

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TRAKYA VE BATI ANADOLU'DA YAYILIŞ GÖSTEREN *Microtus lydius*
(2n= 54) VE *Microtus hartingi* (2n= 54) TÜRLERİNİN FİLOGENETİK
İLİŞKİLERİNİN ORTAYA KONULMASI

Derya ÇETİNTÜRK

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

ANKARA
2015

Her hakkı saklıdır

ETİK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki tüm bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

03/07/2015

Derya ÇETİNTÜRK

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

TRAKYA VE BATI ANADOLU'DA YAYILIŞ GÖSTEREN *Microtus lydius* (2n= 54)
ve *Microtus hartingi* (2n= 54) TÜRLERİNİN FİLOGENETİK İLİŞKİLERİNİN
ORTAYA KONULMASI

Derya ÇETİNTÜRK

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Nuri YİĞİT

Bu tez çalışmasında, Trakya ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren Guentheri grubu türleri *Microtus hartingi* ve *Microtus lydius*'un tartışmalı taksonomik durumlarına açıklık getirilmeye çalışılmıştır. Bu amaçla, mtDNA'ya ait üç bölgenin (Sitokrom-oksidad 1, Sitokrom-*b* ve 12S rRNA) PZR ile dizileri çoğaltılmış ve dış grup olarak Güneydoğu Anadolu'da yayılış gösteren *Microtus guentheri* kullanılarak bu dizilerin analizi yapılmıştır. Oluşturulan ML, MP, NJ ve Bayesian MCMC ağaçları *M. guentheri*'yi *M. hartingi* ve *M. lydius*'tan ayırmıştır. COX1 ve birleştirilmiş dizilere ait Bayesian MCMC ağaçları *M. hartingi*'yi *M. lydius*'tan ayırırken, diğer dendrogramlar *M. lydius* ve *M. hartingi*'yi aynı klada yerleştirmiştir. Genetik uzaklık (*d*) değerleri de *M. guentheri*'yi diğer iki türden ayırırken, *M. lydius* ve *M. hartingi* arasındaki uzaklık değerleri oldukça düşük çıkmıştır. Evrimsel ayrılma zamanları ise, *M. lydius*'un *M. guentheri*'den 4,89-2,19 MYÖ, *M. hartingi* haplotiplerinin de *M. lydius* haplotiplerinden 1,62-0,20 MYÖ ayrıldığını göstermiştir. Bu bağlamda, *M. guentheri*'nin Trakya ve Batı Anadolu'dan daha erken dönemde ayrılarak farklılaştığı ve ayrı bir tür haline geldiği sonucuna varılmıştır. Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarının genetik farklılaşması farklı türler olarak adlandırılmaları için yeterli değildir ve sonuçlarımız Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarının *Microtus hartingi* (Barrett-Hamilton, 1903) türü olarak aynı tür oldukları yönündedir. Diğer taraftan, bu populasyonların İstanbul ve Çanakkale Boğazları ile ayrılmaları neticesinde yakın zamanda başlayan farklılaşmalarının tür oluşumu ile sonuçlanabileceği olası görülmektedir.

Temmuz 2015, 112 sayfa

Anahtar Kelimeler: *Microtus lydius*, *Microtus hartingi*, Trakya, Batı Anadolu, Mitokondriyal DNA

ABSTRACT

Master Thesis

DETERMİNING PHYLOGENETİC RELATIONSHİPS OF *Microtus lydius* (2n= 54)
and *Microtus hartingi* (2n= 54) DİSTRİBUTED İN TURKİSH THRACE AND
WESTERN ANATOLİA

Derya ÇETİNTÜRK

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

Supervisor: Prof. Dr. Nuri YİĞİT

In this study, it was aimed to clarify taxonomic status of Guentheri Group species *Microtus hartingi* and *Microtus lydius* distributed in Turkish Thrace and Western Anatolia. With this purpose, sequences of three regions belong to mtDNA (Cytochrome oxidase I, cytochrome-*b* and 12S rRNA) were amplified with PCR and analyses were made using *Microtus guentheri* distributed in Southeastern Anatolia as an outgroup. In ML, MP, NJ and Bayesian MCMC trees, *M. guentheri* was separated from *M. hartingi* and *M. lydius*. While Bayesian MCMC trees of COX1 region and concatenated sequences separated *M. hartingi* from *M. lydius*, other dendrograms positioned *M. hartingi* and *M. lydius* in a same clad. Genetic distance (*d*) values also separated *M. guentheri* from other two species, but distance values between *M. hartingi* and *M. lydius* were highly low. Evolutionary divergence times showed that *M. lydius* diverged from *M. guentheri* and *M. hartingi* haplotypes diverged from *M. lydius* haplotypes 4,89-2,19 and 1,62- 0,20 million years ago, respectively. In this respect, it was concluded that *M. guentheri* was separated and differed from Turkish Thrace and Western Anatolia in earlier times and became a different species. It was suggested that genetic differentiation of Turkish Thrace and Western Anatolia isn't sufficient and therefore these populations are same species as *Microtus hartingi* (Barrett-Hamilton, 1903). It was also seem possible that these populations' differentiation began with formation of Bosphorus and Dardanelle Straits will be resulted in the formation of a new species.

July 2015, 112 pages

Key Words: *Microtus lydius*, *Microtus hartingi*, Turkish Thrace, Western Anatolia, Mitochondrial DNA

TEŞEKKÜR

Çalışmalarımın her aşamasında, bilgi ve tecrübelerini benimle paylaşan, yardım ve desteklerini esirgemeyen tez danışmanım, değerli hocam Prof. Dr. Nuri Yiğit'e, materyal temininde bulunarak tez çalışmamın gerçekleşmesini sağlayan Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü Memeli Hayvanlar Araştırma Koleksiyonu (AUMAC) ve değerli hocam Prof. Dr. Ercüment Çolak'a ve bugüne kadar maddi ve manevi destekleri ile her daim yanımda olan aileme teşekkür ederim.

Bu çalışma Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Projeleri (BAP) Müdürlüğü tarafından 15L0430002 No'lu proje kapsamında desteklenmiştir.

Derya ÇETİNTÜRK

Ankara, Temmuz 2015

İÇİNDEKİLER

TEZ ONAY SAYFASI

ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT.....	iii
TEŞEKKÜR.....	iv
SİMGELER DİZİNİ.....	vii
KISALTMALAR DİZİNİ.....	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xi
1. GİRİŞ.....	1
2. KURAMSAL TEMELLER.....	5
2.1 Ordo: Rodentia (Mammalia).....	5
2.2 Familya: Muridae Illiger, 1811 (Fareler ve Sıçanlar).....	6
2.3 Altfamilya: Arvicolinae.....	8
2.4 Cins: <i>Microtus</i> Schrank, 1798.....	9
2.5 Altçins: <i>Sumeriomys</i> Argyropulo, 1933.....	9
2.5.1 <i>Microtus guentheri</i> Danford ve Alston, 1880.....	10
2.5.2 <i>Microtus hartingi</i> Barret-Hamilton, 1903.....	11
2.5.3 <i>Microtus lydius</i> Blackler, 1916.....	13
2.5.4 Mitokondriyal DNA (mtDNA)'nın sistematik çalışmalarda kullanımı.....	15
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	16
3.1 DNA İzolasyonu.....	20
3.2 DNA Miktarı ve Saflığının Belirlenmesi.....	21
3.3 DNA'nın Çoğaltılması (Polimeraz Zincir Reaksiyonu-PZR).....	24
3.4 Agaroz Jel Elektroforezi.....	27
3.5 Çoğaltılan DNA Dizilerinin Filogenetik Analizi.....	27
4. ARAŞTIRMA BULGULARI.....	29
4.1 Morfolojik Değerlendirme.....	29
4.1.1 Güneydoğu Anadolu örneklerinin “ <i>M. guentheri</i> ” dış morfolojik özellikleri.....	32

4.1.2 Güneydoğu Anadolu örneklerinin “ <i>M. guentheri</i> ” kafatası özellikleri.....	32
4.1.3 Trakya örneklerinin “ <i>M. hartingi</i> ” dış morfolojik özellikleri.....	32
4.1.4 Trakya örneklerinin “ <i>M. hartingi</i> ” kafatası özellikleri.....	33
4.1.5 Batı Anadolu örneklerinin “ <i>M. lydius</i> ” dış morfolojik özellikleri.....	33
4.1.6 Batı Anadolu örneklerinin “ <i>M. lydius</i> ” kafatası özellikleri.....	34
4.2 MtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları.....	38
4.3 MtDNA Sitokrom- <i>b</i> Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları.....	49
4.4 MtDNA 12S rRNA Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları.....	62
4.5 MtDNA COX1, Cyt- <i>b</i> ve 12S rRNA Bölgelerinin Birlikte Analizi.....	73
4.6 Evrimsel Ayrılma Zamanları.....	80
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	84
KAYNAKLAR.....	95
EKLER.....	104
EK 1 Sitokrom oksidaz-1 Bölgesine Ait Haplotipler.....	105
EK2 Sitokrom- <i>b</i> Bölgesine Ait Haplotipler.....	107
EK3 12S rRNA Bölgesine Ait Haplotipler.....	111
ÖZGEÇMİŞ.....	112

SİMGELER DİZİNİ

%	Yüzde
°C	Santigrat derece
µl	Mikro litre
MgCl ₂	Magnezyum diklorür
mM	Milimolar
pmol	Pika mol
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu

Kısaltmalar

2n	Diploid Kromozom Sayısı
A	Adenin
C	Sitozin
COX1	Sitokrom oksidaz-1
Cyt- <i>b</i>	Sitokrom- <i>b</i>
<i>d</i>	Gruplar arası genetik uzaklık (distance)
DNA	Deoksiribonükleik asit
dNTP	Deoksiribonükleotid trifosfat
dH ₂ O	Distile su
<i>Fst</i>	Gruplar arası populasyonlar arası fiksasyon indeksi
Hd	Haplotip Çeşitliliği
HKY	Hasegawa, Kishino and Yano mutasyon modeli
HKY+G	Gamma parametrelili Hasegawa, Kishino and Yano mutasyon modeli

G	Guanin
kb	Kilobaz
M ¹	1. Molar Diş
M ²	2. Molar Diş
M ³	3. Molar Diş
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
ML	Maksimum Olasılık (Maximum Likelihood)
MP	Maksimum Tutumluluk (Maximum Parsimony)
mtDNA	Mitokondriyal DNA
MYÖ	Milyon Yıl Önce
NJ	Neighbour Joining
Nm	Gen Akışı
P	Transversiyon
Pi	Nükleotit Çeşitliliği
Q	Transisyon
T	Timin
TN93	Tamura-Nei 1993 mutasyon modeli
TN93+G	Gamma parametrelili Tamura-Nei 1993 mutasyon modeli
R	Transisyon/transversiyon oranı

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin toplandığı lokasyonların harita üzerinde gösterimi.....	20
Şekil 4.1 <i>Microtus</i> cinsinin yayılış gösterdiği step habitatı.....	30
Şekil 4.2 <i>Microtus</i> cinsinin doğal habitatı olan çayırılık alan.....	30
Şekil 4.3 <i>Microtus</i> cinsine ait yuvaların tipik yuva giriş delikleri.....	31
Şekil 4.4 <i>Microtus</i> cinsine ait aktif bir yuva; giriş deliği ve yürüme yolu.....	31
Şekil 4.5 Çalışılan örneklerin postlarının dorsal görünümü (Yukarıdan aşağıya: 4816-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6480-Kırklareli).....	35
Şekil 4.6 Çalışılan örneklerin postlarının ventral görünümü (Yukarıdan aşağıya: 4816-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6480-Kırklareli).....	35
Şekil 4.7 Çalışılan örneklerin kafataslarının dorsal görünümü (Soldan sağa: 4807-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6488-Kırklareli).....	36
Şekil 4.8 Çalışılan örneklerin kafataslarının ventral görünümü (Soldan sağa: 4807-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6488-Kırklareli).....	36
Şekil 4.9 Çalışılan örneklerin kafataslarının lateral görünümü (Soldan sağa: 4807-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6488-Kırklareli).....	37
Şekil 4.10 Çalışılan örneklerin mandibul (çene) kemiklerinin labialden görünümü (Soldan sağa: 6488-Kırklareli, 3526-İzmir, 4807-Kahramanmaraş).....	37
Şekil 4.11 COX1 bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü (M:Marker, 1:6480 (Kırklareli), 2:6483 (Kırklareli), 3:6488 (Kırklareli), 4:3415 (Aydın), 5:3416 (Aydın), 6:2562 (Konya), 7:2654 (Konya), 8:3528 (İzmir), 9:2765 (Kilis), 10:3628 (Kahramanmaraş), N:Negatif Kontrol).....	40
Şekil 4.12 Tamura-Nei Parametresi baz alınarak oluşturulan COX1 bölgesine ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	46
Şekil 4.13 COX1 bölgesine ait Maksimum Parsimony (MP) ağacı. (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	47
Şekil 4.14 Tamura-Nei Parametresi baz alınarak oluşturulan COX1 bölgesine ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	48

Şekil 4.15 TN93 Parametresi baz alınarak oluşturulan COX1 bölgesine ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	49
Şekil 4.16 Sitokrom- <i>b</i> bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü	51
Şekil 4.17 HKY Parametresi baz alınarak oluşturulan cyt- <i>b</i> bölgesine ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	58
Şekil 4.18 Cyt- <i>b</i> bölgesine ait Maksimum Parsimony (MP) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	59
Şekil 4.19 Kimura-2 Parametresi baz alınarak oluşturulan cyt- <i>b</i> bölgesine ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	60
Şekil 4.20 HKY Parametresi baz alınarak oluşturulan cyt- <i>b</i> bölgesine ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	61
Şekil 4.21 12S rRNA bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü.....	64
Şekil 4.22 TN93+G Parametresi baz alınarak oluşturulan 12S rRNA bölgesine ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	69
Şekil 4.23 12S rRNA bölgesine ait Maksimum Parsimony (MP) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	70
Şekil 4.24 Jukes ve Cantor Parametresi baz alınarak oluşturulan 12S rRNA bölgesine ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	71
Şekil 4.25 TN93+G Parametresi baz alınarak oluşturulan 12S rRNA bölgesine ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	72
Şekil 4.26 HKY+G Parametresi baz alınarak oluşturulan birleştirilmiş dizilere ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	76
Şekil 4.27 Birleştirilmiş diziler kullanılarak oluşturulan Maksimum Parsimony (MP) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	77
Şekil 4.28 <i>p</i> -distance parametresi baz alınarak oluşturulan birleştirilmiş dizilere ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	78

Şekil 4.29 HKY+G Parametresi baz alınarak oluşturulan birleştirilmiş dizilere ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir).....	79
Şekil 4.30 COX1 dizilerine göre belirlenen evrimsel ayrılma zamanları.....	84
Şekil 4.31 Cyt- <i>b</i> dizilerine göre belirlenen evrimsel ayrılma zamanları.....	82
Şekil 4.32 12S rRNA dizilerine göre belirlenen evrimsel ayrılma zamanları.....	83
Şekil 5.1 Guentheri grubunun Anadolu ve Trakya'ya yayılışı (noktalı alanlar köken almış olabileceği yerleri göstermektedir).....	93

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin kayıt numaraları ve ait oldukları lokasyonlar.....	16
Çizelge 3.2 Çalışmada kullanılan GenBank Örnekleri.....	19
Çizelge 3.3 Çalışmada kullanılan DNA örneklerinin spektrofotometre ile ölçüm sonuçları.....	22
Çizelge 3.4 Sitokrom- <i>b</i> ve COX1 bölgelerinin amplifikasyonu için hazırlanan PZR bileşenleri ve bu bileşenlerin miktarları.....	25
Çizelge 3.5 12S rRNA bölgesinin amplifikasyonu için hazırlanan PZR bileşenleri ve bu bileşenlerin miktarları.....	25
Çizelge 3.6 DNA amplifikasyonunda kullanılan primerler ve baz dizileri.....	26
Çizelge 3.7 Sitokrom- <i>b</i> ve COX1 bölgelerinin amplifikasyonunda uygulanan PZR koşulları.....	26
Çizelge 3.8 12S rRNA bölgesinin amplifikasyonunda uygulanan PZR koşulları.....	26
Çizelge 4.1 <i>Microtus guentheri</i> 'nin COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	40
Çizelge 4.2 <i>Microtus hartingi</i> 'nin COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	41
Çizelge 4.3 <i>Microtus lydius</i> 'un COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	41
Çizelge 4.4 Çalışılan türlerin COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	41
Çizelge 4.5 Çalışılan türlerin COX1 dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde).....	42
Çizelge 4.6 Dış grup olarak kullanılan <i>Microtus levis</i> , <i>Mus musculus</i> ve <i>Rattus rattus</i> türlerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde).....	43
Çizelge 4.7 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin COX1 dizilerine ait genetik çeşitlilik değerleri.....	44
Çizelge 4.8 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin COX1 dizilerine ait genetik uzaklık (<i>d</i>) değerleri ve standart sapmaları.....	44

Çizelge 4.9 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin COX1 dizilerine ait Fst değerleri.....	44
Çizelge 4.10 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin COX1 dizilerine ait Nm değerleri.....	44
Çizelge 4.11 <i>Microtus guentheri</i> 'nin Cyt- <i>b</i> gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	52
Çizelge 4.12 <i>Microtus hartingi</i> 'nin Cyt- <i>b</i> gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	52
Çizelge 4.13 <i>Microtus lydius</i> 'un Cyt- <i>b</i> gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	52
Çizelge 4.14 Çalışılan türlerin Cyt- <i>b</i> gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	52
Çizelge 4.15 Çalışılan türlerin Cyt- <i>b</i> dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde).....	53
Çizelge 4.16 Dış grup olarak kullanılan <i>Mus musculus</i> ve <i>Rattus rattus</i> türlerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde).....	55
Çizelge 4.17 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin Cyt- <i>b</i> dizilerine ait genetik çeşitlilik değerleri.....	55
Çizelge 4.18 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin Cyt- <i>b</i> dizilerine ait genetik distance (<i>d</i>) değerleri.....	55
Çizelge 4.19 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin Cyt- <i>b</i> dizilerine ait Fst değerleri.....	56
Çizelge 4.20 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin Cyt- <i>b</i> dizilerine ait Nm değerleri.....	56
Çizelge 4.21 <i>Microtus lydius</i> 'un 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotitler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	64
Çizelge 4.22 <i>Microtus hartingi</i> 'nin 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	65
Çizelge 4.23 <i>Microtus guentheri</i> 'nin 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	65
Çizelge 4.24 Çalışılan türlerin 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları.....	65

Çizelge 4.25 Çalışılan türlerin 12S rRNA dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde).....	66
Çizelge 4.26 Dış grup olarak kullanılan <i>Mus musculus</i> ve <i>Rattus rattus</i> türlerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde).....	67
Çizelge 4.27 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin 12S rRNA dizilerine ait genetik çeşitlilik değerleri.....	67
Çizelge 4.28 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin 12S rRNA dizilerine ait genetik distance (<i>d</i>) değerleri.....	67
Çizelge 4.29 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin 12S rRNA dizilerine ait <i>Fst</i> değerleri.....	68
Çizelge 4.30 <i>Microtus lydius</i> , <i>Microtus hartingi</i> ve <i>Microtus guentheri</i> türlerinin 12S rRNA dizilerine ait <i>Nm</i> değerleri.....	68
Çizelge 4.31 Çalışılan türlerin birleştirilmiş dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde).....	73
Çizelge 5.1 Guentheri grubu türlerinin nükleotit çeşitliliklerinin (<i>Pi</i>) karşılaştırılması.....	89

1. GİRİŞ

Tarla faresi *Microtus* Schrank, 1798 cinsi Rodentia takımının Muridae familyası ve Arvicolinae altfamilyası içinde yer almakta ve Holoarktik bölgede 15 altcins ve yaklaşık 62 tür ile temsil edilmektedir (Musser ve Carleton 2005, Kryštufek ve Vohralík 2009). *Microtus* cinsi en fazla türleşmeye uğramış kemirici cinslerinden biri olarak kabul edilmekte ve Arvicolinae altfamilyasına ait türlerin yaklaşık % 50'sini meydana getirmektedir (Musser ve Carleton 1993). Yapılan son çalışmalar ile birlikte (Kryštufek ve Vohralík 2009, Yiğit vd. 2006, 2012) Türkiye'de kaydedilen takson sayısı 13'e ulaşmıştır. Söz konusu türler aşağıda listelenmiştir:

- 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 lydius* Blackler, 1916
- 8) *Microtus daghestanicus* Schidlovsky, 1919
- 9) *Microtus* cf. *irani* Thomas, 1921
- 10) *Microtus levis* Miller, 1908
- 11) *Microtus schidlovskii* Argyropulo, 1933
- 12) *Microtus dogramacii* Kefelioğlu ve Kryštufek, 1999
- 13) *Microtus anatolicus* Kryštufek ve Kefelioğlu, 2001

Microtus cinsinin *Sumeriomys* altcinsi “socialis” ve “guentheri” olmak üzere 2 gruba ayrılmaktadır (Ellermann 1941) ve diploid kromozom sayısı $2n = 54$ olan tarla fareleri “Guentheri Soy Hattı”na dahil edilmektedir (Golenishchev vd. 2002).

Bu soy hattı ile ilgili olarak;

Danford ve Alston (1880) Türkiye’den ilk defa Kahramanmaraş’tan *Microtus guentheri*’yi, Blackler (1916) ise İzmir’den *Microtus lydius* türünü ve Tarsus-Mersin’den *Microtus guentheri shevketi* alttürünü tanımlamışlardır. Ellerman ve Morrison-Scott (1951) *Microtus lydius*’u *Microtus guentheri*’nin alttürü olarak dikkate almıştır. Misonne (1957) Urfa’dan *Microtus guentheri*, Osborn (1962) ise Tarsus ve Hatay’dan *Microtus guentheri* kayıtlarını vermişlerdir. Lay (1967) Bolu ve Ankara’dan, Felten vd. (1971) Antalya, Bolu, İzmir, Ankara ve Uşak’tan *Microtus guentheri* kayıtlarını vermişlerdir.

Ondrias (1966) *Microtus hartingi*’nin Trakya ve Anadolu’da yayılış gösterdiğini ileri sürmüştür. Kefelioğlu ve Kryštufek (1999) *Microtus guentheri*’yi *Microtus hartingi*’nin sinonimi olarak ele almıştır. Geleneksel olarak, *Microtus guentheri* Avrupa faunasına dahil edilmiş; Türkiye’nin Trakya kesimleri, Bulgaristan ve Yunanistan yayılış alanına dahil edilmiştir (Nowak 1999).

Yiğit ve Çolak (2002) ilk kez tip yeri Türkoğlu (Kahramanmaraş) olan *Microtus guentheri*’nin Trakya ve Batı Anadolu’da yayılış yapan popülasyondan farklı olduğunu morfolojik ve biyometrik kanıtlarla vurgulamışlar; Batı ve İç Anadolu örneklerini *Microtus lydius* olarak tanımlamışlar ve Batı Anadolu’nun kıyı kesimlerine ait örneklerin *Microtus lydius lydius* ve İç Anadolu örneklerinin *Microtus lydius ankaraensis* alttürleri ile temsil edildiğini vurgulamışlardır. Musser ve Carleton (2005) *Microtus lydius* ve *Microtus guentheri* türlerini sinonim olarak ele alırken, Wilson ve Reeder (2005) *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri*’yi sinonim olarak değerlendirmiştir. Sitokrom-*b* gen bölgesi kullanılarak yapılan çalışmalarda (Kryštufek vd. 2009, Kryštufek vd. 2012) “Guentheri Soy Hattı” güney ve batı olmak üzere 2 gruba ayrılmış, batı grubu içinde yer alan Trakya popülasyonu ve Batı Anadolu popülasyonu

Microtus hartingi olarak tanımlanmıştır, ayrıca *M. hartingi* ile yine Orta Anadolu’da yayılış yapan *Microtus dogramacii* (Kefelioğlu ve Kryštufek 1999)’nin çok yakın türler olduğu belirtilmiştir. Morfolojik ve biyometrik metotların kullanıldığı bir diğer çalışmada; bakulum morfolojisindeki ayırıcı özellikler ve 23 metrik değişkendeki istatistiksel farklılıklara göre Trakya popülasyonu *Microtus hartingi* olarak dikkate alınırken, Batı Anadolu popülasyonu *Microtus guentheri*’den farklı olarak *Microtus lydius* olarak tanımlanmıştır (Yiğit vd. 2012). Kromozom bantlama yöntemi kullanılan diğer bir çalışmada, Güneydoğu Avrupa (Trakya ve Yunanistan) örnekleri *Microtus hartingi* olarak dikkate alınırken, Batı ve Doğu Anadolu örnekleri *Microtus guentheri* olarak ele alınmış; her iki türün $2n= 54$ diploid kromozom sayısına sahip olmakla birlikte, Güneydoğu Avrupa ve Anadolu örneklerinde C-heterokromatin bantlarının sayısı ve dağılımında farklılıklar olduğu belirtilmiştir (Zima vd. 2013). Markov vd. (2014) ise, metrik olmayan niteliksel kafatası karakterlerini baz alarak yaptıkları çalışmada, Anadolu ve Balkanlar’da yayılış gösteren “Guentheri grubu”nun tamamen tek bir türe (*Microtus guentheri*) ait olamayacağının altını çizmişlerdir.

Konu filocoğrafik olarak ele alındığında; Anadolu’daki farklı iklimsel ve coğrafi etmenlerin, diğer omurgalı türlerinde olduğu gibi, *Microtus* türlerinin de yayılışını etkilediği ileri sürülmektedir. Kara ve tatlısu formlarının yayılışı için etkili bir bariyer oluşturan Çanakkale ve İstanbul Boğazları’nın Pliosen sonlarında (yaklaşık 2 milyon yıl önce) ayrıldığı bilinmektedir (Bacescu 1985, Tortonese 1985, Çağatay vd. 2000, Yaltırak vd. 2000). Moreau’ya (1955) göre, İstanbul Boğazı Würm Buzul Devri (70.000-10.000 yıl önce) boyunca kapalıdır ve kara köprüsü görevi görmektedir; ancak step formlarının geçişi olası değildir. Ayrıca $2n= 54$ diploid kromozom sayısının *Microtus* cinsi için atasal olduğu ve *Microtus* soy hatlarının ayrılma zamanının 0,5-3,5 milyon yıl öncesinde gerçekleştiği rapor edilmiştir (Lenskaya vd. 2010). Bu bağlamda, Boğazların tam olarak oluşum zamanı ve soy hatlarının ayrılma periyodu dikkate alındığında, Trakya ve Batı Anadolu popülasyonlarının gen akışı bakımından uzun süre ayrı kaldığı ve farklı türler haline gelme olasılığının yüksek olduğu görülmektedir.

Omurgalı hayvan türlerinin yayılışını etkileyen bir diğer etmen, Anadolu Diyagonalı’dır. Munzur ve Binboğa Dağları’nın birbirlerine paralel olarak güney ve

doğu yönünde, herhangi bir vadi ya da akarsu yatağı tarafından kesilmeden uzanması ile birlikte, İç Anadolu Bölgesi Güneybatı Asya'dan ayrılmakta ve 1000 m'nin altında yaşayan canlıların geçişi önemli ölçüde engellenmektedir (Çıplak vd. 1993, Demirsoy 1999, Veith vd. 2003). Bu bakımdan, Anadolu Diyagonalı'nın *Microtus guentheri*'nin İç Anadolu'ya geçişini, *Microtus lydius*'un ise diyagonalin doğusuna geçişini engellediği, bazı yazarlar tarafından ileri sürülmüştür (Kryštufek vd. 2009, Yiğit vd. 2002). Benzer şekilde, Anadolu'da mevcut, Büyük Menderes Irmağı'ndan Van Gölü'ne kadar, birbirleri ile bağlantılı olmayan sulak alanlar da step formlarının yayılışını kısıtlayabilmektedir (Kosswig 1955).

Daha önce yapılan çalışmalara bakıldığında, *Microtus hartingi* ve *Microtus lydius* türleri sadece morfolojik ve karyolojik olarak değerlendirilmiştir (Yiğit vd. 2012, Zima vd. 2013, Markov vd. 2014) ya da tek bir gen bölgesi (Sitokrom-*b*) az sayıda örnek ile çalışılmıştır (Kryštufek vd. 2009, Kryštufek vd. 2012). Yapılan çalışmalardan görüldüğü gibi, Trakya ve Batı Anadolu popülasyonlarının taksonomik durumları hakkında henüz bir görüş birliğine varılamamıştır. Bu bağlamda, 3 mitokondriyal gen bölgesinin (Sitokrom oksidaz-1, Sitokrom-*b*, 12S rRNA) DNA dizi analizinin yapılması ile, *Microtus hartingi* ve *Microtus lydius* türlerinin filogenetik ilişkilerinin araştırılması, *Microtus guentheri* ile karşılaştırılması ve söz konusu türlerin taksonomik durumlarına açıklık getirilmeye çalışılması tezin amacını oluşturmaktadır.

2. KURAMSAL TEMELLER

2.1 Ordo: Rodentia (Mammalia)

Kemirgenler Mammalia sınıfının en büyük altsınıfı olan Placentalia altsınıfı içinde yer alır. Bu sınıfın en büyük takımı olan Rodentia (Kemiriciler) ordosu 29 familya, 400'den fazla cins ve 2800'den fazla türden meydana gelmekte ve yaşayan memeli türlerinin % 40'ından fazlasını içermektedir (Ognev 1947, Musser ve Carleton 1993, Wilson ve Reeder 2005). Antartika ve kutuplar, Yeni Zelanda ve birkaç okyanus takımadası dışında, hemen hemen dünyanın her yerine yayılmışlardır ve kara, ağaç, toprak altı ve yarı sucul olmak üzere çok farklı habitatlarda yayılış göstermektedirler. Diğer ordolardan kolayca ayrılabilmelerine karşılık, kemiricilerin kendi içlerindeki filogenetik durumları oldukça karışıktır. Çiğneme kasları ve kafa iskeleti kemiricilerin sınıflandırılmasında kullanılan önemli kriterlerdir. Her bir grup kafatası yapısı ve çenenin kafatası ile yapmış olduğu bağlantı ile birbirinden ayrılır. Rodentia ordosu, çiğneme kaslarının konumuna göre 5 alttakıma ayrılmaktadır. Bu alttakımlar Sciuromorpha, Castorimorpha, Myomorpha, Anomaluromorpha ve Hystricomorpha olup, tez konusu olan tarla fareleri Myomorpha alttakımı içerisinde yer almaktadırlar (Wilson ve Reeder 2005).

Rodentia ordosunu diğer ordolardan ayıran en önemli ayırıcı karakter, köpek dişleri ve ön azı dişlerinin kaybolması ile meydana gelen diastema boşluğudur. Diastema boşluğu üst kesici dişlerle 1. molar diş arasında bulunan ve besin toplama amacı ile kullanılan bir boşluktur. Her iki çenenin önünde bulunan ikişer adet kesici diş tüm kemiricilerin ortak özelliği olup bu dişler köksüzdür ve devamlı büyürler. Kesici dişlerin kırılması halinde yerine yeni diş çıkmayacağından dolayı kırılan dişin karşısındaki diş devamlı büyüyerek hayvanın ölümüne neden olabilir (Ognev 1948). Kesici dişlerin ön yüzeyinin sert mine, arka yüzeyinin daha yumuşak dentinden meydana gelmesinden dolayı kemirme faaliyeti bu dişlerin aynı zamanda keskinleşmesine neden olur. Kemirme yapılmadığı takdirde bu iki diş uzayarak hayvanın beslenmesini engeller ve hayvanın ölümüne neden olabilir.

Molar dişlerin en önemli özelliği çiğneme yüzeylerinde mine katlanmalarının bulunmasıdır. Bu dişler kemirmede kullanılmaz ve büyümmezler. Kemiricilerin genel diş formülü $(1/1 \ 0/0 \ 0/0 \ 3/3) \times 2 = 16$ 'dır. Bazı kemirici türlerinde ön azı (premolar) dişler de bulunur ancak bu dişlerin sayısı hiçbir zaman iki çiftten fazla olmaz. Kemiriciler en fazla 22 dişe sahiptirler (Harrison ve Bates 1991).

Bazı türlerde besinin toplanmasına yarayan yanak keseleri vardır. Mideleri basit ve körbağırsakları uzundur. Kuyrukları çoğunlukla uzun, bazı türlerde ise pullarla örtülüdür. Toprak altında tüneller kazarak yaşayanlarda tırnaklar gelişmiştir. Gözler yaşam biçimine bağlı olarak farklı büyüklükte olabilir. Toprak altında yaşayanlarda gözler küçülmüş, hatta bazı türlerde körelerek deri altında kalmıştır. Gececi olanlarda ise oldukça büyüktür. Gözler başın yan taraflarında yer aldıklarından hem önü hem de arkayı aynı anda görebilirler. Suda yaşayanlarda gözler başın üst kısmına doğru yerleşmiştir. Kulaklar da yaşam biçimine göre değişik şekiller gösterir. Örneğin, toprak altında ve suda yaşayanlarda oldukça küçülmüştür. Kemiriciler genellikle herbivor ya da omnivordurlar. Üreme kapasiteleri çok yüksektir. Gebelik süreleri 14-170 gün arasında değişir. Çoğunlukla yılda birkaç defa doğururlar ve her doğumda 1-18 yavru yaparlar. Bazı türleri insanlar için hastalık taşıyıcıları nedeniyle ya da ekonomik yönden zararlıdır (Buckie ve Smith 1994).

2.2 Familya: Muridae Illiger, 1811 (Fareler ve Sıçanlar)

Muridae familyası 16 altfamilya, 301 cins ve yaklaşık 1336 tür ile memelilerin ve dolayısıyla kemiricilerin en geniş familyasını meydana getirmektedir. Muridae familyası türleri kutup bölgeleri, Batı Hindistan'ın bazı bölgeleri, Yeni Zelanda ve bazı Okyanus adaları dışında tüm karalara yayılmış olarak bulunurlar. Doğal olarak bulunmadıkları birçok bölgeye, insanlar tarafından getirilerek bu bölgelere yayılmışlardır (Buckie ve Smith 1994, Nowak 1999).

Muridlerin vücut büyüklüğü ev faresinden 48 cm kadar uzunluğa erişebilen Güney Dev Sıçanı'na (*Phloeomys cumingi*) kadar değişebilir. Kuyruk uzunluğu, vücut uzunluğunu bazı türlerde geçebilir, bazı türlerde ise oldukça kısadır veya yok denecek kadar

belirsizdir. Kulaklar, gözler, arka ayaklar göreceli olarak büyüktür (Ceyhan 2007). Familyanın genel diş formülü $(1/1 \ 0/0 \ 0/0 \ 3/3) \times 2 = 16$ 'dır. Tüm muridlerde molarlar köklü ya da köksüz ve yuvarlak, sivri uçlu ya da prizmatik olabilir.

Muridae familyası üyeleri çok farklı habitatlara uyum sağlamışlardır. Birçoğu karasal habitatlarda yaşarken, ağaçlarda ve yarı sucul habitatlarda yaşayan türler de mevcuttur. Tünellerde ya da çatlaklarda, kütük ya da benzeri nesnelerin altında, uygun ağaç gövdelerinde ya da kovuklarında ve çalılarda, toprakta ya da ağaçlarda yaptıkları yuvalarda barınırlar. Gündüz ya da gece aktiftirler ve genellikle kış uykusuna yatmazlar. Murid cinslerinin çoğu herbivordur ve bunun yanında bazı omurgasızlar ile de beslenirler. Bazıları balıklar gibi küçük omurgalıları yiyebilirler. Bazen tohumları ve benzer diğer bitkisel yiyecekleri kışın kullanmak üzere depo edebilirler.

Muridae familyasının bazı üyeleri toplu halde yaşarlar ve yüksek derecede sosyalleşebilmişlerdir. Buna karşılık, diğerleri yalnız ya da çiftler halinde yaşamaya eğilimlidirler. Yılın sıcak geçen dönemlerinde çiftleşirler. Dişiler bir yıl içinde genellikle çok sayıda yavrularlar. Birçok birey doğada tahminen iki yıldan fazla hayatta kalamaz. Buna rağmen özellikle küçük muridlerde görülen yüksek üreme potansiyeli sayesinde bazen sayıları fark edilir derecede artabilmektedir. Yüksek sayılara ulaşmış popülasyonlarda genellikle yaşadıkları alandaki besinin yetersizliğinden dolayı ani düşüşler görülür. Populasyondaki bu gibi dalgalanmalar üç dört senede bir periyodik olarak gerçekleşir (Buckie ve Smith 1994, Nowak 1999).

Birçok murid türü, çeşitli virüslere ev sahipliği yapmakta ve çok sayıda hastalığın insanlara taşınmasında önemli rol oynamaktadırlar. Bu bakımdan, bu türler birçok biyomedikal çalışmanın odak noktası haline gelmiştir (Glass vd. 2002, Heyman vd. 2002).

2.3 Altfamilya: Arvicolinae

Arvicolinae alt familyası 28 cins ve 151 türden meydana gelmektedir (Nowak 1999, Wilson ve Reeder 2005). Bu altfamilyanın üyeleri Kuzey Amerika'dan Guatemala'nın kuzeyine, Avrasya'dan Japonya, Tayvan, Güneybatı Çin, Kuzey Hindistan, Anadolu'nun da dahil olduğu Ortadoğu ve Afrika'da Libya'ya kadar Holoarktik Bölge'de geniş bir yayılım göstermektedirler (Carleton ve Musser 1984).

Arvicolinae türleri ılıman, kuzey ve dağlık habitatlarda yayılım gösterirler. Bu habitatlar yaprak döken ve konifer (iğne yapraklı herdem yeşil) ormanlar, çalılık ya da kayalık dağ etekleri, dağlık çayırlar, ovalar, stepler, tarım alanları, yarı çöller, ormanlar, tundralar ve sucul ekosistemlerdir (Carleton ve Musser 1984, Nowak 1999).

Arvicolinae türleri orta büyüklükte kemiricilerdir. Vücut uzunlukları 70-300 mm, kuyruk uzunlukları 5-295 mm arasındadır. Kuyruk vücuttan kısadır. Vücut ağırlıkları 15 g ile 1,8 kg arasında değişiklik göstermektedir. Yuvarlak kulaklara, keskin olmayan burna, kısa bacaklara ve tombul bir bedene sahiptirler. Gözler nispeten büyüktür. Yetişkin erkeklerde ve bazen dişilerde kalça, böğür ya da kuyruk bölgesinde büyük yağ bezleri bulunmaktadır. Birçoğunun parmaklarında kazmaya yarayan tırnaklar mevcuttur. Kürkleri uzun-kısa, yumuşak-sert olabilir. Bazı türlerde yaz mevsiminde inceliyor kısalarak mevsimsel değişiklik göstermektedir. Türlerin çoğunda kuyruk kürkle kaplıdır. Dorsal yüzeyde kahverengi ya da gri tonlarında, bazı türlerde de açık kırmızı ve sarı tonlarında olabilir. Kürkün ventral yüzeyi açık kahverengi, beyaz, krem, devetüyü, sarımsı ya da gridir. Bazı türler üst tarafın alttan daha koyu olduğu iki renkli kuyruğa sahiptir. Aynı alanda yaşayan iki ya da daha fazla renkli morfolojiye sahip polimorfik popülasyonlar vardır (Carleton ve Musser 1984, Gruber-Adams ve Getz 1985, Nowak 1999).

Çoğu tür herbivor olmakla birlikte, bazı türler omnivordur. Yaprak, çimen, kök, çiçek soğanı, ağaç kabuğu, sürgün, çam iğnesi, etli ve zarlı kabuksuz meyve, kabuklu yemiş, liken, mantar, böcek, kerevit, midye ve küçük balıkları tüketmektedirler. Bazı türler ise yuvalarına besin depolamaktadır (Carleton ve Musser 1984, Nowak 1999).

2.4 Cins: *Microtus* Schrank, 1798

Microtus Kuzey Yarımküre'deki birçok habitatta ekolojik olarak yüksek oranda uyum sağlamış, morfolojik bakımdan önemli farklılıklar gösteren herbivor bir küçük memeli cinsidir. Çoğu *Microtus* türü çayırlar ve meralar gibi açık alanları tercih ederken, bazı türler ise ormanlar ve yüksek rakımlı alanlarda yaşayabilirler (Nowak 1999). *Microtus* cinsi Holoarktik Bölge'deki en fazla türleşmeye uğrayan cinslerden biri olup; yaklaşık 62 tür ile temsil edilmektedir (Musser ve Carleton 2005). Arvicolinae türlerinin yaklaşık % 50'sini meydana getiren bu cins, evrimsel anlamda hızlı memeli açılımına örnek teşkil etmektedir (Musser ve Carleton 1993, Nowak 1999). Bu cins karyotipik olarak oldukça yüksek bir çeşitlilik göstermektedir ve kromozom sayıları 17-62 arasında değişmektedir (Zima ve Kral 1984).

Microtus cinsine ait türlerin gözleri ve kulakları küçüktür. Molar dişleri sivri uçları bulunan mine örtülü çıkıntılara sahiptir ve kökleri yoktur. Molar dişlerde yaşam boyu büyüme görülür. Ayak tabanlarında 6 adet yastık bulunur. Toprak altında birçok kola ayrılmış, yuva ve besin depolarını içeren galerilerde yaşarlar. Besinleri genellikle, iki çelenkli yabani otların ve buğdaygillerin yeşil kısımları, kökler, tohumlar ve yumrulardır (Feldhamer vd. 2007).

2.5 Altains: *Sumeriomys* Argyropulo, 1933

Sumeriomys altainsine ait türlerin vücutları orta büyüklükte olup, kısa kuyruğa sahiptirler. Kürkleri yoğundur ve dış kulaklarının arkası (antitragus) küçük ve geniş bir üçgen kıvrım şeklindedir ve diğer altainslerdeki antitraguslardan daha küçüktür. İşitme bullası diğer altainslere oranla daha büyüktür ve mastoidler çoğu zaman belirgin biçimde kabarıktır. Molar dişler göreceli olarak yüksek bir taç kısmına sahiptir.

Bu altains Balkan Yarımadası'nın güneybatı kısımlarından, Kuzey Kafkaslar, Kuzey Kaspian Bölgesi, Kuzeybatı Asya, Anadolu'nun batısı, Kuzey ve Doğu İran ve Kuzeydoğu Çin'e kadar geniş bir alanda yayılış göstermektedir. *Sumeriomys* altainsine

ait türler kuru çayırliklar başta olmak üzere açık alanlarda, dağ eteklerinde, dağlarda ve yarı-çöl bölgelerde yaşayabilirler (Gromov ve Polyakov 1992).

Ellermann (1941) *Sumeriomys* altcinsini “socialis” ve “guentheri” olmak üzere 2 gruba ayırmıştır. “Socialis grubu tarla fareleri” *Microtus (Sumeriomys) socialis* Pallas, 1773; *Microtus schidlovski* Argyropulo, 1933; *Microtus cf. irani* Thomas, 1921 ve *Microtus paradoxus* Ognev ve Heptner, 1928 türlerini içermektedir. “Guentheri grubu tarla fareleri” ise $2n= 54$ diploid kromozom sayısına sahip türleri (*Microtus guentheri*) içine almaktadır. $2n= 48$ diploid kromozom sayısına sahip *Microtus dogramacii* türü “Guentheri grubu”na alınmak ile birlikte taksonomik durumu belirsizdir (Golenishchev vd. 2002).

2.5.1 *Microtus guentheri* (Danford ve Alston, 1880)

Bu türün genel özellikleri şu şekildedir:

- 1) Toplam vücut uzunlukları ortalama 154 mm ve kuyruk uzunlukları 29 mm’dir (Yiğit ve Çolak 2002).
- 2) Dorsal kürk koyu kahverengimsi, ventral kürk ise beyazımsı gridir. Böğürler boyunca belirgin bir geçiş bölgesi bulunmamaktadır.
- 3) Kulakların iç kısmı kısa ve seyrek beyazımsı kıllarla örtülüdür. Kulakların dış kısmı ise dorsal kürk ile aynı renktedir.
- 4) Kuyruk iki renkli olup; dorsalde kısa ve koyu kahverengimsi renkte kıllarla, ventralde de kirli beyaz kıllarla kaplıdır.
- 5) Ön ayakların dorsali, dorsal kürk kıllarına göre daha soluk renkte kıllara sahiptir, ancak ventrali daha koyudur. Arka ayaklar ön ayaklar ile benzer renklenmeye sahiptir.

6) Nasal kemikler üst kesicilerin alveollerine kadar ulaşmaz. Rostrum önemli ölçüde uzun değildir ve nasal kemikler posterior olarak yuvarlaktır. Zigomatik yayın maksiler çıkıntısı lateral olarak hafifçe genişlemiştir ve interorbital daralma geniştir. Parietal ve interparietal kemiklerin sınırında belirgin çıkıntılar yoktur, ancak supraoksipital çıkıntı ergin bireylerde önemli ölçüde gelişmiştir. Beyin kutusu parietal ve interparietal bölgelerde göreceli olarak posteriorda düzdür. Oksipital kondiller ve timpanik bullanın mastoid kısımları dorsalden görünür haldedir. İnsisiv foramenler orta büyüklüktedir ve posterior uçları M¹'in önüne kadar uzanmaz. M³ seviyesinde yer alan post palatal foramenler nokta boyutundadır. Timpanik bullanın anterior kısımları pterygoid çıkıntılarının ucuna ulaşır. Mandibul düzdür ve coronoid çıkıntı göreceli olarak sağlam olup, condyloid çıkıntıdan ayrılmıştır.

7) M² non-agrestis formdadır. M³ çoğunlukla normal formda, bazı durumlarda ise duplicated formdadır.

8) Diploid kromozom sayıları (2n) 54'tür. Otozomal kromozomlar 52 akrosentrikten veya 51 akrosentrik ve 1 metasentrikten meydana gelir. X kromozomu akrosentrik ya da metasentriktir. Y kromozomu en küçük akrosentriktir.

9) Türkiye'de sadece Güneydoğu Anadolu'da yayılış gösterirler. Çayırliklarda, sulak ovalarda, nehir kıyılarında ve bazen de yonca tarlalarında büyük koloniler halinde yaşarlar.

10) Diurnaldirler (Yiğit ve Çolak 2002).

11) Cohen-Shlagman vd. (1984)'e göre üreme zamanları İsrail'de Ekim'den Nisan'a kadardır. Ortalama embriyo sayısı 8,8 olup, en fazla yavru Şubat ayında verilmiştir.

2.5.2 *Microtus hartingi* (Barret-Hamilton, 1903)

Bu türün genel özellikleri şu şekildedir:

- 1) Toplam vücut uzunlukları erkeklerde ortalama 145,2 mm, dişilerde 143,6 mm ve kuyruk uzunlukları 28,50 mm'dir (Ondrias 1965, Yiğit vd. 2012).
- 2) Dorsal kürk koyu kahverengimsi sarı renktedir ve yanlara doğru daha açık ve daha sarı bir renk alır (Ondrias 1966, Sağlam 2004). Ventral kürk rengi grimsi sarıdır. Dorsal ve ventral kürk arasında belirgin bir geçiş bölgesi bulunmamaktadır.
- 3) Kuyruk iki renklidir. Kuyruğun üst tarafı dorsal kürk ile aynı renkte olup, alt tarafı daha açık kahverengidir.
- 4) Nasal kemik öne doğru eğimlidir ve incisor dişleri geçmez. Nasal bölge uzundur. Parietal ve interparietal kemikleri çevreleyen kabarık süturlar mevcut değildir. Beyin kapsülü ve rostrum eğimlidir. Zigomatik yayın maksiller çıkıntı kısmında dışarı doğru hafif bir genişleme vardır. İnterorbital bölge geniştir. Mandibul ince ve uzundur. coronoid çıkıntı göreceli olarak büyüktür ve condyloid çıkıntı'dan önemli ölçüde ayrılmış haldedir.
- 5) M^2 diş morfolojisi non-agrestis tiptedir. M^3 'lerde % 90 oranında normal, % 10 oranında ise kompleks form gözlenmiştir (Sağlam 2004).
- 6) Diploid kromozom sayısı (2n) 54'tür ve kromozomlar akrosentrik yapıdadır (Zima vd. 2013).
- 7) Güneydoğu Avrupa'da (Bulgaristan, Yunanistan, Türkiye'nin Trakya Bölgesi) yayılış gösterdiği düşünülmektedir (Ondrias 1966, Yiğit vd. 2012, Zima vd. 2013, Markov vd. 2014).
- 8) Harting'e (1893) göre geceleri daha çok aktiftirler ve gündüz nadiren görülürler.
- 9) Yuvaları basit ya da kompleks tarzdadır. Basit yuvalarda en az 1 adet hazne ve birbirinden 20 cm ya da daha fazla uzaklıkta bulunan 3 ya da 4 giriş vardır. Kompleks

yuvalar ise 1'den fazla yuva haznesi ve sayısı 50'ye ulaşabilen çok sayıda girişi olan tünel sistemlerinden oluşur. Yuva girişleri 4-5 cm çapında açıklıklara sahiptir. Bu girişler 10-20 cm derinliğe ulaşana kadar (bazı durumlarda 45 cm) 30-45° 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 durumlarda tünellerin devamı olarak işlev görürler. Hazneler kuş yuvaları gibi kuru çimlerle kaplıdır. Bireyler haznelerde besin depo ederler ve yuvalarda ayrı bir depolama alanı mevcut değildir.

10) Bahar aylarında ve yazın ilk dönemlerinde üredikleri görülür. Hamilelik süreleri 21 gündür ve 3-4 yavru meydana getirirler (Ondrias 1965).

2.5.3 *Microtus lydius* (Blackler, 1916)

Bu türün genel özellikleri şu şekildedir:

- 1) Toplam vücut uzunlukları ortalama 132,4 mm ve kuyruk uzunlukları 25,7 mm'dir (Yiğit ve Çolak 2002).
- 2) Dorsal kürk rengi sarımsı kahverengi olup, burun ucundan kuyruğa kadar tekdüzelik gösterir, ancak bazı durumlarda daha koyu bir medyan hat görülebilir. Ventral kürk ise, kirli beyaza yakın gri renktedir. Dorsal ve ventral kürk arasında belirgin bir geçiş bölgesi bulunmamaktadır.
- 3) Kulaklar göreceli olarak küçüktür ve dorsal kürkün altında gizlenmiş olarak bulunur. Kulakların iç ve dış kısımları kısa sarımsı kahverengi kıllarla kaplıdır.
- 4) Kuyruk kısa kıllarla kaplıdır. Kuyruk rengi dorsal ve ventral olarak dorsal kürk rengi ile benzer renktedir. Bazı durumlarda ventral kuyruk rengi dorsal kuyruk rengine göre soluk olabilir, bu yüzden kuyruk iki renkli görünebilir.

- 5) Ön ayaklar dorsalde mat sarımsı renkte, ventralde kirli beyazdır. Arka ayaklar ise dorsalde mat sarımsı renkte, ventralde daha koyu renktedir.
- 6) Beyin kutusu düz değil yuvarlaktır ve parietal ile interparietal kemiklerde posterior olarak aşağıya doğru uzanmıştır.
- 7) M^2 ve M^3 diş morfolojisi sırasıyla non-agrestis ve normal formdadır (Yiğit vd. 2006).
- 8) Diploid kromozom sayıları ($2n$) ve kromozom kol sayıları (FN) 54'tür. X kromozomu orta boyutlu akrosentrik, Y kromozomu ise en küçük akrosentriktir (Çolak vd. 1998).
- 9) Anadolu Diyagonali'nin batısından Ege kıyılarına kadar stepler, tahıl tarlaları, çayırliklar ve bazı durumlarda zeytinliklerde yaşarlar (Yiğit vd. 2006).
- 10) Diurnaldirler ve hibernasyona girmezler.
- 11) Çoğunlukla *Circium* sp., *Silene* sp., *Allyssum* sp. türlerinin ve buğdaygillerin yeşil kısımları ile beslenirler. Yuvalarında besin depolamazlar.
- 12) Çok sayıda girişi ve bölmesi olan toprak yüzeyine yakın yuvaları vardır. Tünel sistemlerinin şekli ve giriş sayısı değişkendir. Giriş kısımları yuvarlak ve 5-7 cm çapındadır. Giriş kısımlarının gerisinde, galeri bölümü ya keskin bir şekilde ya da 20-30° eğim yaparak aşağıya doğru iner. Tüneller genellikle 10-15 cm derinliktedir. Bazı galeriler genişleme yapmadan 50-80 cm derinlikte sonlanır. Yuvalarda depo ya da atık bölmeleri bulunmamaktadır. Yuva haznesi 7-9 cm çapında, yaklaşık 13 cm uzunluğundadır ve etrafı kuru çimlerle çevrilidir.
- 13) Üreme zamanı Eylül ve Haziran ayları arasında görülür. Hamilelik süreleri 20-21 gündür. 2-10 arasında yavru meydana getirirler (Çolak vd. 1998).

2.5.4 Mitokondriyal DNA (mtDNA)'nın Sistemik Çalışmalarda Kullanımı

Mitokondri, birkaç istisna dışında tüm ökaryotik hücrelerde bulunan ve kendine özgü replikasyon, transkripsiyon ve translasyon sistemlerine sahip bir organeldir (Anderson vd. 1981). Mitokondriyal DNA solunum döngüsünde elektron taşıma sisteminde görev yapan polipeptitleri kodlamaktadır (Poulton ve Marchinton 2002). Memeli mtDNA genomu yaklaşık 16 kb uzunluğunda olup, toplam DNA'nın % 1-2'sini oluşturmaktadır. 13 adet protein kodlayan gen -7'si Complex I (ND1-6, ND4L), 1'i Complex III (cyt-b), 3'ü Complex IV (COXI-III) ve 2'si Complex V (ATPase 6 ve 8)- içermesinin yanında, 2 adet rRNA (12S rRNA ve 16S rRNA) ve 22 adet tRNA geni de içermektedir (Anderson vd. 1981). Aynı zamanda, replikasyon ve transkripsiyonun başlangıcından sorumlu Kontrol bölgesi (D-loop) da içermektedir (Moritz vd. 1987).

Hayvan mtDNA'sı maternal olarak yani anneden kalıtılmaktadır (Avisé 1991, Birky 1995), ancak biparental olarak kalıtılabildiğine dair çalışmalar da mevcuttur (Gyllenstein vd. 1991, Kondo vd. 1990).

Hayvan mtDNA'sı son yıllarda populasyon biyolojisi ve evrimsel biyoloji çalışmalarında genetik belirteç olarak önemli bir rol oynamaktadır. Yüksek mutasyon oranı, çalışılması kolay ve ekonomik bir bölge olması, kodlanmayan bölge (intron) içermemesi, rekombinasyon meydana gelmemesi ve basit yapıda olması sıklıkla tercih edilmesine yol açmaktadır. Hızlı bir divergens oranına sahip olması da (yılda $5,7 \times 10^{-8}$) özellikle yakın zamanda ayrılmış türlerin çalışılmasına olanak sağlamaktadır (Brown vd. 1982, Harrison 1989, Moritz vd. 1987).

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Bu çalışmada Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü Memeli Hayvanlar Araştırma Koleksiyonu'na (AUMAC) ait, Prof. Dr. Nuri Yiğit ve Prof. Dr. Ercüment Çolak tarafından toplanan örnekler kullanılmıştır. Söz konusu örneklerin, Yiğit vd. 2006'ya göre kafatası ve postları incelenerek tür teşhisleri yapılmış ve Guentheri grubuna ait örnekler analiz edilmek amacı ile ayrılmıştır.

Örneklerin post ve fotoğrafları morfolojik olarak incelenmiş ve fotoğraflanmıştır. Morfolojik inceleme ve fotoğraflama Canon EOS 70D (W) ve Leica DMS 1000 cihazlarında gerçekleştirilmiştir.

Çalışmada 15 lokaliteden *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerine ait toplam 57 adet örnek, 1 adet *Microtus levis* örneği ve GenBank'tan alınan DNA sekans dizileri kullanılmıştır. Kullanılan örnekler ve GenBank'tan alınan diziler çizelge 3.1-3.2'de verilmiştir. Şekil 3.1'de örneklerin toplandığı lokaliteler harita üzerinde gösterilmiştir.

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin kayıt numaraları ve ait oldukları lokasyonlar

Sıra	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
1	5549	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ
2	6480	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ
3	6481	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ
4	6483	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ
5	6478	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ
6	6488	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ
7	6919	Gelibolu-ÇANAKKALE
8	7083	Gelibolu-ÇANAKKALE

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin kayıt numaraları ve ait oldukları lokasyonlar (devam)

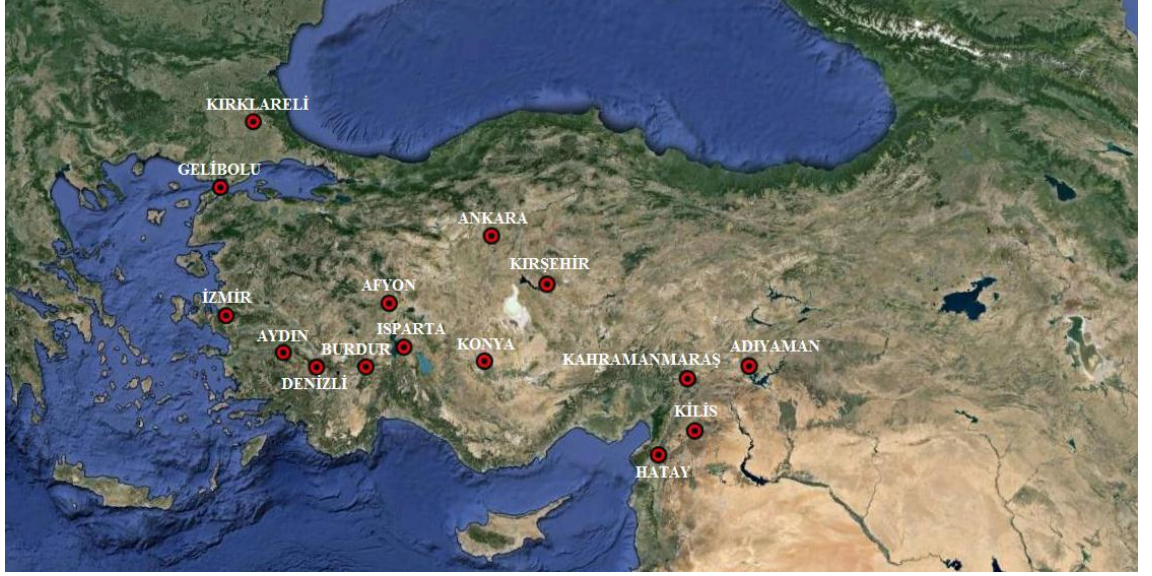
Sıra	Kayıt Numarası	Lokasyon
9	2538	Kemalpaşa-İZMİR
10	2545	Kemalpaşa-İZMİR
11	2550	Kemalpaşa-İZMİR
12	3122	Aydın yolu 55 km-Torbalı-İZMİR
13	3526	Torbalı-İZMİR
14	3528	Torbalı-İZMİR
15	3529	Torbalı-İZMİR
16	3129	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN
17	3130	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN
18	3131	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN
19	3132	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN
20	3141	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN
21	3415	Alamut-AYDIN
22	3416	Alamut-AYDIN
23	3207	Acıpayam-DENİZLİ
24	3230	Acıpayam-DENİZLİ
25	3515	Tavas-DENİZLİ
26	2547	BURDUR
27	2612	BURDUR
28	4800	Bağlılı'ya 3 km Gelendost-ISPARTA
29	4801	Bağlılı'ya 3 km Gelendost-ISPARTA
30	4811	Bağlılı'ya 3 km Gelendost-ISPARTA
31	3477	Gözü-Afyon
32	2543	Yeşilköy-Akşehir-KONYA
33	2562	Beyşehir-KONYA
34	2654	Beyşehir-KONYA

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin kayıt numaraları ve ait oldukları lokasyonlar (devam)

Sıra	Koleksiyon Numarası	Lokasyon
35	3014	Beyşehir-KONYA
36	4740	Beyşehir-KONYA
37	4748	Yeşildağ-Beyşehir-KONYA
38	2118	Polatlı-ANKARA
39	3253	Kurtboğazi-ANKARA
40	3309	Kurtboğazi-ANKARA
41	3907	Kurtboğazi-ANKARA
42	4165	Malya-KIRŞEHİR
43	4808	KIRŞEHİR
44	2114	Reyhanlı-HATAY
45	6573	Asi Nehri Kenarı-Suvatlı Köyü-HATAY
46	3620	Türkoğlu-KAHRAMANMARAŞ
47	3623	Türkoğlu-KAHRAMANMARAŞ
48	3628	Göksun-KAHRAMANMARAŞ
49	3629	Göksun-KAHRAMANMARAŞ
50	4807	Türkoğlu-KAHRAMANMARAŞ
51	6727	Göksun-KAHRAMANMARAŞ
52	2765	KİLİS
53	2941	KİLİS
54	5228	Elbeyli-KİLİS
55	6718	Nemrut-ADIYAMAN
56	6720	Nemrut-ADIYAMAN
57	6721	Nemrut-ADIYAMAN
58	6596	<i>Microtus levis</i> (Dış grup)-EDİRNE

Çizelge 3.2 Çalışmada kullanılan GenBank Örnekleri

Sıra	Accession Number	Tür	Lokasyon	Gen Bölgesi
1	AY513804.1	<i>M. guentheri</i>	Gravia-YUNANİSTAN	Sitokrom- <i>b</i>
2	AY513805.1	<i>M. guentheri</i>	Aqravat-SURİYE	Sitokrom- <i>b</i>
3	AY513806.1	<i>M. guentheri</i>	İSRAİL	Sitokrom- <i>b</i>
4	AY513807.1	<i>M. guentheri</i>	İSRAİL	Sitokrom- <i>b</i>
5	FJ641124.1	<i>M. guentheri</i>	YUNANİSTAN	Sitokrom- <i>b</i>
6	FJ767745.1	<i>M. guentheri</i>	KIRŞEHİR	Sitokrom- <i>b</i>
7	FJ767751.1	<i>M. guentheri</i>	Korkuteli-ANTALYA	Sitokrom- <i>b</i>
8	FJ767752.1	<i>M. guentheri</i>	Korkuteli-ANTALYA	Sitokrom- <i>b</i>
9	AB033713.1	<i>Rattus norvegicus</i>		Sitokrom- <i>b</i>
10	DQ439844.1	<i>Rattus norvegicus</i>		Sitokrom- <i>b</i>
11	AB649460.1	<i>Mus musculus</i>		Sitokrom- <i>b</i>
12	AB649459.1	<i>Mus musculus</i>		Sitokrom- <i>b</i>
13	KC617857.1	<i>Rattus rattus</i>		COX1
14	KC617858.1	<i>Rattus rattus</i>		COX1
15	JQ043491.1	<i>Mus musculus</i>		COX1
16	JQ043490.1	<i>Mus musculus</i>		COX1
17	AB183258.1	<i>Rattus norvegicus</i>		12S rRNA
18	AJ005780.1	<i>Rattus rattus</i>		12S rRNA
19	X84382.1	<i>Mus musculus</i>		12S rRNA
20	AY057791.1	<i>Mus musculus</i>		12S rRNA
21	NC_008064.1	<i>Microtus levis</i>		cyt- <i>b</i> , COX1, 12S rRNA



Şekil 3.1 Çalışmada kullanılan örneklerin toplandığı lokasyonların harita üzerinde gösterimi

3.1 DNA İzolasyonu

15 lokasyona ait 58 adet örneğin karaciğer ve böbrek dokularından DNA elde edilmiştir. DNA izolasyonu “GeneAII® Exgene™ Tissue SV mini” marka DNA purifikasyon kitleri kullanılarak gerçekleştirilmiştir. İzolasyon işleminde aşağıdaki protokol uygulanmıştır:

- 1) 20 mg’lık doku örnekleri 1,5 ml’lik ependorf tüplere alınır ve üzerine 200 µl Buffer TL eklenerek mikrohomojenizatör ya da havaneli yardımı ile homojen bir çözelti elde edene kadar parçalanır.
- 2) 20 µl Proteinase K çözeltisi eklenir ve vortekslenerek ya da pipetlenerek karıştırılması sağlanır.
- 3) Örnek, 56°’lik su banyosunda tamamen çözünene kadar yaklaşık 3 saat bekletilir.
- 4) Eğer RNA’dan arınmış DNA elde etmek isteniyorsa, 4 µl RNase çözeltisi (100 mg/ml) eklenir ve vortekslenir. Sonrasında, 2 dakika oda sıcaklığında inkübe edilir.

- 5) 400 µl Buffer TB eklenir ve vortekslenir. Eğer Buffer TB dibe çökmüş ise, kullanmadan önce 37°'lik su banyosunda çözünmesi sağlanır.
- 6) Çözelti SV kolonuna aktarılır ve 6.000 xg üzeri devirde (>8.000 rpm) 1 dakika santrifüj edilir. Sıvının toplandığı tüp atılır ve yenisi yerleştirilir. (Eğer çözeltinin tamamı kolondan geçmezse, santrifüj işlemi yüksek hızda tekrarlanır.)
- 7) 600 µl Buffer BW eklenir ve 6.000 xg üzeri devirde (>8.000 rpm) 30 saniye santrifüj edilir. Sıvının toplandığı tüp atılır ve yenisi yerleştirilir.
- 8) 700 µl Buffer TW eklenir ve 6.000 xg üzeri devirde (>8.000 rpm) 30 saniye santrifüj edilir. Sıvının toplandığı tüp boşaltılır ve tekrar kullanılmak üzere SV kolonuna yerleştirilir.
- 9) Yıkama tamponundan kalan artıkları temizleme amacı ile yüksek hızda (>13.000 xg) 1 dakika santrifüj işlemi yapılır. SV kolonu 1.5 ml'lik steril ependorf tüpüne yerleştirilir.
- 10) 200 µl Buffer AE ya da sterilize su, kolonun tam merkezine disperse olacak şekilde eklenir. Oda sıcaklığında 2 dakika inkübe edilir. Yüksek hızda (>13.000 xg) 1 dakika santrifüj edilir. SV kolonu atılır.

3.2 DNA Miktarı ve Saflığının Belirlenmesi

İzole edilen DNA örneklerinin ölçümleri spektrofotometre (Agilent 2100 Bioanalyser NanoDrop ND-1000 Spectrophotometer) cihazı ile yapılmıştır. Örneklerin miktar ve saflık değerleri çizelge 3.3'de verilmiştir.

Çizelge 3.3 Çalışmada kullanılan DNA örneklerinin spektrofotometre ile ölçüm sonuçları

Koleksiyon Numarası	Lokalite	ng/µl *	260/280**
5549	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ	51,9	1,84
6480	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ	36,3	1,86
6481	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ	35,5	1,85
6483	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ	11,1	1,81
6478	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ	53,3	1,89
6488	Dupnisa Mağarası Önü-İğneada-KIRKLARELİ	19,7	1,80
6919	Gelibolu-ÇANAKKALE	44,5	1,81
7083	Gelibolu-ÇANAKKALE	46,1	1,80
2538	Kemalpaşa-İZMİR	46,1	1,84
2545	Kemalpaşa-İZMİR	11,7	1,88
2550	Kemalpaşa-İZMİR	21,6	1,85
3122	Aydın yolu 55 km-Torbalı-İZMİR	42	1,83
3526	Torbalı-İZMİR	18,2	1,92
3528	Torbalı-İZMİR	22,2	1,94
3529	Torbalı-İZMİR	6,9	1,91
3129	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN	36,7	1,80
3130	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN	3,7	1,88
3131	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN	12,5	1,86
3132	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN	50,8	1,87
3141	Alamut Köyü Nazilli 12 km-Güney Bozdoğan-AYDIN	22,6	1,85
3415	Alamut-AYDIN	27,6	1,90

Çizelge 3.3 Çalışmada kullanılan DNA örneklerinin spektrofotometre ile ölçüm sonuçları (devam)

Koleksiyon Numarası	Lokalite	ng/µl *	260/280**
2547	BURDUR	65,7	1,85
2612	BURDUR	14,5	1,88
4800	Bağlıllı'ya 3 km Gelendost-ISPARTA	29	1,86
4801	Bağlıllı'ya 3 km Gelendost-ISPARTA	27,4	1,85
4811	Bağlıllı'ya 3 km Gelendost-ISPARTA	19,2	1,84
3477	Gömü-Afyon	60,5	1,87
2543	Yeşilköy-Akşehir-KONYA	23	1,88
2562	Beyşehir-KONYA	39,6	1,88
2654	Beyşehir-KONYA	16,4	1,98
3014	Beyşehir-KONYA	48,5	1,83
4740	Beyşehir-KONYA	24,2	1,90
4748	Yeşildağ-Beyşehir-KONYA	6,1	1,91
2118	Polatlı-ANKARA	11,6	1,92
3253	Kurtboğazı-ANKARA	3,4	1,92
3309	Kurtboğazı-ANKARA	87,1	1,83
3907	Kurtboğazı-ANKARA	24,4	1,80
4165	Malya-KIRŞEHİR	34,9	1,84
4808	KIRŞEHİR	37,2	1,85
2114	Reyhanlı-HATAY	8,6	1,83
6573	Asi Nehri Kenarı-Suvatlı Köyü-HATAY	110,8	1,85
3620	Türkoğlu-KAHRAMANMARAŞ	53,9	1,80
3623	Türkoğlu-KAHRAMANMARAŞ	58,7	1,83
3628	Göksun-KAHRAMANMARAŞ	50,3	1,90
3629	Göksun-KAHRAMANMARAŞ	53,7	1,80
4807	Türkoğlu-KAHRAMANMARAŞ	53,8	1,82
6727	Göksun-KAHRAMANMARAŞ	5,3	1,80

Çizelge 3.3 Çalışmada kullanılan DNA örneklerinin spektrofotometre ile ölçüm sonuçları (devam)

Koleksiyon Numarası	Lokalite	ng/µl *	260/280**
2765	KİLİS	26,5	1,82
2941	Kilis	23	1,97
5228	Elbeyli-KİLİS	7,1	1,96
6718	Nemrut-ADİYAMAN	7,9	1,80
6720	Nemrut-ADİYAMAN	28,7	1,84
6721	Nemrut-ADİYAMAN	28,4	1,83
6596	<i>Microtus levis</i> (Dış grup)-EDİRNE	50,3	1,92

* : 1 µl'deki ng cinsinden DNA miktarı

** : Spektrofotometrede 260/280nm'de okutulan DNA'nın saflık derecesi

3.3 DNA'nın Çoğaltılması (Polimeraz Zincir Reaksiyonu-PZR)

PZR karışımı DNA oranı 4:1 olacak şekilde hazırlanmıştır. PZR karışımını oluşturan bileşenler ve miktarları çizelge 3.4 ve 3.5'de, Sitokrom-*b*, COX1 ve 12S rRNA bölgelerinin amplifikasyonu için kullanılan primer çiftleri çizelge 3.6'da ve polimerizasyon şartları (TECHNE TC-3000 Thermal Cycler) (sıcaklık-zaman) çizelge 3.7 ve 3.8'de verilmiştir.

Çizelge 3.4 Sitokrom-*b* ve COX1 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 3.5 12S rRNA bölgesinin amplifikasyonu için hazırlanan PZR bileşenleri ve bu bileşenlerin miktarları

Bileşen	Oran
dH ₂ O	27,75 µl
Tampon 750 mM Tris-HCl ph: 8,8 200 mM (NH ₄) ₂ SO ₄	5 µl
MgCl ₂ (2,0 mM)	5 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 DNA amplifikasyonunda kullanılan primerler ve baz dizileri

Sitokrom-<i>b</i> (Jaarola ve Searle 2002)	Sekans dizisi
Forward (L14727-SP)	5'-GACAGGAAAAATCATCGTTG-3'
Reverse (H15915-SP)	5'-TTCATTACTGGTTTACAAGAC-3'
COX1 (Robins vd. 2007)	Sekans dizisi
Forward (BatL5310)	5'-CCTACTCRGCCATTTTACCTATG-3'
Reverse (R6036R)	5'-ACTTCTGGGTGTCCAAAGAATCA-3'
12S rRNA (Adkins vd. 2001)	Sekans dizisi
Forward (L651)	5'-CATAGACACAGAGGTTTGGTCC-3'
Reverse (12GH)	5'-TTTCATCTTTTCCTTGCGGTAC-3'

Çizelge 3.7 Sitokrom-*b* ve COX1 bölgelerinin amplifikasyonunda uygulanan PZR koşulları

Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94°	2 dakika	1
Denatürasyon	94°	0,30 dakika	35
Bağlanma	49°	0,30 dakika	
Uzama	72°	1 dakika	
Son Uzama	72°	5 dakika	1

Çizelge 3.8 12S rRNA bölgesinin amplifikasyonunda uygulanan PZR koşulları

Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94°	2 dakika	1
Denatürasyon	94°	0,30 dakika	35
Bağlanma	60°	0,30 dakika	
Uzama	72°	1 dakika	
Son Uzama	72°	5 dakika	1

3.4 Agaroz Jel Elektroforezi

Elde edilen PZR ürünleri 5 µl yükleme tamponuyla (Xylene Cyanol FF ve Bromophenol Blue) karıştırılarak % 0,8'lik agaroz jelde yürütülmüştür. 10 µl etidyum bromid çözeltisi (0,5 mg/ml) ilave edilen jeller 1x TAE (Trisma Base, Glacial Asetic Asid, EDTA) tamponunda 70 Voltta 1 saat yürütüldükten sonra UV ışığı altında Syngene Bio Imaging Ingenius Jel Görüntüleme Sistemi ile görüntülenmiş ve fotoğrafları çekilmiştir.

Örneklerin dizi analizi Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Projeleri 15L0430002 numaralı projesi ile MEDSANTEK firmasına yaptırılmıştır.

3.5 Çoğaltılan DNA Dizilerinin Filogenetik Analizi

Sitokrom-*b*, COX 1 ve 12S rRNA gen bölgelerinin çoğaltılması ile elde edilen DNA dizileri ve GenBank'tan alınan diziler Chromas Lite 2.1.1(www.technelysium.com.au) programında görüntülenmiş ve fasta formatında kaydedilmiştir. Forward ve Reverse diziler Clustalx 2.0 (Larkin vd. 2007) ve BIOEDIT version 7.2.0 (Hall 1999) programları yardımı ile hizalanmıştır. Nükleotit çeşitliliği, polimorfizm ve haplotit çeşitliliği ile fiksasyon endeksi (*Fst*) ve gen akışı (*Nm*) değerleri DNASP version 5.10.01 (Rozas vd. 2010) programı ile hesaplanmıştır. Elde edilen haplotipler türler arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren dendrogramları oluşturmada kullanılmıştır. Gruplar arası uzaklık (*d*) değerleri ile Maximum Likelihood (ML), Maximum Parsimony (MP) ve Neighbour-Joining (NJ) dendrogramları 1000 tekrarlı bootstrap analizi ile MEGA 5.05 (Tamura et al. 2011) programı ile oluşturulmuştur. Bayesian Markov Chain Monte Carlo (Bayesian MCMC) Metodu kullanılarak elde edilen Bayesian Ağacı ise, 3 zincirli 10000000'ar tekrar ile Beast v1.75 Programı (Drummond ve Rambaut, 2007) ile oluşturulmuş ve FigTree v1.4 (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>) programında görüntülenmiştir. Bayesian MCMC analizlerinin doğruluğu Tracer v1.5 (<http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>) programı ile test edilmiş ve ESS (Etketif Örnek Büyüklüğü) değerlerinin 200 ve üstünde olması durumunda sonuçlar dikkate alınmıştır. ML, NJ ve Bayesian dendrogramlarını elde etmek için kullanılan substitution modeli MEGA 5.05 (Tamura et al. 2011)

programı'nda belirlenmiştir. MP ağacı ise, “Close-Neighbour-Interchange on random trees” metoduna göre elde edilmiştir. Türlerin evrimsel ayrılma zamanları, memelilerde mtDNA'nın nükleotid değişim oranının 1 milyon yılda % 2 olduğu göz önüne alınarak (Avice 1998) ve *Mus-Rattus* ayrımını (11,7 milyon yıl önce) (Barome vd. 2001, Kennis vd. 2011) kalibrasyon noktası kabul ederek Beast v1.75 Programı (Drummond ve Rambaut, 2007) ile hesaplanmıştır.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1 Morfolojik Değerlendirme

Bu tez çalışmasında, $2n= 54$ kromozom sayısına sahip Guentheri grubu tarla fareleri çalışılmıştır. Bu grupta taksonomik olarak tartışmalı 3 populasyon bulunmaktadır. Çalışılan popülasyonların habitatı ve arazideki yuva giriş delikleri Şekil 4.1 – 4.4’de gösterilmiştir.

Cins: *Microtus*

1.Tür: *Microtus guentheri* (Danford ve Alston, 1880)

Tip Yeri: Türkoğlu, Kahramanmaraş, Türkiye

Yayılışı: Türkiye’de sadece Güneydoğu Anadolu’da yayılış gösterir.

Habitatı: Çayırliklar, sulak ovalar ve nehir kıyılarında sıklıkla bulunur.

2.Tür: *Microtus hartingi* (Barret-Hamilton, 1903)

Tip Yeri: Larissa, Yunanistan

Yayılışı: Türkiye’de Trakya Bölgesi’nde bulunur.

Habitatı: Orman içi açıklıklarda, çayırliklarda sık görülmektedir.

3.Tür: *Microtus lydius* (Blackler, 1916)

Tip Yeri: İzmir, Türkiye

Yayılışı: Batı Anadolu’da yayılış göstermektedir.

Habitatı: Çayırliklar, stepler ve tahıl tarlalarında bulunur.



Şekil 4.1 *Microtus* cinsinin yayılış gösterdiği step habitatı



Şekil 4.2 *Microtus* cinsinin doğal habitatı olan çayırılık alan



Şekil 4.3 *Microtus* cinsine ait yuvaların tipik yuva giriş delikleri



Şekil 4.4 *Microtus* cinsine ait aktif bir yuva; giriş deliği ve yürüme yolu

4.1.1 Güneydoğu Anadolu örneklerinin “*M. guentheri*” dış morfolojik özellikleri

Dorsal kürk rengi koyu kahverengi, ventral kürk rengi ise beyazımsı gridir. Dorsal kürkün kıl dipleri siyah renkte olup, uca doğru açık kahverengiye dönüşmektedir. Ventral kürkün kıl dipleri ise siyah renktedir ve kıl uçları beyazımsı renk almaktadır. Dorsal ve ventral arasında belirgin bir geçiş bölgesi bulunmamaktadır. İki renkli kuyruk dorsalde koyu kahverengi, ventralde grimsi beyaz kıllarla kaplıdır. Ön ve arka ayakların üst kısımları kısa sarımsı kıllarla kaplı, tabanları ise çıplaktır. Kulaklar içte ve dışta açık kahverengimsi kıllarla kaplıdır. Güneydoğu Anadolu örneklerinin dorsal ve ventral görünümü Şekil 4.5 ve 4.6’da verilmiştir.

4.1.2 Güneydoğu Anadolu örneklerinin “*M. guentheri*” kafatası özellikleri

Kafatası üstten bakıldığında çok ince uzun olmayıp, geniş ve kısmen kaba yapılıdır. Beyin kapsülü parietal ve interparietal kemiklerde göreceli olarak düzdür ve posterior olarak aşağıya doğru eğimlidir. Nasal kemik öne doğru eğimlidir ve insisör dişlerden daha ileri uzanmaz. Zigomatik yay lateral olarak, zigomatik yayın squamosal bölgesi de dışarıya doğru genişlemiştir. Dorsalden bakıldığında occipital kondiller ve timpanik bullanın mastoidal kısımları görülür. Suprameatal üçgen oldukça gelişmiştir. İnterorbital alan uzun ve geniştir. Timpanik bullalar ve pterygoid çıkıntıların uç kısımları temas halindedir. İnsisiv foramenler M1’lerin hizasına gelmez. Örneklerin mandibulleri incelendiğinde, angular, condyloid ve coronoid yapıları oldukça iyi gelişmiştir ve aralarındaki açılar oldukça belirgindir. Angular ve coronoid arasındaki mesafe oldukça fazladır, coronoid yapı oldukça dik konumdadır. Güneydoğu Anadolu örneklerinin kafatası ve mandibul görüntüleri şekil 4.7-4.10’da verilmiştir.

4.1.3 Trakya örneklerinin “*M. hartingi*” dış morfolojik özellikleri

Trakya örneklerinin dorsal kürk genel olarak Batı Anadolu örneklerine benzemektedir. Dorsal kürk rengi koyu sarımsı kahverengi olup, yanlara doğru dorsal kürk hafifçe daha koyu sarımsı olmaktadır. Dorsal kürkün kıllarının uç kısmı sarımsı, dip kısmı ise koyu

gri renktedir. Ventral kürk rengi ise grimsi sarıdır, kılların uç kısmı açık sarı renkte dip kısmı ise siyah renktedir. Renk yanlara doğru daha açık bir sarıya dönmesine karşın, dorsal ve ventral arasında belirgin bir geçiş hattı yoktur, renk değişimi geçişimlidir. Kuyruk iki renkli olup, sarımsı kıllarla kaplıdır ve dorsalde, dorsal kürk rengine yakın bir renge sahip iken, ventralde açık sarımsı renktedir. Ön ve arka ayak tabanı çıplakken, üst kısımları açık sarı kıllarla kaplıdır. Kulaklar içte ve dışta kısa açık kahverengimsi kıllarla kaplıdır. Trakya örneklerinin dorsal ve ventral görünüşleri şekil 4.5- 4.6'da verilmiştir.

4.1.4 Trakya örneklerinin “*M. hartingi*” kafatası özellikleri

Güneydoğu Anadolu örneklerinde olduğu gibi, üstten bakıldığında genişlemiş ve kısmen kaba yapılı bir kafatası göze çarpmaktadır. Beyin kapsülü parietal ve interparietal bölgelerde kubbelidir ve posteriorde aşağıya doğru eğim yapar. Nasal kemik insisör dişlerden ileriye uzanmaz ve aşağıya doğru eğimlidir. Lateral olarak genişlemiş zigotmatik yayın squamosal bölgesinde dışarıya doğru genişleme görülmektedir. Oksipital kondiller ve timpanik bullanın mastoidal kısımları dorsalden bakıldığında görülür. Kafatası geniş bir interorbital alan ve gelişmiş suprimeatal üçgene sahiptir. Pterygoid çıkıntıların uçları timpanik bullalara uzanır. İnsisiv foramenler M¹ hizasına kadar uzanmaz. Mandibul yapısal olarak Batı Anadolu ve Güneydoğu Anadolu örnekleri ile benzerlik göstermektedir. Trakya örneklerinin kafatası ve mandibul görüntüleri şekil 4.7 - 4.10'da verilmiştir.

4.1.5 Batı Anadolu örneklerinin “*M. lydius*” dış morfolojik özellikleri

Batı Anadolu örnekleri Trakya örnekleri ile dış morfolojik özellikler açısından oldukça benzerdir. Kürk rengi dorsalde sarımsı kahverengi, ventralde ise grimsi beyazdır. Dorsal kürk kılları tabanda siyah iken, uçta sarı renktedir. Dorsal kürk kıllarının uç kısmı sarımsı renkte iken, dip kısmı ise koyu gri renktedir. Ventral kürk rengi ise grimsi sarıdır, kılların uç kısmı açık sarı renkte dip kısmı ise siyah renktedir. Dorsal ve ventral arasında belirgin bir geçiş bölgesi bulunmamaktadır. Sarımsı kıllarla kaplı kuyruk, dorsalde ve ventralde açık sarımsı kahverengi renktedir. Ön ve arka ayaklar üstte

sarımsı kıllarla kaplı iken, tabanları çıplaktır. Kulakların içi ve dışı kısa sarımsı kahverengi kıllarla kaplıdır. Batı Anadolu örneklerinin dorsal ve ventral görünüşleri şekil 4.5 ve 4.6’da verilmiştir.

4.1.6 Batı Anadolu örneklerinin “*M. lydius*” kafatası özellikleri

Kafatası yapısı Trakya örnekleri ile oldukça benzerdir. Beyin kapsülü parietal ve interparietal kemiklerde eğimli olduğundan, kafatası dorsalden bakıldığında bombeli gözüktür ve posteriorde eğim daha belirgindir. Nasal kemik diğer türlerde olduğu gibi insisör dişlerin ilerisine uzanmaz. Zigomatik yay lateral olarak, zigomatik yayın squamosal bölgesi de dışarıya doğru genişlemiştir. Trakya örneklerinden farklı olarak, dorsalden bakıldığında occipital kondiller görülmemek ile birlikte timpanik bullanın belirgin mastoid kısımları görülür. İnterorbital bölge uzun ve geniştir. Suprameatal üçgen oldukça belirgindir. Pterygoid çıkıntıların uçları timpanik bullalara kadar uzanır. İnsisiv foramenler M¹’ler ile aynı hizada değildir. Mandibul yapısı Trakya ve Güneydoğu örnekleri ile benzerlik göstermektedir. Batı Anadolu örneklerinin kafatası ve mandibul görüntüleri şekil 4.7 - 4.10’da verilmiştir.



Şekil 4.5 Çalışılan örneklerin postlarının dorsal görünümü (Yukarıdan aşağıya: 4816-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6480-Kırklareli)



Şekil 4.6 Çalışılan örneklerin postlarının ventral görünümü (Yukarıdan aşağıya: 4816-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6480-Kırklareli)



Şekil 4.7 Çalışılan örneklerin kafataslarının dorsal görünümü (Soldan sağa: 4807-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6488-Kırklareli)



Şekil 4.8 Çalışılan örneklerin kafataslarının ventral görünümü (Soldan sağa: 6488-Kırklareli, 3526-İzmir, 4807-Kahramanmaraş)



Şekil 4.9 Çalışılan örneklerin kafataslarının lateral görünümü (Soldan sağa: 4807-Kahramanmaraş, 3526-İzmir, 6488-Kırklareli)



Şekil 4.10 Çalışılan örneklerin mandibul (çene) kemiklerinin labialden görünümü (Soldan sağa: 6488-Kırklareli, 3526-İzmir, 4807-Kahramanmaraş)

4.2 MtDNA Sitokrom Oksidaz 1 Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları

BatL5310 ve R6036R primer çiftleri kullanılarak Sitokrom Oksidaz 1 (COX1) gen bölgesinin yaklaşık 730 baz çiftlik bölgesi çoğaltılmış ve PZR sonrasında elde edilen ürünler agaroz jelde görüntülenmiştir (Şekil 4.11).

PZR aşaması ile elde edilen ve GenBank'tan alınan DNA dizilerinin hizalama ve budama işlemleri sonrasında toplam 62 örneğe ait 647 baz çiftlik bölge analiz edilmiştir.

Microtus guentheri'ye ait diziler, % 27,33 oranında Adenin, % 29,17 oranında Timin, % 17,92 oranında Sitozin ve % 25,57 oranında Guanin içermekte olup, Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 2,992'dir. Dizilerin nükleotit yer değişim oranları Çizelge 4.1'de gösterilmiştir.

Microtus hartingi'ye ait diziler % 28,02 oranında Adenin, % 29,01 oranında Timin, % 16,90 oranında Sitozin ve % 26,07 oranında Guanin içermekte olup, Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 1,002'dir. Dizilerin nükleotit yer değişim oranları Çizelge 4.2'de gösterilmiştir.

Microtus lydius'a ait dizilerin nükleotit yer değişim oranları ise 4.3'de gösterilmiştir. Diziler % 27,64 oranında Adenin, % 28,64 oranında Timin, % 17,22 oranında Sitozin ve % 26,50 oranında Guanin içermektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 16,84 olarak hesaplanmıştır.

M. guentheri, *M. lydius* ve *M. hartingi* birlikte ele alındığında ise, dizilerin % 27,70 oranında Adenin, % 28,93 oranında Timin, % 17,36 oranında Sitozin ve % 26,01 oranında Guanin içerdiği bulunmuştur. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 7,144'dür. Dizilerin nükleotit yer değişim oranları çizelge 4.4'de gösterilmiştir.

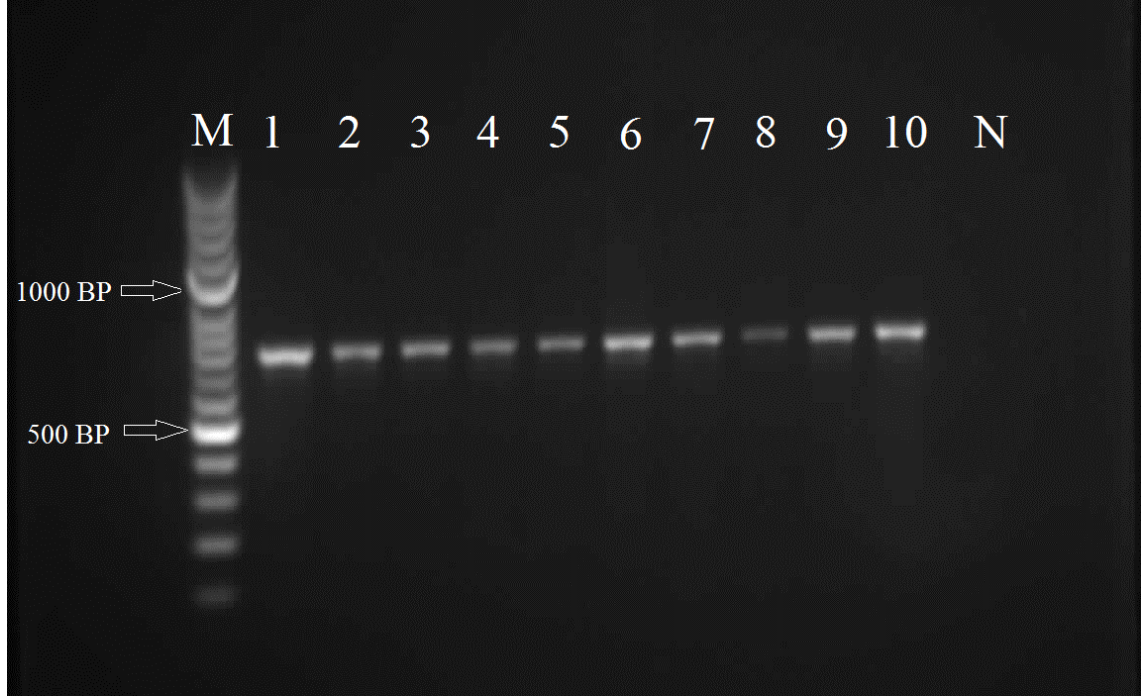
Analizler sonucu elde edilen, toplam haplotip sayısı 29 olup, bu haplotipler çizelge 4.5 ve 4.6'da verilmiştir. Çalışılan Guentheri grubuna ait toplam 26 adet haplotipin 12

tanesi *Microtus lydius*, 2 tanesi *Microtus hartingi* ve 12 tanesi *Microtus guentheri*'ye ait iken geri kalan haplotipler dış grup olarak kullanılan *Mus musculus* (1 adet), *Rattus rattus* (1 adet) ve *Microtus levis* (1 adet) türlerine aittir. Türler arasında paylaşılan haplotip bulunmamaktadır. Toplam haplotip çeşitliliği dış gruplar ele alınmaksızın $H_d = 0,934$ olarak bulunmuştur. Söz konusu türlere bakıldığında en yüksek haplotip çeşitliliği *M. guentheri*'de ($H_d = 0,978$) olup, en düşük haplotip çeşitliliği ise *M. hartingi*'dedir ($H_d = 0,464$). Toplam nükleotit çeşitliliği $P_i = 0,036$ olarak bulunmuştur. En yüksek ve en düşük nükleotit çeşitliliği sırasıyla *M. guentheri* ($P_i = 0,054$) ve *M. hartingi*'dedir ($P_i = 0,0008$). Türlerin haplotip ve nükleotit çeşitliliklerinin yanı sıra, mutasyon miktarları, parsimony informative ve singleton variable bölgelerinin miktarları çizelge 4.7'de verilmiştir. Buradan görüldüğü gibi, en fazla polimorfik bölge *M. guentheri*'dedir ve 103 polimorfik bölgenin 69'u parsimony informative, 34'ü ise singleton variable bölgedir. *M. hartingi* ise 2 adet polimorfik bölgeye sahip olup, 2 bölge de singleton variable bölgedir.

Türlerin gruplar arası uzaklık değerleri (distance- d) Kimura-2 Parametresi'ne göre Mega 5.05 (Tamura vd. 2011) programı ile hesaplanmıştır. Uzaklık matrisi çizelge 4.8'de verilmiştir. Bu matrise göre, en yüksek ortalama genetik uzaklık *M. guentheri*-*M. lydius* arasında çıkarken ($d = 0,074 \pm 0,009$), en yüksek net genetik uzaklık *M. guentheri*-*M. hartingi* arasında çıkmıştır ($d = 0,042 \pm 0,007$). En düşük ortalama ve net genetik uzaklık *M. lydius*- *M. hartingi* arasında olup, bu değerler sırası ile $d = 0,013 \pm 0,003$ ve $d = 0,005 \pm 0,002$ 'dir.

Fiksasyon indeksi tür içinde genetik çeşitliliği ve gen göçünü gösteren bir parametredir. Çalışılan populasyonlardaki taksonomik problem ve daha evvel bu türlerin aynı tür olarak ele alınmalarından dolayı DNASP version 5.10.01 (Rozas vd. 2010) programı ile hesaplanan genetik farklılaşma (F_{st}) değerleri çizelge 4.9'da verilmiştir. En yüksek genetik farklılık gösteren türler *M. guentheri*-*M. hartingi* ($F_{st} = 0,58810$) iken, en düşük genetik farklılık gösteren türler ise *M. lydius*-*M. hartingi*'dir ($F_{st} = 0,38721$). N_m (populasyonlar arası gen akışı) değerleri ise F_{st} değerleri kullanılarak; $N_m = 0.25 (1 - F_{st}) / F_{st}$ formülü ile hesaplanmıştır. Çizelge 4.10'da verilen N_m değerlerine

bakıldığında, en yüksek Nm değeri *M. lydius*-*M. hartingi* arasında (Nm= 0,39), en düşük Nm değeri ise *M. guentheri*-*M. hartingi* (Nm= 0,17) arasındadır.



Şekil 4.11 COX1 bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü (M:Marker, 1:6480 (Kırklareli), 2:6483 (Kırklareli), 3:6488 (Kırklareli), 4:3415 (Aydın), 5:3416 (Aydın), 6:2562 (Konya), 7:2654 (Konya), 8:3528 (İzmir), 9:2765 (Kilis), 10:3628 (Kahramanmaraş), N:Negatif Kontrol)

Çizelge 4.1 *Microtus guentheri* 'nin COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	3,63	3,18	14,31
T	3,4	-	18,21	2,23
C	3,4	20,77	-	2,23
G	21,82	3,63	3,18	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.2 *Microtus hartingi* 'nin COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	6,67	5,99	20,33
T	6,44	-	0	3,88
C	6,44	0	-	3,88
G	33,72	6,67	5,99	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.3 *Microtus lydius*'un COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	0,79	0,73	19,08
T	0,76	-	21,53	0,47
C	0,76	23,26	-	0,47
G	30,63	0,79	0,73	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.4 Çalışılan türlerin COX1 gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	1,75	1,58	16,91
T	1,68	-	20,83	1,05
C	1,68	23,17	-	1,05
G	26,98	1,75	1,58	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.5 Çalışılan türlerin COX1 dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Microtus lydius</i>	Hap 10 (2)	Denizli (3230), Konya (2543)
	Hap 11 (1)	Ankara (2118)
	Hap 14 (2)	Burdur (2547, 2612)
	Hap 15 (8)	Konya (2562, 2654, 3014, 4740), Ankara (3253, 3309, 3907), Isparta (4800)
	Hap 16 (1)	Afyon (3477)
	Hap 17 (2)	Kırşehir (4808), Isparta (4811)
	Hap 18 (1)	Konya (4748)
	Hap 19 (1)	Isparta (4801)
	Hap 20 (6)	Aydın (3416), İzmir (2538, 2545, 2550, 3526, 3528)
	Hap 21 (8)	İzmir (3122, 3529), Denizli (3207, 3515), Aydın (3129, 3131, 3132, 3141, 3415)
	Hap 22 (1)	Aydın (3130)
	Hap 24 (1)	Kırşehir (4165)
<i>Microtus hartingi</i>	Hap 12 (7)	Kırklareli (5549, 6478, 6480, 6481, 6483, 6488), Gelibolu (6919)
	Hap 13 (1)	Gelibolu (7083)
<i>Microtus guentheri</i>	Hap 2 (1)	Hatay (6573)
	Hap 3 (1)	Kahramanmaraş (4807)
	Hap 4 (1)	Hatay (2114)
	Hap 5 (2)	Adıyaman (6720, 6721)
	Hap 6 (1)	Adıyaman (6718)

Çizelge 4.5 Çalışılan türlerin COX1 dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde) (devam)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Microtus guentheri</i>	Hap 7 (1)	Kahramanmaraş (6727)
	Hap 8 (2)	Kahramanmaraş (3628, 3629)
	Hap 9 (1)	Kilis (2765)
	Hap 23 (1)	Kilis (5228)
	Hap 25 (1)	Kahramanmaraş (3623)
	Hap 26 (1)	Kahramanmaraş (3620)
	Hap 27 (1)	Kilis (2941)

Çizelge 4.6 Dış grup olarak kullanılan *Microtus levis*, *Mus musculus* ve *Rattus rattus* türlerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Mus musculus</i> (Dış grup)	Hap 1 (2)	JQ043490.1 (GenBank) JQ043491.1 (GenBank)
<i>Rattus rattus</i> (Dış grup)	Hap 29 (2)	KC617857.1 (GenBank) KC617858.1 (GenBank)
<i>Microtus levis</i> (Dış grup)	Hap 28 (1)	Edirne (6596)

Çizelge 4.7 *Microtus lydius* (1), *M. hartingi* (2) ve *M. guentheri* (3) türlerinin COX1 dizilerine ait genetik çeşitlilik değerleri

Türler	Örnek Sayısı	Haplotip Sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Toplam Polimorfik Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı	Parsimony Informative Bölge Sayısı	Singleton Variable Bölge Sayısı
1	35	12	0,862	0,015	58	59	45	13
2	8	2	0,464	0,0008	2	2	0	2
3	14	12	0,943	0,054	103	112	69	34
Toplam	57	26	0,934	0,036	126	136	98	28

Çizelge 4.8 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin COX1 dizilerine ait genetik uzaklık (*d*) değerleri ve standart sapmaları

	<i>M. guentheri</i>	<i>M. lydius</i>	<i>M. hartingi</i>
<i>M. guentheri</i>	-	0,037±0,006	0,042±0,007
<i>M. lydius</i>	0,074±0,009	-	0,005±0,002
<i>M. hartingi</i>	0,071±0,010	0,013±0,003	-

Diyagonalin altındaki değerler ortalama, üstündeki değerler ise uzaklık değerlerini göstermektedir.

Çizelge 4.9 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin COX1 dizilerine ait Fst değerleri

	Fst (Fiksasyon İndeksi)
<i>M. guentheri</i> - <i>M.lydius</i>	0,49311
<i>M. guentheri</i> - <i>M.hartingi</i>	0,58810
<i>M.lydius</i> - <i>M. hartingi</i>	0,38721

Çizelge 4.10 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin COX1 dizilerine ait Nm değerleri

	Nm (Gen Akışı)
<i>M. guentheri</i> - <i>M.lydius</i>	0,26
<i>M. guentheri</i> - <i>M.hartingi</i>	0,17
<i>M.lydius</i> - <i>M. hartingi</i>	0,39

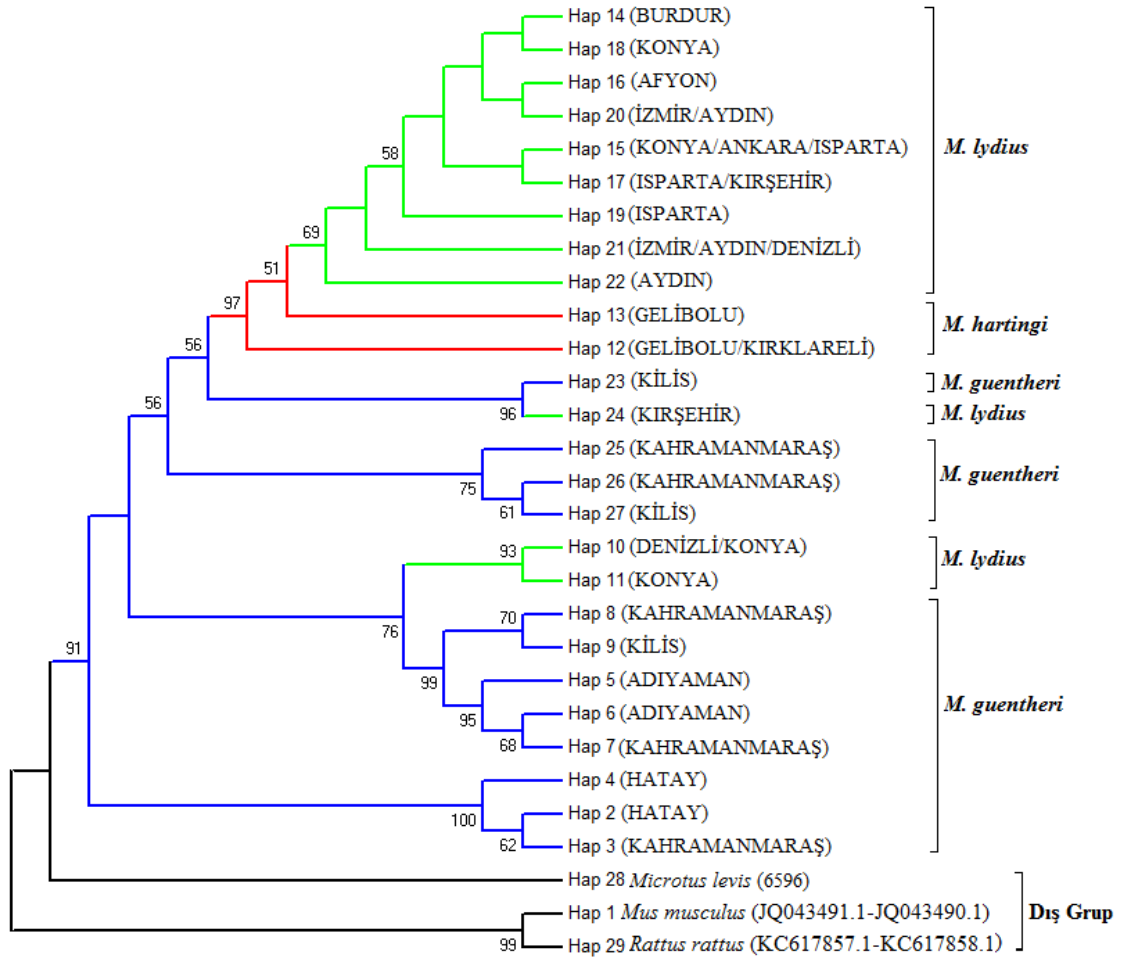
Microtus lydius, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek amacı ile, elde edilen haplotipler kullanılarak Maksimum Likelihood (ML), Maksimum Parsimony (MP), Neighbour-Joining (NP) ve Bayesian dendrogramları elde edilmiştir. ML ve Bayesian dendrogramları için MEGA 5.05 (Tamura vd. 2011) programında belirlenen Tamura-Nei Parametresi (TN93), NJ ağacı için Kimura-2 Parametresi baz alınırken, MP ağacında “Close-Neighbour-Interchange on random trees” metodu kullanılmıştır. Bu dendrogramlar söz konusu türleri birbirlerinden ayrılmakla birlikte, ML, MP ve NJ ağaçlarında *M. lydius* haplotiplerinden bazıları türler arasındaki yakın filogenetik ilişkileri destekleyecek şekilde, *M. guentheri* kladı içerisine yerleşmiştir.

ML ağacına bakıldığında, *M. hartingi* haplotipleri *M. lydius*’tan sırasıyla % 69 (Hap 13- Gelibolu) ve % 51 (Hap 12- Gelibolu ve Kırklareli) güvenilirlik ile ayrılmıştır. *M. hartingi* ve *M. lydius* *M. guentheri*’den % 97 güvenilirlik ile ayrılmıştır. *M. guentheri* kladı içerisinde bulunan Hap 24 (Kırşehir) % 96 güvenilirlik ile, Hap 10 (Denizli ve Konya) ve Hap 11 (Ankara) % 76 güvenilirlik ile, *M. guentheri* haplotiplerine bağlanmışlardır (Şekil 4.12).

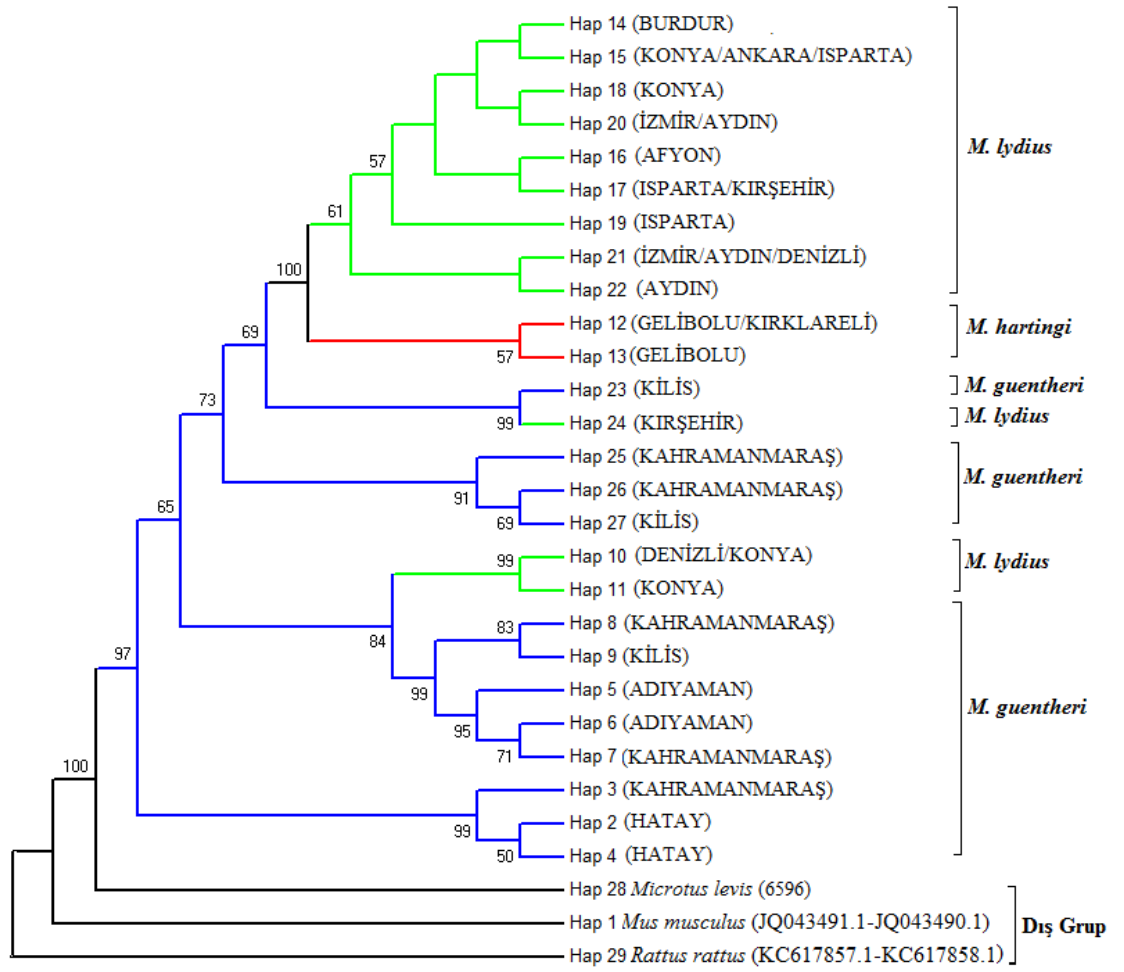
MP ağacı ML ağacı ile benzer topolojiyi vermiştir. Buna göre, *M. hartingi* *M. lydius*’tan % 61 güvenilirlik ile ayrılırken, bu 2 tür *M. guentheri*’den % 100 güvenilirlik ile ayrılmıştır. ML ağacında olduğu gibi, MP ağacında da Hap 24 (Kırşehir) % 99, Hap 10 (Denizli ve Konya) ve Hap 11 (Ankara) ise % 84 güvenilirlik ile *M. guentheri* kladına yerleşmişlerdir (Şekil 4.13).

NJ ağacına göre ise, *M. hartingi* haplotipleri Hap 13 (Gelibolu) % 80, Hap 12 (Gelibolu ve Kırklareli) % 66 güvenilirlik ile, *M. lydius* kladından ayrılmıştır. *M. hartingi* ve *M. lydius* *M. guentheri*’den % 94 güvenilirlik ile ayrılmıştır. ML ve NP ağaçlarına benzer şekilde *M. guentheri* kladı ile yakın ilişki gösteren Hap 24 (Kırşehir), Hap 10 (Denizli ve Konya) ve Hap 11 (Ankara) haplotipleri, sırası ile % 99 ve % 62 güvenilirlik ile *M. guentheri* kladına yerleşmişlerdir (Şekil 4.14).

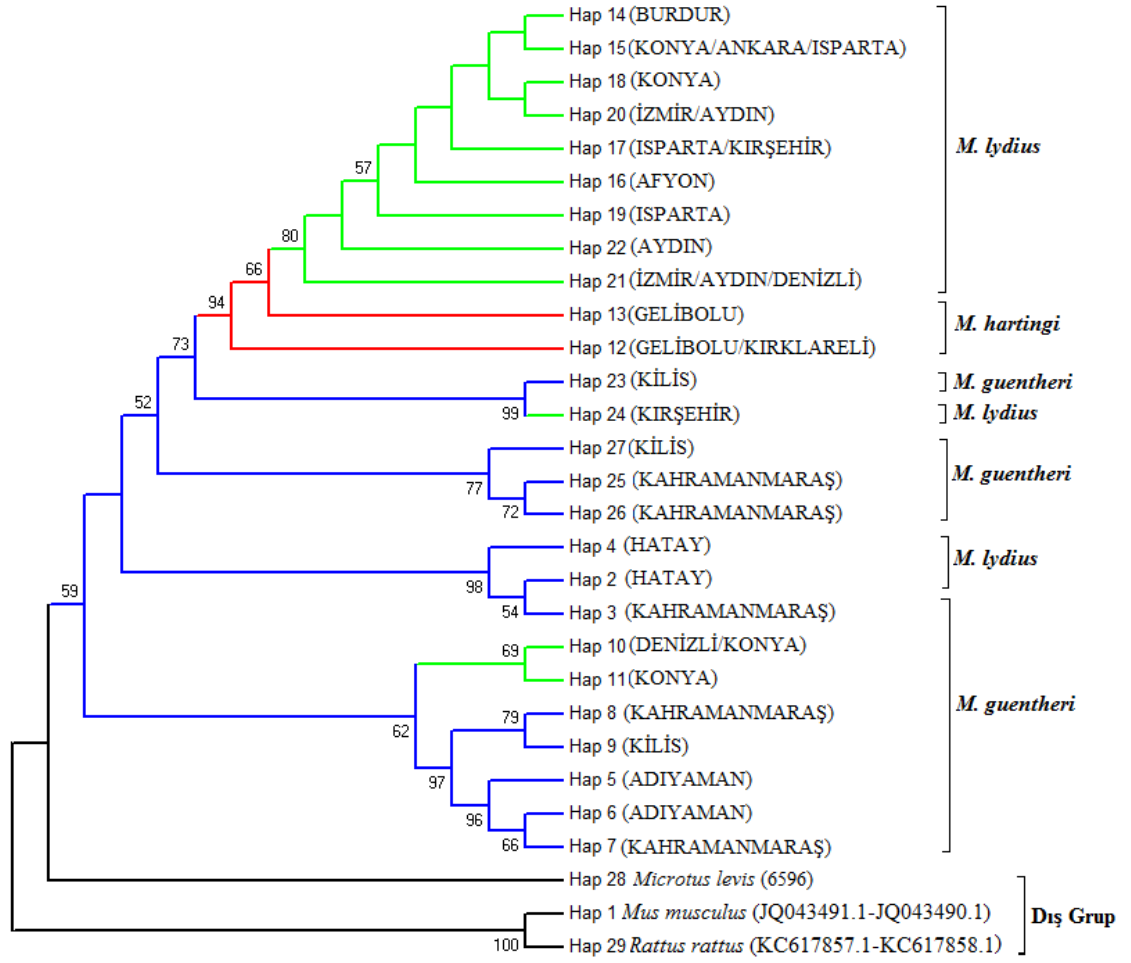
Markov Chain Monte Carlo (MCMC) algoritmasına göre oluşturulan Bayesian Ağacı'nda ise, *M. hartingi* haplotipleri % 100 güvenilirlik ile *M. lydius* kladından ayrılmıştır. *M. guentheri* ise *M. lydius* ve *M. hartingi*'den % 98 güvenilirlik ile ayrılarak farklı bir klad oluşturmuştur. ML, MP ve NJ dendrogramlarının aksine, hiçbir *M. lydius* haplotipi *M. guentheri* kladı içerisine yerleşmemiş ve söz konusu türler 3 farklı klad oluşturacak şekilde ayrılmıştır (Şekil 4.15).



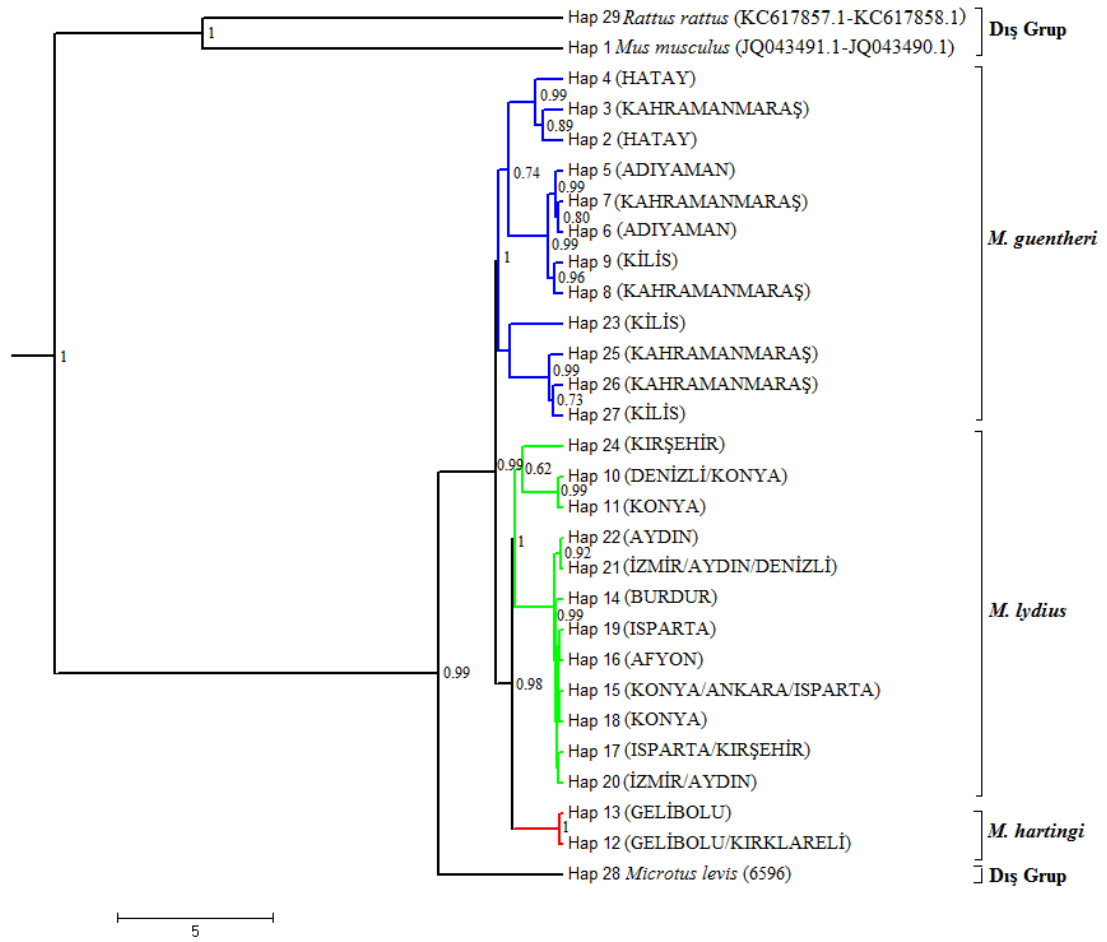
Şekil 4.12 Tamura-Nei Parametresi baz alınarak oluşturulan COX1 bölgesine ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir)



Şekil 4.13 COX1 bölgesine ait Maksimum Parsimony (MP) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir)



Şekil 4.14 Tamura-Nei Parametresi baz alınarak oluşturulan COX1 bölgesine ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir)



Şekil 4.15 TN93 Parametresi baz alınarak oluşturulan COX1 bölgesine ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir)

4.3 MtDNA Sitokrom-*b* Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları

L14727-SP ve H15915-SP primer çiftleri kullanılarak Sitokrom-*b* gen bölgesinin yaklaşık 1100 baz çiftlik bölgesi çoğaltılmış ve PZR sonrasında elde edilen ürünler agaroz jelde görüntülenmiştir (Şekil 4.16).

PZR ile elde edilen ve GenBank'tan alınan DNA dizilerinin hizalama ve budama işlemleri sonrasında toplam 65 örneğe ait 728 baz çiftlik bölge analiz edilmiştir.

Microtus guentheri'ye ait diziler % 29,64 oranında Adenin, % 27,41 oranında Timin, % 14,61 oranında Sitozin ve % 28,35 oranında Guanin içermektedir. Toplam

transisyon/transversiyon oranı (R) 9,835 olarak bulunmuştur. Dizilerin nükleotit yer değişim oranları çizelge 4.11’de gösterilmiştir.

Microtus hartingi’ye ait dizilerin nükleotit yer değişim oranları çizelge 4.12’de gösterilmiştir. Diziler % 30,72 oranında Adenin, % 28,11 oranında Timin, % 13,77 oranında Sitozin ve % 27,40 oranında Guanin içermektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 0,394 olarak hesaplanmıştır.

Microtus lydius’a ait diziler % 30,48 oranında Adenin, % 28,16 oranında Timin, % 14,19 oranında Sitozin ve % 27,16 oranında Guanin içermekte olup, Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 2,019’dur. Dizilerin nükleotit yer değişim oranları çizelge 4.13’de gösterilmiştir.

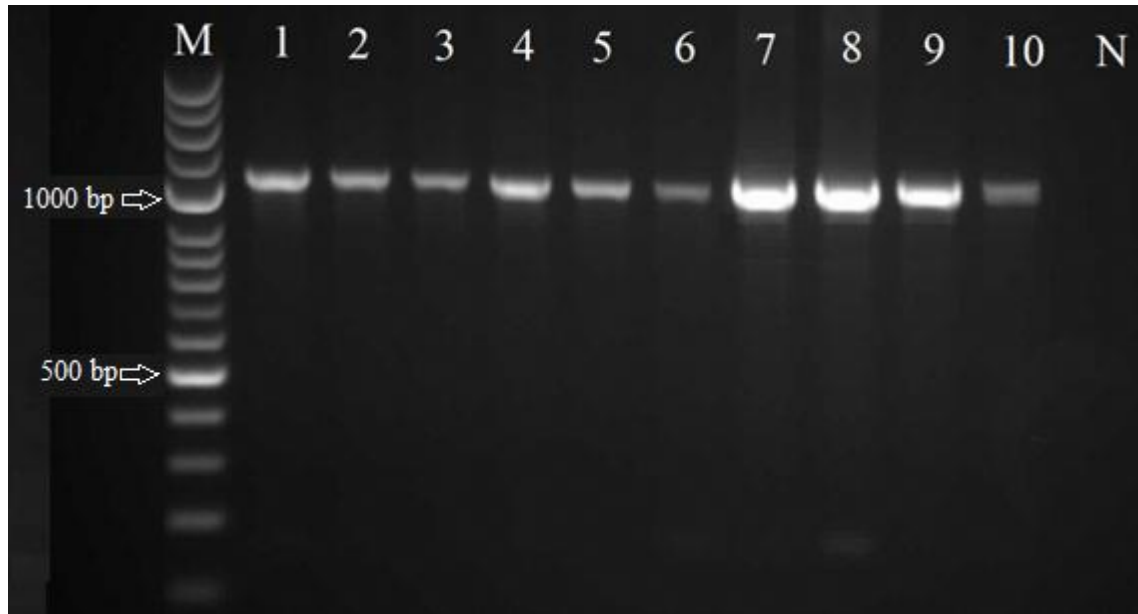
Söz konusu türler birlikte analiz edildiğinde ise Cyt-*b* dizilerinin % 30,44 oranında Adenin, % 27,63 oranında Timin, % 14,16 oranında Sitozin ve % 27,78 oranında Guanin içerdiği görülmektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 2,59 olarak bulunmuştur. Dizilerin nükleotit yer değişim oranları çizelge 4.14’de gösterilmiştir.

Analizler sonucunda toplam 46 haplotip elde edilmiştir ve türler arasında paylaşılan haplotip bulunmamıştır. Çalışılan haplotipler ve dış gruplara ait haplotipler çizelge 4.15 ve 4.16’da verilmiştir. Elde edilen 46 haplotipin 28 tanesi *Microtus lydius*’a, 4 tanesi *Microtus hartingi*’ye, 14 tanesi ise *Microtus guentheri*’ye ait iken, geri kalan 4 haplotip dış grup olarak kullanılan *Mus musculus* (2 adet) ve *Rattus rattus* (2 adet) türlerine aittir. Toplam haplotip çeşitliliği dış gruplar ele alınmaksızın $H_d = 0,985$ olarak bulunmuştur. En yüksek haplotip çeşitliliğine sahip tür *M. guentheri* ($H_d = 1,000$) iken, en düşük haplotip çeşitliliğine sahip tür *M. hartingi*’dir ($H_d = 0,964$). Toplam nükleotit çeşitliliği ise $P_i = 0,043$ olarak bulunmuştur. En yüksek ve en düşük nükleotit çeşitliliği sırasıyla *M. guentheri* ($P_i = 0,122$) ve *M. hartingi*’dedir ($P_i = 0,009$). Türlerin haplotip ve nükleotit çeşitliliklerinin yanı sıra, mutasyon miktarları, parsimony informative ve singleton variable bölgelerinin miktarları çizelge 4.17’de verilmiştir. Buna göre, *M. lydius* en fazla polimorfik bölgeye sahiptir ve 121 polimorfik bölgenin 78’i parsimony informative, 43’ü ise singleton variable bölgedir. En az polimorfik bölge ise *M.*

hartingi'dedir, 17 polimorfik bölgenin 7'si parsimony informative, 10'u ise singleton variable bölgedir.

Türlerin gruplar arası uzaklık değerlerini (distance-*d*) gösteren uzaklık matrisi çizelge 4.18'de verilmiştir. Buna göre, ortalama genetik uzaklığı en yüksek türler *M. guentheri* ve *M. lydius* ($d= 0,077\pm0,009$), net genetik uzaklığı en yüksek türler *M. guentheri* ve *M. hartingi*'dir ($d= 0,042\pm0,007$). Ortalama ve net genetik uzaklığı en düşük türler ise *M. lydius* ve *M. hartingi*'dir (sırasıyla $d= 0,017\pm0,002$ ve $d= 0,002\pm0,000$).

Türler arası fiksasyon indeksi (*Fst*) değerleri çizelge 4.19'da verilmiştir. En yüksek genetik farklılık gösteren türler *M. guentheri*-*M. hartingi* ($Fst= 0,58327$) iken, en düşük genetik farklılık gösteren türler ise *M. lydius*-*M. hartingi*'dir ($Fst= 0,09258$). Gen akışı (*Nm*) değerlerine göre, en yüksek *Nm* değeri *M. lydius*-*M. hartingi* arasında ($Nm= 2,45$), en düşük *Nm* değeri ise *M. guentheri*-*M. hartingi* ($Nm= 0,18$) arasındadır (Çizelge 4.20).



Şekil 4.16 Sitokrom-*b* bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü (M: Marker, 1:6488 (Kırklareli), 2:3130 (Aydın), 3:3515 (Denizli), 4:4800 (Isparta), 5:4856 (Ankara), 6:4740 (Konya), 7:6573 (Hatay), 8: 3629 (Kahramanmaraş), 9:6727 (Kahramanmaraş), 10:6718 (Adıyaman), N:Negatif Kontrol)

Çizelge 4.11 *Microtus guentheri*'nin Cyt-*b* gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	1,22	1,26	15,27
T	1,32	-	22,81	0,65
C	1,32	22,05	-	0,65
G	30,98	1,22	1,26	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.12 *Microtus hartingi*'nin Cyt-*b* gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	10,25	9,99	1,45
T	11,2	-	11,05	5,02
C	11,2	11,34	-	5,02
G	3,23	10,25	9,99	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.13 *Microtus lydius*'un Cyt-*b* gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	4,55	4,39	9,93
T	4,93	-	17,88	2,23
C	4,93	18,54	-	2,23
G	21,33	4,55	4,39	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.14 Çalışılan türlerin Cyt-*b* gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	3,87	3,90	7,51
T	4,27	-	24,22	1,99
C	4,27	24,08	-	1,99
G	16,14	3,87	3,90	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.15 Çalışılan türlerin Cyt-*b* dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Microtus lydius</i>	Hap 1 (1)	Ankara (2118)
	Hap 2 (1)	Konya (2543)
	Hap 16 (1)	İzmir (2545)
	Hap 17 (1)	Denizli (3230)
	Hap 18 (2)	İzmir (3122, 3529)
	Hap 19 (1)	Denizli (3207)
	Hap 20 (1)	Aydın (3141)
	Hap 21 (1)	Denizli (3515)
	Hap 22 (1)	Ankara (3907)
	Hap 23 (1)	Kırşehir (4808)
	Hap 24 (1)	Burdur (2547)
	Hap 25 (2)	Aydın (3416), İzmir (2538)
	Hap 26 (5)	Afyon (3477), Ankara (3253), Isparta (4801), Konya (2562, 3014)
	Hap 27(1)	Burdur (2612)
	Hap 28 (1)	Ankara (3309)
	Hap 29 (1)	Isparta (4800)
	Hap 30 (1)	Aydın (3131)
	Hap 32 (1)	İzmir (3528)
	Hap 33 (1)	Konya (4748)
	Hap 34 (1)	Aydın (3132)
	Hap 35 (2)	Aydın (3129, 3130)
	Hap 36 (1)	Aydın (3415)
	Hap 38 (1)	Isparta (4811)
	Hap 39 (2)	Konya (2654, 4740)

Çizelge 4.15 Çalışılan türlerin Cyt-*b* dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde) (devam)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Microtus lydius</i>	Hap 40 (1)	Antalya (FJ767751.1)
	Hap 41 (1)	Antalya (FJ767752.1)
	Hap 42 (1)	Kırşehir (FJ767745.1)
	Hap 45 (1)	Kırşehir (4165)
<i>Microtus hartingi</i>	Hap 31 (1)	Kırklareli (6483)
	Hap 37 (5)	Kırklareli (5549, 6478, 6481, 6488), Yunanistan (AY513804.1)
	Hap 43 (1)	Gelibolu (7083)
	Hap 44 (1)	Yunanistan (FJ641124.1)
<i>Microtus guentheri</i>	Hap 3 (1)	Kilis (2765)
	Hap 4 (1)	Kahramanmaraş (3629)
	Hap 5 (1)	Kahramanmaraş (6727)
	Hap 6 (1)	Adıyaman (6718)
	Hap 7 (1)	Adıyaman (6720)
	Hap 8 (3)	Hatay (2114), Kilis (2941), Suriye (AY513805.1)
	Hap 9 (2)	İsrail (AY513806.1, AY513807.1)
	Hap 10 (1)	Kahramanmaraş (4807)
	Hap 11 (1)	Hatay (6573)
	Hap 12 (1)	Kahramanmaraş (3620)
	Hap 13 (1)	Kahramanmaraş (3628)
	Hap 14 (1)	Adıyaman (6721)
	Hap 15 (1)	Kahramanmaraş (3623)
	Hap 46 (1)	Kilis (5228)

Çizelge 4.16 Dış grup olarak kullanılan *Mus musculus* ve *Rattus rattus* türlerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde)

TÜR	HAPLOTİP	ÖRNEK NUMARASI
<i>Mus musculus</i> (Dış grup)	Hap 49 (1)	AB649460.1 (GenBank)
	Hap 50 (1)	AB649459.1 (GenBank)
<i>Rattus rattus</i> (Dış grup)	Hap 47 (1)	DQ439844.1 (GenBank)
	Hap 48 (1)	AB033713.1 (GenBank)

Çizelge 4.17 *Microtus lydius* (1), *M. hartingi* (2) ve *M. guentheri* (3) türlerinin Cyt-b dizilerine ait genetik çeşitlilik değerleri

Türler	Örnek Sayısı	Haplotip Sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Toplam Polimorfik Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı	Parsimony İnformative Bölge Sayısı	Singleton Variable Bölge Sayısı
1	35	28	0,997	0,027	121	134	78	43
2	8	4	0,964	0,009	17	18	7	10
3	17	14	1,000	0,122	104	114	64	40
Toplam	61	46	0,985	0,043	151	179	109	42

Çizelge 4.18 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin Cyt-b dizilerine ait genetik distance (*d*) değerleri

	<i>Microtus guentheri</i>	<i>Microtus lydius</i>	<i>Microtus hartingi</i>
<i>Microtus guentheri</i>	-	0,036±0,006	0,042±0,007
<i>Microtus lydius</i>	0,077±0,009	-	0,002±0,000
<i>Microtus hartingi</i>	0,072±0,009	0,017±0,002	-

Diyagonalin altındaki değerler ortalama, üstündeki değerler ise net uzaklık değerlerini göstermektedir.

Çizelge 4.19 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin Cyt-b dizilerine ait Fst değerleri

	Fst (Fiksasyon İndeksi)
<i>M. guentheri-M.lydius</i>	0,47225
<i>M. guentheri-M.hartingi</i>	0,58327
<i>M.lydius- M. hartingi</i>	0,09258

Çizelge 4.20 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin Cyt-b dizilerine ait Nm değerleri

	Nm (Gen Akışı)
<i>M. guentheri-M.lydius</i>	0,28
<i>M. guentheri-M.hartingi</i>	0,18
<i>M.lydius- M. hartingi</i>	2,45

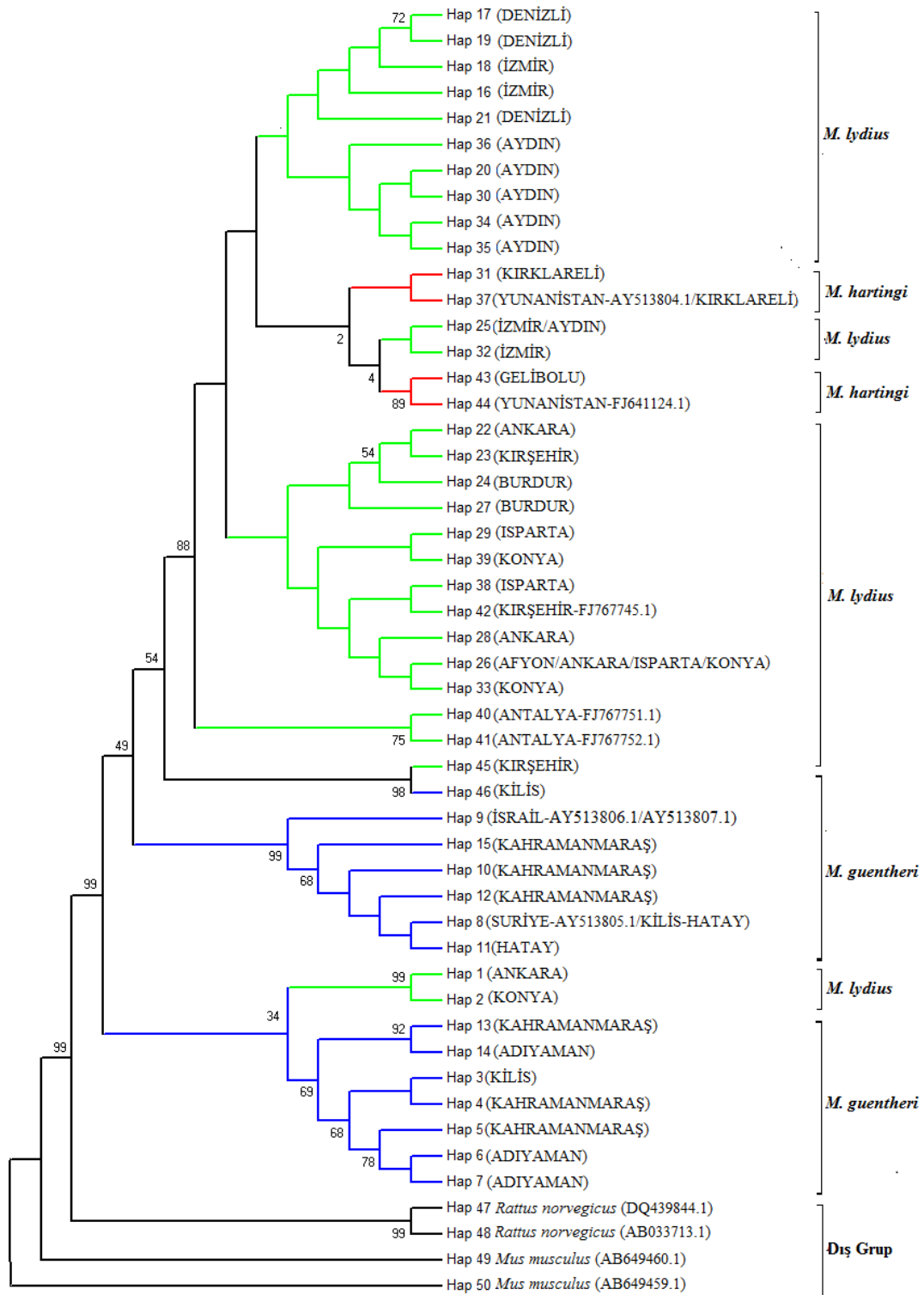
Microtus lydius, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerine ait haplotipler kullanılarak Maksimum Likelihood (ML), Maksimum Parsimony (MP), Neighbour-Joining (NP) ve Bayesian dendrogramları elde edilmiştir. ML ve Bayesian dendrogramları için MEGA 5.05 (Tamura vd. 2011) programında belirlenen Hasegawa, Kishino and Yano (HKY) Parametresi ve NJ ağacında Kimura-2 parametresi baz alınırken, MP ağacında “Close-Neighbour-Interchange on random trees” metodu kullanılmıştır.

ML ağacında, *M. guentheri* % 54 güvenilirlik ile *M. hartingi* ve *M. lydius*’tan ayrılmıştır. *M. hartingi* haplotipleri *M. lydius* kladı içerisine yerleşmişler ancak düşük güvenilirlik göstermişlerdir. Hap 31 (Kırklareli) ve Hap 37 (Yunanistan ve Kırklareli) % 2, Hap 43 (Gelibolu) ve Hap 44 (Yunanistan) % 4 güvenilirlik göstermişlerdir. *M. lydius* haplotipi Hap 45 (Kırşehir) ve *M. guentheri* haplotipi Hap 46 (Kilis) % 98 güvenilirlik ile bir araya gelmişlerdir. Hap 1 (Ankara) ve Hap 2 (Konya) ise düşük güvenilirlik ile (% 34) *M. guentheri* kladına yerleşmişlerdir (Şekil 4.17).

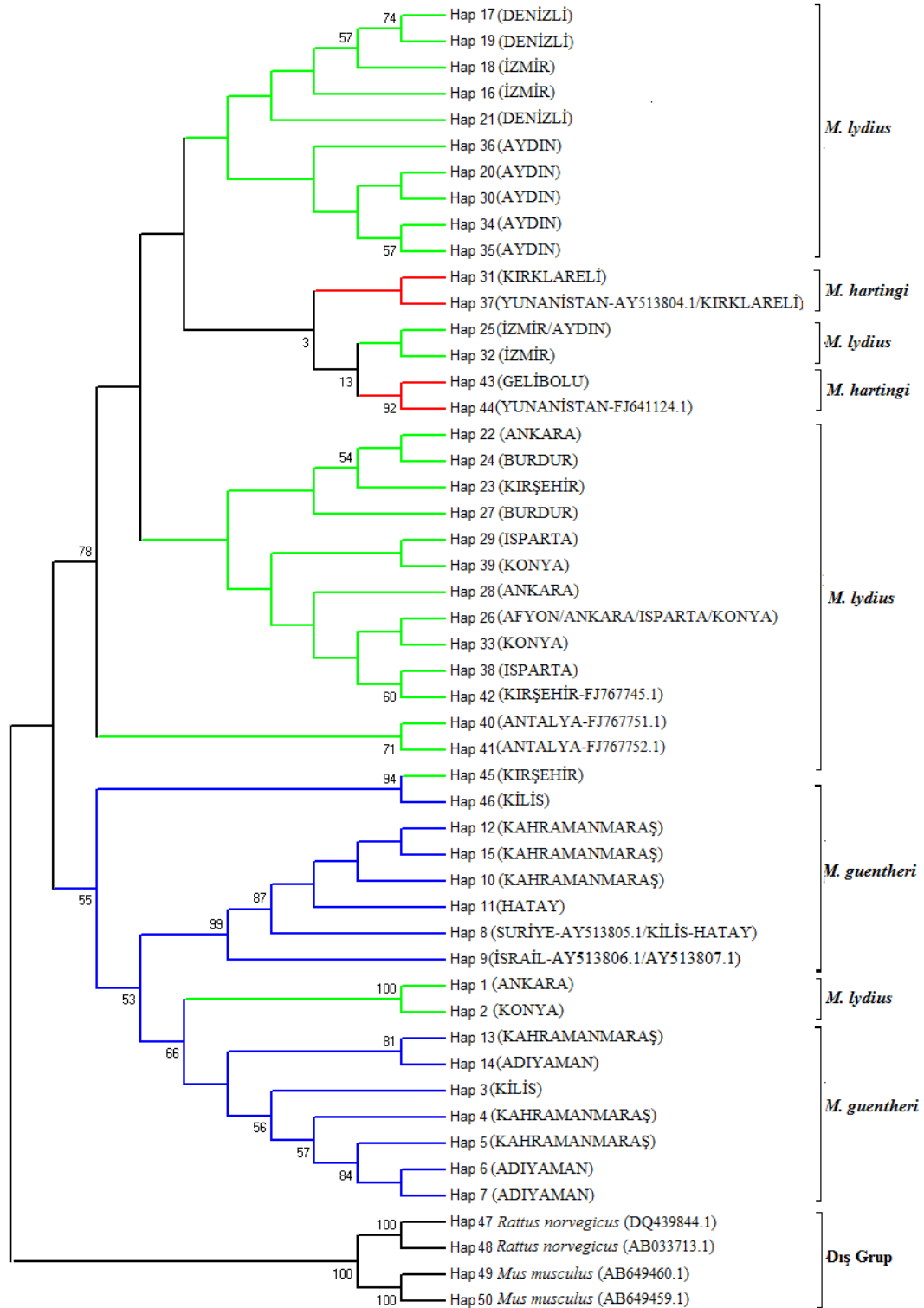
MP ağacı ML ağacı ile benzer sonuçları vermiştir. Buna göre, *M. hartingi* haplotipleri Hap 37 (Yunanistan ve Kırklareli) ve Hap 31 (Kırklareli) % 3, Hap 43 (Gelibolu) ve Hap 44 (Yunanistan) % 13 güvenilirlik ile *M. lydius* haplotipleri ile bir araya gelmişlerdir. *M. guentheri* bu 2 türden % 78 güvenilirlik ile ayrılmıştır. *M. lydius* haplotipleri Hap 45 (Kırşehir) % 94 güvenilirlik ile, Hap 1 (Ankara) ve Hap 2 (Konya) ise % 66 güvenilirlik ile *M. guentheri* kladına yerleşmişlerdir (Şekil 4.18).

NJ ağacına göre ise, *M. hartingi* haplotipleri Hap 37 (Yunanistan ve Kırklareli) % 10, Hap 31 (Kırklareli) % 8, Hap 43 (Gelibolu) ve Hap 44 (Yunanistan) % 23 güvenilirlik ile, *M. lydius* kladına yerleşmişlerdir. *M. guentheri* % 91 güvenilirlik ile *M. hartingi* ve *M. lydius*'tan ayrılmıştır. ML ve ML ağaçlarında olduğu gibi, Hap 45 (Kırşehir) % 99 güvenilirlik ile, Hap 1 (Ankara) ve Hap 2 (Konya) ise % 82 güvenilirlik ile *M. guentheri* kladına yerleşmişlerdir (Şekil 4.19).

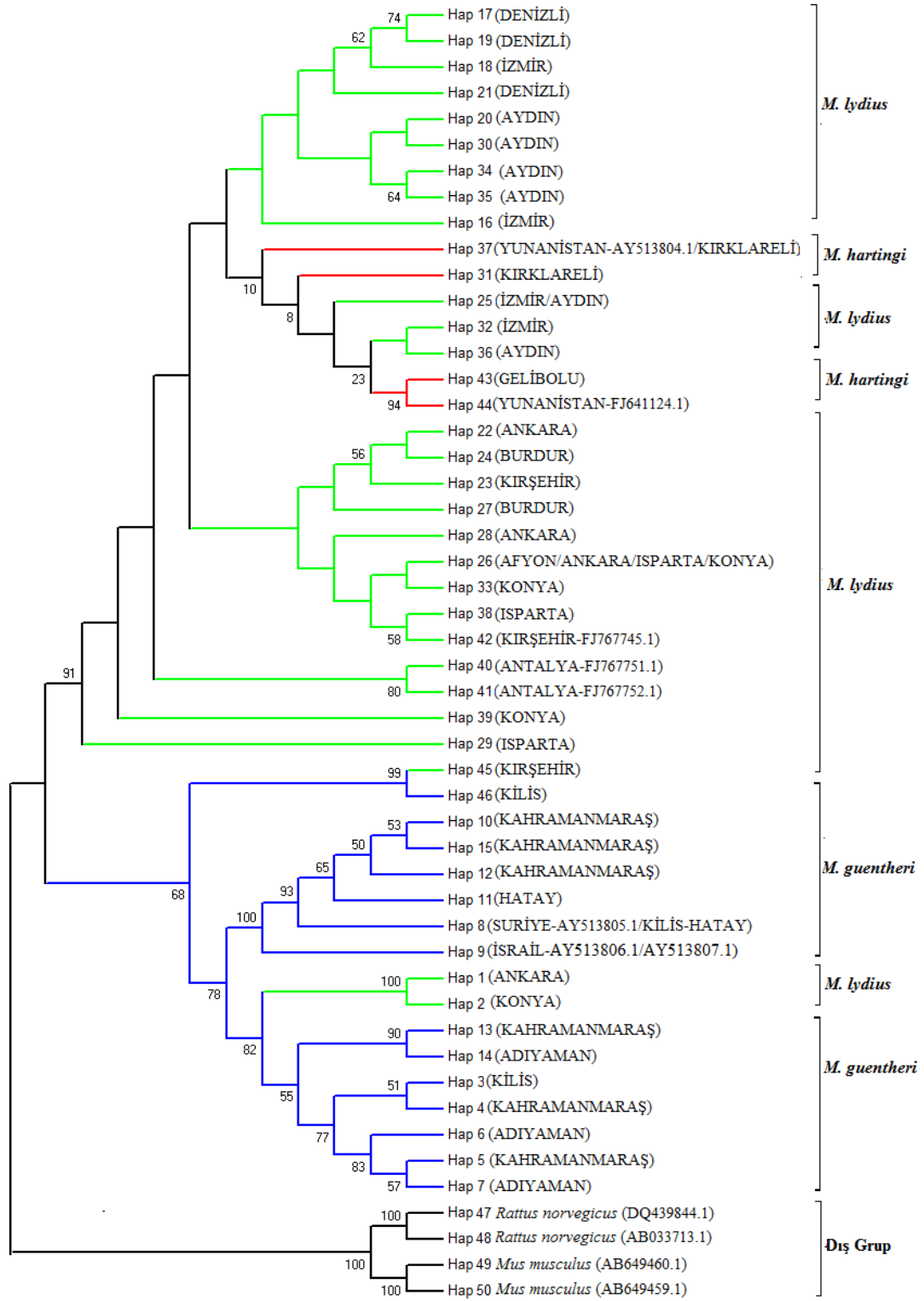
Markov Chain Monte Carlo (MCMC) algoritmasına göre oluşturulan Bayesian Ağacı'na bakıldığında, diğer dendrogramlarda olduğu gibi *M. hartingi* haplotiplerinin düşük güvenilirlik ile *M. lydius* kladına yerleştiği görülmektedir (Hap 37 (Yunanistan ve Kırklareli)) ve Hap 31 (Kırklareli) % 13, Hap 43 (Gelibolu) ve Hap 44 (Yunanistan) % 44 güvenilirlik ile). *M. guentheri* ise *M. lydius* ve *M. hartingi*'den % 44 ve % 100 güvenilirlik ile ayrılan farklı 2 klad oluşturmuştur. *M. guentheri*'ye ait Hap 46 (Kilis) % 99 güvenilirlik ile *M. lydius* kladına yerleşirken, *M. lydius* haplotipleri Hap 1 (Ankara) ve Hap 2 (Konya) % 96 güvenilirlik ile *M. guentheri* haplotipleri ile bir araya gelmişlerdir (Şekil 4.20).



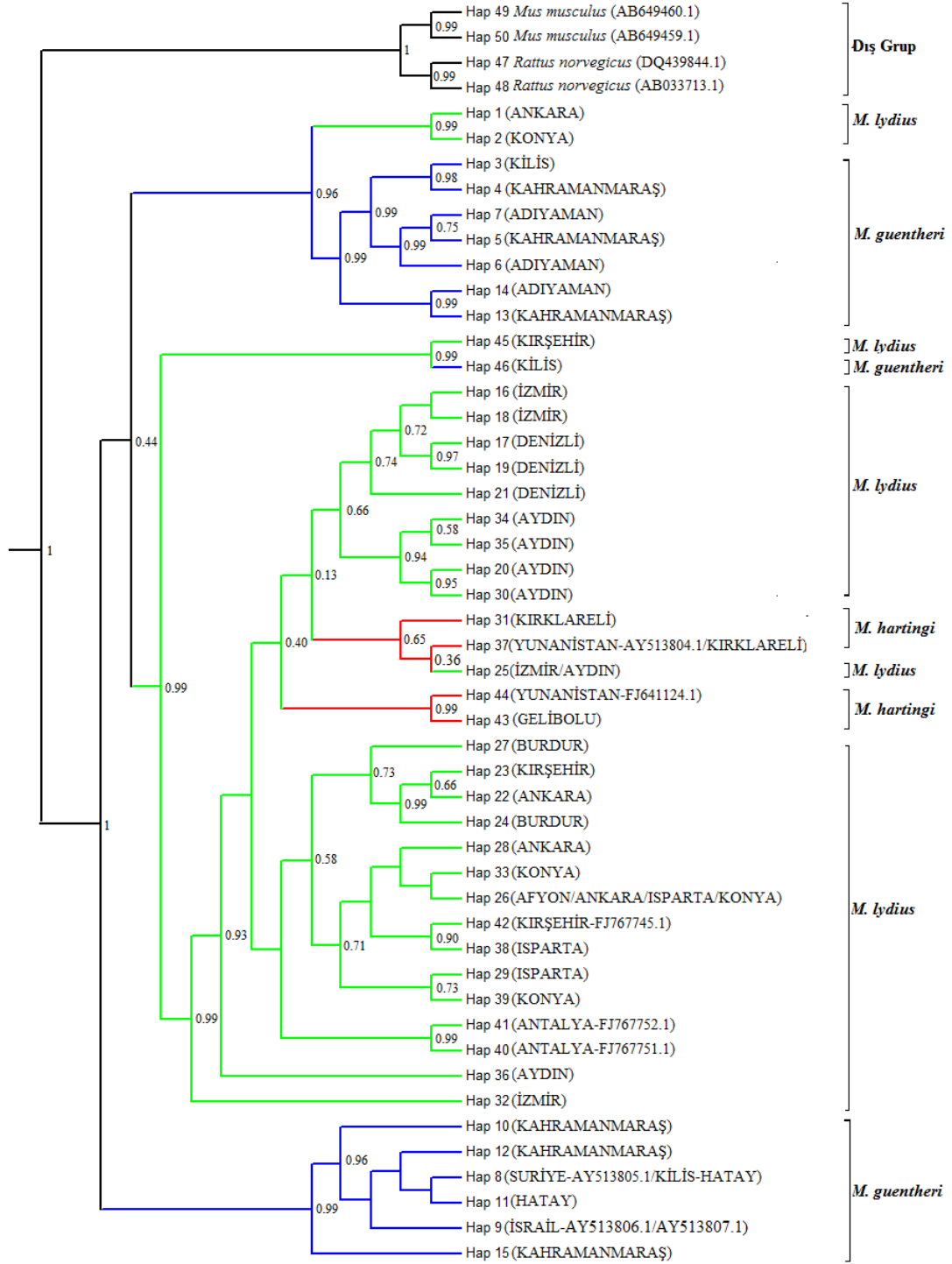
Şekil 4.17 HKY Parametresi baz alınarak oluşturulan cyt-*b* bölgesine ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)



Şekil 4.18 Cyt-b bölgesine ait Maksimum Parsimony (MP) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)



Şekil 4.19 Kimura-2 Parametresi baz alınarak oluşturulan *cyt-b* bölgesine ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)



Şekil 4.20 HKY Parametresi baz alınarak oluşturulan *cyt-b* bölgesine ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)

4.4 MtDNA 12S rRNA Bölgesi Dizi Analizi Sonuçları

L651 ve 12GH primer çiftleri kullanılarak 12S rRNA gen bölgesinin yaklaşık 1000 baz çiftlik bölgesi çoğaltılmış ve PZR sonrasında elde edilen ürünler agaroz jelde görüntülenmiştir (Şekil 4.21).

Hizmet alımı vasıtası ile elde edilen ve GenBank'tan alınan DNA dizilerinin hizalama ve budama işlemleri sonrasında toplam 55 örneğe ait 694 baz çiftlik bölge analiz edilmiştir.

Microtus guentheri'ye ait diziler nükleotit yer değişim oranların çizelge 4.21'de gösterilmiştir. Diziler % 38,06 oranında Adenin, % 24,78 oranında Timin, % 16,88 oranında Sitozin ve % 20,28 oranında Guanin içermektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 1,452 olarak hesaplanmıştır.

Microtus hartingi'ye ait diziler ise % 29,64 oranında Adenin, % 27,41 oranında Timin, % 14,61 oranında Sitozin ve % 28,35 oranında Guanin içermektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 0,468 olarak bulunmuştur. Dizilerin nükleotit değişim oranları çizelge 4.22'de gösterilmiştir.

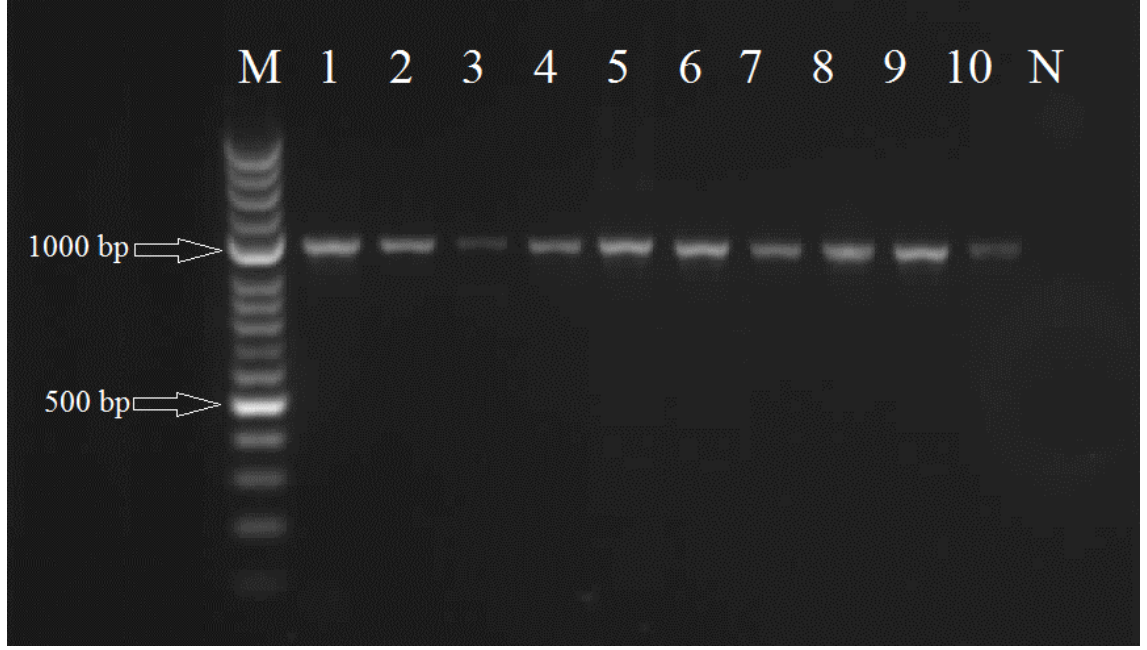
Microtus lydius'a ait dizilerin nükleotit yer değişim oranları çizelge 4.23'de gösterilmiştir. Diziler % 37,65 oranında Adenin, % 24,93 oranında Timin, % 17,35 oranında Sitozin ve % 20,06 oranında Guanin içermektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 2,305 olarak hesaplanmıştır.

M. lydius, *M. hartingi* ve *M. guentheri* türlerinin dizileri birlikte analiz edilerek elde edilen nükleotit yer değişim oranları çizelge 4.24'de gösterilmiştir. Buna göre, diziler % 37,66 oranında Adenin, % 24,99 oranında Timin, % 17,20 oranında Sitozin ve % 20,15 oranında Guanin içermektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) 2,434 olarak hesaplanmıştır.

12S rRNA gen bölgesinin analizi sonucunda dış gruplar dahil olmaksızın 18, dış gruplar ile birlikte 22 haplotip bulunmuştur. Elde edilen haplotipler çizelge 4.24 ve 4.25’de gösterilmiştir. Bu haplotiplerin 10 tanesi *Microtus lydius*’a, 1 tanesi *Microtus hartingi*’ye, 7 tanesi ise *Microtus guentheri*’ye aittir. Dış grup olarak kullanılan *Rattus norvegicus* ve *Rattus rattus* 1’er haplotipe, *Mus musculus* ise 2 haplotipe sahiptir. Çalışılan türler arasında paylaşılan haplotip bulunmamaktadır. Toplam haplotip çeşitliliği dış gruplar ele alınmaksızın $H_d = 0,822$ olarak bulunmuştur. En yüksek haplotip çeşitliliğine sahip tür *M. guentheri* ($H_d = 0,910$) iken, en düşük haplotip çeşitliliğine sahip tür *M. hartingi*’dir ($H_d = 0,000$). Toplam nükleotit çeşitliliği ise $P_i = 0,006$ olarak bulunmuştur. En yüksek ve en düşük nükleotit çeşitliliği sırasıyla *M. guentheri* ($P_i = 0.006$) ve *M. hartingi*’dedir ($P_i = 0.000$). Türlerin haplotip ve nükleotit çeşitliliklerinin yanı sıra, mutasyon miktarları, parsimony informative ve singleton variable bölgelerinin miktarları çizelge 4.26’de verilmiştir. Polimorfik bölge sayısı en yüksek tür *M. lydius* olup, 23 polimorfik bölgenin 11 adeti parsimony informative, 12 adeti singleton variable bölgedir. *M. hartingi*’de ise polimorfik, parsimony informative ya da singleton variable bölge bulunamamıştır.

Guentheri grubu türleri arası uzaklık değerlerini (distance- d) gösteren uzaklık matrisi çizelge 4.27’de verilmiştir. Ortalama genetik uzaklık değerlerine göre *M. guentheri* *M. lydius* ve *M. hartingi* ile eşit derecede uzak çıkmıştır (sırasıyla $d = 0,011 \pm 0,003$ ve $d = 0,011 \pm 0,002$). En düşük ortalama genetik uzaklık ise *M. lydius* ve *M. hartingi* arasındadır ($d = 0,003 \pm 0,004$). Net genetik uzaklık değerlerine bakıldığında ise, birbirine en uzak türler *M. guentheri* ve *M. hartingi* ($d = 0,009 \pm 0,003$), en yakın türler *M. lydius* ve *M. hartingi*’dir ($d = 0,002 \pm 0,003$).

Çizelge 4.28’de verilen türler arası fiksasyon indeksi (F_{st}) değerlerine bakıldığında, en yüksek genetik farklılık gösteren türlerin *M. guentheri*-*M. hartingi* ($F_{st} = 0,66875$), en düşük genetik farklılık gösteren türlerin ise *M. lydius*-*M. hartingi*’dir ($F_{st} = 0,45183$) olduğu görülmektedir. Gen akışı (N_m) değerlerine göre, en yüksek N_m değeri *M. lydius*-*M. hartingi* arasında ($N_m = 0,27$), en düşük N_m değeri ise *M. guentheri*-*M. hartingi* ($N_m = 0,12$) arasındadır (Çizelge 4.29).



Şekil 4.21 12S rRNA bölgesi çoğaltılan örneklerin agaroz jel görüntüsü (M: Marker, 1:6481 (Kırklareli), 2:2550 (İzmir), 3:3309 (Ankara), 4:2118 (Ankara), 5:4741 (Konya), 6:7083 (Çanakkale), 7:2114 (Hatay), 8:2765 (Kilis), 9:2941 (Kilis), 10:3628 (Kahramanmaraş), N:Negatif Kontrol)

Çizelge 4.21 *Microtus lydius*'un 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotitler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	3,58	2,88	11,68
T	5,41	-	15,26	2,5
C	5,41	18,96	-	2,5
G	25,34	3,58	0,73	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.22 *Microtus hartingi*'nin 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	8,22	6,76	5,82
T	<i>12,53</i>	-	6,76	5,82
C	<i>12,53</i>	8,22	-	5,82
G	12,53	8,22	6,76	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.23 *Microtus guentheri*'nin 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	4,82	3,94	9,89
T	<i>7,4</i>	-	13,03	3,28
C	<i>7,4</i>	15,91	-	3,28
G	22,29	4,82	3,94	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.24 Çalışılan türlerin 12S rRNA gen bölgesindeki nükleotidler arasındaki transisyon ve transversiyon oranları

Nükleotid	A	T	C	G
A	-	3,43	2,77	8,58
T	<i>5,17</i>	-	20,18	2,36
C	<i>5,17</i>	25,02	-	2,36
G	18,38	3,43	2,77	-

Koyu yazılan değerler transisyon, italik yazılan değerler transversiyon oranlarını göstermektedir.

Çizelge 4.25 Çalışılan türlerin 12S rRNA dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Microtus lydius</i>	Hap 1 (2)	Isparta (4800), Konya (2562)
	Hap 2 (1)	Konya (4748)
	Hap 6 (1)	Ankara (2118)
	Hap 7 (1)	Konya (2543)
	Hap 11 (20)	Isparta (4801), İzmir (2538, 2545, 2550, 3528), Burdur (2547), Denizli (3207, 3230, 3515), Afyon (3477), Ankara (3309, 3253, 3907), Aydın (3129, 3130, 3131, 3132), Konya (3014, 2654, 4740)
	Hap 13 (2)	İzmir (3122, 3529)
	Hap 15 (1)	Aydın (3141)
	Hap 16 (1)	Kırşehir (4808), Isparta (4811)
	Hap 17 (1)	İzmir (3526)
	Hap 18 (1)	Kırşehir (4165)
<i>Microtus hartingi</i>	Hap 12 (8)	Kırklareli (5549, 6478, 6480, 6481, 6483, 6488), Gelibolu (6919, 7083)
<i>Microtus guentheri</i>	Hap 3 (3)	Hatay (2114), Kahramanmaraş (3620, 3623)
	Hap 4 (1)	Kahramanmaraş (4807)
	Hap 5 (1)	Hatay (6573)
	Hap 8 (3)	Kilis(2765),Adıyaman(6720), Kahramanmaraş (6727)
	Hap 9 (1)	Kilis (2941)
	Hap 10 (1)	Kahramanmaraş (3629)
	Hap 14 (2)	Adıyaman (6721)

Çizelge 4.26 Dış grup olarak kullanılan *Mus musculus* ve *Rattus rattus* türlerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde)

TÜR	HAPLOTİP	ÖRNEK NUMARASI
<i>Rattus norvegicus</i>	Hap 19 (1)	AB183258.1 (GenBank)
<i>Rattus rattus</i>	Hap 20 (1)	AJ005780.1 (GenBank)
<i>Mus musculus</i>	Hap 21 (1)	X84382.1 (GenBank)
<i>Mus musculus</i>	Hap 22 (1)	AY057791.1 (GenBank)

Çizelge 4.27 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin 12S rRNA dizilerine ait genetik çeşitlilik değerleri

Türler	Örnek Sayısı	Haplotip Sayısı	Haplotip Çeşitliliği (Hd)	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)	Toplam Polimorfik Bölge Sayısı	Mutasyon Sayısı	Parsimony İnformative Bölge Sayısı	Singleton Variable Bölge Sayısı
1	32	10	0,611	0,003	23	24	11	12
2	8	1	0,000	0,000	0	0	0	0
3	13	7	0,910	0,007	17	17	8	9
Toplam	51	18	0,822	0,006	32	32	13	19

Çizelge 4.28 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin 12S rRNA dizilerine ait genetik distance (*d*) değerleri

	<i>Microtus guentheri</i>	<i>Microtus lydius</i>	<i>Microtus hartingi</i>
<i>Microtus guentheri</i>	-	0,006±0,003	0,009±0,003
<i>Microtus lydius</i>	0,011±0,003	-	0,002±0,003
<i>Microtus hartingi</i>	0,011±0,002	0,003±0,004	-

Diyagonalin altındaki değerler ortalama, üstündeki değerler ise net uzaklık değerlerini göstermektedir.

Çizelge 4.29 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin 12S rRNA dizilerine ait Fst değerleri

	Fst (Fiksasyon İndeksi)
<i>M. guentheri-M.lydius</i>	0,45183
<i>M. guentheri-M.hartingi</i>	0,66875
<i>M.lydius- M. hartingi</i>	0,47650

Çizelge 4.30 *Microtus lydius*, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin 12S rRNA dizilerine ait Nm değerleri

	Nm (Gen Akışı)
<i>M. guentheri-M.lydius</i>	0,30
<i>M. guentheri-M.hartingi</i>	0,12
<i>M.lydius- M. hartingi</i>	0,27

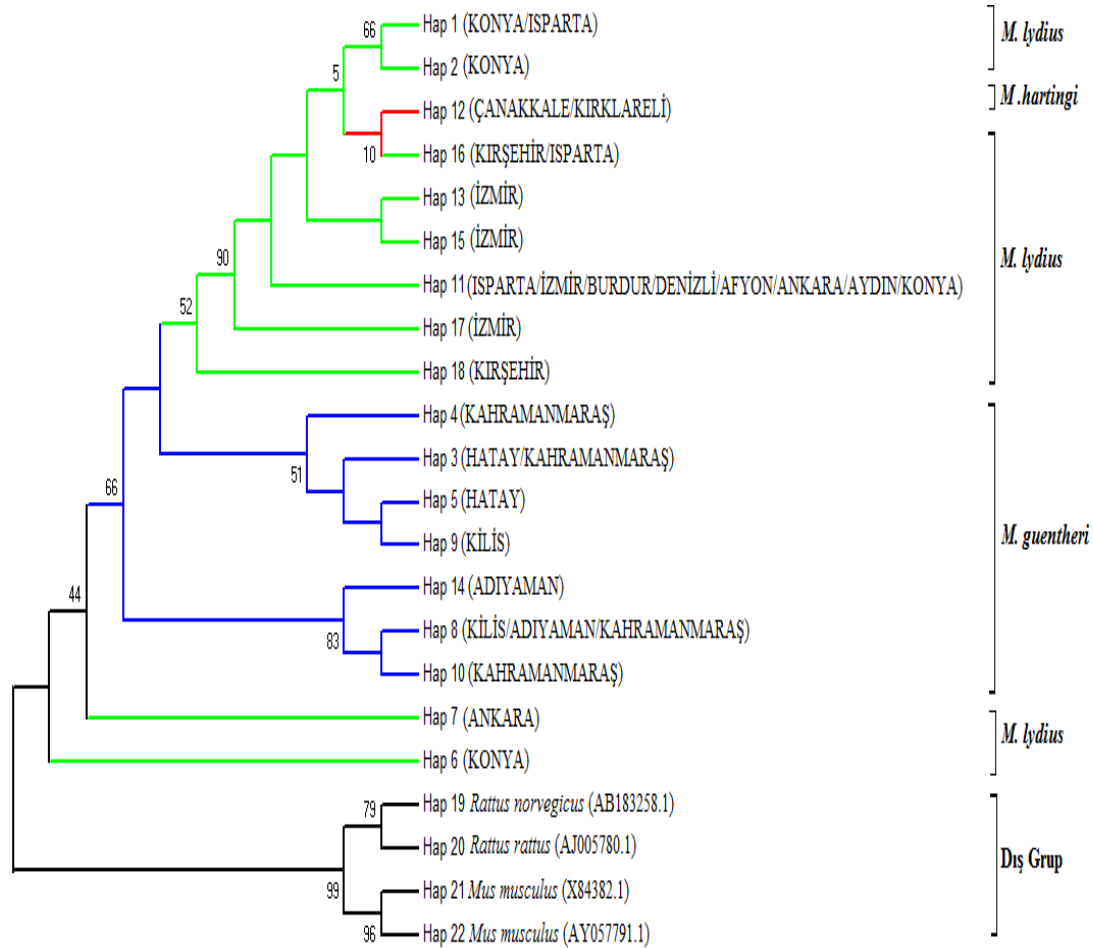
Söz konusu türler arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren dendrogramlar, MEGA 5.05 (Tamura vd. 2011) programı ile belirlenen modellere göre ortaya konmuştur. ML VE Bayesian ağaçları Tamura-Nei (TN93)+G parametresine, NJ ağacı Jukes ve Cantor parametresine göre oluşturulurken, MP ağacı oluşturulurken “Close-Neighbour-Interchange on random trees” metodu kullanılmıştır.

ML ağacında, *M. hartingi* % 10'luk düşük güvenilirlik oranı ile Hap 16 (Kırşehir ve Isparta) haplotipi ile bir araya gelerek *M. lydius* kladına yerleşmiştir. Diğer taraftan, *M. guentheri* % 52 güvenilirlik ile *M. lydius* kladından ayrılmıştır. *M. lydius*'a ait Ankara ve Konya haplotipleri (Hap 6 ve Hap 7) sırası ile % 44 ve % 66 güvenilirlik ile diğer haplotiplerden ayrılmışlardır (Şekil.4.22).

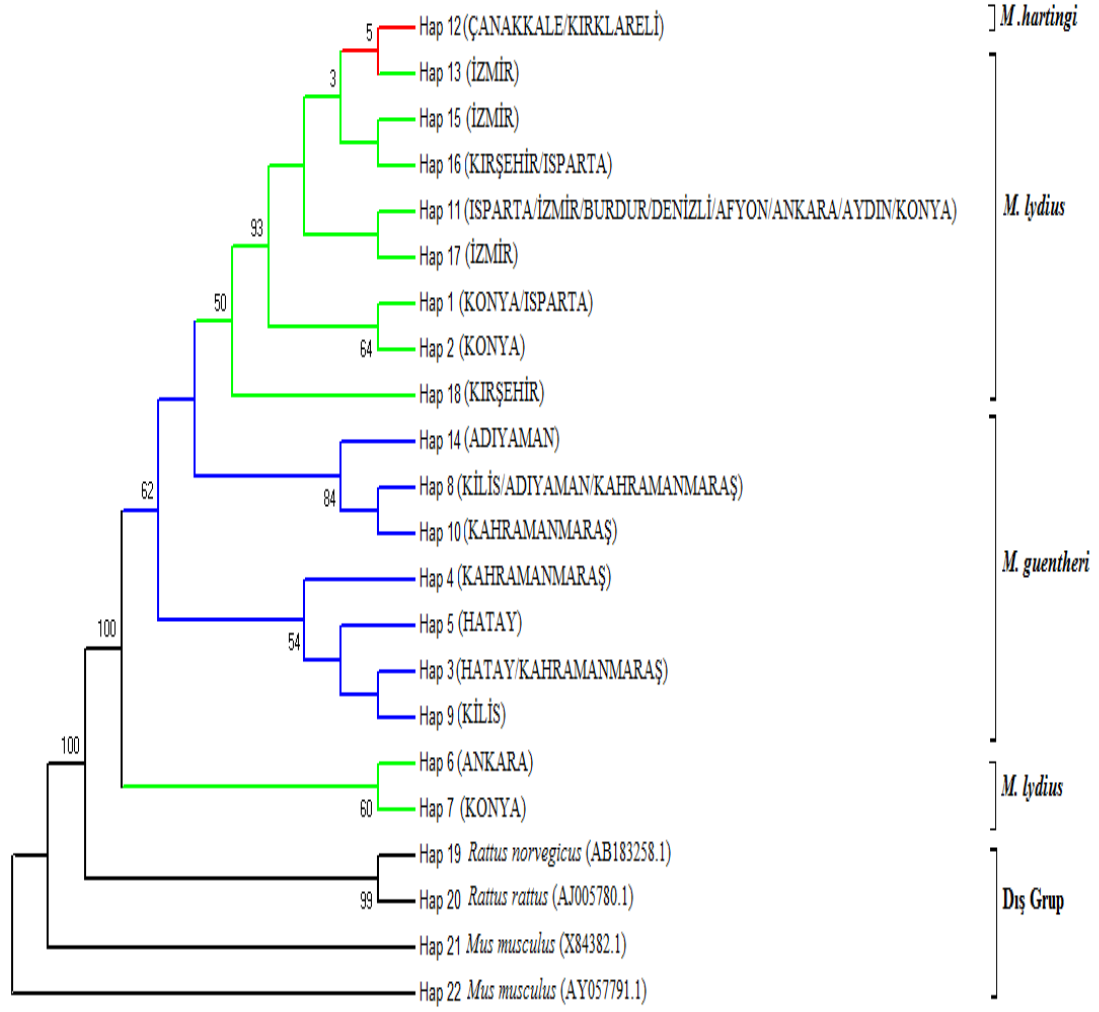
MP ağacında ise, *M. hartingi* % 5 güvenilirlik ile *M. lydius* kladına bağlanmıştır. *M. guentheri* de ML ağacına benzer şekilde, % 50 güvenilirlik ile *M. lydius* kladından ayrılmıştır. Hap 6 (Ankara) ve Hap 7 (Konya) haplotipleri ise, % 62 güvenilirlik ile ayrı bir klad oluşturmuşlardır (Şekil 4.23).

NJ ağacı, ML ve MP ağaçları ile benzer topolojiyi vermiştir. *M. hartingi* % 58 güvenilirlik ile *M. lydius* kladı içerisine bağlanırken, *M. guentheri* bu 2 türden % 54 güvenilirlik ile ayrılmıştır. *M. lydius*'un Ankara ve Konya haplotipleri Hap 6 ve Hap 7 ise, sırası ile % 46 ve % 58 güvenilirlik oranları ile *M. guentheri* kladına yerleşmişlerdir (Şekil 4.24).

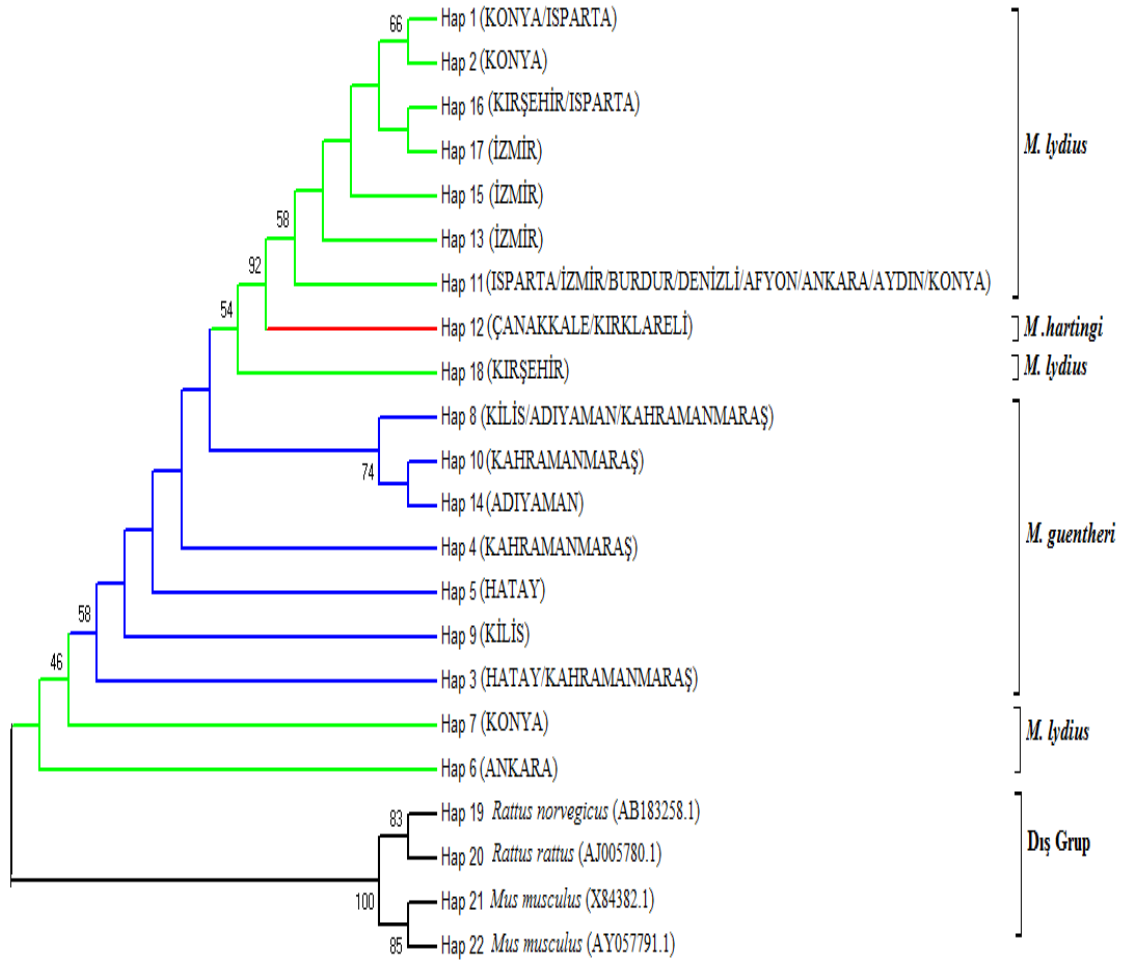
Son olarak, Bayesian ağacına bakıldığında, *M. lydius* haplotipleri Hap 6 (Ankara) ve Hap 7 (Konya) *M. guentheri* kladına yerleşmesine karşın, bu 2 türün % 62 güvenilirlik ile ayrı kladlar oluşturduğu görülmektedir. *M. hartingi* ise düşük güvenilirlik ile (% 19) *M. lydius* kladına yerleşmiştir (Şekil 4.25).



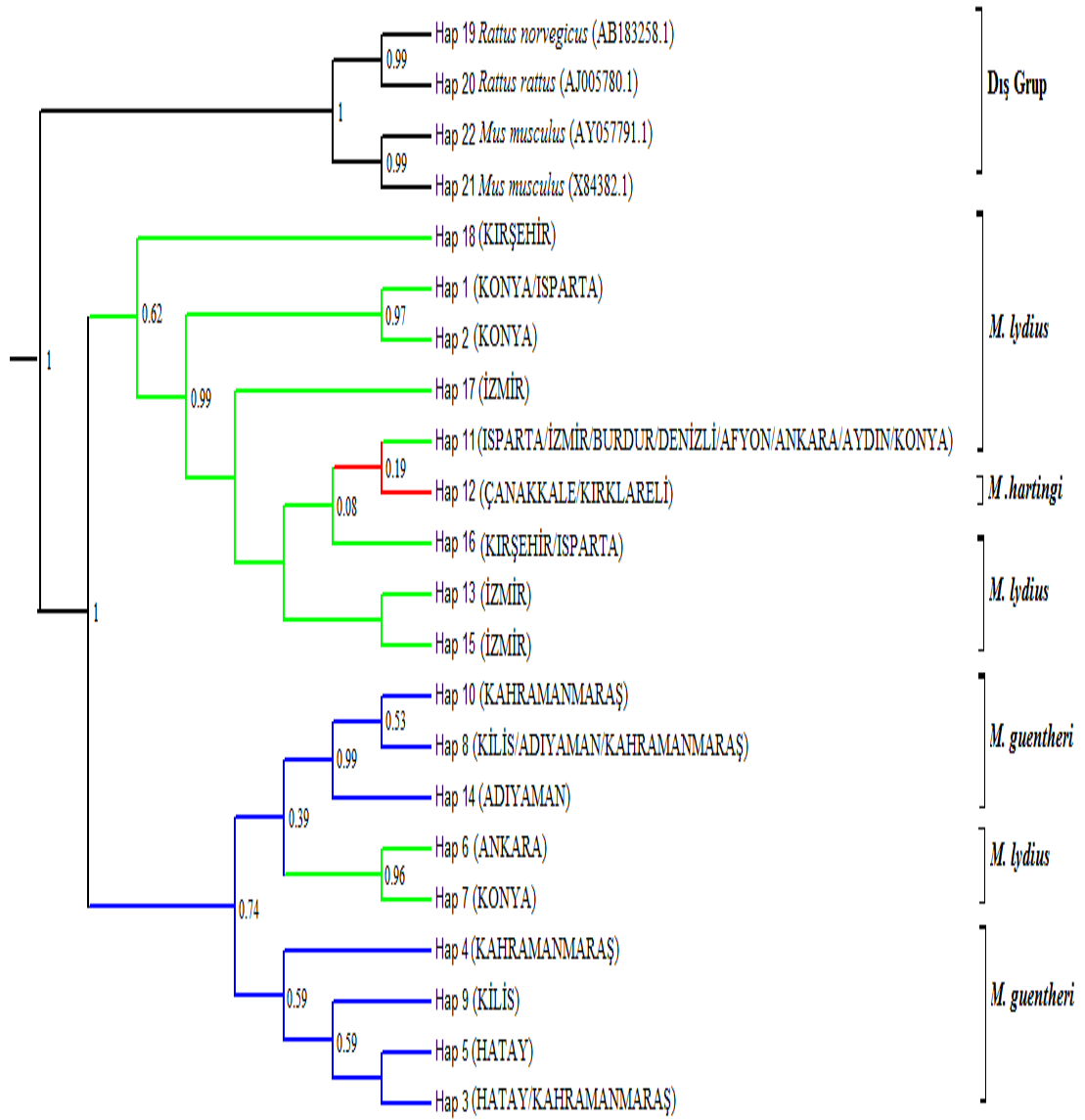
Şekil 4.22 TN93+G Parametresi baz alınarak oluşturulan 12S rRNA bölgesine ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)



Şekil 4.23 12S rRNA bölgesine ait Maksimum Parsimony (MP) ağacı (% 50' nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)



Şekil 4.24 Jukes ve Cantor Parametresi baz alınarak oluşturulan 12S rRNA bölgesine ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)



Şekil 4.25 TN93+G Parametresi baz alınarak oluşturulan 12S rRNA bölgesine ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)

4.5 MtDNA COX1, Cyt-b ve12S rRNA Bölgelerinin Birlikte Analizi

Microtus lydius, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri*'ye ait 45 örnek ile GenBank'tan alınan *Microtus levis* örneğinin COX1, Cyt-b ve12S rRNA dizileri birleştirilerek 2951 bç'lik diziler elde edilmiştir. Bu dizilerden elde edilen haplotipler Çizelge 4.31'de gösterilmiştir. Elde edilen 46 haplotipin 29 tanesi *Microtus lydius*'a, 5 tanesi *Microtus hartingi*'ye, 12 tanesi *Microtus guentheri*, 1 tanesi de dış grup olarak kullanılan *Microtus levis*'e aittir.

Çizelge 4.31 Çalışılan türlerin birleştirilmiş dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Microtus lydius</i>	Hap 2 (1)	İzmir (2545)
	Hap 3 (1)	İzmir (3122)
	Hap 4 (1)	Denizli (3207)
	Hap 5 (1)	Denizli (3230)
	Hap 6 (1)	Burdur (2547)
	Hap 7 (1)	Ankara (3253)
	Hap 8 (1)	Afyon (3477)
	Hap 9 (1)	Aydın (3141)
	Hap 10 (1)	Denizli (3515)
	Hap 11 (1)	İzmir (3529)
	Hap 12 (1)	Aydın (3129)
	Hap 13 (1)	Konya (3014)
	Hap 14 (1)	Isparta (4811)
	Hap 15 (1)	Kırşehir (4808)
	Hap 16 (1)	Konya (4740)
	Hap 18 (1)	Ankara (3907)
	Hap 20 (1)	Aydın (3131)
	Hap 23 (1)	İzmir (3528)
	Hap 24 (1)	Konya (4748)

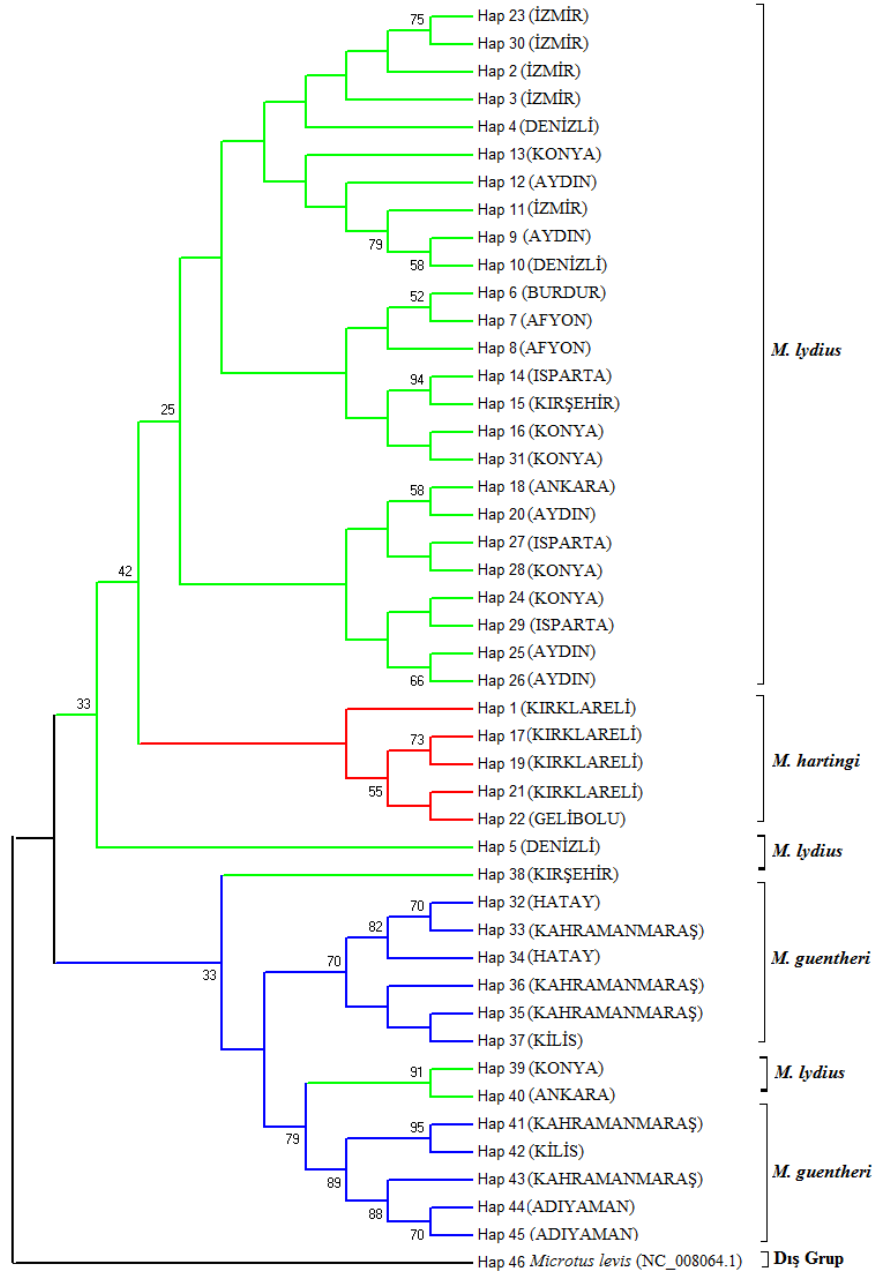
Çizelge 4.31 Çalışılan türlerin birleştirilmiş dizilerine ait haplotipler ve görülme sıklıkları (parantez içinde) (devam)

TÜR	HAPLOTİP	LOKASYON (ÖRNEK NUMARASI)
<i>Microtus lydius</i>	Hap 25 (1)	Aydın (3132)
	Hap 26 (1)	Aydın (3130)
	Hap 27 (1)	Isparta (4800)
	Hap 28 (1)	Konya (2562)
	Hap 29 (1)	Isparta (4801)
	Hap 30 (1)	İzmir (2538)
	Hap 31 (1)	Konya (2654)
	Hap 38 (1)	Kırşehir (4165)
	Hap 39 (1)	Konya (2543)
	Hap 40 (1)	Ankara (2118)
<i>Microtus hartingi</i>	Hap 1 (2)	Kırklareli (6478, 6488)
	Hap 17 (1)	Kırklareli (5549)
	Hap 19 (1)	Kırklareli (6481)
	Hap 21 (1)	Kırklareli (6483)
	Hap 22 (1)	Gelibolu (7083)
<i>Microtus guentheri</i>	Hap 32 (1)	Hatay (6573)
	Hap 33 (1)	Kahramanmaraş (4807)
	Hap 34 (1)	Hatay (2114)
	Hap 35(1)	Kahramanmaraş (3620)
	Hap 36 (1)	Kahramanmaraş (3623)
	Hap 37 (1)	Kilis (2941)
	Hap 41 (1)	Kahramanmaraş (3629)
	Hap 42 (1)	Kilis (2765)
	Hap 43 (1)	Kahramanmaraş (6727)
	Hap 44 (1)	Adıyaman (6720)
	Hap 45 (1)	Adıyaman (6721)
<i>M. levis</i> (Dış Grup)	Hap 46 (1)	NC_008064.1 (GenBank)

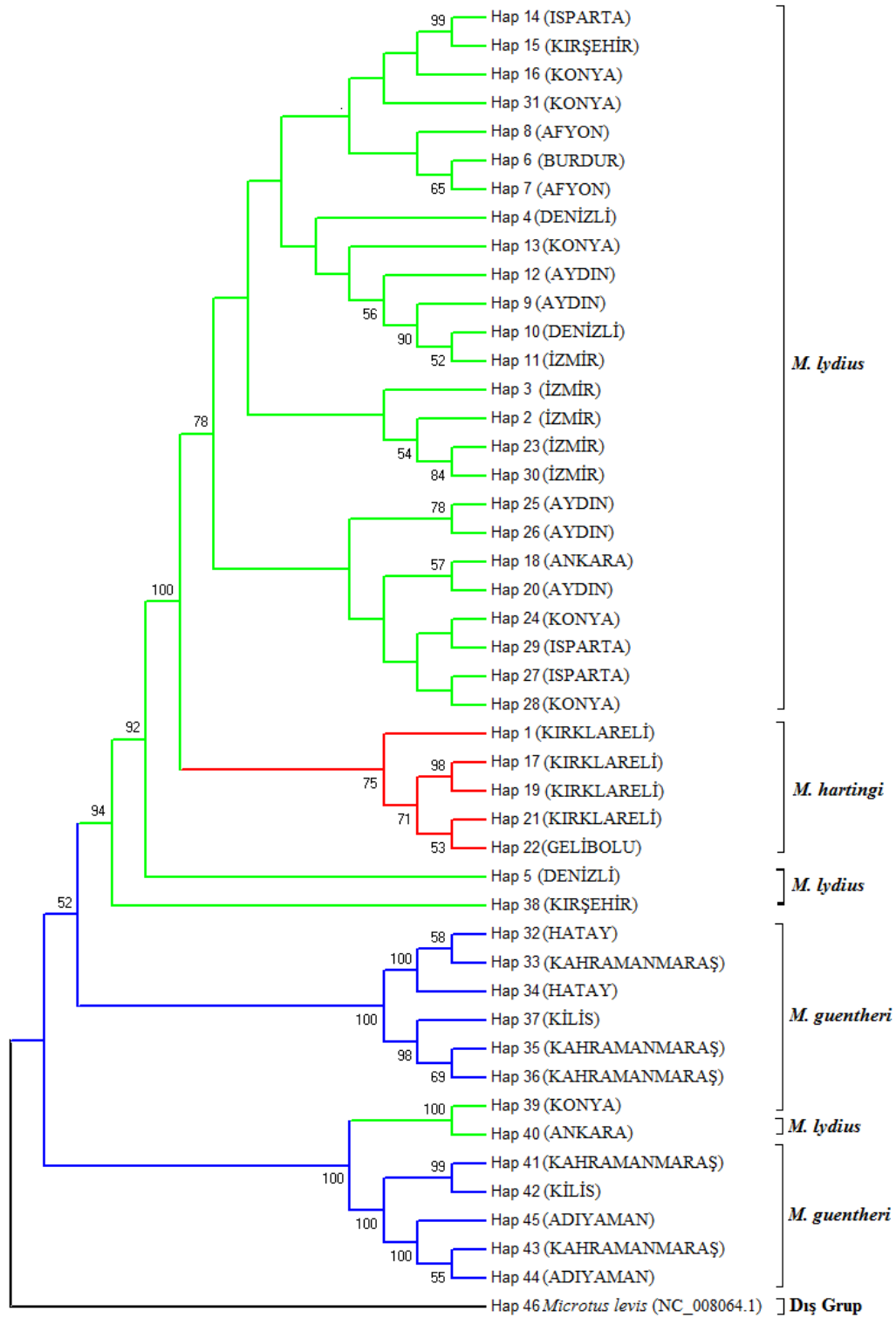
Söz konusu haplotipler kullanılarak, HKY+G parametresine göre ML ve Bayesian ağaçları, *p*-distance metoduna göre (Hamming 1950) NJ ağacı ve “Close-Neighbour-Interchange on random trees” metoduna göre MP ağacı oluşturulmuştur.

Benzer topolojiyi veren ML, MP ve NJ ağaçlarında, *M. hartingi* *M. lydius*’tan ayrı bir klad oluşturmuş, *M. guentheri* de bu 2 türden ayrılmıştır. ML ağacında *M. lydius*’un Denizli haplotipi (Hap 5) *M. hartingi* ve *M. lydius* kladlarından % 42 güvenilirlik ile ayrılırken, Hap 38 (Kırşehir) % 33, Hap 39 (Konya) ve Hap 40 (Ankara) % 79 güvenilirlik ile *M. guentheri* kladına yerleşmişlerdir. MP ve NJ ağaçlarında ise, Hap 5 (Denizli) ve Hap 38 (Kırşehir) haplotipleri *M. hartingi* ve *M. lydius* kladlarından ayrılmış, Hap 39 (Konya) ve Hap 40 (Ankara) *M. guentheri* haplotipleri ile bir araya gelmişlerdir. ML, MP ve NJ dendrogramları şekil 4.26-4.28’de verilmiştir.

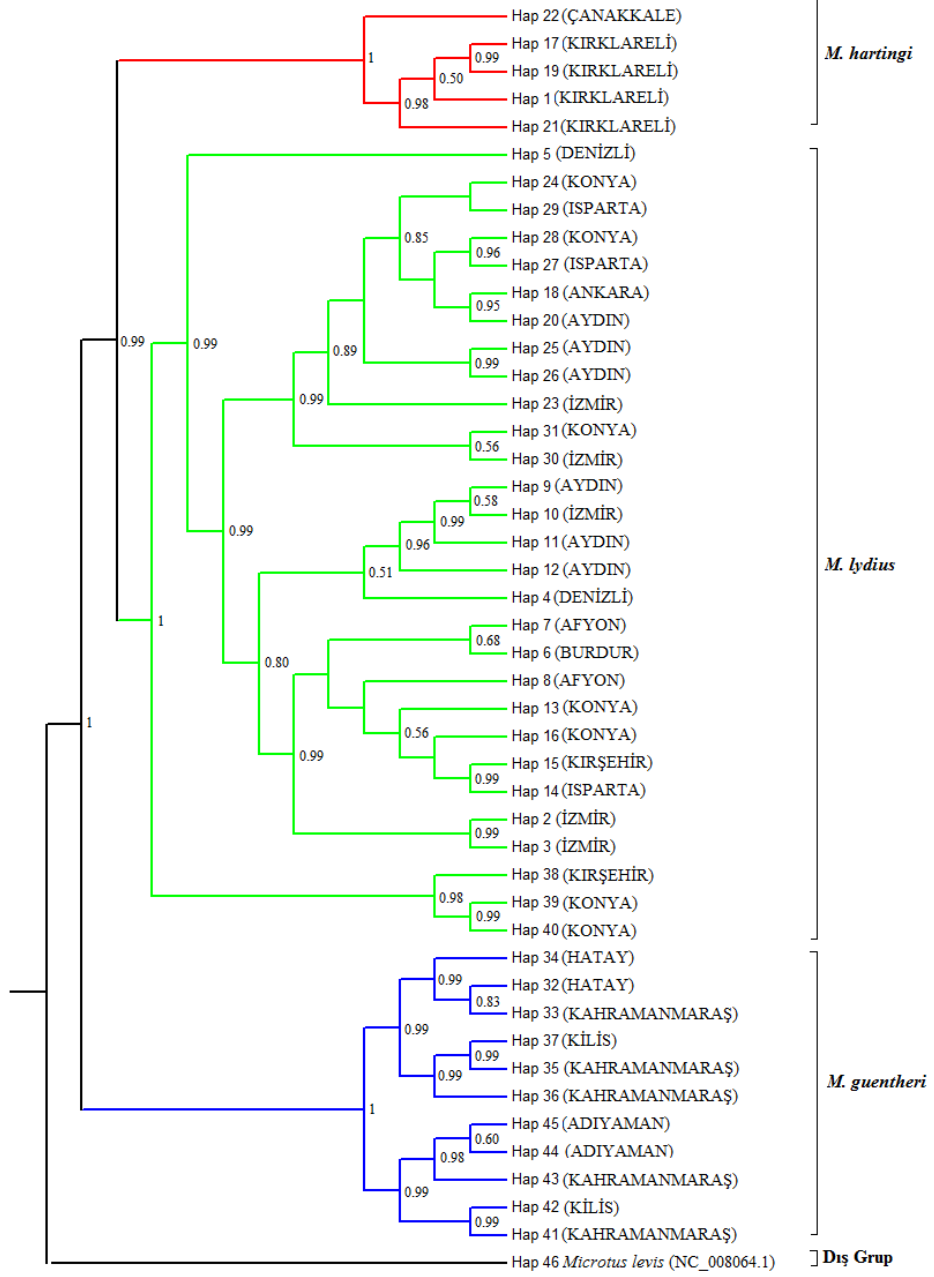
Bayesian Ağacı’nda ise, *M. hartingi*, *M. lydius* ve *M. guentheri* türleri birbirlerinden ayrılmış olup, farklı türlerin haplotipleri bir araya gelmemiştir. *M. hartingi* *M. lydius*’tan % 78 güvenilirlik ile ayrılırken, *M. guentheri* de bu 2 türden % 94 güvenilirlik ile ayrılarak farklı bir klad oluşturmuştur (Şekil 4.29).



Şekil 4.26 HKY+G Parametresi baz alınarak oluşturulan birleştirilmiş dizilere ait Maksimum Likelihood (ML) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)



Şekil 4.28 p -distance parametresi baz alınarak oluşturulan birleştirilmiş dizilere ait Neighbour Joining (NJ) ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerlerinin bir kısmı belirtilmemiştir)

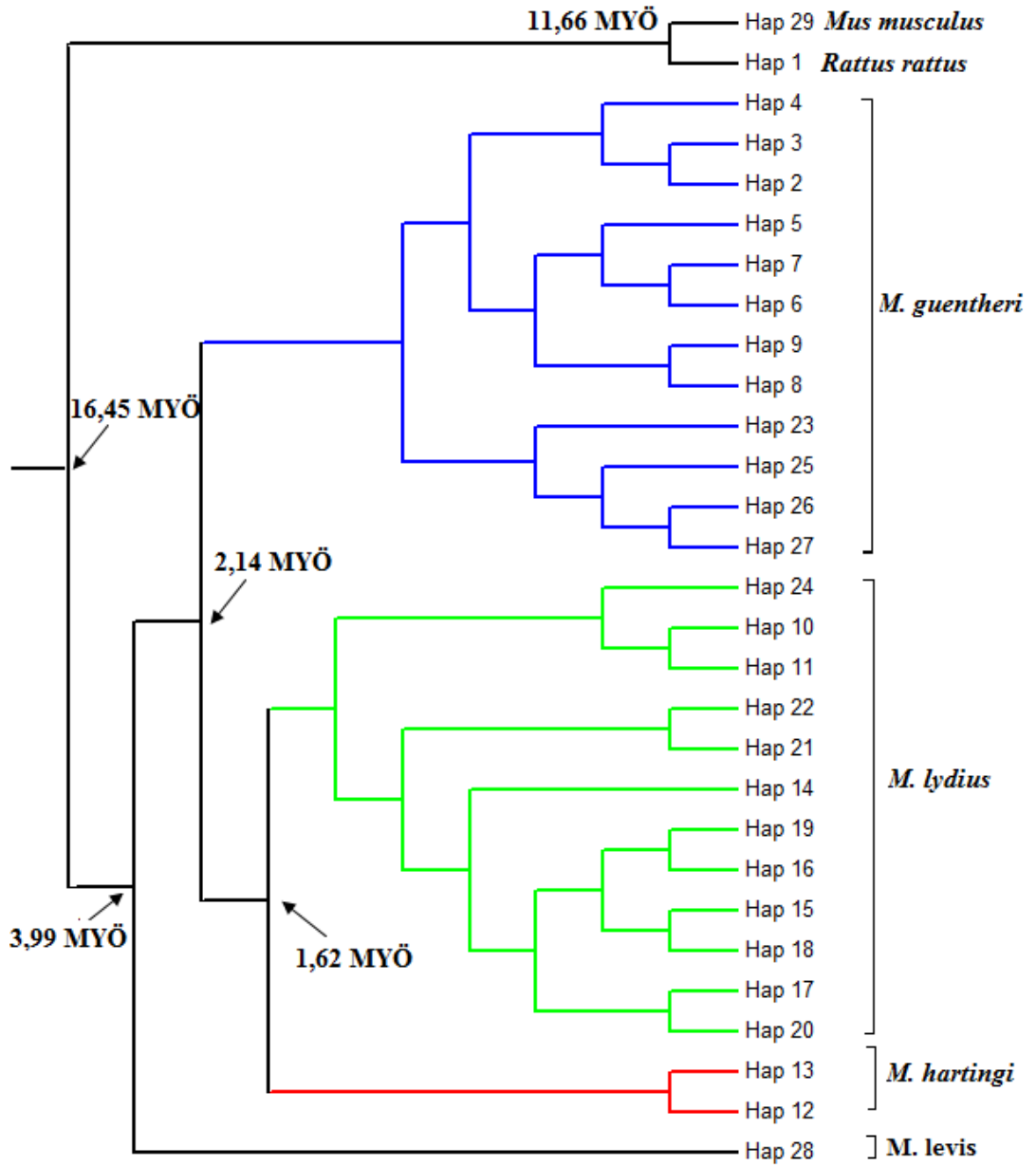


Şekil 4.29 HKY+G Parametresi baz alınarak oluşturulan birleştirilmiş dizilere ait Bayesian MCMC ağacı (% 50'nin altındaki bootstrap değerleri belirtilmemiştir)

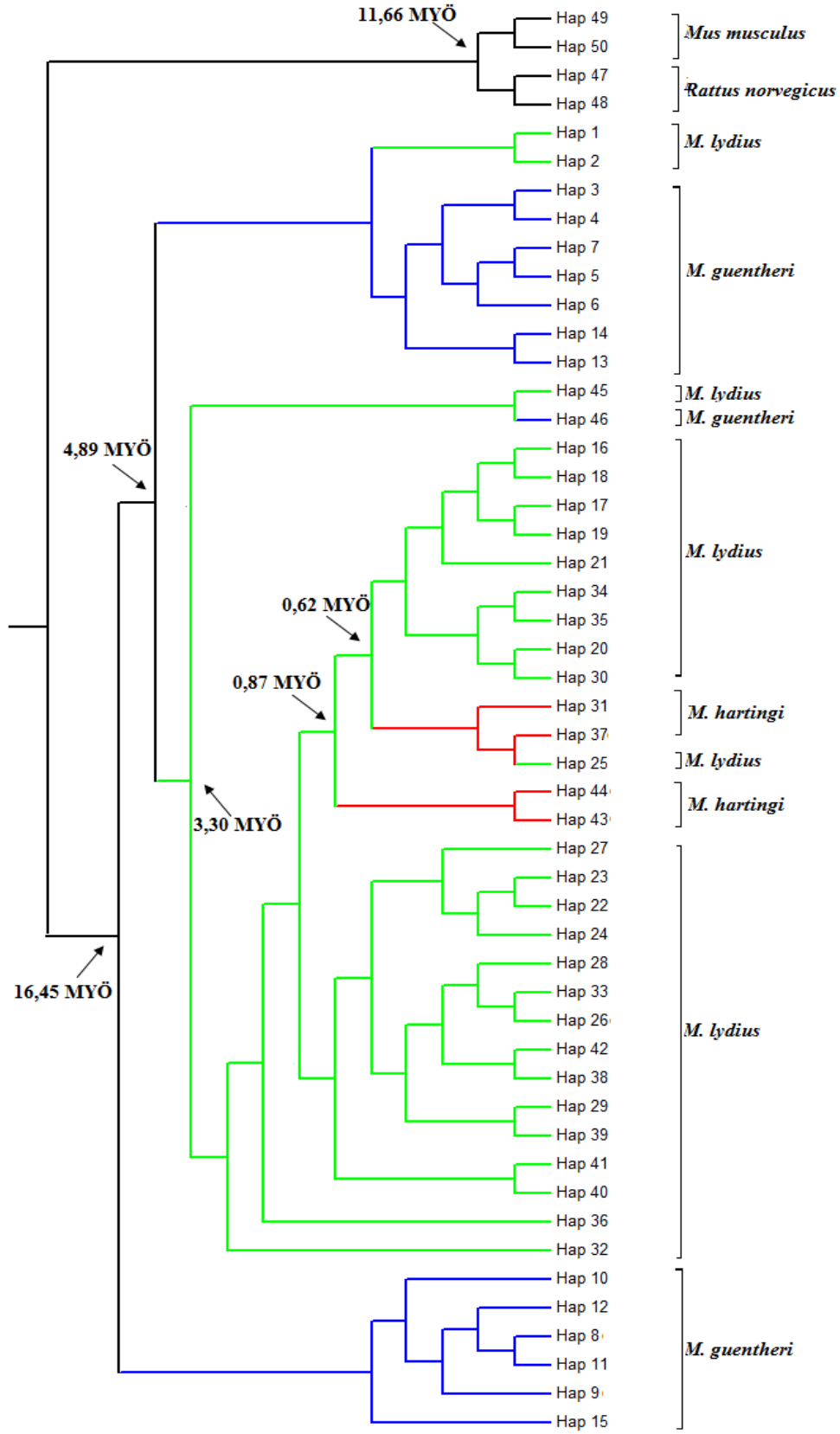
4.6 Evrimsel Ayrılma Zamanları

Microtus lydius, *Microtus hartingi* ve *Microtus guentheri* türlerinin olası ayrılma zamanları COX1, Cyt-*b*, 12S rRNA dizilerinin analizi ile Beast v1.75 Programı'nda (Drummond ve Rambaut 2007) saptanmaya çalışılmıştır. Bu bağlamda, memeli mtDNA'sının divergens oranının 1 milyon yılda % 2 olduğu göz önüne alınmış (Avice vd. 1998) ve *Mus* ve *Rattus* cinslerinin ayrılma zamanı (11,7 MYÖ) (Barome vd. 2001, Kennis vd. 2011) kalibrasyon noktası olarak kabul edilmiştir.

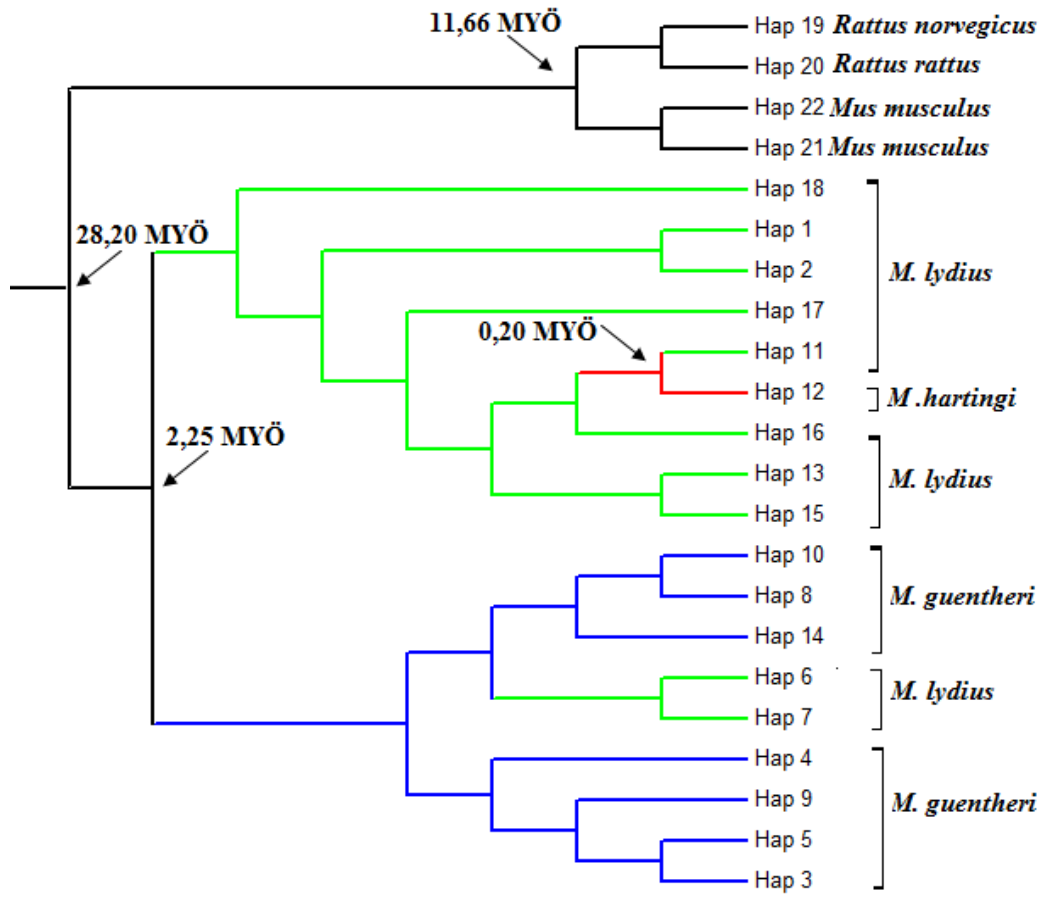
COX1 bölgesi kullanılarak yapılan analizlerde *M. hartingi*'nin *M. lydius*'tan 1,62 MYÖ ayrıldığı, *M. guentheri*'nin ayrılma zamanının ise 2,14 MYÖ olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.30). Cyt-*b* bölgesi ile yapılan analizlere göre ise, *M. hartingi* haplotipleri *M. lydius* haplotiplerinden 0,73 MYÖ ayrılırken, *M. guentheri* bu 2 türden 4,89 MYÖ ayrılmıştır (Şekil 4.31). 12S rRNA verilerine göre, *M. hartingi* ve *M. lydius* haplotipleri 0,20 MYÖ birbirinden ayrılmış olup, *M. guentheri*'nin ayrılma zamanı 2,25 MYÖ olarak bulunmuştur (Şekil 4.32).



Şekil 4.30 COX1 dizilerine göre belirlenen evrimsel ayrılma zamanları



Şekil 4.31 Cyt-*b* dizilerine göre belirlenen evrimsel ayrılma zamanları



Şekil 4.32 12S rRNA dizilerine göre belirlenen evrimsel ayrılma zamanları

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Guentheri grubu türlerin taksonomisi ile ilgili yapılmış ülkemizden son yıllarda yapılmış çalışmalar; Yiğit ve Çolak (2002), Jaarola vd. 2004, Kryštufek vd. 2009 ve 2012, Thanou vd. 2012, Yiğit vd. 2012, Zima vd. 2013 ve Markov vd. 2014 çalışmalarıdır. Bu çalışmalardan en kapsamlı morfolojik ve biyometrik değerlendirmenin yapıldığı Yiğit ve Çolak (2002)'nin çalışmasında, Güneydoğu Anadolu'da yayılış gösteren *Microtus guentheri*'nin Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarından farklı olduğu vurgulanmış; ayrıca Batı ve İç Anadolu örnekleri *Microtus lydius* olarak tanımlanırken, Batı Anadolu'nun kıyı kesimlerine ait örneklerin *Microtus lydius lydius* olduğu belirtilmiş ve İç Anadolu örnekleri ise *Microtus lydius ankaraensis* alttürü olacak şekilde tanımlanmıştır. Avrupa örneklerinin taksonomik durumunun ise tekrar değerlendirmeye alınması gerektiği belirtilmiştir.

Yiğit vd. (2012) kafatası, post ve bakulum özelliklerinin incelendiği çalışmalarında, Bulgaristan ve Türkiye'nin Trakya kesimindeki türün *Microtus guentheri* olamayacağını, öncelik kuralına göre *Microtus hartingi* olarak isimlendirilmesi gerektiğini belirtmişlerdir. Batı Anadolu populasyonunu ise morfolojik ve istatistiksel kanıtlara dayanarak *Microtus lydius* olarak tanımlamışlardır. Bu çalışmada da Batı Anadolu populasyonu için *M. lydius* tür ismi kullanılmıştır.

Markov vd. (2014) ise, metrik olmayan niteliksel kafatası karakterlerini baz alarak yaptıkları çalışmada, Anadolu ve Balkanlar'da yayılış gösteren "Guentheri grubu"nun tamamen tek bir türe (*Microtus guentheri*) ait olamayacağını altını çizmişlerdir. Yiğit ve Çolak (2002) çalışmasını destekleyecek şekilde, *Microtus lydius*'un alttürleri olan *M. l. lydius* ve *M. l. ankaraensis*'in yüksek oranda benzerlik gösterdiğini, *Microtus guentheri*'nin ise bu iki alttüre, Avrupa populasyonlarına göre daha yakın olduğunu bulmuşlardır.

Bu tez çalışmasında kullanılan örneklerin morfolojik incelenmesinde *M. guentheri* ve diğer örnekler arasında Yiğit ve Çolak (2002) tarafından bahsedilen post özellikleri benzer olarak belirlenmiştir. Biyometrik değerlendirme yapmaksızın, karşılaştırmalı

olarak incelediğimiz kafatası örneklerinde çok belirgin farklar ortaya konulamamıştır. Post ve kafatası morfolojilerine ait saptadığımız özellikler genel olarak Yiğit ve Çolak 2002 ve Yiğit vd. 2012 çalışmaları ile uyumludur.

Zima vd. (2013)'ün kromozom bantlama yöntemi kullandıkları çalışmalarda, Güneydoğu Avrupa (Trakya ve Yunanistan) örnekleri *Microtus hartingi* olarak dikkate alınırken, Batı ve Doğu Anadolu örnekleri *Microtus guentheri* olarak ele alınmış; her iki türün $2n= 54$ diploid kromozom sayısına sahip olmakla birlikte, Güneydoğu Avrupa ve Anadolu örneklerinde C-heterokromatin bantlarının sayısı ve dağılımında farklılıklar olduğu belirtilmiştir. Aynı zamanda, *Microtus hartingi* ve Batı Anadolu'daki *Microtus guentheri* populasyonlarının Doğu Anadolu'daki *Microtus guentheri* populasyonlarına göre daha yakın oldukları, ancak bu iki türün taksonomik ayrımlarının sitogenetik açıdan tatmin edici olmadığı vurgulanmıştır.

Türkiye'deki Guentheri grubu örneklerini de kapsayan ilk moleküler sistematik çalışması Jaarola vd. 2004 tarafından yapılmıştır. Bu çalışmada, *M. guentheri* türünün Yunanistan örnekleri İsrail ve Suriye örneklerinden % 55 güvenilirlik oranı ile ayrılmıştır. Ayrıca, yakın türler olduğu öne sürülen *M. guentheri* ve *M. dogramacii* türlerinin yakın zamanda ayrıldığı belirtilmiştir.

Bu çalışmayı takiben,

Kryštufek vd. (2009, 2012) Sitokrom-*b* gen bölgesini esas alarak, *Microtus* cinsinin sistematigi ile ilgili çalışmalarını yayınlamışlardır. Bu çalışmalarında, Guentheri soy hattını Batı (Makedonya, Yunanistan, Türkiye'nin İç, Batı ve Trakya bölgeleri) ve Güney (Suriye ve İsrail) olmak üzere 2 gruba ayırmışlar ve Maximum Likelihood ve Bayesian MCMC dendrogramları ve Kimura-2 genetik uzaklık değerlerine göre, Batı hattının *Microtus hartingi*, Doğu hattının ise *Microtus guentheri* olarak adlandırılması gerektiğini vurgulamışlardır. Aynı zamanda, *M. guentheri*'nin Batı Anadolu'da yayılış gösteren $2n= 48$ kromozomlu *Microtus dogramacii* (Kefelioğlu ve Kryštufek 1999) ile çok yakın türler olduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışmalarda da Yiğit ve Çolak (2002) ve Yiğit vd. (2012) tarafından belirtildiği gibi *M. guentheri*'nin Batı populasyonundan ayrı

bir tür olduđu vurgulanmıřtır. Ancak, Yiđit ve olak (2002) ve Yiđit vd. (2012) alıřmalarının tersine Batı Anadolu rnekleri de Trakya ile benzer řekilde *M. hartingi* olarak dikkate alınmıřtır.

Sitokrom-*b* gen blgesi kullanılarak yapılan bir diđer alıřmada (Thanou vd. 2012), Guentheri grubu Batı (Yunanistan, Kırřehir ve Kırıkkale) ve Gney (Suriye ve İsrail) olarak 2 hat řeklinde ele alınmıřtır. Bayesian MCMC ve Maximum Likelihood ađaları ve *p*-distance genetik uzaklık deđerleri, Kryřtufek vd. (2009, 2012) ile benzer řekilde, Batı ve Gney hatlarının yksek oranda farklılık gsterdiđini, Batı hattının *Microtus hartingi*, Gney hattının *Microtus guentheri* olabileceđini gstermektedir. Aynı zamanda, Batı hattının Balkan ve Trkiye rneklerinin orta derecede de olsa, farklılık gsterdiđini, bunun da son buzul devrinden sonra Yunanistan ve Anadolu'nun deniz seviyesinin ykselmesinden dolayı ayrı kalmasından kaynaklandıđı belirtilmiřtir.

Bu tez alıřmasında, Sitokrom oksidaz-1 (COX1), Sitokrom-*b* ve 12S rRNA blgeleri alıřılmıřtır. COX1 geninin sekans evrim hızının yeterince yksek olmasından tr (Hebert vd. 2003), trlerin ayırımında (Pfunder vd. 2004) ve yakın zamanda ayrılmıř trlerin sistematiklerinin aydınlatılmasında (Zardoya ve Meyer 1996) kullanıřlı olduđu, *Microtus* cinsi ve diđer rodentler ile yapılan alıřmalarda gsterilmiřtir (Pfunder vd. 2004, Partridge vd. 2007, Jiang vd. 2012). Sitokrom-*b* ise, hem hızlı evrimleřen hem de iyi korunmuř sekans dizilerine sahiptir ve yakın akraba trlerin yanı sıra, daha eski filogenetik iliřkileri olan trlerin alıřılmasında sıklıkla kullanılmaktadır (Avice 1994, Avice vd. 1994, Irwin vd. 1991). 12S rRNA geni de, yakın zamanda meydana gelen evrimsel olayların arařtırılmasında (Hillis ve Dixon 1991) ve ailya, cins ve tr iindeki filogenetik iliřkilerin alıřılmasında kullanılan ideal bir gen blgesidir (Douzery ve Catzeflis 1995, Ledje ve Arnason 1996, Gatesy vd. 1997, Halanych ve Robinson 1999, Wang vd. 2003).

Hesaplanan nkleotit yer deđiřim oranları alıřılan 3 gen blgesindeki transisyon ve transversiyon deđerlerini gstermektedir. Transisyon; bir prin nkleotidin (Adenin ve Guanin) bařka bir prin nkleotide ya da bir pirimidin nkleotidin (Timin, Urasil ve Sitozin) bařka bir pirimidin nkleotide dnřmesidir. Transversiyon ise, bir prin

nükleotidin bir pirimidin nükleotide ya da bir pirimidin nükleotidin bir pürin nükleotide dönüşümüdür. Transisyon olayları transversiyon olaylarına göre daha sık gerçekleşmektedir (Gojobori vd. 1982, Irwin vd. 1991, Kocher ve Wilson 1991, Nei ve Kumar 2000). Transisyon miktarı (P) ile transversiyon miktarı (Q) oranı R (P/Q) ile gösterilmektedir. Bu R değeri *M. guentheri* için COX1 bölgesinde 2,99, Cyt-*b* bölgesinde 9,8, 12S rRNA bölgesinde ise 1,45 olarak bulunmuştur. Batı Anadolu popülasyonu (*M. lydius*) için ise, COX1 bölgesinde 16,84, Cyt-*b* bölgesinde 2,02, 12S rRNA bölgesinde ise 2,3 olarak bulunmuştur. Trakya popülasyonu (*M. hartingi*)'nin R değeri COX1 bölgesinde 1,002, Cyt-*b* bölgesinde 0,394, 12S rRNA bölgesinde ise 0,468 olarak bulunmuştur. Guentheri grubu bütün olarak ele alındığında ise, R değeri COX1 bölgesinde 7,14, Cyt-*b* bölgesinde 2,59, 12S rRNA bölgesinde ise 2,434 olarak bulunmuştur. Tryfonopoulos vd. (2008) R değerini Cyt-*b* için 3,8 olarak, 12S rRNA için ise 4,1 olarak bulmuştur. Kryštufek vd. 2012 Cyt-*b* için R oranını 4,5 olarak vermiştir. Thanou vd. 2012 ise Cyt-*b* bölgesi için R değerini 2,5 olarak bulmuştur. Vigilant vd. (1991) R değerinin mitokondriyal genlerde genellikle 2'nin üzerinde, bazen de 15 ve üstü olabileceğini belirtmiştir. Bu tez çalışmasındaki değerler yüksek çıkan *M. guentheri*'ye ait Cyt-*b* bölgesi hariç, önceki çalışmalarla uyum göstermektedir. COX1 ve 12S rRNA bölgeleri Guentheri grubu türlerinde daha önce çalışılmadığı için, karşılaştırma imkanı bulunamamıştır. Sonuçlardan görüldüğü gibi, R değerleri COX1 bölgesinde diğer bölgelere göre çok daha yüksektir ve bu durum COX1 bölgesinin daha fazla transisyon biriktirdiğini göstermektedir. Cyt-*b* ve 12S rRNA bölgelerindeki daha düşük R değerleri de söz konusu bölgelerde daha fazla transversiyon biriktiğini işaret etmektedir. Transversiyon birikimi daha yavaş olduğu için, derin filogenetik ilişkilerin araştırmalarında kullanılırlar (Lockhart vd. 1995, Randi ve Lucchini 1998, Kimball vd. 1999, Randi vd. 2001). Bu bakımdan, Guentheri grubu gibi yakın zamanda ayrılması muhtemel türlerin ayırımında COX1 geninin daha kullanışlı olabileceği sonucu çıkarılabilir.

Çalışılan Guentheri grubu türlerinin Kimura-2 Parametresi'ne göre bulunan genetik uzaklık (*d*) değerleri Çizelge 4.8, 4.17 ve 4.28'de verilmiştir. COX1 bölgesinde ortalama genetik uzaklık değerleri *M. guentheri*-*M. lydius* için $d= 0,074\pm0,009$, *M. guentheri*-*M. hartingi* için $d= 0,071\pm0,010$ ve *M. lydius*-*M. hartingi* için $d= 0,013\pm0,003$

iken, net genetik uzaklık deęerleri *M. guentheri*-*M. hartingi* arası $d= 0,042\pm0,007$, *M. guentheri*-*M. lydius* arası $d= 0,037\pm0,006$ ve *M. lydius*-*M. hartingi* arası $d= 0,005\pm0,002$ çıkmıştır. Cyt-*b* bölgesinde ise ortalama genetik uzaklık deęerleri *M. guentheri*-*M. lydius* için $d= 0,077\pm0,009$, *M. guentheri*-*M. hartingi* için $d= 0,072\pm0,009$ ve *M. lydius*-*M. hartingi* için $d= 0,017\pm0,002$ iken, net genetik uzaklık deęerleri *M. guentheri*-*M. hartingi* arası $d= 0,042\pm0,007$, *M. guentheri*-*M. lydius* arası $d= 0,036\pm0,006$ ve *M. lydius*-*M. hartingi* arası $d= 0,002\pm0,000$ çıkmıştır. Son olarak, 12S rRNA bölgesinde ortalama genetik uzaklık deęerleri *M. guentheri*-*M. lydius* ve *M. guentheri*-*M. hartingi* için sırasıyla $d= 0,011\pm0,003$ ve $d= 0,011\pm0,002$ iken, *M. lydius*-*M. hartingi* için $d= 0,003\pm0,004$ olarak bulunmuştur; net genetik uzaklık deęerleri *M. guentheri*-*M. hartingi* arası $d= 0,009\pm0,003$, *M. guentheri*-*M. lydius* arası $d= 0,006\pm0,003$ ve *M. lydius*-*M. hartingi* arası $d= 0,002\pm0,003$ olarak bulunmuştur. Önceki çalışmalara bakıldığında, Kryštufek vd. 2009 Cyt-*b* bölgesi için *M. guentheri*'nin Balkanlar ve Anadolu popülasyonlarından ortalama uzaklığını % 6,10 ve net % 5,42, Kryštufek vd. 2012 ise ortalama uzaklığını % 6,75 ve net % 6,06 olarak bulmuştur. Thanou vd. 2012 *p*-distance parametresine dayanarak *M. guentheri*'nin Yunanistan ve Türkiye'nin Trakya popülasyonlarının net uzaklığını % 0,06, Yunanistan ve Güney (Suriye ve İsrail) popülasyonlarının net uzaklığını % 6,3, Batı Anadolu ve Güney (Suriye ve İsrail) popülasyonlarının net uzaklığını % 5,8 olarak vermiştir. Buradan görüldüğü gibi *M. guentheri*'nin diğer türlerden genetik olarak farklılık gösterdiği, *M. lydius* ve *M. hartingi*'nin birbirlerine oldukça yakın oldukları anlaşılmaktadır. Bu çalışmada Cyt-*b*'den elde edilen genetik uzaklık deęerleri yukarıdaki araştırmaların sonuçlarıyla uyumludur. Genetik uzaklık deęerlerinin göreceli olarak düşük olması *Microtus* türlerinin 0,5-3,5 milyon yıl gibi yakın zamanlı ayrılmalarından (Lenskaya vd. 2010) kaynaklandığı düşünülebilir.

Çizelge 5.1'ye bakıldığında her 3 gen bölgesi için nükleotit çeşitlilik deęerlerinin *M. guentheri* ve *M. lydius* örneklerinde yüksek olduğu, *M. hartingi*'de ise oldukça düşük olduğu görülmektedir. Bu durumda, Trakya'nın Anadolu'dan köken aldığı ve kenar popülasyonu olması bakımından daha az nükleotit çeşitliliğine sahip olduğu söylenebilir.

Çizelge 5.1 Guentheri grubu türlerinin nükleotit çeşitliliklerinin (Pi) karşılaştırılması

Gen Bölgeleri	Nükleotit Çeşitliliği (Pi)		
	<i>M. guentheri</i>	<i>M. hartingi</i>	<i>M. lydius</i>
COX1	0,054	0,0008	0,015
Cyt- <i>b</i>	0,122	0,009	0,027
12S rRNA	0,007	0,000	0,003

Gruplar arası genetik farklılaşma (Fiksasyon indeksi-*Fst*) ve gen akışı (*Nm*) değerleri daha çok tür içi popülasyonların analizlerinde tercih edilmesine karşın, Guentheri grubu türlerinin taksonomik durumları belirsiz olduğu için analizlerde *Fst* ve *Nm* değerleri de hesaplanmıştır. DNASP 5.10.1 (Rozas vd. 2003) programı kullanılarak elde edilen *Fst* değerleri Çizelge 4.9, 4.19 ve 4.28’de verilmiştir. COX1 gen bölgesi için en yüksek *Fst* değeri *M. guentheri*-*M. hartingi* arasında bulunurken (*Fst*= 0,58810) en düşük *Fst* değeri *M. lydius*-*M. hartingi* arasında bulunmuştur (*Fst*= 0,38721). Cyt-*b* dizileri kullanılarak yapılan analizlerde ise en yüksek *Fst* değeri *M. guentheri*- *M. hartingi* arasında bulunmuş (*Fst*= 0,58327), en düşük *Fst* değeri ise *M. lydius*- *M. hartingi* arasında bulunmuştur (*Fst*= 0,09258). 12S rRNA bölgesinde ise en yüksek *Fst* değeri *M. guentheri*- *M. hartingi* arasında bulunurken (*Fst*= 0,66875) en düşük *Fst* değeri *M. lydius*- *M. guentheri* arasında bulunmuştur (*Fst*= 0,45183). Bu durumda, en yüksek genetik farklılaşmanın *M. guentheri* ve *M. hartingi* arasında olduğu görülmektedir. *Fst* değerlerinin 0,05 ve daha az olduğu durumlarda genetik farklılaşmanın ihmal edilebilir düzeyde olduğu, 0,25’ten büyükse önemli ölçüde bir genetik farklılaşma olduğu göz önüne alınırsa, özellikle *M. guentheri*- *M. hartingi* ve *M. guentheri*- *M. lydius* arasında dikkate değer tür seviyesinde bir farklılaşma olduğu, daha düşük oranda da *M. hartingi*-*M. lydius* farklılaşmasının olduğu söylenebilir.

Popülasyonlar arası gen akışı (*Nm*) değerleri ise *Fst* değerleri kullanılarak; $Nm = 0,25 (1-Fst) / Fst$ formülü ile hesaplanmıştır (4.10, 4.20 ve 4.29). Buradan görüldüğü üzere, genetik farklılaşma ve gen akışı arasında ters bir orantı vardır. COX1 gen bölgesi kullanılarak hesaplanan *Nm* değerlerine bakıldığında, en yüksek olası gen akışı *M. hartingi* ve *M. lydius* arasında (*Nm*= 0,39), en düşük gen akışı ise *M. guentheri* ve *M. hartingi* arasında çıkmıştır (*Nm*= 0,17). Cyt-*b* bölgesinde ise, en yüksek *Nm* değeri *M. hartingi* ve *M. lydius* arasında (*Nm*= 2,45), en düşük *Nm* değeri ise *M.*

guentheri ve *M. hartingi* arasında çıkmıştır (Nm= 0,18). Son olarak, 12S rRNA bölgesinde, en yüksek Nm değeri *M. guentheri* ve *M. lydius* arasında (Nm= 0,30), en düşük Nm değeri ise *M. guentheri* ve *M. hartingi* arasında çıkmıştır (Nm= 0,12). Nm değerlerinin 1'den küçük olması durumunda genetik farklılaşmanın önemli ölçüde olduğu dikkate alınır, *M. guentheri* Trakya ve Batı Anadolu'dan genetik olarak önemli ölçüde farklılaşma göstermektedir. *M. hartingi* ve *M. lydius* arasındaki Nm değerinin diğer bölgelerde 1'in altında olmasına karşın, 12S rRNA bölgesinde oldukça yüksek çıkmasından (Nm= 2,45) dolayı, *M. hartingi* ve *M. lydius* arasındaki genetik farklılaşmanın daha düşük seviyede olmasından kaynaklandığı söylenebilir.

COX1 gen bölgesi kullanılarak oluşturulan dendrogramlar *M. guentheri*'yi yüksek güvenilirlik değerleri ile *M. lydius* ve *M. hartingi*'den ayırmıştır. *M. hartingi* de yüksek güvenilirlik değerleri ile *M. lydius*'tan ayrılmıştır. Cyt-*b* gen bölgesine dayalı dendrogramlar da, *M. guentheri*'yi diğer 2 türden ayırmıştır, ancak *M. hartingi*'yi düşük güvenilirlik değerleri ile *M. lydius* ile aynı klada yerleştirmiştir. 12S rRNA dizileri baz alınarak oluşturulan ML ve MP dendrogramlarında da, *M. lydius*'un Konya haplotipleri (Hap 6 ve Hap 7) *M. guentheri* haplotipleri ile yakın çıkmasına karşın, *M. guentheri* diğer 2 türden ayrılmıştır ve *M. hartingi* düşük güvenilirlik değerleri ile *M. lydius* haplotipleri ile bir araya gelmiştir. NJ ve Bayesian MCMC ağaçlarında ise, diğer dendrogramlarda olduğu gibi *M. guentheri* ayrı bir hat oluşturmuş ve *M. hartingi* düşük güvenilirlik değerleri ile *M. lydius* ile aynı klada yerleşmiştir. COX1 gen bölgesinin Bayesian MCMC ağacı dışındaki diğer ağaçlarda, *M. lydius*'un bazı haplotipleri *M. guentheri* haplotipleri ile yakın filogenetik ilişkileri destekleyecek şekilde bir araya gelmiştir. Söz konusu gen bölgelerinin dizilerinin birleştirilmesi ile elde edilen Bayesian MCMC ağacı bu 3 türü birbirinden tamamen ayırmıştır. ML, MP ve NJ ağaçlarında da *Guentheri* grubu birbirinden ayrılmıştır, Bayesian MCMC ağacından farklı olarak, *M. lydius* kladından ayrılan birtakım haplotipler mevcuttur. Söz konusu dendrogramlarda *M. guentheri* bazal grup olarak görülmektedir. Aynı zamanda, bu dendrogramlar *Guentheri* grubunun parafiletikliğine işaret etmektedir. Çalışılan türlerin filogenetik ilişkilerinin araştırılmasında, COX1 gen bölgesinin en verimli marker olduğu, Cyt-*b* ve 12S rRNA'nın *M. guentheri*'yi yüksek olasılık değerleri ile konumlandırırken, *M. hartingi* için yetersiz kaldığı gözlenmiştir. Daha önce yapılan Cyt-*b* gen bölgesine

dayalı çalışmalar ile verilerimiz uyum göstermektedir. Kryštufek vd. (2009, 2012) Guentheri Grubu'nu Batı (Makedonya, Yunanistan, İç ve Batı Anadolu ve Trakya) ve Güney (Suriye ve İsrail) olarak 2 gruba ayırmış ve Batı Grubu'nu *M. hartingi* olarak tanımlarken, Güney Grubu'nu *M. guentheri* olarak tanımlamıştır. Thanou vd. 2012 ise, Batı Grubu (Yunanistan, Türkiye'nin Trakya bölgesi ve Batı Anadolu) ile Güney Grubu'nu (Suriye ve İsrail) birbirinden ayırmış ve Batı Grubu'nu *M. hartingi* olarak tanımlamıştır. Aynı zamanda, verilerinin Türk ve Balkan *M. hartingi* kladlarının farklılaşmasını işaret ettiğini, ancak divergens oranının düşük olduğunu (% 0,6) vurgulamıştır.

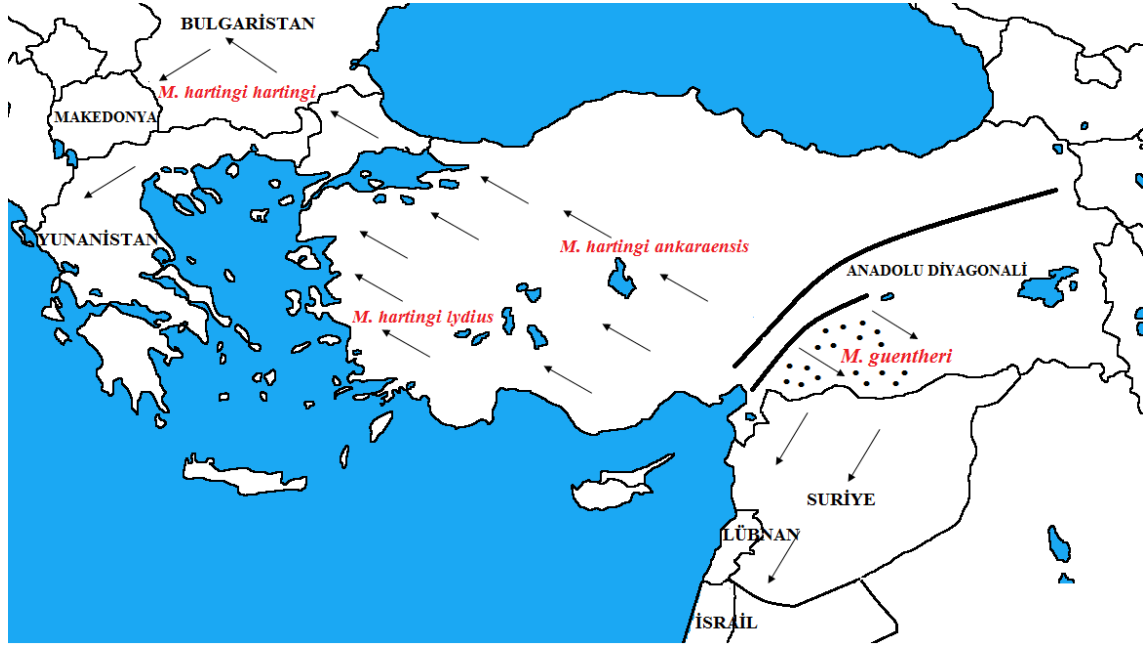
Evrimsel ayrılma zamanlarına bakıldığında, çalışılan gen bölgeleri farklı sonuçlar vermekle birlikte, *M. hartingi* haplotipleri *M. lydius* haplotiplerinden 1,62-0,20 MYÖ ayrılırken, *M. lydius* ve *M. guentheri* 4,89-2,19 MYÖ ayrılmış görülmektedir. Bu bağlamda, Trakya ve Batı Anadolu populasyonları yakın zamanda ayrılırken, *M. guentheri* diğer Guentheri türlerinden daha erken zamanda ayrılmıştır.

Guentheri grubu türlerinin yayılış alanının büyük bir kısmını içine alan Anadolu sahip olduğu habitat çeşitliliği ve ekolojik çeşitlilik ile türleşme ve farklılaşma merkezi olarak önemli bir görev yapmaktadır. Filocoğrafik olarak bakıldığında, Güneydoğu Anadolu'yu Batı Anadolu ve Trakya'dan ayıran Anadolu Diyagonali 1000 m'nin altında yaşamaya uyum sağlamış hayvan türlerinin geçişini önemli ölçüde engellemektedir. Verilerimize göre, *M. guentheri*'nin Trakya ve Batı Anadolu'dan filogenetik olarak farklı bir grup meydana getirmesi ve genetik uzaklık (*d*) ve genetik farklılaşma değerlerinin (*Fst*) diğer gruplara göre yüksek olması, diğer yazarlar tarafından öne sürülen (Kryštufek vd. 2009, Yiğit vd. 2002), *M. guentheri*'nin batıya geçişinin, Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarının ise güneye geçişinin Anadolu Diyagonali tarafından engellendiği ve her iki taraftaki populasyonların birbirinden farklılaştığı fikri ile uyum içindedir. Bazı Batı Anadolu haplotiplerinin *M. guentheri* haplotipleri ile bir araya gelmesi ise, *Microtus* türlerinin yakın zamanlı ayrılmalarının (0,5-3,5 MYÖ) (Lemskaya vd. 2010) ve hala devam eden türleşme süreçlerinin (Jaarola vd. 2004) göstergesi olarak Guentheri grubunun yakın filogenetik ilişkilerini destekler niteliktedir.

Geç Miyosen Dönemi'ne kadar (yaklaşık 16,8-5,1 MYÖ) Anadolu'da varlığını gösteren Paratetis Denizi bu dönemde meydana gelen Messinian Tuz Krizi neticesinde kurumuş ve bunun neticesinde denizin çekilmesi ile birlikte Anadolu'ya memeli hayvanların göçü başlamıştır (Görür vd. 1995). *Microtus* cinsi oldukça geniş bir yayılışa sahip olmasına rağmen, türlerin çoğu Anadolu, İran ve Kafkaslar'da bulunur (Shenbrot ve Krosnov 2005, Aulagnier 2009) ve bundan dolayı, Güneydoğu Asya'nın *Microtus* türleri için türleşme ve farklılaşma merkezi olduğu düşünülmektedir. Miyosen Dönemi'nde aynı zamanda, Anadolu'da vejetasyon yapısı değişmeye başlamış ve açık alanlar artmaya başlamıştır (Strömberg vd. 2007). Bu durum, çoğunluğu açık alanları tercih eden *Microtus* türlerinin yayılışına etkilemiş olabilir. Bu çalışmada elde edilen filogenetik ağaçlarda *M. guentheri*'nin bazal grup olarak çıkması ve nükleotit çeşitliliğinin doğuda yüksek çıkması, Güneydoğu Asya'dan köken alan Guentheri grubunun Paratetis Denizi'nin çevresindeki kuru alanlarda (muhtemelen İç Anadolu'nun doğu kısımları) bulunduğunu ve bu denizin kuruması ile Batı ve Güney'e yayıldığını düşündürmektedir (Şekil 5.1). Nitekim, *M. guentheri* ve *M. lydius*'un 4,89-2,14 MYÖ olarak belirlenen ayrılma zamanları bu hipotezi destekler niteliktedir.

Pliyosen Dönemi sonlarında (yaklaşık 2 MYÖ) oluşan İstanbul ve Çanakkale boğazlarının (Bacescu 1985, Tortonese 1985, Çağatay vd. 2000, Yaltırak vd. 2000) Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarını birbirinden ayırdığı ve gen akışının engellenmesi neticesinde bu populasyonların farklı türler haline geldiği bazı yazarlar tarafından önerilmektedir (Thanou vd. 2012, Yiğit vd. 2012). İstanbul Boğazı'nın Würm Buzul Devri (70.000-10.000 yıl önce) boyunca kapalı olduğu ve kara köprüsü görevi gördüğü bilinmektedir; ancak step formlarının geçişi olası değildir (Moreau 1955), dolayısıyla *Microtus* türlerinin geçişi de olasılık dahilinde görülmemektedir. *M. hartingi* haplotiplerinin *M. lydius* haplotiplerinden ayrılma zamanının 1,62- 0,20 MYÖ olduğu göz önüne alınırsa, bu 2 populasyonun birbirlerinden ayrı kalması ve farklılaşması yüksek olasılıktır. COX1 gen bölgesi ve birleştirilmiş dizilerin analizi ile oluşturulan ağaçlarda *M. hartingi*'nin yüksek güvenilirlik değerleri ile ayrılması, Cyt-b ve 12S rRNA dizilerine göre oluşturulan ağaçlarda ise oldukça düşük güvenilirlik değerleri ile *M. lydius* ile birleşmesi, bu hipotezi destekler niteliktedir. Ancak, genetik uzaklık (*d*) değerlerinin oldukça düşük olması bu Trakya ve Batı Anadolu

populasyonlarının yeni tür oluşumu için yeterli derecede farklılaşmadığını göstermektedir. Diğer taraftan, farklı tür olmadıkları varsayıldığı takdirde, F_{st} değerlerinin genel olarak 0,25'in üzerinde, Nm değerlerinin ise 12S rRNA bölgesi hariç 1'in altında olduğu düşünülürse, populasyonlar arası türleşmeye giden bir genetik farklılaşmadan bahsedilebilir.



Şekil 5.1 Guentheri grubunun Anadolu ve Trakya'ya yayılışı (noktalı alanlar köken almış olabileceği yerleri göstermektedir)

Sonuç olarak;

1. Genetik uzaklık değerleri, filogenetik ilişkileri gösteren dendrogramlar ve evrimsel ayrılma zamanları Guentheri grubu türlerin birbirlerine oldukça yakın türler olduklarını ve yakın zamanda ayrıldıklarını göstermektedir.
2. Oluşturulan dendrogramlara bakıldığında, Guentheri grubunda genel olarak parafiletiklikten bahsedilebilir.
3. *M. guentheri* Trakya ve Batı Anadolu'dan daha erken dönemde ayrılarak genetik ve morfolojik olarak farklılaşmıştır. Bu durumda *M. guentheri*'nin yayılış alanının Güneydoğu Anadolu, Suriye ve İsrail ile sınırlı kaldığı sonucu çıkarılabilir.
4. *M. guentheri*'nin filogenetik ağaçlarda bazal grup olarak konumlanması, Guentheri grubunun Anadolu'nun doğusundan köken aldığını desteklemektedir.

5. Trakya ve Batı Anadolu populasyonları morfolojik ve genetik olarak *M. guentheri*'den farklı tür/türler meydana getirmişlerdir. Ancak, Trakya ve Batı Anadolu populasyonları arasındaki farklılaşma, farklı türler olarak adlandırılmaları çalışılan 3 gen bölgesi bakımından yeterli seviyede değildir, bu bakımdan Trakya ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren Guentheri grubu türün Kryštufek vd. 2009 ve 2012 ile Thanou vd. 2012 ile uyumlu olarak, öncelik kuralı göz önüne alınarak *Microtus hartingi* (Barrett-Hamilton, 1903) türü olarak dikkate alınmasını destekler niteliktedir. Diğer taraftan, Trakya ve Batı Anadolu populasyonlarının İstanbul ve Çanakkale Boğazları ile ayrılmaları neticesinde yakın zamanda başlayan farklılaşmalarının tür oluşumu ile sonuçlanabileceği de öngörülmektedir. Bu kapsamda,

- 1) Trakya'da yayılış gösteren populasyonun *Microtus hartingi hartingi*
- 2) Batı Anadolu'nun kıyı kesimlerine ait örneklerin *Microtus hartingi lydius*
- 3) İç Anadolu örneklerinin *Microtus hartingi ankaraensis* olarak adlandırılması bu tez çalışması ile desteklenmektedir.

KAYNAKLAR

- Adkins, R. M., Gelke, E. L., Rowe, D. and Honeycutt, R. L. 2001. Molecular Phylogeny and Divergence Time Estimates for Major Rodent Groups: Evidence from Multiple Genes, *Mol. Biol. Evol.* 18(5), 777-791.
- 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. and Young, I. G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*. 290, 457-465.
- Avise, 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.
- Avise, J. C. 1994. *Molecular markers, natural history, and evolution*. Chapman and Hall Inc, 511, New York.
- Avise, J.C., Walker, D. and Johns, G.C. 1998. Speciation durations and Pleistocene effects on vertebrate phylogeography. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*. 265, 1707–1712.
- Aulagnier, S. 2009. *Mammals of Europe, North Africa and the Middle East*. A&C Black, 272, London.
- 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.
- Barome, P. O., Volobouev, V., Monnerot, M., Mfunu, J. K., Chitaukali, W., Gautun, J. C. and 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.
- Barret-Hamilton, G. E. H. 1903. On The New Voles Of The Subgenera *Pitymys* And *Microtus*, *Annals And Magazine of Natural History*. 11(63), 306-308.
- 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*. *Ann. Mag. Nat. Hist.* 7, 426-427.
- Brown, W. M., Prager, E. M., Wang, A. and Wilson, A. C. 1982. Mitochondrial DNA sequences of primates: tempo and mode of evolution. *Journal of Evolution*, 18, 225-239.
- Buckie, A.P. and Smith, R.H., 1994. *Rodent Pets and Their Control*. CAB int. Press, 405p, London.

- Carleton, M.D. and G.G. Musser. 1984. Muroid rodents. In S. Anderson and J.K. Jones, Jr.(editors), Orders and families of Recent mammals of the world: 289–379. New York: JohnWiley, 686 pp.
- Ceyhan, Z. 2007. Dogu Karadeniz Bölgesinde yayılıs gösteren Apodemus Kaup, 1829 (Mammalia: Rodentia) cinsinin morfolojik analizi. Yüksek lisans tezi. Ankara Üniversitesi.
- Cohen-Shlagman, L., Yom-Tov, Y. and Hellwing, S. 1984. The biology of the Levant vole, *Microtus guentheri*. Israel. II. The reproduction and growth in captivity. Z. Siiugetierk. 49, 148-156.
- Çağatay, M. N., Görür, N., Algan, O., Eastoe, C., Tchapylyga, A., Ongan, D., Kuhn, T., 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.
- Çiplak, B., Demirsoy and A., Bozcuk, A. N. 1993. Distribution of Orthoptera in relation to the Anatolian Diagonal in Turkey. Articulata. 8(1), 1-20.
- Çolak, E., Sözen, M., Yiğit, N. and Özkurt, Ş. 1998. A study on ecology and biology of *Microtus guentheri* Danford and Alston, 1880 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. Turkish Journal of Zoology. 22, 289-296.
- Danford, C.G. and Alston, R.E. 1880. On the mammals of Asia Minor. Part II. Proc. Zool. Soc. Lond. 50-64.
- Demirsoy A. 1999. Genel ve Türkiye Zoocografyası: Hayvan Cografyası. 2nd edn. Meteksan A.Ş. Press, Ankara, Turkey.
- Drummond, A.J. and Rambaut, A. 2007. BEAST: Bayesian Evolutionary Analysis by Sampling Trees. BMC Evolutionary Biology 7: 214. doi:10.1186/1471-2148-7-214.
- Douzery, E. and Catzeflis, F. M. 1995. Molecular evolution of the mitochondrial 12S rRNA in Ungulata (Mammalia). Journal of molecular evolution. 41(5), 622-636.
- Ellerman, J. R. 1941. The families and genera of living rodents. Vol. II. Family Muridae, British Museum (Natural History), 690, London.
- Ellerman, J. R. and Morrison-Scott, T. C. S. 1951. Checklist of Palaearctic and Indian mammals 1758 to 1946. order of the Trustees of the British Museum.
- Feldhamer, G. A., Drickamer, L. C. and Vessey, S. H. 2007. Mammalogy: adaptation, diversity, ecology. JHU Press, 643 PP.
- Felten, H., Spitzenberger, F.v and Storch, G., 1971. Zur Kleinsäugerfauna West Anatoliens. Teil I. Senck. Biol., 52: 393-424.

- Gatesy, J., Amato, G., Vrba, E., Schaller, G. and DeSalle, R. 1997. A cladistic analysis of mitochondrial ribosomal DNA from the Bovidae. *Molecular phylogenetics and evolution*. 7(3), 303-319.
- Glass, G. E., Yates, T. L., Fine, J. B., Shields, T. M., Kendall, J. B., Hope, A. G., Parmenter, C. A., Peters, J. C., Ksiazek, T. G., Li, C., Patz, J. A. and Mills, J. N. 2002. Satellite imagery characterizes local animal reservoir populations of Sin Nombre virus in the southwestern United States. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 99(26), 16817-16822.
- Gojobori, T., Li, W. H. And Graur, D. 1982. Patterns of nucleotide substitution in pseudogenes and functional genes. *J. Mol. Evol.* Vol: 18; pp. 360-369.
- Golenishchev, F.N., Sablina, O. V., Borodin, P. V. and Gerasimov, S. 2002. Taxonomy Of Voles Of Subgenus *Sumeriomys* Argyropulo, 1933 (Rodentia, Arvicolinae, *Microtus*). *Russian Journal Of Theriology*, 1(1), 43-55.
- Görür, N., Sakinç, M., Barka, A., Akkök, R. and Ersoy, Ş. 1995. Miocene to Pliocene palaeogeographic evolution of Turkey and its surroundings. *Journal of Human Evolution*. 28(4), 309-324.
- Gromov, I. M. and Polyakov I. Y. 1977. *Polevki (voles) (Microtinae): Fauna SSSR (Mammals)*. Nauka, Moscow.
- Gruder-Adams, S. and Getz, L. L. 1985. Comparison of the mating system and paternal behavior in *Microtus ochrogaster* and *M. pennsylvanicus*. *Journal of Mammalogy*, 165-167.
- Gyllensten, U., Wharton, D., Josefsson, A. and Wilson, A. C. 1991. Paternal inheritance of mitochondrial DNA in mice.
- Halanych, K. M. and Robinson, T. J. 1999. Multiple substitutions affect the phylogenetic utility of cytochrome b and 12S rDNA data: examining a rapid radiation in leporid (Lagomorpha) evolution. *Journal of Molecular Evolution*. 48(3), 369-379.
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*. 41, 95-98.
- Harrison, R. G. 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends in Ecology & Evolution*. 4(1), 6-11.
- Harrison, D. L. and Bates, P. J. J. 1991. *The Mammals of Arabia*. Sec. Ed. Kent/England: Harrison Zool. Museum Pub.
- Harting, J. E. (1893). *Observations on the Common Field Vole of Thessaly*.

- Hasegawa, M., Kishino, H. and 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.
- Hebert, P. D., Ratnasingham, S. and 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.
- Heyman, P, Van Mele and R, De Jaegere, F. 2002. Distribution of hantavirus foci in Belgium. *Acta Trop.* 84: 183– 188.
- Hillis, D. M. and Dixon, M. T. 1991. Ribosomal DNA: molecular evolution and phylogenetic inference. *Quarterly Review of Biology*. 411-453.
- Irwin, D. M., Kocher, T. D. and Wilson, A. C. 1991. Evolution of the cytochrome *b* gene of mammals. *Journal of molecular evolution*. 32(2), 128-144.
- Jaarola, M. and Searle, J. B. 2002. Phylogeography of field voles (*Microtus agrestis*) in Eurasia inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Ecology*. 11(12), 2613-2621.
- Jaarola, M., Martinkova, N., Gündüz, İ., Brunhoff, C., Zima, J., Nadachowski, A., Amori, G., Bulatova, N. S., Chondropoulos, B., Fraguadakis- Tsoilis, S., Gonzalez-Esteban, J., Lopez-Fustewr, M. J., Kandaurov, A. S., Kefelioğlu, H., Luz Mathias, M., Villate, I. and 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.
- Jiang, X., Gao, J., Ni, L., Hu, J., Li, K., Sun, F., Xie, J., Bo, X., Gao, C., Xiao, J. and Zhou, Y. 2012. The complete mitochondrial genome of *Microtus fortis calamorum* (Arvicolinae, Rodentia) and its phylogenetic analysis. *Gene*. 498(2), 288-295.
- Jukes, T. H. and Cantor, C. R. 1969. Evolution of protein molecules. *Mammalian protein metabolism*, 3, 21-132.
- Kefelioğlu, H., Kryštufek, B. 1999. The taxonomy of *Microtus socialis* group (Rodentia: Muridae) in Turkey, with the description of a new species. *Journal Nat. His.* 33, 289-303.
- Kennis, J., Nicolas, V., Hulselmans, J., Katuala, P. G., Wendelen, W., Verheyen, E., Dudu, A. M. and 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.

- Kimball, R.T., Braun, E.L., Zwartjes, P.W., Crowe, T.M. and Ligon, J.D. 1999. A molecular phylogeny of the pheasants and partridges suggests these lineages are polyphyletic. *Journal of Molecular Evolution*. 11, 38–54.
- 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.
- Kocher, T. D. and Wilson, A. C. 1991. Sequence evolution of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees: control region and a protein-coding region. In *Evolution of life* (pp. 391-413). Springer Japan.
- Kondo, R., Satta, Y., Matsuura, E. T., Ishiwa, H., Takahata, N. and Chigusa, S. I. 1990. Incomplete maternal transmission of mitochondrial DNA in *Drosophila*. *Genetics*. 126(3), 657-663.
- Kosswig, C. 1955. Zoogeography of the near East. *Systematic Zoology*. 4(2), 49-96.
- Kryštufek, B. and Vohralík, V. 2009. Mammals of Turkey and Cyprus. Rodentia II: Cricetinae, Muridae, Spalacidae, Calomyscidae, Capromyidae, Hystricidae, Castoridae. Koper, 372 pp.
- Kryštufek, B., Buzan, E. V., Vohralík, V., Zareie, V. and 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., Buzan and 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.
- Larkin, M. A., Blackshields, G., Brown, N. P., Chenna, R., McGettigan, P. A., McWilliam, H., Valentin, F., Wallace, I. M., Wilm, A., Lopez, A., Thompson, J. D., Gibson, T. J. and Higgins, D. G. 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0”, *Bioinformatics*. 23(21), 2947-2948.
- Lay, D. M. 1967. A Study of the Mammals of Iran: Resulting from the Street Expedition of 1962-63. *Field Museum of Natural History*. 54, 1-82.
- Ledje, C. and Arnason, U. 1996. Phylogenetic relationships within caniform carnivores based on analyses of the mitochondrial 12S rRNA gene. *Journal of Molecular Evolution*. 43(6), 641-649.
- Lemskaya, N., Romanenko, S., Golenishchev, F., Rubtsova, N., Sablina, O., Serdukova, N., O'Brien, P. M., Fu, B., Yiğit, N., Ferguson-Smith, M., Yang, F. and Graphodatsky, A. 2010. Chromosomal evolution of Arvicolinae Rodentia). III. Karyotype relationships of ten *Microtus* species. *Chromosome Research*. 18, 459-471.

- Lockhart, P.J., Penny, D. and Meyer, A. 1995. Testing the phylogeny of swordtail fishes using split decomposition and spectral analysis. *Journal of Molecular Evolution*. 41, 666–674.
- Markov, G., Yiğit, N., Çolak, E., Kocheva, M., Gospodinova and M. 2014. Epigenetic diversity and Similarity of the Voles of “Guentheri” Group (Mammalia: Rodentia) in Anatolian Peninsula and South-Eastern Part of the Balkan Peninsula. *ACTA ZOOLOGICA BULGARICA*. 66(2), 159-164.
- Misonne, X. 1957. Mammifères de la Turquie Sub-orientale et du nord de la Syrie. *Mammalia* 21, 53-67, 1957.
- Moreau, R. E. 1955, May. Ecological changes in the Palaearctic Region since the Pliocene. In *Proceedings of the Zoological Society of London*. Vol. 125, No. 1, pp. 253-295. Blackwell Publishing Ltd.
- Moritz, C., Dowling, T. E. and Brown, W. M. 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA: relevance for population biology and systematics. *Annual review of ecology and systematics*. 269-292.
- Musser, G. G. and Carleton, M. D. 2005. Superfamily Muroidea. In: D. E. Wilson & D. A. M. Reeder (Eds.), *Mammal species of the World: A taxonomic and geographic reference*, 3(2): 894-1531.
- Musser, G. G. and Carleton, M. D. (1993). Family Muridae. In: *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*, 2nd ed., D. E. Wilson and D. M. Reeder, eds., pp. 501-755, Smithsonian Institution Press, Washington, DC, and London.
- Nei, M. and Kumar, S. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press, Inc.
- Nowak, R. M. 1999. *Walker's Mammals of the World* (Vol. 1). JHU Press, 1936.
- Ognev, S.I. 1947. *Mammals of the U.S.S.R. and adjacent Countries*. Vol. V. Rodents. Moskova. 1-662.
- 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 the knowledge of *Microtus guentheri hartingi* from Thebes, Greece. *Mammalia*. 29(4), 489-506.
- Ondrias, J. C. 1966. *The taxonomy and geographical distribution of the rodents of* Bayerische Landwirtschaftsverlag.
- Osborn, D.J. 1962. Rodents of the subfamily Microtinae from Turkey. *J. Mammal*. 43: 515-529.

- Partridge, M. A., Davidson, M. M. and Hei, T. K. 2007. The complete nucleotide sequence of Chinese hamster (*Cricetulus griseus*) mitochondrial DNA. Full Length Research Article. Mitochondrial DNA. 18(5), 341-346.
- Pfunder, M., Holzgang, O. and Frey, J. E. 2004. Development of microarray-based diagnostics of voles and shrews for use in biodiversity monitoring studies, and evaluation of mitochondrial cytochrome oxidase I vs. cytochrome *b* as genetic markers. Molecular Ecology. 13(5), 1277-1286.
- Poulton, J. and Marchington, D. R. 2002. Segregation of mitochondrial DNA (mtDNA) in human oocytes and in animal models of mtDNA disease: clinical implications. Reproduction. 123(6), 751-755.
- Randi, E. and Lucchini, V. 1998. Organization and evolution of the mitochondrial DNA control region in the avian genus *Alectoris*. Journal of Molecular Evolution. 47, 449–462.
- Randi, E., Lucchini, V., Hennache, A., Kimball, R.T., Braun, E.L. and Ligon J.D. 2001. Evolution of the Mitochondrial DNA Control Region and Cytochrome *b* Genes and the Inference of Phylogenetic Relationships in the Avian Genus *Lophura* (Galliformes) Molecular Phylogenetics and Evolution, 06.
- Robins, J. H., Hingston, M., Matisoo-Smith, E., Ross and H. A. 2007. Identifying *Rattus* species using mitochondrial DNA. Molecular Ecology Notes. 7, 717–729.
- Rozas, J., Librado, P., Sánchez-Del Barrio, J. C., Messeguer, X. and Rozas, R. 2010. DnaSP Version 5 Help Contents [Help File], Available with the program at <http://www.ub.edu/dnasp/>.
- 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, 67, Ankara.
- Shenbrot, G. I. and Krasnov, B. R. 2005. Atlas of the geographic distribution of the arvicoline rodents of the world (rodentia, muridae: arvicolinae). agris.fao.org.
- Strömberg, C. A., Werdelin, L., Friis, E. M. and Saraç, G. 2007. The spread of grass-dominated habitats in Turkey and surrounding areas during the Cenozoic: phytolith evidence. Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology. 250(1), 18-49.
- Tamura, K. and 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.

- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. and Kumar, S. 2011. MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular biology and evolution*. 28(10), 2731-2739.
- Thanou, E., Fragedakis-Tsolis, St., Chondropoulos, B., Paragamian, K. and Lymberakis, P. 2011. Ancient DNA clarifies the systematic and phylogenetic status of the only vole species living in Africa. *BioSystematics Berlin 2011. Programme and Abstracts*. Freie Universität Berlin, Berlin, 355–356.
- 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.
- Tryfonopoulos, G., Thanou, E., Chondropoulos, B. and Fragedakis-Tsolis, Giorgos. 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.
- Veith, M., Schmidtler, J. F., Kosuch, J., Baran, I. and Seitz, A. 2003. Palaeoclimatic changes explain Anatolian mountain frog evolution: a test for alternating vicariance and dispersal events. *Molecular Ecology*. 12(1), 185-199.
- Vigilant, L., Stoneking, M., Harpending, H., Hawkes, K. and Wilson, A. 1991. African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science*. Vol:253; pp. 1503– 1507.
- Wang, C. H., Kuo, C. H., Mok, H. K. and Lee, S. C. 2003. Molecular phylogeny of elopomorph fishes inferred from mitochondrial 12S ribosomal RNA sequences. *Zoologica scripta*. 32(3), 231-241.
- Wilson D.E. and Reeder D.M. 2005. *Mammal species of the world. A taxonomic and geographic reference* (3rd ed.). John Hopkins University Press, Baltimore.
- Yaltırak, C., Sakinç, M. and Oktay, F. Y. 2000. Westward propagation of North Anatolian fault into the northern Aegean: Timing and kinematics. *Comment and Reply. Geology*, 28(2), 187-188.
- Yiğit, N. and Çolak, E. 2002. On the distribution and taxonomic status of *Microtus guentheri* (Danford and Alston, 1880) and *Microtus lydius* Blackler, 1916 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*. 26(2), 197-204.
- Yiğit, N., Çolak, E., Sözen, M. and Karataş, A. 2006. Rodents of Türkiye "Türkiye Kemiricileri", Demirsoy, A. (ed.), METEKSAN A.Ş., 154 , Ankara.

- Yiğit, N., Markov, G., Çolak, E., Kocheva M., Saygılı, F., Yüce, D. and Çam, P. 2012. Phenotypic features of the 'Guentheri' Group Vole (Mammalia: Rodentia) in Turkey and Southeast Bulgaria: Evidence for Its Taxonomic Detachment, *Acta zool. Bulg.*, 64(1), 23-32.
- Zardoya, R. and Meyer, A. 1996. Phylogenetic performance of mitochondrial protein-coding genes in resolving relationships among vertebrates. *Molecular biology and evolution*. 13(7), 933-942.
- Zima J., Kral B. 1984. Karyotypes of European Mammals. 2. // *Acta Sci. Nat. Brno*. 18, 8-62.
- Zima, J., Arslan, A., Benda, P., Macholán, M. and Kryštufek, B. 2013. Chromosomal variation in social voles: a Robertsonian fusion in Günther's vole. *Acta Theriologica*. 58(3), 255-265.

EKLER

EK 1 Sitokrom Oksidaz-1 Bölgesine Ait Haplotipler

EK2 Sitokrom-*b* Bölgesine Ait Haplotipler

EK3 12S rRNA Bölgesine Ait Haplotipler

EK 1 Sitokrom oksidaz-1 Bölgesine Ait Haplotipler

	10	20	30	40	50
Hap 1-Mus musculus	TCCAACGATAA	CCATTACAA	ATATATACTT	AATCATCTT	ACATTTTTC
Hap 2-Hatay	.AA.G.AT...	AATCCC.TG..	CTA.CC.G..	TCTGCAT.A.	TTACA.A..G
Hap 3-Kahramanmaras	.TA.GGAT...	AATCCA.AG..	CT..CC.G..	TC.GCAT.AG	TTACG.A..G
Hap 4-Hatay	.A..G.ATGT.	AATCCC.TG..	CT..CTGC..	TCTGCAT.A.	TTACA.A..G
Hap 5-Adiyaman	G..T...	GATCCCG....	CT..CC.A..	TC.GC.T.AG	TTACGCA..G
Hap 6-Adiyaman	G..T...	GATCCCG....	CT..CC.A..	TC.GC.T.AG	TTACGCA..G
Hap 7-Kahramanmaras	G..T...	GATCCCG....	CT..CC.A..	TC.GC.T.AG	TTACGCA..G
Hap 8-Kahramanmaras	G..T...	AATCCC.....	CT..CC.A..	TC.GC.T.AG	TTACGCA..G
Hap 9-Kilis	G..T...	AATCCC.....	CT..CC.A..	TC.GC.T.AG	TTACGCA..G
Hap 10-Denizli/Konya	C...G..T...	AATCCC.....	CT..CC.A..	TC.GC.T.AG	TTACG.A..G
Hap 11-Konya	C...G..T...	AATCCC.....	CT..CC.A..	TC.GC.T.AG	TTACG.A..G
Hap 12-Canakkale/Kirklareli	CT..G.AT...	AATCC.....	CT.GCT.A..	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 13-Canakkale	CT..G.AT...	AATCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 14- Burdur	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 15- Konya/Ankara/Isparta	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 16-Afyon	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 17-Isparta/Kirsehir	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 18-Konya	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 19-Isparta	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 20-Izmir/Aydin	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 21-Izmir/Aydin/Denizli	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 22-Aydin	CT..G.AT...	AATCCC.....	GCT.GCT.A.	TC.GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 23-Kilis	.T..G.AC...	AATCCC.....	CT..CC.A..	TC.GC.TCA.	TTGCG.A..G
Hap 24-Kirsehir	CT..G.AC...	AATCCC.....	CT..CC.A..	T..GC.TCA.	TTACG.A..G
Hap 25-Kahramanmaras	G.AT...	GATCCC.....	CT..CT.A..	TC.GC.TCAG	TTACG.A..G
Hap 26-Kahramanmaras	G.AT...	GATCCC.....	CT..CT.A..	TC.GC.TCAG	TTACG.A..G
Hap 27-Kilis	G.AT...	GATCCC.....	CT..CT.A..	T..GC.TCAG	TTACG.A..G
Hap 28-Microtus levis	.T.GG.....	AACCCC..G.	CTCGCC.A.	GTCT.C.TCA.	.CACAC.C.G
Hap 29-Rattus rattus	.TT.T.A...	GAA.....T.	C.A.A..CC.	C...C..T.C.	TTA.ACA.T.

	60	70	80	90	100	110
Hap 1-Mus musculus	AAAAA	TACTAGCA	ATACATA	ACATTTT	TATAAAT	CCTCCCACAA
Hap 2-Hatay	CG..G.C.CCA	A..GT..	A.C.C..G.T..	TATA...G.G...	C..GCTTT.A..	C.TAC
Hap 3-Kahramanmaras	CG..G.C.CC.	A..GT..	A.C.C..G.T..	TATAT.G...A..	GCTTTCA..C.	TAC
Hap 4-Hatay	CG..G.T.CC.	A..GT..	A.C.C..G.T..	TATATGT....	C..GCTT..A..	C.TAC
Hap 5-Adiyaman	CG...C.CC.	GG..GCT..	C.C..G.T..TATA..	GG...C..GCTTT.	AT.CCTAC	
Hap 6-Adiyaman	CG...C.CC.	G..GG..GCT..	C.C..G.T..TATA..	G...C..GCTTT.	AT.CCTAC	
Hap 7-Kahramanmaras	CG...C.CC.	G..GG..GCT..	C.C..G.T..TATA..	GG...C..GCTTT.	AT.CCTAC	
Hap 8-Kahramanmaras	CG..G.C.CC.	G..GCT..	C.C..G.T..TATG..	GG...C..GGCTTT.	AT.CCTAC	
Hap 9-Kilis	CG...C.CC.	G..GCT..	C.C..G.T..TATA..	GG...C..GGCTTT.	AT.CCTGC	
Hap 10-Denizli/Konya	CG..G.C.CC.	G..GC.....	C..G.T..TA.A.G.G.	C..GCTTT.	A.GC.TAC	
Hap 11-Konya	CG..G.C.CC.	G..GC.....	C..G.T..TA.A..G.	C..GCTTT.	A..C.TAC	
Hap 12-Canakkale/Kirklareli	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G...T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 13-Canakkale	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G...T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 14- Burdur	CG...C.CC.	C.A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G.GG.T...CCTT.	G..C.TAC	
Hap 15- Konya/Ankara/Isparta	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G..G.T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 16-Afyon	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G..G.T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 17-Isparta/Kirsehir	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..A.AT..	G..G.T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 18-Konya	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G..G.TA..CCTT.	A..C.TAC	
Hap 19-Isparta	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G..G.T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 20-Izmir/Aydin	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	GG...G..G.T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 21-Izmir/Aydin/Denizli	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G..G.T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 22-Aydin	CG...C.CC.	A.CGC.G..	C.C..G.T..TATAT..	G..G.T...CCTT.	A..C.TAC	
Hap 23-Kilis	CG...CACC.	G.CGC.G..	CC.CG.G.T..TATAT..	GG...C..GGC.TT.	A..C.TAC	
Hap 24-Kirsehir	CG...CACC.	G.CGC.G..	CC.CG.G.T..TATAT..	GG...C..GC.TT.	A..C.TAC	
Hap 25-Kahramanmaras	CG..G.C.CC.	A..GC...C.C..	G.T..TATATG.G...	T..GCCTT.A..	C.TAC	
Hap 26-Kahramanmaras	CG..G.C.CC.	A..GC...C.C..	G.T..TATATG.G...	T..GCCTT.A..	C.TAC	
Hap 27-Kilis	C..GG.C.CC.	A.CGC...C.C..	G.T..TATATG.....	T..GCCTT.A..	C.TAC	
Hap 28-Microtus levis	T..G..G..C..	C.A.CG...C.C..	G...TATA...C...	C..GCT...A..	C.TAC	
Hap 29-Rattus rattus	T.G..C..C..	A.GC..T.....	C.C.GGTC.CTA.....	C...C...AT.CT.	TC..C	

	120	130	140	150	160
Hap 1-Mus musculus	AAAACCAACCCCTTTTGTGGTTTATATTTTCCCTCCGACACTAAAA				
Hap 2-Hatay	T.CT...TTTATAC.AT.TTACCTG.A..CGA.A.TT..A.TG....				
Hap 3-Kahramanmaras	T.CT...TT.ATAC.AT.TTACCTG.A.A.GA.A.TT..A.TG....				
Hap 4-Hatay	T.CT...TT.ATAC.AT.TCACCTG.A..CGA.A.TT..A.TG....				
Hap 5-Adiyaman	T.CT...GTT.ATAC.AC.ATACCTG.....C..AC.T..A.T...G.				
Hap 6-Adiyaman	T.CT...CT.ATAC.AC.ATACCTG.....CC..AC.T..A.T...G.				
Hap 7-Kahramanmaras	T.CT...TT.ATAC.AC.ATACCTG.....CC..AC.T..A.T...G.				
Hap 8-Kahramanmaras	T.CT...TT.ATAC.AT.ATACCTG.....CC..AC....A.T...G.				
Hap 9-Kilis	T.CT...TT.ATAC.ATCATACCTG.....CC..AC.T..A.T...G.				
Hap 10-Denizli/Konya	TGCT...TT.ATACCAT.ATACCTG.....CC..AC.T..A.T....				
Hap 11-Konya	TGCT...TT.ATACCAT.ATACCTG.....CC..AC.T..A.T....				
Hap 12-Canakkale/Kirklareli	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CTG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 13-Canakkale	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CTG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 14- Burdur	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CCG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 15- Konya/Ankara/Isparta	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CCG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 16-Afyon	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CCG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 17-Isparta/Kirsehir	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CCG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 18-Konya	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CCG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 19-Isparta	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CCG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 20-Izmir/Aydin	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CCG.C..CC..GCTTA.A.T....				
Hap 21-Izmir/Aydin/Denizli	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CTG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 22-Aydin	T.CT...TT.ATACCGT.ACA.CTG.C..CC..ACTTA.A.T....				
Hap 23-Kilis	TGCT...TT.ATACCAT..CACCTG.C..CC..ACTT.GA.T....				
Hap 24-Kirsehir	TGCT...TT.ATACCAT..CACCTG.C..CC..ACTT.GA.T....				
Hap 25-Kahramanmaras	T..TT..TT.ATACCAT.TTACCTG.C..CC..AC.T..A.T....				
Hap 26-Kahramanmaras	T..T..TT.ATACCAT..CACCTG.C..CC..AC.T..A.T....				
Hap 27-Kilis	T..T..TT.ATACCAT.ACACCTG.C..C..AC.T..A.T....				
Hap 28-Microtus levis	C.TT..CTT.ATAC.AT.ATACCTG....C..T..T..A.T...GG				
Hap 29-Rattus rattus	C.CT.T.C.....CC.T.AC.C..AT.C..C.TT.TTA..TT.GC..				

	170	180	190	200
Hap 1-Mus musculus	TACTCCCTTACGACCATAAAAAACCGCTCTACACCCCATCTCC			
Hap 2-Hatay	C.TCTA.G.TTCC.ATCTCCTCA.AACAAC..TT.TAC..CTA			
Hap 3-Kahramanmaras	C.TCTA.A.TTCC.ATCTCCTCA.AACAAC..TT.TAC..CTA			
Hap 4-Hatay	C.TCTA.G.TTCC.ATCTCCTCA..GA.AC..TT.TAC..CTA			
Hap 5-Adiyaman	C.TCTATA.TTCC.ATCTCCCC...AC.ACT.TTT..T..C.A			
Hap 6-Adiyaman	C.TCTATA.TTCC.ATCTCCCC...AC.ACT.TTT..T..C.A			
Hap 7-Kahramanmaras	C.TCTATA.TTCC.ATCTCCCC...AC.ACT.TTT..T..C.A			
Hap 8-Kahramanmaras	C.TCTATA.TTCC.ACCTCTCC...AC.ACT.TTT..T..C.A			
Hap 9-Kilis	C.TCTATA.TTCC.ACCTCCCC...AC.ACT.TTT..T..C.A			
Hap 10-Denizli/Konya	C.TCTA.A.TTCC.ATCTCCCC...AC.ACT.TTTT..T..C.A			
Hap 11-Konya	C.TCTA.A.TTCC.ATCTCCCC...AC.ACT.TTTT..T..C.G			
Hap 12-Canakkale/Kirklareli	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 13-Canakkale	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 14- Burdur	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 15- Konya/Ankara/Isparta	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 16-Afyon	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..C.A			
Hap 17-Isparta/Kirsehir	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 18-Konya	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 19-Isparta	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TTTT..C..CTA			
Hap 20-Izmir/Aydin	CGTCTA.ACC.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 21-Izmir/Aydin/Denizli	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.C..CTA			
Hap 22-Aydin	C.TCTA.ACT.CC.ATCTCCT...AC.A.T.TT.T.CC.CTA			
Hap 23-Kilis	C.TCTA.A.TTC..ATCTCCT...TC.A.T.TTTT..C..CTA			
Hap 24-Kirsehir	C.TCTA.A.TTC..ATCTCCT...TC.G.T.TTTT..C..CTA			
Hap 25-Kahramanmaras	C.TCTA.A.TTCC.ATCTCCT...GC.A.T.TTT..T..CTA			
Hap 26-Kahramanmaras	C.TCTA.A.TTCC.ATCTCCT...GC.A.T.TTTT..T..CTA			
Hap 27-Kilis	C.TCTA.A.TTCC.ATCTCCT...GC.A.T.TTTT..T..CTA			
Hap 28-Microtus levis	C.TC..A.GCT.C..ATCTC.TC...AC.AC..T.T.C..CTG			
Hap 29-Rattus rattus	AC..GTTA..TACTATCT.....A.TC.CC.CA..T.T.TCTT			

EK 2 Sitokrom-*b* Bölgesine Ait Haplotipler

	10	20	30	40	50
Hap 1-Konya	AATCAGGATCCCATAAACAGACAAGCATCCCGTCCGTGCGCTGACACTATGCC				
Hap 2-Konya					
Hap 3-Kilis	..C..A.G.....			C.....C.....	
Hap 4-Kahramanmaraş	..C..A.G.....	TA.....		C.....C.....	
Hap 5-Kahramanmaraş	..C..A.G.....	TA.....		C.....C.....	
Hap 6-Adiyaman	A.G.....	TA.....		T.C.....C.....	
Hap 7-Adiyaman	C.C.....	TA.....		C.....C.....	
Hap 8-Suriye (AY513805.1)/Kilis/Hatay	..C..A.G.T.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 9-İsrail (AY513806.1/AY513807.1)	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 10-Kahramanmaraş	..TCA.G.T.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 11-Hatay	..C..A.G.T.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 12-Kahramanmaraş	..C..A.G.T.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 13-Kahramanmaraş	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....C.....	
Hap 14-Adiyaman	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 15-Kahramanmaraş	..CC..A.GGA..G..C.G.....	TTGG..G.GG.GA..A.C.....			
Hap 16-Izmir	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 17-Denizli	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 18-Izmir	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 19-Denizli	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....G.....	
Hap 20-Aydin	..C..A.G.....	C.....C.....		A.A.C.....G.....	
Hap 21-Denizli	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 22-Ankara	..CC.TA.GA.....	C.....C.....		ACA.C.....G.....	
Hap 23-Kirsehir	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 24-Burdur	..C..A.G.....	C.....		A.A.CGCTGA.....	
Hap 25-Izmir/Aydin	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 26-Afyon/Ankara/Isparta/Konya	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 27-Burdur	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 28-Ankara	..C..A.G.....	C.....C.....		A.A.C.....G.....	
Hap 29-Isparta	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 30-Aydin	..C..A.G.....	C.....C.....		A.A.C.....G.....	
Hap 31-Kirklareli	..C..A.GC.....	C.....		A.A.C.....	

	10	20	30	40	50
Hap 32-Izmir	..C.GATC.....GGC.....GTT.....TTG.T.A..A.A.C.....GGA..C...				
Hap 33-Konya	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 34-Aydin	..C..A.G.....	G..C.....		A.A.C.....	
Hap 35-Aydin	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 36-Aydin	..C..ACC..G..C.....			A.A.C.....GTG.	
Hap 37-Yunanistan (AY513804.1)/Kirklareli	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 38-Isparta	CCA..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 39-Konya	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 40-Antalya (FJ767751.1)	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 41-Antalya (FJ767752.1)	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 42-Kirsehir (FJ767745.1)	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....	
Hap 43-Canakkale	..C..A.G.....	C.....	T.....	A.A.C.....T.....	
Hap 44-Yunanistan (FJ641124.1)	..C..A.G.....	C.....	T.....	A.A.C.....T.....	
Hap 45-Kirsehir	..C..A.G.....	C.....		A.A.C.....T.....	
Hap 46-Kilis	..C..A.G.....	C.....		T.A.A.C.....T.....	
Hap 47-Rattus rattus	..C..A.G.....CG.T..T.C...	T.....	C..A.A.C.....CCC...		
Hap 48-Rattus rattus	..C..A.G.....CG.T..T.C...		C..A.A.C.....CCC...		
Hap 49-Mus musculus	..AT.A.G..T....C....T....C.....CTTA.ATCG.....C..A				
Hap 50-Mus musculus	..AT.A.G..T....C....T....C.....CTTA.ATCG.....C..A				

	60	70	80	90	100
Hap 1-Konya	CACTCACCCACGTGCGAGAATCTCCCTCAATAAACCAATGCCAGCGTA				
Hap 2-Konya	T.....A.....C.				
Hap 3-Kilis	..GCA.....TC.....G..TC.....C.....A.....				
Hap 4-Kahramanmaras	..GCA.....TCA.....G..TC.....C.....A.....				
Hap 5-Kahramanmaras	..GCA.....ACA.....TC.....C.....A.....				
Hap 6-Adiyaman	..GGCA.....TCA.....TC.....C.....A.....				
Hap 7-Adiyaman	..GGCA.....TCA.....TC.....C.....A.....				
Hap 8-Suriye (AY513805.1)/Kilis/Hatay	TGGC.....TC.....G..C...T..C.....AT...C.				
Hap 9-Israil (AY513806.1/AY513807.1)	TGGC.....TC.....G..C...T..C.....AT...C.				
Hap 10-Kahramanmaras	TGGC.....TC.....G..C...T..C.....AT...C.				
Hap 11-Hatay	TGGC.....TC.....G..C...T..C.....AT...C.				
Hap 12-Kahramanmaras	..GCA.....TCC.ACGAG..TC.....C.....A.....				
Hap 13-Kahramanmaras	..GCA.....TCC.ACGAG..TC.....C.....A.....				
Hap 14-Adiyaman	TGGC.....TC.....G..C...T..C.....AT...C.				
Hap 15-Kahramanmaras	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 16-Izmir	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 17-Denizli	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 18-Izmir	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 19-Denizli	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 20-Aydin	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 21-Denizli	TGGC.....TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 22-Ankara	T.GA.C...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 23-Kirsehir	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 24-Burdur	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 25-Izmir/Aydin	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 26-Afyon/Ankara/Isparta/Konya	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 27-Burdur	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 28-Ankara	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 29-Isparta	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...AC.				
Hap 30-Aydin	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 31-Kirklareli	T.GC...G..TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
	60	70	80	90	100
Hap 32-Izmir	T.GC...CTTC.....GT.TCT.....C.....C..T...A..				
Hap 33-Konya	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 34-Aydin	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 35-Aydin	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 36-Aydin	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 37-Yunanistan (AY513804.1)/Kirklareli	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 38-Isparta	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 39-Konya	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...AC.				
Hap 40-Antalya (FJ767751.1)	T.GC...T.TTC.....GT.TCT.....C.....A.T...A..				
Hap 41-Antalya (FJ767752.1)	T.GC...T.TTC.....GT.TCT.....C.....A.T...A..				
Hap 42-Kirsehir (FJ767745.1)	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C.....CA.T...A..				
Hap 43-Canakkale	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C..CA...CA.T...A..				
Hap 44-Yunanistan (FJ641124.1)	T.GC...TTC.....GT.TCT.....C..CA...CA.T...A..				
Hap 45-Kirsehir	TCGC...TCC.....TCTC.....C.....C..T..TAC.				
Hap 46-Kilis	TCGC...TCC.....TCTC.....C.....C..T..T.C.				
Hap 47-Rattus rattus	..CGCA....TC.....TATCTA.C..TTCC....TG.CAT...ACAT				
Hap 48-Rattus rattus	..CGCA....TC.....TATCTA.C..TTCC....TG.CA...ACAT				
Hap 49-Mus musculus	..GCA.T.T.TC.....CTAT.TAA...T.....T.GACT.G.ACC.				
Hap 50-Mus musculus	..GCA.T.T.TC.....CTAT.TAA...T.....T.GACT.G.ACC.				

	110	120	130	140	150	160
Hap 1-Konya	TTACCAACGCACCTTACAATCCCCTAAGGCAAGTCCCCACGCCTACTTCACTTCAACCCCTCA					
Hap 2-Konya	T.....G					
Hap 3-Kilis	...T...A...C...T.....A.C...T.A...TC...T...C....					
Hap 4-Kahramanmaras	...T...A...C...T.....A.C...T.A...TC...T...C....					
Hap 5-Kahramanmaras	...T...A...C...T.....A.C...T.A...TC...T...C....					
Hap 6-Adiyaman	...T...A...C...T.....A.CG...T.A...TC...T...T...C....					
Hap 7-Adiyaman	...T...A...C...T.....A.C...T.A...TC...T...C....					
Hap 8-Suriye (AY513805.1)/Kilis/Hatay	C.....CC.T...C.....ATT...T.A...C...T...C...C...A...					
Hap 9-Israil (AY513806.1/AY513807.1)	C.....CC.T...C.....ATT...T.A...C...T...C...C...A...					
Hap 10-Kahramanmaras	C.....CC.T...C.....ATT...T.A...C...T...C...C...A...					
Hap 11-Hatay	C.....CC.T...C.....ATT...T.A...C...T...C...C...A...					
Hap 12-Kahramanmaras	C.....CC.T...C.....ATT...T.A...C...T...C...C...A...					
Hap 13-Kahramanmaras	...T...A...C...T.....A.C...T.A...TC...T...C....					
Hap 14-Adiyaman	...T...A...C...T.....A.C...T.A...TC...T...C....					
Hap 15-Kahramanmaras	C.....CC.T...C.....ATT...T.A...C...T...C...C...A...					
Hap 16-Izmir	C...T...A...TT.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 17-Denizli	C...T...A...CT.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 18-Izmir	C...T...A...CT.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 19-Denizli	C...T...A...CT.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 20-Aydin	C...T...A...CT.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 21-Denizli	C...T...A...CT.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 22-Ankara	C...T...A...CT.C.T.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 23-Kirsehir	C...T...G.A...CT.C.T.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 24-Burdur	C...T...A...CT.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 25-Izmir/Aydin	C...T...AT.T.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 26-Afyon/Ankara/Isparta/Konya	C...T...A...T.C.T.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 27-Burdur	C...T...A...T.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 28-Ankara	C...T...A...T.C.T.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 29-Isparta	C...T...A...T.C.T.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 30-Aydin	C...T...A...T.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 31-Kirklareli	C...T...A...T.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					

	110	120	130	140	150	160
Hap 32-Izmir	C...T...AT.T.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 33-Konya	C...T...A...T.C.T.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 34-Aydin	C...T...A...T.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 35-Aydin	C...T...A...T.C.....A...A...A...T...T.A...C...T.A...C.TACT.					
Hap 36-Aydin	C...T...A...T.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 37-Yunanistan (AY513804.1)/Kirklareli	C...T...A...T.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 38-Isparta	C...T...G.A...T.C.T.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 39-Konya	C...T...A...T.C.T.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 40-Antalya (FJ767751.1)	C...T...A...T.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C...A.TG					
Hap 41-Antalya (FJ767752.1)	C...T...A...T.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 42-Kirsehir (FJ767745.1)	C...T...G.A...T.C.T.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.TG					
Hap 43-Canakkale	CC...T...A...T.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 44-Yunanistan (FJ641124.1)	C...T...A...T.C.....A...A...T...T.A...C...T.A...C.TA.T.					
Hap 45-Kirsehir	C...T...A...C.....A...T...T.A...C...CT.AA.T.C...A.T.					
Hap 46-Kilis	C...T...A...C.....A...T...T.A...TC...CT.AC...C...A.T.					
Hap 47-Rattus rattus	C.G.T.CAAT.A.C.T.T.TG.CC.A...C.CA.AAC..A.CCAC..G..CAT.TTT...					
Hap 48-Rattus rattus	C.G.T.CAAT.A.C.T...T.TG.CC.A...C.CA.AAC..A.CCAC..G..CAT.TTT...					
Hap 49-Mus musculus	CTAT..T.CC...CATTAACC.AT.C.C.TG....T...A...GGACACC..T...					
Hap 50-Mus musculus	CTAT..T.CC...CATTAACC.AT.C.C.TG....T...A...GGACACC..T...					

	170	180	190	200	210	220
Hap 1-Konya	TTCATCAACCGTCACATTTACACTCTGGAGTCTCCAAGCTCTTATTCTTACTATCGGC					
Hap 2-Konya						
Hap 3-Kilis	CCT.....T.A.....A.....T.A.G..C.....A..					
Hap 4-Kahramanmaras	CCT.....T.A.....A.....T.A.G..C.....A..					
Hap 5-Kahramanmaras	CC.G....T.A.....A.....A.....C.....A..					
Hap 6-Adiyaman	CC.....T.A.....T.....A.....A.....C.....A..					
Hap 7-Adiyaman	CC.G....T.A.....A.....A.....A.....A.....A..					
Hap 8-Suriye (AY513805.1) /Kilis/Hatay	C.....A.....CA..GT...A.G..C.....TT....A.G					
Hap 9-Israil (AY513806.1/AY513807.1)	C.....A.....CA..GT...G..C.....TT....A.G					
Hap 10-Kahramanmaras	C.....A.....CA..GT...A.G..C.....TT....A.G					
Hap 11-Hatay	C.....A.....CA..GT...A.G..C.....G.....TT....A.G					
Hap 12-Kahramanmaras	C.....A.....CA..GT...A.G..C.....TT....A.G					
Hap 13-Kahramanmaras	CCT.....T.A.....A.....T.A.G..C.....TT....A.G					
Hap 14-Adiyaman	CC.G....T.A.....A.....A.....C.....TT....A.G					
Hap 15-Kahramanmaras	C.....A.....CA..GT...A.G..C.....G.....TT....A.G					
Hap 16-Izmir	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 17-Denizli	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 18-Izmir	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 19-Denizli	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 20-Aydin	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 21-Denizli	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 22-Ankara	CC..C...T.A.....C.A...T...CT.G..C.....T.....A..					
Hap 23-Kirsehir	CC..C...T.A.....C.A...T...CT.G..C.....T.....A..					
Hap 24-Burdur	CC..C...T.A.....C.A...T...CTTG..C.....T.....A..					
Hap 25-Izmir/Aydin	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 26-Afyon/Ankara/Isparta/Konya	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 27-Burdur	CC..C...T.A.....C.A...T...T.G..C.....T.....A..					
Hap 28-Ankara	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 29-Isparta	CC..C...T.A.....C.A...T.....C..C.....T.....A..					
Hap 30-Aydin	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 31-Kirklareli	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					

	170	180	190	200	210	220
Hap 32-Izmir	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 33-Konya	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....C.....A..					
Hap 34-Aydin	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..T					
Hap 35-Aydin	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..T					
Hap 36-Aydin	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..T					
Hap 37-Yunanistan (AY513804.1) /Kirklareli	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 38-Isparta	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 39-Konya	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 40-Antalya (FJ767751.1)	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....G..T.....A..					
Hap 41-Antalya (FJ767752.1)	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....G..T.....A..					
Hap 42-Kirsehir (FJ767745.1)	CC..C...T.A.....C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 43-Canakkale	CC..C...T.A.....C.A...T...T.G..C.....T.....A..					
Hap 44-Yunanistan (FJ641124.1)	CC..C...T.A...C..C.A...T.....G..C.....T.....A..					
Hap 45-Kirsehir	CC.....T.A.....C.A.....G..C.....T.....A..					
Hap 46-Kilis	CC.....T.A.....C.A.....G..C.....T.....A..					
Hap 47-Rattus rattus	A..CAT.C..AC..T...A.T..C..A.T..AT.AT.TTTCA...CCGAC..CCAAA.A					
Hap 48-Rattus rattus	A..CAT.C..AC..T...A.T..C..A.T..AT.AT.TTTCA...CCGAC..CCAAA.A					
Hap 49-Mus musculus	AC..AT..TTA.T..CC.A...TA..A.TA.C.ATATATC...CCGA...C.AAA.A					
Hap 50-Mus musculus	AC..AT..TTA.T..CC.A...TA..A.TA.C.A.ACTATC...CCGA...C.AAA.A					

EK 3 12S rRNA Bölgesine Ait Haplotipler

	10	20	30	40	50
Hap 1-Konya/Isparta	AGGAGCCAGTTTAAAGGTCTCCTTCTAGACACAAATTTACCTGCTAGCAGA				
Hap 2-Konya	..A.....				
Hap 3-Hatay/Kahramanmaras					
Hap 4-Kahramanmaras	...C..C.....TC.....				
Hap 5-Hatay					
Hap 6-Konya	C.....T.....				
Hap 7-Konya	T.....				
Hap 8-Kilis/Adiyaman/Kahramanmaras	T.....				
Hap 9-Kilis	T.....				
Hap 10-Kahramanmaras	T.....				
Hap 11-Isparta/Izmir/Burdur/Denizli/Afyon/Ankara/Aydin/Konya					
Hap 12-Canakkale/Kirklareli	C.....				
Hap 13-Izmir	A.....				
Hap 14-Adiyaman	C.....T.....A.....				
Hap 15-Izmir	C..T.....				
Hap 16-Kirsehir/Isparta					
Hap 17-Izmir	...C.....A.....				
Hap 18-Kirsehir	G.....T.....G.A..				
Hap 19-Rattus norvegicus (AB183258.1)	T.....T.A.CAGG...T...CCACTATACTC.T..ATTTTA...GC..A..				
Hap 20-Rattus rattus (AJ005780.1)	T.....T.A.CAGG...T...CCACTATACTC.C.CATTTTA.TAGA.GA..				
Hap 21-Mus musculus (X84382.1)	TA...TT.A..AGG..CT...CACTATA.A.T...ATTTTA...CT.AG				
Hap 22-Mus musculus (AY057791.1)	TA...TT.A..AGG...TC...CACTATA.A.T...ATTTTA...CT.A..				

	60	70	80	90	100
Hap 1-Konya/Isparta	AAACGAGTATATCTAAATGCCTACACCTAAGTAAAGCAGGTGCAGATGCTCAA				
Hap 2-Konya					
Hap 3-Hatay/Kahramanmaras	T.....A.....T..AC.....A.....				
Hap 4-Kahramanmaras	T.....A.....T..AC.....A.....				
Hap 5-Hatay	T.....A.....T..AC.....A.....				
Hap 6-Konya	T..C..A.....T..AC.....A.....				
Hap 7-Konya	T..CC.A.....T..AC.....A.....				
Hap 8-Kilis/Adiyaman/Kahramanmaras	..T.....T.....A.....T...C.....A.....				
Hap 9-Kilis	T..T.....A.....T..AC.....A.....				
Hap 10-Kahramanmaras	..T.....T.....A.....T...C.....A..C.....				
Hap 11-Isparta/Izmir/Burdur/Denizli/Afyon/Ankara/Aydin/Konya	T.....				
Hap 12-Canakkale/Kirklareli	T.....				
Hap 13-Izmir	T.....G.....				
Hap 14-Adiyaman	..T.....T.....A.....T...C.....A.....				
Hap 15-Izmir	T.....				
Hap 16-Kirsehir/Isparta	T.....G.....				
Hap 17-Izmir	T.....				
Hap 18-Kirsehir	T.....AC.....A.....				
Hap 19-Rattus norvegicus (AB183258.1)	.C.TAG..TCCC.TAT.TAAT..CTC.TTCCTCACT.CAA.A.CAATCG..AA...				
Hap 20-Rattus rattus (AJ005780.1)	.C.TAG..T.CC.TAT..AAT..C....T.TCACT.CAA.A..ATC...AA...				
Hap 21-Mus musculus (X84382.1)	GC.TA..CTCCA.AAT.CAA.TCC..T.T.TTA.T..AA.AA..A.A..TA..TT				
Hap 22-Mus musculus (AY057791.1)	.C.TA..CTCCA.AAT.CAA.TCC..T.T.TTA.TT.AA.AA..A.A..TA.TTT				

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Derya Çetintürk

Doğum Yeri : Ankara

Doğum Yılı : 10/06/1989

Medeni Hali : Bekar

Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lise : Çankaya 50. Yıl Lisesi (2005)

Lisans : Hacettepe Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2011)

Yüksek Lisans: Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı
(Eylül 2013-Temmuz 2015)

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl

Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2013 Şubat-halen)

Bilimsel Çalışmaları

SCI, SSCI, AHCI indekslerine giren dergilerde yayınlanan makaleler

Hakemli konferans/sempozyumların bildiri kitaplarında yer alan yayınlar

YİĞİT, N., ÇOLAK, E., ÇETİNTÜRK, D., ŞEKER, P.S., SELVİ, E., NEUMANN, K., SAYGILI, F. Mitochondrial Cytb Diversity in Turkish Specimens of *Meriones tristrami* (Rodentia: Gerbillinae) Using RFLP. 14th Rodens et Spatium International Conference on Rodent Biology, July 28-August 2, 2014, Lisbon, Portugal (poster).