da bulunan *Allophaiomys* cinsi de bağımsız olarak Avrasya *Allophaiomys* türlerinden köken almaktadır (Chaline 1974, Chaline ve Mein 1978, Van der Meulen 1978, Chaline 1980, Repenning 1980, 1983, Chaline ve Graf 1988).

Microtus ve *Chionomys* cinslerinin ayrılmaları *COXI* gen bölgesi sonuçları göz önüne alındığında, Pliyosen Dönemi'ne denk gelirken, *Chionomys* türleri Pliyosen-Pleistosen Dönemleri'nde ayrılmış görülmektedir ve *C. nivalis* populasyonları Pleistosen Dönemi glasiyal dönemlerde yüksek dağlardaki (1800 m ve üzeri) refugiyumlarda izolasyon ve bölgesel adaptasyon sonucu farklılaşmışlardır (Kryštufek 1999). Bu nedenle, *C. nivalis* türünde geniş ve parçalı bir dağılım gözlenmektedir (Mitchell- Jones vd. 1999).

İzolasyon ve farklılaşmadan ötürü *C. nivalis* türünde çok sayıda alttürün yanısıra (Nadachowski 1991), kriptik türlerin de bulunması ihtimal dahilindedir (Filippucci vd. 1991, Zykov 2004). Benzer şekilde *C. roberti* ve *C. gud* türleri için de alttürler mevcuttur (*C. roberti roberti* Thomas 1906-Kafkasya, Transkafkasya; *C. r. pshavus* Schidlovski, 1919-İori Nehri, Kuzey Gürcistan; *C. r. personatus* Ognev, 1924-Kuzey Ossetia, *Ch. r. occidentalis* Turov, 1928-Mzymta Nehri, Krasnodar krayı); Türkiye popülasyonunun da *C. r. personatus* alttürüne ait olabileceği ve bu alttürün diğerlerinden farklı olduğu ileri sürülmektedir (Bannikova vd. 2013). *C. nivalis* ve *C. roberti* alttürlerinin yanısıra, *C. gud* için de çeşitli yazarlar tarafından alttürler verilmiştir (*C. g. gud* Satunin, 1909-Büyük Kafkas Dağları'nın iç kesimleri, *C. g. lghesicus*-Dağıstan, *C. g. nenjukovi* Formozov, 1931- Büyük Kafkas Dağları'nın batısı) ancak taksonomik durumları tartışmalıdır. Ayrıca, Wilson vd. (2017) mitokondriyal dizi analizlerine göre, *C. lasistanius* türünü Kuzeydoğu Anadolu'dan vermiş ve Kafkas popülasyonlarını *C. gud* olarak kabul etmişlerdir. *C. gud* ve *C. nivalis*'in morfolojik açıdan benzerlik göstermeleri de, *C. nivalis* olarak tanımlanmış bazı popülasyonların *C. gud* türüne ait olabileceği ve *C. gud*'un yayılışının bilinenden daha geniş olabileceğini düşündürmektedir. Ek olarak, *C. nivalis* popülasyonları farklı bölgelere ve rakımlara dağılmaları, sabit nüfus yoğunluğuna sahip olmaları, kolay yakalanmaları ve kontamine su ve toprağa maruz kalmalarından dolayı Alpin bölgelerde çevresel değişikliklerin belirlenmesinde biyoindikatör olarak kullanılmaktadır (Belcheva et al. 1998, Metcheva vd. 2008, Janiga vd. 2012, Martinkova vd. 2019). Bu nedenle, gelecekte özellikle *Chionomys* türlerinin alttürleri hakkında kapsamlı çalışmalar yapılması ve taksonomik durumlarının aydınlatılması önem kazanmaktadır.



Şekil 5.7 *C. nivalis* (Martins, 1842) türünün yayılışı ve örneklerin elde edildiği lokasyonlar (Kryštufek 2016)

(Yıldız işaretleri İberik Yarımadası ve Türkiye'nin kuzeydoğusunu göstermektedir)



Şekil 5.8 *C. gud* (Satunin, 1909) türünün yayılışı ve örneklerin elde edildiği lokasyonlar (Kryštufek vd. 2016)

(Yıldız işaretleri İberik Yarımadası ve Türkiye'nin kuzeydoğusunu göstermektedir)



Şekil 5.9 *C. roberti* (Thomas, 1906) türünün yayılışı ve örneklerin elde edildiği lokasyonlar (Kryštufek 2016)

(Yıldız işaretleri İberik Yarımadası ve Türkiye'nin kuzeydoğusunu göstermektedir)

5.6 Sonuçlar

Söz konusu tez kapsamında elde edilen sonuçlar özet olarak aşağıda verilmiştir:

- *M. arvalis* Pallas, 1778 türünün yayılış alanının batısındaki “arvalis” ve doğudaki “obscurus” formları mitokondriyal *COXI*, nükleer *IRBP* ve literatürdeki mitokondriyal *CYTB*, karyoloji ve hibridizasyon çalışmaları göz önüne alınarak aynı tür olarak kabul edilmiş ve Anadolu'nun doğusundaki *Microtus arvalis* popülasyonu tartışmaya açık olmakla birlikte *M. arvalis obscurus* Eversmann, 1841 olarak tanımlanmıştır.
- Trakya ve Anadolu'da yayılış gösteren *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865 türü mtDNA ve nucDNA analizlerinin ışığında, söz konusu popülasyonların ayrı tür olarak değerlendirilemeyeceği ancak devam eden bir türleşme sürecinde oldukları bu tez çalışması ile ortaya konulmuştur.

● *Terricola* altcinsine ait *Microtus subterraneus* de Selys Longchamps, 1836 ve *Microtus majori* Thomas, 1906 türlerinin farklı türler oldukları belirlenmiş, ancak *M. subterraneus* Trakya ve Anadolu populasyonları arasındaki ayrım düşük seviyede bulunmuştur.

● Anadolu'ya endemik kemirici türlerinden olan ve taksonomik durumu belirsiz olan *Microtus dogramacii* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999 mtDNA ve nucDNA verileri ile literatürde belirtilmiş karyolojik ve morfolojik farklılıklar baz alınarak, geçerli bir tür olarak kabul edilmiş ve *M. hartingi/lydius* grubundan farklılaştığı sonucu çıkarılmıştır. Ancak, Trakya ve Batı Anadolu'da bulunan Guentheri grubu tarla fareleri arasındaki genetik ayrım farklı türler olarak tanımlanmaları için yetersiz olup, bu populasyonların *Microtus hartingi* Barret-Hamilton, 1903 türüne ait oldukları kabul edilmiştir.

● *Microtus* ve *Chionomys* cinslerinin birbirlerinden ayrıldıkları mtDNA verilerine dayanarak kabul edilmiş, ayrıca *C. nivalis* türünün *C. roberti* ve *C. gud* türlerinden ayrılarak Anadolu ve Kafkaslar'dan Avrupa'ya doğru yayıldığı doğrulanmıştır.

● Anadolu'nun kemirgen çeşitliliği için bir gen merkezi olduğu ve özellikle Pleistosen Dönemi glasiyal devirlerde ılıman koşulları tercih eden türler için refugiyum olarak önem kazandığı çalışılan tür ve cinsler açısından vurgulanmıştır.

● Tür içi, türler arası ve cinsler arası genetik çeşitlilik, genetik uzaklık ve filogenetik yaklaşımlar açısından mitokondriyal Sitokrom oksidaz 1 (*COXI*) gen bölgesinin ayrım gücünün yüksek olduğu ve ideal bir belirteç olduğu anlaşılmıştır. Nükleer *IRBP* ve mitokondriyal 12S rRNA gen bölgeleri ise yakın türler için ayrım gücü yüksek sonuçlar vermemiştir.

Sonuç olarak bu tez kapsamında Türkiye'de yayılışı olan türler aşağıdaki gibi güncellenmiştir:

1) *Microtus socialis* Pallas, 1773

- 2) *Microtus arvalis* Pallas, 1779
- 3) *Microtus subterraneus* de Selys Longchamps, 1836
- 4) *Microtus guentheri* Dandford ve Alston, 1880
- 5) *Microtus hartingi* Barret-Hamilton, 1903
- 6) *Microtus majori* Thomas, 1906
- 7) *Microtus mystacinus* de Filippi, 1865
- 8) *Microtus daghestanicus* Schidlovsky, 1919
- 9) *Microtus irani* Thomas, 1921
- 10) *Microtus schidlovskii* Argyropulo, 1933 (Burgin vd. 2020'ye göre *M. irani schidlovskii*)
- 11) *Microtus dogramacii* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999
- 12) *Microtus anatolicus* Kryštufek ve Kefelioğlu, 2001
- 13) *Microtus elbeyli* Yiğit vd. 2016
- 14) *Chionomys nivalis* Martins, 1842
- 15) *Chionomys roberti* Thomas, 1906
- 16) *Chionomys gud* Satunin, 1909 (Burgin vd. 2020'ye göre *C. lasistanius*)

KAYNAKLAR

- Aanen, D. K., Spelbrink, J. N. ve Beekman, M. 2014. What cost mitochondria? The maintenance of functional mitochondrial DNA within and across generations. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 369(1646), 20130438.
- Abramson, N. I., Lebedev, V. S., Tesakov, A. S. ve Bannikova, A. A. 2009. Supraspecies relationships in the subfamily Arvicolinae (Rodentia, Cricetidae): an unexpected result of nuclear gene analysis. *Molecular Biology*, 43(5), 834-846.
- Acosta, M. J., Marchal, J. A., Martínez, S., Puerma, E., Bullejos, M., La de Guardia, R. D. ve Sánchez, A. 2007. Characterization of the satellite DNA Msat-160 from the species *Chionomys nivalis* (Rodentia, Arvicolinae). *Genetica*, 130(1), 43-51.
- Adler, A. J. ve Martin, K. J. 1982. Retinol-binding proteins in bovine interphotoreceptor matrix. *Biochemical and biophysical research communications*, 108(4), 1601-1608.
- Agadzhanjan A.K. ve Jatsenko V.N. 1984. Filogeneticheskie svyazi polevok severnoj Evrazii [Phylogenetic relationships of voles in Northern Eurasia]. *Archives of the Zoological Museum of the Moscow State University*, 22, 135-190 (in Russian).
- Aharoni, B. 1932. Die Muriden von Syrien und Palästina. *Z. Säugetierk*, 7, 166-240.
- Akhverdyan, M. R., Lyapunova, E. A., Vorontsov, N. N. ve Teslenko, S. V. 1999. Intrapopulation autosomal polymorphism in the common vole *Microtus arvalis* of the Transcaucasian region. *Russian Journal of Genetics*, 35(12), 1452-1463.
- Alpaslan, F. S. 2011. Some small mammal fossils of Üçağızlı cave (Hatay, Turkey). *Turkish Journal of Zoology*, 35(5), 755-768.
- Alves-Gomes, J. A., Ortí, G., Haygood, M., Heiligenberg, W. ve Meyer, A. 1995. Phylogenetic analysis of the South American electric fishes (order Gymnotiformes) and the evolution of their electrogenic system: a synthesis based on morphology, electrophysiology, and mitochondrial sequence data. *Molecular biology and evolution*, 12(2), 298-318.
- Amori, G., Hutterer, R., Yigit, N., Mitsain, G., Kryštufek, B., Vohralík, V., Zima, J. ve Zagorodnyuk, I. 2016. *Microtus subterraneus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T13489A115115111.
- Amori, G. 2016. *Microtus guentheri*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T13463A115518923.

- Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B. G., De Bruijn, M. H. L., Coulson, A. R., Drouin, J., Eperon, I. C., Nierlich, D. P., Roe, B. A., Sanger, F., Schreier, P. H., Smith, A. J. H., Staden, R. ve Young, I. G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290, 457-465.
- Arslan, A., Arslan, E., Mahmoudi, A., Bannikova, A. ve Kryštufek, B. 2017. Taxonomic identity of *Chionomys nivalis spitzenbergerae* (Mammalia: Rodentia). *Zoology in the Middle East*, 63(1), 1-7.
- Atalay, İ. 1987. Türkiye Jeomorfolojisine Giriş, Ege Üniversitesi Fakültesi Yayınları, No: 9, İzmir.
- Aulagnier, S., Haffner, P., Mitchell-Jones, A. J., Moutou, F. ve Zima, J. 2009. *Mammals of Europe. London: North Africa and the Middle East*. A and C Black Publishers, London.
- Awise, J. C. 1991. Ten unorthodox perspectives on evolution prompted by comparative population genetic findings on mitochondrial DNA. *Annual review of genetics*, 25(1), 45-69.
- Bacescu, M. 1985. The Effects of the Geological and Physicochemical Factors on the Distribution of Marine Plants and Animals in the Mediterranean. *Mediterranean Marine Ecosystems NATO Conference Series*, 8, 195-212.
- Baker, R. J. ve Bradley, R. D. 2006. Speciation in mammals and the genetic species concept. *Journal of mammalogy*, 87(4), 643-662.
- Ballard, J. W. O. ve Whitlock, M. C. 2004. The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular ecology*, 13(4), 729-744.
- Bandelt, H. J., Forster, P. ve Röhl, A. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology and evolution*, 16(1), 37-48.
- Bannikova, A. A., Lebedev, V. S., Lisovsky, A. A., Matrosova, V., Abramson, N. I., Obolenskaya, E. V. ve Tesakov, A. S. 2010. Molecular phylogeny and evolution of the Asian lineage of vole genus *Microtus* (Rodentia: Arvicolinae) inferred from mitochondrial cytochrome *b* sequence. *Biological Journal of the Linnean Society*, 99(3), 595-613.
- Bannikova, A. A., Sighazeva, A. M., Malikov, V. G., Golenishchev, F. N. ve Dzuev R. I. 2013. Genetic diversity of *Chionomys* genus (Mammalia, Arvicolinae) and comparative phylogeography of snow voles. *Russian Journal of Genetics*, 49(5), 561-575.
- Barbosa, S., Paupério, J., Pavlova, S. V., Alves, P. C. ve 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.

- Barbosa, S., Pauperio, J., Searle, J. B. ve 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.
- Barome, P. O., Volobouev, V., Monnerot, M., Mfunne, J. K., Chitaukali, W., Gautun, J. C. ve Denys, C. 2001. Phylogeny of *Acomys spinosissimus* (Rodentia, Muridae) from north Malawi and Tanzania: evidence from morphological and molecular analysis. *Biological Journal of the Linnean Society*, 73(3), 321-340.
- Baskevich, M. I. 1997. A comparative analysis of structural features of spermatozoa and karyotypes in three species of shrub voles: *Terricola majori*, *T. daghestanicus* and *T. subterraneus* (Rodentia, Cricetidae) from the former USSR. *Zoologicheskii Zhurnal*, 76(5), 606-607.
- Baskevich, M. I., Krysanov, E. Y., Malygin, V. M. ve Sapel'nikov, S. F. 2007. New data on the chromosomal variability in the pine vole (*Microtus (Terricola) subterraneus*, Rodentia, Arvicolidae) from the territory of Russia and Ukraine. *Zoologicheskii zhurnal*, 86(3), 369-376.
- Baskevich, M. I., Bogdanov, A. S., Khlyap, L. A., Shvarts, E. A. ve Litvinova, E. M. (2018, May). Taxonomic Interpretation of Allopatric Mammalian Forms on the Example of Two Karyoforms of *Microtus (Terricola) subterraneus* (Rodentia, Arvicolinae) from Eastern Europe. In *Doklady Biological Sciences*, 480(1), 119-123.
- Belcheva, M., Metcheva, R., Artinian, A. ve Nicolova, E. 1998. Assessment of toxic elements in the snow vole (*Chionomys nivalis*) and its food from Rila mountains. *Observatoire de Montagne de Moussala OM2*, 7, 276-280.
- Berggren, W. A. ve Van Couvering, J. A. 1978. *Biochronology*.
- 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.
- Bilton, D. T., Mirol, P. M., Mascheretti, S., Fredga, K., Zima, J. ve Searle, J. B. 1998. Mediterranean Europe as an area of endemism for small mammals rather than a source for northwards postglacial colonization. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 265(1402), 1219-1226.
- Birky, C. W. 1995. Uniparental inheritance of mitochondrial and chloroplast genes: mechanisms and evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 92(25), 11331-11338.
- Blackler, W. F. G. 1916. *Microtus lydius*. *The Annals and magazine of natural history*, 7, 426-427.

- Bogdanov, A. S., Khlyap, L. A. ve Baskevich, M. I. 2020. Differentiation and Phylogenetic Relationships of Three Pine Vole Species of the Subgenus *Terricola* (Rodentia, Arvicolinae, *Microtus*): Results of Analysis of the BRCA1 and XIST Nuclear Gene Fragments. *Biology Bulletin*, 47(6), 559-563.
- Bohr, V. A. 2002. Repair of oxidative DNA damage in nuclear and mitochondrial DNA, and some changes with aging in mammalian cells. *Free Radical Biology and Medicine*, 32(9), 804-812.
- Bradley, R. D. ve Baker, R. J. 2001. A test of the genetic species concept: cytochrome-*b* sequences and mammals. *Journal of mammalogy*, 82(4), 960-973.
- Brinkmann, R., 1976. *Geology of Turkey*. 158, Enke, Stuttgart.
- Brown, P. R., Yee, N., Singleton, G. R., Kenney, A. J., Htwe, N. M., Myint, M. ve Aye, T. 2008. Farmers' knowledge, attitudes, and practices for rodent management in Myanmar. *International Journal of Pest Management*, 54(1), 69-76.
- Brunet-Lecomte, P., Montuire, S. ve Dimitrijevic, V. 2001. The Pleistocene subterranean voles *Terricola* (Rodentia) of Serbia and Montenegro. *Paläontologische Zeitschrift*, 75(2), 189-196.
- Brunet-Lecomte, P., Nadachowski, A. ve Chaline, J. 1992. *Microtus (Terricola) grafi* Nov-Sp From The Upper Pleistocene Deposits Of Bacho Kiro Cave (Bulgaria). *Geobios*, 25(4), 505-509.
- Buckie, A.P. ve Smith, R.H. 1994. *Rodent Pets and Their Control*. CAB int. Press, 104, London.
- Bukhnikashvili, A. ve Kandaurov, A. 1998. *Threatened and Insufficiently Studied Species (Insectivora, Rodentia)*.
- Bulatova, N., Golenishchev, F., Bystrakova, N., Pavlova, S., Koval'skaya, J., Tikhonov, I., Didorchuk M. ve Ivanov, K. 2007. Distribution and geographic limits of the alternative cytotypes of two *Microtus* voles in European Russia. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy*, 18(1).
- Bulatova, N. S., Potapov, S. G. ve Lavrenchenko, L. A. 2010. Genomic versus chromosomal polytypy in studies of mitochondrial and nuclear DNA markers in the *Microtus arvalis* group. *Russian journal of genetics* 46(5), 586-594.
- Burgin, C. J., Wilson, D. E., Mittermeier, R. A., Rylands, A. B., Lacher, T. E. ve Sechrest, W. (Eds.). 2020. *Illustrated Checklist of the Mammals of the World*. Lynx.
- Bužan, E. V. ve Kryštufek, B. 2008. Phylogenetic position of *Chionomys gud* assessed from a complete cytochrome b gene. *Folia Zoologica*, 57(3), 274-282.

- Bužan, E. V., Kryštufek, B., Hänfling, B. ve 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.
- Bužan, E. V., Förster, D. W., Searle, J. B. ve Kryštufek, B. 2010. A new cytochrome *b* phylogroup of the common vole (*Microtus arvalis*) endemic to the Balkans and its implications for the evolutionary history of the species. *Biological Journal of the Linnean Society*, 100(4), 788-796.
- Carleton, M.D. ve G.G. Musser. 1984. Muroid rodents. In "Orders and Families of Recent Mammals of the World" (S. Anderson and J.K. Jones, Jr., eds.), John Wiley and Sons, 686, New York.
- Castiglia, R., Annesi, F., Kryštufek, B., Filippucci, M. G. ve Amori, G. 2009. The evolutionary history of a mammal species with a highly fragmented range: the phylogeography of the European snow vole. *Journal of Zoology*, 279(3), 243-250.
- Cavalli-Sforza, L. L. ve Edwards, A. W. 1967. Phylogenetic analysis. Models and estimation procedures. *American journal of human genetics*, 19(3 Pt 1), 233.
- Chaline, J. 1966. Un Exemple Devolution Chez Les Arvicolides (Rodentia)-Les Lignees Allophaiomys-Pitymys Et *Microtus*. *Comptes Rendus Hebdomadaires Des Seances De L Academie Des Sciences Serie D*, 263(17), 1202.
- Chaline J. 1972. *Le Quaternaire*. Ed. Doin, Paris.
- Chaline J. 1972. Les rongeurs du Pleistocene moyen et superieur de France. *Cahiers de Paléontologie* édités par CNRS, Paris:1-4 10.
- Chaline, J. 1980. *Mimomys salpatriensis n. sp.*, forme relique datee de 14000 BP dans la grotte de la Salpetriere (Gard). *Géobios*, 13(4), 645-651.
- Chaline, J. ve 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. ve Courant, F. (1999, January). Anatomy of the arvicoline radiation (Rodentia): palaeogeographical, palaeoecological history and evolutionary data. In *Annales Zoologici Fennici* (pp. 239-267). Finnish Zoological and Botanical Publishing Board.
- Chaval, Y., Dobigny, G., Michaux, J., Pagès, M., Corbisier, C., Cosson, J. F. ve Herbreteau, V. 2010. A multi-approach survey as the most reliable tool to accurately assess biodiversity: an example of Thai murine rodents. *Kasetsart Journal-Natural Science*, 44(4), p-590.
- Clary, D. O. ve Wolstenholme, D. R. 1985. The mitochondrial DNA molecule of *Drosophila yakuba*: nucleotide sequence, gene organization, and genetic code. *Journal of Molecular Evolution*, 22(3), 252-271.

- Clement, M., Posada, D. C. K. A. ve Crandall, K. A. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular ecology*, 9(10), 1657-1659.
- Conroy, C. J. ve Cook, J. A. 1999. MtDNA evidence for repeated pulses of speciation within arvicoline and murid rodents. *Journal of Mammalian Evolution*, 6(3), 221-245.
- Conroy, C. J. ve Cook, J. A. 2000. Phylogeography of a post- glacial colonizer: *Microtus longicaudus* (Rodentia: Muridae). *Molecular Ecology*, 9(2), 165-175.
- Corbet, G.B. 1978. *The Mammals of the Palaearctic Region: A Taxonomic Review*, London: British Museum Natural History.
- Crouch, R. K., Hazard, E. S., Lind, T., Wiggert, B., Chader, G. ve Corson, D. W. 1992. Interphotoreceptor retinoid- binding protein and α - tocopherol preserve the isomeric and oxidation state of retinol. *Photochemistry and Photobiology*, 56(2), 251-255.
- Çağatay, M. N., Görür, N., Algan, O., Eastoe, C., Tchapylyga, A., Ongan, D., Kuhn, T. ve Kuşçu, I. 2000. Late Glasial-Holocene palaeoceanography of the Sea of Marmara: timing of connections with the Mediterranean and the Black Seas. *Marine Geology*, Elsevier, 167 (3-4), 191-206.
- Çam, P., Yiğit, N. ve Çolak, E. 2015. Chromosomal Arrangements Based on Fundamental Number of Chromosomal Arms (FN) of Hybrid Individuals of *Mesocricetus brandti*. *Marmara Fen Bilimleri Dergisi*, 27(3), 93-96.
- Çolak, E., Yiğit, N., Sözen, M. ve 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(2), 119-130.
- Darvish, J., Siahsarvie, R., Javidkar, M. ve Mirshamsi, O. 2005. New records of the snow vole *Chionomys nivalis* (Rodentia: Arvicolinae) from the Binaloud and Elburz Mountains of Iran. *Acta zoologica cracoviensia*, 48(1-2), 67-70.
- Davis, P. H. 1971. Distribution patterns in Anatolia with particular reference to endemism. *Plant life of south west Asia*.
- DeBry, R. W. ve Sagel, R. M. 2001. Phylogeny of Rodentia (Mammalia) inferred from the nuclear-encoded gene *IRBP*. *Molecular phylogenetics and evolution*, 19(2), 290-301.
- Demirsoy, A. 1996. *Genel ve Türkiye Zoocoğrafyası*. Meteksan AŞ, Ankara.
- de Selys-Longchamps, E. 1836. *Essai monographique sur les campagnols des environs de Liège*.

- Dimmock, D., Tang, L. Y., Schmitt, E. S. ve Wong, L. J. C. 2010. Quantitative evaluation of the mitochondrial DNA depletion syndrome. *Clinical chemistry*, 56(7), 1119-1127.
- Doğramacı, S. 1989. Türkiye Memeli Faunası İçin Yeni Bir Kayıt *Microtus epiroticus* (Mammalia: Rodentia). *Doğa-Tu Zooloji*, 13(3), 197-203.
- Dorková, M., Kocianová-Adamcová, M., Pristaš, P. ve Klinga, P. 2016. Phylogenetic status of endemic *Chionomys nivalis mirhanreini* in the Western Carpathians. *Folia Oecologia*, 43(1), 3-11.
- Douzery, E. ve Catzeflis, F. M. 1995. Molecular evolution of the mitochondrial 12S rRNA in Ungulata (Mammalia). *Journal of Molecular Evolution*, 41(5), 622-636.
- Drummond, A.J. and Rambaut, A. 2007. BEAST: Bayesian Evolutionary Analysis by Sampling Trees. *BMC Evolutionary Biology*, 7, 214.
- Duggen, S., Hoernle, K., Van den Bogaard, P., Rüpke, L. ve Morgan, J. P. 2003. Deep roots of the Messinian salinity crisis. *Nature*, 422(6932), 602-606.
- Ellerman, J. R. 1941. The families and genera of living rodents. Vol. II. Family Muridae, British Museum (Natural History), 690, London.
- Ellerman, J. R. 1948, November. Key to the Rodents of South- West Asia in the British Museum Collection. In *Proceedings of the Zoological Society of London* (Vol. 118, No. 3, pp. 765-816), Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd.
- Ellerman, J. R. ve Morrison-Scott, T. C. S. 1951. Checklist of Palaearctic and Indian mammals 1758 to 1946. Order of the Trustees of the British Museum.
- Ellerman J. R. ve Morrison-Scott T. C. S. 1965. Checklist of Palaearctic and Indian Mammals. British Museum of Natural History, Alden Press, 416, 418.
- Erinç, S. 1973. Türkiye'nin şekillenmesinde neotektoniğin rolü ve jeomorfoloji-jeodinamik ilişkileri. *Jeomorfoloji dergisi*, 5(11), 11-26.
- Fauquette, S. ve Bertini, A. 2003. Quantification of the northern Italy Pliocene climate from pollen data: evidence for a very peculiar climate pattern. *Boreas*, 32(2), 361-369.
- Feldhamer, G. A., Drickamer, L. C., Vessey, S. H., Merritt, J. F. ve Krajewski, C. 2007. *Mammalogy: adaptation, diversity, ecology*. JHU press.
- Fernández- Silva, P., Enriquez, J. A. ve Montoya, J. 2003. Replication and transcription of mammalian mitochondrial DNA. *Experimental physiology*, 88(1), 41-56.

- Filippucci, M. G., Fadda, V., Kryštufek, B., Simson, S. ve Amori, G. 1991. Allozyme variation and differentiation in *Chionornys nivalis* (Martins, 1842). *Acta Theriologica*, 36(1-2), 47-62.
- Fink, S., Excoffier, L. ve Heckel, G. 2004. Mitochondrial gene diversity in the common vole *Microtus arvalis* shaped by historical divergence and local adaptations. *Molecular Ecology*, 13(11), 3501-3514.
- Fong, S. L., Liou, G. I., Landers, R. A., Alvarez, R. A. ve Bridges, C. D. 1984. Purification and characterization of a retinol-binding glycoprotein synthesized and secreted by bovine neural retina. *Journal of Biological Chemistry*, 259(10), 6534-6542.
- Galewski, T., Tilak, M. K., Sanchez, S., Chevret, P., Paradis, E. ve 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), 1-17.
- Gatesy, J., Amato, G., Vrba, E., Schaller, G. ve DeSalle, R. 1997. A cladistic analysis of mitochondrial ribosomal DNA from the Bovidae. *Molecular phylogenetics and evolution*, 7(3), 303-319.
- Ghorbani, F., Mohammadi, Z., Darvish, J., Kami, H. G. ve Siahsarvie, R. 2015. Morphological and morphometric characterization of the new records of the East European vole (*Microtus levis* Miller, 1908) from northeast Iran. *Journal of Asia-Pacific Biodiversity*, 8(3), 233-237.
- Golenishchev, F.N., Sablina, O. V., Borodin, P. V. ve Gerasimov, S. 2002. Taxonomy Of Voles of Subgenus *Sumeriomys* Argyropulo, 1933 (Rodentia, Arvicolinae, *Microtus*). *Russian Journal of Theriology*, 1(1), 43-55.
- Gonzalez-Fernandez, F., Landers, R. A., Glazebrook, P. A., Fong, S. L., Liou, G. I., Lam, D. M. ve Bridges, C. D. 1984. An extracellular retinol-binding glycoprotein in the eyes of mutant rats with retinal dystrophy: development, localization, and biosynthesis. *The Journal of cell biology*, 99(6), 2092-2098.
- Gornung, E., Castiglia, R., Rovatsos, M., Marchal, J. A., De La Guardia-quiles, R. D. ve Sanchez, A. 2011. Comparative cytogenetic study of two sister species of Iberian ground voles, *Microtus (Terricola) duodecimcostatus* and *M. (T.) lusitanicus* (Rodentia, Cricetidae). *Cytogenetic and genome research*, 132(3), 144-150.
- Graf, J. D. ve Scholl, A. 1975. Enzymatic variations and phyletic relations among 9 species of Microtinae (Mammalia, Rodentia). *Revue suisse de zoologie; annales de la Societe zoologique suisse et du Museum d'histoire naturelle de Geneve*, 82(4), 681-687.

- Graf, J. D. 1982. Génétique biochimique, zoogéographie et taxonomie des Arvicolidae (Mammalia, Rodentia). *Revue suisse de zoologie*, 89, 749-787.
- Gromov, I. M. ve Polyakov, I. Y. 1977. Fauna of the USSR: Mammals. Voles (Microtinae) Leningrad: Nauka. [In Russian].
- Gruder-Adams, S. ve Getz, L. L. 1985. Comparison of the mating system and paternal behavior in *Microtus ochrogaster* and *M. pennsylvanicus*. *Journal of Mammalogy*, 66(1), 165-167.
- Halanych, K. M. ve Robinson, T. J. 1997. Phylogenetic relationships of cottontails (*Sylvilagus*, Lagomorpha): congruence of 12S rDNA and cytogenetic data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 7(3), 294-302.
- Hamming, R. W. 1950. Error detecting and error correcting codes. *The Bell system technical journal*, 29(2), 147-160.
- Harrison, D. L. ve Bates, P. J. J. 1991. *The Mammals of Arabia*. Sec. Ed. Kent/England: Harrison Zoological Museum Publisher.
- Harting, J. E. 1893. Observations on the Common Field Vole of Thessaly.
- Hasegawa, M., Kishino, H. ve Yano, T. A. 1985. Dating of the human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of molecular evolution*, 22(2), 160-174.
- Haynes, S., Jaarola, M. ve Searle, J. B. 2003. Phylogeography of the common vole (*Microtus arvalis*) with particular emphasis on the colonization of the Orkney archipelago. *Molecular Ecology*, 12(4), 951-956.
- Hebert, P. D., Ratnasingham, S. ve de Waard, J. R. 2003. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 270(Suppl 1), S96-S99.
- Hoekstra, R. F. 2000. Evolutionary origin and consequences of uniparental mitochondrial inheritance. *Human Reproduction*, 15(suppl_2), 102-111.
- Hsü, K. J., Montadert, L., Bernoulli, D., Cita, M. B., Erickson, A., Garrison, R. E., Kidd, R. W., Mèlierès F., Müller C. ve Wright, R. 1977. History of the Mediterranean salinity crisis. *Nature*, 267(5610), 399-403.
- Huchon, D., Madsen, O., Sibbald, M. J., Ament, K., Stanhope, M. J., Catzeflis, F., de Jong, W. W. ve Douzery, E. J. 2002. Rodent phylogeny and a timescale for the evolution of Glires: evidence from an extensive taxon sampling using three nuclear genes. *Molecular Biology and Evolution*, 19(7), 1053-1065.

- Jaarola, M., Martinkova, N., Gündüz, İ., Brunhoff, C., Zima, J., Nadachowski, A., Amori, G., Bulatova, N. S., Chondropoulos, B., Fraguedakis- Tsolis, S., Gonzalez-Esteban, J., Lopez-Fustewr, M. J., Kandaurov, A. S., Kefelioğlu, H., Luz Mathias, M., Villate, I. ve Searle, J. B. 2004. Molecular phylogeny of the speciose vole genus *Microtus* (Arvicolinae, Rodentia) inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33, 647-663.
- Janiga, M., Hrehova, Z. ve Kostkova-Zelinova, V. 2012. Seasonal effects of lead uptake by snow vole *Chionomys nivalis* (Martins 1842) in West Tatra Mts.: bone metal concentrations and hematological indices. *Polish Journal of Ecology*, 60(3), 611-619.
- Jansa, S. A. ve Voss, R. S. 2000. Phylogenetic studies on didelphid marsupials I. Introduction and preliminary results from nuclear *IRBP* gene sequences. *Journal of Mammalian Evolution*, 7(1), 43-77.
- Jiang, X., Gao, J., Ni, L., Hu, J., Li, K., Sun, F., Xie, J., Bo, X., Gao, C., Xiao, J. ve Zhou, Y. 2012. The complete mitochondrial genome of *Microtus fortis calamorum* (Arvicolinae, Rodentia) and its phylogenetic analysis. *Gene*, 498(2), 288-295.
- Kankılıç, T. 2000. Batı Türkiye'deki (Sinop-İskenderun hattının batısı) *Microtus epiroticus* Ondrias, 1966 (Mammalia: Rodentia)'nın biyolojisi, ekolojisi ve yayılışı- Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 58, Ankara.
- Kefelioğlu, H. and Doğramacı, S. 1988. Jahreszeitliche Variation und biometrische Eigenschaften von *Microtus arvalis* (Mammalia: Rodentia) in der Naehe von Samsun. *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Dergisi*, 1(2), 47-67.
- Kefelioğlu H. 1995. The taxonomy of the genus of *Microtus* (Mammalia: Rodentia) and its distribution in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 19(1), 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, 289-303.
- Kennett JP. 1985. The Miocene ocean: paleoceanography and biogeography. Boulder, Co: Geological Society of America.
- Kennis, J., Nicolas, V., Hulselmans, J., Katuala, P. G., Wendelen, W., Verheyen, E., Dudu, A. M. ve Leirs, H. 2011. The impact of the Congo River and its tributaries on the rodent genus *Praomys*: speciation origin or range expansion limit?. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 163(3), 983-1002.
- Ketin, İ. 1977. Türkiye'nin başlıca orojenik olayları ve paleocoğrafik evrimi. *Maden Tetkik ve Arama Dergisi*, 88(88).

- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*, 16(2), 111-120.
- Kivanç, E. 1986. *Microtus (Pitymys) majori* Thomas, 1906 in der Europäische ischen Türkei. *Bonner zoologische Beiträge*, 37, 39-42.
- Krapp, F. 1982. *Microtus nivalis* (Martins, 1842). Schneemaus, *Handbuch der Säugetiere Europas*, Niethammer, J. ve Krapp, F., Eds., Wiesbaden: Akademische Verlagsgesellschaft, pp. 261-283.
- Kratochvíl, J. 1959. The common vole *Microtus arvalis*. *Nakladatelství ČSAV, Praha*.
- Krause, D. W. ve Maas, M. C. 1990. The biogeographic origins of late Paleocene-early Eocene mammalian immigrants to the Western Interior of North America. *Geological Society of America Special Papers*, 243, 71-105.
- Kretzoi, M. 1969. Skizze einer Arvicoliden-Phylogenie-Stand 1969. *Vertebrata Hungarica*, 11(1-2), 155-193.
- Krijgsman, W., Blanc-Valleron, M. M., Flecker, R., Hilgen, F. J., Kouwenhoven, T. J., Merle, D., Orszag-Sperber, F. ve Rouchy, J. M. 2002. The onset of the Messinian salinity crisis in the Eastern Mediterranean (Pissouri Basin, Cyprus). *Earth and Planetary Science Letters*, 194(3-4), 299-310.
- Kryštufek, B., Filippucci, M. G., Macholán, M., Zima, J., VujoSevic, M. ve Simson, S. (1994). Does *Microtus majori* occur in Europe?. *Zeitschrift für Säugetierkunde*, 59(6), 349-357.
- Kryštufek, B. 1999. Snow voles, genus *Chionomys*, of Turkey. *Mammalia*, 63(3), 323-340.
- Kryštufek, B. ve Kefelioglu, H. 2001. Redescription and species limits of *Microtus irani* Thomas, 1921, and description of a new social vole from Turkey (Mammalia, Rodentia). *Bonner Zoologische Beiträge*, 50(1/2), 1-14.
- Kryštufek, B. ve Vohralík, V. 2001. Mammals of Turkey and Cyprus. *Zgodovinsko društvo za južno Primorsko*.
- Kryštufek, B. ve 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 Ecology and Evolution*, 50(4), 311-319.
- Kryštufek, B. ve Vohralík, V. 2005. Mammals of Turkey and Cyprus, Vol. 2, Rodentia I: Sciuridae, Dipodidae, Gliridae, Arvicolinae. *Annales Majora Koper*, 292, Slovenia.

- Kryštufek, B. ve Vohralík, V. 2009. Mammals of Turkey and Cyprus. Rodentia II: Cricetinae, Muridae, Spalacidae, Calomyscidae, Capromyidae, Hystricidae, Castoridae. Koper, 372 pp.
- Kryštufek, B., Bužan, E. V., Vohralík, V., Zareie, V. ve Özkan, B. 2009. Mitochondrial cytochrome *b* sequence yields new insight into the speciation of social voles in South-west Asia. *Biological Journal of the Linnean Society*, 98, 121-128.
- Kryštufek, B., Zorenko, T. ve Bužan, 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, 178-182.
- Kryštufek, B., Bukhnikashvili, A. ve Sozen, M. 2016. *Chionomys gud*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T4658A115069237.
- Kryštufek, B. 2016. *Chionomys nivalis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T4659A115069366.
- Kryštufek, B., Bukhnikashvili, A., Sozen, M. ve Isfendiyaroglu, S. 2016. *Chionomys roberti*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T4660A115069578.
- Kryštufek, B., Shenbrot, G. ve Sozen, M. 2016. *Microtus majori*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T136354A22346545.
- Kryštufek, B., Yigit, N., Kefelioğlu, H. ve Sozen, M. 2017. *Microtus dogramacii*. The IUCN Red List of Threatened Species 2017: e.T136535A22349286.
- Kumar, S., Singh, M. P. ve Tiwari, R. S. 1988. A middle to late triassic palynoflora from the kalapani limestone formation, malla johar area, tethys himalaya, India. *Review of palaeobotany and palynology*, 54(1-2), 55-83.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. ve Tamura, K. 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular biology and evolution* 35(6), 1547-1549.
- Kurtonur, C. 1975. New records of Thracian Mammals. *Saugetierkunde Mitt*, 23, 14-16.
- Lai, Y. L., Wiggert, B., Liu, Y. P. ve Chader, G. J. 1982. Interphotoreceptor retinol-binding proteins: possible transport vehicles between compartments of the retina. *Nature*, 298(5877), 848-849.
- Lavrenchenko, L. A., Potapov, S. G., Bulatova, N. S. ve Golenishchev, F. N. 2009, June. A genetic study of natural hybridization between two forms of the common vole (*Microtus arvalis*) with the use of molecular and cytogenetic methods. In *Doklady Biological Sciences* (Vol. 426, No. 1, p. 222). Springer Nature BV.

- Lay, D. M. 1967. A Study of the Mammals of Iran: Resulting from the Street Expedition of 1962-63 (Vol. 54). Field Museum of Natural History.
- Lehmann, E. L. 1966. Some concepts of dependence. The Annals of Mathematical Statistics, 1137-1153.
- Lemskaya, N. A., Romanenko, S. A., Golenishchev, F. N., Rubtsova, N. V., Sablina, O. V., Serdukova, N. A., O'Brien, P. C. M., Fu, B., Yiğit, N., Ferguson-Smith, M. A., Yang, F. ve Graphodatsky, A. S. 2010. Chromosomal evolution of Arvicolinae (Cricetidae, Rodentia). III. Karyotype relationships of ten *Microtus* species. Chromosome research, 18(4), 459-471.
- Liou, G. I., Bridges, C. D. B., Fong, S. L., Alvarez, R. A. ve Gonzalez-Fernandez, F. 1982. Vitamin A transport between retina and pigment epithelium—an interstitial protein carrying endogenous retinol (interstitial retinol-binding protein). Vision research, 22(12), 1457-1467.
- Lombard, D. B., Chua, K. F., Mostoslavsky, R., Franco, S., Gostissa, M. ve Alt, F. W. 2005. DNA repair, genome stability, and aging. Cell, 120(4), 497-512.
- Lyapunova E. A., Akhverdyan M. R. ve Vorontsov N. N. 1988. Robertsonian fan of chromosome variability in subalpine voles of Caucasia (*Pitymys*), (Microtinae, Rodentia). Doklady Akademii Nauk SSSR, 298(2), 480-483.
- Macholán, M., Filippucci, M. G. ve 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., Aliabadian, M., Khosravi, M., Golenishchev, F. N. ve Kryštufek, B. 2014. Chromosomal diversity in the genus *Microtus* at its southern distributional margin in Iran. Journal of Vertebrate Biology, 63(4), 290-295.
- Mahmoudi, A., Darvish, J. ve 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. ve 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., Kryštufek, B., Aliabadian, M., Moghaddam, F. Y. ve Darvish, J. 2017. All quiet in the East: molecular analysis retrieves *Chionomys layi* as part of *C. nivalis*. Journal of Vertebrate Biology, 66(1), 67-71.
- Malygin, V. M. ve Orlov, V. N. 1974. Areas of four species of common voles (superspecies *Microtus arvalis*) according to karyological data. Zoologicheskii Zhurnal, 53(4), 616-622.

- Malygin, V. M. ve Panteleichuk, T. M. S. L. 2003. Efficiency of reproductive isolation mechanisms in six species of common voles (*Microtus*, Rodentia). Problems of Evolution, 5, 198-206.
- Markov, G., Yiğit, N., Çolak, E. ve Kocheva, M. 2009. A refined method for craniometrical identification of the sibling vole species *Microtus arvalis* and *Microtus rossiaemeridionalis* in Europe and the Asiatic part of Turkey. North-Western Journal of Zoology, 5(1), 1-7.
- Markov, G., Yiğit, N., Çolak, E., Kocheva, M. ve Gospodinova, M. 2014. Intraspecific epigenetic polymorphism of the East European vole (*Microtus levis* Miller, 1908) in South-eastern Europe and Turkey. Biologia, 69(1), 101-106.
- Martins, C. F. (1842). Remarques et expériences sur les glaciers sans névé de la chaîne du Faulhorn.
- Martinková, B., Janiga, M. ve Pogányová, A. 2019. Mercury contamination of the snow voles (*Chionomys nivalis*) in the West Carpathians. Environmental Science and Pollution Research 26(35): 35988-35995.
- Martínková, N. ve Moravec, J. 2012. Multilocus phylogeny of arvicoline voles (Arvicolini, Rodentia) shows small tree terrace size. Journal of Vertebrate Biology, 61(3-4), 254-267.
- Martínková, N., Barnett, R., Cucchi, T., Struchen, R., Pascal, M., Pascal, M. ve Searle, J. B. 2013. Divergent evolutionary processes associated with colonization of offshore islands. Molecular ecology, 22(20), 5205-5220.
- Mata, N. L., Radu, R. A., Clemmons, R. S. ve Travis, G. H. 2002. Isomerization and oxidation of vitamin a in cone-dominant retinas: a novel pathway for visual-pigment regeneration in daylight. Neuron, 36(1), 69-80.
- Mazurok, N. A., Rubtsova, N. V., Isaenko, A. A., Pavlova, M. E., Slobodyanyuk, S. Y., Nesterova, T. B. ve Zakian, S. M. 2001. Comparative chromosome and mitochondrial DNA analyses and phylogenetic relationships within common voles (*Microtus*, Arvicolidae). Chromosome research, 9(2), 107-120.
- Meriç, E. 1995. İstanbul Boğazı öncesinde Marmara Denizi-Karadeniz bağlantısının İzmit Körfezi—Sapanca gölü-Sakarya vadisi boyunca gerçekleştiğinin ön bulguları. In: Meriç E (ed) İzmit Körfezinin Kuvaterner istifi. pp 295-302, İstanbul.
- Metcheva, R., Beltcheva, M. ve Chassovnikarova, T. 2008. The snow vole (*Chionomys nivalis*) as an appropriate environmental bioindicator in alpine ecosystems. Science of the total environment, 391(2-3), 278-283.
- Meyer, M. N., Golenishchev, F. N. ve Bulatova, N. 1999. Peculiarities of geographic distribution of two karyomorphs of *Microtus arvalis* Pallas, 1779 (Rodentia,

Arvicolinae) in European Russia. ZIN Annual Reports of the Zoological Institute RAS.

- Mezhzherin, S. V., Morozov-Leonov, S. and Kuznetsova, I. A. 1995. Biochemical variation and genetic divergence in Palearctic vole (Arvicolidae): subgenus *Terricola*, true lemmings *Lemmus* Link, 1975, pied lemmings *Dicrostonyx* Gloger, 1841, steppe lemmings *Lagurus* Gloger, 1842, mole voles *Ellobius* Fischer von Waldheim, 1814. *Genetika*, 31, 788-797.
- Michaux, J., Bellinva, E. ve Lymberakis, P. 2005. Taxonomy, evolutionary history and biogeography of the broad-toothed field mouse (*Apodemus mystacinus*) in the eastern Mediterranean area based on mitochondrial and nuclear genes. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85(1), 53-63.
- Miller G. S. 1908. XIII. The recent voles of the *Microtus nivalis* group. *Journal of Natural History*, 1(1), 97-103.
- Mitchell-Jones, A. J., Amori, G., Bogdanowicz, W., Kryštufek, B., Reijnders, P. J. H., Spitzenberger, F., Stubbe M., Thissen J. B. M. ve Zima, J. 1999. The atlas of European mammals (Vol. 3). London: Academic Press.
- Mitsainas, G. P., Rovatsos, M. T. ve Giagia-Athanasopoulou, E. B. 2010. Heterochromatin study and geographical distribution of *Microtus* species (Rodentia, Arvicolinae) from Greece. *Mammalian biology*, 75(3), 261-269.
- Mohammadi, Z., Darvish, J., Ghorbani, F. ve Haddad, F. 2013. Cytogenetic characterization of 23 species of rodents from Iran. *Iranian Journal of Animal Biosystematics*, 9(1).
- Montaser, M. M., ve Mahmoud, S. F. 2013. DNA-typing for Cytochrome Oxidase-1 of *Hystrix indica* (Rodentia; Hystricidae) from Kingdom Saudi Arabia. *Life Science Journal*, 10(2), 2118- 2122.
- Montuire, S., Sen, S. ve Michaux, J. 1994. The middle Pleistocene mammalian fauna from Emirkaya-2, Central Anatolia (Turkey): Systematics and Paleoenvironment. *Neues Jahrbuch für Geologie und Paläontologie, Abhandlungen*, 193(1), 107-144.
- Mosar, J., Kangarli, T., Bochud, M., Glasmacher, U. A., Rast, A., Brunet, M. F. ve Sosson, M. 2010. Cenozoic-Recent tectonics and uplift in the Greater Caucasus: a perspective from Azerbaijan. *Geological Society, London, Special Publications*, 340(1), 261-280.
- Mullis, K., Faloona, F., Scharf, S., Saiki, R. K., Horn, G. T. ve Erlich, H. 1986, January. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. In *Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology* (Vol. 51, pp. 263-273). Cold Spring Harbor Laboratory Press.

- Murphy, W. J. ve Collier, G. E. 1996. Phylogenetic relationships within the aplocheiloid fish genus *Rivulus* (Cyprinodontiformes, Rivulidae): implications for Caribbean and Central American biogeography. *Molecular Biology and Evolution*, 13(5), 642-649.
- Murphy, W. J. Ve Collier, G. E. 1997. A molecular phylogeny for aplocheiloid fishes (Atherinomorpha, Cyprinodontiformes): the role of vicariance and the origins of annualism. *Molecular Biology and Evolution*, 14(8), 790-799.
- Murphy, W. J. ve Collier, G. E. 1999. Phylogenetic Relationships of African Killifishes in the Genera *Aphyosemion* and *Fundulopanchax* Inferred from Mitochondrial DNA Sequences. *Molecular phylogenetics and evolution*, 11(3), 351-360.
- Musser, G.G. ve Carleton, M.D. 1993. Family Muridae. In: Wilson, D.E., Reeder, D.M. (Eds.), *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. Washington and London, Random House (Smithsonian Institute Press).
- Musser, G. G. ve Carleton, M. D. 2005. Superfamily Muroidea. In: D. E. Wilson and D. A. and M. Reeder (Eds.), *Mammal species of the World: A taxonomic and geographic reference*, 3(2), 894-1531.
- Nabholz, B., Glémin, S. ve Galtier, N. 2009. The erratic mitochondrial clock: variations of mutation rate, not population size, affect mtDNA diversity across birds and mammals. *BMC evolutionary biology*, 9(1), 1-13.
- Nadachowski A. 1991. Systematics, geographic variation, and evolution of snow voles (*Chionomys*) based on dental characters. *Acta theriologica*, 36(1-2), 1-45.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3), 583-590.
- Neuhäuser, G. 1936. Die Muriden von Kleinasien, *Z. Säugetierkd.*, vol. 11, pp. 161-236.
- Niethammer J. 1982. *Microtus felteni* (Malee und Storch, 1963). [In: *Handbuch der Säugetiere Europas*, Band 2/1, Nagetiere II. J. Niethammer and F. Krapp, eds]. Akademische Verlagsgesellschaft, Wiesbaden: 438-441.
- Niethammer, J. ve Krapp, F. 1982. *Microtus arvalis* (Pallas, 1179), Feldmaus. In: Niethammer J, Krapp F (eds) *Handbuch der Säugetiere Europas*. Band 1/I, Nagetiere II. Akademische Verlagsanstalt, Wiesbaden, pp 284-318.
- Niethammer, J. 1984. Über griechische Nager im Museum A. Koenig in Bonn. *Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien. Serie B für Botanik und Zoologie*, 245-256.
- Nowak, R. M. 1999. *Walker's Mammals of the World* (Vol. 1). JHU Press.

- Ochman, H. ve Wilson, A. C. 1987. Evolution in bacteria: evidence for a universal substitution rate in cellular genomes. *Journal of molecular evolution*, 26(1), 74-86.
- Ognev, I. S. 1924. Rodents of the Northern Caucasus. Postov-Don, 61.
- Ognev, S. I. 1948. Animals of the USSR and frontier countries. Vol. 6. Rodentia. [In Russian.] Academy of Sciences, USSR, Moscow–Leningrad.
- Ondrias, J. C. 1965. Contribution to knowledge of *Microtus guentheri hartingi* from Thebes, Greece. *Mammalia*, 29, 489-506.
- Ondrias, J. C. 1966. The taxonomy and geographical distribution of the rodents of Greece. *Saugetierkundliche Mitteilungen*, 14, 1-134.
- Orlov, V. N. ve Malygin, V. M. 1969. Two forms of 46 chromosome *Microtus arvalis* Pallas. In *The Mammals (Evolution, Karyology, Systematics, Faunistics). Materials of the 2nd All Union Symposium on Mammals* (pp. 143-144).
- Osborn D. J. 1962. Rodents of the subfamily Microtinae from Turkey. *Journal of Mammalogy*, 43(4), 515-529.
- Pagès, M., Chaval, Y., Herbreteau, V., Waengsothorn, S., Cosson, J. F., Hugot, J. P., Morand, S. ve Michaux, J. 2010. Revisiting the taxonomy of the Rattini tribe: a phylogeny-based delimitation of species boundaries. *BMC evolutionary Biology*, 10(1), 1-27.
- Palmer, D., & Barret, P. (2010). *La evolución Historia de la vida*. Gaia.
- Partridge, M. A., Davidson, M. M. ve Hei, T. K. 2007. The complete nucleotide sequence of Chinese hamster (*Cricetulus griseus*) mitochondrial DNA: Full Length Research Article. *DNA Sequence*, 18(5), 341-346.
- Pavlinov I.Ya. ve Rossolimo, O.L. 1987. *Sistematika mlekopitayushchikh SSSR* [Systematics of the mammals of the USSR]. 285 p. Moscow. (In Russian)
- Pfeffer, B., Wiggert, B., Lee, L., Zonnenberg, B., Newsome, D. ve Chader, G. 1983. The presence of a soluble interphotoreceptor retinol- binding protein (*IRBP*) in the retinal interphotoreceptor space. *Journal of cellular physiology*, 117(3), 333-341.
- Pfunder, M., Holzgang, O. ve 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.

- Pietsch, V. M. 1980. Biometrische Analyse an Schädeln von neun Kleinsäuger- Arten aus der Familie Arvicolidae (Rodentia). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 18(3), 196-211.
- Posada, D. 2008. jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular biology and evolution*, 25(7), 1253-1256.
- Pross, J. Ve Klotz, S. 2002. Palaeotemperature calculations from the Praetiglian/Tiglian (Plio-Pleistocene) pollen record of Lieth, northern Germany: implications for the climatic evolution of NW Europe. *Global and Planetary Change*, 34(3-4), 253-267.
- Rabeder, G. 1981. Die arvicoliden (Rodentia, Mammalia) aus dem Pliozän und dem älteren Pleistozän von Niederösterreich.
- Repenning, C. A. 1980. Faunal exchanges between Siberia and North America. *Canadian Journal of Anthropology*, 1(1), 37-44.
- Repenning, C. A. 1983. *Pitymys meadensis* Hibbard from the Valley of Mexico and the classification of North American species of *Pitymys* (Rodentia: Cricetidae). *Journal of Vertebrate Paleontology*, 2(4), 471-482.
- Robins, J. H., Hingston, M., Matisoo- Smith, E. ve Ross, H. A. 2007. Identifying *Rattus* species using mitochondrial DNA. *Molecular Ecology Notes*, 7(5), 717-729.
- Robovský, J., Řičánková, V. ve Zrzavý, J. 2008. Phylogeny of Arvicolinae (Mammalia, Cricetidae): utility of morphological and molecular data sets in a recently radiating clade. *Zoologica Scripta*, 37(6), 571-590.
- Roveri, M., Flecker, R., Krijgsman, W., Lofi, J., Lugli, S., Manzi, V., Francisco J. ve Stoica, M. 2014. The Messinian Salinity Crisis: past and future of a great challenge for marine sciences. *Marine Geology*, 352, 25-58.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E. ve Sánchez-Gracia, A. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular biology and evolution*, 34(12), 3299-3302.
- Rozenfeld, F. ve Dobly, A. 2000. Burrowing by common voles (*Microtus arvalis*) in various social environments. *Behaviour*, 137(11), 1443-1461.
- Ruban, D. A., Al-Husseini, M. I., and Iwasaki, Y. 2007. Review of Middle east Paleozoic plate tectonics. *GeoArabia*, 12(3), 35-56.
- Russell, D. E. 1975. Paleoecology of the Paleocene-Eocene transition in Europe. Pp. 28-61 in F. Szalay (ed.) *Approaches to primate paleobiology. Contributions to primatology* 5. Basel, Switzerland.

- Sablina, O. V., Zima, J., Radjabli, S. I., Kryštufek, B. ve Goleniščev, F. N. 1989. New data on karyotype variation in the pine vole, *Pitymys subterraneus* (Rodentia, Arvicolidae). Věstník Československé společnosti zoologické, 53, 295-9.
- Sağlam, D.Y. 2004. İç Anadolu’da Yayılış Gösteren *Microtus* Türlerinin Morfolojik ve Biyometrik Özelliklerinin İncelenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 78, Ankara.
- Salichos, L. ve Rokas, A. 2013. Inferring ancient divergences requires genes with strong phylogenetic signals. Nature, 497(7449), 327-331.
- Santel, W. ve Von Koenigswald, W. 1998. Preliminary report on the middle Pleistocene small mammal fauna from Yarimburgaz Cave in Turkish Thrace. E and G Quaternary Science Journal, 48(1), 162-169.
- Satunin, K. A. 1909. Materials for learning rodents of Caucasian region and trans-Caspian area. XII. Mammals collected by AH Kaznakov near Gudaura. XII. The mole of Lenkorak district. XIV. Mammals collected by KA Satunin and AA Ros-tovtsev in Bakuriani in 1908. XVI. Mammals of the Caucasus and adjacent countries, kept in Zoological Museum of the Russian Academy of Science. Bulletin of the Caucasian museum.-Tiflis, 4(3/4), 269-301.
- Sawyer, Y. E., Flamme, M. J., Jung, T. S., MacDonald, S. O. ve Cook, J. A. 2017. Diversification of deermice (Rodentia: Genus *Peromyscus*) at their north-western range limit: Genetic consequences of refugial and island isolation. Journal of Biogeography, 44(7), 1572-1585.
- Schmitt, T. 2007. Molecular biogeography of Europe: Pleistocene cycles and postglacial trends. Frontiers in zoology, 4(1), 1-13.
- Schmitt, T. ve Varga, Z. 2012. Extra-Mediterranean refugia: the rule and not the exception?. Frontiers in Zoology, 9(1), 1-12.
- Schidlovsky, M.V. 1976. Opređelitel’ Gryzunov Zakavkaz’ya, 2nd edn. Metsniereba, Tbilisi. (In Russian.)
- Selçuk, A. Y. ve Kefelioğlu, H. 2018. Cytogenetic characteristic of East European vole *Microtus levis* and common pine vole *Microtus subterraneus* (Mammalia: Rodentia) from Turkey: Constitutive Heterochromatin Distribution. Biharean Biologist, 12(1), 13.
- Semenova, E. M. 2003. Vitamin A and the retina: investigation of retinol delivery systems and retinol interactions with *IRBP* (interphotoreceptor retinoid-binding protein) (Doctoral dissertation, University of Strathclyde).
- Shenbrot, G.I. ve Krasnov, B.R. 2005. An Atlas of the Geographic Distribution of the Arvicoline Rodents of the World (Rodentia, Muridae: Arvicolinae). Pensoft Publishers, Sofia.

- Smith, M., Carmon, J. ve Gentry, J. 1972. Pelage color polymorphism in *Peromyscus polionotus*. *Journal of Mammalogy*, 53(4), 824-833.
- Sönmez, Emin ve Dölek, İskender. 2016. Türkiye'nin Jeolojik ve Jeomorfolojik Özellikleri. In book: Türkiye'nin Fiziki Coğrafyası.
- Sözen, M., Özkurt, Ş. Ö., Karataş, A., Colak, E. ve Matur, F. 2009. On the karyology, morphology and biology of *Chionomys gud* (Satunin, 1909) (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *North-Western Journal of Zoology*, 5(1), 121-129.
- Spitzenberger, F. ve Steiner, H. 1962. Über Insektenfresser (Insectivora) und Wühlmäuse (Microtinae) der nordosttürkischen Feuchtwälder. *Bonner zoologische Beiträge*, 4, 284-310.
- Spitzenberger, V. F. ve im Kohu Dag 1971. *C. nivalis* und *Microtus (Chionomys) gud* (Microtinae, Mamm.). *Bijdragen tot de Dierkunde*, 40, 74-76.
- Springer, M. S., Burk, A., Kavanagh, J. R., Waddell, V. G. ve Stanhope, M. J. 1997. The interphotoreceptor retinoid binding protein gene in therian mammals: implications for higher level relationships and evidence for loss of function in the marsupial mole. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 94(25), 13754-13759.
- Springer, M. S., Amrine, H. M., Burk, A. ve Stanhope, M. J. 1999. Additional support for Afrotheria and Paenungulata, the performance of mitochondrial versus nuclear genes, and the impact of data partitions with heterogeneous base composition. *Systematic Biology*, 48(1), 65-75.
- Stanhope, M. J., Czelusniak, J., Si, J. S., Nickerson, J., ve Goodman, M. 1992. A molecular perspective on mammalian evolution from the gene encoding interphotoreceptor retinoid binding protein, with convincing evidence for bat monophyly. *Molecular phylogenetics and evolution*, 1(2), 148-160.
- Stanhope, M. J., Smith, M. R., Waddell, V. G., Porter, C. A., Shivji, M. S. ve Goodman, M. 1996. Mammalian evolution and the interphotoreceptor retinoid binding protein (*IRBP*) gene: convincing evidence for several superordinal clades. *Journal of Molecular Evolution*, 43(2), 83-92.
- Steiner H. M. 1972. Systematik und Ökologie von Wühlmäusen (Microtinae, Mammalia) der vorderasien-tischen Gebirge Ostpontus, Talysch und Elburs. *Sitzungsberichte Österreichische Akademie der Wissenschaften, Mathematisch-naturwissenschaftliche Klasse, Abt. I* 180 (5/7), 99-193.
- Steppan, S. J. ve Schenk, J. J. 2017. Muroid rodent phylogenetics: 900-species tree reveals increasing diversification rates. *PloS one*, 12(8), e0183070.
- Storch, G. 1982. *Microtus majori* Thomas, 1906. In *Handbuch der Säugetiere Europas, Rodentia II: 452±462*. Niethammer, J. and Krapp, F. (Eds). Wiesbaden: Akademische Verlagsgesellschaft.

- Sun, C. P., Liao, J. C., Zhang, Y. H., Gau, V., Mastali, M., Babbitt, J. T., Grundfest W. S., Churchill B. M., mcaCABE E.R.B. ve Haake, D. A. 2005. Rapid, species-specific detection of uropathogen 16S rDNA and rRNA at ambient temperature by dot-blot hybridization and an electrochemical sensor array. *Molecular genetics and metabolism*, 84(1), 90-99.
- Şaroğlu, F. ve Güner, Y. 1981. Doğu Anadolu'nun jeomorfolojik gelişimine etki eden öğeler: Jeomorfoloji, tektonik, volkanizma ilişkileri. *Türkiye Jeoloji Kurumu Bülteni*, 24(2), 39-50.
- Şekeroğlu, Z. A., Kefelioğlu, H. ve Şekeroğlu, V. 2011. Cytogenetic characteristics of *Microtus dogramacii* (Mammalia: Rodentia) around Amasya, Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 35(4), 593-598.
- Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust- Saucy, A. G. ve Cosson, J. F. 1998. Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular ecology*, 7(4), 453-464.
- Tamura, K. ve Nei, M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular biology and evolution*, 10(3), 512-526.
- Tchapalyga, A. 1995. Pliyo-Pleyistosen Karadeniz havzaları ve bunların Akdeniz ile ilişkileri (Black Sea Plio-Pleistocene basins and their interactions with the Mediterranean). In: Meriç, E. (Ed.), *Quaternary Sequence of the Gulf of İzmit*. İstanbul Üniversitesi, pp. 303-311.
- Thanou, E., Tryfonopoulos, G., Chondropoulos, B. ve 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.
- Thomas, O. 1906. *Microtus roberti*. *Annals and Magazine of Natural History*, 17, 418-419.
- Thompson, R. S. ve Fleming, R. F. 1996. Middle Pliocene vegetation: reconstructions, paleoclimatic inferences, and boundary conditions for climate modeling. *Marine Micropaleontology*, 27(1-4), 27-49.
- Tortonese, E. 1985. Distribution and ecology of endemic elements in the Mediterranean fauna (fishes and echinoderms). *Mediterranean Marine Ecosystems NATO Conference Series*, 8, 57-83.
- Tougard, C., Montuire, S., Volobouev, V., Markova, E., Contet, J., Aniskin, V. ve 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.

- Tougaard, C. 2017. Did the Quaternary climatic fluctuations really influence the tempo and mode of diversification in European rodents?. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 55(1), 46-56.
- Tryfonopoulos, G., Thanou, E., Chondropoulos, B. ve Fraguedakis- Tsolis, S. 2008. mtDNA analysis reveals the ongoing speciation on Greek populations of *Microtus (Terricola) thomasi* (Arvicolidae, Rodentia). *Biological Journal of the Linnean Society*, 95(1), 117-130. ISO 690.
- Van der Meulen, A. J. 1973. Middle Pleistocene smaller mammals from the Monte Peglia (Orvieto, Italy) with special reference to the phylogeny of *Microtus* (Arvicolidae, Rodentia). *Quaternaria*, 17, 1-144.
- Van der Meulen, A. J. 1978. *Microtus* and *Pitymys* (Arvicolidae) from Cumberland Cave, Maryland, with a comparison of some New and Old World species (pp. 101-145). Carnegie Museum of Natural History.
- Voss, R. S. ve Jansa, S. A. 2003. Phylogenetic studies on didelphid marsupials II. Nonmolecular data and new *IRBP* sequences: separate and combined analyses of didelphine relationships with denser taxon sampling. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 276, 1-82.
- Wang, H. Y., Tsai, M. P., Dean, J. ve Lee, S. C. 2001. Molecular phylogeny of gobioid fishes (Perciformes: Gobioidae) based on mitochondrial 12S rRNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 20(3), 390-408.
- Waugh, J. 2007. DNA barcoding in animal species: progress, potential and pitfalls. *BioEssays*, 29(2), 188-197.
- Webb III, T. ve Bartlein, P. J. 1992. Global changes during the last 3 million years: climatic controls and biotic responses. *Annual review of Ecology and Systematics*, 23(1), 141-173.
- Willis, K. J., Kleczkowski, A. ve Crowhurst, S. J. 1999. 124,000-year periodicity in terrestrial vegetation change during the late Pliocene epoch. *Nature*, 397(6721), 685-688.
- Wilson, D. E. ve Reeder, D. M. 1993. *Mammal Species of the World, a Taxonomic and Geographic Reference*. 2nd ed. Smithsonian Inst. Press, Washington, D.C. 1206 pp.
- Wilson, D.E. ve Reeder, D.M. 2005. *Mammal species of the world. A taxonomic and geographic reference* (3rd ed.). John Hopkins University Press, Baltimore.
- Wilson D. E., Lacher, T. E. Jr. ve Mittermeier, R. A. eds. 2017. *Handbook of the mammals of the World. Vol. 7. Rodents II*. Lynx Edicions, Barcelona.

- Wolfe, J. A. 1978. A paleobotanical interpretation of Tertiary climates in the Northern Hemisphere: Data from fossil plants make it possible to reconstruct Tertiary climatic changes, which may be correlated with changes in the inclination of the earth's rotational axis. *American scientist*, 66(6), 694-703.
- Wolfe, J. A. 1985. Distribution of major vegetational types during the Tertiary. The carbon cycle and atmospheric CO₂: natural variations Archean to present, 32, 357-375.
- Wolstenholme, D. R. 1992. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. *International review of cytology*, 141, 173-216.
- Wu, Q., Blakeley, L. R., Cornwall, M. C., Crouch, R. K., Wiggert, B. N. ve Koutalos, Y. 2007. Interphotoreceptor retinoid-binding protein is the physiologically relevant carrier that removes retinol from rod photoreceptor outer segments. *Biochemistry*, 46(29), 8669-8679.
- Yaltırak, C., Sakinç, M. ve Oktay, F. Y. 2000. Westward propagation of North Anatolian fault into the northern Aegean: Timing and kinematics: Comment and Reply: COMMENT. *Geology*, 28(2), 187-188.
- Yang, L., Tan, Z., Wang, D., Xue, L., Guan, M. X., Huang, T. ve Li, R. 2014. Species identification through mitochondrial rRNA genetic analysis. *Scientific reports*, 4(1), 1-11.
- Yannic, G., Burri, R., Malikov, V. G. ve Vogel, P. 2012. Systematics of snow voles (*Chionomys*, Arvicolinae) revisited. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 62(3), 806-815.
- Yigit, N., Çolak, E., Sozen, M., Ozkurt, S. ve Verimli, R. 2000. The distribution, morphology, and karyology of the genus *Mesocricetus* (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Folia Zoologica*, 41, 167-174.
- Yiğit, N. ve 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. *Turkish Journal of Zoology*, 26(2), 197-204.
- Yiğit, N., Çolak, E., Sözen, M. ve Özkurt, Ş. 2003. A study on the geographical distribution along with habitat aspects of rodent species in Turkey. *Bonner zoologische Beiträge*, 50, 355-368.
- Yiğit, N., Çolak, E., Sözen, M. ve Karataş, A. 2006. Rodents of Türkiye “Türkiye kemiricileri” (A. Demirsoy, ed.). Meteksan, Ankara, Turkey.
- Yiğit, N., Markov, G., Çolak, E., Kocheva, M., Saygılı, F., Yüce, D. ve Çam, P. 2012. Phenotypic Features of the 'Guentheri' Group Vole (Mammalia: Rodentia) in Turkey and Southeast Bulgaria: Evidence for Its Taxonomic Detachment. *Acta Zoologica Bulgarica*, 64(1), 23-32.

- Yiğit, N., Çolak, E. ve 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.
- Yiğit, N., Hutterer, R., Kryštufek, B. ve Amori, G. 2016. *Microtus arvalis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2016: e.T13488A22351133.
- Yiğit, N., Çetintürk, D. ve Çolak, E. 2017. Phylogenetic assessment of voles of the Guentheri Group (Mammalia: *Microtus*) in Turkish Thrace and Western Anatolia. The European Zoological Journal, 84(1), 252-260.
- Yorulmaz, T., Zima, J., Arslan, A. ve Kankiliç, T. 2013. Variations in C-heterochromatin and AgNOR distribution in the common vole (*Microtus arvalis* sensu lato) (Mammalia: Rodentia). Archives of Biological Sciences, 65(3), 989-995.
- Zagorodnyuk, I. V. 1992. Geographic distribution and levels of abundance of «*Terricola subterraneus*» on the USSR territory. Zoologičeskij žurnal, 71(2), 86-97.
- Zagorodnyuk, I., Henttonen, H., Amori, G., Hutterer, R., Kryštufek, B., Yiğit, N., Mitsain G. ve Palomo, L. J. 2008. *Microtus levis*. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2014.3.
- Zardoya, R. ve Meyer, A. 1996. Phylogenetic performance of mitochondrial protein-coding genes in resolving relationships among vertebrates. Molecular biology and evolution, 13(7), 933-942.
- Zhang, D. X. ve Hewitt, G. M. 2003. Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: practice, problems and prospects. Molecular ecology, 12(3), 563-584.
- Zima, J. ve Král, B. 1984. Karyotypes of European mammals II, Acta Scientiarum Naturalium Academiae Scientiarum Bohemoslovacae Brno, 18(8), 1-62.
- Zima, J. 1999. *Microtus rossiaemeridionalis*. In: A. J. Mitchell-Jones, G. Amori, W. Bogdanowicz, B. Kryštufek, P. J. H. Reijnders, F. Spitzenberger, M. Stubbe, J. B. M. Thissen, V. Vohralík ve J. Zima (eds), The Atlas of European Mammals, Academic Press, London, UK.
- Zima, J., Arslan, A., Benda, P., Macholán, M. ve Kryštufek, B. 2013. Chromosomal variation in social voles: a Robertsonian fusion in Günther's vole. Acta Theriologica, 58(3), 255-265.
- Zorenko, T. A., Atanasov, N. and Golenishchev, F. N. 2016. Behavioral differentiation and hybridization of the European and Asian forms of Harting's vole *Microtus hartingi* (Rodentia, Arvicolinae). Russian Journal of Theriology, 15, 133-150.
- Zykov, A. E. 2004. Review of snow voles (Rodentia, Arvicolinae, *Chionomys*) from Iran with description of new species from Zagros Mountains (Central Iran). Pratsi Zoologichnogo Muzeyu KNU imeni Tarasa Shevchenka, 2, 116-127.