

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

MARMARA BÖLGESİ'NDE YAYILIŞ GÖSTEREN *Mus* L., 1758
(MAMMALIA: RODENTIA) CİNSİNİN MİTOKONDRIYAL DNA
(SİTOKROM *b* VE KONTROL BÖLGESİ) VARYASYONLARI

Ayşegül ÜNVERDİ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

ANKARA
2016

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Ayşegül ÜNVERDİ tarafından hazırlanan “**Marmara Bölgesi’nde Yayılış Gösteren *Mus L.*, 1758 (Mammalia: Rodentia) Cinsinin Mitokondriyal DNA (Sitokrom *b* ve Kontrol Bölgesi) Varyasyonları**” adlı tez çalışması 03.02.2016 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı’nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

Jüri Üyeleri :

Başkan : Prof. Dr. Nuri YİĞİT
Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK
Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Şakir Önder ÖZKURT
Ahi Evran Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji A.B.D

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. İbrahim DEMİR
Enstitü Müdürü

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.

03/02/2016

Ayşegül ÜNVERDİ

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

MARMARA BÖLGESİ'NDE YAYILIŞ GÖSTEREN *Mus* L., 1758 (MAMMALIA: RODENTIA) CİNSİNİN MİTOKONDRIYAL DNA (SİTOKROM *b* VE KONTROL BÖLGESİ) VARYASYONLARI

Ayşegül ÜNVERDİ

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

Marmara Bölgesi, boğazlar (Çanakkale ve İstanbul) ve birçok adayı barındırdığından biyolojik ve evrimsel biyoloji bakımından önemli bir bölgedir. Bu çalışmanın amacı Marmara Bölgesi'nde Trakya, Anadolu, Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası'ndan toplanan *Mus domesticus* ve *Mus macedonicus*'a ait 100 örneğin mtDNA sitokrom *b* ve kontrol bölgesi dizileri kullanılarak Anadolu ve Trakya popülasyonları üzerinde boğazların etkisini araştırmak, adalardaki popülasyonların genetik özelliklerini belirlemek ve popülasyonlar arası filogenetik ilişkileri ortaya koymaktır. *M. domesticus* ve *M. macedonicus*'un Marmara Bölgesi'nin Trakya ve Anadolu kesiminde, Marmara Adası'nda ve Bozcaada'da *M. domesticus*'un, Gökçeada'da ise *M. macedonicus*'un yayılış gösterdiği saptandı. Sitokrom *b* bölgesi için Bozcaada popülasyonunun nükleotid çeşitliliği 0,00386 ve haplotip çeşitliliği 0,600, Marmara Adası popülasyonununki sırasıyla 0,00396 ve 0,641, Gökçeada popülasyonununki ise sırasıyla 0,00035 ve 0,189 olduğu tespit edildi. Kontrol bölgesinde ise bu değerler sırasıyla Bozcaada popülasyonunda 0,00872 ve 0,900, Marmara Adası popülasyonunda 0,00674 ve 0,731, Gökçeada popülasyonunda ise 0,00891 ve 0,811'dir. Sekans analizleri sonucunda her iki türün Anadolu ve Trakya popülasyonları arasında önemli bir genetik farklılık bulunmadı. Her iki gen bölgesinde de Kocaeli popülasyonuna ait haplotipler *M. macedonicus*'un diğer haplotiplerinden ilginç bir şekilde ayrıldı. *M. domesticus*'un Marmara Adası ve Bozcaada popülasyonlarına ait haplotiplerden bazıları anakara popülasyonları ile paylaşılırken, *M. macedonicus*'un tüm Gökçeada haplotipleri adaya özgü olduğu tespit edildi. Boğazların *Mus* cinsi türlerine ait popülasyonlar arasında tam bir coğrafik bariyer olmadığı saptandı. Gökçeada'nın *M. macedonicus* popülasyonları üzerinde izolasyon etkisi yarattığı görüldü. *Mus* cinsine ait türlerin kolonileşmesinin insanların adaya yerleşmesinden daha önce gerçekleştiği ortaya kondu.

Şubat 2016, 143 sayfa

Anahtar Kelimeler: Mitokondriyal DNA, *Mus macedonicus*, *Mus domesticus*, Filogeni, Marmara Bölgesi, Türkiye

ABSTRACT

Master Thesis

MITOCHONDRIAL DNA (CYTOCHROME *b* AND CONTROL REGION) VARIATIONS OF THE GENUS *Mus* L., 1758 (MAMMALIA: RODENTIA) DISTRIBUTED IN MARMARA REGION

Ayşegül ÜNVERDİ

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

Supervisor: Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

Marmara Region is an important region biologically because it includes straits (Çanakkale and İstanbul) and many islands. Using mtDNA control region and cytochrome *b* sequences with *Mus* 100 each samples from Thrace, Anatolia, Gökçeada, Bozcaada and Marmara Island in that region, this study is aimed to search for the effects of straits on Anatolian and Thracian populations, to determine the genetic characteristics of populations on those islands and to reveal phylogenetic relations among those populations. It has been determined that both *Mus domesticus* and *Mus macedonicus* are distributed in all over Anatolian and Thracian parts of Marmara Region, *M. domesticus* in Bozcaada and Marmara Islands but *M. macedonicus* in Gökçeada. For cytochrome *b* region, it was determined that nucleotide and haplotype diversities were 0,00386 and 0,600 at Bozcaada population, 0,00396 and 0,641 at Marmara Island population, 0,00035 and 0,189 at Gökçeada population respectively. For control region, these rates were 0,00872 and 0,900 at Bozcaada population, 0,00674 and 0,731 at Marmara Island population, 0,00891 and 0,811 at Gökçeada population respectively. After sequence analysis, no genetically major difference has been found between Anatolian and Thracian populations of species in the genus *Mus*. Surprisingly, haplotypes from Kocaeli population differed from other *M. macedonicus* haplotypes in both gene region. While some *M. domesticus* haplotypes both from Marmara Island and Bozcaada share same haplotypes with mainland, all *M. macedonicus* haplotypes from Gökçeada island has been conceived as specific to this island. It was determined that these straits weren't a full geographical barrier between populations belong to two species of *Mus* genera. Gökçeada occurred an isolation effect over *M. macedonicus* populations. Colonization time of *Mus* into islands has been confirmed before colonization of mankind.

February 2016, 143 pages

Key Word: Mitochondrial DNA, *Mus macedonicus*, *Mus domesticus*, Phylogeny, Marmara Region, Turkey

TEŞEKKÜR

Çalışmalarında bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım danışmanım Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK'a (Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı), örneklerin toplanmasında katkısı bulunan Prof. Dr. Nuri YİĞİT (Ankara Üniversitesi, Biyoloji Anabilim Dalı), Yrd. Doç. Perinçek Seçkinozan ŞEKER (Artvin Çoruh Üniversitesi, Orman Fakültesi, Orman Mühendisliği) ve Doktora öğrencisi Engin SELVİ'ye, laboratuvar ve istatistiksel analizlerde yardımlarını esirgemeyen Yrd. Doç. Perinçek Seçkinozan ŞEKER (Artvin Çoruh Üniversitesi, Orman Fakültesi, Orman Mühendisliği) ve Dr. Gül Olgun KARACA (Aksaray Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü)'ya, *Mus domesticus* ve *Mus macedonicus* örneklerine ait fotoğrafları çeken Doktora öğrencisi Engin SELVİ'ye, maddi ve manevi destekleri ile her zaman yanımda olan aileme teşekkür ederim.

Bu çalışma Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Projeleri (BAP) Müdürlüğü tarafından 13L4240015 no'lu proje kapsamında desteklenmiştir.

Ayşegül ÜNVERDİ

Ankara, Şubat 2016

İÇİNDEKİLER

TEZ ONAYI SAYFASI

ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR	iv
SİMGELER DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ	x
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER.....	8
2.1 Sistematik.....	8
2.1.1 Ordo: Rodentia (Mammalia)	8
2.1.2 Familya: Muridae.....	8
2.1.3 Altfamilya: Murinae	9
2.1.4 Cins: <i>Mus</i> Linnaeus, 1758	10
2.1.5 Altçins: <i>Mus</i> Linnaeus, 1758	10
2.2 Mitokondriyal DNA (mtDNA) ve Yapısı	13
2.3 Boğazların ve Adaların Oluşumu	16
2.3.1 Çanakkale Boğazı.....	16
2.3.2 İstanbul Boğazı.....	17
2.3.3 Gökçeada.....	18
2.3.4 Bozcaada	20
2.3.5 Marmara Adası	21
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	23

3.1 DNA İzolasyonu.....	30
3.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)	35
3.3 Agaroz Jel Elektroforezi.....	38
3.4 Kullanılan Filogenetik Analizler.....	41
4. ARAŞTIRMA BULGULARI	43
4.1 MtDNA Sitokrom <i>b</i> Bölgesi Dizi Analizi.....	43
4.2 MtDNA Kontrol Bölgesi Dizi Analizi	57
4.3 MtDNA Sitokrom <i>b</i> ve Kontrol Bölgelerinin Birlikte Analizi	70
4.4 Evrimsel Ayrılma Zamanları	76
5. TARTIŞMA VE SONUÇ	78
5.1 Marmara Bölgesi'nin <i>Mus</i> Cinsine Ait Türlerin Filogenisi	78
5.2 Gökçeada'daki <i>M. macedonicus</i> 'un Filogenisi	80
5.3 Bozcaada'daki <i>M. domesticus</i> 'un Filogenisi	82
5.4 Marmara Adası'ndaki <i>M. domesticus</i> 'un Filogenisi	84
KAYNAKLAR	87
EKLER.....	95
EK 1 Sitokrom <i>b</i> bölgesine ait haplotipler	96
EK 2 Kontrol bölgesine ait haplotipler	116
EK 3 Sitokrom <i>b</i> bölgesine ait kromatogram dosyası	141
EK 4 Kontrol bölgesine ait kromatogram dosyası.....	142
ÖZGEÇMİŞ.....	143

SİMGELER DİZİNİ

+G	Gama distribution
♀	Dişi
♂	Erkek
A	Adenin
bç	Baz Çifti
BME	2-Merkaptoetanol, β-Merkaptoetanol
C	Sitozin
C:IAA	Kloroform izoamil alkol
CTAB	Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
d	Genetik mesafe değeri
D-loop	Mitokondriyal Kontrol bölgesi
dNTP	Deoksiribonükleotid
Fst	Gruplar arası popülasyonlar arası fiksasyon indeksi
G	Guanin
gr	Gram
GTR	General Time Reversible parametresi
m	Metre
M.Ö.	Milattan önce
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
ml	Mililitre
n	örnek sayısı
NaCl	Sodyum Klorür
Nm	Gen Akışı
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
R	transisyon/transversiyon oranı
rpm	Santrifüjün bir dakikadaki devir sayısı
T	Timin
TBR	Tree-Bisection-Reconnection metodu
TE	Tris-Edta
TN92	Tamura 3 parametresi
TN93	Tamura-Nei modeli
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre

Kısaltmalar

Cyt <i>b</i>	Mitokondriyal Sitokrom <i>b</i> bölgesi
h	Haplotip Sayısı
Hap	Haplotip
Hd	Haplotip Çeşitliliği
ML	Maximum likelihood ağaç metodu
MP	Maximum-parsimony ağaç metodu
myö	Milyon yıl önce
NJ	Neighbour-joining ağaç metodu
π	Nükleotid Çeşitliliği

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1 Memeli mtDNA'sının şematik görüntüsüdür (Park ve Larsson 2011'den değiştirilmiştir)	14
Şekil 2.2 Memeli mitokondriyal DNA'sında kontrol bölgesinin başlıca üç alanının şematik diyagramı (Avisé 2001'den değiştirilmiştir)	15
Şekil 2.3 Çanakkale Boğazı'nın oluşumu (Yaltırak vd. 2000'den değiştirilmiştir)	17
Şekil 2.4 İstanbul Boğazı'nın oluşumda rol oynayan su akıntıları (Göktaş vd. 1997'den değiştirilmiştir)	18
Şekil 3.1 Çalışmada kullanılan <i>M. macedonicus</i> 'a ait fotoğraf	23
Şekil 3.2 Çalışmada kullanılan <i>M. domesticus</i> 'a ait fotoğraf	24
Şekil 3.3 Çalışmada kullanılan örneklerin toplandığı lokaliteler	24
Şekil 3.4 Sitokrom <i>b</i> bölgesinin PZR'da çoğaltılması sonucunda ortaya çıkan jel görüntüsü	40
Şekil 3.5 Kontrol bölgesinin PZR'da çoğaltılması sonucunda ortaya çıkan jel görüntüsü	41
Şekil 4.1 K2P model alınarak oluşturulan Cyt <i>b</i> bölgesine ait NJ ağacı	51
Şekil 4.2 TN93 modeli baz alınarak oluşturulan Cyt <i>b</i> bölgesine ait ML ağacı	52
Şekil 4.3 Cyt <i>b</i> bölgesine ait, TBR yoluyla oluşturulan MP ağacı	53
Şekil 4.4 Cyt <i>b</i> bölgesine ait Bayesian MCMC yöntemi kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç (Bayesian posterior probability değerleri gösterilmektedir)	54
Şekil 4.5 Cyt <i>b</i> bölgesi'ne ait haplotip verilerine göre oluşturulan median-joining ağacı	55
Şekil 4.6 <i>M. domesticus</i> 'a ait cyt <i>b</i> bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri	56
Şekil 4.7 <i>M. macedonicus</i> 'a ait cyt <i>b</i> bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri	56
Şekil 4.8 p-distance model alınarak oluşturulan kontrol bölgesine ait NJ ağacı	65
Şekil 4.9 TN92+G modeli baz alınarak oluşturulan kontrol bölgesine ait ML ağacı	66
Şekil 4.10 Kontrol bölgesine ait, TBR yoluyla oluşturulan MP ağacı	67

Şekil 4.11 Kontrol bölgesi'ne ait haplotip verilerine göre oluşturulan median-joining ağacı	68
Şekil 4.12 <i>M. macedonicus</i> 'a ait kontrol bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri	69
Şekil 4.13 <i>M. domesticus</i> 'a ait kontrol bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri	69
Şekil 4.14 p-distance model alınarak oluşturulan mtDNA cyt <i>b</i> ve kontrol bölgelerinin beraber analiz edilmesiyle oluşturulan ait NJ ağacı.....	73
Şekil 4.15 GTR modeli kullanılarak oluşturulan mtDNA cyt <i>b</i> ve kontrol bölgelerinin beraber analiz edilmesiyle oluşturulan ML ağacı	74
Şekil 4.16 Birlikte analizi yapılan mtDNA cyt <i>b</i> ve kontrol bölgesi'ne ait TBR yoluyla oluşturulan MP ağacı.....	75
Şekil 4.17 Cyt <i>b</i> dizileri kullanılarak elde edilen moleküler evrimsel ayrılma zamanları	77

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan <i>Mus</i> cinsi örneklerin müzedeki kayıtlı örnek numaraları ve toplandığı lokaliteler	25
Çizelge 3.2 Sitokrom <i>b</i> (Cyt <i>b</i>)’nin analizlerinde kullanılmak için GenBank'dan alınan diziler	27
Çizelge 3.3 Kontrol bölgesi (d-loop)’nin analizlerinde kullanılmak için GenBank'dan alınan diziler	28
Çizelge 3.4 mtDNA sitokrom <i>b</i> ve kontrol bölgesi’nin birlikte kullanılarak yapılan analizler için GenBank'tan alınan diziler	30
Çizelge 3.5 Çalışmada kullanılan örneklerin nanodropta ölçülen DNA miktarı ve saflık analizleri	33
Çizelge 3.6 Çalışılan mtDNA bölgeleri ve bu bölgeler için kullanılan primerler	37
Çizelge 3.7 Sitokrom <i>b</i> için PZR koşulları	38
Çizelge 3.8 Kontrol bölgesi için PZR koşulları	38
Çizelge 4.1 Sitokrom <i>b</i> bölgesinin DNA dizi analizinde kullanılan türler ve bunlara ait örnek sayıları	43
Çizelge 4.2 GenBank’tan alınan <i>M. domesticus</i> dizileri çıkarıldığında cyt <i>b</i> gen bölgesindeki nükleotidler arasında hesaplanan transisyon (koyu olarak yazılanlar) ve transversiyon (<i>italik</i> olarak yazılanlar) oranları	44
Çizelge 4.3 GenBanktan alınan <i>M. macedonicus</i> dizileri çıkarıldığında cyt <i>b</i> gen bölgesindeki nükleotidler arasında hesaplanan transisyon (koyu olarak yazılanlar) ve transversiyon (<i>italik</i> olarak yazılanlar) oranları	44
Çizelge 4.4 Sitokrom <i>b</i> bölgesi için bu çalışmada ve GenBank’tan elde edilen haplotipler ve bunların bulundukları lokaliteler ile görülme sıklıkları (parantez içinde)	45
Çizelge 4.5 Sitokrom <i>b</i> gen bölgesi’nin analizi için kullanılan dış grupların belirlenen haplotipleri ve görülme sıklıkları	46
Çizelge 4.6 <i>M.domesticus</i> ’a ait cyt <i>b</i> verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları	46
Çizelge 4.7 <i>M. macedonicus</i> ’a ait cyt <i>b</i> verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları	47
Çizelge 4.8 <i>M. domesticus</i> örneklerinin Cyt <i>b</i> dizilerine ait <i>Fst</i> ve <i>Nm</i> değerleri (indeksin alt taraftakiler <i>Fst</i> , üst taraftakiler <i>Nm</i>)	47

Çizelge 4.9 <i>M. macedonicus</i> örneklerinin Cyt <i>b</i> dizilerine ait <i>Fst</i> ve <i>Nm</i> değerleri (indeksin alt taraftakiler <i>Fst</i> , üst taraftakiler <i>Nm</i>).....	47
Çizelge 4.10 Cyt <i>b</i> dizi analizine göre <i>M. domesticus</i> ait popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri (<i>d</i>) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)	48
Çizelge 4.11 Cyt <i>b</i> dizi analizine göre <i>M. macedonicus</i> ait popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri (<i>d</i>) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)	48
Çizelge 4.12 Kontrol bölgesinin DNA dizi analizinde kullanılan türler ve bunlara ait örnek sayıları.....	57
Çizelge 4.13 GenBank'tan alınan <i>M. domesticus</i> dizileri çıkarıldığında kontrol bölgesindeki nükleotidleri arasında hesaplanan transisyon (koyu olarak yazılanlar) ve transversiyon (<i>italik</i> olarak yazılanlar) oranları	58
Çizelge 4.14 GenBank'tan alınan <i>M. macedonicus</i> dizileri çıkarıldığında kontrol bölgesindeki nükleotidleri arasında hesaplanan transisyon (koyu olarak yazılanlar) ve transversiyon (<i>italik</i> olarak yazılanlar) oranları	58
Çizelge 4.15 Kontrol bölgesine göre elde edilen haplotipler ve bunların bulundukları lokaliteler ile görülme sıklıkları (parantez içinde)	59
Çizelge 4.16 Kontrol bölgesi'nin analizi için kullanılan dış grupların belirlenen haplotipleri ve görülme sıklıkları.....	60
Çizelge 4.17 <i>M. domesticus</i> 'a ait kontrol bölgesi verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları	61
Çizelge 4.18 <i>M. macedonicus</i> 'a ait kontrol bölgesi verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları	61
Çizelge 4.19 <i>M. domesticus</i> örneklerinin kontrol bölgesi dizilerine ait <i>Fst</i> ve <i>Nm</i> değerleri (indeksin alt taraftakiler <i>Fst</i> , üst taraftakiler <i>Nm</i>)	62
Çizelge 4.20 <i>M. macedonicus</i> örneklerinin kontrol bölgesi dizilerine ait <i>Fst</i> ve <i>Nm</i> değerleri (indeksin alt taraftakiler <i>Fst</i> , üst taraftakiler <i>Nm</i>)	62
Çizelge 4.21 <i>M. domesticus</i> ait popülasyonların kontrol bölgesi dizileri arasındaki genetik mesafe değeri (<i>d</i>) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)	62
Çizelge 4.22 <i>M. macedonicus</i> ait popülasyonların kontrol bölgesi dizileri arasındaki genetik mesafe değeri (<i>d</i>) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)	63

Çizelge 4.23 Birleştirilerek analizi yapılan mtDNA sitokrom <i>b</i> ve kontrol bölgesi'ne ait haplotipler ve bunların bulundukları lokaliteler ile görülme sıklıkları (parantez içinde).....	70
Çizelge 4.24 mtDNA sitokrom <i>b</i> ve kontrol bölgesi'ni birleştirerek yapılan analiz için kullanılan dış grupların belirlenen haplotipleri ve görülme sıklıkları	71
Çizelge 5.1 <i>M. domesticus</i> ve <i>M. macedonicus</i> örneklerinde çalışılan gen bölgeleri arasındaki haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotid çeşitliliği (π)	80



1. GİRİŞ

Kuarterner Dönemi'nde ülkemizde birçok hayvanın fosili ile birlikte insanın atalarına ait buluntular, insanoğlunun evrimleşmesinde Anadolu'nun önemli bir yaşam alanı olduğunu kanıtlamaktadır. Çıplak (2003) Anadolu'yu biyolojik olarak farklı bir bölge olduğunu dört sebeple açıklamaktadır: (i) Anadolu'nun topografyası değişkendir ve iklimi birçok farklı mikro- ve makro- habitatlar sağlar. (ii) Anadolu'nun coğrafik konumu sayesinde Arap Yarımadası ile Etiyopya Bölgesi'ni bağlar ve Avrupa ve Asya arasında bir köprü oluşturur. Böylece türler hem kuzey-güney hem de doğu-batı yönünde yayılabilmektedir. (iii) Tersiyer ve Kuaterner periyotları boyunca Anadolu'nun tektonik evrimi devamlı olarak değişir. (iv) Anadolu, Kuarterner dönemindeki buzul çağları süresince Balkanlar ve Kafkaslar'dan gelen popülasyonlar için önemli bir sığınak oluşturmuştur. Ayrıca ülkemizin Asya ve Avrupa kıtaları arasında bir köprü vazifesi gören İstanbul Boğazı ve Çanakkale Boğazı tarih boyunca jeopolitik ve jeostratejik olarak önemli olmuştur. Bu nedenle birçok medeniyet ve uygarlığın geçiş (Büyük İskender ve Hindistan seferi, Haçlı Seferleri, Cengiz Han'ın Avrupa'ya geçişi vb.) ve kesişim noktasıdır. Bununla birlikte boğazları içinde barındıran ve Marmara Bölgesi olarak adlandırılan bu bölge Türkiye'nin en kalabalık insan popülasyonunu barındırmasının yanı sıra bu bölgede gerek yakın mesafeli gerek uzak mesafeli olan yoğun gemi ticareti ve ulaşımı yapılması türlerin farklı yerlere taşınmasını kolaylaştıran bir etkidir. Jeolojik zaman düşünüldüğünde bugünkü Marmara Denizi'nin bulunduğu yerde yakın bir zamana kadar tatlı-acı su özelliğine sahip bir göl bulunuyordu ve Çanakkale Boğazı ile İstanbul Boğazı tam olarak Pleistosen sonunda tamamlanmıştır (Gülen vd. 1995, Demirsoy 2007). Boğazların oluşumun tamamlanmasıyla Marmara Denizi, Akdeniz ve Karadeniz ile bağlantı kurmuştur. Yalnız İstanbul Boğazı büyük olasılıkla yaklaşık 7.500 yıl önce tektonik işlev sonucunda olmuştur (Gülen vd. 1995, Demirsoy 2007).

Marmara Bölgesi'nin biyolojik açıdan önemi yalnızca sahip olduğu boğazlardan değil aynı zamanda içerisinde farklı büyüklüklerde birçok adayı barındırmamasından dolayıdır. Adalardaki kolonileşme modelleri, araştırmacılar tarafından evrimsel sürecin çalışılmasında büyük bir ilgiyle çalışılmaktadır. Çünkü adalar, dar/sınırlı bir zaman,

izolasyon ve bölgesel olarak keskin sınırlar sağladığından yeni adaptasyonların doğal bir laboratuvarlarını oluşturmaktadır. Kolonileşmeler genellikle adaptif değişimler ile desteklenir fakat uzun bir süredir hızlı gerçekleşen adaptasyonların yalnızca elde edilen bireylerin genetik darboğanzından kaynaklanan varyasyonların yetersizliği ile kısıtlandırılıp kısıtlandırılmadığı sorusu varlığını korumaktadır (Babiker ve Tautz 2015). Çalışma alanı içerisinde bulunan Marmara Adası, Gökçeada ve Bozcaada anakaraya nazaran hem daha ücra bölgeler hem de daha küçük habitatlar sağladıklarından dolayı *M. domesticus* ve *M. macedonicus*'un adalardaki kolonileşme tarihi ve popülasyon süreçleri önemlidir. Bu adalar arasında Gökçeada hem yüz ölçümü bakımından hem de kullanılan tarım alanının genişliği bakımından diğer adalara kıyasla daha büyük olmakla birlikte su kaynakları bakımından da daha zengindir. Ustaömer vd. (2009) tarafından yürütülen jeolojik çalışma sayesinde Marmara Adası'ndaki granitin yaşı 47.8 milyon yıl olarak ölçülmüştür. Gökçeada'da bulunan çan volkanitlerinin radyometrik yaş ölçümü ile 30.4 ve 34.3 milyon yıl (Orta-Üst Oligosen) olarak hesaplanmıştır (Ercan vd. 1995, Koral vd. 2009, Kurtuluş vd. 2010). Bozcaada'daki Behram volkanitlerinin ise 19.6 milyon yıllık (Alt Miyosen) olduğu saptanmıştır (Ercan vd. 1995). Bozcaada aslında Biga Yarımadası'nın bir uzantısıdır fakat Kvarterner döneminde Ege Denizi'nin yükselmesi sonucunda Biga Yarımadası'ndan ayrılmışlardır (Ercan vd. 1995). Bununla birlikte insanoğlunun adalardaki ilk yerleşimin olası tarihleri, arkeolojik çalışmalar ile tespit edilmiştir. Bu çalışmalara göre insanlar Gökçeada'ya M.Ö. 6500'lerde, Bozcaada'ya M.Ö. 3000-2000'lerde ve Marmara Adası'na ise muhtemelen M.Ö.1200'lerde yerleşmeye başlamışlardır (Sevinç ve Takaoğlu 2004, Özbek ve Erdoğan 2014, Anonim 2015a).

Rodentia ordosuna ait taksonlar, 2277 türü (yani dünyadaki memeli biyolojik çeşitliliğinin yaklaşık % 42'si)ile dünya genelinde çok geniş bir yayılışa sahiptir. Kemirgenler içerisinde *Mus* cinsi 40 türü ile yeryüzünde geniş bir alanda yayılış gösterir. Geniş bir yayılışa sahip olmalarının yanı sıra insanlara yakın bir şekilde yaşadıklarından dolayı birçok biyolojik disiplinde model organizma olarak kullanılmışlardır (Martin vd. 2000, Lundrigan vd. 2002, Musser ve Carleton 2005).

Mus cinsinin tarihsel ilişkileri çeşitli yöntemler (allozim vs.) kullanılarak gösterilmiştir (Bonhomme 1986, She vd. 1990). Fakat hala *Mus* cinsinin tek bir filogenisini oluşturmak bir problem teşkil etmektedir. Çünkü yapılan farklı çalışmaların sonuçlarından bazıları filogenetik ilişkilerle ilgili birbirleriyle uyum gösterirken, diğerlerine karşı tezat bir durum oluşturmaktadır. Soyağaçlarının oluşturulması için kullanılan metodlardaki farklılıklar, toplanılan verilerin doğası gereği olan farklılıklar ve incelenen taksonlardaki önemli farklılıklardan kaynaklandığı için tüm verileri birleştiren objektif bir metod bulunmamaktadır (Lundrigan vd. 2002). Boursout vd. (1993) tarafından çalışmaların bir kısmından oluşturulan ve birçok bağımsız veriyi kullanarak mevcut olan en iyi duruma göre bir “sentetik ağaç” ortaya koyulmuştur. Ama yine de bu ilişkilerin sağlamlığını ölçmek için objektif bir yöntem olmadığından ortaya konulan bu ağacı değerlendirmek zordur. Türkiye’de *Mus* cinsinin 2 türü, *Mus domesticus* (*M. m. domesticus*’u tür seviyesinde ele alındı) ve *Mus macedonicus*, bulunmaktadır. İnsanlarla kommensal olan ve ev faresi olarak adlandırılan *Mus musculus* Batı Avrupa’da *M. m. musculus* ve *M. m. domesticus* olmak üzere 2 taksona ayırır. *M. m. domesticus* birçok araştırmacıya göre alttür, yarıtür (semispecies) ya da tür seviyesinde sınıflandırılır (Özkan 1999, Berry vd. 2005, Mitsainas vd. 2009, Hardouin vd. 2015).

Türkiye’de *Mus* cinsine ait çeşitli yöntemler kullanılarak çalışmalar yapılmıştır. Özkan (1999) Gökçeada ve Bozcaada kemirici faunasına dair yaptığı morfolojik çalışmada Bozcaada’da bulunan *Mus domesticus* popülasyonunu ve Gökçeada’da bulunan *M. macedonicus* popülasyonunu hem Trakya hem de Kuzeybatı Anadolu popülasyonlarına benzer bulmuştur. Gökçeada’daki *Spalax leucodon turcicus* örneklerini Trakya’ya benzer bulurken Bozcaada’daki *Spalax leucodon anatolicus* örneklerini ise Batı Anadolu’ya benzer bulmuştur. Gözcelioğlu vd. (2005) tarafından Ankara, Bolu ve Zonguldak’tan elde edilen *Mus domesticus* ve *Mus macedonicus* örneklerinde izositrat dehidrogenaz, karyotip ve morfometre çalışılmıştır. Bu çalışmada zygomatik indeksi (ZI) ile baş ve beden uzunluğu/kuyruk uzunluğu (H+B/T) değerlerinin *M. domesticus* ve *M. macedonicus* için ayırıcı bir özellik olduğu tespit edilirken Idl-1 lokusunun bu iki tür arasında diyagnostik bir lokus olmadığı belirtilmiştir. Ayrıca bu çalışmada iki tür için diploid sayısının (2n) 40 olduğu olduğu saptanmıştır. Gündüz vd. (2005) tarafından d-loop kullanılarak yapılan filocoğrafik çalışmadaki Türk Ana Kladi olarak ifade edilen

haplotipler tespit edilmiştir. Ayrıca Türkiye’deki *M. m. domesticus*’un genetik farklılığı az bulunurken Güney Anadolu’daki örneklerin diğer bölgelerdekilere göre daha fazla farklılık olduğu saptanmıştır. Çolak vd. (2006) tarafından *M. domesticus* ve *M. macedonicus* örneklerinin morfolojik analizi yapılmıştır. Bu çalışmada iki türe ait örnekler için zygomatik indeksi (ZI) ile baş ve beden uzunluğu/kuyruk uzunluğu (H+B/T) değerlerinin saptanmasının yanı sıra kafatasındaki zygomatik plaka ile parietal kemik üzerinde ve birinci mollar dişi (M^1) üzerinde ayrıcı morfolojik karakterler belirtilmiştir. Bakulum ve phallus bakımında ise iki türün ayrımı yapılamamıştır. Sözen vd. (2013) tarafından Batı Anadolu’dan elde edilen *Nannospalax xanthodon* türünün sitotip çalışmasında türün Bozcaada ve Gökçeada örneklerini Batı Anadolu’ya benzer bulmuştur. Şeker vd. (2014) tarafından Gökçeada, Marmara Adası ve Bozcaada kemirici faunası üzerine yapılan karyolojik çalışmada *Mus* cinsine ait türlerin ada popülasyonlar ile anakara popülasyonları arasında karyolojik bir farklılık tespit edilmemekle birlikte Marmara Adası’ndaki türler ilk defa bu çalışmada ele alınmıştır. Çolak vd. (2015) tarafından *Mus* cinsine ait allozim çeşitliliği çalışmasında hem *M. domesticus* hem de *M. macedonicus* örnekleri için genetik farklılaşmanın düşük olduğu tespit edilmiştir. *M. domesticus* için bu düşük genetik farklılaşmanın nedeni olarak bu türün insanlar vasıtasıyla bir yerden bir yere kolaylıkla taşınabilmesi gösterilmiştir. *M. macedonicus*’un küçük bir kaynaktan nispeten yakın bir zamanda yayılması düşük genetik farklılaşmanın nedeni olarak verilmiştir.

M. m. domesticus’un kökeni ile ilgili 2 karşıt görüş vardır. Bu görüşlerden birisi Bonhomme vd. (1994)’ne aittir ve türün Hindistan dışına doğru sentrifugal olarak genişlediğini ifade etmektedirler. Diğer bir görüş ise Prager vd. (1998)’ne aittir ve onlar da türün yakın doğudan linear bir şekilde genişlediğini belirtmektedirler. Fakat genel bir kanı olarak *M. m. domesticus*’un orijin yeri olarak Fertile Crescent (Verimli Hilal) olarak belirtilen günümüzdeki Irak civarı gösterilmektedir (Boursot vd. 1996, Din vd. 1996, Prager vd. 1998). Bu türün antropojenik habitata karşı olan yüksek uyum gösterebilme özelliği sayesinde insanlar ile erken dönemde kommensal olabilmişlerdir. Türün insanlarla olan kommensalliği Müreybet’teki (Suriye), Netiv-Hagdud’daki (İsrail) ve Cafer Höyük (Türkiye)’deki arkeolojik kazılar ile kanıtlanmaktadır (Tchernov 1994, Cucchi vd. 2005, Gündüz vd. 2005). İnsanlar Neolitik dönemde

Avrupa'ya doğru yayılmışlardır ama yerleşik yaşamın bir sonucu olan tarımsal faaliyetler nedeniyle *M. m. domesticus*, Orta Doğu ve Kıbrıs dışına yayılmamıştır (Cucchi vd. 2005, Gündüz vd. 2005). Yaşı kesin olarak tespit edilebilen arkeolojik malzemeler, bu türün Orta Doğu'dan Avrupa'ya yaklaşık 3000 yıl önceden (Demir çağı) çok daha sonraki bir zamanda yayılmış olabileceğini destekler (Cucchi vd. 2005, Gündüz vd. 2005). Bazı araştırmacılar tarafından *M. m. domesticus*'un Avrupa'ya ve Anadolu'ya iki ana koldan yayılmış olabileceği tespit edilmiştir. Bunlardan birisi Cucchi vd. (2005) tarafından tespit edilen Akdeniz Rotasıdır. Bu rota Anadolu'nun güney kıyısı, Kıbrıs ve Yunanistan üzerinden gider. Daha sonra Güney Avrupa ve Batı Avrupa'da kolonizasyon oluşmuştur. İkinci rota ise Gündüz vd. (2005) tarafından ortaya koyulmuştur ve bu rota kuzeye doğrudur. Bu rota Boğaz-Karadeniz Rotası olarak adlandırılmıştır. Bu rota, İç Anadolu üzerinden İstanbul Boğazı'na ilerler ve Trakya ile Bulgaristan üzerinden Avrupa'ya doğru gider. Gündüz vd. (2005) tarafından Türkiye'de yaygın olan iki farklı mitokondriyal ırk (haplotip) tespit edilmiş ve Türkiye'deki kolonizasyonunda yer alan Türk Ana Kladını oluşturduğu belirtilmiştir. Bununla birlikte bu ırklardan birinin muhtemelen İstanbul Boğazı'nı geçtikten sonra Avrupa'yı kolonize ettiğini ileri sürmüştür. Bununla birlikte Rajabi-Maham vd. (2008)'nin çalışmalarına göre Boğaz-Karadeniz Rotası'ndan geçen iki bağımsız göç dalgası vardır. Bu göç dalgasından birisi Hamadan (İran) bölgesinden başlar, diğeri ise Ahvaz (İran) bölgesinden başlar ve bu iki göç dalgası boğazda karşılaşmışlardır. Ortaya atılan bu model *M. m. domesticus*'un neolitizasyonun başlangıcından önce iki bağımsız bölgede var olduğunu ima etmektedir. Fakat Ahvaz popülasyonu, atasal *M. m. domesticus*'un direkt döllerini bulunduran bir popülasyonun çoğu özelliklerini göstermektedir. Bunu destekleyen üç neden vardır. Bunlardan birincisi, en çok sayıda haplotipi ve en yüksek haplotip çeşitliliği bulundurmaktadır. İkincisi, temel ve çok sayıda haplotipleri içeren başka bir örnekleri yoktur. Üçüncüsü, oluşturulan popülasyon ağacında Ahvaz örneğinin pozisyonu hemen hemen merkezi konumdadır.

Ev farelerinin ada popülasyonları ile ilgili çeşitli araştırmalar da bulunmaktadır. Bu çalışmalardan biri Förster vd. (2009) tarafından Portekiz yakınlarındaki Madeira adasından ve Portekiz anakarasından elde edilen *M. m. domesticus* popülasyonlarını kapsamaktadır. Örneklerin mitokondriyal D-loop dizileri analiz edilerek Madeira *M. m.*

domesticus'nın adadaki kolonizasyonu insanlar tarafından kaynaklanan bir taşımadan kaynaklandığı tespit edilmiştir. Benzer şekilde Jones vd. (2011b) tarafından Fransa'nın kuzeyi ve Britanya'daki İskoçya ve İrlanda'ya ait adaları kapsayan çalışmasında da *M. m. domesticus*'un bu adalara yerleşmesi yine insan kaynaklı olduğu ifade edilmiştir. Bu çalışmada tespit edilen İrlanda haplotiplerinin monofiletik olduğu ve bunun da yalnızca Fransa'nın kuzeyinden gelen tek bir kolonizasyondan kaynaklanmış olabileceği tespit edilmiştir. Babiker ve Tautz (2015) mikrosatellit ve mitokondriyal d-loop dizileri kullanılarak Heligoland adasındaki ev farelerinin orijini çalışmıştır. Mitokondriyal d-loop dizilerinde Heligoland farelerinde 3 haplotip tespit etmişler fakat bunlardan ikisi adaya özgü haplotipler olup bu iki haplotipin Almanya ve Danimarka haplotiplerine daha yakın olduğu tespit edilmiştir. Birinci ve İkinci Dünya Savaşı sırasında bu ada İngiliz Ordusu tarafından kullanılmasına rağmen hiçbir İngiliz haplotiplerine rastlanmamıştır.

Anadolu'da *Mus cincine* ait diğer bir tür olan *M. macedonicus* ise muhtemelen son buzul çağından sonra kuzey sığınaklarından en az birinden çıkarak günümüz sınırlarına kadar yayılmıştır. Bu sığınığın Orth vd. (2002) tarafından Gürcistan'ın batısında ya da Azerbaycan'ın doğusunda bulunabileceği iddia edilmektedir. *M. macedonicus* Avrupa'ya Akdeniz'in Karadeniz ile bağlantısı olmadığı zamanda Karadeniz'in güney kenarı boyunca ilerlemesi ile ulaşmıştır ve Balkanlar boyunca kuzeye doğru genişlemesi *M. spicilegus*'un bu türü ortamdaki kovması ile durmuştur (Orth vd. 2002, Macholán vd. 2007). *M. macedonicus* ile ilgili ilk moleküler çalışmalar Prager vd. (1996, 1998) ile Gündüz vd. (2000) tarafından yapılmıştır fakat örneklem yerleri ile çalışılan birey sayısı kısıtlı olmasından dolayı bu türün küçük bir filogenetik yapısını ortaya koymuştur. Bu tür üzerine yapılan diğer bir çalışma Orth vd. (2002) tarafından yapılmıştır. Gürcistan'dan Yunanistan ve Bulgaristan'a kadar olan yerlerden ve İsrail'den elde edilen örneklerin mitokondriyal d-loop bölgesi üzerinde yapılan bu çalışmada net bir şekilde farklı iki mitokondriyal kladın (*M. macedonicus macedonicus* ve *M. macedonicus spretoides*) var olduğu gösterilmektedir. Bu kladlardan "Güney Kladi" olarak ifade edilenlerin, *M. m. spretoides*, şimdiye kadar fark edilemediği gibi bunların İsrail'in farelerini karakterize ettiği söylenmiştir. Ayrıca nükleer genler ile de bir miktar bölgesel farklılaşmanın güneydeki *M. macedonicus*'un kuzeydekilerden ayrılma eğilimi

gösterdiği belirtilmiştir. Bu sonuçlar ile de *M. macedonicus*'un oldukça homojen bir monotipik tür olduğunu ifade edilebilir. Ayrıca bu türün tahmin ettiklerinden daha karmaşık bir filocoğrafik tarihe sahip olduklarını ve iki alt türünün de var olduğu ifade edilmiştir. Böyle bir sonuç çıkmasının nedeni olarak ise muhtemelen Kafkasya'da en az iki sığınığın var olması ve buzul çağı sırasındaki hayvansal hareketlerin varlığı gösterilmektedir.

Marmara Bölgesi'nde yer alan İstanbul Boğazı, Çanakkale Boğazı, Marmara Denizi ile Anadolu ve Trakya popülasyonlarını birbirlerinden ayırmasının yanında popülasyonları birbirinden izole eden birçok adaya sahip olmasıyla (en önemlileri Marmara Adası, Bozcaada ve Gökçeada) evrimsel bakımdan önemli bir bölgedir. Bu çalışmalarda Marmara Bölgesi'nin Trakya ve Anadolu tarafında hem *M. domesticus* hem de *M. macedonicus*'un yayılış gösterdiği tespit edilmiştir. Gökçeada'da *M. macedonicus* yayılış gösterirken Bozcaada ve Marmara Adası'nda ise *M. domesticus*'un yayılış gösterdiği ortaya konmuştur. *Mus* cinsine ait türler (özellikle *M. domesticus*) de insanlar tarafından kolaylıkla bir yerden başka bir yere taşınabilmektedir. Bu sebeple insan göçleriyle beraber haplotiplerin bölgedeki hareketi konusunda ve popülasyonların filogenetik geçmişleriyle ilgili önemli bilgiler ortaya konabilir. Bu tez çalışmasında Marmara Bölgesi'nde yayılış gösteren *Mus* cinsine ait türlerin hem adalardaki hem de anakaradaki popülasyonlarının mtDNA sitokrom *b* ve kontrol bölgesi varyasyonlarını ortaya koymak temel amaç olarak belirlendi. Ayrıca, belirlenen haplotipler kullanılarak popülasyonlar arası genetik ve filogenetik ilişkilerin ortaya konması bu tez çalışmasının başka bir amacını teşkil eder. Böylece yayılma özellikleri bakımından farklılık gösteren *M. domesticus* ve *M. macedonicus* türleri için, adaların bu iki türün genetik yapıları üzerinde nasıl bir etki yaptığı karşılaştırmalı olarak ortaya konmaya çalışıldı.

2. KURAMSAL TEMELLER

2.1 Sistematik

2.1.1 Ordo: Rodentia (Mammalia)

Rodentia, 2277 türü yani dünyadaki memeli biyoçeşitliliğinin yaklaşık % 42'sini kapsayarak yaşayan memeli takımları arasında en geniş olanıdır (Musser ve Carleton 2005). Çiğneme molar dişler ile yapılırken, kemirme için üst ve altta olmak üzere birer çift kesici dişler özelleşmiştir. Bütün kemiricilerde bir çift üstte, bir çift de altta olmak üzere kesiciler, diastema boşluğu ve üç molar, bazı türlerde ise 1-2 premolar vardır. Kemiricilerin kesicileri köksüzdür ve bu yüzden kesici dişler devamlı büyürler. Ayrıca kesicilerin ön ve yan yüzeyleri mineyle kaplıdır. Kemirme sırasında kesiciler birbirine sürtündükçe dentin tabakasını aşındırarak kendi kendine bilenir. Çiğneme kasları ise diğer memeli cinslerinden daha farklıdır, özellikle süperfisiyal, lateral ve medial maseterleri bölen maseter kası farklıdır (Wood 1965, Hautier vd. 2008). Bu farklı kısımların orjinlerinin pozisyonları kadar bunların nispeten önemi olan mandibul ve kafatasındaki insersiyonları kemiriciler arasında değişir. Morfolojilerin dört kombinasyonları (protrogomorfi, sciuromorfi, hystricomorfi ve myomorfi) önceki çalışmalar ile tanımlanmıştır (Wood 1965). Rodentia'nın Sciuromorpha, Castorimorpha, Myomorpha, Anomaluromorpha ve Hystricomorpha olmak üzere 5 alttakımı bulunmaktadır (Musser ve Carleton 2005).

Kemiriciler model organizmalar olarak biyolojik disiplinlerde geniş aralıkta sıklıkla kullanılırlar. *Mus* ve *Rattus* klasik laboratuvar hayvanlarıyken, geçtiğimiz on yılda davranış çalışmalarında birçok farklı kemirici türleri kullanılmıştır (Martin vd. 2000).

2.1.2 Familya: Muridae

Muridae familyası, tüm memeli türlerinin yaklaşık dörtte birine tekabül eden geniş memeli familyasını oluşturur. Muridae familyası içerisinde 1326 tür bulunur ve 17

altfamilyaya ayrılır (Musser ve Carleton 2005). Bu altfamilyaların bazıları (Murinae, Sigmodontinae, Arvicolinae ve Gerbillinae) geniş coğrafik yayılışı ile yaklaşık 225 cins içeren büyük kladları kapsar (Martin vd. 2000).

Muridae familyası içerisindeki kemiriciler diğer kemiriciler ile arasındaki farklar şöyledir: (i) Kuyrukları gövdelerinden daha uzun, çıplak ve pullarla örtülüdür. (ii) Kulak kepçeleri daha büyüktür. (iii) Burun kısımları daha sivridir. (iv) Gözleri ise daha büyüktür. Genellikle ön ekstremiteleri 4, arka ekstremiteleri 5 parmaklıdır. Familyaya dahil olan kemiricilerin bu ekstremiteleri türün yaşam biçimine göre farklılık gösterir fakat genel olarak büyük parmaklı ve küçük tırnaklılardır. Tutunucu özelliğe sahip olan türlerin baş parmağında tutunma kabarcığı bulunurken, sucul olan türlerin arka parmakları arasında yüzmeyi kolaylaştıran yüzmeye derisi bulunur. Vücutlarını kaplayan kıllar kısadır. Kuyruklarını çeşitli fonksiyonları yerine getirmek amacıyla kullanırlar. Örneğin, bazı türler kuyruklarını tırmanma için, sucul olan türler ise dümen gibi kullanırlar. Bunların dışında ağaçlarda, toprak üzerinde ya da toprağın altında yaşayan türleri de bulunur. Omnivordurlar. Bunların yanı sıra, çok hızlı üreyebildiklerinden, birçok besin ile beslenebildiklerinden, bazı hastalıklar için taşıyıcı olduklarından ve göç ederken sürü halinde hareket ettiklerinden dolayı günümüze kadar insanlar için zararlı organizmalar olmuşlardır (Demirsoy 1996).

2.1.3 Altfamilya: Murinae

Murinae altfamilyasına ait 5 cins bulunur. Bunların boyları 5 cm'den 50 cm'ye kadar değişir ve renklenmeleri ile de kamuflaj yaparlar. Genelde kuyrukları uzun, gözleri ve kulakları ise nispeten büyüktür. Tercih ettikleri habitat, sosyal yapıları, üreme dönemlerindeki eşleşme sistemleri değişiklik gösterir (Martin vd. 2000).

2.1.4 Cins: *Mus* Linnaeus, 1758

Mus cinsine ait kemiriciler morfolojik olarak *Apodemus*'a çok benzerler. Fakat *Apodemus*lardan farklı olarak gözleri ve kulakları daha küçüktür, kuyrukları ve arka ayakları ise daha kısadır. Kuyrukları hemen hemen çıplaktır (Demirsoy 1996).

Mus cinsi içerisinde bulunan 30-40 türün boyutları küçük, nokturnal, terrestrialdir. Bu cins içerisinde *Mus*, *Nannomys*, *Coelomys* ve *Pyromys* olmak üzere dört altcinsi barındırır. Bu altcinsler hem morfolojik karakterler hem de moleküler belirteçler yardımıyla teşhis edilebilirler (Lundrigan vd. 2002, Musser ve Carleton 2005).

Mus cinsine dahil türlerin doğal coğrafik sahası Avrupa, Afrika ve Asya'yı içine alır. Uzun zamandır, özellikle Edo Çağı süresince (100-400 yıl önce), *Mus* cinsi insanların ilgisini çekmiştir. *Mus* türlerinin çeşitlilik gösteren kürk renginden dolayı Japon meraklıları yeni ve sıra dışı bir kürk formu üretmek için ev farelerini beslemişler. Böylece Avrupa ve İngiltere'ye "süslü fare" adı verilen bir ticaretin başlamasına sebep olmuşlar. Bu ticaret vasıtasıyla getirilen fareler, bu yeni bölgelerde *Mus* örneklerinin yeni soy hatları meydana getirmişlerdir (Lundrigan vd. 2002).

2.1.5 Altçins: *Mus* Linnaeus, 1758

Bu altcinsin tip türü *Mus musculus* Linnaeus, 1758'dir. İçerisinde 11 tür yer alır. Bu altcinsine ait türler ve alttürler aşağıdaki gibi sıralanabilir:

- 1) *Mus booduga*
- 2) *Mus caroli*
- 3) *Mus cervicolor*
- 4) *Mus cookii*
- 5) *Mus famulus*
- 6) *Mus fragilicauda*
- 7) *Mus macedonicus*

8) *Mus musculus*

- a) *Mus musculus musculus*
- b) *Mus musculus bactrianus*
- c) *Mus musculus castaneus*
- d) *Mus musculus domesticus*
- e) *Mus musculus gentilulus*

9) *Mus spicilegus*

10) *Mus spretus*

11) *Mus terricolor*

Bu altcinse dahil olan türlerden sadece *Mus domesticus* ve *Mus macedonicus*'a ait popülasyonlar Türkiye'de yayılış gösterir. Türkiye'de yayılış gösteren bu iki türün morfolojik olarak ayrımı zor olsa da bazı özelliklere bakılarak birbirinden kabaca ayırt edilebilir. *M. domesticus*'un dorsal renklenmesi laterale doğru siyahtan koyu kahveye doğru açılırken ventrali koyu gri renktedir. *M. macedonicus* da ise dorsal renklenmesi laterale doğru koyu kahveden açık kahveye doğru açılırken ventrali beyazdır. *M. domesticus*'un kuyruk uzunluğu baş ve gövde uzunluğunun toplamından büyük ya da eşitken *M. macedonicus*'da daha küçüktür. Bu iki türün kafatası morfolojileri birbirine benzerdir. Fakat *M. domesticus*'un Zigomatik İndeksi (ZI) 0,5'e eşit ya da daha küçükken *M. macedonicus*'un ise 0,5'e eşit ya da daha büyüktür. *M. domesticus*'un Parietal kemiklerinin ventral süturu zızzak şeklindeyken, *M. macedonicus*'ta ise düz ya da öne doğru bir girinti yapıyor (Özkan 1999, Çolak vd. 2006, Yiğit vd. 2006).

***Mus domesticus* (Schwarz ve Schwarz, 1943)**

Mus domesticus (batı ev faresi) Batı Avrupa'da, çoğu Akdeniz adalarında Afrika'da, Asya'da, Amerika'da ve Avustralasya'da baskın bir türüdür (Gündüz vd. 2005, Musser ve Carleton 2005). Fakat türün tip lokalitesi Dublin (İrlanda)'dır.

Mus domesticus'un yaşadığı yerler çoğunlukla evlerde ve bahçelerde olmak üzere, işlenmiş arazilerinde, ağaçlarda, tarlalarda ve çalılık alanlarda bulunurlar (Özkan 1999, Çolak vd. 2006, Yiğit vd. 2006).

Bazı araştırmacılar tarafından verilen sinonim adları şöyledir (Carleton ve Musser 2005); *Mus abbotti* (Waterhouse 1837), *Mus adelaidensis* (Gray 1841), *Mus airolensis* (Burg 1921), *Mus albidiventris* (Burg 1923), *Mus albinus* (Minà Palumbo 1868), *Mus albus* (Bechstein 1801), *Mus ater* (Fraipoint 1907), *Mus azoricus* (Schinz 1845), *Mus brevirostris* (Waterhouse 1837), *Mus deserti* (Loche 1867), *Mus candidus* (Laurent 1937), *Mus caudatus* (Matino 1934), *Mus corsicus* (Kratohvil 1986), *Mus faeroensis* (Clarke 1904), *Mus far* (Cabrera 1921), *Mus flavescens* (Fischer 1872), *Mus flavus* (Bechstein 1801), *Mus formosovi* (Heptner 1930), *Mus gentilis* (Brants 1827), *Mus gerbillinus* (Blyth 1853), *Mus helgolandicus* (Zimmerman 1953), *Mus helveticus* (Burg 1923), *Mus homourus* (Hodgson 1845), *Mus indianus* (Wied 1862), *Mus jalapae* (J. A. Allen ve Chapman 1897), *Mus jamesoni* (Krausse 1921), *Mus kalehpeninsularis* (Goodwin 1940), *Mus lundii* (Fitzinger 1867), *Mus makovensisi* (Orlov, Nadjafova ve Bulatova 1992).

***Mus macedonicus* (Petrov ve Ruzic, 1983)**

Mus macedonicus, Balkan kısa kuyruklu faresi, batıda Balkan ve Kafkasya dağları ile sınırlandırılmıştır ve bu tür Yakın Doğu, Transkafkasya, Anadolu, Güney Balkanlarda bulunur (Macholán 2007). Bu türün tip yeri Valandova (Makedonya)'dır.

Mus macedonicus yerleşim alanlarına yakın veya kırsal alanlarda, çam ormanlarında, çalılık alanlarda, yol, dere, ağıl ve tarla kenarlarında bulunurlar (Özkan 1999, Çolak vd. 2006, Yiğit vd. 2006).

Bazı araştırmacılar tarafından verilen sinonim adları şöyledir (Carleton ve Musser 2005); *Mus camini* (Bate 1942), *Mus makovensisi* (Orlov vd. 1992), *Mus spretoides* (Bonhomme vd. 1984).

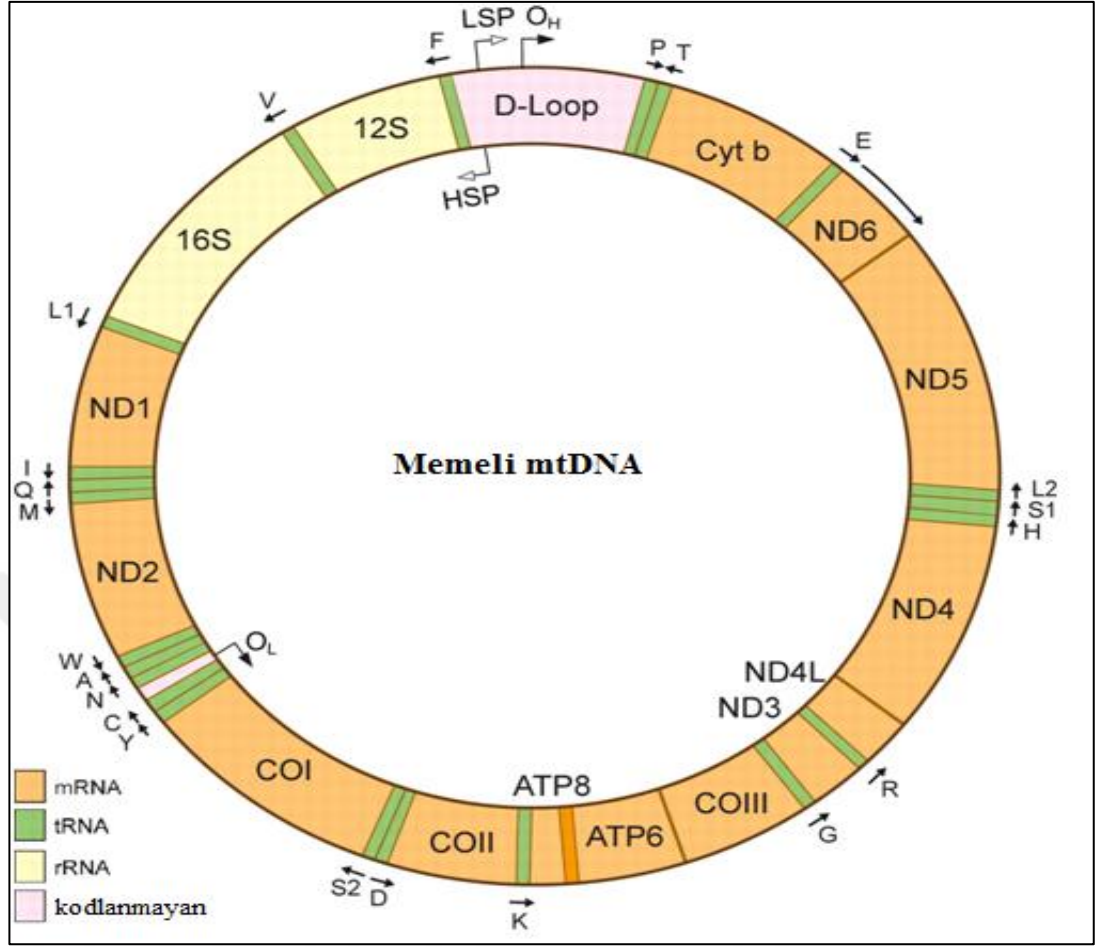
2.2 Mitokondriyal DNA (mtDNA) ve Yapısı

Mitokondriyal DNA, hücre içerisinde bulunan mitokondrilerin kristalleri arasındaki matriks kısmında bulunan çift iplikli, kapalı halkasal bir formda bulunan bir moleküldür (Şekil 2.1). Bazı silli tek hücrelilerde istisnai olarak doğrusaldırlar. Mitokondri içinde bu molekülün miktarı hücrenin büyüme koşullarına ve enerji ihtiyaçlarına göre değişir. Her bir mitokondride mtDNA moleküllerinin ve hücre içinde mitokondrilerin miktarındaki farklılıklar araştırmacıların henüz anlayamadığı karmaşık yollarla düzenlenir (Hartwell vd. 2011).

Mitokondrinin bölünmesinin yanı sıra mtDNA molekülünün replikasyonu genomik nükleer DNA'nın replikasyonundan (yalnızca S fazı boyunca olur) ve mitoz sonunda hücre bölünmesinden bağımsız olarak hücre döngüsü boyunca olabilir. İlginç bir şekilde, replikasyona uğrayan mtDNA molekülleri rastgele tanımlanmış görünür. Sonuç olarak bazı moleküller her hücre döngüsünde birkaç kez kopyalanır, diğerleri hiçbir şekilde kopyalanmaz (Hartwell vd 2011).

Hayvan mtDNA'sı en az 20 kilobaz uzunluğunda ve 40'dan daha az gen kodlayan son derece yoğundur (Wolstenholme 1992). mtDNA tarafından kodlanan proteinlerin hepsi mitokondriyal solunum zincirinin altbirimleridir (MRC; Okimoto vd. 1992). Memeli mitokondriyal DNA'sı (mtDNA) 37 gen içeren çift iplikli/zincirli halkasal bir moleküldür. Bu genler solunum zinciri komplekslerinin altbirimleri olan 13 polipeptid, mitokondriyal protein sentezi için gerekli olan 22 tRNA ve 2 rRNA genlerini kodlarlar. mtDNA'nın transkripsiyonu polisistroniktir ve her bir zincirde tek ana promotorda başlatılır. LPS hafif zincir promotordur, HSP ise ağır zincir promotordur.

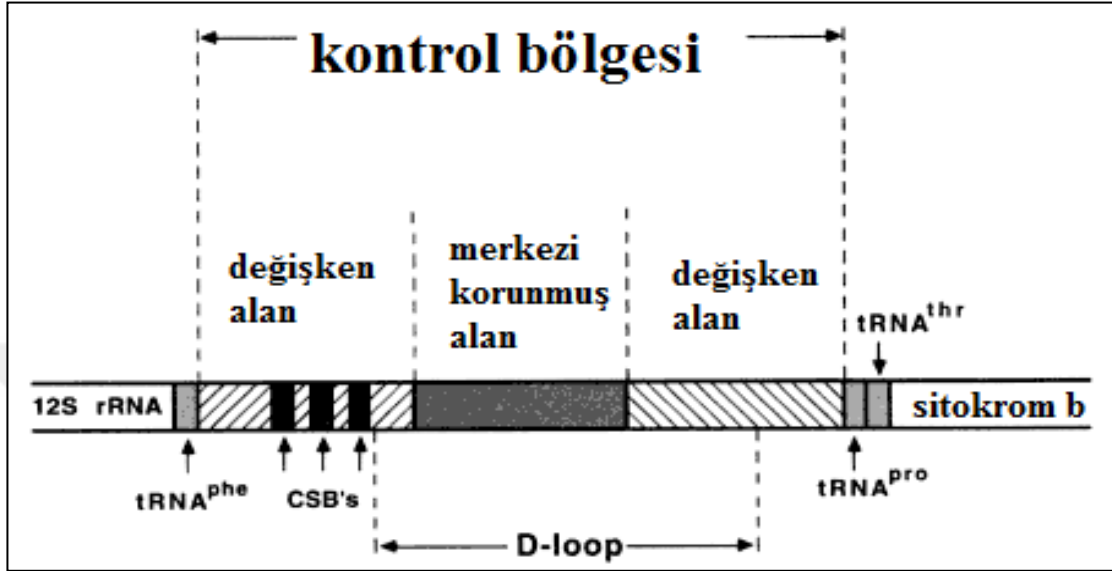
mtDNA oksidatif fosforilasyonda önemli bir rol oynadığı için moleküllerde meydana gelen mutasyon ya da ürünlerdeki hatalar farklı şekillerde değişik dokuları etkileyebilen çeşitli hastalıklara neden olurlar (Wallace 1999). Son zamanlarda geliştirilen çok sayıdaki fare modelleri mtDNA mutasyonlarının nasıl aktarıldığını açıklığa kavuşturmuştur (Goios vd. 2007).



Şekil 2.1 Memeli mtDNA'sının şematik görüntüsüdür (Park ve Larsson 2011'den değiştirilmiştir)

İntronlar mevcut değildir ve genler arasında kodlanmayan nükleotidler ya azdır ya da hiç yoktur. Mitokondriyal genomun yaklaşık % 92'si kodlama fonksiyonuna sahiptir. Yalnızca kodlanmayan yaklaşık 16,5 kb uzunluğunda büyükçe bir bölge vardır. Bu bölge D-loop (displacement loop) olarak tanımlanır (Park ve Larsson 2011). Kontrol bölgesi omurgasızlarda "A-T'ce zengin bölge" olarak, omurgalılarda ise "D-loop bölgesi" olarak adlandırılır (Taberlet 1996). Kontrol bölgesi 3 bölüme ayrılır (Şekil 2.2). Kontrol bölgesinin merkezinde daha fazla korunmuş alan ile bunun sağ ve sol tarafında yüksek çeşitlilik gösteren iki alan bulunmaktadır Sol tarafta ağır zincir replikasyonunu orijinini (O_H), 2-3 tane tipik olarak korunmuş dizi blokları bulunmaktadır (CSB) ve her iki mtDNA zincirinin transkripsiyonu için promotorları (LSP ve HSP) barındırır. Sağ tarafta bir ya da daha fazla sonlandırmayla ilişkili diziler (TAS, termination-associated sequences) bulunur. D-loop kontrol bölgesinin mikroskop

altında görülebilen ve DNA replikasyonu ile ilgili bir bölgedir (Taberlet 1996, Avise 2001). Sitokrom *b* ve sitokrom *c* oksidaz altbirim I, birçok organizmanın mtDNA'sında her zaman korunurlar. Bu yüzden tarihlerini tahmin etmek için kullanılırlar.



Şekil 2.2 Memeli mitokondriyal DNA'sında kontrol bölgesinin başlıca üç alanının şematik diyagramı (Avise 2001'den değiştirilmiştir)

mtDNA tek kopya nükleer DNA'dan 5 ile 10 kat daha hızlı evrimleşir (Brown vd. 1979). mtDNA evriminin hızlı temposuna katkı sağlayan muhtemel birkaç faktör vardır (Avise 2009);

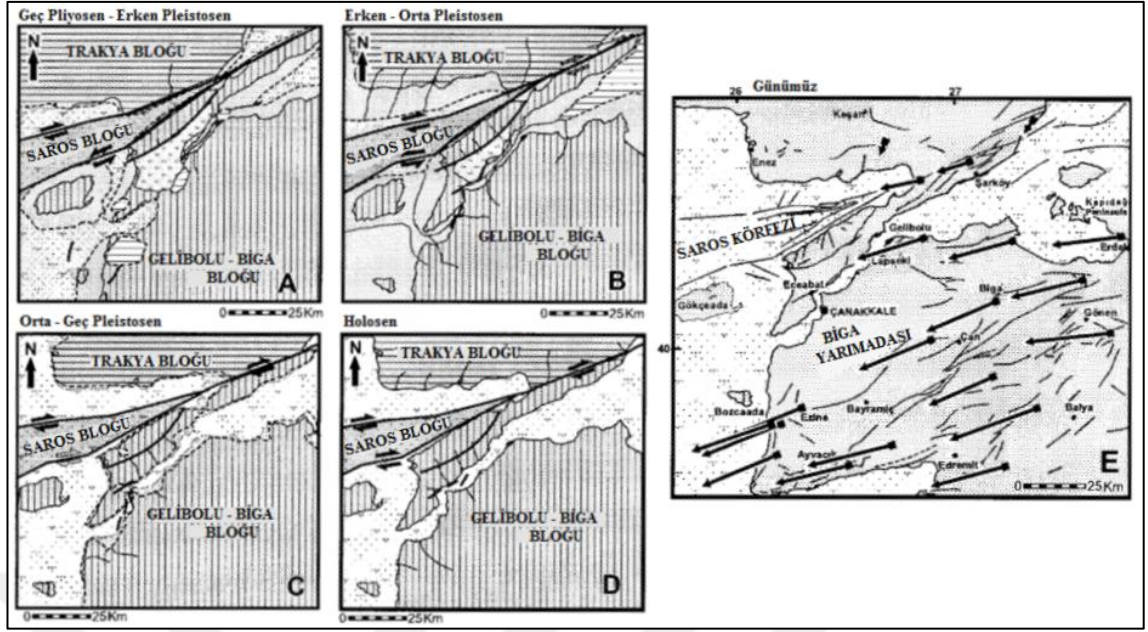
- Mitokondride DNA onarımının nispeten yetersiz mekanizmaları olması
- Mitokondri içerisinde mtDNA molekülü için aşındırıcı/yıkıcı oksijence zengin çevreye maruz kalması
- mtDNA, onun kendi replikasyonu, transkripsiyonu ya da translasyonunda direkt olarak dahil olan proteinleri üretmemesi ve yalnızca birkaç tip polipeptidi kodlaması gerçeğinden ortaya çıkarılan fonksiyonel sınırlamalarının rahatlaması
- mtDNA'nın çıplak olması (histon proteinleriyle sıkıca bağlanmamıştır)

mtDNA'nın hızlı evrimi, çoğu hayvan türünde yüksek nükleotid dizi varyasyonunun varlığında yansıtılır. Bu durum filocoğrafik analizler için bir ön koşulu temsil eder.

2.3 Boğazların ve Adaların Oluşumu

2.3.1 Çanakkale Boğazı

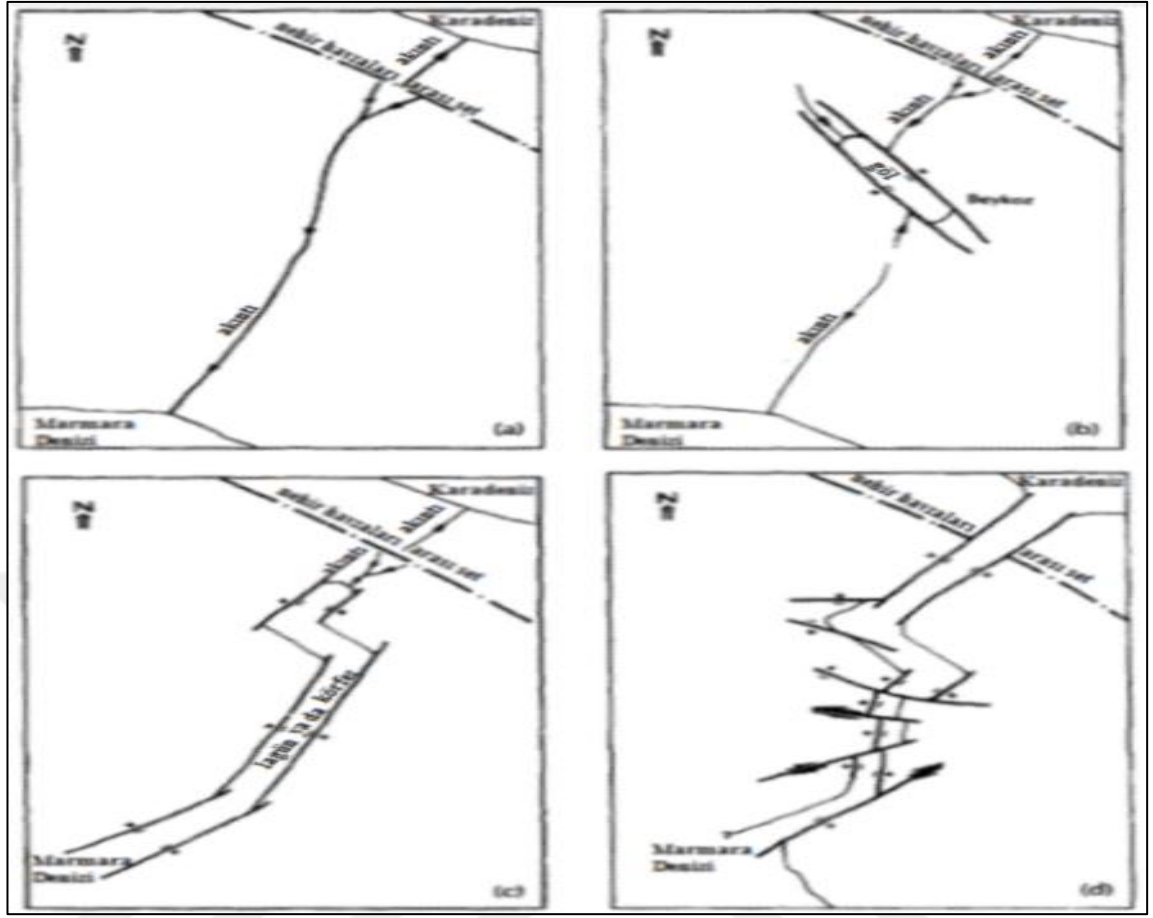
Çanakkale Boğazı'nın oluşumunu doğrudan tetikleyen en bariz yapısal özellik Ganoz Fayı ve Anafartalar Ters Fayı (ATF) 'dır. Erken Pliyosen (yaklaşık 5,3 - 4,4 myö arası) başlangıcında bir yandan Gelibolu Yarımadası içindeki Ganoz Fayı sıkıştırılırken diğer yandan da Anadolu Bloğu batıya doğru ilerlemiş ve Saros Körfezi açılmıştır. Bunun sonucunda sedimentler bölünmüş ve bu bölünen sedimentler sinistral hareketlerin bir sonucu olarak katlanmıştır. Bu periyot boyunca ATF'den oluşan alüvyal fanlar (Conkbayırı Formasyonu) Gelibolu ve Biga Yarımadasında birikmiştir. Geç Pliyosen boyunca, Geç Miyosen Denizi, kısa süre içerisinde Gelibolu Yarımadası'nın kuzey kısmında Marmara Denizi'ne dar bir deniz bağlantısı oluşmuştur. Özbek Köyü'ne sınırlı olan bu küçük deniz tabanında belli belirsiz bir bölgesel yükselme meydana gelmiştir. Bu yükselmelerin sonunda deniz suyu geri çekilmiş ve bölgede karasal koşullar etkili olmuştur. Artan bölgesel yükselmenin bir sonucu olarak Conkbayırı ve Özbek Formasyonlarındaki birimler (unit) Marmara ve Ege Denizi'ne doğru iki vadi içinde erozyona uğramasıyla kanyon eksenı boyunca yükselmiş. Erken-Orta Pleistosen'nin başında sinistral bölünme etkileri devam etmiş ve vadinin doğu-batı uzamasına neden olmuştur. Nara Burnu ve Kilitbahir civarında yer alan iki vadi arasında bulunan eşik, vadinin doğu-batı uzaması ile oluşan kuzeykuzeydoğu-güneygüneybatı eğilimli normal kırıklar ile bölünmüştür. Bunun bir sonucu olarak, Akdeniz suları bağlantılı vadiler boyunca akarak Marmara Denizi'ni işgal etmiş ve Çanakkale Boğazı günümüz şekline benzer bir şekil kazanmıştır. Geç Pleistosen'de, tabanında Marmara Formasyonunun artıklarını barındıran Eceabat Ovası günümüz yüksekliğinden 30 metre daha aşağıdaydı. Tektonik yükselmenin hızı ve kıyı fasiyeslerinin dağılımı dikkate alındığında, Bolayır Geçidi ve Eceabat Ovası denizin altında dar kanallarken, Gelibolu Yarımadası zaman zaman adalara dönüşüyordu. Son 150 bin yıl süresince yaşanan buzul dönemlerde Ege Denizi ve Marmara Denizi arasındaki deniz suyu ayrılımlarına neden olurken, son 600 bin yıl önceki bölgesel yükselme Marmara Formasyonunun kıyısai fasiyeslerinin erozyona uğramasına neden olmuştur. Bu da bölgede farklı yüksekliklere ve ağır lokalitelerin kazanmasına neden oldu (Yaltırak vd. 2000).



Şekil 2.3 Çanakkale Boğazı'nın oluşumu (Yaltırak vd. 2000'den değiştirilmiştir)

2.3.2 İstanbul Boğazı

İstanbul Boğazı'nın tabanı İstanbul ve Kocaeli Yarımadalarının Paleozoik ve Üst Kretase kayaları ile oluşmuştur. Bu kayalar boğazın her iki kenarını ortaya çıkarır. Erken Pliyosen'de düşük enerjili bir plato olan İstanbul Yarımadası'nda biri Marmara Denizi'ne biri de Karadeniz'e doğru olan 2 su havzası bulunuyordu ve ayrıca İstanbul Yarımadası'nın kuzeyi güneyine göre daha çok yükselmişti. Pliyosen boyunca tektonik hareketlerinin yardımıyla sular, yarımadanın güneyine doğru akarak bir çanak oluşturmaya başladı. Pleistosen'de ise burası yoğun tektonik hareketlere maruz kalmış ve buzul çağı süresince burası Marmara Denizi'nin bir körfezi gibi olmuştur. Yarımadanın güneyinde bunlar olurken kuzeyinde önemli bir değişiklik meydana gelmemiştir. Würn buzulu boyunca ise bu kompleks graben benzeri çanak aynı kalmış fakat kuzeydeki paleostream (eski akıntılar) vadi ve paleohigh (eski yükseltiler) derinleşmeye devam etmiştir. Bu yükseltilerin alçalması olayı fay kırıklarının yenilenmesiyle desteklenmiştir. Daha sonra küresel olarak meydana gelen su seviyesindeki yükselme ile Marmara Denizi'ne ve Karadeniz'e doğru akan su havzaları arasındaki bariyeri geçen Akdeniz suları Karadeniz'e ulaşmıştır. Böylelikle İstanbul Boğazı'nın günümüz hali oluşmuştur (Göktaş vd. 1997).



Şekil 2.4 İstanbul Boğazı'nın oluşumda rol oynayan su akıntıları (Gökaşan vd. 1997'den değiştirilmiştir)

2.3.3 Gökçeada

Çanakkale'nin bir ilçesi olan Gökçeada (eski adıyla Imbros) Ege Denizi'nde Anadolu kıta sahanlığı üzerinde Türkiye'nin en büyük (285 km^2) ve stratejik bir noktada yer alan adasıdır (Kahraman 2005). Çanakkale Boğazı'nın kuzeybatısında yer alan Gökçeada'nın kuzeyinde Semadirek Adası, doğusunda Gelibolu Yarımadası, güneybatısında Limni Adası, güneyinde ise Bozcaada bulunur. Gökçeada'nın doğudan batıya uzunluğu 30 kilometre, kuzeyden güneye eni ise yaklaşık 13 kilometredir (Ercan vd. 1995). En yüksek yeri 672 m ile Doruktepe'dir. Kıyı şeridi uzunluğu ise 95 kilometredir. Gökçeada Çanakkale'ye 32 deniz mili (yaklaşık 51,5 km), Çanakkale Kabatepe Limanı'na 14 deniz mili (yaklaşık 22,5 km) uzaklıkta yer alır (Anonim 2015b).

Ada Kuzey Anadolu Fay (KAF) hattının batısına yakındır. KAF, güneybatıya doğru açık denizden Kuzey Ege Oluğu/Kanalı olarak bilinen derin bir kanala doğru genişler. KAF, doğuda Karlıova'dan Marmara ve Kuzey Ege Denizi'ndeki yanal atılımlı fay hattı boyunca uzar. Gökçeada, kuzeybatı Türkiye'de en fazla yükselme değerlerinden biri olma niteliğini gösterir. Keskin kıyasal uçurumları, fay kırıkları, yükselen dalga çentikleri (wave-cut notches), asılı vadileri, su kaynakları ve şelaleleri ile farklı morfolojik özelliğe sahiptir. Adanın sahip olduğu bu morfolojik özellikler aktif tektoniğin ve meydana gelen yükselmenin birer kanıtıdır (Koral vd. 2009).

Gökçeada'yı meydana getiren kaya birimleri senozoik yaşlıdır. Bu kaya birimleri en alttan yukarıya doğru sırasıyla şöyledir (Ercan vd. 1995); (i) Fıçıtepe formasyonu (Alt Eosen yaşlı) (Siyako vd. 1989) (ii) Soğucak kireçtaşı (Orta Eosen yaşlı) (iii) Mezardere formasyonu (Üst Eosen-Alt Oligosen yaşlı) (Siyako vd. 1989) (iv) Osmancık formasyonu (v) Eosen ve Oligosen yaşta olmak üzere farklı iki yaşlı çökeller (Akartuna 1950, Okut 1975) (vi) Çan volkanitleri (Orta-Üst Oligosen yaşlı) (Ercan vd. 1995) (vii) Gazhanedere formasyonu (Üst Miyosen yaşlı) (viii) Yamaç molozları ve alüvyonlar (Kuvaterner yaşlı). Buradaki Orta-Üst Oligosen yaşlı olan çan volkanitleri Ercan vd. (1995) tarafından radyometrik yaş ölçümü ile 30.4 ve 34.3 milyon yıllık oldukları saptanmıştır (Koral vd. 2009, Kurtuluş vd. 2010).

Gökçeada'nın Uğurlu köyü zeytinlik mevkiisindeki kazılardan elde edilen buluntuların radyoaktif karbon tarihleri M.Ö. 6500'leri vermiştir. Diğer bir deyişle, Uğurlu-Zeytinlik yerleşmesinin günümüzden 8500 yıl önce Anadolu'dan gelen tarımcı topluluklar sayesinde Doğu Ege adalarının en erken yerleşmesi olduğu ifade edilmektedir (Özbek ve Erdoğan 2014). Gökçeada, 31 Ekim 1912 tarihinde Balkan savaşları sırasında Yunanistan tarafından işgal edilmiştir (Atabay 2008).

Gökçeada Akdeniz iklimine sahip olduğu için maki bitki örtüsü görülmektedir. Ada üzerinde çam ormanlarına, makilere, zeytinliklere ve rüzgara açık olan güney yamaçlarında ise geven dikenlere rastlanır. Adada bir baraj ve dört gölet bulunur. Bu yönüyle Akdeniz'in su kaynakları bakımından en zengin adasıdır. Adanın yaklaşık % 75'i tarım için kullanılır.

2.3.4 Bozcaada

Çanakkale'nin bir ilçesi olan Bozcaada (eski adıyla Tenedos) Ege Denizi'nde Anadolu kıta sahanlığı üzerinde olup Ege Denizi'nin kuzeydoğusunda, Çanakkale Boğazı'nın 12 deniz mili güneyindedir. Çanakkale il merkezine 25 mil, Gökçeada'ya 17 mil, Limni'ye 26 mil, Midilli'ye 27 mil mesafede jeostratejik ve jeopolitik açısından önemli bir konumda yer alır. Çevresi 38 km tutan Bozcaada'nın alanı 36,67 km² olup etrafındaki irili ufaklı 17 adacık (0,93 km²) dahil olmak üzere 37,6 km² bir yüz ölçümüne sahiptir. Bu adacıkların en büyüğü 800 dönümlük arazisi ile halk arasında Tavşan Adası diye bilinen Mavriya Adası'dır (Özkök vd. 2008). Bozcaada'nın en yüksek yeri 191 m ile Göztepe'dir (Ercan vd. 1995).

Bozcaada'yı meydana getiren temel jeolojik yapı rekristalize kireçtaşı-metaşeylin üst üste gelmesiyle devam eden masif kireçtaşlarıdır. Bu rekristalize kireçtaşları içinde fosiller (Üst Permiyen yaşlı) bulunmuştur (Kalafatçıoğlu 1963). Bunların üzerinde tektonik oluşumla değişmiş magma taşından oluşan ofiyolitik birimler bulunur. Bunun üstünde ise Eosen birimleri bulunur ki bu birimler kırmızı renkli konglomeralarla başlamaktadır. Bunun üstünde bulunan kireçtaşları ise bol miktarda gri renkli konglomeralar ve gri-beyaz renkli Orta Eosen yaşlı fosiller yer alır. Bundan sonra Eosen yaşlı konglomera, kumtaşı, marn, kilitaşı ve kireçtaşı düzeyleri bulunur fakat bu birimleri çeşitli türlerdeki lavlar keserler. Alt Miyosen yaşlı bu lavlar (Behram volkanitleri) Ercan vd. (1995) tarafından radyometrik yaş ölçümü ile 19.6 milyon yıllık olduğu saptanmıştır. Bunların üzerinde de Orta-Üst Miyosen yaşlı olan konglomeralar, kumtaşları ve kilitaşları üst üste gelerek görsel çökeller yer almaktadır. Son olarak en üstte ise alüvyonlar (Kuaterner yaşlı) bulunmaktadır. Bozcaada ile birlikte bulunan adalar başlangıçta Biga Yarımadası'nın doğal bir uzantısıdır ancak Kuaterner döneminde Ege Denizi'nin yükselmesiyle Biga Yarımadası'ndan ayrılmışlardır (Ercan vd. 1995).

Bozcaada kurak bir yapıya sahip olduğundan tarih öncesinden günümüze kadar insanların adadaki yaşamlarını nasıl sürdürüldüğü tam olarak bilinmemekle birlikte Bozcaada'da yapılan arkeolojik çalışmalar, adadaki ilk insanın izlerinin Erken Tunç

Çağına (M.Ö. 3000-2000) kadar geriye gittiğini göstermektedirler (Sevinç ve Takaoğlu 2004). Adanın doğusunda bulunan doğal limanlar, Çanakkale Boğazı üzerinden Marmara ve Karadeniz'e ulaşmak isteyen orta ölçekli gemiler için önemli liman işlevleri görmüştür. Ada geçmişte zaman zaman Pers donanması tarafından işgal edilmiştir. M.Ö. 133 yılında Romalıların Anadolu'ya egemen olma süreci boyunca ada da Romalılaşmaya başlamıştır. M.Ö. 6. yüzyılda Doğu Roma İmparatorluğu'nda Mısır'ın İskenderiye limanından Konstantinopolis (şimdiki adıyla İstanbul)'a tahıl taşıyan kargo gemileri için rüzgarın uygun olmadığı şartlarda bir sığınak görevi görmüştür (Takaoğlu ve Bamyacı 2008). Balkan savaşları sırasında da Osmanlı Devleti'nin elinde olan Bozcaada, 7 Kasım 1912 tarihinde Balkan devletleri arasında tek donanmaya sahip olan Yunanistan tarafından işgal edilmiştir. 1. Dünya Savaşı sırasında (28 Temmuz 1914 – 11 Kasım 1918) İtilaf Devletleri tarafından ikmal üssü olarak kullanılmıştır. Daha sonra Lozan Antlaşması ile Bozcaada Türkiye'ye verildi (Atabay 2008).

Bozcaada'da Akdeniz iklimine sahiptir ve ada üzerinde büyük bir akarsu olmadığı gibi Doğu Akdeniz Bölgesi'nin doğal flora özelliklerine sahiptir. Bozcaada kıt su kaynağı yüzünden doğal vejetasyonu zengin değildir ve vejetasyon bakımından Ege Bölgesi'ne ve Ege Denizi'ndeki diğer adalara benzerdir. Adanın ekonomik kaynağı genel olarak bağcılık, şarap yapımı, balıkçılık ve turizme dayanır. Tüm ada 1991 yılında üçüncü derece doğal koruma alanı olarak tanımlandı (Cengiz 2014). Adaya 1996'dan beri düzenli olarak arabalı vapur seferleri düzenlenmektedir.

2.3.5 Marmara Adası

İstanbul ve Çanakkale Boğazları arasında Kapıdağ Yarımadası çevresinde bulunan irili ufaklı birden çok kara parçaları bulunur. Bunların arasında en önemlisi, yarımadanın 6 mil kuzeybatısında yer alan Marmara Adası (eski adıyla Prokonnesos) 'dur. Balıkesir'in bir ilçesi olan Marmara Adası, Marmara Denizi'nde yer alıp 117,18 km²'lik yüzölçümü ile Gökçeada'dan sonra Türkiye'nin ikinci büyük adasıdır. Çanakkale Boğazı'na 40, İstanbul Boğazı'na 60, Trakya Hasköy Burnu'na ise 11 deniz mili uzaklıkta

bulunmaktadır (Akyol vd. 2009). Adaya ulaşım İstanbul, Tekirdağ, Silivri ve Erdek (Balıkesir)'den kalkan gemi ve deniz otobüsleri ile sağlanır.

Marmara Adası, birkaç tektono-stratigrafik toprakları ve fay zonları tarafından çevrilidir. Bu yüzden adaya ait metamorfik birimlere ilişkin doğrudan herhangi bir kanıt rastlanmamıştır. Bu toprakların çoğu İstranca Masifi'dir. Adada bulunan granitin yaşı 47.8 milyon yıl olarak ölçülmüştür (Ustaömer vd. 2009).

Marmara Adası'nda eski çağdan günümüze ulaşan arkeolojik kalıntılara karşılaşılmamıştır fakat tarihi kaynaklar M.Ö.1200'lerde İon göçünün ardından insanların adaya yerleşmiş olabileceği belirtilmektedir. Bu ada antik çağlarda Miletoslular tarafından deniz üssü olarak kullanılmıştır. Ada'nın coğrafik konumundan dolayı tarih boyunca hep saldırılara maruz kalmıştır. Bu nedenle adanın bir çok yerinde kale kalıntılarına rastlanmaktadır. Adada bulunan mermer ocakları Roma döneminde işletilmiş ve Marmara Adası mermer yapımında önemli bir yere sahip olmuştur (Anonim 2015a).

Ada üzerinde belirli bir akarsu bulunmamakla birlikte düzensiz bir debiye sahip dereler yer alır fakat bu derelerin yaz aylarında bir etkisi kalmamaktadır. Marmara Adası bir ada olmasına rağmen adada rutubet bulunmamaktadır. Çünkü adadan çıkan mermerler rutubeti emmektedir. Marmara Adası dünyada böyle bir özelliğe sahip olan iki adadan birisidir (Akyol vd. 2009). Ada Akdeniz iklimine sahiptir ve adanın ekonomik kaynağı zeytincilik, bağcılık, şarapçılık, balıkçılık ve mermer madenciliğidir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

2009 yılında ve 2011-2014 yılları arasında Marmara Bölgesi'ne yapılan arazi çalışmasında Marmara Adası, Bozcaada, Gökçeada, İstanbul, Kocaeli, Balıkesir, Kırklareli, Edirne, Çanakkale ve Bursa olmak üzere 19 lokaliteden toplanan 100 örnek bu çalışmada kullanıldı (Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü izin belgesi dosya no: 53555). Bu 100 örneğin 48 tanesi *Mus macedonicus* (Şekil 3.1), 52 tanesi *Mus domesticus* (Şekil 3.2)'tur. Kullanılan örneklerin örnek numaraları, türü ve toplandığı lokaliteler aşağıdaki çizelge 3.1'de verilmiştir. Örneklerin toplandığı lokaliteler harita üzerinde gösterilmektedir (Şekil 3.3).

Örnekler tahta, teneke ve tel olmak üzere farklı çeşitlerde kapanlar kullanılarak canlı halde yakalandı. Kapanların içerisine yem olarak fıstık ezmesi eklemek kullanıldı. Bazı kapanlar yuva girişinin olduğu yerlere, bazıları ise rastgele tarla kenarlarına konularak örnekler yakalandı.

Örnekler Hayvan Deneyleri Etik Kurul yönetmeliğine uygun olarak tahnit edildi (Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu Kararı no: 2013-5-37) ve dokuları -80 °C'deki derin dondurucuda moleküler çalışmalarda kullanılmak üzere muhafaza edildi.



Şekil 3.1 Çalışmada kullanılan *M. macedonicus*'a ait fotoğraf



Şekil 3.2 Çalışmada kullanılan *M. domesticus*'a ait fotoğraf



Şekil 3.3 Çalışmada kullanılan örneklerin toplandığı lokaliteler

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *Mus* cinsi örneklerin müzedeki kayıtlı örnek numaraları ve toplandığı lokaliteler

No	Örnek No	Türü	Lokalitesi
1	6806 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
2	6807 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
3	6808 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
4	6809 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
5	6811 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
6	6816 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
7	6817 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
8	6818 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
9	6819 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
10	6820 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
11	6829 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
12	6830 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
13	6849 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Topağaç Köyü - Marmara Adası
14	6833 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Bozcaada
15	6835 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Bozcaada
16	6836 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Bozcaada
17	6840 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Bozcaada
18	6844 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Bozcaada
19	6863 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
20	6864 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Bademli – Gökçeada
21	6865 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Bademli – Gökçeada
22	6866 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Bademli – Gökçeada
23	6867 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
24	6868 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
25	6869 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
26	6870 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
27	6871 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
28	6874 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
29	6875 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
30	6876 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
31	6877 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Bademli – Gökçeada
32	6878 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Bademli – Gökçeada
33	6879 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
34	6880 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
35	6881 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
36	6882 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
37	6883 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
38	6884 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Uğurlu – Gökçeada
39	6978 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul
40	6979 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Büyükkılıçlı Köyü - Silivri - İstanbul
41	6988 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul
42	6989 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul
43	6990 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul
44	6991 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul
45	6992 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul
46	6544 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Maşukiye – Kocaeli

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *Mus* cinsi örneklerin müzedeki kayıtlı örnek numaraları ve toplandığı lokaliteler (devam)

No	Örnek No	Türü	Lokalitesi
47	6545 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Maşukiye – Kocaeli
48	6546 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Maşukiye – Kocaeli
49	6547 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Maşukiye – Kocaeli
50	6548 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Maşukiye – Kocaeli
51	6852 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Bandırma – Balıkesir
52	6855 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Bandırma – Balıkesir
53	6856 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Bandırma – Balıkesir
54	6857 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Bandırma – Balıkesir
55	6753 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
56	6754 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
57	6761 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
58	6762 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
59	6763 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
60	6764 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
61	6765 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
62	6766 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
63	6767 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli
64	6793 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Yenikadın Köyü - Edirne
65	6794 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Yenikadın Köyü - Edirne
66	6795 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Yenikadın Köyü - Edirne
67	6845 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Yenikadın Köyü - Edirne
68	6796 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Sazlıdere Köyü - Edirne
69	6797 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Sazlıdere Köyü - Edirne
70	6798 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Sazlıdere Köyü - Edirne
71	6800 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Sazlıdere Köyü - Edirne
72	6802 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Üyükütatar Köyü - Edirne
73	6803 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Üyükütatar Köyü - Edirne
74	6804 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Üyükütatar Köyü - Edirne
75	6805 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Üyükütatar Köyü - Edirne
76	7113 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Enez – Edirne
77	7115 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Enez – Edirne
78	7119 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Enez – Edirne
79	7124 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Enez – Edirne
80	7131 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Enez – Edirne
81	7118 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Bağlık - Orhaniye - Edirne
82	6851 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Sinekçi - Biga - Çanakkale
83	6858 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Sinekçi - Biga - Çanakkale
84	7001 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Sinekçi - Biga - Çanakkale
85	7002 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Sinekçi - Biga - Çanakkale
86	7003 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Sinekçi - Biga - Çanakkale
87	7004 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Sinekçi - Biga - Çanakkale
88	6921 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Güneyli - Gelibolu - Çanakkale
89	6922 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Güneyli - Gelibolu - Çanakkale
90	6923 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Güneyli - Gelibolu - Çanakkale
91	7000 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale
92	7005 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *Mus* cinsi örneklerin müzedeki kayıtlı örnek numaraları ve toplandığı lokaliteler (devam)

No	Örnek No	Türü	Lokalitesi
93	7006 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale
94	7008 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale
95	7009 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale
96	6890 ♂	<i>Mus macedonicus</i>	Gelibolu – Çanakkale
97	6891 ♀	<i>Mus macedonicus</i>	Gelibolu – Çanakkale
98	6997 ♂	<i>Mus domesticus</i>	Uluabat – Bursa
99	6998 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Uluabat – Bursa
100	6999 ♀	<i>Mus domesticus</i>	Uluabat – Bursa

Analizlerde kullanılmak üzere *Mus domesticus*, *Mus macedonicus*, *Mus musculus*, *Mus spicilegus*, *Mus spretus*, *Apodemus flavicollis*, *Apodemus agrarius*, *Rattus norvegicus* örneklerine ait diziler GenBank'tan elde edilmiştir. Bu örneklerin bir kısmı Sitokrom *b* bölgesi için, bir kısmı Kontrol Bölgesi için ve bir kısmı da bu iki bölgenin birleştirilmiş analizinde kullanılmıştır (Çizelge 3.2 - 3.4).

Çizelge 3.2 Sitokrom *b* (Cyt *b*)'nin analizlerinde kullanılmak için GenBank'dan alınan diziler

Türler	Kaynaklar	Cyt <i>b</i>
<i>Mus domesticus</i>	Ahvaz, İran (Suzuki vd. 2013)	AB649479
	Kubelhof, Almanya (Suzuki vd. 2013)	AB649455
	Weidesgrun, Almanya (Suzuki vd. 2013)	AB649456
	Toulouse, Fransa (Suzuki vd. 2013)	AB649457
	Montpellie, Fransa (Suzuki vd. 2013)	AB649458
	Montpellier, Fransa (Suzuki vd. 2013)	AB649459
	Aosta, İtalya (Suzuki vd. 2013)	AB649460
	Himera, Sicilya, İtalya (Suzuki vd. 2013)	AB649461
	Milano, Binasco, İtalya (Suzuki vd. 2013)	AB649462
	Nicosia, Kıbrıs (Suzuki vd. 2013)	AB649470
	Agios Theodoros, Kıbrıs (Suzuki vd. 2013)	AB649471
	Moskova, Rusya (Suzuki vd. 2013)	AB649480
	Amur River mount, Rusya (Suzuki vd. 2013)	AB649481
	Okha, Sakhalin, Rusya (Suzuki vd. 2013)	AB649482
	Tomsk, Rusya (Suzuki vd. 2013)	AB649483
	Monastir, Tunus (Suzuki vd. 2013)	AB649472, AB649473
	Altındere, Türkiye (Suzuki vd. 2013)	AB649463, AB649464
	Malia, Crete, Yunanistan (Suzuki vd. 2013)	AB649465
	Nidas, Crete, Yunanistan (Suzuki vd. 2013)	AB649466, AB649467
	Epanomi, Yunanistan (Suzuki vd. 2013)	AB649468
<i>Mus musculus</i>	(Barbosa vd. 2013)	AB205275, AB205274

Çizelge 3.2 Sitokrom *b* (Cyt *b*)’nin analizlerinde kullanılmak için GenBank’den alınan diziler (devam)

Türler	Kaynaklar	Cyt <i>b</i>
<i>Mus macedonicus</i>	Haifa, İsrail (Suzuki vd. 2004,2013)	AB125770
	Yugoslavya (Lundrigan vd. 2002)	AY057808
<i>Mus spicilegus</i>	Avusturya (Lundrigan vd. 2002)	AY057809
	Bulgaristan_labstrain (Suzuki vd. 2004,2013)	AB125775
<i>Mus spretus</i>	İspanya_labstrain (Suzuki vd. 2000, 2013)	AB033700
<i>Apodemus flavicollis</i>	(Barbosa vd. 2013)	JX457728, JX457729
<i>Rattus norvegicus</i>	(Koma vd. 2013)	AB746363, AB746364

Çizelge 3.3 Kontrol bölgesi (d-loop)’nin analizlerinde kullanılmak için GenBank’den alınan diziler

Türler	Kaynaklar	D-loop	Haplotipler
<i>Mus domesticus</i>	Sarımsaklı,Lüleburgaz,Kırklareli Kırıkköy,Lüleburgaz,Kırklareli İzzetiye köyü,Keşan,Edirne Bahçeköy,Keşan,Edirne (Gunduz vd. 2005)	AJ843821	domTurkey.4
	İzzetiye Köyü, Keşan, Edirne (Gunduz vd. 2005)	AJ843822	domTurkey.5
	Şile, İstanbul (Gunduz vd. 2005)	AJ843823	domTurkey.6
		AJ843824	domTurkey.7
	Yakupbey Köyü,Meriç,Edirne Uzunköprü,Edirne (Gunduz vd. 2005)	AJ843825	domTurkey.8
	Karakaya Köyü, Balıkesir Bostancı, Balıkesir (Gunduz vd. 2005)	AJ843828	domTurkey.11
	Bostancı, Balıkesir (Gunduz vd. 2005)	AJ843830	domTurkey.13
	Kaleköy, Vakfıkebir, Trabzon (Gunduz vd. 2005)	AJ843834	domTurkey.17
	Limandere, Karasu, Sakarya (Gunduz vd. 2005)	AJ843835	domTurkey.18
	Pazarköy, Rize (Gunduz vd. 2005)	AJ843836	domTurkey.19
	Bigadiç, Balıkesir (Gunduz vd. 2005)	AJ843840	domTurkey.23
	Bandırma, Balıkesir (Gunduz vd. 2005)	AJ843841	domTurkey.24
	Yeniköy, Balıkesir (Gunduz vd. 2005)	AJ843844	domTurkey.27
		AJ843853	domTurkey.36
	İnegöl, Bursa (Gunduz vd. 2005)	AJ843846	domTurkey.29
		AJ843849	domTurkey.32
	Hamitli Köyü, Uzunköprü, Edirne Çavuşköy, Vize, Kırklareli Kavakdere, Kırklareli (Gunduz vd. 2005)	AJ843847	domTurkey.30
	Hamitli Köyü, Uzunköprü, Edirne (Gunduz vd. 2005)	AJ843848	domTurkey.31
	Sarımsaklı, Lüleburgaz, Kırklareli (Gunduz vd. 2005)	AJ843855	domTurkey.38
		AJ843856	domTurkey.39

Çizelge 3.3 Kontrol bölgesi (d-loop)’nin analizlerinde kullanılmak için GenBank'dan alınan diziler (devam)

Türler	Kaynaklar	D-loop	Haplotipler
	Bostancı, Balıkesir Giresun Erciş, Van Konya (Gunduz vd. 2005)	AJ843850	domTurkey.33
	Limandere, Karasu, Sakarya Çatalçam, Samsun Giresun (Gunduz vd. 2005)	AJ843852	domTurkey.35
	Yalıköy, Vakfıkebir, Trabzon (Gunduz vd. 2005)	AJ843867	domTurkey.50
	Jerusalem, İsrail (Orth vd. 2002)	AF506185	Israel 8
	Keshet, İsrail (Orth vd. 2002)	AF506183	Israel 9
	Ortal, İsrail (Orth vd. 2002)	AF506187	Israel 10
	Ortal, İsrail (Orth vd. 2002)	AF506186	Israel 11
	Batumi, Abkhazia, Gürcistan (Prager vd. 1996, Orth vd. 2002)	U47496	Georgia 7 (Orth vd. 2002) type 68 (Prager vd. 1996)
	Batumi, Abkhazia, Gürcistan (Prager vd. 1996, Orth vd. 2002)	U47497	Georgia 8 (Orth vd. 2002) type 69 (Prager vd. 1996)
Mus musculus	Didish-shiraki, Gürcistan (Orth vd. 2002)	AF506182	Georgia 11
	Vashlavan, Gürcistan (Orth vd. 2002)	AF506181	Georgia 13
Mus macedonicus	Lagodekhi, Gürcistan (Orth vd. 2002)	AF506197	Georgia 1
		AF506196	Georgia 3
		AF506195	Georgia 5
	Jitarovo, Bulgaristan (Orth vd. 2002)	AF506194	Bulgaria 1
	Jerusalem, İsrail (Orth vd. 2002)	AF506188	Israel 3
	Gradsko, Makedonya (Prager vd. 1996, Orth vd. 2002)	U47535	Macedonia (Orth vd. 2002) mac 1 (Prager vd. 1996)
	Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Kurupelit, Samsun (Gunduz vd. 2000)	AJ286325	macTurkey.4
		AJ286326	macTurkey.5
	Erciyes Üniversitesi, Kayseri (Gunduz vd. 2000)	AJ286327	macTurkey.6
	Arak, Markazi, İran (Gunduz vd. 2000)	AJ286328	macIran.3
	Azarbaijan-e Garbi, Salmas, İran (Rajabi-Maham vd. 2013)	HM235691	Iran 10
Mus spicilegus	Halbturn, Avusturya (Prager vd. 1996)	U47536	Austria (Orth vd. 2002) spi 1 (Prager vd. 1996)
Mus spretus	Puerto Real, Cadiz, İspanya (Prager vd. 1996)	U47539	Spain (Orth vd. 2002) spr 1 (Prager vd. 1996)

Çizelge 3.3 Kontrol bölgesi (d-loop)'nin analizlerinde kullanılmak için GenBank'dan alınan diziler (devam)

Türler	Kaynaklar	D-loop	Haplotipler
<i>Apodemus flavicollis</i>	(Bellinvia 2004)	AY588264 AY588253	
<i>Rattus norvegicus</i>	(Brown vd. 1986)	X04733 X04734	

Çizelge 3.4 mtDNA sitokrom *b* ve kontrol bölgesi'nin birlikte kullanılarak yapılan analizler için GenBank'tan alınan diziler

Türler	Kaynaklar	Aksesyon numarası
<i>Mus musculus</i>	(Gregorová vd. 2008)	NC_010339
<i>Apodemus agrarius</i>	(Gregorová vd. 2008)	NC_016428

3.1 DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu için CTAB (Cetyltrimethylammoniumbromide) DNA izolasyon metodu Doyle ve Doyle (1991) prosedürü takip edilmiştir:

1. Örnekler ait böbrek dokularından 2-3 gramlık küçük parçalar alınarak buz kalıplar içerisinde bekletilen ependorf tüplere konuldu ve herbirinin üzerine 100 µl CTAB lizis tamponu ilave edildi. Tek kullanımlık havaneli ile dokular ezilerek mekanik parçalama işlemine başlandı.
2. Dokular biraz ezildikten sonra her tüpe 200 µl CTAB lizis tamponu daha ilave edildi ve ezme işlemi dokular iyice ezilip homojen bir sıvı hale gelinceye dek gerçekleştirildi.
3. Elde edilen bu homojenata sırasıyla 300 µl CTAB ve 50 µl BME (2-Merkaptoetanol, β-merkaptetanol (HO-CH₂-CH₂-SH)) eklendi ve iyice karıştırıldı.
4. Karışım 65 °C'lik su banyosunda 1 saat inkübe edildi.
5. İnkübasyon sonrasında her tüpe 500 µl C:IAA (Kloroform izoamil alkol) (24:1) ilave edildi ve tüplerdeki içerik süte benzer bir kıvam alıncaya kadar iyice karıştırıldı.

6. Daha sonra tüpler 13.000 rpm'de +4 °C'de 15 dk santrifüj edildi. Santrifüjden sonra ependorf tüpler içerisinde iki faz gözlemlendi. Bu gözlenen alt ve üst fazları karıştırmadan tüpler hassas bir şekilde buz içerisinde yerleştirildi.
7. DNA'yı içeren sulu üst faz, DNA molekülünün kırılmasını önlemek için 1000 µl'lik geniş uçlu pipetle önceden numaralandırılarak hazırlanan yeni ependorf tüplerine aktarıldı.
8. DNA'yı çöktürmek için DNA'yı içeren bu ependorf tüplerin içerisine -20 °C'de soğutulmuş 500 µl izopropanol eklenerek tüpler iyice karıştırıldı. Bu karıştırma sırasında tüpler içerisinde bulut şeklinde nükleik asit ipliği gözlemlendi.
9. Sonra tüpler -80 °C'de 30 dakika inkübe edildi.
10. Donmuş haldeki tüpleri eritmeden +4 °C'de 13.000 rpm'de 10 dakika santrifüj edildi. Santrifüj sonunda tüplerin dibinde DNA moleküllerinin çöktüğü gözlemlendi.
11. Bu tüplerin dibine yapışmış olan DNA moleküllerinin düşmesine izin vermeden dikkatlice tüpler içerisindeki süpernatantlar döktüldü.
12. Süpernatantı döken DNA peletlerini 2-3'er kere -20 °C'de bekletilen % 70'lik ve % 100'lük alkol (etanol) ile sırasıyla yıkama işlemi yapıldı. Bu işlem peletleri düşürmemek için dikkatlice gerçekleştirildi.
13. Yıkama işleminden sonra DNA peletlerini içeren tüpler kurutma kâğıdı üzerine ters çevrilerek 60 dakika kadar kurutulmaya bırakıldı.
14. Kurutma işleminden sonra tüpler içerisine 100 µl Tris-EDTA (TE) tamponu ilave edilip DNA peletleri çözündürüldü.
15. Çözöndürölen DNA peletlerini RNA'dan arındırmak için her bir tüpe 2 µl RNase A (10 mg/ml) ilave edilip 30 dakika 37 °C'deki etüvde inkübasyona bırakıldı.
16. İnkübasyon sonrasında izolasyonu gerçekleştirilen örneklerin DNA konsantrasyonları ve 260 nanometredeki absorpsans değeri (A₂₆₀) spektrofotometre (Thermo Scientific NanoDrop 2000) ile ölçöldü.
17. Ölçüm yapıldıktan sonra DNA tüpleri sonraki çalışmalarda kullanılmak üzere -20 °C'de saklandı.

DNA izolasyonu sırasında kullanılan CTAB, Tris Base, EDTA, NaCl, Tris-EDTA (TE) Tamponu, RNase ve BME çözeltileri aşğıdaki gibi hazırlanmıştır;

Çizelge 3.5 Çalışmada kullanılan örneklerin nanodropta ölçülen DNA miktarı ve saflık analizleri

No	Müze No	Lokalitesi	Nükleik asit miktarı	260/280	260/230
1	6806	Topağaç Köyü - Marmara Adası	2424,5 ng/μl	1,88	2,03
2	6807	Topağaç Köyü - Marmara Adası	980,1 ng/μl	1,92	2,03
3	6808	Topağaç Köyü - Marmara Adası	1198,1 ng/μl	1,97	2,13
4	6809	Topağaç Köyü - Marmara Adası	918,2 ng/μl	1,93	2,04
5	6811	Topağaç Köyü - Marmara Adası	1482,9 ng/μl	1,88	1,84
6	6816	Topağaç Köyü - Marmara Adası	2744,3 ng/μl	1,89	2,08
7	6817	Topağaç Köyü - Marmara Adası	3394,5 ng/μl	1,92	2,13
8	6818	Topağaç Köyü - Marmara Adası	1190,4 ng/μl	1,94	2,06
9	6819	Topağaç Köyü - Marmara Adası	2477,5 ng/μl	1,97	2,3
10	6820	Topağaç Köyü - Marmara Adası	2497,1 ng/μl	1,9	2,06
11	6829	Topağaç Köyü - Marmara Adası	798,8 ng/μl	1,94	2,03
12	6830	Topağaç Köyü - Marmara Adası	2668,3 ng/μl	1,88	2,12
13	6849	Topağaç Köyü - Marmara Adası	1183,8 ng/μl	1,88	1,9
14	6833	Bozcaada	1801,4 ng/μl	1,97	2,05
15	6835	Bozcaada	1225,9 ng/μl	1,91	2,09
16	6836	Bozcaada	1161,2 ng/μl	1,91	2,14
17	6840	Bozcaada	1970 ng/μl	1,94	2,08
18	6844	Bozcaada	1540,1 ng/μl	1,89	1,96
19	6863	Uğurlu - Gökçeada	1501 ng/μl	1,94	2,07
20	6864	Bademli - Gökçeada	1552,4 ng/μl	1,99	2,13
21	6865	Bademli - Gökçeada	739 ng/μl	1,94	2,25
22	6866	Bademli - Gökçeada	490,5 ng/μl	1,88	1,7
23	6867	Uğurlu - Gökçeada	2294,6 ng/μl	1,89	2,19
24	6868	Uğurlu - Gökçeada	792,8 ng/μl	1,88	2
25	6869	Uğurlu - Gökçeada	795,6 ng/μl	1,89	2,02
26	6870	Uğurlu - Gökçeada	2444,7 ng/μl	1,95	2,05
27	6871	Uğurlu - Gökçeada	1731,5 ng/μl	1,96	2,07
28	6874	Uğurlu - Gökçeada	666,5 ng/μl	1,87	1,94
29	6875	Uğurlu - Gökçeada	466,5 ng/μl	1,9	1,97
30	6876	Uğurlu - Gökçeada	1967,5 ng/μl	1,89	1,91
31	6877	Bademli - Gökçeada	2187,6 ng/μl	1,94	2,05
32	6878	Bademli - Gökçeada	2453 ng/μl	1,9	2,1
33	6879	Uğurlu - Gökçeada	1011,6 ng/μl	1,9	2,03
34	6880	Uğurlu - Gökçeada	933,6 ng/μl	1,89	1,98
35	6881	Uğurlu - Gökçeada	713,7 ng/μl	1,85	1,75
36	6882	Uğurlu - Gökçeada	2169,1 ng/μl	1,89	2,08
37	6883	Uğurlu - Gökçeada	1193,4 ng/μl	1,88	1,76
38	6884	Uğurlu - Gökçeada	1598,7 ng/μl	1,85	1,53
39	6978	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul	1373,4 ng/μl	1,9	2
40	6979	Büyükcılıklı Köyü - Silivri - İstanbul	1200,6 ng/μl	1,9	2,02
41	6988	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul	821,3 ng/μl	1,87	1,85
42	6989	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul	690,2 ng/μl	1,84	1,8
43	6990	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul	337,1 ng/μl	1,74	1,47
44	6991	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul	867,7 ng/μl	1,86	1,82
45	6992	Alipaşa Köyü - Silivri - İstanbul	715,7 ng/μl	1,83	1,78

Çizelge 3.5 Çalışmada kullanılan örneklerin nanodropta ölçülen DNA miktarı ve saflık analizleri (devam)

No	Müze No	Lokalitesi	Nükleik asit miktarı	260/280	260/230
46	6544	Maşukiye - Kocaeli	1317,6 ng/µl	1,86	1,91
47	6545	Maşukiye - Kocaeli	703 ng/µl	1,83	1,89
48	6546	Maşukiye - Kocaeli	776,8 ng/µl	1,84	1,94
49	6547	Maşukiye - Kocaeli	1148,8 ng/µl	1,87	2,02
50	6548	Maşukiye - Kocaeli	1303,4 ng/µl	1,86	1,96
51	6852	Bandırma - Balıkesir	805,4 ng/µl	1,86	1,94
52	6855	Bandırma - Balıkesir	630 ng/µl	1,83	1,68
53	6856	Bandırma - Balıkesir	930,4 ng/µl	1,87	1,91
54	6857	Bandırma - Balıkesir	946 ng/µl	1,89	1,95
55	6753	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	1837,2 ng/µl	1,92	1,91
56	6754	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	1219,3 ng/µl	1,87	1,97
57	6761	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	1288,6 ng/µl	1,91	1,84
58	6762	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	2588,1 ng/µl	1,91	1,97
59	6763	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	3021,8 ng/µl	1,87	1,9
60	6764	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	1322,6 ng/µl	1,9	1,88
61	6765	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	2449,1 ng/µl	1,86	1,96
62	6766	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	838,5 ng/µl	1,84	1,78
63	6767	Kırıkköy - Lüleburgaz - Kırklareli	1857,9 ng/µl	1,9	1,88
64	6793	Yenikadın Köyü - Edirne	823,3 ng/µl	1,95	1,98
65	6794	Yenikadın Köyü - Edirne	605,3 ng/µl	1,95	1,81
66	6795	Yenikadın Köyü - Edirne	1300,5 ng/µl	1,94	1,97
67	6845	Yenikadın Köyü - Edirne	701 ng/µl	1,95	2,05
68	6796	Sazlıdere Köyü - Edirne	620,6 ng/µl	1,93	1,88
69	6797	Sazlıdere Köyü - Edirne	342 ng/µl	1,95	1,83
70	6798	Sazlıdere Köyü - Edirne	949,8 ng/µl	1,96	2,08
71	6800	Sazlıdere Köyü - Edirne	1201,4 ng/µl	1,92	1,91
72	6802	Üyüklütatar Köyü - Edirne	664,1 ng/µl	1,91	1,91
73	6803	Üyüklütatar Köyü - Edirne	906,1 ng/µl	1,92	1,93
74	6804	Üyüklütatar Köyü - Edirne	601,7 ng/µl	2	1,93
75	6805	Üyüklütatar Köyü - Edirne	990,8 ng/µl	1,94	2
76	7113	Enez - Edirne	640,2 ng/µl	1,93	1,87
77	7115	Enez - Edirne	953,7 ng/µl	1,95	2,01
78	7119	Enez - Edirne	983,3 ng/µl	1,95	1,98
79	7124	Enez - Edirne	2378,2 ng/µl	1,91	2,09
80	7131	Enez - Edirne	738,4 ng/µl	1,87	1,8
81	7118	Bağlık - Orhaniye - Edirne	760,2 ng/µl	1,93	2,03
82	6851	Sinekçi - Biga - Çanakkale	248,9 ng/µl	1,88	1,9
83	6858	Sinekçi - Biga - Çanakkale	271,2 ng/µl	1,73	1,41
84	7001	Sinekçi - Biga - Çanakkale	1075,6 ng/µl	1,86	1,83
85	7002	Sinekçi - Biga - Çanakkale	1464,6 ng/µl	1,89	1,78
86	7003	Sinekçi - Biga - Çanakkale	1168,6 ng/µl	1,91	1,91
87	7004	Sinekçi - Biga - Çanakkale	1154,7 ng/µl	1,9	1,89
88	6921	Güneyli - Gelibolu - Çanakkale	998,6 ng/µl	1,91	2
89	6922	Güneyli - Gelibolu - Çanakkale	998,6 ng/µl	1,84	1,62
90	6923	Güneyli - Gelibolu - Çanakkale	665,5 ng/µl	1,83	1,61

Çizelge 3.5 Çalışmada kullanılan örneklerin nanodropta ölçülen DNA miktarı ve saflık analizleri (devam)

No	Müze No	Lokalitesi	Nükleik asit miktarı	260/280	260/230
91	7000	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale	998,6 ng/μl	1,87	1,77
92	7005	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale	1345,5 ng/μl	1,89	2
93	7006	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale	1205,5 ng/μl	1,9	2,03
94	7008	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale	865 ng/μl	1,89	1,89
95	7009	Fındıklı - Gelibolu - Çanakkale	1219,3 ng/μl	1,87	1,97
96	6890	Gelibolu - Çanakkale	998,6 ng/μl	1,86	1,78
97	6891	Gelibolu - Çanakkale	998,6 ng/μl	1,86	1,85
98	6997	Uluabat - Bursa	971 ng/μl	1,88	1,98
99	6998	Uluabat - Bursa	680,7 ng/μl	1,83	1,84
100	6999	Uluabat - Bursa	790,9 ng/μl	1,86	1,92

3.2 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)

PZR ile kez 1985 yılında Karry Mullis ve ark. tarafından bulunmuştur. Başlangıçta belirli bir genin sadece küçük bir parçası elde edilirken, günümüzde PZR sayesinde birkaç saat içerisinde tek bir genin milyonlarca kopyası elde edilebilmektedir. Bir PZR reaksiyonunu gerçekleştirmek için distile su, tampon, deoksiribonükleotid (dNTP) solüsyonu, magnezyum klorür ($MgCl_2$), primerler, *Taq* DNA polimeraz ve kalıp DNA gereklidir. *Taq* DNA polimeraz, *Thermus aquaticus* olarak adlandırılan termofilik bakterisinden elde edilen yüksek ısıya dayanıklı DNA polimerazıdır.

PZR'ın prensibi, tekrarlanan 3 basamağa dayanır. Birincisi, çoğaltılacak DNA 90-95 °C gibi yüksek sıcaklıkta denatüre edilerek tek zincirli hale getirilir. Genellikle yaklaşık 5 dakika süreyledir. İkincisi, primerlerin ayrılmış DNA zincirleri üzerinde komplementer oldukları bölgelerle eşleşip kalıp DNA zinciri ile primer arasında hidrojen bağlarının oluşmasını sağlayan bir sıcaklık derecesi vardır. T_m (erime noktası) adını alan bu sıcaklık derecesi primer dizisinin baz içeriğine göre değişir. Primerdeki G ve C sayısı arttıkça T_m derecesi de artar [$T_m = 4(G+C) + 2(A+T)$]. Birleşme (annealing) sıcaklığı genellikle T_m değerinin 5 °C aşağısı olarak belirlenir ve bu sıcaklık 50 °C ile 70 °C arasında bir değerdir. Üçüncü basamakta ise ısıya dayanıklı olan *Taq* DNA polimerazı enziminin en yüksek aktivite gösterdiği sıcaklık olan 72 °C' de nükleotidleri 5' den 3' ne

doğru ekleyerek primerlerin uzamasını sağlar ve hedef DNA'nın iki zincirli kopyasını yapar (Klug vd. 2009).

Bu reaksiyonun özgünlüğü çok iyi tanımlanmış primer oligonükleotidlerin seçilmesiyle sağlanır. Bunlar çoğaltılacak DNA'ya bağlanacak olan bağlanma bölgesine komplementer yapıda kısa tek sarmal DNA molekülleridir. Primerler çiftler halinde biri çift zincir DNA'yı oluşturan zincirlerinden birine, diğeri de o zincirin komplementerine eşleşecek şekilde farklı dizilimlerde tasarlanır. Çoğaltma için DNA dizisinin bilinmesi gerekli değildir. Birleşme bölgelerinin dizisinin bilinmesi yeterlidir.

Eskiden reaksiyon için ısıya dayanıklı bir enzim *Taq* DNA polimeraz Klenow fragmenti kullanılırken günümüzde "*Thermus aquaticus*" termofilik bakterisinden izole edilen ve ısıya dayanıklı enzim *Taq* polimeraz kullanılmaktadır. Çünkü bu enzim 94 °C' de inkübe edildikten sonra bile aktivitesini kaybetmez. Oysa *E. coli*'den elde edilen DNA polimeraz I yüksek sıcaklıkta inaktive olur ve her döngüde enzimi yenilemek gerekir. Bu yol hem yavaş hem pahalıdır. O yüzden *Taq* polimeraz kullanılır. DNA polimeraz enzimleri bir DNA sentezleyebilmek için komplementerini sentezleyeceği bir kalıp DNA molekülüne, substrat olarak dNTP' lere ve kalıp zincirine eşleşmiş primerin 3'-OH grubuna ihtiyaç duyarlar. Enzim bu bileşenlerin bir araya geldiği uygun tampon sisteminde ve uygun sıcaklıkta primerin 3'-OH grubuna serbest dNTP' lerin 5-fosfat gruplarını 3'-5' fosfodiester bağı ile kovalent olarak bağlar. Tamponlar, enzim için gerekli olan elektrolitleri ve koenzimleri sağlar. Yine polimeraz enzimleri aktiviteler için serbest magnezyum iyonlarına gereksinim gösterir. Bu yüzden magnezyum içeren tamponlar kullanılır. PZR için saf DNA kullanılmaya gerek yoktur. Kaba hücre özütü, total DNA preparatı, bir damla kan ya da sperm başarılı bir PZR için başlangıç materyali olabilir. Başlangıçtaki DNA molekülü sayısı PZR'ın kaç döngü uygulanacağını belirler. 1 – 100 kopya DNA molekülü ile başlanıyorsa 30 – 45 döngü, 1.000 – 100.000 ile başlanıyorsa 20 – 30 döngü yeterlidir. Bir döngü sonucunda başlangıçta sayısı "n" olan DNA zincirin sayısı "2n"e yükselir. Döngüler arka arkaya çok kez tekrarlanırken her bir döngünün ürünü, bir sonraki için kalıp olarak kullanıldığı için her döngüde istenen DNA segmentinin miktarı 2 katına çıkar.

Bu tez çalışmasında mitokondriyal DNA üzerinde yer alan iki gen bölgesi çalışıldı. Bunlardan birisi protein kodlayan ve 1140 baz çifti barındıran Sitokrom *b*, diğeri ise 1100 baz çifti barındıran kontrol bölgesi'dir. Sitokrom *b* genin yaygın ve başarılı bir kullanımı bu çalışmada filogenetik bir markör olarak tercih edilmesinin açıkça gösterir (Meyer 1994, Martin 2000). Çalışmada kullanılan primerler çizelge 3.6'da gösterilmektedir. Primerleri sulandırmak için 60 µl'lik primere 240 µl'lik distile su ilave edildi.

Bu çalışmada her örnek için 37,5 µl'lik PZR ürünü oluşturmak için PZR karışımı, her PZR tüpü içerisinde 20,7 µl distile su, 3,75 µl 10X KCl'lü Taq Buffer (Thermo Scientific), 6 µl dNTP, 4,2 µl 25mM MgCl₂(Thermo Scientific), 0,45 µl forward primer, 0,45 µl reverse primer ve 0,45 µl Taq DNA Polimeraz (Thermo Scientific) olacak şekilde hazırlandı ve ardından her bir PZR tüpü içerisine 1,5 µl'lik kalıp DNA koyuldu. Daha sonra çizelge 3.7 - 3.8'da gösterildiği gibi çalışılan bölgelere uygun olan koşullar ayarlanarak "Techne TC-312 Thermal Cycle" PZR cihazında reaksiyon gerçekleştirildi. PZR işleminin ardından PZR ürünlerinin çoğalıp çoğalmadığını gözlemlemek için agaroz jel elektroforezi işlemine geçilir.

Çizelge 3.6 Çalışılan mtDNA bölgeleri ve bu bölgeler için kullanılan primerler

Bölge	Primer Adı	Primer Dizisi	Referans
Sitokrom <i>b</i>	H15915	5'-GGAATTCATCTCTCCGTTTACAAGAC-3'	Irwin vd. 1991
	L14724	5'-CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG-3'	Irwin vd. 1991
Kontrol Bölgesi	HN00651	5'-TAACTGCAGAAGGCTAGGACCAAACCT-3'	Matson ve Baker 2001
	L15926	5'-TCAAAGCTTACACCAGTCTTGTAAC-3'	Matson ve Baker 2001

Çizelge 3.7 Sitokrom *b* için PZR koşulları

Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94 °C	7 Dakika	1
Denatürasyon	94 °C	1 Dakika	30
Bağlanma	50 °C	1 Dakika	
Uzama	72 °C	1,5 Dakika	
Son Uzama	72 °C	10 Dakika	1

Çizelge 3.8 Kontrol bölgesi için PZR koşulları

Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95 °C	7 Dakika	1
Denatürasyon	95 °C	1 Dakika	35
Bağlanma	46 °C	1 Dakika	
Uzama	65 °C	1 Dakika	
Son Uzama	65 °C	10 Dakika	1

3.3 Agaroze Jel Elektroforezi

Jel elektroforezi, kompleks bir solüsyonda mevcut farklı uzunluktaki DNA molekülleri ölçmek ve ayırmak için kullanılır. PZR aşamasından sonra örneklerin çoğalıp çoğalmadığını gözlemlemek için PZR örnekleri % 0.8'lik agaroz jel elektroforez işlemi gerçekleştirildi. Bu işlem için laboratuvarında bulunan 50 ml hacmine sahip elektroforez tankı kullanılmıştır. Bu tank için gereken jeli hazırlamak amacıyla 0,40 gram agar (Biomax Agarose) tartıldı ve 250 ml'lik erlenmayer içerisine dökülüp üzerine 50 ml 1X Tris-asetat-EDTA (TAE) ilave edilerek mikrodalga fırında homojen hale gelinceye kadar kaynatılarak agarın çözülmesi sağlandı. Hazırlanan jel el ile tutulabilecek kadar soğultmaya bırakılır. Yeteri kadar soğuyan jel, önceden tarakları konularak hazırlanan kaset içerisine kabarcık oluşturmada yavaşça ve dikkatlice döküldü. Jel, tank içerisinde donduktan sonra taraklar çıkarılarak oluşan kuyucuklardan birine 3,5 µl DNA ladder,

diğer kuyucukların her birine ise 5 µl örnek DNA ve 5 µl yükleme boyası (gel loading dye)'sından oluşan karışım jele zarar vermemek için dikkatlice yüklendi. Örnekler 70 voltta yaklaşık 60 dakika boyunca DNA molekülleri “-”den “+”ya doğru koşturulur. Elektroforez tamamladıktan sonra jel, Etidyum Bromür (EtBr) çözeltisi içinde yaklaşık 30 dakika bekletildikten sonra EtBr, nükleik asitlerle kompleks oluşturur. Bunun ardından jel görüntüleme cihazında morötesi ışığa tabi tutulur ve fluoresan görüntünün fotoğrafı çekilerek kaydedilir. Sitokrom *b* için koşturulan jelin görüntüsü şekil 3.4’de, Kontrol bölgesi için koşturulan jelin görüntüsü ise şekil 3.5’de gösterilmektedir.

Jel görüntülerine bakıldığında bant kalitesi uygun olan örnekler -20 °C’de muhafaza edilmiştir. Tüm örnekler uygun bant verdikten sonra PZR’da çoğaltılan bölgelerin dizi analizi işlemi (sekanslarının elde edilmesi) GENOKS (Ankara) firması tarafından yapılmıştır. Analiz sonuçları (sekanslar) kromatogram dosyası şeklinde e-posta ile tarafımıza gönderilmiştir. Cyt *b* ve kontrol bölgesi dizilerinin ileri ve geri okumalarını gösteren bir örneğin kromatogram dosyaları EK 3 ve EK 4’de gösterilmektedir.

DNA ladder’ın hazırlanması için;

Thermo Scientific GeneRuler 100 bp Plus DNA Ladder’ın içerisinde 50 µg DNA ladder ve 1 ml 6X DNA Loading Dye bulunmaktadır. 5 mm jel çizgisi için hazırlanan yükleme karışımı için 100 µl DNA ladder, 100 µl 6X DNA Loading Dye ve 400 µl Deiyonize (Distile) su karıştırılarak jel elektroforezi için toplamda 600 µl’lik DNA ladder hazırlanmıştır.

Yükleme boyasının hazırlanması için (50 ml);

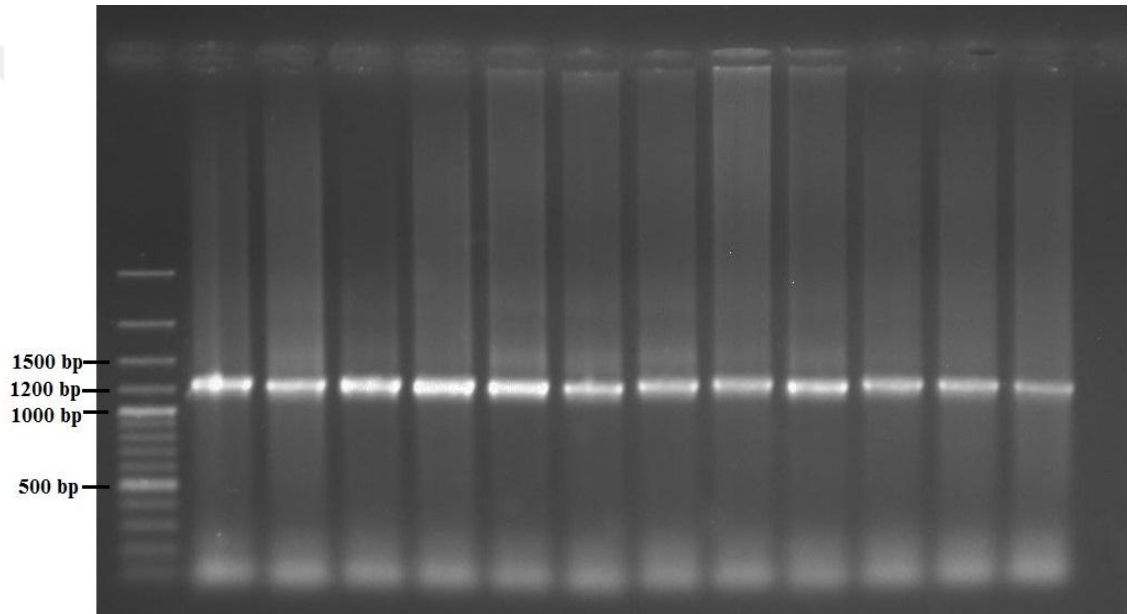
20 gr Sükroz, 0.01 gr Xylencyanol FF, 0.01 gr Bromophenol blue ve 50ml distile suya tamamlanır.

50X TAE hazırlamak için;

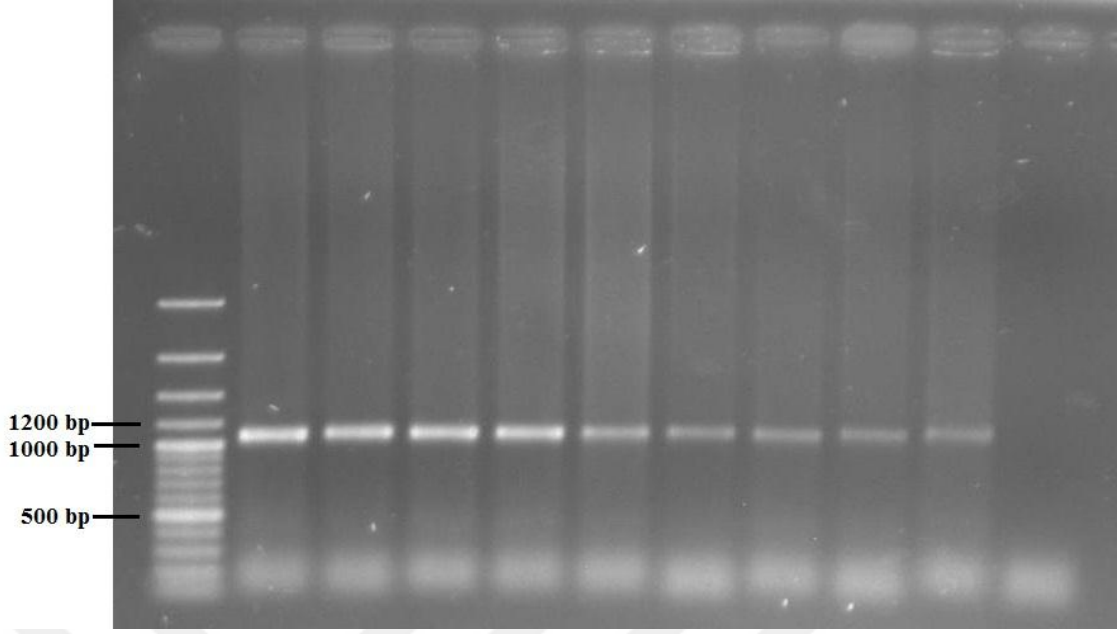
242 gr Tris-base, 57,1 ml glacial asetik asit, 100 ml 0,5 M EDTA (pH:8,0) ve 1000 ml distile suya tamamlanır.

1X TAE hazırlamak için;

Stok halde bulunan 50X TAE'den 20 ml alındı ve üzerine 980 ml distile su ilave edildi.



Şekil 3.4 Sitokrom *b* bölgesinin PZR'da çoğaltılması sonucunda ortaya çıkan jel görüntüsü



Şekil 3.5 Kontrol bölgesinin PZR’da çoğaltılması sonucunda ortaya çıkan jel görüntüsü

3.4 Kullanılan Filogenetik Analizler

DNA dizilemesi için firmaya gönderilen PCR örneklerimizin dizileme işlemi bittikten sonra firma tarafından kromatogram dosyası halinde e-posta ile alındı. Gelen dizilerin iyi okunup okunmadığını kontrol etmek ve iyi okunan dizilerin forward (ileri) ve reverse (geri) dizileri birleştirmek için BİOEDİT 7.2.5 (Hall 1999) kullanıldı. Ayrıca analizde kullanılacak tüm diziler bu programda hizalanarak hepsi eşit uzunlukta olacak şekilde budanma işlemi gerçekleştirilmiştir.

Hizalanan DNA dizi verilerinden nükleotid polimorfizmin (farklılığının) analizi için DNASP 5.10.01 (Librado ve Rozas 2009) kullanılarak haplotipler elde edildi. Bunun dışında bu program ile bağlantı dengesizliği, rekombinasyon, gen akışı (Nm) ve gen değişimi kadar popülasyonlar içi ve popülasyonlar arası DNA dizi varyasyonu ölçümü hesaplayabilir. Bazı nötralite testlerini (Hudson, Kreitman ve Aguadé (1987), Tajima (1989), McDonald ve Kreitman (1991), Fu ve Li (1993) ve Fu (1997)) de yürütebilir. Bunlara ek olarak, DNASP birleştirilen kısımlar ile bazı istatistiksel testlerin güven aralıkları da ölçülebilir (<http://www.ub.edu>, 2015).

Haplotipler tespit edildikten sonra DNA ve protein dizilerinin karşılaştırmalı analizleri için geliştirilmiş bir program olan MEGA 6 (Tamura vd. 2013) kullanılmıştır. Bu DNA ve protein dizileri zaman içerisinde genlerin, genomların ve türlerin moleküler evrimsel modellerinden sonuç çıkarmayı hedef alır. Bu doğrultuda MEGA 6 ile popülasyonlar arasındaki genetik ilişki ortaya koyan dendrogramlar neighbour-joining (NJ), maximum parsimony (MP) ve maximum likelihood (ML) metodları ile oluşturulmuştur. Evrimsel tarih NJ metodu kullanılarak çıkarıldı (Saitou vd. 1987). 1000 tekrarlı bootstrap testinde bir araya getirilen ilişkili taksonlardaki tekrarlı ağaçların yüzdesi oluşan ağacın kolları üzerinde gösterilir (Felsenstein 1985). Evrimsel uzaklıklar Kimura 2-parametre ve p-distance modeline göre hesaplandı (Kimura 1980). ML analizleri için en uygun DNA/protein modelini belirlemek için MEGA programı kullanılmıştır. Oluşturulan ağaçların güvenilirliğini ortaya koymak için her metotta 1000 tekrarlı bootstrap analizi uygulanmıştır (Felsenstein 1985). MP ağacı ise Tree-Bisection-Reconnection (TBR) metodu kullanılarak oluşturulmuştur. Bununla birlikte Kimura 2-parametre kullanılarak örneklerin genetik mesafe değerleri (d) elde edilmiştir.

DNASP 5.10.01 ile tespit edilen haplotipler arasındaki filogenetik ağ ilişkisini ortaya koymak için NETWORK 4.6.1.3 programı (Bandelt vd. 1999) kullanılmıştır. NETWORK 4.6.1.3 programı, filogenetik ağları ve ağaçları yapılandırmak, atasal tipleri ve potansiyel tipleri, evrimsel dallanmaları ve değişkenleri çıkarsamak ve tarihlenmeyi ölçmek için kullanılır (<http://www.fluxus-engineering.com>, 2015).

Sitokrom *b* verileri kullanılarak BEAUti ve BEAST v1.8.0 programları (Drummond vd. 2012) ile Bayesian Markov Chain Monte Carlo (Bayesian MCMC) Metodu kullanılarak tek zincirli 10 milyon tekrarla Bayesian Ağacı elde edilmiştir. Elde edilen ağaç Figtree v1.4.2 programı (<http://tree.bio.ed.ac.uk>, 2015) ile görüntülenmiştir.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1 MtDNA Sitokrom *b* Bölgesi Dizi Analizi

Bu tez çalışmasında sitokrom *b* bölgesinin analizi için toplamda 134 örnek kullanıldı. Bu örneklerin 100 tanesinin dizilemesi yapıldı (Çizelge 3.1), kalan 34 örneğin ise dizileri GenBank'tan alındı (Çizelge 3.3). Analizlerde kullanılan türler ve örnek sayıları çizelge 4.1'de gösterilmektedir. Kullanılan örneklerle ait dizilerin BioEdit'te hizalanması ve budanma işlemlerinden sonra sitokrom *b* bölgesine ait 1089 bp uzunluğunda bir bölge elde edildi.

Çizelge 4.1 Sitokrom *b* bölgesinin DNA dizi analizinde kullanılan türler ve bunlara ait örnek sayıları

Tür	Örnek sayısı
<i>Mus domesticus</i>	75
<i>Mus macedonicus</i>	50
<i>Mus musculus</i>	2
<i>Mus spicilegus</i>	2
<i>Mus spretus</i>	1
<i>Apodemus flavicollis</i>	2
<i>Rattus norvegicus</i>	2

GenBank'tan alınan *M. domesticus* örnekleri çıkartıldığında ise analizde kullanılan *M. domesticus* örneklerinde % 30,82 oranında Adenin, % 29,39 oranında Timin/Urasil, % 27,27 oranında Sitozin ve % 12,52 oranında Guanin içermektedir. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) ise 6,62 olarak hesaplandı.. Transisyon (pürin-pürin ya da pirimidin-pirimidin değişimi) ve transversiyon (pürin-pirimidin ya da pirimidin-pürin değişimi) birer nokta mutasyonu çeşididir. Hesaplanan transisyon/transversiyon oranları evrimsel olarak nükleotidlerin değişim hızlarının ne boyutta olduğu hakkında bilgi vermektedir. Tüm nükleotidlerin yer değiştirme oranları çizelge 4.2'de gösterilmektedir.

GenBank'tan alınan *M. macedonicus* örnekleri çıkartıldığında ise bu çalışmada analizde kullanılan *M. macedonicus* örneklerinde % 30,64 oranında Adenin, % 28,32 oranında

Timin/Urasil, % 27,81 oranında Sitozin ve % 13,23 oranında Guanin içerdği ortaya kondu. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) ise 5,51 olarak hesaplandı. Tüm nükleotilerin yer değiştirme oranları çizelge 4.3’de gösterilmektedir.

Çizelge 4.2 GenBank’tan alınan *M. domesticus* dizileri çıkarıldığında *cyt b* gen bölgesindeki nükleotidler arasında hesaplanan transisyon (**koyu** olarak yazılanlar) ve transversiyon (*italik* olarak yazılanlar) oranları

Nükleotid	A	T/U	C	G
A	-	2,69	2,5	8,62
T/U	2,82	-	24,94	1,15
C	2,82	26,88	-	1,15
G	21,22	2,69	2,5	-

Çizelge 4.3 GenBanktan alınan *M. macedonicus* dizileri çıkarıldığında *cyt b* gen bölgesindeki nükleotidler arasında hesaplanan transisyon (**koyu** olarak yazılanlar) ve transversiyon (*italik* olarak yazılanlar) oranları

Nükleotid	A	T/U	C	G
A	-	1,75	1,72	22,18
T/U	1,9	-	6,97	0,82
C	1,9	7,1	-	0,82
G	51,37	1,75	1,72	-

Analizi yapılan 134 örneğe ait haplotip sayısı (h) 61 (Çizelge 4.4 - 4.5) olup haplotip çeşitliliği (Hd) ise 0,9671 olarak belirlendi. Bu haplotiplerden 34 tanesi Marmara Bölgesi’nden toplanan ve analizi yapılan 100 örneğe aittir. Analizlerde kullanılan toplam 61 haplotipten 33 tanesi *M. domesticus*’a, 19 tanesi *M. macedonicus*’a, 2 tanesi *M. spicilegus*’a, 1 tanesi *M. spretus*’a, 2 tanesi *M. musculus*’a, 2 tanesi *Apodemus flavicollis*’e ve 2 tanesi *Rattus norvegicus*’a aittir. Haplotip dizileri EK 1’de verildi.

M. domesticus’a ait üç Bozcaada örneği (6835,6840,6844) İran (AB649479) ve İtalya (AB649461) ile birlikte Hap 5’i paylaşırken, Fransa (AB649459) ile Tunus (AB649473)

örnekleri Hap 39’u paylaşmaktadırlar. İki Rusya örneği (AB649482, AB649481) ile iki Sakarya (Türkiye) örneği (AB649463, AB649464) Hap 44’ü paylaşmaktadırlar.

Çizelge 4.4 Sitokrom *b* bölgesi için bu çalışmada ve GenBank’tan elde edilen haplotipler ve bunların bulundukları lokaliteler ile görülme sıklıkları (parantez içinde)

Tür Lokalite	<i>Mus domesticus</i>	<i>Mus macedonicus</i>
Marmara Adası	Hap1 (7), Hap2 (2), Hap3 (4)	
Bozcaada	Hap4 (2), Hap5 (3)	
Gökçeada		Hap6 (18), Hap7 (2)
İstanbul	Hap2 (1), Hap8 (4), Hap9 (2)	
Kocaeli		Hap10 (4), Hap11 (1)
Sakarya	Hap44 (2)	
Balıkesir		Hap12 (2), Hap13 (2)
Kırklareli		Hap12 (1), Hap14 (1), Hap15 (1), Hap16 (1), Hap17 (2), Hap18 (2), Hap19 (1)
Edirne	Hap20 (8), Hap21 (1), Hap22 (1), Hap23 (1), Hap24 (3)	Hap17 (2), Hap25 (1), Hap26 (1)
Çanakkale Biga	Hap29 (4)	Hap27 (1), Hap28 (1)
Çanakkale Gelibolu	Hap20 (2), Hap22 (3), Hap31 (1)	Hap12 (1), Hap19 (2), Hap30 (1)
Bursa	Hap32 (1), Hap33 (1), Hap34 (1)	
Rusya	Hap44 (2), Hap45 (1), Hap46 (1)	
Almanya	Hap35 (1), Hap36 (1)	
Fransa	Hap37 (1), Hap38 (1), Hap39 (1)	
İtalya	Hap5 (1), Hap40 (1), Hap41 (1)	
Yunanistan	Hap48 (1), Hap49 (2), Hap50 (1)	
Yugoslavya		Hap52 (1)
Tunus	Hap39 (1), Hap47 (1)	
Kıbrıs	Hap42 (1), Hap43 (1)	
İsrail		Hap51 (1)
İran	Hap5 (1)	

Çizelge 4.5 Sitokrom *b* gen bölgesi'nin analizi için kullanılan dış grupların belirlenen haplotipleri ve görülme sıklıkları

Tür	Haplotip	Aksesyon numaraları
<i>Mus musculus</i>	Hap56 (1)	AB205275
	Hap57 (1)	AB205274
<i>Mus spicilegus</i>	Hap53 (1)	AY057809
	Hap54 (1)	AB125775
<i>Mus spretus</i>	Hap55 (1)	AB033700
<i>Apodemus flavicollis</i>	Hap58 (1)	JX457728
	Hap59 (1)	JX457729
<i>Rattus norvegicus</i>	Hap60 (1)	AB746364
	Hap61 (1)	AB746363

Cyt *b* dizi analizine göre, Anadolu, Trakya, Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası olarak gruplandırılan *M. domesticus* ve *M. macedonicus* örneklerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılıkları çizelge 4.6 - 4.7'de gösterilmektedir. *M. domesticus* örneklerinin arasında en yüksek haplotip çeşitliliğine sahip olan grup Trakya grubudur (Hd: 0,826). En düşük haplotip çeşitliliği ise Bozcaada'dadır (Hd: 0,600). En yüksek nükleotid çeşitliliği olan grup Anadolu (π : 0,00490) iken en düşük nükleotid çeşitliliği ise Bozcaada'dadır (π : 0,00386). *M. macedonicus* örneklerinin arasında en yüksek haplotip çeşitliliğine sahip olan grup Trakya grubudur (Hd: 0,919). En düşük haplotip çeşitliliği ise Gökçeada'dadır (Hd: 0,189). En yüksek nükleotid çeşitliliği olan grup Anadolu (π : 0,00321) iken en düşük nükleotid çeşitliliği ise Gökçeada'dadır (π : 0,00035).

Çizelge 4.6 *M.domesticus*'a ait cyt *b* verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları

Bölge	Genetik farklılık hesaplamaları				Neutrality testleri	
	n	h	Hd	π	Tajima'nın D	Fu'nun Fs
Anadolu	7	4	0,714	0,00490	0,02808*	1,874
Trakya	27	9	0,826	0,00394	-1,01309*	0,308
Bozcaada	5	2	0,600	0,00386	1,74258**	4,36068
Marmara Adası	13	3	0,641	0,00396	1,34537*	5,22806
Toplam	52	17	0,924	0,00486	-1,06267*	-2,085

* $P > 0,10$ iken istatistiksel önemi yok

** $0,05 < P < 0,10$ iken istatistiksel önemi yok

Çizelge 4.7 *M. macedonicus*'a ait *cyt b* verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları

Bölge	Genetik farklılık hesaplamaları				Neutrality testleri	
	n	h	Hd	π	Tajima'nın D	Fu'nun Fs
Anadolu	11	6	0,855	0,00321	0,7190*	-0,163
Trakya	17	10	0,919	0,00244	-1,16645*	-3,995
Gökçeada	20	2	0,189	0,00035	-0,76857*	0,909
Toplam	48	17	0,843	0,00377	-0,89434*	-3,987

* $P > 0,10$ iken istatistiksel önemi yok

Anadolu, Trakya, Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası olarak gruplandırılan *M. domesticus* ve *M. macedonicus* örneklerinin fiksasyon indeksi (*Fst*) ile popülasyonlar arasındaki gen akışı (*Nm*) çizelge 4.8 - 4.9'da gösterilmektedir. *Nm* değerleri $Nm = (1 - Fst) / 4Fst$ formülü ile hesaplanmıştır.

Çizelge 4.8 *M. domesticus* örneklerinin *Cyt b* dizilerine ait *Fst* ve *Nm* değerleri (indeksin alt taraftakiler *Fst*, üst taraftakiler *Nm*)

	Trakya	Anadolu	Marmara Adası	Bozcaada
Trakya	—	0,86	0,99	1,02
Anadolu	0,22533	—	0,58	0,72
Marmara Adası	0,20201	0,30037	—	0,62
Bozcaada	0,19619	0,25852	0,28737	—

Çizelge 4.9 *M. macedonicus* örneklerinin *Cyt b* dizilerine ait *Fst* ve *Nm* değerleri (indeksin alt taraftakiler *Fst*, üst taraftakiler *Nm*)

	Trakya	Anadolu	Gökçeada
Trakya	—	0,42	0,10
Anadolu	0,27088	—	0,11
Gökçeada	0,72149	0,68607	—

M. domesticus ile *M. macedonicus* arasındaki ortalama genetik mesafe değeri (*d*) $0,073 \pm 0,008$, net mesafesi ise $0,069 \pm 0,008$ olarak bulundu. Türlerle ait örnekler Anadolu, Trakya, Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası olarak gruplandırıldığında her iki türe ait popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değerleri sırasıyla çizelge 4.10 - 4.11'de gösterilmektedir.

Çizelge 4.10 Cyt *b* dizi analizine göre *M. domesticus* ait popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri (d) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)

	Trakya	Anadolu	Marmara Adası	Bozcaada
Trakya	—	0,001±0,000	0,001±0,000	0,001±0,000
Anadolu	0,006±0,001	—	0,002±0,001	0,002±0,001
Marmara Adası	0,005±0,001	0,006±0,001	—	0,002±0,001
Bozcaada	0,005±0,001	0,006±0,002	0,006±0,002	—

Çizelge 4.11 Cyt *b* dizi analizine göre *M. macedonicus* ait popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri (d) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)

	Trakya	Anadolu	Gökçeada
Trakya	—	0,001±0,000	0,004±0,002
Anadolu	0,004±0,001	—	0,004±0,002
Gökçeada	0,005±0,002	0,006±0,002	—

Sitokrom *b* bölgesi dizilerinden elde edilen haplotipler arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya koymak için Neighbour-joining (NJ), Maximum Parsimony (MP) ve Maximum Likelihood (ML) metodları ve Bayesian analizleri kullanıldı.

Kimura 2-parametre modeli ve 1000 tekrarlı Bootstrap modeli baz alınarak oluşturulan NJ ağacı şekil 4.2’de gösterilmektedir. ML ağacı oluşturulurken en uygun model olarak Tamura-Nei (TN93) kullanıldı. Bu çalışmada bu model MEGA programı tarafından en uygun olan model olarak tespit edildi (Şekil 4.2). MP ağacı oluşturulurken Tree-Bisection-Reconnection (TBR) araştırma metodu kullanıldı (Şekil 4.3).

Sitokrom *b* verileri kullanılarak Bayesian Ağacı elde edildi. Bayesian Ağacını elde edilirken BEAUti’de bir takım parametreler kullanıldı. Nükleotid değişim modeli olarak TN93, popülasyonlar arasındaki farklılaşma zamanlarını belirlemek için “sıkı saat (strict clock) ve değişim oranı ise 0,01 olarak seçildi. Bunun nedeni ise Sitokrom *b*’deki

nükleotidleri her 1 milyonda % 2 oranında değişmektedir (Ferris vd. 1983). Başlangıç ağacı olarak Yule Process seçildi. BEAST v1.8.0 programı ile 10 milyon tekrar ve 1000 zincirde bir örneklem elde edildi. Bu sonuçlar Tracer v.1.6 programı (<http://beast.bio.ed.ac.uk>, 2015) ile ESS (Etketif Örnek Büyüklüğü) değerlerinin 200 ve üstünde olup olmadığı dikkat edilmiştir. TreeAnnotator v1.8.0 programı kullanılarak ilk 1000 ağaç çökertildi. Sonuç olarak evrimsel ayrılma zamanları gösteren Bayesian ağacı Figtree v1.4.2 programı ile görüntülendi (Şekil 4.4)

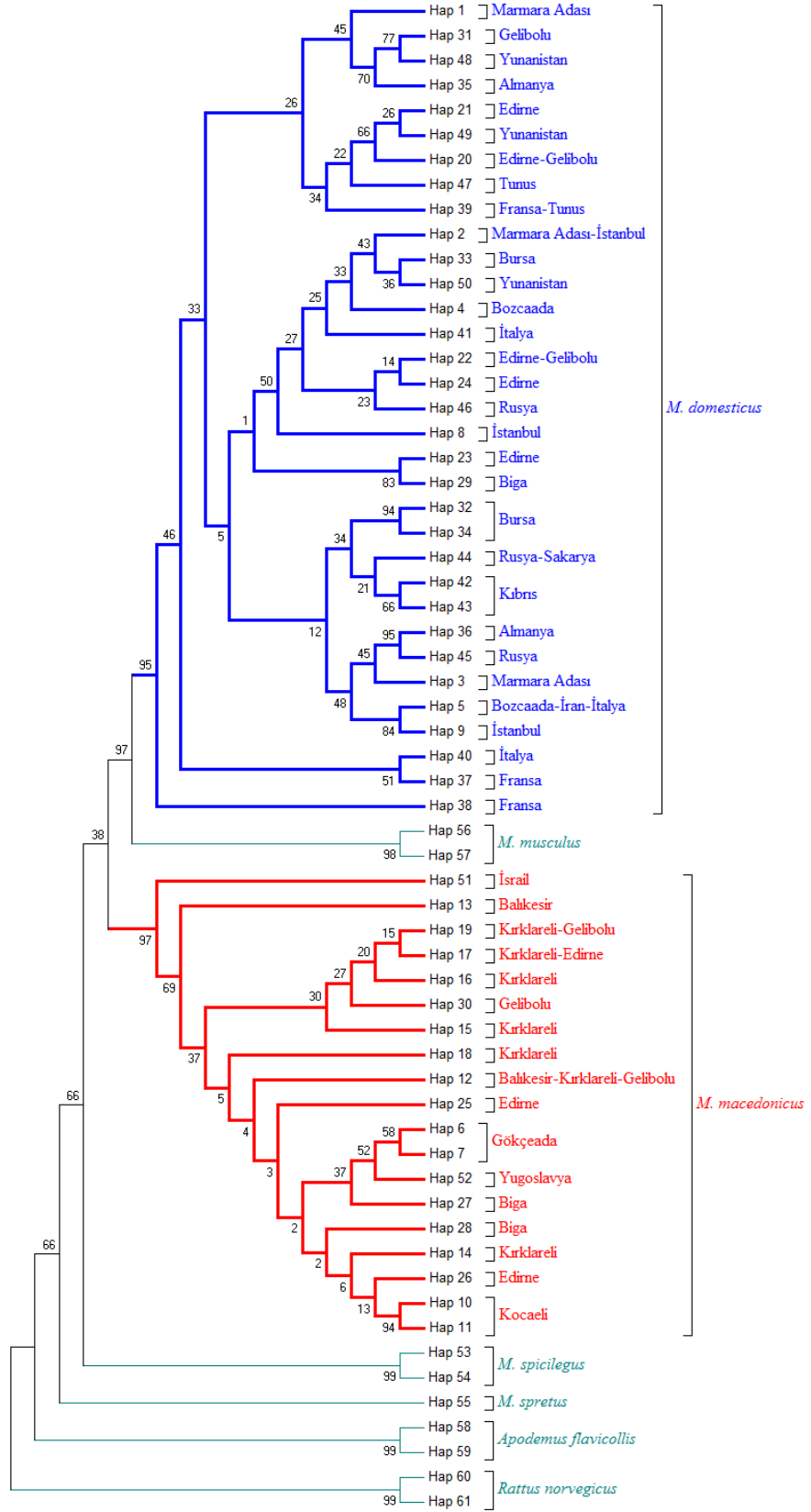
NJ ağacında *M. domesticus* haplotipleri arasında Bursa popülasyonuna ait olan Hap 32 ve Hap 34 arasındaki bootstrap değeri % 94 olarak ölçüldü. Ayrıca bu haplotipler Hap 44 (Rusya ve Sakarya) ve Kıbrıs haplotiplerinden (Hap 42 ve Hap 43) % 34'lük bootstrap değeriyle ayrıldı. Bozcaada, İran ve İtalya popülasyonlarında bulunan Hap 5 ile İstanbul popülasyonunda bulunan Hap 9 arasında ise % 84'lük bootstrap değeri hesaplandı. *M. macedonicus* örnekleri Gökçeada ve Kocaeli olmak üzere iki alt gruba ayrıldı. Gökçeada popülasyonunda bulunan haplotiplerden Hap 6 ile Hap 7 arasında bootstrap değeri % 58 ölçülürken Kocaeli haplotipleri olan Hap 10 ile Hap 11 arasındaki bootstrap değeri % 94'tür. İsrail haplotipi olan Hap 51 ise *M. macedonicus*'a ait diğer haplotiplerden % 97'lik bir bootstrap değeri ile ayrıldı (Şekil 4.1).

ML ağacında *M. domesticus* haplotipleri arasında Bursa popülasyonuna ait olan Hap 32 ve Hap 34 arasındaki bootstrap değeri % 96 olarak ölçüldü ve Hap 44 (Rusya ve Sakarya) ve Kıbrıs haplotiplerinden (Hap 42 ve Hap 43) % 41'lük bootstrap değeriyle ayrıldı. Bozcaada, İran ve İtalya popülasyonlarında yer alan Hap 5 ile İstanbul popülasyonunda yer alan Hap 9 arasında ise % 91'lük bootstrap değeri hesaplandı. *M. macedonicus* örnekleri içerisinde Gökçeada haplotipleri olan Hap 6 ile Hap 7 arasında bootstrap değeri % 58 ölçülürken Kocaeli haplotipleri olan Hap 10 ile Hap 11 arasındaki bootstrap değeri % 95'tür. İsrail haplotipi olan Hap 51 ise *M. macedonicus*'a ait diğer haplotiplerden % 99'lik bir bootstrap değeri ile ayrıldı (Şekil 4.2).

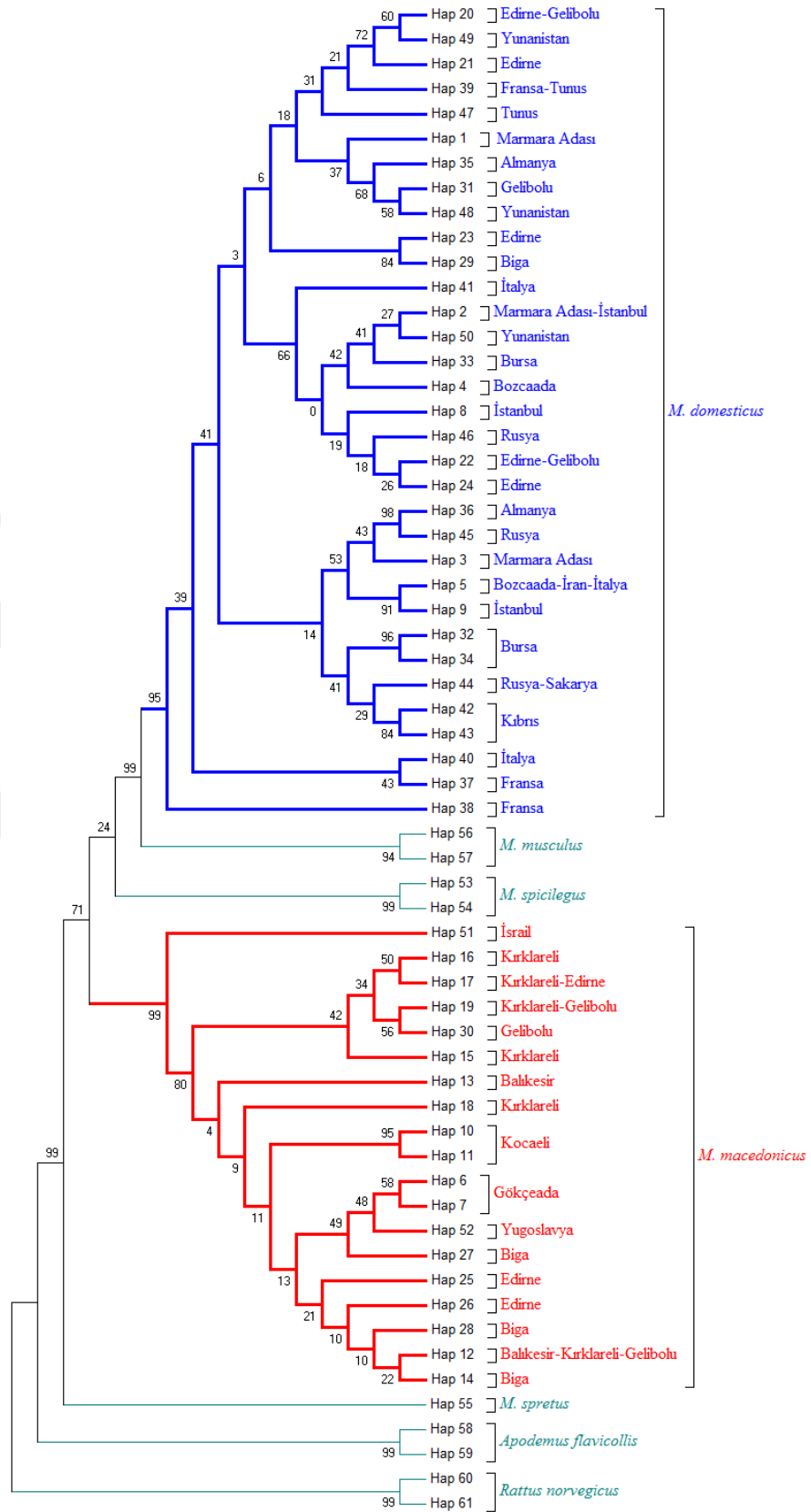
MP ağacında *M. domesticus* haplotipleri arasında Bursa popülasyonuna ait olan Hap 32 ve Hap 34 arasındaki bootstrap değeri % 96 olarak ölçüldü ve Kıbrıs haplotiplerinden (Hap 42 ve Hap 43) % 15'lik bootstrap değeriyle ayrıldı. Bozcaada, İran ve İtalya

popölasyonlarında yer alan Hap 5 ile İstanbul popölasyonunda bulunan Hap 9 arasında ise % 91'lük bootstrap değeri hesaplandı. *M. macedonicus* örnekleri içerisinde Gökçeada haplotipleri olan Hap 6 ile Hap 7 arasında bootstrap değeri % 70 ölçölürken Kocaeli haplotipleri olan Hap 10 ile Hap 11 arasındaki bootstrap değeri % 97'tür. İsrail haplotipi olan Hap 51 ise *M. macedonicus*'a ait diğer haplotiplerden % 99'lik bir bootstrap değeri ile ayrıldı (Şekil 4.3).

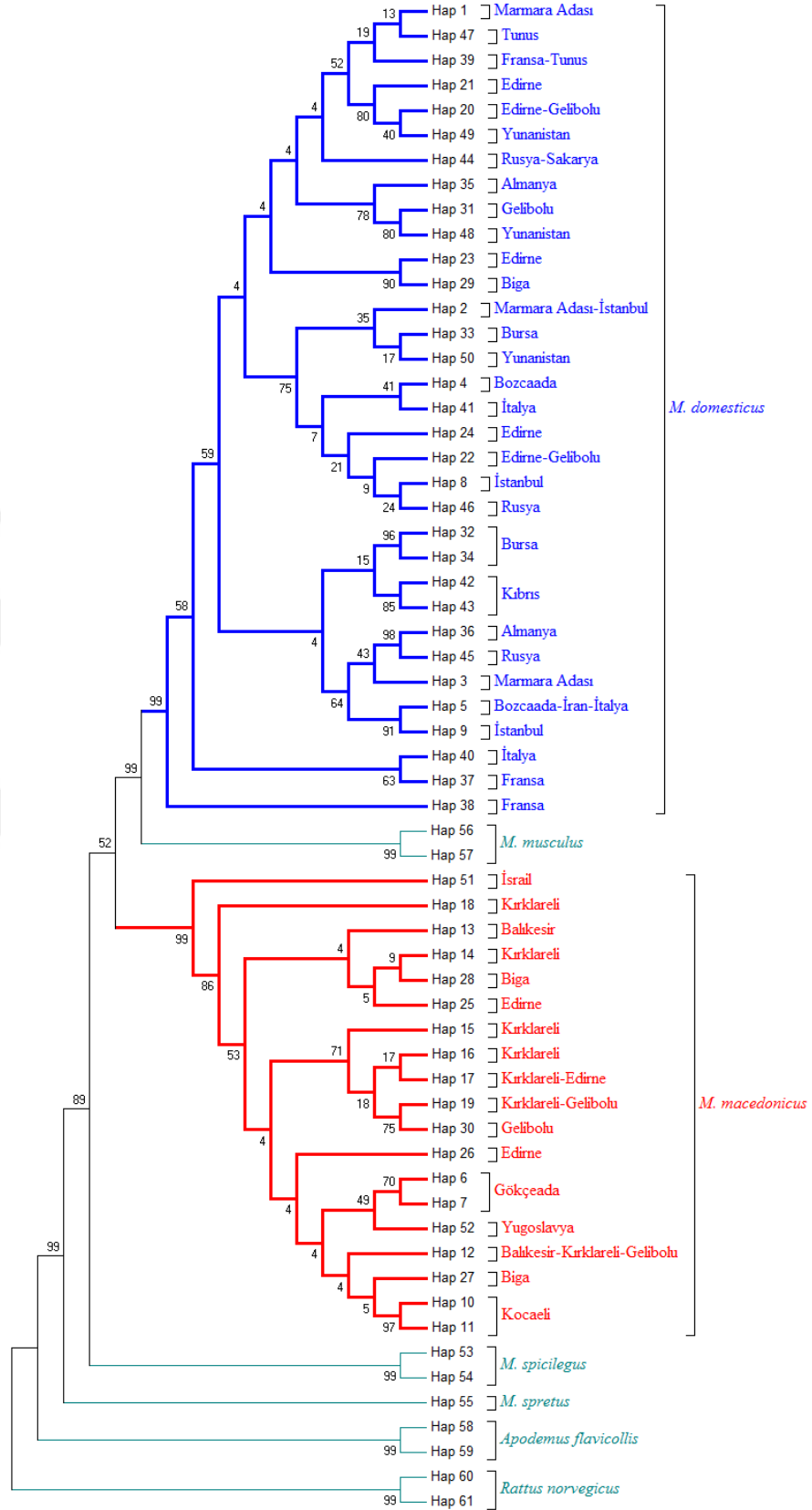




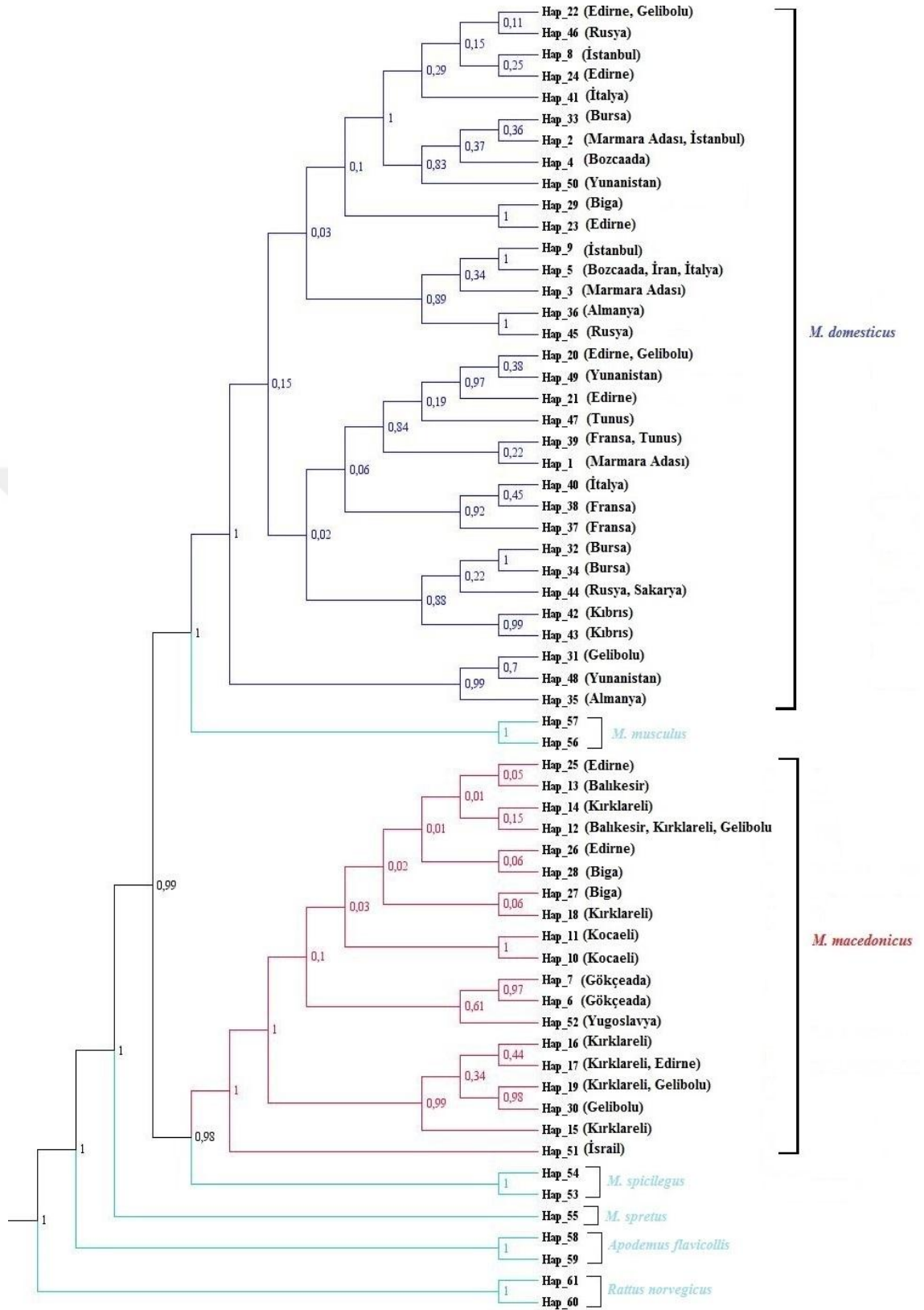
Şekil 4.1 K2P model alınarak oluşturulan *cyt b* bölgesine ait NJ ağacı



Şekil 4.2 TN93 modeli baz alınarak oluşturulan *cyt b* bölgesine ait ML ağacı

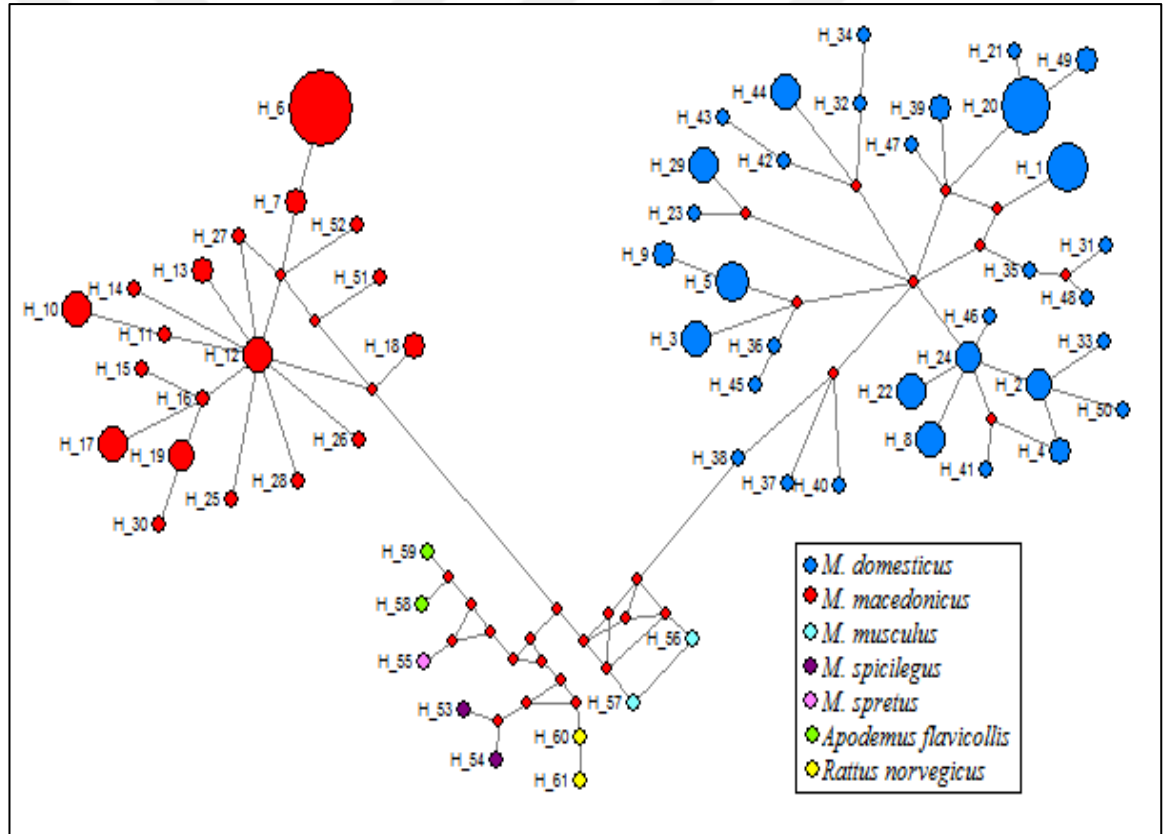


Şekil 4.3 Cyt b bölgesine ait, TBR yoluyla oluşturulan MP ağacı

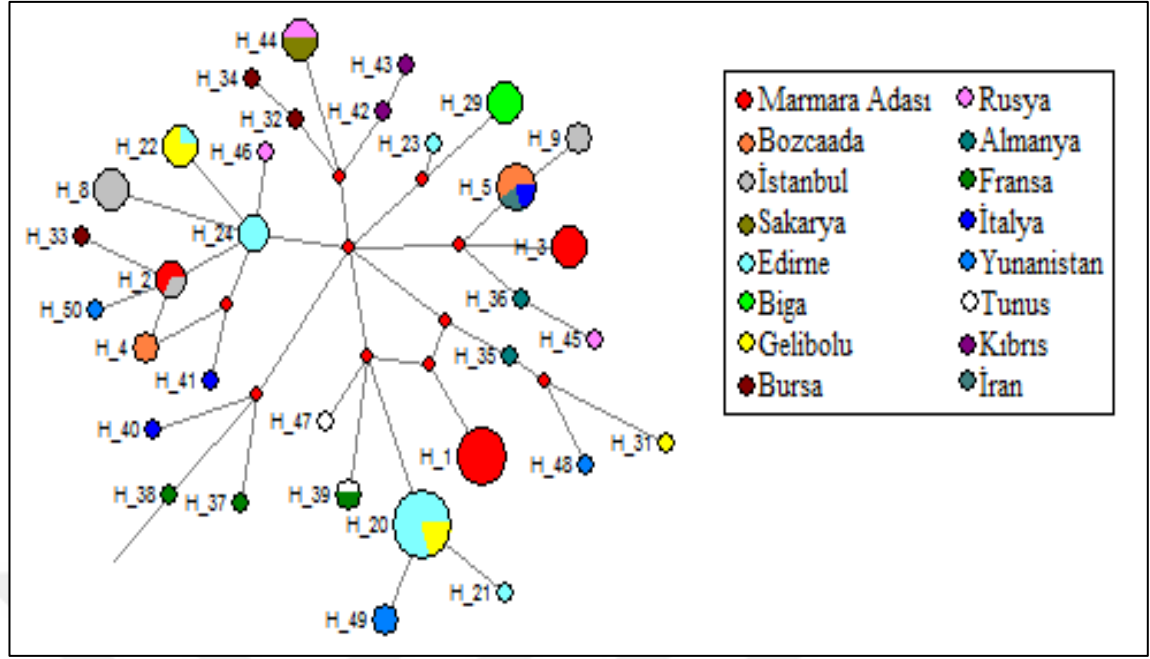


Şekil 4.4 Cyt *b* bölgesine ait Bayesian MCMC yöntemi kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç (Bayesian posterior probability değerleri gösterilmektedir)

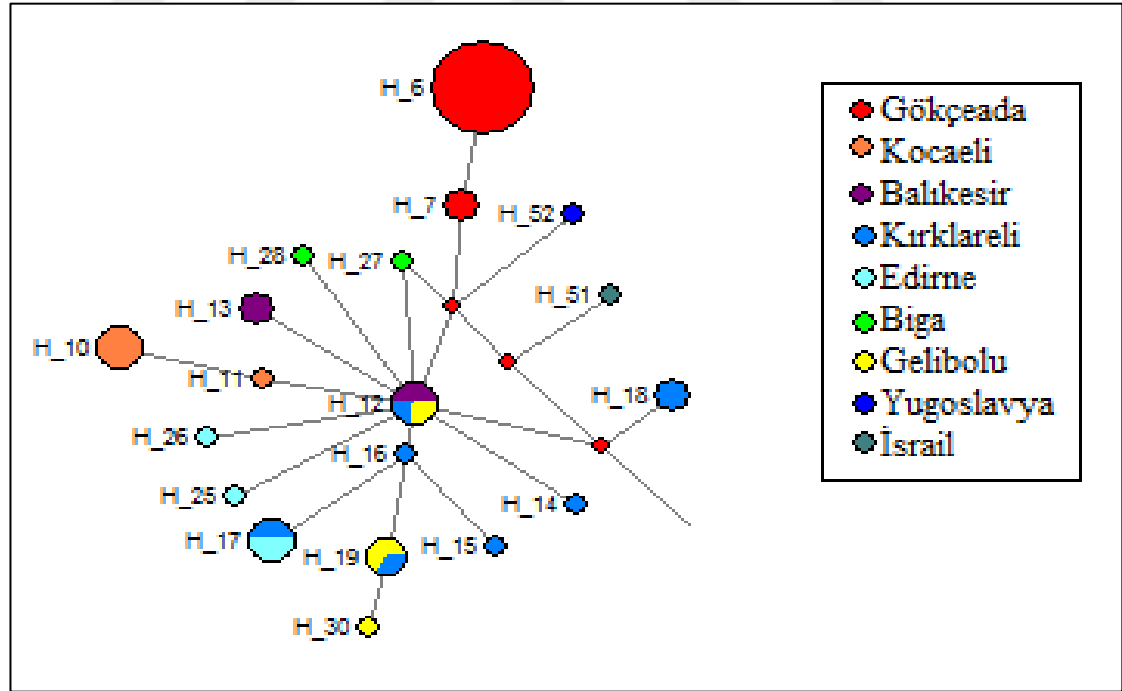
Sitokrom *b* bölgesi'ne ait haplotip verilerine göre oluşturulan median-joining ağacı şekil 4.5 - 4.7'de gösterilmektedir. *M. domesticus* haplotiplerinden Marmara Adası'na ait 3 haplotipten 2 tanesi (H_1 ve H_3) adaya özgü ana haplotiplerdir. Bozcaada'ya ait iki haplotipten biri (H_4) adanın asıl haplotipidir (Şekil 4.6). *M. macedonicus* haplotiplerinden H_10 ve H_11 Kocaeli'ne özgü haplotiplerdir (Şekil 4.7). Kocaeli haplotipi (H_11), Balıkesir, Kırklareli ve Gelibolu popülasyonlarının paylaştığı haplotipten (H_12) 3 mutasyon noktası ile oluşurken, H_10 (Kocaeli) ise H_11 (Kocaeli)'den tek bir mutasyon noktasından oluşmuştur. H_6 ve H_7 haplotipleri Gökçeada'ya özgü haplotiplerdir. Bu haplotiplerden H_6, iki mutasyon noktası ile H_7'den oluşmuştur.



Şekil 4.5 Cyt *b* bölgesi'ne ait haplotip verilerine göre oluşturulan median-joining ağacı



Şekil 4.6 *M. domesticus*'a ait *cyt b* bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri



Şekil 4.7 *M. macedonicus*'a ait *cyt b* bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri

4.2 MtDNA Kontrol Bölgesi Dizi Analizi

Bu tez çalışmasında kontrol bölgesinin analizi için toplamda 149 örnek kullanılmıştır. Bu örneklerin 100 tanesinin dizilemesi yapıldı (Çizelge 3.1), kalan 49 örneğin dizileri ise GenBank'tan alındı (Çizelge 3.3). Analizlerde kullanılan türler ve sayıları çizelge 4.12'de gösterilmektedir. Kullanılan örneklerle ait dizilerin BioEdit'te hizalanması ve budanma işlemlerinden sonra kontrol bölgesine ait 780 baz çifti (bç) uzunluğunda bir bölge elde edildi. Kayıp veriler/boşluklu bölgeler hariç tutulduğunda ise 696 bç uzunluğunda bir bölge analizlerde kullanıldı.

Çizelge 4.12 Kontrol bölgesinin DNA dizi analizinde kullanılan türler ve bunlara ait örnek sayıları

Tür	Örnek sayısı
<i>Mus domesticus</i>	82
<i>Mus macedonicus</i>	59
<i>Mus musculus</i>	2
<i>Mus spicilegus</i>	1
<i>Mus spretus</i>	1
<i>Apodemus flavicollis</i>	2
<i>Rattus norvegicus</i>	2

GenBank'tan alınan *M. domesticus* örnekleri çıkartıldığında ise analizde kullanılan *M. domesticus* örneklerinde % 30,62 oranında Adenin, % 30,62 oranında Timin/Urasil, % 19,38 oranında Sitozin ve % 19,38 oranında Guanin bulunmaktadır. Toplam transisyon/transversiyon oranı (R) ise 2,10 olarak hesaplandı. Transisyon (pürin-pürin ya da pirimidin-pirimidin değişimi) ve transversiyon (pürin-pirimidin ya da pirimidin-pürin değişimi) birer nokta mutasyonu çeşididir. Hesaplanan transisyon/transversiyon oranları evrimsel olarak nükleotidlerin değişim hızlarının ne boyutta olduğu hakkında bilgi vermektedir. Tüm nükleotidlerin yer değiştirme oranları çizelge 4.13'de gösterilmektedir.

GenBank'tan alınan *M. macedonicus* örnekleri çıkartıldığında ise analizde kullanılan *M. macedonicus* örnekler % 31,06 oranında Adenin, % 31,06 oranında Timin/Urasil, % 18,94 oranında Sitozin ve % 18,94 oranında Guanin içermektedir. Toplam

transisyon/transversiyon oranı (R) ise 1,05 olarak hesaplandı. Tüm nükleotilerin yer değiştirme oranları çizelge 4.14’de gösterilmektedir.

Çizelge 4.13 GenBank’tan alınan *M. domesticus* dizileri çıkarıldığında kontrol bölgesindeki nükleotidleri arasında hesaplanan transisyon (**koyu** olarak yazılanlar) ve transversiyon (*italik* olarak yazılanlar) oranları

Nükleotid	A	T/U	C	G
A	-	4,77	3,02	13,34
T/U	4,77	-	13,34	3,02
C	4,77	21,09	-	3,02
G	21,09	4,77	3,02	-

Çizelge 4.14 GenBank’tan alınan *M. macedonicus* dizileri çıkarıldığında kontrol bölgesindeki nükleotidleri arasında hesaplanan transisyon (**koyu** olarak yazılanlar) ve transversiyon (*italik* olarak yazılanlar) oranları

Nükleotid	A	T/U	C	G
A	-	7,32	4,47	10,01
T/U	7,32	-	10,01	4,47
C	7,32	16,41	-	4,47
G	16,41	7,32	4,47	-

Analizi yapılan 149 örneğe ait haplotip sayısı (h) 110 ve haplotip çeşitliliği (Hd) ise 0,9901 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.15 - 4.16). Bu haplotiplerin 68 tanesi araziden elde edilip analizi yapılan 100 örneğe aittir ve bu 68 haplotipin 62 tanesi ilk kez bu çalışmada ortaya kondu.. Analizlerde kullanılan haplotiplerin 52 tanesi *M. domesticus*’a, 50 tanesi *M. macedonicus*’a, 1 tanesi *M. spicilegus*’a, 1 tanesi *M. spretus*’a, 2 tanesi *M. musculus*’a, 2 tanesi *Apodemus flavicollis*’e ve 2 tanesi *Rattus norvegicus*’a aittir. Haplotip dizileri EK 2’de verilmektedir.

M. domesticus’a ait Hap 4, Marmara Adası popülasyonunda (örnek no: 6816) bulunmakla birlikte Gündüz vd. (2005) tarafından domTurkey29 olarak tanımlanan haplotip ile çakıştığı tespit edildi. Hap 9 Bozcaada popülasyonunun iki örnekte (örnek no:

6840 ve 6844) bulunmuş ve bununla birlikte domTurkey7 (Gündüz vd. 2005) haplotipi ile çakışmıştır. Hap 22 ise domTurkey33 (Gündüz vd. 2005) İstanbul popülasyonunda (örnek no: 6978) bulundu. Hap 26 domTurkey35 (Gündüz vd. 2005) ve İstanbul popülasyonunda (örnek no: 6992) bulundu. Hap 44 domTurkey4 (Gündüz vd. 2005), Edirne popülasyonunun altı örneğinde (örnek no: 6793, 6797, 6798, 6800, 6804, 7124) ve Gelibolu popülasyonunda (örnek no: 6923) bulundu. Hap 47 domTurkey30 (Gündüz vd. 2005), Edirne (örnek no: 6845) ve Gelibolu popülasyonunun üç örneğinde (örnek no: 6921, 7000 ve 7009) bulunmaktadır.

Çizelge 4.15 Kontrol bölgesine göre elde edilen haplotipler ve bunların bulundukları lokaliteler ile görülme sıklıkları (parantez içinde)

Lokalite	Tür	<i>Mus domesticus</i>	<i>Mus macedonicus</i>
Marmara Adası		Hap1 (1), Hap2 (1), Hap3 (6), Hap4 (1), Hap5 (4)	
Bozcaada		Hap6 (1), Hap7 (1), Hap8 (1), Hap9 (2)	
Gökçeada			Hap10 (9), Hap11 (1), Hap12 (1), Hap13 (1), Hap14 (1), Hap15 (1), Hap16 (1), Hap17 (1), Hap18 (1), Hap19 (1), Hap20 (1), Hap21 (1)
İstanbul		Hap9 (1), Hap22 (1), Hap23 (1), Hap24 (1), Hap25 (3), Hap26 (1), Hap70 (1)	
Kocaeli			Hap27 (1), Hap28 (1), Hap29 (1), Hap30 (1), Hap31 (1)
Sakarya		Hap26 (1), Hap76 (1)	
Balıkesir		Hap22 (1), Hap72 (1), Hap73 (1), Hap74 (1), Hap78 (1), Hap79 (1), Hap80 (1), Hap83 (1)	Hap32 (1), Hap33 (2), Hap34 (1)
Kırklareli		Hap44 (1), Hap47 (1), Hap84 (1), Hap85 (1)	Hap35 (1), Hap36 (1), Hap37 (1), Hap38 (1), Hap39 (1), Hap40 (1), Hap41 (1), Hap42 (1), Hap43 (1)
Edirne		Hap44 (7), Hap45 (1), Hap46 (1), Hap47 (2), Hap 48 (1), Hap49 (2), Hap50 (1), Hap54 (1), Hap 69 (1), Hap71 (1), Hap81 (1)	Hap51 (1), Hap52 (1), Hap53 (1), Hap55 (1)

Çizelge 4.15 Kontrol bölgesine göre elde edilen haplotipler ve bunların bulundukları lokaliteler ile görülme sıklıkları (parantez içinde) (devam)

Lokalite	Tür	<i>Mus domesticus</i>	<i>Mus macedonicus</i>
Çanakkale Biga		Hap58 (2), Hap59 (2)	Hap56 (1), Hap57 (1)
Çanakkale Gelibolu		Hap44 (1), Hap47 (3), , Hap60 (1), Hap63 (1)	Hap61 (1), Hap62 (1), Hap64 (1), Hap65 (1)
Bursa		Hap4 (1), Hap66 (1), Hap67 (1), Hap68 (1), Hap82 (1)	
Rize		Hap77 (1)	
Trabzon		Hap75 (1), Hap86 (1)	
Samsun			Hap99 (1), Hap100 (1)
Kayseri			Hap101 (1)
İran			Hap102 (1), Hap103 (1)
Makedonya			Hap98 (1)
İsrail		Hap87 (1), Hap88 (1), Hap89 (1), Hap90 (1)	Hap97 (1)
Gürcistan		Hap91 (1), Hap92 (1)	Hap93 (1), Hap94 (1), Hap95 (1)
Bulgaristan			Hap96 (1)

Çizelge 4.16 Kontrol bölgesi'nin analizi için kullanılan dış grupların belirlenen haplotipleri ve görülme sıklıkları

Tür	Haplotip	Aksesyon numaraları
<i>Mus musculus</i>	Hap104 (1) Hap105 (1)	AF506182 AF506181
<i>Mus spicilegus</i>	Hap106 (1)	U47536
<i>Mus spretus</i>	Hap107 (1)	U47539
<i>Apodemus flavicollis</i>	Hap108 (2)	AY588264,AY588253
<i>Rattus norvegicus</i>	Hap109 (1) Hap110 (1)	X04734 X04733

Kontrol bölgesi dizi analizine göre, Anadolu, Trakya, Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası olarak gruplandırılan *M. domesticus* ve *M. macedonicus* örneklerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılıkları çizelge 4.17 - 4.18'de gösterilmektedir. *M. domesticus* örneklerinin arasında en yüksek haplotip çeşitliliğine (Hd: 0,912) sahip olan grup Trakya grubudur. En düşük haplotip çeşitliliği ise Marmara Adası'nda (Hd: 0,731) görülmektedir. En yüksek nükleotid çeşitliliği (π : 0,01012) olan grup Anadolu iken en

düşük nükleotid çeşitliliği (π : 0,00674) ise Marmara Adası'nda görülmektedir. *M. macedonicus* örneklerinin arasında en yüksek haplotip çeşitliliğine (H_d : 1,000) sahip olan grup Trakya grubudur. En düşük haplotip çeşitliliği (H_d : 0,811) ise Gökçeada'da grubundadır. En yüksek nükleotid çeşitliliği (π : 0,01904) olan grup Trakya iken en düşük nükleotid çeşitliliği (π : 0,00891) ise Gökçeada grubundadır.

Çizelge 4.17 *M. domesticus*'a ait kontrol bölgesi verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları

Bölge	Genetik farklılık hesaplamaları				Neutrality testleri	
	n	h	H_d	π	Tajima'nın D	Fu'nun F_s
Anadolu	7	5	0,905	0,01012	0,39304*	2,659
Trakya	27	15	0,912	0,00722	-1,48498*	-1,865
Bozcaada	5	4	0,900	0,00872	0,18621*	2,813
Marmara Adası	13	5	0,731	0,00674	1,14216*	3,905
Toplam	52	29	0,959	0,00923	-1,41447	-5,827

* $P > 0,10$ iken istatistiksel önemi yok

Çizelge 4.18 *M. macedonicus*'a ait kontrol bölgesi verilerinin Neutrality testlerinin sonuçları ve genetik farklılık hesaplamaları

Bölge	Genetik farklılık hesaplamaları				Neutrality testleri	
	n	h	H_d	π	Tajima'nın D	Fu'nun F_s
Anadolu	11	10	0,982	0,01882	-0,64394**	-1,409
Trakya	17	17	1,000	0,01904	-2,14793***	-4,898
Gökçeada	20	12	0,811	0,00891	-2,51023****	0,826
Toplam	48	39	0,967	0,01843	-2,16492*	-10,355

* $P < 0,05$ iken istatistiksel önemi var

** $P > 0,10$ iken istatistiksel önemi yok

*** $P < 0,01$ iken istatistiksel önemi var

**** $P < 0,001$ iken istatistiksel önemi var

Anadolu, Trakya, Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası olarak gruplandırılan *M. domesticus* ve *M. macedonicus* örneklerinin fiksasyon indeksi (F_{st}) ile popülasyonlar arasındaki gen akışı (N_m) çizelge 4.19 - 4.20'de gösterilmektedir. N_m değerleri $N_m = (1 - F_{st})/4F_{st}$ formülü ile hesaplanmıştır.

Çizelge 4.19 *M. domesticus* örneklerinin kontrol bölgesi dizilerine ait Fst ve Nm değerleri (indeksin alt taraftakiler Fst, üst taraftakiler Nm)

	Trakya	Anadolu	Marmara Adası	Bozcaada
Trakya	—	1,24	0,78	1,54
Anadolu	0,16762	—	1,08	1,25
Marmara Adası	0,24195	0,18858	—	1,19
Bozcaada	0,13939	0,16707	0,17393	—

Çizelge 4.20 *M. macedonicus* örneklerinin kontrol bölgesi dizilerine ait Fst ve Nm değerleri (indeksin alt taraftakiler Fst, üst taraftakiler Nm)

	Trakya	Anadolu	Gökçeada
Trakya	—	0,99	0,57
Anadolu	0,20223	—	0,42
Gökçeada	0,30409	0,37440	—

M. domesticus ile *M. macedonicus* arasındaki ortalama genetik mesafe değeri (d) $0,067 \pm 0,009$, net mesafesi ise $0,053 \pm 0,008$ olarak saptandı. Türlerle ait örnekler Anadolu, Trakya, Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası olarak gruplandırıldığında aralarındaki genetik uzaklık değerleri sırasıyla çizelge 4.21 - 4.22’de gösterilmektedir.

Çizelge 4.21 *M. domesticus* ait popülasyonların kontrol bölgesi dizileri arasındaki genetik mesafe değeri (d) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)

	Trakya	Anadolu	Marmara Adası	Bozcaada
Trakya	—	$0,002 \pm 0,001$	$0,003 \pm 0,001$	$0,002 \pm 0,001$
Anadolu	$0,011 \pm 0,002$	—	$0,003 \pm 0,001$	$0,003 \pm 0,001$
Marmara Adası	$0,009 \pm 0,002$	$0,011 \pm 0,003$	—	$0,003 \pm 0,001$
Bozcaada	$0,010 \pm 0,002$	$0,013 \pm 0,003$	$0,010 \pm 0,002$	—

Çizelge 4.22 *M. macedonicus* ait popülasyonların kontrol bölgesi dizileri arasındaki genetik mesafe değeri (d) (indeksin altındakiler ortalama mesafe, üstündekiler ise net mesafe değerlerini göstermektedir)

	Trakya	Anadolu	Gökçeada
Trakya	—	0,005±0,002	0,004±0,002
Anadolu	0,024±0,003	—	0,005±0,002
Gökçeada	0,019±0,003	0,019±0,003	—

Kontrol bölgesi dizilerinden elde edilen haplotipler arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya koymak için Neighbour-joining (NJ), Maximum Parsimony (MP) ve Maximum Likelihood (ML) metodları kullanıldı.

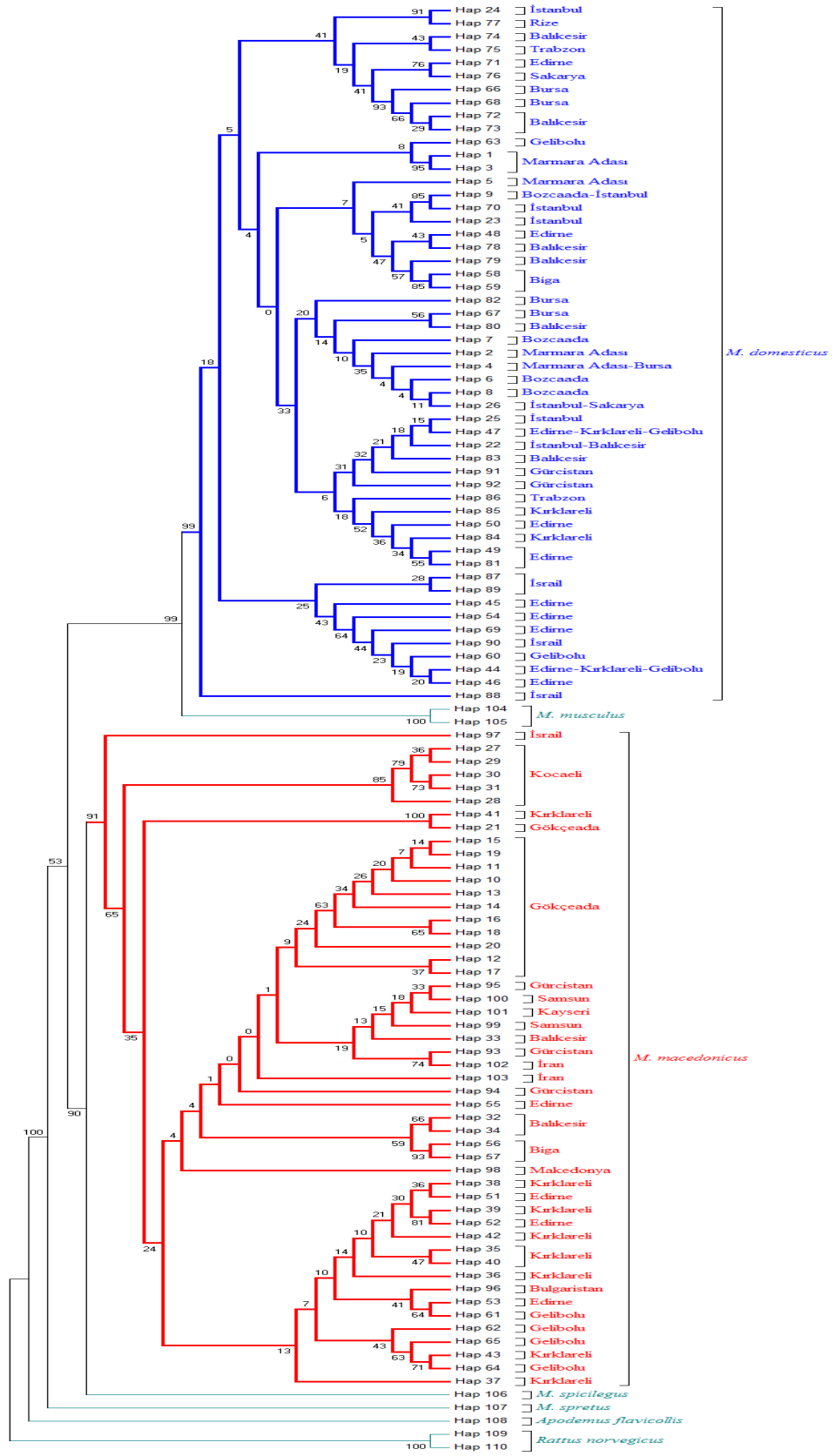
Oluşturulan NJ ağacı, p-distance modeli ve 1000 tekrarlı Bootstrap modeli baz alınarak Şekil 4.8’de gösterilmektedir. ML ağacı oluşturulurken en uygun model olarak belirlenen Tamura 3-parameter (TN92), Gamma distribution (+G) kullanıldı. Bu model MEGA programı tarafından en uygun olan model olarak tespit edildi (Şekil 4.9). MP ağacı oluşturulurken Tree-Bisection-Reconnection (TBR) araştırma metodu seçilerek oluşturuldu (Şekil 4.10).

NJ ağacında *M. domesticus* örnekleri içerisinde Hap 88 (İsrail) % 99 bootstrap değeriyle diğer *M. domesticus* haplotiplerinden ayrılmaktadır. *M. macedonicus* örnekleri arasında Kocaeli örneklerine ait haplotipler Hap 97 (İsrail) hariç tutulduğunda diğer *M. macedonicus* örneklerinden % 65 bootstrap değeriyle ayrılarak kendi içlerinde bir Kocaeli grubu oluşturmaktadır. Hap 21 (Gökçeada) ile Hap 41 (Kırklareli) arasındaki bootstrap değeri % 100 olarak hesaplandı. Aralarında % 66’lık bootstrap değeri bulunan Balıkesir haplotipleri (Hap 32 ve Hap 34), aralarında % 93’lük bootstrap değere sahip olan Biga haplotiplerinden (Hap 56 ve Hap 57) % 59’luk bir bootstrap değeriyle ayrılmaktadır (Şekil 4.8).

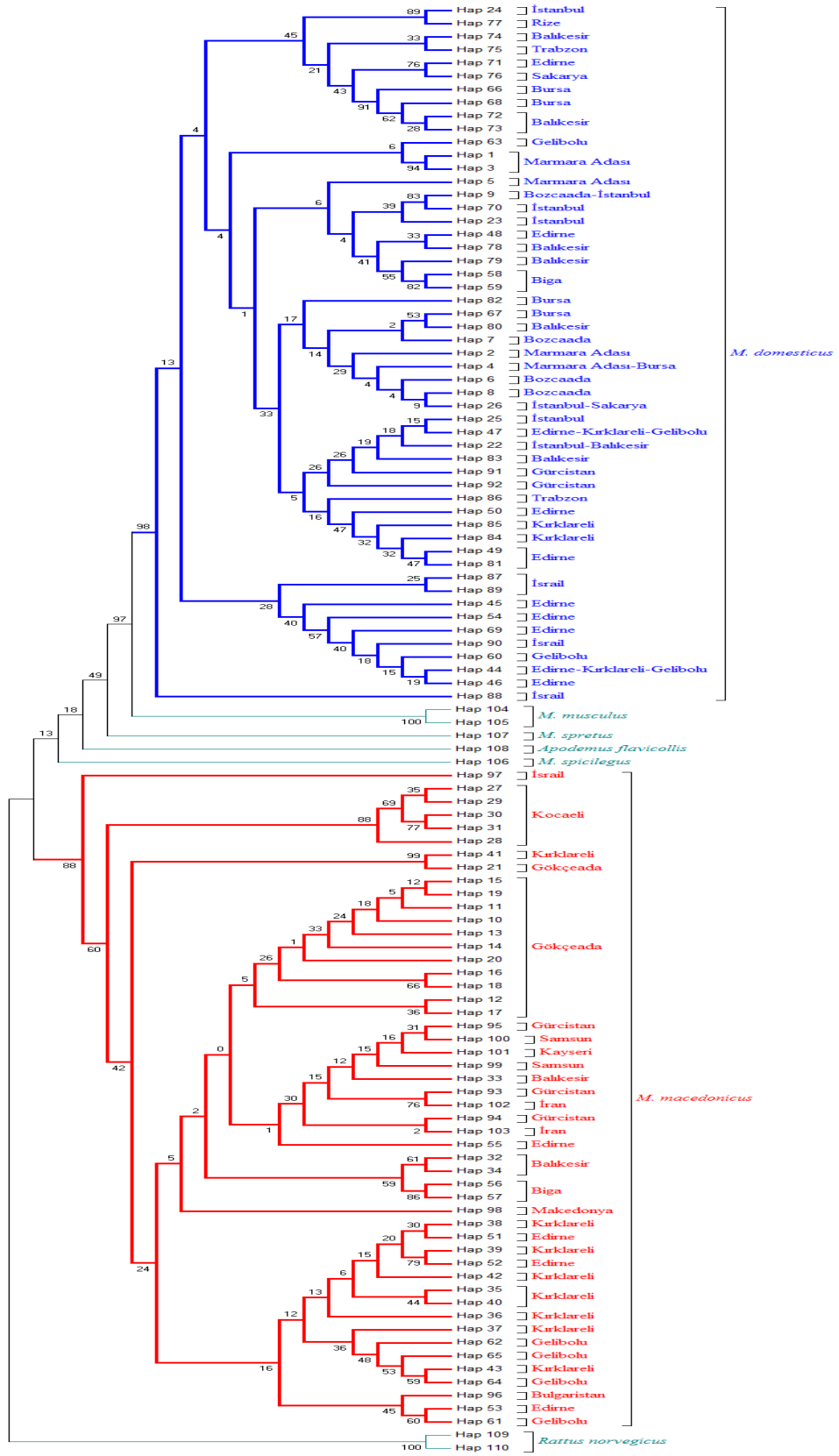
ML ağacında *M. domesticus* örnekleri içerisinde % 98 bootstrap değeriyle Hap 88 (İsrail) diğer *M. domesticus* haplotiplerinden ayrılmaktadır. *M. macedonicus* örnekleri arasında

Kocaeli grubu Hap 97 (İsrail) hariç tutulduğunda diğer *M. macedonicus* örneklerinden % 60 bootstrap değeriyle ayrılmaktadır. Hap 21 (Gökçeada) ile Hap 41 (Kırklareli) arasındaki bootstrap değeri % 99 olarak hesaplandı. Aralarında % 61’lik bootstrap değeri bulunan Balıkesir haplotipleri (Hap 32 ve Hap 34), aralarında % 86’lık bootstrap değere sahip olan Biga haplotiplerinden (Hap 56 ve Hap 57) % 59’luk bir bootstrap değeriyle ayrılmaktadır (Şekil 4.9).

MP ağacında da Hap 88 (İsrail) diğer *M. domesticus* haplotiplerinden % 96 bootstrap değeriyle ayrılmaktadır. Kocaeli grubu % 45’lik bootstrap değeriyle diğer *M. macedonicus* haplotiplerinden ayrılmaktadır. Hap 21 (Gökçeada) ile Hap 41 (Kırklareli) arasındaki bootstrap değeri % 99 olarak hesaplandı. Aralarında % 76’lık bootstrap değeri bulunan Balıkesir haplotipleri (Hap 32 ve Hap 34) ise aralarında % 68’lik bootstrap değere sahip olan Biga haplotiplerinden (Hap 56 ve Hap 57) % 68’lik bir bootstrap değeriyle ayrılmaktadır (Şekil 4.10).

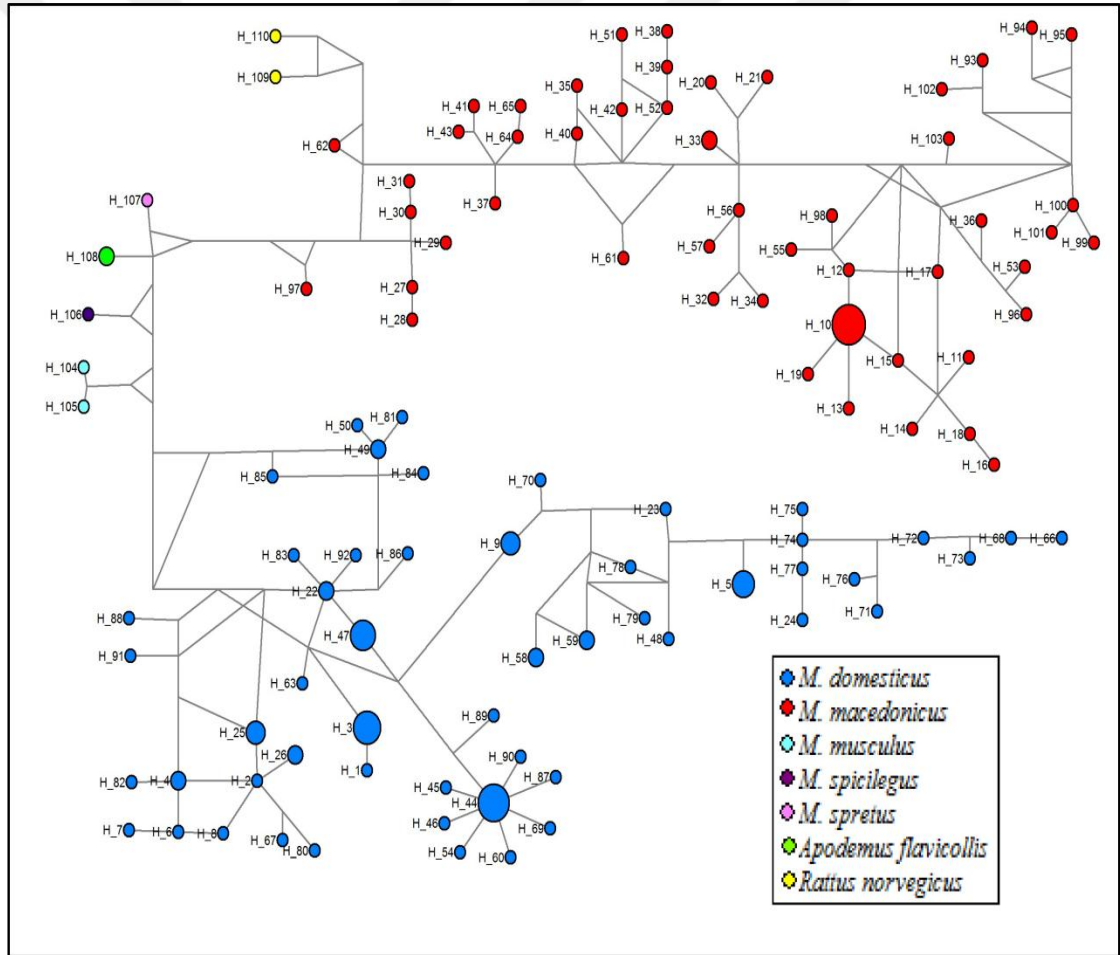


Şekil 4.8 p-distance model alınarak oluşturulan kontrol bölgesine ait NJ ağacı

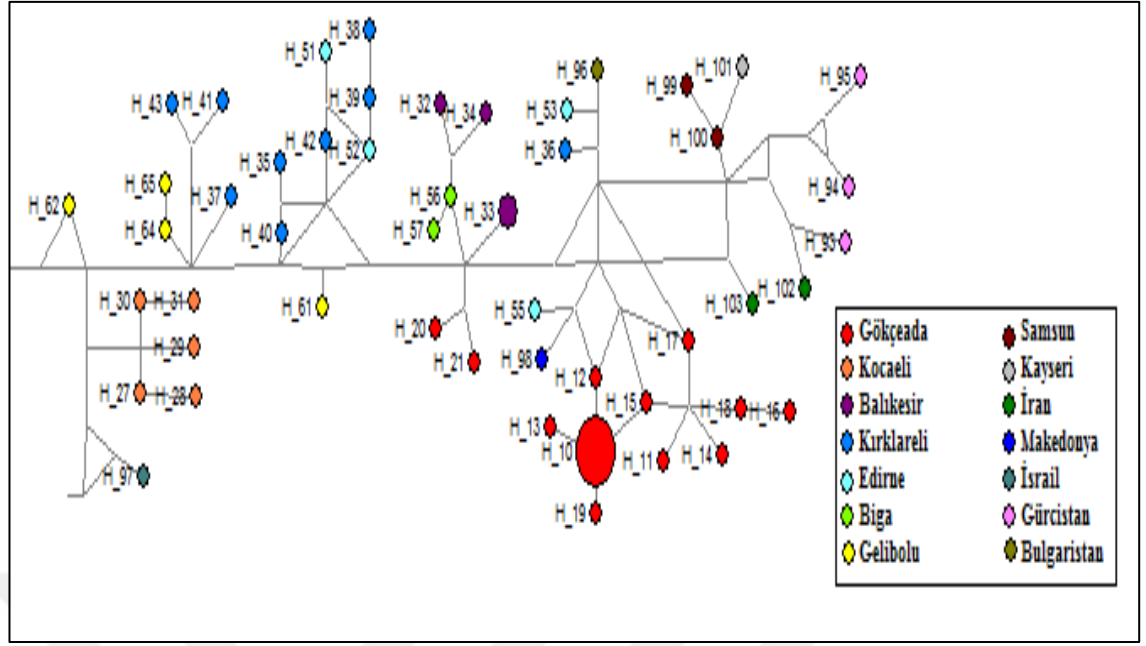


Şekil 4.9 TN92+G modeli baz alınarak oluşturulan kontrol bölgesine ait ML ağacı

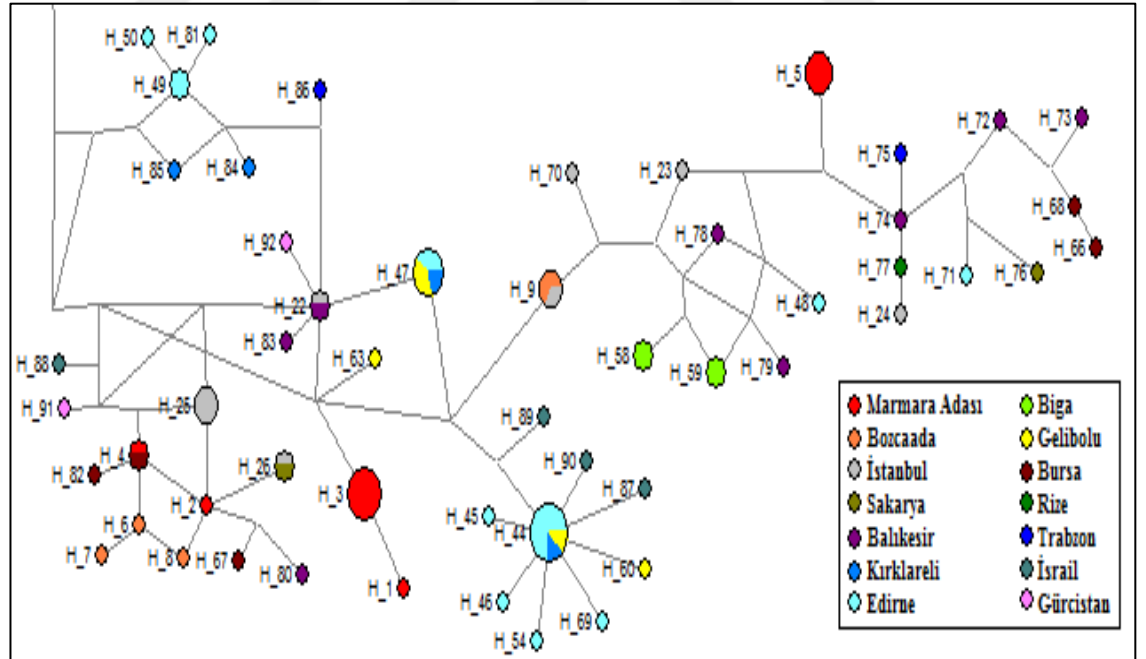
Kontrol Bölgesi'ne ait haplotip verilerine göre oluşturulan median-joining ağacı şekil 4.11 - 4.13'de gösterilmektedir. *M. macedonicus*'ta Biga'ya ait olan iki haplotipten biri olan H_57, tek bir mutasyon noktası ile Biga'ya ait olan diğer haplotipten (H_56) oluşmuştur. *M. macedonicus*'ta Gökçeada'ya özgü 12 haplotip tespit edildi. Bu haplotiplerden dokuz tanesi (H_10, H_11, H_12, H_13, H_14, H_15, H_17, H_18 ve H_19) arasında birer mutasyon noktası varken H_18 ile H_16 arasında iki mutasyon noktası vardır. *M. domesticus*'ta Marmara Adası'na ait 5 haplotipin 4'ü adaya özgü asıl haplotiplerdir. Bunlardan H_1 iki mutasyon noktası ile H_3'den oluşmaktadır. *M. domesticus*'ta Bozcaada'ya ait dört haplotipin üç tanesi (H_6, H_7 ve H_8) adaya özgü asıl haplotiptir. Bunlardan H_7, H_6'dan sekiz mutasyon noktası ile oluşmuştur.



Şekil 4.11 Kontrol bölgesi'ne ait haplotip verilerine göre oluşturulan median-joining ağacı



Şekil 4.12 *M. macedonicus*'a ait kontrol bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri



Şekil 4.13 *M. domesticus*'a ait kontrol bölgesi haplotiplerine göre oluşturulan median-joining ağacı ve lokaliteleri

4.3 MtDNA Sitokrom *b* ve Kontrol Bölgelerinin Birlikte Analizi

Mus domesticus ve *Mus macedonicus*'a ait 100 örnek ile GenBank'tan alınan *Mus musculus* ve *Apodemus agrarius* örneğinin Sitokrom *b* ve kontrol bölgelerine ait dizileri birleştirilerek 1865 bç'lik diziler elde edildi. Bu dizilerden elde edilen haplotipler çizelge 4.23 - 4.24'de gösterilmektedir. Elde edilen haplotiplerden 52 tanesi *M. domesticus*'a, 48 tanesi *M. macedonicus*'a 1 tanesi *M. musculus*'a, 1 tanesi de *Apodemus agrarius*'a aittir.

Analizi yapılan 102 örneğe ait haplotip sayısı (h) 70 olup haplotip çeşitliliği (Hd) ise 0,9821 olarak belirlendi.

Çizelge 4.23 Birleştirilerek analizi yapılan mtDNA sitokrom *b* ve kontrol bölgesi'ne ait haplotipler ve bunların bulundukları lokaliteler ile görülme sıklıkları (parantez içinde)

Lokalite	Tür	<i>Mus domesticus</i>	<i>Mus macedonicus</i>
Marmara Adası		Hap1 (1), Hap2 (1), Hap3 (6), Hap4 (1), Hap5 (4)	
Bozcaada		Hap6 (1), Hap7 (1), Hap8 (1), Hap9 (2)	
Gökçeada			Hap10 (9), Hap11 (1), Hap12 (1), Hap13 (1), Hap14 (1), Hap15 (1), Hap16 (1), Hap17 (1), Hap18 (1), Hap19 (1), Hap20 (1), Hap21 (1)
İstanbul		Hap22 (1), Hap23 (1), Hap24 (1), Hap25 (3), Hap26 (1)	
Kocaeli			Hap27 (1), Hap28 (1), Hap29 (1), Hap30 (1), Hap31 (1)
Balıkesir			Hap32 (1), Hap33 (2), Hap34 (1)
Kırklareli			Hap35 (1), Hap36 (1), Hap37 (1), Hap38 (1), Hap39 (1), Hap40 (1), Hap41 (1), Hap42 (1), Hap43 (1)
Edirne		Hap44 (6), Hap45 (1), Hap46 (1), Hap47 (1), Hap 48 (1), Hap49 (2), Hap50 (1), Hap54 (1)	Hap51 (1), Hap52 (1), Hap53 (1), Hap55 (1)
Çanakkale Biga		Hap58 (2), Hap59 (2)	Hap56 (1), Hap57 (1)
Çanakkale Gelibolu		Hap44 (1), Hap47 (3), , Hap60 (1), Hap63 (1)	Hap61 (1), Hap62 (1), Hap64 (1), Hap65 (1)
Bursa		Hap66 (1), Hap67 (1), Hap68 (1)	

Çizelge 4.24 mtDNA sitokrom *b* ve kontrol bölgesi’ni birleştirerek yapılan analiz için kullanılan dış grupların belirlenen haplotipleri ve görülme sıklıkları

Tür	Haplotip	Aksesyon numaraları
<i>Mus musculus</i>	Hap69(1)	NC_010339
<i>Apodemus agrarius</i>	Hap108 (2)	NC_016428

Belirlenen haplotipler kullanılarak Neighbour-joining (NJ), Maximum Parsimony (MP) ve Maximum Likelihood (ML) metodları ile filogenetik ağaçlar elde edilmiştir.

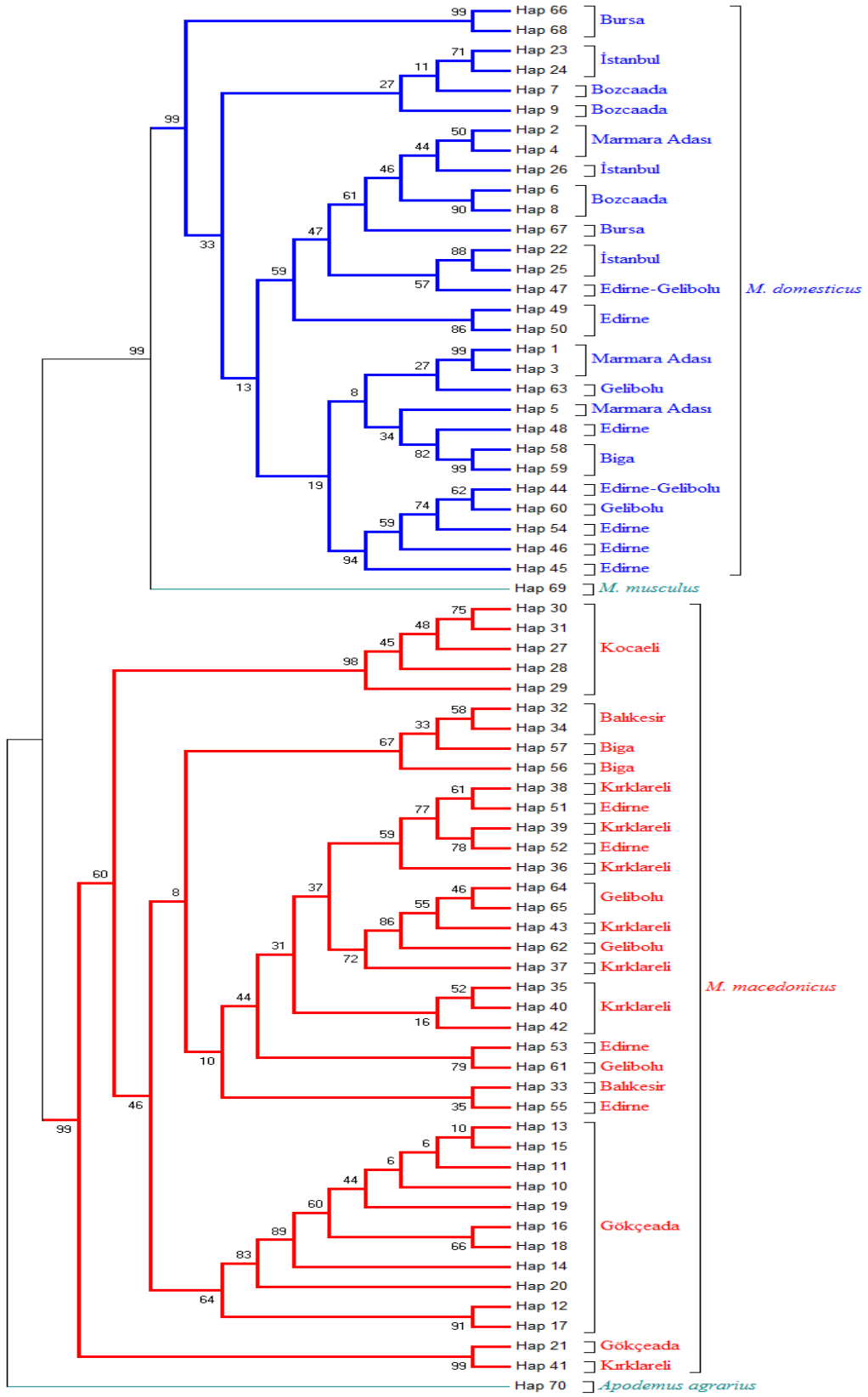
NJ ağacı, p-distance modeli ve 1000 tekrarlı Bootstrap modeli baz alınarak şekil 4.14’de gösterilmektedir. *M. domesticus* örnekleri arasında Marmara Adası’na ait Hap 1 ile Hap 3 arasındaki bootstrap değeri % 99 iken bu iki haplotip Gelibolu haplotipi olan Hap 63’den % 27’lik bir bootstrap değeri ile ayrılmaktadır. Biga haplotipleri olan Hap 58 ile Hap 59 arasındaki bootstrap değeri ise % 99 olarak belirlendi. *M. macedonicus* örnekleri arasında Kocaeli grubu diğer *M. macedonicus* haplotipleri arasındaki bootstrap değeri % 60’dır. Hap 21 hariç diğer Gökçeada haplotipleri % 64’lük bir bootstrap değeri ile bir grup oluşturduğu ifade edilebilir. Hap 21 (Gökçeada) ile Hap 41 (Kırklareli) arasındaki bootstrap değeri % 99 olarak hesaplandı.

ML ağacı, MEGA programı tarafından en uygun olan model olarak tespit edilen GTR (General Time Reversible) parametresine göre oluşturularak şekil 4.15’de gösterildi. *M. domesticus* örnekleri arasında Marmara Adası’na ait Hap 1 ile Hap 3 arasındaki bootstrap değeri % 99 iken bu iki haplotip Gelibolu haplotipi olan Hap 63’den % 30’lik bir bootstrap değeri ile ayrılmaktadır. Biga haplotipleri olan Hap 58 ile Hap 59 arasındaki bootstrap değeri ise % 99 olarak belirlenmiştir. *M. macedonicus* örnekleri arasında Kocaeli grubu diğer *M. macedonicus* haplotipleri arasındaki bootstrap değeri % 95’dır. Bu kez aralarında bootstrap değeri % 99 olan Hap 21 (Gökçeada) ile Hap 41 (Kırklareli) NJ ağacında Gökçeada grubu olarak belirtilen grup içinde görülmektedir. Yalnız bu grup % 10’luk bir düşük bootstrap değeri ile oluşmuştur.

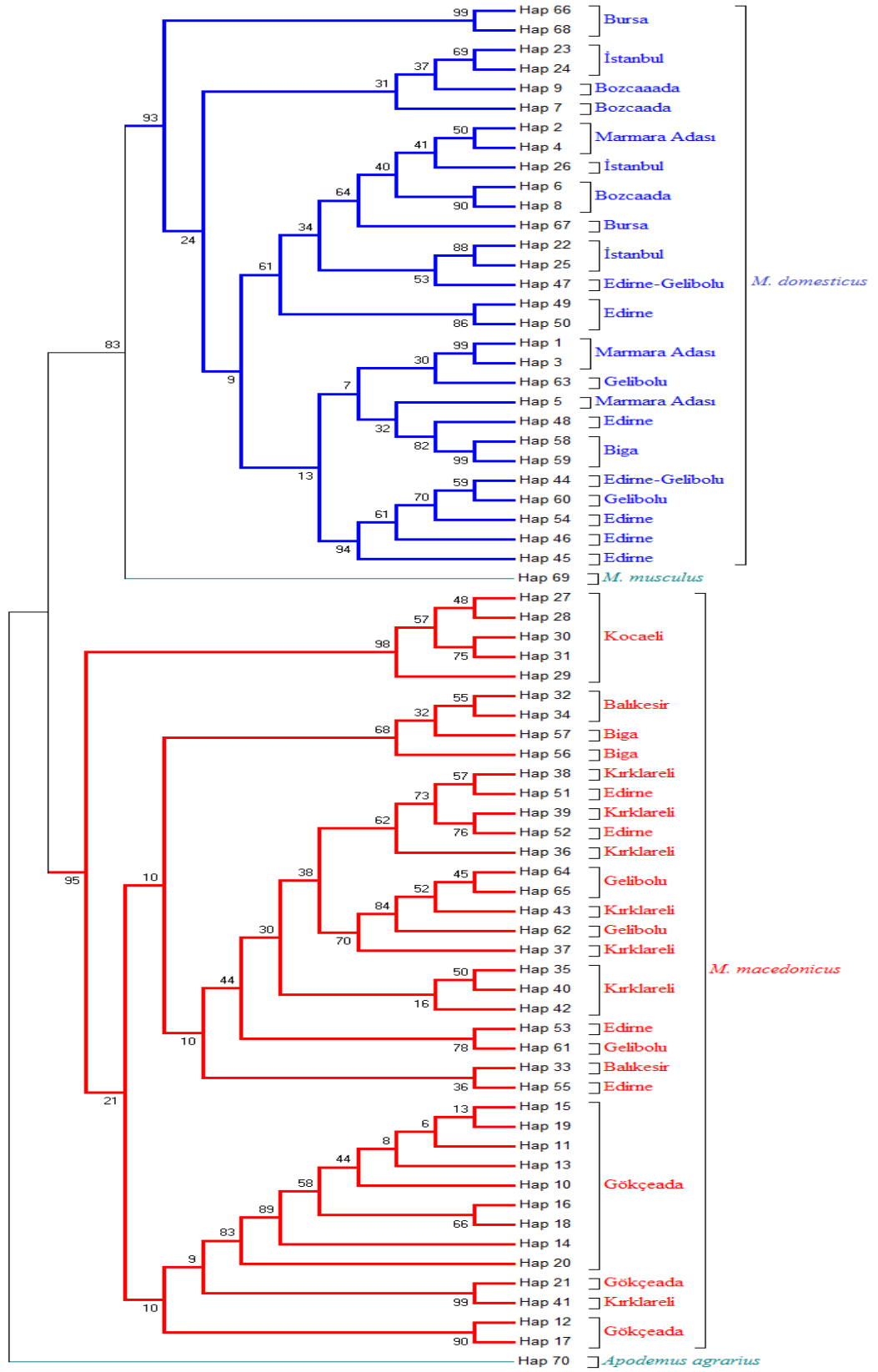
MP ağacı oluşturulurken Tree-Bisection-Reconnection (TBR) araştırma metodu seçilerek oluşturulmuştur (Şekil 4.16). *M. domesticus* örnekleri arasında Marmara

Adası'na ait Hap 1 ile Hap 3 arasındaki bootstrap değeri % 99 iken bu iki haplotip NJ ve ML ağaçlarından farklı olarak Edirne ve Gelibolu haplotiplerinden (Hap 44, Hap 45, Hap 46, Hap54 ve Hap 60) % 36'lık bir bootstrap değeri ile ayrılmaktadır. Biga haplotipleri olan Hap 58 ile Hap 59 arasındaki bootstrap değeri ise % 98 olarak belirlendi. *M. macedonicus* örnekleri arasında Kocaeli grubu diğer *M. macedonicus* haplotipleri arasındaki bootstrap değeri % 23'dir. ML ağacına benzer şekilde aralarında bootstrap değeri % 98 olan Hap 21 (Gökçeada) ile Hap 41 (Kırklareli), % 54'luk bir bootstrap değeri ile oluşan Gökçeada grubu olarak belirtilen grup içinde görülmektedir.

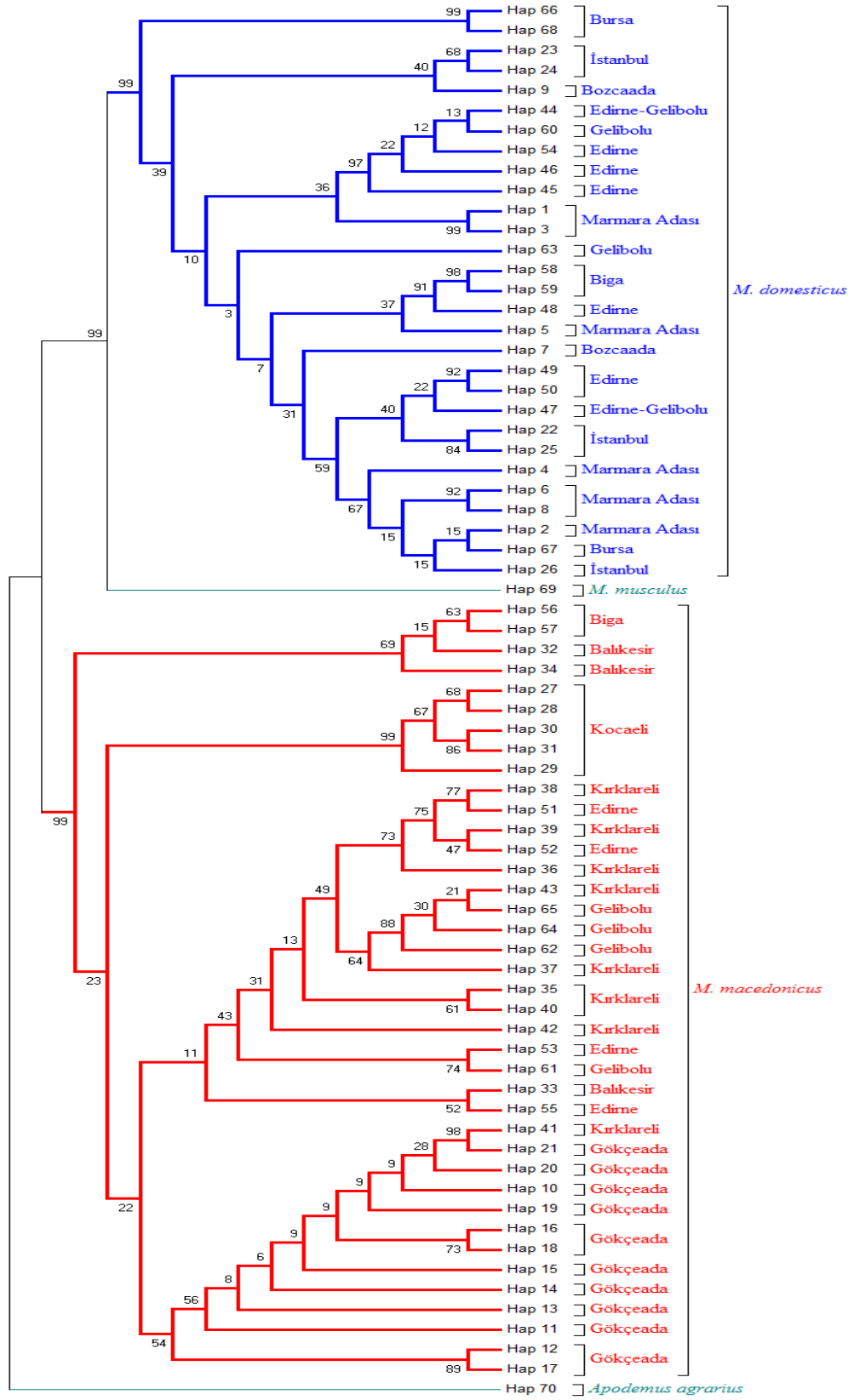




Şekil 4.14 p-distance model alınarak oluşturulan mtDNA cyt *b* ve kontrol bölgelerinin beraber analiz edilmesiyle oluşturulan ait NJ ağacı



Şekil 4.15 GTR modeli kullanılarak oluşturulan mtDNA cyt b ve kontrol bölgelerinin beraber analiz edilmesiyle oluşturulan ML ağacı



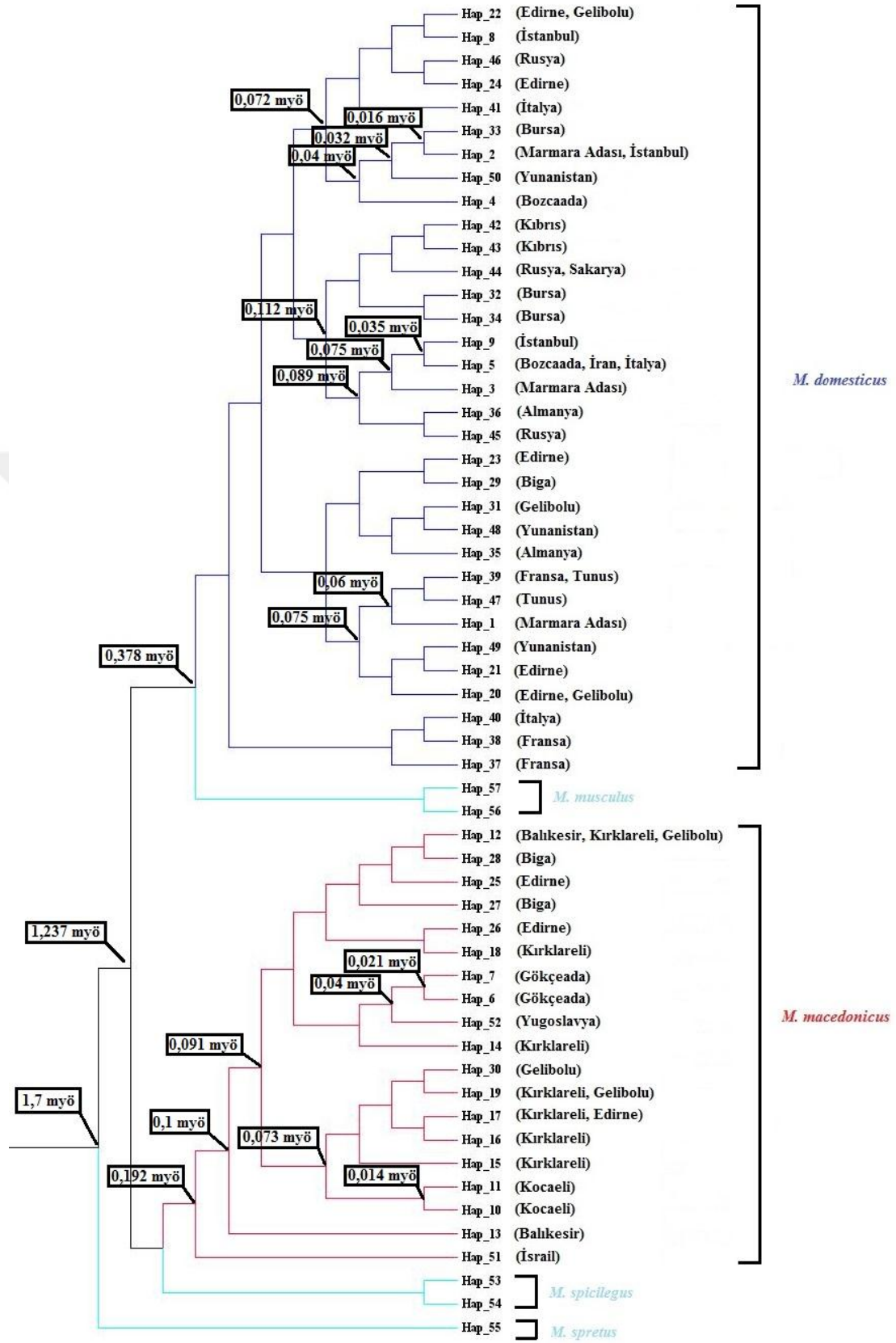
Şekil 4.16 Birlikte analizi yapılan mtDNA cyt *b* ve kontrol bölgesi'ne ait TBR yoluyla oluşturulan MP ağacı

4.4 Evrimsel Ayrılma Zamanları

Cyt *b* birçok organizmanın mtDNA'sında her zaman korunduğu için organizmaların tarihlendirilmesinde kullanılmaktadır ve cyt *b* dizileri her milyon yılda % 2 farklılaşma oranına sahiptir (Ferris vd. 1983). Bu orana göre oluşturulan moleküler tarihleme analizi sonucu şekil 4.17'de gösterilmektedir. Kalibrasyon noktası olarak Suzuki vd. (2013) tarafından kullanılan kalibrasyon noktası kullanıldı (Bu kalibrasyon noktası *Mus spretus* ve *Mus musculus*'un 1,7 myö ayrıldığı varsayar).

Analize göre *M. domesticus* haplotipleri arasında Hap_1 (Marmara Adası) 0,06 myö ayrılmıştır. Hap_3 (Marmara Adası) 0,175 myö, Hap_5 (Bozcaada, İran, İtalya) ile Hap_9 (İstanbul) 0,075 myö ayrılmıştır. Hap_5 ise Hap_9'dan 0,035 myö ayrılmıştır. Bununla birlikte Hap_4 (Bozcaada) 0,04 myö, Hap_2 (Marmara Adası, İstanbul) ile Hap_33 (Bursa) 0,016 myö oluşmaktadır.

M. macedonicus haplotipleri arasında Kocaeli haplotipleri (Hap_10 ve Hap_11) 0,073 myö oluşurken bu haplotipler birbirlerinden 0,014 myö ayrılmaktadır. Gökçeada haplotipleri (Hap_6 ve Hap_7) 0,04 myö oluşurken bu haplotipler ise birbirlerinden 0,021 myö ayrılmaktadır.



Şekil 4.17 Cyt *b* dizileri kullanılarak elde edilen moleküler evrimsel ayrılma zamanları

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

5.1 Marmara Bölgesi'nin *Mus Cinsine Ait Türlerin Filogenisi*

Daha önceki çalışmalar sonucunda *M. m. domesticus*'un orijini ile ilgili 2 görüş ortaya atılmıştır: (1) Hindistan'dan dışına doğru sentrifugal olarak genişlediğini (Bonhomme vd. 1994) (2) Yakın doğudan linear bir şekilde genişlediğini (Prager vd. 1998). Fakat genel kanı Irak civarında orijinlendiği şeklindedir (Boursot vd. 1996, Din vd. 1996, Prager vd. 1998, Gündüz vd. 2005, Rajabi-Maham vd. 2008). Bu türün Avrupa ve Anadolu'ya girişi ise iki koldan olabileceği ifade edilmiştir: (1) Akdeniz Rotası (Anadolu'nun Güney kıyısı, Kıbrıs ve Yunanistan boyunca gider) (Cucchi vd. 2005) (2) Boğaz-Karadeniz Rotası (İç Anadolu'dan İstanbul Boğazı'nı geçerek Bulgaristan ve Trakya üzerinden Avrupa'ya doğru gider) (Gündüz vd. 2005, Rajabi-Maham vd. 2008).

M. macedonicus ise son buzul çağında Gürcistan'ın batısında ya da Azerbaycan'ın doğusunda bulunabileceği iddia edilen sığınaklardan çıkarak Avrupa'ya Karadeniz'in güney kenarı boyunca ilerlemesi ile ulaşmıştır (Orth vd. 2002, Macholán vd. 2007). Bu çalışma sonucunda her iki türde de hem kontrol bölgesi hem de sitokrom *b* bölgesi için oluşturulan ağaçlarda Türkiye'deki anakara ve ada haplotipleri ile yurtdışındaki haplotiplerin iç içe çıkması örneklerin canlıların kıtalararasında geçişinde boğazların kullanıldığı bu çalışma ile de desteklenmektedir.

Kullanılan 52 *M. domesticus* örneğinin sitokrom *b* bölgesi'ne ait toplam haplotip çeşitliliği ve nükleotid çeşitliliği (sırasıyla 0,924 ve 0,00486), 48 *M. macedonicus* örneğinin toplam haplotip çeşitliliğinden ve nükleotid çeşitliliğinden daha düşüktür (sırasıyla 0,843 ve 0,00377) (Çizelge 5.1). *M. domesticus* örneğin kontrol bölgesi'ne ait toplam haplotip çeşitliliği 0,959 ve nükleotid çeşitliliği 0,00923'dir. Bu sonuçlar *M. domesticus* için daha önce yapılan çalışmalarla karşılaştırıldığında nispeten benzerdir (Portekiz için Hd: 0,882 π :0,0064, Förster vd. 2009; Türkiye için Hd: 0,98 π : 0,0084, Gündüz vd. 2005). *M. macedonicus*'un kontrol bölgesi'ne ait toplam haplotip çeşitliliği ise 0,967 ve nükleotid çeşitliliği 0,01843'dir.

Boğazlar Asya ve Avrupa kıtalarını ayırarak iki kıta arasındaki karasal türler için bir coğrafik bariyer oluştururlar (Koswing 1955). Fakat son zamanlarda boğazların tam bir biyocoğrafik bariyer olup olmadığı bir çok araştırmacı tarafından tartışılmaktadır (Helvacı vd. 2012, Çolak vd. 2015). Bununla birlikte ev fareleri düşünüldüğünde, su ile ayrılan iki bölgenin birbirleri arasında yüzerek geçiş yapma olasılığının zayıf olduğu düşünülmektedir. Diğer bir deyişle, genel olarak, ev farelerinin sıçanlardan farklı olarak yüzmeye karşı isteksiz olduğuna inanılır (Hiadlovská vd. 2012). Fakat Hiadlovská vd. (2012) bu inanışın aksine farelerin suya oldukça kolay girdiklerini ve hatta sıklıkla tekrarlanan bir şekilde yüzmeye meşgul olduklarını ifade etmişlerdir. Yaptıkları çalışma ile *M. musculus domesticus* erkekleri 20 °C'deki sulara girmeye daha meyilli iken *M. musculus musculus* erkekleri ise 10 °C'deki sulara girmeye daha meyilli olduğunu tespit etmişlerdir. Ayrıca eğer boğazlar gerçekten bir biyocoğrafik bariyer olsaydı, türlerin yayılım rotaları dikkate alındığında Anadolu popülasyonlarının nükleotid çeşitliliğinin (π) Trakya popülasyonlarındakinden daha düşük olması beklenebilirdi. Bu çalışmada da *M. domesticus*'un Anadolu (n:7) ile Trakya (n:27) popülasyonları nükleotid çeşitliliğine bakıldığında Anadolu'nunki Trakya'nındakinden biraz yüksek olduğu görülmektedir (sitokrom *b* bölgesi için sırasıyla 0,00490 ve 0,00394 iken kontrol bölgesi için sırasıyla 0,01012 ve 0,00722'dir). Benzer şekilde *M. macedonicus* popülasyonlarının sitokrom *b* bölgesindeki nükleotid çeşitliliği Anadolu (n:17)'da (0,00321) Trakya (n:11)'dakinden (0,00244) daha yüksektir. *M. macedonicus* popülasyonunun kontrol bölgesi'ndeki Anadolu'nun nükleotid çeşitliliği Trakya'dakinden düşüktür (sırasıyla 0,01882 ve 0,01904) (Çizelge 5.1). Tespit edilen bu nükleotid çeşitliliğinin Anadolu ile Trakya için elde edilen değerlerin birbirine yakın olması sebebiyle *M. domesticus* ve *M. macedonicus* örneklerinin Anadolu ve Trakya popülasyonları arasında genetik olarak bir benzer olduğu söylenebilir. Anadolu ve Trakya popülasyonları arasındaki bu benzerliğin nedeni olarak boğazların bu iki türe ait popülasyonları arasında tam bir coğrafik bariyer etkisi gösterememesi verilebilir. Boğazların *M. domesticus* ile *M. macedonicus* için tam bir coğrafik bariyer olamamasının sebeplerinden biri bu türlerin insanlar ile yakın ilişkili olması, diğeri ise boğazların günümüz halini alması yakın bir jeolojik tarihte olmuş olması olabilir (Çanakkale Boğazı, orta Pleistosen - yaklaşık 1,70 myö ile 0,84 myö arası; İstanbul Boğazı, holosen - 7500 myö).

Çizelge 5.1 *M. domesticus* ve *M. macedonicus* örneklerinde çalışılan gen bölgeleri arasındaki haplotip çeşitliliği (Hd) ve nükleotid çeşitliliği (π)

		<i>M. domesticus</i>		<i>M. macedonicus</i>	
		Hd	π	Hd	π
Sitokrom <i>b</i>	Anadolu	0,714	0,00490	0,855	0,00321
	Trakya	0,826	0,00394	0,919	0,00244
	Gökçeada	-	-	0,189	0,00035
	Bozcaada	0,600	0,00386	-	-
	Marmara Adası	0,641	0,00396	-	-
	Toplam	0,924	0,00486	0,843	0,00377
Kontrol bölgesi	Anadolu	0,905	0,01012	0,982	0,01882
	Trakya	0,912	0,00722	1,000	0,01904
	Gökçeada	-	-	0,811	0,00891
	Bozcaada	0,900	0,00872	-	-
	Marmara Adası	0,731	0,00674	-	-
	Toplam	0,959	0,00923	0,967	0,01843

Bu çalışmada hem kontrol bölgesi hem de sitokrom *b* bölgesi dizilerinden oluşturulan filogenetik ağaçlarda bootstrap değerlerinin genel olarak düşük olduğu görülmektedir. Rajabi-Maham vd. (2008) ve Jones vd. (2011a) tarafından *M. domesticus* kontrol bölgesi dizileri için filogenetik ağaçlardaki bu düşük değerlerin olağan olduğu belirtilmektedir. Fakat bazı örnekler arasındaki bootstrap değerlerinin yüksek olduğu görülmektedir. Bu örnekler arasında Kocaeli örnekleri hem sitokrom *b* hem de kontrol bölgesi için oluşturulan ağaçlarda şekilde her zaman bir grup halinde bulunmaktadır. Bu Kocaeli grubunu oluşturan *M. macedonicus* örneklerinin sitokrom *b* bölgesi haplotiplerin (Hap_10 ve Hap_11) evrimsel ayrılma zaman analizine bakıldığından 0,014 myö (14 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Würn buzulu dönemi) oluştukları görülmektedir. Kocaeli grubunu oluşturan nedenler daha detaylı olarak çalışılması gerekmektedir.

5.2 Gökçeada'daki *M. macedonicus*'un Filogenisi

Gökçeada'nın yaşı Ercan vd. (1995) tarafından yapılan radyometrik yaş ölçümü ile 30,4 ve 34,3 milyon yıllık (Orta-Üst Oligosen) oldukları saptanmıştır (Koral vd. 2009, Kurtuluş vd. 2010). Adaya ilk yerleşimin ise Uğurlu köyü- Zeytinlik mevkinde

yapılan kazılar sonucunda M.Ö. 6500 tarihinde Anadolu'dan gelen topluluklar sayesinde olduğu tespit edilmiştir (Özbek ve Erdoğan 2014).

Gökçeada *M. macedonicus* popülasyonuna ait *cyt b* bölgesi nükleotid çeşitliliği (0,00035), Anadolu'nun nükleotid çeşitliliğinden (0,00321) ve Trakya'nın nükleotid çeşitliliğinden (0,00244) düşüktür. Benzer şekilde adanın haplotip çeşitliliği (0,189) de Anadolu'nun (0,855) ve Trakya'ninkinden (0,919) düşüktür. Bu popülasyonunun kontrol bölgesi'ndeki nükleotid çeşitliliği (0,00891) Anadolu'nun nükleotid çeşitliliğinden (0,01882) ve Trakya'nın nükleotid çeşitliliğinden (0,01904) düşüktür. Benzer şekilde adanın kontrol bölgesinde ise haplotip çeşitliliği de (0,811) Anadolu'nunkinden (0,982) ve Trakya'ninkinden (1,000) düşüktür (Çizelge 5.1).

Gökçeada, anakaraya nazaran jeolojik olarak daha sonra meydana gelen bir ada olduğundan dolayı her iki gen bölgesi için hem nükleotid çeşitliliğinin hem de haplotip çeşitliliğinin anakaraya kıyasla düşük çıkmış olması doğaldır. Orth vd. (2002) ve Macholán vd. (2007)'de *M. macedonicus*'un Avrupa'ya doğru gerçekleşen kolonileşme rotası olan Akdeniz'in Karadeniz ile bağlantısı olmadığı zamanlarda Karadeniz'in güney kenarını izleyen yol (bu yol günümüz koşullarında Anadolu'ya tekabül eder) göz önünde tutulduğunda Anadolu popülasyonunun ada popülasyonunu oluşturması beklenirdi. Bu bekletin aksine, elde edilen verilere göre, *M. macedonicus* örneklerinin nükleotid çeşitliliği ve haplotip çeşitliliği fazla olan bölgeden yani Trakya'dan Gökçeada'ya göç ettiğini söyleyebiliriz. Bu bağlamda *M. macedonicus* örnekleri muhtemelen Trakya'ya ulaştıktan sonra Gökçeada'ya göç etmiş olabileceği söylenebilir. Özkan (1999) morfolojik olarak, Şeker vd. (2014) ise karyolojik olarak Gökçeada *Mus macedonicus*'larını hem Trakya hem de Kuzeybatı Anadolu örneklerine benzer olduklarını belirtmektedir. Adadaki *Nannospalax xanthodon*'un morfolojik çalışmasında Özkan (1999) Trakya'ya benzer bulurken, karyolojik çalışmasında Sözen vd. (2013) ise Batı Anadolu'ya benzer bulmuştur. Ada popülasyonunun Trakya'dan gelmiş olabileceği olasılığı söylenebilmesine rağmen adadan toplanan 20 örneğin hem *cyt b* bölgesi haplotipleri (h:2) hem de kontrol bölgesi haplotipleri (h:12) adaya özgüdür. Yani, Gökçeada popülasyonu, Anadolu ve Trakya popülasyonlarıyla haplotip paylaşmamaktadır. Büyük olasılıkla *M. macedonicus*'un anakara popülasyonundan bir

grup adaya göç etmiş ve daha sonra bu grup bir takım mutasyonlar geçirmiş olabilir. Bununla birlikte Gökçeada'nın anakaraya olan uzaklığı göz önünde bulundurulduğunda ada popülasyonu ile anakara popülasyonu arasındaki gen akışı kesilmiş ve böylece göç eden *M. macedonicus* popülasyonu Gökçeada'da izole olmuş olabilir.

Sitokrom *b* dizileri kullanılarak oluşturulan moleküler tarihleme analizi sonucunda Gökçeada haplotipleri (Hap_6 ve Hap_7) Yugoslavya haplotiplerinden 0,04 myö (40 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Würn buzulu dönemi) ayrılırken bu iki Gökçeada haplotipi birbirinden 0,021 myö (21 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Würn buzulu dönemi) ayrılmaktadır. Bu sonuç *M. macedonicus*'un adaya gelişinin muhtemelen insanların adaya yerleşmesinden önce fakat insanların adaya yerleşmesiyle habitatın değişmesiyle beraber farklılaşmış olabileceğini göstermektedir.

5.3 Bozcaada'daki *M. domesticus*'un Filogenisi

Bozcaada'nın yaşı, Ercan vd. (1995) tarafından yapılan radyometrik yaş ölçümü ile 19,6 milyon yıl (Alt Miyosen) olduğu saptanmıştır. Yapılan arkeolojik çalışmalar ile adaya ilk yerleşim M.Ö. 3000-2000'lere (Erken Tunç Çağı) kadar uzanmaktadır (Sevinç ve Takaoğlu 2004).

Cyt *b* bölgesinde *M. domesticus* örnekleri arasında en düşük haplotip çeşitliliği ve nükleotid çeşitliliği Bozcaada'ya aittir (sırasıyla 0,600 ve 0,00386). Bölgelerin haplotip çeşitliliğine bakıldığında adanın sitokrom *b* bölgesi için haplotip çeşitliliği (0,600) Anadolu'nun (0,714) ve Trakya'ninkinden (0,826) düşüktür (Çizelge 5.1). Sitokrom *b* bölgesi için tespit edilen iki haplotipinden (Hap_4 ve Hap_5) biri (Hap_5) İran ve İtalya ile paylaşılmaktadır. Bu durum adanın zaman zaman Pers donanması tarafından işgal edilmesinden ve 1. Dünya Savaşı sırasında İtilaf Devletleri tarafından ikmal üssü olarak kullanılmasından kaynaklanabilir (Atabay 2008). Bozcaada'nın tarihi geçmişi nedeniyle Yunanistan örneklerine ait haplotiplerin de adada bulunması beklenirdi fakat Yunanistan haplotiplerine rastlanmamıştır. Jones vd. (2011a) tarafından Faroe adalarında yaptıkları çalışmada bulunan bir haplotipin Norveç'te de bulunmuş olması ve adadaki ev farelerinin Norveç Vikingleri tarafından insanların Faroe adasına

yerleşmesi ile aynı tarihte olabileceğine dair güçlü kanıtlar vermesine rağmen yine de adadaki ev faresinin kolonileşmesi konusunda açık bir kapı bırakılmıştır.

Kontrol bölgesinde ada popülasyonunun haplotip çeşitliliği (0,900), istatistiksel bir önemi olmamakla birlikte Anadolu'nunkinden (0,905) ve Trakya'nunkinden (0,912) düşük çıkmıştır. Bu değerlerin birbirlerine yakın olmasından dolayı *M. domesticus*'un ada popülasyonunun Anadolu ve Trakya popülasyonlarıyla benzer olduğu şeklinde bir yorum yapılabilir. Özkan (1999) morfolojik olarak, Şeker vd. (2014) ise karyolojik olarak Bozcaada *Mus domesticus*'larını hem Trakya hem de Kuzeybatı Anadolu örneklerine benzer olduklarını belirtmektedir. Adadaki *Nannospalax xanthodon*'un karyolojik çalışmasında ise Özkan (1999) ve Sözen vd. (2013) batı Anadolu'ya benzer bulmuştur. Kontrol bölgesi için tespit edilen dört haplotipinden (Hap_6, Hap_7, Hap_8 ve Hap_9) biri (Hap_9) İstanbul-Şile (domTurkey7, Gündüz vd. 2005) ile yani Anadolu haplotipi ile paylaşmaktadır. Bu haplotip ada ile İstanbul arasında insan vasıtasıyla taşınmış olabilir. Bununla beraber Bozcaada Anadolu'ya daha yakın konumda yer almasına rağmen Çanakkale'nin Anadolu tarafı üzerinde bir haplotip paylaşımının bulunamamış olması incelenen örnek sayısının az olmasına bağlanabilir.

Cyt *b* dizilerinin moleküler tarihleme analizi sonucunda Hap_5 0,035 myö (35 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Würn buzulu dönemi), adaya özgü olan Hap_4 ise 0,04 myö (40 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Würn buzulu dönemi) oluşmuştur. Bu sonuca göre Bozcaada'ya *M. domesticus* insanların adaya yerleşmesinden çok daha önce olmuş olabileceği ve adaya özgü bir haplotipin varlığı ise ada popülasyonunda meydana gelen yeni mutasyonlarla açıklanabilir. Ayrıca başlangıçta Bozcaada'nın etrafındaki adalarla birlikte Biga Yarımadası'nın bir uzantısı olduğu dikkate alındığında ada popülasyonu, muhtemelen Anadolu popülasyonunun adaya göç etmesiyle olmuş ve anakara ile haplotip paylaşımının varlığı göz önüne bulundurulduğunda büyük olasılıkla insanlar sayesinde anakara ile Bozcaada arasındaki gen akışı devam etmektedir.

5.4 Marmara Adası'ndaki *M. domesticus*'un Filogenisi

Marmara Adası'nın yaşı, Ustaömer vd. (2009) tarafından adadaki granitin yaşının ölçümü ile 47.8 milyon yıl olduğu saptanmıştır. Adada arkeolojik kalıntılar olmamasına rağmen tarihsel kaynaklara göre adaya ilk yerleşim M.Ö.1200'lerde (3200 yıl önce) başlamıştır (Anonim 2015a).

Cyt *b* bölgesi için Marmara Adası'nın *M. domesticus* popülasyonunun haplotip çeşitliliği (0,641) Anadolu'nunkinden (0,714) ve Trakya'nunkinden (0,826) düşüktür. Kontrol bölgesi'ne bakıldığında ise Marmara Adası'nın *M. domesticus* örnekleri hem haplotip çeşitliliği hem de nükleotid çeşitliliği bakımından en düşüktür (sırasıyla 0,731 ve 0,00674). Kontrol bölgesi'ne ait haplotip çeşitliliği (0,731) Anadolu'nunkinden (0,905) ve Trakya'nunkinden (0,912) düşüktür. (Çizelge 5.1). Aradaki bu değerlerin birbirlerine yakın olmasından dolayı *M. domesticus*'un Marmara Adası popülasyonunun da Anadolu ve Trakya popülasyonlarıyla benzer olduğu söylenebilir. Bununla birlikte Şeker vd. (2014) tarafından Marmara Adası'nda ilk kez yapılan karyolojik çalışma ile bu adadaki *Mus domesticus*'ların hem Trakya hem de Anadolu örneklerine benzer olduğu belirtilmektedir. Kontrol bölgesi'nde Marmara Adası'nın 0,731 olan haplotip çeşitliliği Faroe adası'nunkinden (Hd: 0,599, Jones vd. 2011a) yüksek olup Madeira Adası'nunkinden (Hd: 0,90, Gündüz vd. 2001) düşüktür. Bununla birlikte adanın 0,00674 olan nükleotid çeşitliliği ise hem Faroe Adası'nunkinden (π : 0,0043, Jones vd. 2011a) hem de Madeira Adası'nunkinden (π : 0,0014, Gündüz vd. 2001) yüksektir.

Sitokrom *b* bölgesi için tespit edilen üç haplotipinden (Hap_1, Hap_2 ve Hap_3) biri (Hap_2) İstanbul ile paylaşılmaktadır. Kontrol bölgesi'nde bu ada için tespit edilen haplotilerden (Hap_1, Hap_2, Hap_3, Hap_4 ve Hap_5) biri (Hap_4) Bursa (domTurkey29, Gündüz vd. 2005) ile paylaşılmaktadır. Sitokrom *b* dizileri kullanılarak oluşturulan evrimsel ayrılma zamanına bakıldığında ada haplotiplerinden Hap_2, Hap_33 (Bursa) ile 0,016 myö (16 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Würn buzulu dönemi) ayrıldığı görülmektedir Hap_1 ise Tunus ve Fransa haplotiplerine daha yakın olmakla birlikte 0,06 myö (60 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Würn buzulu dönemi) ayrılırken, Hap_3 ise 0,075 myö (75 bin yıl önce, Pleistosen sonu-Riss ve Würn buzulları arası

dönem) ayrılmaktadır. Bu sonuç *M. domesticus*'un adaya gelişinin muhtemelen insanların adaya yerleşmesinden önce olmuş olabileceğini belirtmektedir ve coğrafi yakınlığından dolayı Anadolu'dan *M. domesticus* popülasyonunun adaya göç etmesi ile olmuş olabilir. Adadaki popülasyon daha sonra geçirdiği mutasyolar ile özgün haplotiplere sahip olmuş olabilir. Bununla birlikte Marmara Adası'nın anakara ile paylaşılan haplotipler insanların yardımı ile adaya taşınmış olabilir. Bu sayede ada ile anakara arasında gen akışının devam etmesi sağlanmış olabilir.

Sonuç olarak;

- 1.Yapılan bu tez çalışmasında Marmara Bölgesi'nde *M. domesticus* ve *M. macedonicus*'un yayılış gösterirken, Gökçeada'da yalnızca *M. macedonicus*, Bozcaada ve Marmara Adası'nda ise yalnızca *M. domesticus* yaşamaktadır.
2. İstanbul Boğazı, Çanakkale Boğazı ve Marmara Denizi genetik farklılık hesaplamalarından elde edilen sonuçların benzer olması sebebiyle *M. domesticus*'un ve *M. macedonicus*'un filogenetik evrimi bakımında coğrafik bir engel oluşturmamaktadır.
3. İnsanların yaşam alanları dışında arazide yaşayan *M. macedonicus*'un Gökçeada'da bulunan popülasyonu adada izole olarak tamamen adaya özgün haplotiplere sahip olmuştur.
4. İnsanların yaşam alanlarını paylaşan ve insanlar tarafından bir yerden başka bir yere kolaylıkla taşınabilen *M. domesticus* popülasyonu adalarda tamamen özelleşmemiştir ve anakara ile gen akışı devam etmektedir.
5. *M. domesticus*'un Bozcaada ve Marmara Adası popülasyonları genetik olarak Marmara Bölgesi'nin Trakya ve Anadolu popülasyonuna benzer olduğu görüldü.
6. *M. macedonicus*'un Gökçeada popülasyonu ise Trakya popülasyonlarına daha yakın olduğu görüldü.
7. *M. macedonicus*'un Kocaeli popülasyonu filogenetik ağaçlar üzerinde her zaman bir arada olacak şekilde bir grup oluşturması ve özgün haplotiplere sahip olması ile türün diğer popülasyonlarından farklıdır.

Bu tez çalışmasında Marmara Bölgesi'ndeki popülasyonların mtDNA sitokrom *b* ve kontrol bölgesine ait varyasyonlar ortaya koyulmakla birlikte tespit edilen haplotiplerin bölgedeki yayılışı ve hareketi ile bu bölgedeki popülasyonların filogenetik geçmişleri ve boğazların tam bir coğrafik bariyer teşkil edip etmediği tartışılmıştır. Marmara Bölgesi'nde yaşayan *Mus* cinsi türlerinin filogenetik özelliklerinin daha kesin olarak ortaya konulabilmesi için örneklemin eksik olduğu lokalitelerden örneklerin incelenmesi ve farklı gen bölgelerinin de analiz edilmesi uygun olabilir. Kocaeli popülasyonunun diğer *M. macedonicus*'lardan farklı özellik göstermesinin nedenleri hakkında net bir sonuç elde edilebilmesi için Maşukiye (Kocaeli) civarında daha geniş bir çalışma yapılabilir.



KAYNAKLAR

- Akartuna, M. 1950. İmroz adasında bazı jeolojik mûsahadeler, Türkiye Jeol. Kur. Bült., 2/2, 8-18.
- Akyol, O., Ceyhan, T. ve Ertosluk, O. 2009. Marmara Adası Kıyı Balıkçılığı ve Balıkçılık Kaynakları. E.Ü. Su Ürünleri Dergisi, 29 (2), 143-148.
- Anonim. 2015a. Web Sitesi: <http://antikdonem.com/prokonnesos-antik-kenti-marmara-adasi.html>, Erişim tarihi: 22.11.2015
- Anonim. 2015b. Web Sitesi: <http://www.atlasdergisi.com/arsiv/kitaplar/turkiye-adalar-atlasi/18/4/1>, Erişim Tarihi: 20.10.2015
- Anonymous. 2015. Web Sitesi: <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>, Erişim Tarihi: 04.01.2015
- Anonymous. 2015. Web Sitesi: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>, Erişim Tarihi: 04.01.2015
- Anonymous. 2015. Web Sitesi: <http://www.fluxus-engineering.com>, Erişim Tarihi: 04.01.2015
- Anonymous. 2015. Web Sitesi: <http://www.ub.edu/dnasp/DnaSP32Inf.html>, Erişim Tarihi: 04.01.2015
- Atabay, M. 2008. Osmanlı'dan Cumhuriyete Bozcaada (1912-1923). Bozcaada Değerleri Sempozyumu. Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Yayınları, 77, 89.
- Avice, J.C. 2009. Phylogeography: Retrospect and prospect. Journal of Biogeography, 36(1), 3-15.
- Babiker, H. and Tautz, D. 2015. Molecular and phenotypic distinction of the very recently evolved insular subspecies *Mus musculus helgolandicus* ZIMMERMANN, 1953. BMC Evolutionary Biology, 15, 160.
- Bandelt, H.J., Forster, P. and Röhl, A. 1999. Median-Joining Networks for Inferring Intraspecific Phylogenies. Mol. Biol. Evol., 16 (1), 37-48.
- Barbosa, S., Pauperio, J., Searle, J.B and Alves, P.C. 2013. Genetic identification of Iberian rodent species using both mitochondrial and nuclear loci: application to noninvasive sampling. Mol. Ecol. Resour., 13 (1), 43-56.
- Bellinvia, E. 2004. A phylogenetic study of the genus *Apodemus* by sequencing the mitochondrial DNA control region. J. Zool. Syst. Evol. Research, 42, 289-297.

- Berry, R.J. and Scriven, P.N. 2005. The house mouse: a model and motor for evolutionary understanding. *Biological Journal of the Linnean Society*, 84, 35–347.
- Bonhomme, F. 1986. Evolutionary relationships in the genus *Mus*. *Current Topics in Microbiology and Immunology*. 127, 19-34
- Bonhomme, F., Anand, R., Darviche, D., Din, W. and Boursot, P. 1994. The house mouse as a ring species?, In *Genetics in wild mice*. K. Moriwiki, T. Shiroishi and H. Yonekawa (eds), Japan Scientific Societies Press, pp. 13-23 Tokyo.
- Boursot, P., Auffray, J. C., Britton-Davidian, J. and Bonhomme, F. 1993. The Evolution of House Mice. *Annu. Rev. Ecol. Syst.*, 24, 119-152.
- Boursot, P., Din, W., Anand, R., Darviche, D., Dod, B., Deimling, F.V., Talwar, G.P. and Bonhomme, F. 1996. Origin and radiation of the house mouse: Mitochondrial DNA phylogeny. *J. Evol. Biol.*, 9, 391-415.
- Brown, G.G., Gadaleta, G., Pepe, G., Saccone, C. and Sbisà, E. 1986. Structural conservation and variation in the D-loop-containing region of vertebrate mitochondrial DNA. *J Mol Biol.*, 192(3), 503-511.
- Cengiz, T. 2014. Visual Quality Method in Assessing Landscape Characteristics: Case Study of Bozcaada Island. *Journal of Coastal Research*, 30(2), 319-327.
- Cucchi, T., Vigne, J.D. and Auffray, J.C. 2005. First occurrence of the house mouse (*Mus musculus domesticus* Schwarz & Schwarz, 1943) in the Western Mediterranean: a zooarchaeological revision of subfossil occurrences. *Biological Journal of the Linnean Society*, 84, 429–445.
- Çıplak, B. 2003. Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: the importance of the Anatolian Taurus Mountains in biodiversity and implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 12, 47-64.
- Çolak, E., Beteş, D., Yiğit, N., Çolak, R., Özkurt, Ş.Ö., Kankılıç, T. and Kankılıç, T. 2015. Allozyme variability of the Genus *Mus* L., 1758 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 39, in press.
- Çolak, E., Yiğit, N., Sözen, M., Çolak, R., Özkurt, Ş., Kankılıç, T. and Kankılıç, T. 2006. The Morphological Analysis of *Mus domesticus* and *Mus macedonicus* (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turk. J. Zool.*, 30, 309-317.
- Demirsoy, A. 1996. Memeliler. Türkiye Omurgalıları. Meteksan A.Ş. P.K. 105 Maltepe, Ankara.
- Demirsoy, A. 2007. Genel Zoocoğrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası, ISBN: 975-7746-33-9. Meteksan A.Ş. P.K. 105 Maltepe, Ankara.

- Din, W., Anand, R., Boursot, P., Darviche, D., Dod, B., Jouvin-Marche, E., Orth, A., Talwar, G.P., Cazenave, P.A. and Bonhomme, F. 1996. Origin and radiation of the house mouse: Clues from nuclear genes. *J. Evol. Biol.*, 9, 519-539.
- Doyle, J. J. and Doyle, J. L. 1991. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12 (1), 13-15.
- Drummond, A.J., Suchard, M.A., Xie, D. and Rambaut, A. 2012. Bayesian Phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Mol. Bio. Evol*, 29 (8), 1969-1973.
- Ercan, T., Satır, M., Steinitz, G., Dora, A., Sarıfakıoğlu, E., Adis, C., Walter, H.J. ve Yıldırım, T. 1995. Biga Yarımadası ile Gökçeada, Bozcaada ve Tavşan Adalarındaki (KB Anadolu) Tersiyer Volkanizmasının Özellikleri. *MTA Dergisi*, 117, 55-86.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39, 783-791.
- Ferris, S.D., Sage, R.D., Prager, E.M., Ritte, U. and Wilson, A.C. 1983. Mitochondrial DNA Evolution in Mice. *Genetics*, 105 (3), 681-721.
- Förster, D.W., Gündüz, İ., Nunes, A.C., Gabriel, S., Ramalhinho, M.G., Mathias, M.L., Britton-Davidian, J. and Searle, J.B. 2009. Molecular insights into the colonization and chromosomal diversification of Madeiran house mice. *Molecular Ecology*, 18, 4477-4494.
- Goios, A., Pereira, L., Bogue, M., Macaulay, V. and Amorim, A. 2007. mtDNA phylogeny and evolution of laboratory mouse strains. *Genome Res.*, 17, 293-298.
- Gökaşan, E., Demirbağ, E., Okatay, F.Y., Ecevitoglu, B., Şimşek, M. and Yüce, H. 1997. On the origin of the Bosphorus. *Marine Geology*, 140, 183-199.
- Gözcüoğlu, B., Çolak, R., Çolak, E. and Yiğit, N. 2005. A Study on *Mus domesticus* Rutty, 1772 and *Mus macedonicus* Petrov and Ruzic, 1983 (Mammalia: Rodentia) Distributed along the Line of Ankara, Bolu and Zonguldak. *Turk. J. Zool.* 29, 133-140.
- Gregorová, S., Divina, P., Storchova, R., Trachtulec, Z., Fotopulosova, V., Svenson, K.L., Donahue, L.R., Paigen, B. and Forejt, J. 2008. Mouse consomic strains: exploiting genetic divergence between *Mus m. musculus* and *Mus m. domesticus* subspecies. *Genome Res.*, 18(3), 509-515.
- Gülen, D., Kubanç, C. and Altınışlı, S. 1995. Ostracoda fauna of the Quaternary sequence in the Gulf of İzmit. In: Quaternary sequence in the Gulf of İzmit. Meriç, E. (eds), Kocaeli Valiliği Çevre Koruma Vakfı, pp. 153-171.
- Gündüz, İ., Auffray, J.C., Britton-Davidian, J., Catalan, J., Ganem, G., Ramalhinho, M.G., Mathias, M.L. and Searle, J.B. 2001. Molecular studies on the

- colonization of the Madeiran archipelago by house mice. *Molecular Ecology*, 10, 2023-2029.
- Gündüz, İ., Rambau, R.V., Tez, C. and Searle, J.B. 2005. Mitochondrial DNA variation in the western house mouse (*Mus musculus domesticus*) close to its site of origin: studies in Turkey. *Biological Journal of the Linnean Society*, 84, 473-485.
- Gündüz, İ., Tez, C., Malikov, V., Vaziri, A., Polyakov, A.V. and Searle, J.B. 2000. Mitochondrial DNA and chromosomal studies of wild mice (*Mus*) from Turkey and Iran. *Heredity*, 84, 458-467.
- Hall, T.A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, No:41, 95-98, Oxford University Press.
- Hardouin, E.A., Orth, A., Teschke, M., Darvish, J., Tautz, D. and Bonhomme, F. 2015. Eurasian house mouse (*Mus musculus* L.) differentiation at microsatellite loci identifies the Iranian plateau as a phylogeographic hotspot. *BMC Evolutionary Biology*, 15, 26.
- Hartwell, L.H., Hood, L., Goldberg, M.L., Reynolds, A.E. and Silver, L.M. 2011. *Genetics: From Genes to Genomes*. pp. 498-503, The McGraw-Hill Companies, New York
- Hautier, L., Michaux, J., Marivaux, L. and Vianey-Liaud, M. 2008. Evolution of the zygomatic construction in Rodentia, as revealed by a geometric morphometric analysis of the mandible of Graphiurus (Rodentia, Gliridae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 154, 807-821.
- Helvacı, Z., Renaud, S., Ledevin, R., Adriaens, D., Michaux, J., Çolak, R., Kankiliç, T., Kandemir, I., Yiğit, N. and Çolak, E. 2012. Morphometric and genetic structure of edible dormouse (*Glis glis*): a consequence of forest fragmentation in Turkey. *Bio. J. Linn. Soc.*, 107, 611-623.
- Hiadlovská, Z., Strnadová, M., Macholán, M. and Bímová, V. 2012. Is water really a barrier for the house mouse? A comparative study of two mouse subspecies. *Folia Zool.*, 61(3-4), 319-329.
- Irwin, D.M., Kocher, T.D. and Wilson, A.C. 1991. Evolution of the Cytochrome *b* Gene of Mammals. *J. Mol. Evol.*, 32, 128-144.
- Jones, E.P., Jensen, J.K., Magnussen, E., Gregersen, N., Hansen, H. and Searle, J.B. 2011a. A molecular characterization of the charismatic Faroe house mouse. *Biological Journal of the Linnean Society*, 102, 471-482.
- Jones, E.P., Jóhannesdóttir, F., Gündüz, İ., Richards, M.B. and Searle, J.B. 2011b. The expansion of the house mouse into north-western Europe. *Journal of Zoology*, 283, 257-268.

- Kahraman, A. 2005. Gökçeada'da Göçlerin Nüfus Gelişimi ve Değişimi Üzerine Etkileri. Coğrafi Bilimler Dergisi, 3, 39-53.
- Kalafatçıoğlu, A. 1963. Ezine Civarının ve Bozcaada'nın Jeolojisi Kalker ve Serpantinlerinin Yaşı. MTA Derg., 60, 60-69.
- Kimura, M. 1980. A Simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution, 16, 111-120.
- Klug, W.S., Cummings, M.R. ve Spencer, C.A. 2009. Polimeraz zincir reaksiyonu konak hücre olmadan DNA kopyaları yapar, In: Genetik Kavramlar. Pearson Education, Inc. Publishing as Prentice Hall. 466-468.
- Koma, T., Yoshimatsu, K., Yasuda, S.P., Li, T., Amada, T., Shimizu, K., Isozumi, R., Mai, L.T., Hoa, N.T., Nguyen, V., Yamashiro, T., Hasebe, F. and Arikawa, J. 2013. A survey of rodent-borne pathogens carried by wild Rattus spp. in Northern Vietnam. Epidemiol. Infect., 141 (9), 1876-1884.
- Koral, H., Öztürk, H. and Hanikçi, N. 2009. Tectonically induced coastal uplift mechanism of Gökçeada Island, Northern Aegean Sea, Turkey. Quaternary International, 197, 43-54.
- Kosswig, C. 1955. Zoogeography of Near East. Syst. Zool., 4, 49-73
- Kurtuluş, C., Irmak, T.S. and Sertçelik, I. 2010. Physical and mechanical properties of Gokceada: Imbros (NE Aegean Sea) Island andesites. Bull Eng Geol Environ, 69, 321-324.
- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics, 25, 1451-1452.
- Lundrigan, B.L., Jansa, S.A. and Tucker, P.K. 2002. Phylogenetic Relationships in the Genus Mus, Based on Paternally, Maternally, and Biparentally Inherited Characters. Syst. Biol. 51(3), 410-431.
- Macholán, M., Vyskočilová, M., Bonhomme, F., Kryštufek, B., Orth, A. and Vohralík, V. 2007. Genetic variation and phylogeography of free-living mouse species (genus *Mus*) in the Balkans and the Middle East. Molecular Ecology, 16, 4774-4788.
- Martin, Y., Gerlach, G., Schlötterer, C. and Meyer, A. 2000. Molecular Phylogeny of European Muroid Rodents Based on Complete Cytochrome *b* Sequences. Molecular Phylogenetics and Evolution, 16(1), 37-47.
- Matson, C.W. and Baker, R. J. 2001. DNA Sequence Variation in the Mitochondrial Control Region of Red-Backed Voles (*Clethrionomys*). Mol. Biol. Evol., 18 (8), 1494-1501.

- Meyer, A. 1994. Shortcomings of the cytochrome *b* gene as a molecular marker. *Trends Ecol. Evol.* 9, 278–280.
- Michaux, J.C., Chevret, P., Filippucci, M.G. and Macholan, M. 2002. Phylogeny of the genus *Apodemus* with a special emphasis on the subgenus *Sylvaemus* using the nuclear IRBP gene and two mitochondrial markers: cytochrome *b* and 12S rRNA. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 23, 123-136.
- Mitsainas, G.P., Tryfonopoulos, G.A., Thanou, E.G., Bisac, R., Fragedakis-Tsolis S.E. and Chondropoulos B.P. 2009. New data on the distribution of *Mus spicilegus* Petenyi, 1882 (Rodentia, Muridae) and a distinct mtDNA lineage in the southern Balkans. *Mamm. biol.*, 74, 351–360.
- Musser, G.G. and Carleton, M.D. 2005. Family Muridae. *Mammal species of the world*. 501-755. (Wilson, D.E. and Reeder, D.M., eds). Smithsonian Institution Press, Washington, D.C.
- Okimoto, R., Marcfarlane, J.L., Clary, D.O. and Wolstenholme, D.R. 1992. The mitochondrial genomes of two nematodes *Caenorhabditis elegans* and *Ascaris suum*. *Genetics*, 130, 471-498.
- Okut, M. 1975. Çanakkale ili, Gökçeada ilçesi hammadde prospeksiyon raporu. Maden Tetkik ve Arama Genel Müdürlüğü Kuzeybatı Anadolu Bölge Müdürlüğü Rapor No: 297. Balıkesir. (yayımlanmamış)
- Orth, A., Auffray, J.C. and Bonhomme, F. 2002. Two deeply divergent mitochondrial clades in the wild mouse *Mus macedonicus* reveal multiple glacial refuges South of Caucasus. *Heredity*, 89, 353-357.
- Özbek, O. and Erdoğan, B. 2014. Initial occupation of the Gelibolu Peninsula and the Gökçeada (Imroz) Island in the Pre-neolithic and early neolithic, Eurasian Prehistory, 11 (1-2), 97-128.
- Özkan, B. 1999. Gökçeada ve Bozcaada Kemirici Faunası (Mammalia;Rodentia). *Tr. J. of Zoology*, 23 (1), 133-147.
- Özkök, F., Harman, S. ve Yavaş, Ö. 2008. Bozcaada'ya Gelen Yerli Turistlerin Profilini Belirlemeye dönük bir Araştırma. *Bozcaada Değerleri Sempozyumu*. Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Yayınları, 77, 45.
- Park, C.B and Larsson, N.G. 2011. Mitochondrial DNA mutations in and aging. *J. Cell Biol.*, 193(5), 809-818.
- Prager, E.M., Orrego, C. and Sage, R.D. 1998. Genetic variation and phylogeography of central asian and other house mice, including a major new mitochondrial lineage in Yemen. *Genetics*, 150, 835-861.
- Prager, E.M., Tichy, H. and Sage, R.D. 1996. Mitochondrial DNA sequence variation in the eastern house mouse, *Mus musculus*: comparison with other house mice and report of a 75-bp repeat. *Genetics*, 143 (1), 427-446.

- Rajabi-Maham, H. and Azizi, V. 2013. Phylogeographical study of short-tailed mouse species (*Mus macedonicus* Petrov & Ruzic, 1983) in North West of Iran. *Journal of Animal Researches*, 26 (3), 289-297.
- Rajabi-Maham, H., Orth, A. and Bonhomme, F. 2008. Phylogeography and postglacial expansion of *Mus musculus domesticus* inferred from mitochondrial DNA coalescent, from Iran to Europe. *Molecular Ecology*, 17, 627-641.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425.
- Sevinç, N. and Takaoğlu, T. 2004. The Early Bronze Age on Tenedos/Bozcaada. *Studia Troica*, 14, 135-140.
- She, J.X., Bonhomme, F., Boursout, P., Thaler, L. and Catzefflis, F. 1990. Molecular phylogenies in the genus *Mus*: Comparative analysis of electrophoretic, scnDNA hybridization, and mtDNA RFLP data. *Biol. J. Linn. Soc.* 41, 83-103.
- Siyako, M., Burkan, K.A. ve Okay, A.İ. 1989. Biga ve Gelibolu yarımadalarının tersiyer jeolojisi ve hidrokarbon olanakları. *TPJD Bült.*, 1/3, 183-199.
- Sözen, M., Çolak, F., Sevindik, M. and Matur, F. 2013. Cytotypes of *Nannospalax xanthodon* (Satunin, 1898) (Rodentia: Spalacidae) from western Anatolia. *Türk. J. Zool.*, 37, 462-469.
- Sukuki, H., Tsuchiya, K. and Takezaki, N. 2000. A molecular phylogenetic framework for the Ryukyu endemic rodents *Tokudaia osimensis* and *Diplothrix legata*. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 15(1), 15-24.
- Suzuki, H., Nunome, M., Kinoshita, G., Aplin, K.P., Vogel, P., Kryukov, A.P., Jin, M.L., Han, S.H., Maryanto, I., Tsuchiya, K., Ikeda, H., Shiroishi, T., Yonekawa, H. and Moriwaki, K. 2013. Evolutionary and dispersal history of Eurasian house mice *Mus musculus* clarified by more extensive geographic sampling of mitochondrial DNA. *Heredity*, 111, 375-390.
- Suzuki, H., Shimada, T., Terashima, M., Tsuchiya, K. and Aplin, K. 2004. Temporal, spatial, and ecological modes of evolution of Eurasian *Mus* based on mitochondrial and nuclear gene sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 33, 626-646.
- Şeker, P.S., Selvi, E., Yavuz, G., Helvacı, Z. ve Çolak, E. 2014. Gökçeada, Marmara Adası ve Bozcaada Kemirici Faunasına Katkıları. 22. Ulusal Biyoloji Kongresi, Eskişehir, 23 - 27.06.2014 (Poster Sunumu)
- Taberlet, P. 1996. The use of Mitochondrial DNA Control Region Sequencing in Conservation Genetics, In: *Molecular Genetic Approaches in Conservation*. Smith, T.B. and Wayne, R.K. (eds), Oxford University Press, pp. 125-136.

- Takaoğlu, T. ve Bamyacı, A.O. 2008. Antik Çağ'da Bozcaada(Tenedos). Bozcaada Değerleri Sempozyumu. Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Yayınları, 77, 71.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30, 2725-2729.
- Tchernov E. 1994. An early Neolithic village in the Jordan Valley. Part II: the fauna of Netiv Hagdud. Cambridge, MA: Peabody Museum of Archaeology and Ethnology, Harvard University.
- Ustaömer, P.A., Ustaömer, T., Collins, A.S. and Reischpeitsch, J. 2009. Lutetian arc-type magmatism along the southern Eurasian margin: New U-Pb LA-ICPMS and whole-rock geochemical data from Marmara Island, NW Turkey. *Miner Petrol*, 96, 177-196.
- Wallace, D.C. 1999. Mitochondrial diseases in man and mouse. *Science*, 283, 1482-1488.
- Wolstenholme, D.R. 1992. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. In: *Mitochondrial Genomes*. Wolstenholme, D.R., and Jeon, K.W. (eds), San Diego, California: Academic Press, INC., Vol. 141, pp. 173-216.
- Wood, A.D. 1965. Grades and clade among rodents. *Evolution*, 19, 115-130.
- Yaltırak, C., Alpar, B., Sakıncı, M. and Yüce, H. 2000. Origin of the Strait of Çanakkale (Dardanelles): regional tectonics and the Mediterranean-Marmara incursion, 164, 139-156.
- Yiğit, N., Çolak, E., Sözen, M. and Karataş, A. 2006. Rodents of Turkey. (Demirsoy, A., ed). Meteksan Company, Maltepe, Ankara.

EKLER

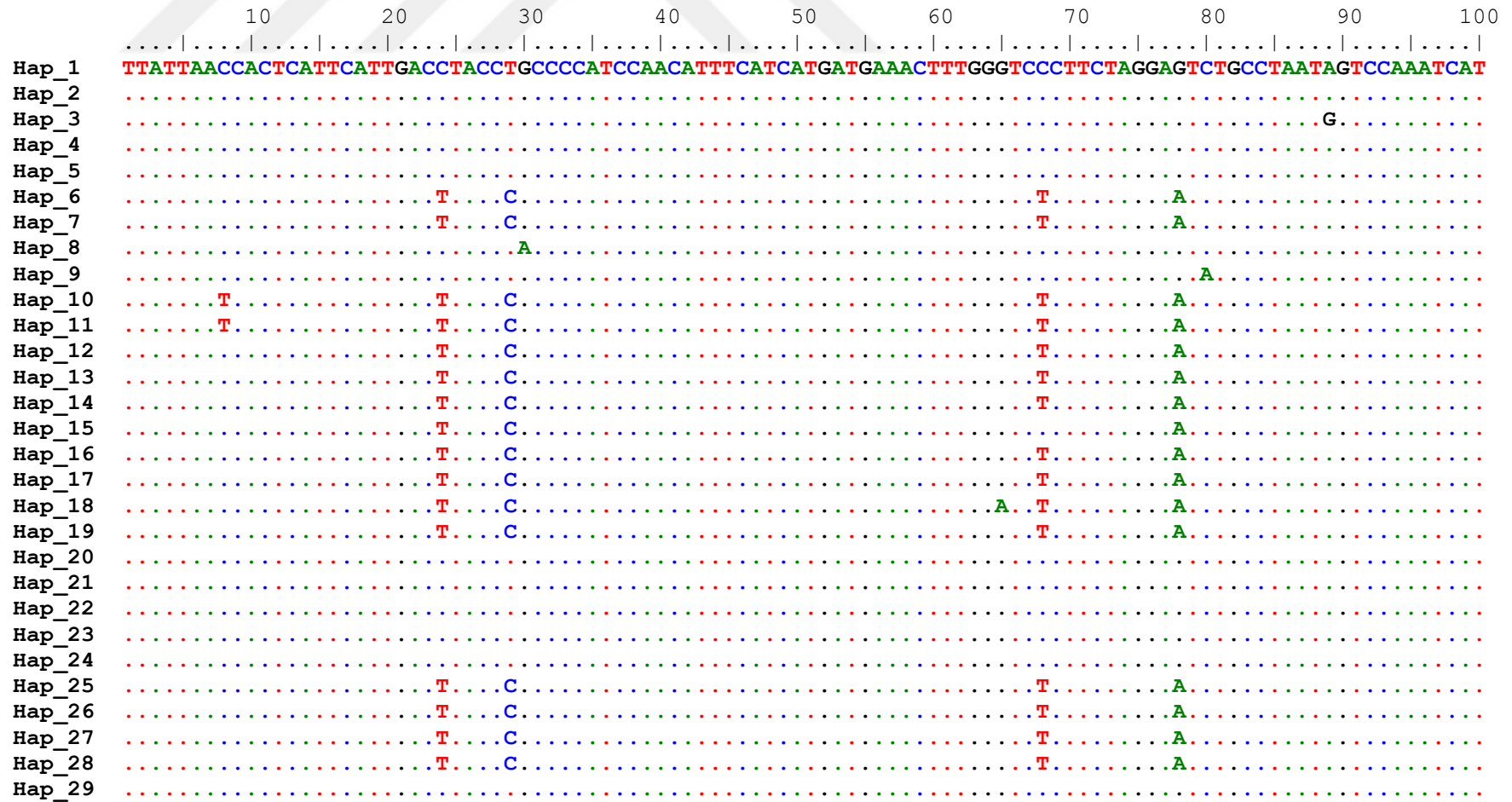
EK 1 Sitokrom *b* bölgesine ait haplotipler

EK 2 Kontrol bölgesine ait haplotipler

EK 3 Sitokrom *b* bölgesine ait kromatogram dosyası

EK 4 Kontrol bölgesine ait kromatogram dosyası

EK 1 Sitokrom *b* bölgesine ait haplotipler



Hap_30 T...C.....T.....A.....
Hap_31
Hap_32 C.....
Hap_33
Hap_34 C.....
Hap_35
Hap_36 A.....
Hap_37
Hap_38 A.....
Hap_39
Hap_40
Hap_41
Hap_42 C.....
Hap_43 C.....
Hap_44 C.....A.....
Hap_45 A.....
Hap_46
Hap_47
Hap_48 T.....
Hap_49
Hap_50 G.....G.....
Hap_51 T...C.....T.....A.....
Hap_52 T...C.....T.....A.....
Hap_53 .C.....T...C.....A...T.....T...A.....
Hap_54 .C.....T...C.....A...T.....T...A.....
Hap_55 T...T.....T...C.....T...C.....C...A...T...C.....A...T.....
Hap_56 C.....A.....
Hap_57 C.....A.....
Hap_58 T...T...C...T...A.....T...C.....C...CT...A.....A.....C.....
Hap_59 T...T...C...T...A.....T...C.....C...CT...A...A.....A.....C.....
Hap_60 .C...C.....C...T...C.....C...C.....T...C.....C...C...T...A.....A...A.....C.....A.....C.....
Hap_61 .C...C.....C...T...C.....C...C.....T...C.....C...C...T...A.....A.....C.....A.....C.....

110 120 130 140 150 160 170 180 190 200

Hap_1 TACAGGCTCTTTCTTAGCCATACACTACACATCAGATACAATAACAGCCTTTTCATCAGTAACACACATTTGTCGAGACGTAAATTACGGGTGACTAATC

Hap_2

Hap_3 T

Hap_4

Hap_5

Hap_6 C A T C . T C G A

Hap_7 C A T C . T C G A

Hap_8

Hap_9

Hap_10 C A T C . T T . C G

Hap_11 C A T C . T C G

Hap_12 C A T C . T C G

Hap_13 C A T C . C C G

Hap_14 C A T C . T C G

Hap_15 C A T C . T C G

Hap_16 C A T C . T C G

Hap_17 C A T C . T C G

Hap_18 C A T C . T C G

Hap_19 C A T C . T C G

Hap_20

Hap_21

Hap_22

Hap_23 G

Hap_24

Hap_25 C A T C . T C G

Hap_26 C A T C . T C G

Hap_27 C A T C . T C G T

Hap_28 C A T C . T C G

Hap_29 G

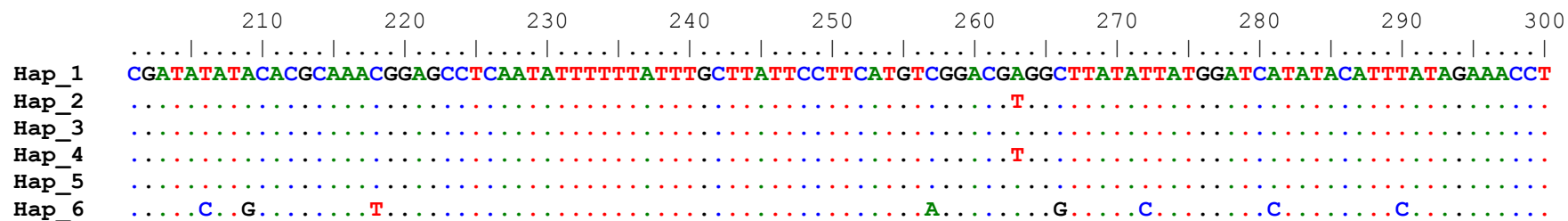
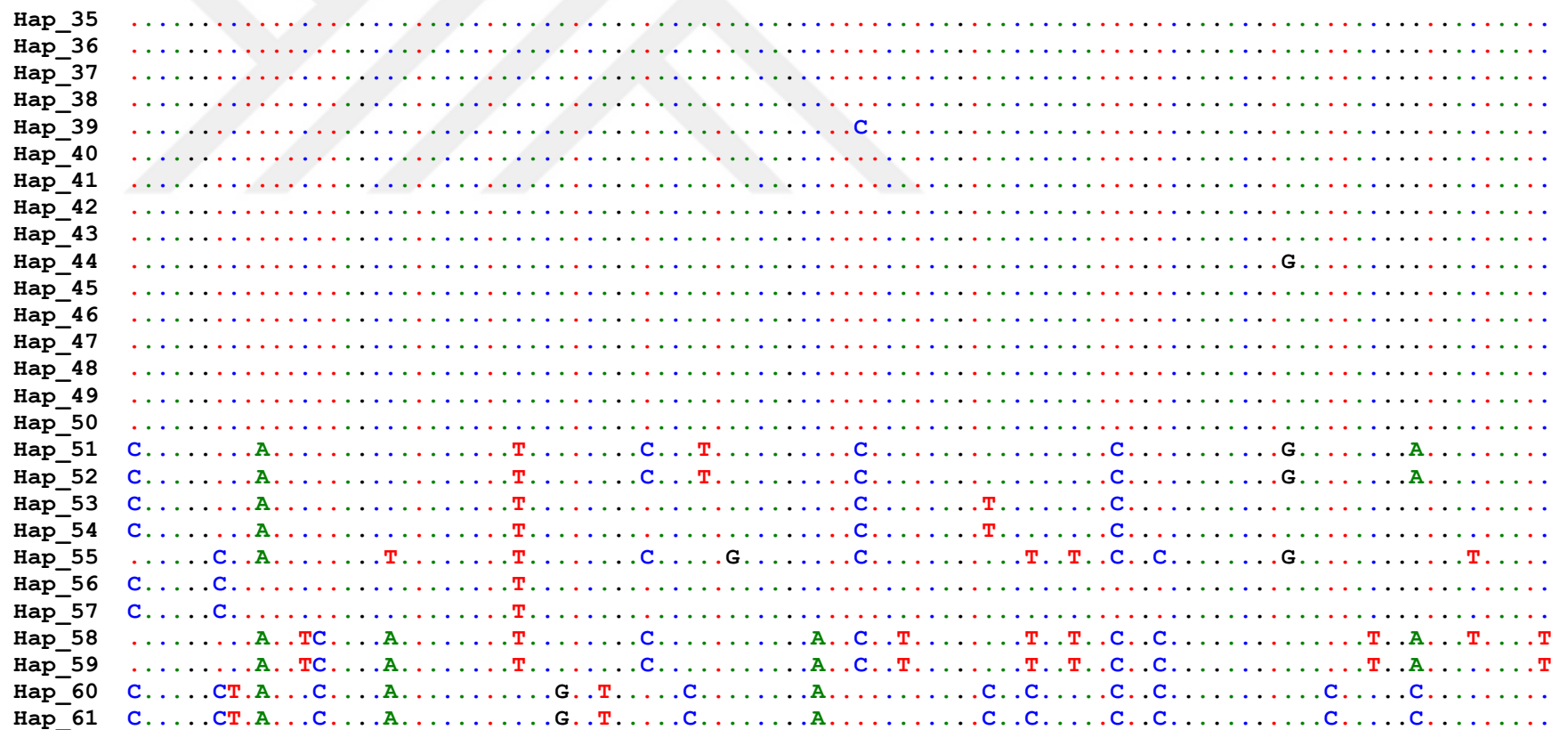
Hap_30 C A T C . T C G

Hap_31

Hap_32

Hap_33

Hap_34



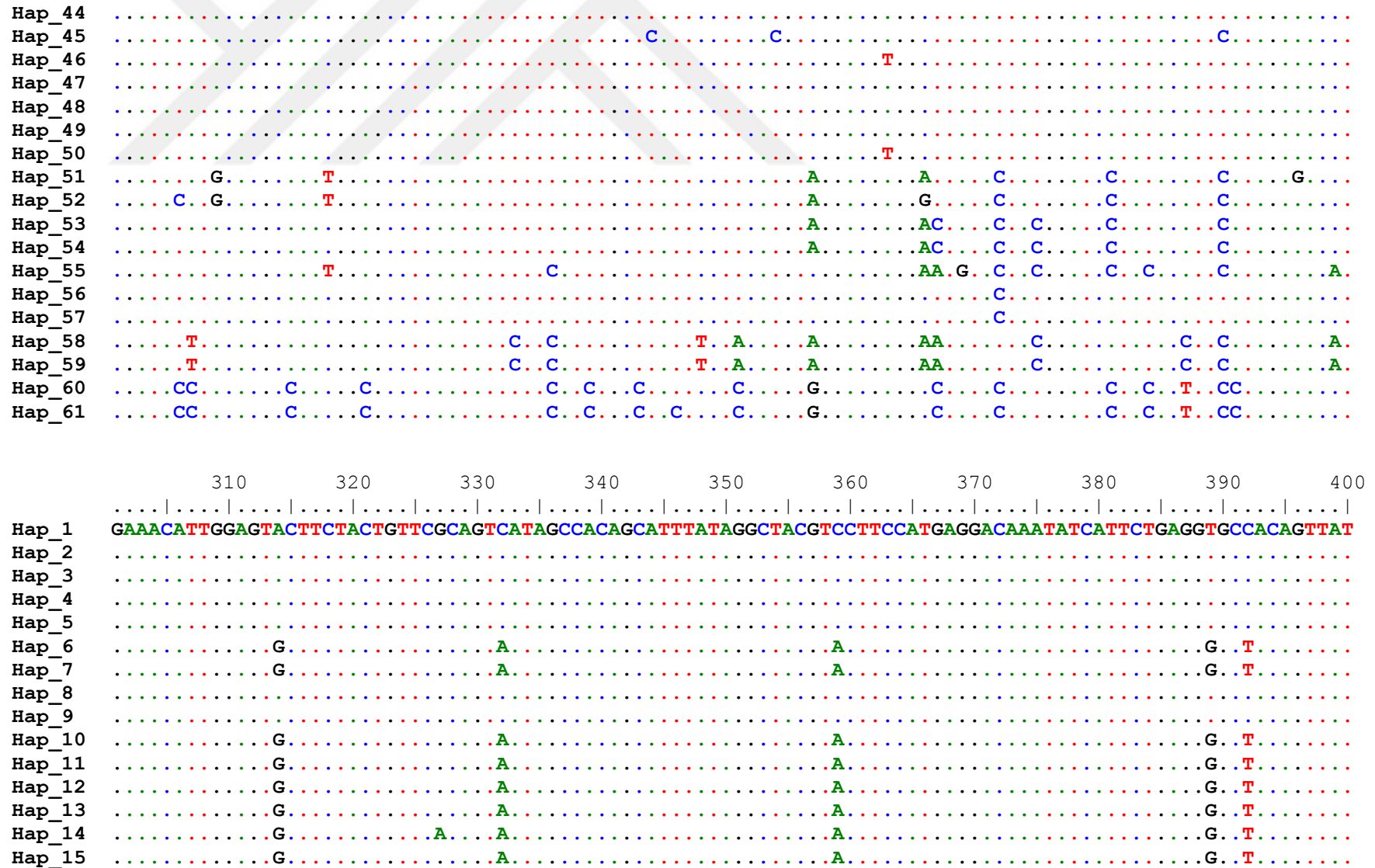


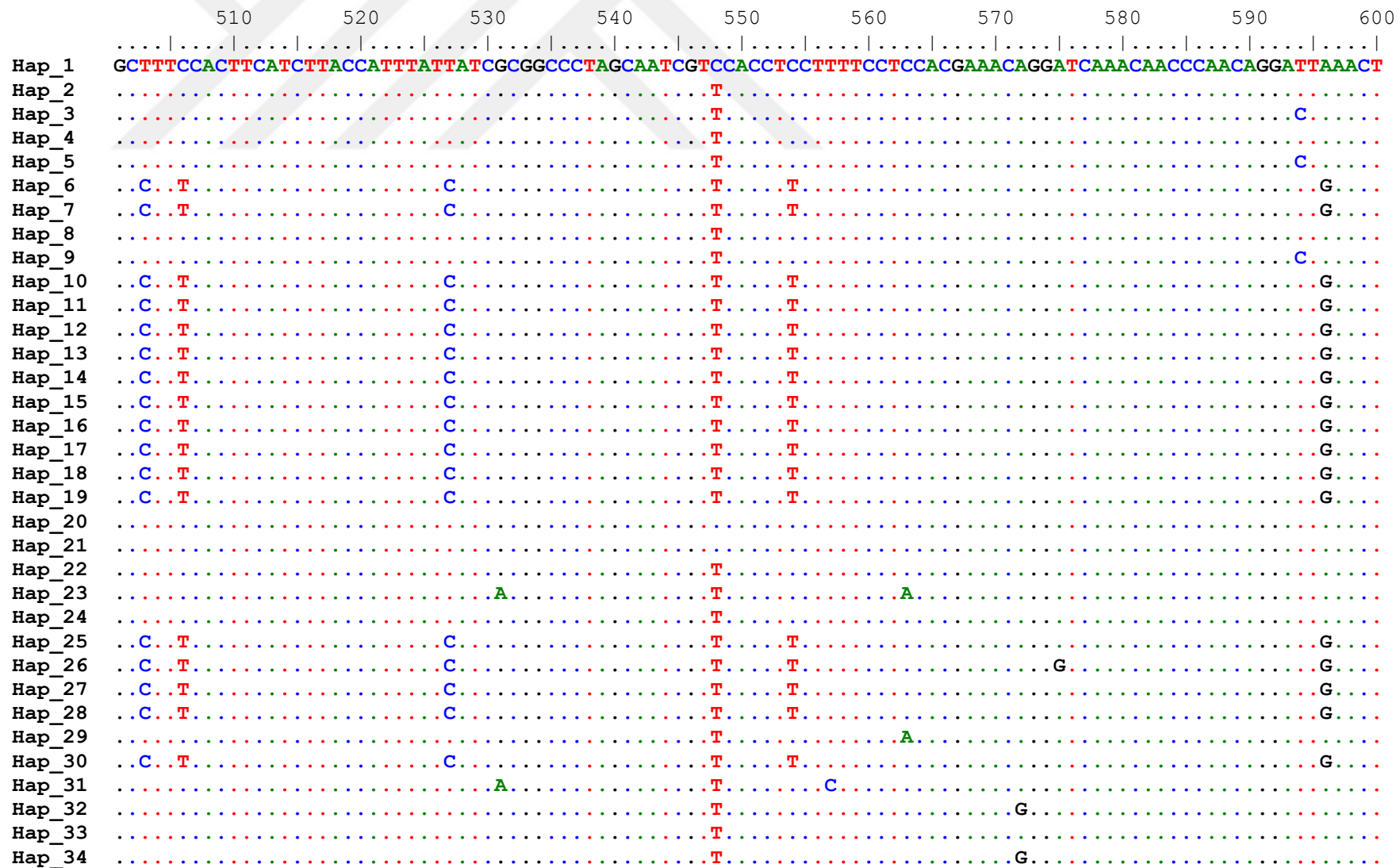
Diagram illustrating a point mutation in a DNA sequence. The original sequence is GATAC. A mutation is shown where the 'A' in the second position of the top strand is replaced by a 'T' in the bottom strand, changing the second codon from ACC to TAC.

Hap_53 G.C.....A.....A.....C.....T.....A.T.....
Hap_54 G.C.....A.....A.....C.....T.....A.T.....
Hap_55 T.....A.....A.....T.A.C.....A.....C.....
Hap_56 G.....C.....
Hap_57 G.....C.....
Hap_58 C.T..A..C.A.....A.....C.....T.T.....C.....A.A...A..
Hap_59 C.T..A..C.A.....A.....C.....T.T.....G.....C.....A.A...A..
Hap_60 GA.CA.....A.T.....A.T.....C.G.....T.A.C.....A.T...A..
Hap_61 GA.CA.....A.T.....A.T.....C.G.....T.A.C.....A.T...A..

410 420 430 440 450 460 470 480 490 500

Hap_1 TACAAACCTCCTATCAGCCATCCCATATATTGGAACAACCCCTAGTCGAATGAATTTGAGGGGGCTTCTCAGTAGACAAAGCCACCTTGACCCGATTCTTC
Hap_2 A.....
Hap_3 A.....
Hap_4 A.....
Hap_5 A.....
Hap_6 T.....T.C.C.....G.....T.....T.....
Hap_7 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_8 A.....
Hap_9 A.....
Hap_10 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_11 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_12 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_13 C.T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_14 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_15 T.....T.C.C.....C.G.....T.....T.....
Hap_16 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_17 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_18 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_19 T.....T.C.C.....G.A.....T.....T.....
Hap_20 A.....
Hap_21 A.....
Hap_22 A.....
Hap_23 A.....
Hap_24 A.....

[illegible]



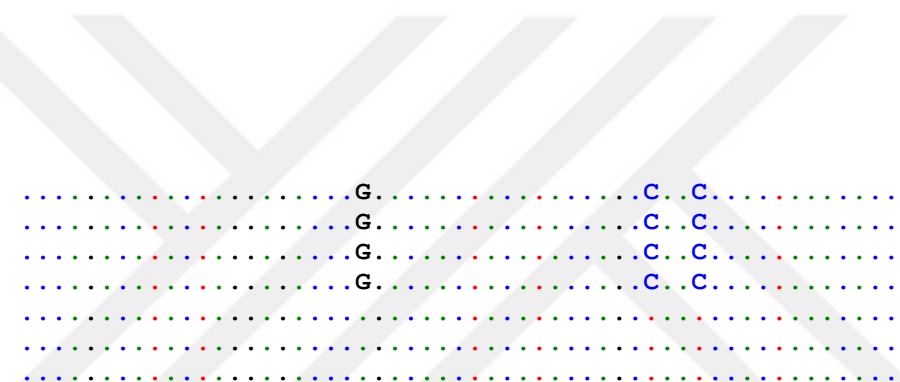
Hap_35 T.....C.....
Hap_36 T.....C.....
Hap_37 T.....
Hap_38 T.....
Hap_39
Hap_40 A.....T.....
Hap_41 T.....
Hap_42 T.....
Hap_43 T.....
Hap_44 T.....
Hap_45 T.....C.....
Hap_46 T.....
Hap_47
Hap_48 T.....C.....
Hap_49
Hap_50 T.....
Hap_51 ..C..T.....C.....T.....T.....
Hap_52 ..C..T.....C.....T.....T.....G.....
Hap_53 ..C.....C.....G.....T.....T.....
Hap_54 ..C.....C.....G.....T.....T.....
Hap_55 A.C.....G.....C.....A.....A.....C..T..T.....C.....
Hap_56 C.....T.....T.....G.....
Hap_57 C.....T.....T.....G.....
Hap_58 ..C.....T.....C..C..T..C.....T.....T.....A..T..T.....T.....T.....T.....T.....CC..T.....
Hap_59 ..C.....T.....C..C..T..C.....T.....T.....A..T..T.....T.....T.....T.....T.....CC..T.....
Hap_60 ..A.....C..C.....C.....C.....T.....T.....A..T..T.....T.....T.....T.....C.....
Hap_61 ..A.....C..C.....C.....C.....T.....T.....A..T..T.....T.....T.....T.....C.....

610 620 630 640 650 660 670 680 690 700
Hap_1 CAGATGCAGATAAAATTCCATTTACCCCTACTATACAATCAAAGATATCCTAGGTATCCTAATCATATTCTTAATTCTCATAACCCTAGTATTATTTTT
Hap_2
Hap_3
Hap_4 ..A.....
Hap_5 C.....
Hap_6 ...C.....G.....C.....T.....C.....T.....C.....T.....

[illegible]

Hap_44
Hap_45
Hap_46
Hap_47 ..A.....
Hap_48
Hap_49
Hap_50
Hap_51 ...C...G...C...T...C...T...C...T...
Hap_52 ...C...G...C...T...C...C...T...C...T...
Hap_53 ...C...C...C...C...T...T...C...T...G...C...
Hap_54 ...C...C...C...C...T...T...C...T...G...C...
Hap_55 ...C...C...C...C...T...C...G...C...
Hap_56 T.....C...
Hap_57 T.....C...
Hap_58 ...C..C..C.....G...T...C..T...AG.A..C..A...G.G.C.T.C..A...T...TC.C..C..
Hap_59 ...C..C..C.....G...T...C..T...AG.A..C..A...G.G.C.T.C..A...T...TC.C..C..
Hap_60 .C..C...C...C...C..T..A..T...T...CC.....G.AT.T..AT..C.A...T.C..A.....C...C..
Hap_61 .C..C...C...C...C..T..A..T...T...CC.....G.AT.T..AT..C.A...T.C..A.....C...C..

710 720 730 740 750 760 770 780 790 800
.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|.....|
Hap_1 CCCAGACATACCTAGGAGACCCAGACAACCTACATACCAGCTAATCCACTAAACACCCACCCCATATTAAACCCGAATGATATTTCTATTTGCATACGCC
Hap_2
Hap_3
Hap_4
Hap_5
Hap_6 G.....C..C...G...A.....C.....T
Hap_7 G.....C..C...G...A.....C.....T
Hap_8
Hap_9 C.....
Hap_10 G.....C..C...T.....C.....T
Hap_11 G.....C..C...T.....C.....T
Hap_12 G.....C..C...A.....C.....T
Hap_13 G.....C..C...A.....C.....T
Hap_14 G.....C..C...A.....C.....T
Hap_15 G.....C..C...A.....C.....T

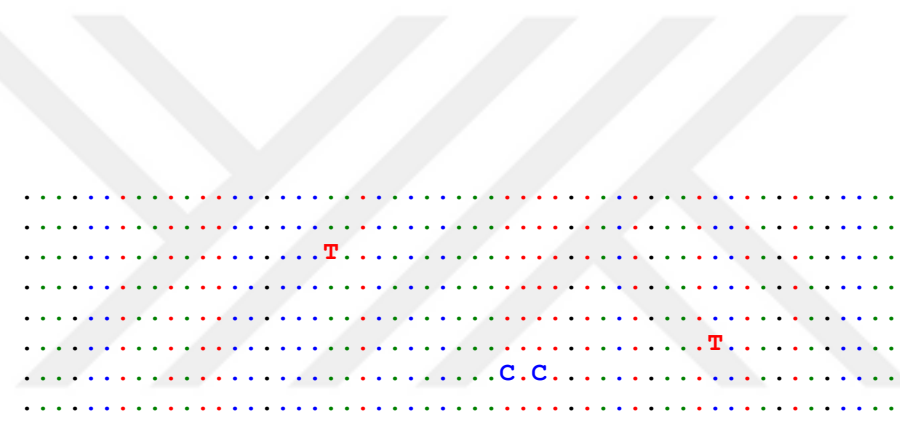


Hap_16	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_17	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_18	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_19	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_20	
Hap_21	
Hap_22	
Hap_23	
Hap_24	
Hap_25	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_26	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_27	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_28	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_29	
Hap_30	G.....C C.....A.....C.....T
Hap_31	
Hap_32	
Hap_33	
Hap_34	
Hap_35	
Hap_36	
Hap_37	C.....
Hap_38	
Hap_39	G.....
Hap_40	
Hap_41	
Hap_42	
Hap_43	
Hap_44	
Hap_45	
Hap_46	..G.....
Hap_47	
Hap_48	
Hap_49	
Hap_50	
Hap_51	G.....C C.....A.....G.....C.....T
Hap_52	G.....C C.....A.....C.....T

Hap_53 G.....C.....T.....T.....A.....T.....
Hap_54 G.....C.....T.....T.....A.....T.....
Hap_55 T.....C.C.....A.....C.C.....
Hap_56 ..G..T.....G.....G.....T.....
Hap_57 ..G..T.....G.....G.....T.....
Hap_58 C.T.....T.....G.....T.....T.C.C.....T.....A.C.....A.....G.C.....A.....
Hap_59 C.T.....T.....G.....T.....T.C.C.....T.....A.....A.....G.C.....A.....
Hap_60 C.....T.T.C.C.....C.C.C.....C.C.....A.....T.C.....C.....T.....
Hap_61 C.....T.T.C.C.....C.C.C.....C.C.....A.....T.C.....C.....T.....

.....810.....820.....830.....840.....850.....860.....870.....880.....890.....900.....
Hap_1 **A****T****T****C****T****A****C****G****C****T****C****A****A****T****C****C****C****C****A****T****A****A****C****T****A****G****G****A****G****G****G****T****C****C****T****A****G****C****C****T****T****A****A****T****C****T****T****A****T****C****T****A****T****C****C****T****A****A****T****T****T****A****G****C****C****T****A****A****T****A****C****C****T****T****T****C****C****T****T****C****A****T****A****C****C****T****C****A****A****G****C****A****A****C**
Hap_2 T.....
Hap_3 T.....
Hap_4 T.....
Hap_5 T.....C.....
Hap_6 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_7 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_8 T.....
Hap_9 T.....C.....
Hap_10 C.....A.....C.....G.....A.C.T.....A.....
Hap_11 C.....A.....C.....G.....A.C.T.....A.....
Hap_12 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_13 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_14 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_15 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_16 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_17 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_18 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_19 C.....A.....C.....A.C.T.....A.....
Hap_20 T.....
Hap_21 T.....
Hap_22 T.....
Hap_23 T.....
Hap_24 T.....

[illegible]



Hap_35
Hap_36
Hap_37 T.....
Hap_38
Hap_39
Hap_40 T.....
Hap_41 C.C.....
Hap_42
Hap_43
Hap_44
Hap_45
Hap_46 C.....
Hap_47
Hap_48
Hap_49
Hap_50 C.....C.....
Hap_51 G.....A.....T.....A..C.....C..A..T.....
Hap_52 G.....A.....T.....G..C.....C..A.....
Hap_53 T.....C.....T.....G.....G.....
Hap_54 T.....C.....T.....
Hap_55 C.....T.....A.....G.....T.....A.....T.....
Hap_56 A.....T.....A.....
Hap_57 A.....T.....A.....
Hap_58 .C.....T.....T...CCC.A.....T.T...T.CG.C...T.....A.T.....
Hap_59 .C.....T.....T...CCC.A.....T.T...T.CG.C...T.....A.T.....
Hap_60 .C..T..C.....C...CC.T.....C..A.....A.....C..A.C.....
Hap_61 .C..T..C.....C...CC.T.....C..A.....A.....C..A.C.....

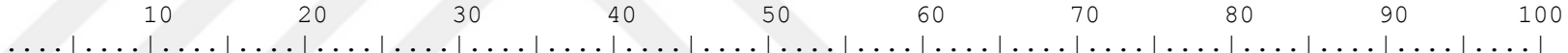
1010 1020 1030 1040 1050 1060 1070 1080

Hap_1 ATTTATTATCATTGGCCAAC TAGCCTCCATCTCATACTTCTCAATCATCTTAATTCTTATACCAATCTCAGGAATTATCGAAGACAAAA
Hap_2 C.....
Hap_3 T.....
Hap_4 C.....
Hap_5
Hap_6 C.....G.....C...C.C.....T.....

[illegible]

Haplotype plot showing 18 haplotypes (Hap_44 to Hap_61) across a genomic region. The plot displays colored dots representing alleles at various positions. Haplotypes 44-50 are mostly black dots. Haplotypes 51-61 show various colored dots (red, green, blue, orange) indicating specific alleles. Haplotypes 58-61 have some text labels (AGC, TC) above certain positions. A large 'X' watermark is visible in the background.

K 2 Kontrol bölgesine ait haplotipler

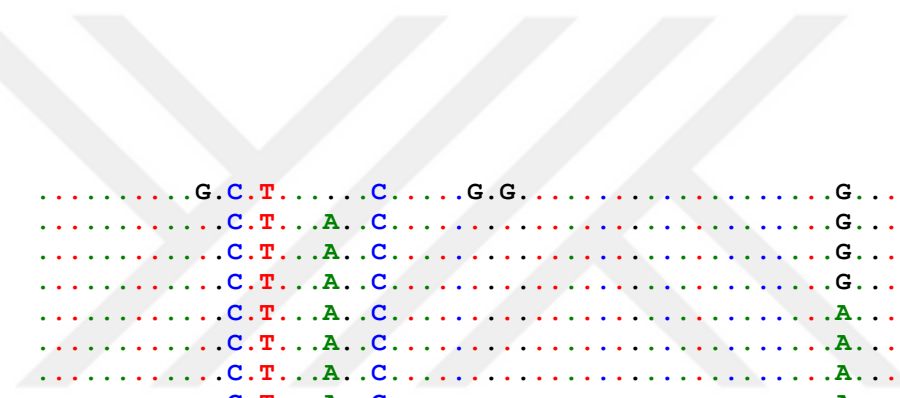


```

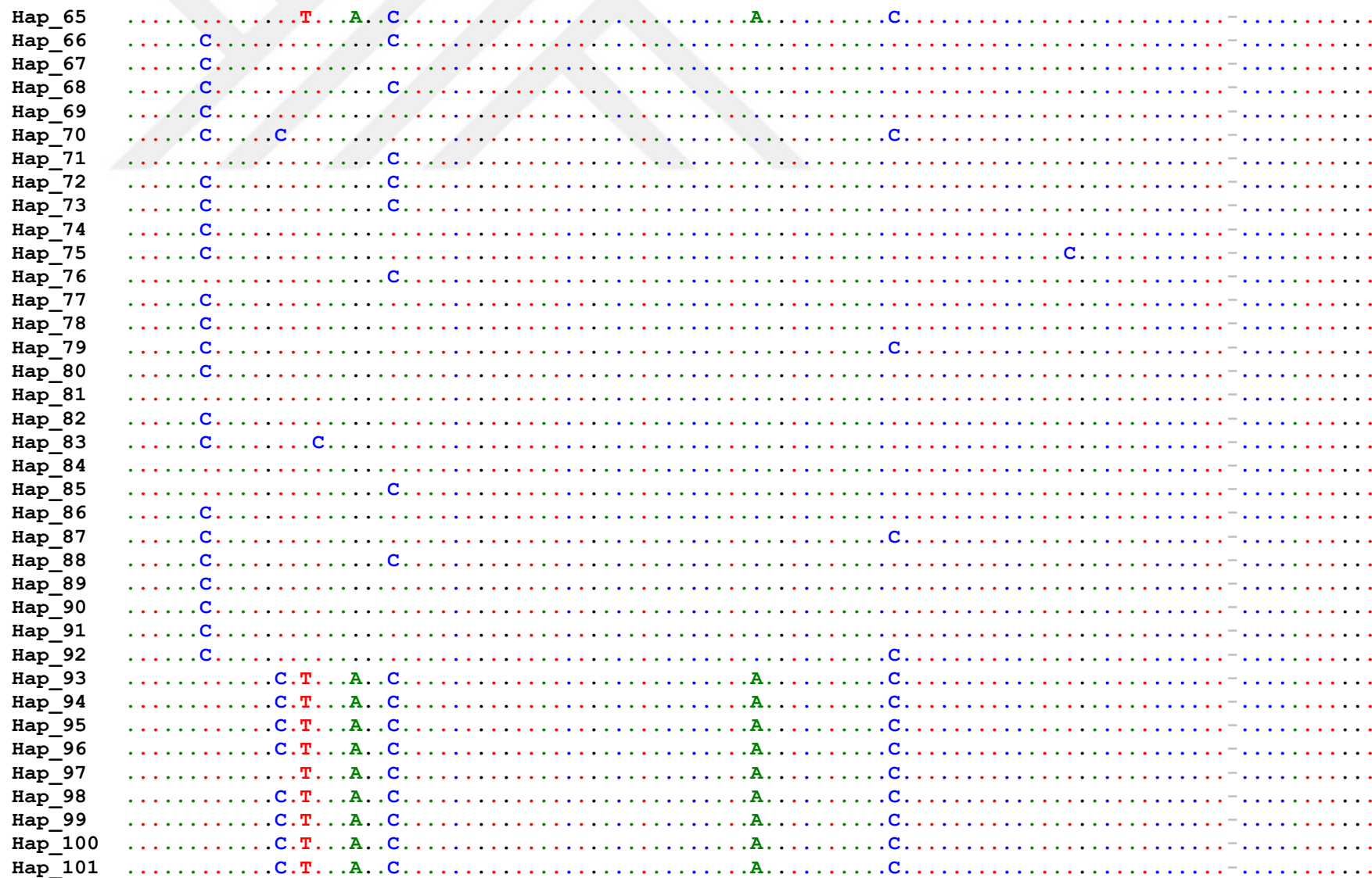
Hap_31      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . GAC . - . TAT . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_32      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . . . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_33      . . . . . GC T . . A . . . T . T - . . . A . AT CACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_34      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . . . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_35      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - T . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_36      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . ACC - . TAC . . . . . G CA . - - T . . . C . - . . . . T . . . . . AC . . . . - T .
Hap_37      . . . . . GC C . . A . . . T . . - . . . A . A . A . A . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_38      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . C . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . T . . . . . AC . . . . - T .
Hap_39      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . C . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . T . . . . . AC . . . . - T .
Hap_40      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_41      . . . . . TTGG C . . A . . . GG GG G G A . AGG CAGG GGG AC . - GG TAC . . . . . GG . - - TCG . G . - . . . . . G . . . AGGGGG - T .
Hap_42      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_43      . . . . . TTGC C . . A . . . T . T - G A A . ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_44      . . . . . GC . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . . . T . . . .
Hap_45      . . . . . GC . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . . . T . . . .
Hap_46      . . . . . GC . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . . . T . . . .
Hap_47      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . . . T . . . .
Hap_48      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . .
Hap_49      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . C . . . . . . . . .
Hap_50      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . C . . . . . . . . .
Hap_51      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . T . . . . . AC . . . . - T .
Hap_52      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . T . . . . . AC . . . . - T .
Hap_53      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT CA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_54      . . . . . GC . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . . . T . . . .
Hap_55      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . AC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . A . . . . - T .
Hap_56      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . . . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_57      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - T . . . . . . . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_58      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . .
Hap_59      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . .
Hap_60      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . TA . . . . . . . . .
Hap_61      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . AT ACA . . . . . AC . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_62      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . A . ACA . . . . . AC . - . AC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_63      . . . . . GC . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
Hap_64      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . A . ACA . . . . . AT . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_65      . . . . . GC C . . A . . . T . T - . . . A . A . ACA . . . . . AT . - . TAC . . . . . CA . - - TC . . C . - . . . . . . . . . AC . . . . - T .
Hap_66      . . . . . GC . . . . . . . . . . . C . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . G T . . .
Hap_67      . . . . . GC . . . . . . . . . . . G . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . T . . . . . . . . . . . A . . . . . . . . . . C C . . . . . . . . .

```

Hap_68 GC.....C.....T.....A.....G.T.....
 Hap_69 GC.....C.....T.....A.....TA.....T.....
 Hap_70 GC.....T.....A.....TA.....
 Hap_71 GC.....T.....A.T.....TA.....T.....
 Hap_72 GC.....C.....T.....A.....TA.....G.T.....
 Hap_73 GC.....C.....T.....A.....TA.....G.T.....
 Hap_74 GC.....T.....A.....TA.....T.....
 Hap_75 GGC.....T.....A.T.....A.....T.....
 Hap_76 GC.....T.....A.....G.....TA.....T.....
 Hap_77 GC.....TA.....A.....C.....TA.....T.....
 Hap_78 GC.....C.....T.....A.....TA.....
 Hap_79 GC.....C.....T.....A.....TA.....
 Hap_80 GC.....G.....G.....T.....A.....C.....
 Hap_81 GC.....C.....T.....A.....C.....
 Hap_82 GC.....T.....A.....C.....
 Hap_83 GC.....C.....T.....A.....
 Hap_84 GC.....C.....T.....A.....C.....T.....
 Hap_85 GC.....C.....T.....A.....C.....
 Hap_86 GC.....T.....A.....C.....
 Hap_87 GC.....C.....A.....T.....A.....TA.....T.....T.....
 Hap_88 GC.....T.....A.....C.....
 Hap_89 GC.....T.....A.....TA.....
 Hap_90 GC.....C.....T.....A.....TA.....T.....
 Hap_91 GC.....T.....A.....
 Hap_92 GC.....T.....A.....
 Hap_93 GC.C...A...T..T...A.ATCACA.....CCT.TAC.....CA...C.....AC.....T..
 Hap_94 GC.C...A...T..T...A.ATCACA.....AC...TAC.....CA...CC..C.....AC.....T..
 Hap_95 GC.C...A...T..T...A.ATCACA.....AC...TAC.....CA...CC..C.....AC.....T..
 Hap_96 GC.C...A...T..T...A.AT.ACA.....AC...TAC.....CA...TC..C.....AC.....T..
 Hap_97 GC.C...A...T...TT.AT.ACA.....ATC...TAC.....TA...GTC..C...T.....AC.....T..
 Hap_98 GC.C...A...T..T...A.AT.ATA.....AC...TAC.....CA...TC..C.....AC.....T..
 Hap_99 GC.C...A...T..T...A.ATC.CA.....AC...TAC.....CA...TC..C.....AA.T...T..
 Hap_100 GC.C...A...T..T...A.ATCACA.....AC...TAC.....CA...TC..C.....AC.T...T..
 Hap_101 GC.C...A...T..T...A.ATCACA.....AC...TAC.....CA...TC.C.C.....AC.T...T..
 Hap_102 GC.C...A...T..T...A.ATCACA.....ACCT.TAC.....CA...C.....AC.....
 Hap_103 GC.C...A...T..T...A.ATCACA.....AC.T.TAC.....CA...TC..C.....CGC.....T..
 Hap_104 GC.....T.....A.AT.....G...C...TT.....ACT-G.C.C.A.....AC.....T..

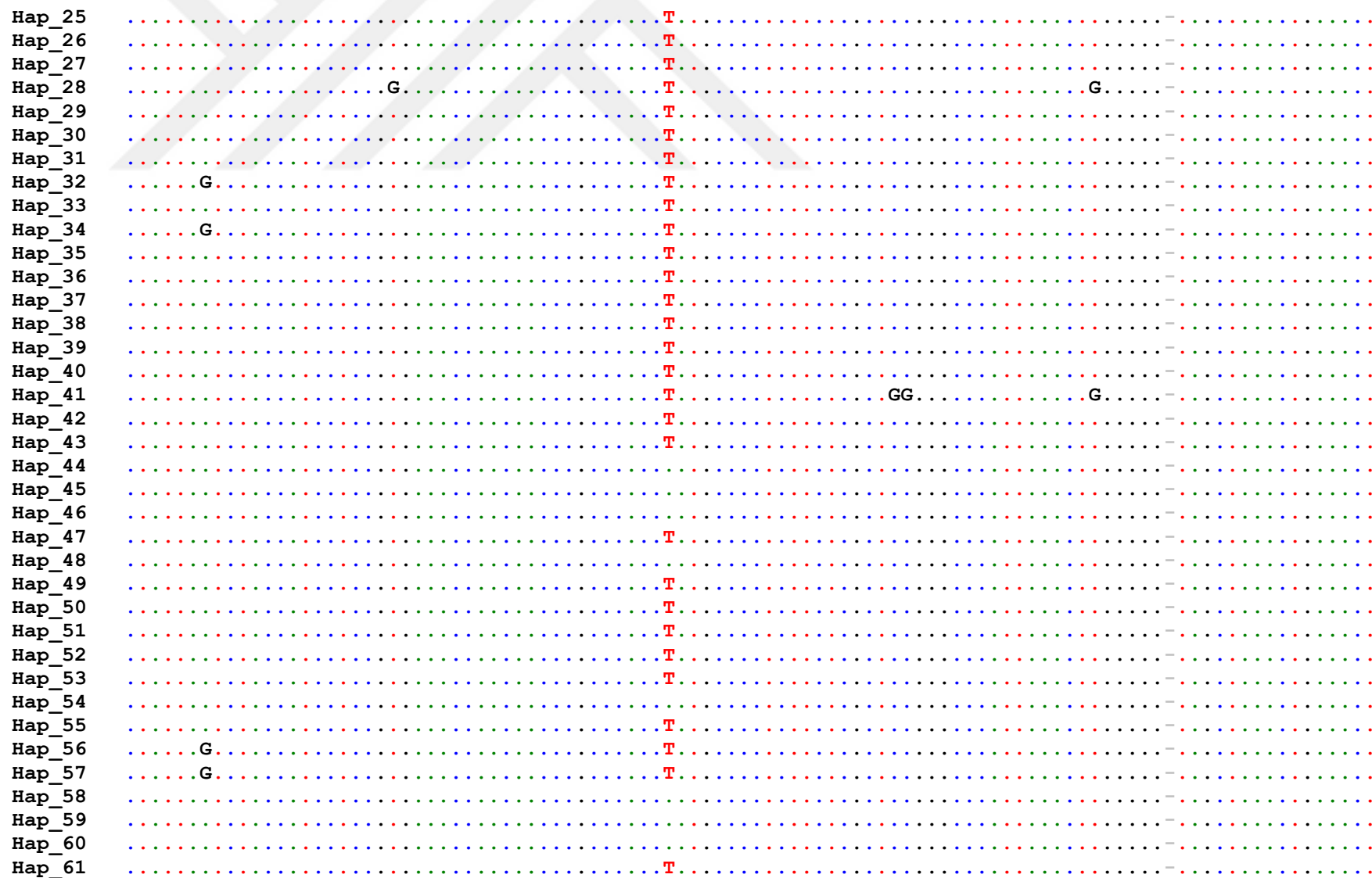


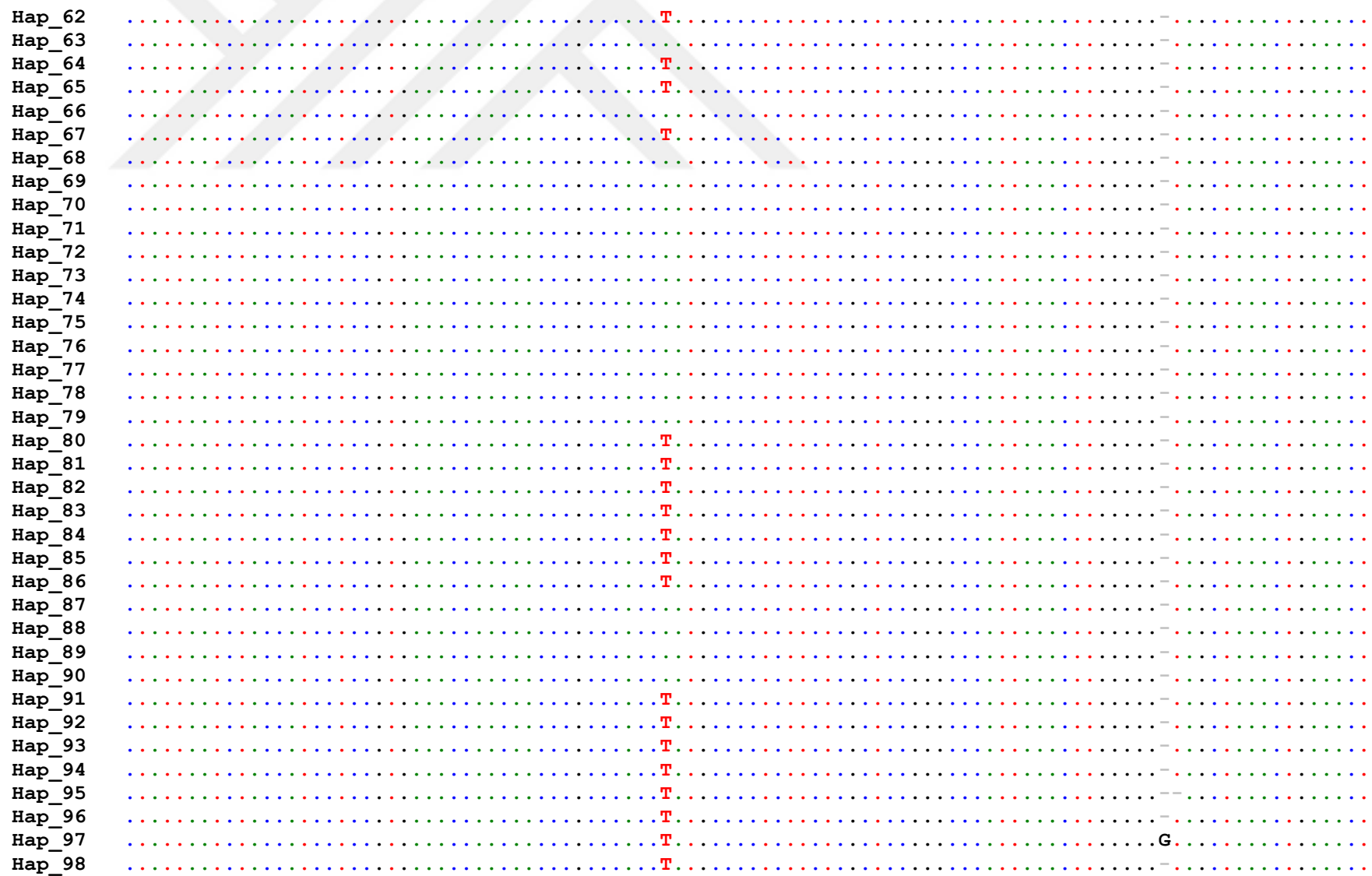
Hap_28	G.C.T.....C.....G.G.....G.....C.....	-
Hap_29	C.T.....A.C.....G.....C.....	-
Hap_30	C.T.....A.C.....G.....C.....	-
Hap_31	C.T.....A.C.....G.....C.....	-
Hap_32	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_33	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_34	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_35	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_36	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_37	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_38	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_39	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_40	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_41	C.TGGG..GGG.G.GGT.T.....GG.....C.....G.....G.....GGG.....	-
Hap_42	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_43	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_44	C.....	-
Hap_45	C.....G.....GA.....G.G.....	-
Hap_46	C.....	-
Hap_47	C.....	-
Hap_48	C.....	-
Hap_49		-
Hap_50		-
Hap_51	C.T.....A.C.....GG.....A.....C.....	-
Hap_52	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_53	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_54	C.....	-
Hap_55	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_56	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_57	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_58	C.....	-
Hap_59	C.....	-
Hap_60	C.....	-
Hap_61	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_62	C.T.....A.C.....A.....C.....	-
Hap_63	C.....	-
Hap_64	C.T.....A.C.....A.....C.....	-

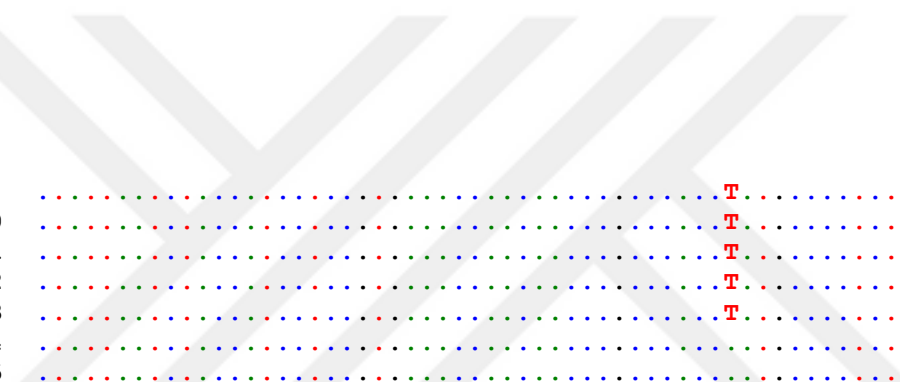


Hap_102 C.T...A..C.....A.....C.....T.....
Hap_103 C.T...A..C.....A.....C.....
Hap_104 C.T...A..C.....
Hap_105 C.T...A..C.....
Hap_106 C...A..C.....C.....C.....
Hap_107 C...C.....T.T.A..C.....C.....
Hap_108 T.AT.....C.TG..A..C.....C.....AT.....T.T.....
Hap_109 A.....C.TATTA..C.....TA.....G.....TA.....CT.....TG.T.....A.....
Hap_110 G.A.....CTGTTA..C.....TA.....G.....TA.....CT.....TG.....A.....

210 220 230 240 250 260 270 280 290 300
Hap_1 CTATTAATCTACCATCCTCCGTGAAACCAACAACCCGCCACCAATGCCCTCTTCTCGCTCCGGGCCCATTAACCTTGGGGG-TAGCTAAACTGAAACT
Hap_2 T.....
Hap_3
Hap_4 T.....
Hap_5
Hap_6 T.....
Hap_7 T.....
Hap_8 T.....
Hap_9
Hap_10 T.....
Hap_11 T.....
Hap_12 T.....
Hap_13 T.....
Hap_14 T.....
Hap_15 T.....
Hap_16 T.....
Hap_17 T.....
Hap_18 T.....
Hap_19 T.....
Hap_20 T.....G.....
Hap_21 T.....GGG.....
Hap_22 T.....
Hap_23
Hap_24

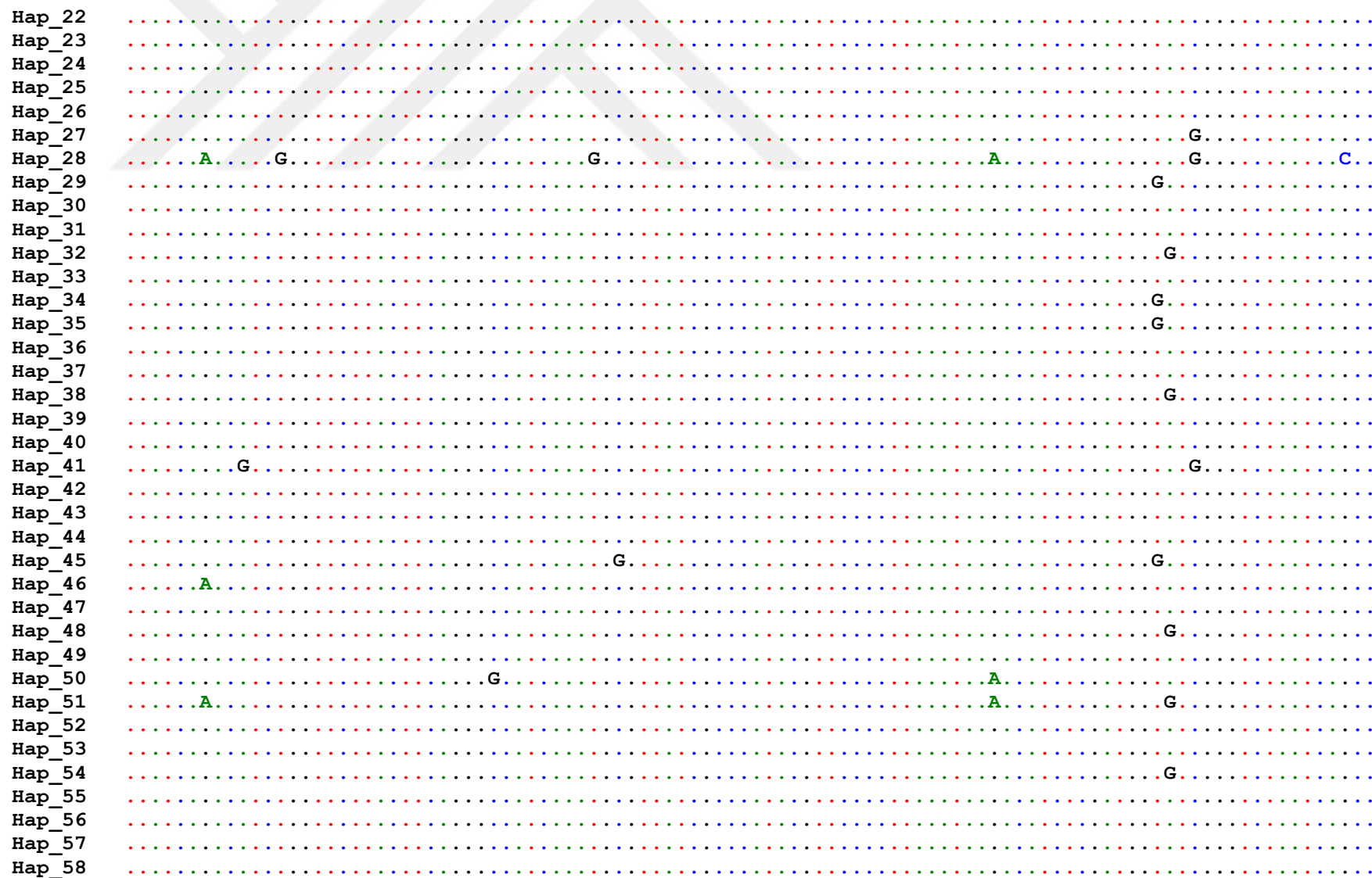






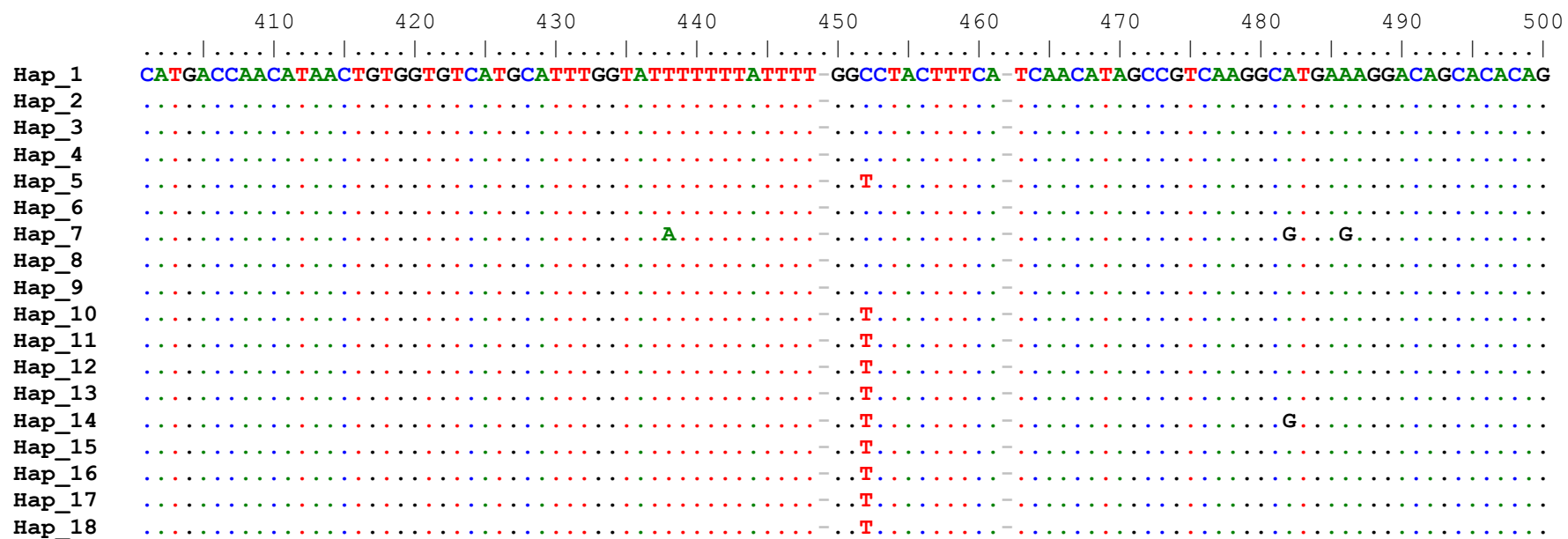
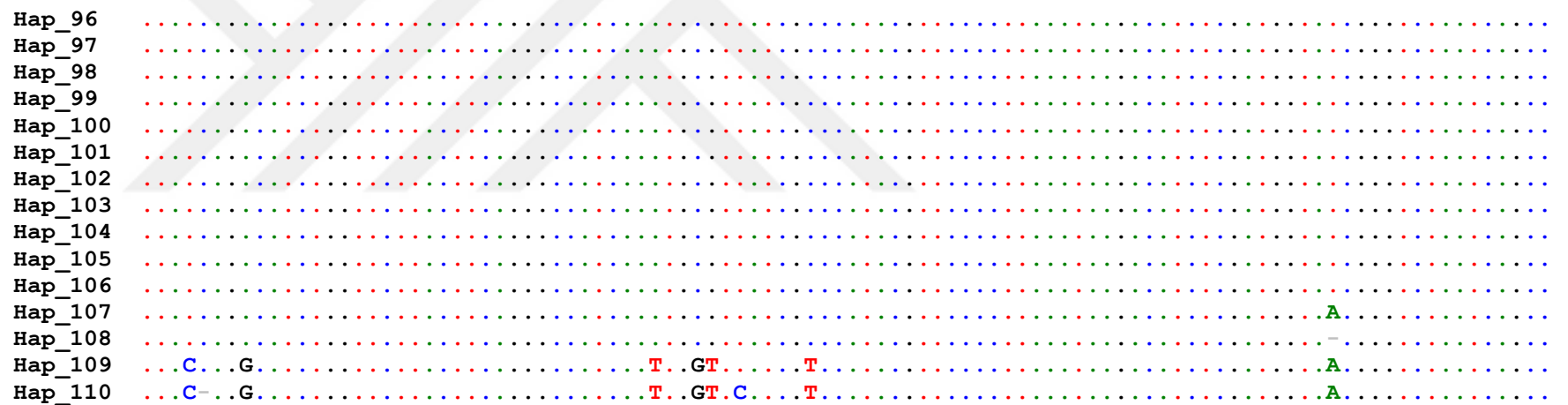
Hap_99	T.....-
Hap_100	T.....-
Hap_101	T.....-
Hap_102	T.....-
Hap_103	T.....-
Hap_104	G.....
Hap_105	-.....
Hap_106	T.....-
Hap_107	-.....
Hap_108	T.....A.C.....-
Hap_109	..C.ATT.....T.....TCG.C.....A.....CGT.C.....GA..T.....
Hap_110	..C.ATT.....T.....TCG.C.....CGT.C.....GA..T.....

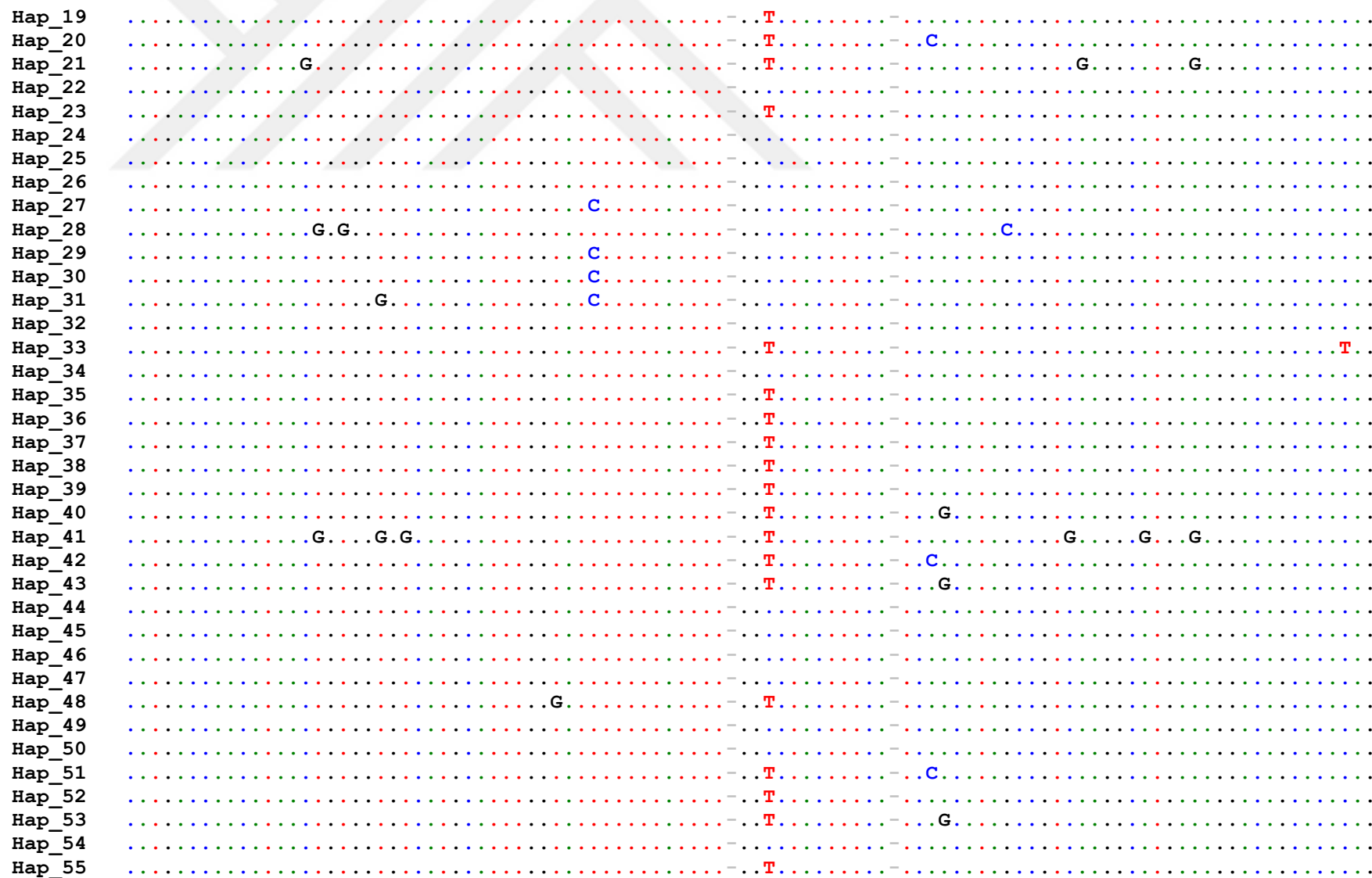
	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
										
Hap_1	TTATCAGACATCTGGTTCTTACTTCAGGGCCATCAAATGCGTTATCGCCCATACGTTCCCGTTAAATAAGACATCTCGATGGTATCGGGTCTAATCAGCC									
Hap_2										
Hap_3										
Hap_4										
Hap_5										
Hap_6										
Hap_7	G.....A.....C.....									
Hap_8										
Hap_9										
Hap_10										
Hap_11										
Hap_12										
Hap_13										
Hap_14										
Hap_15										
Hap_16	G.....									
Hap_17										
Hap_18	G.....									
Hap_19										
Hap_20	A.....G.....G.....									
Hap_21	G.....GG.....									

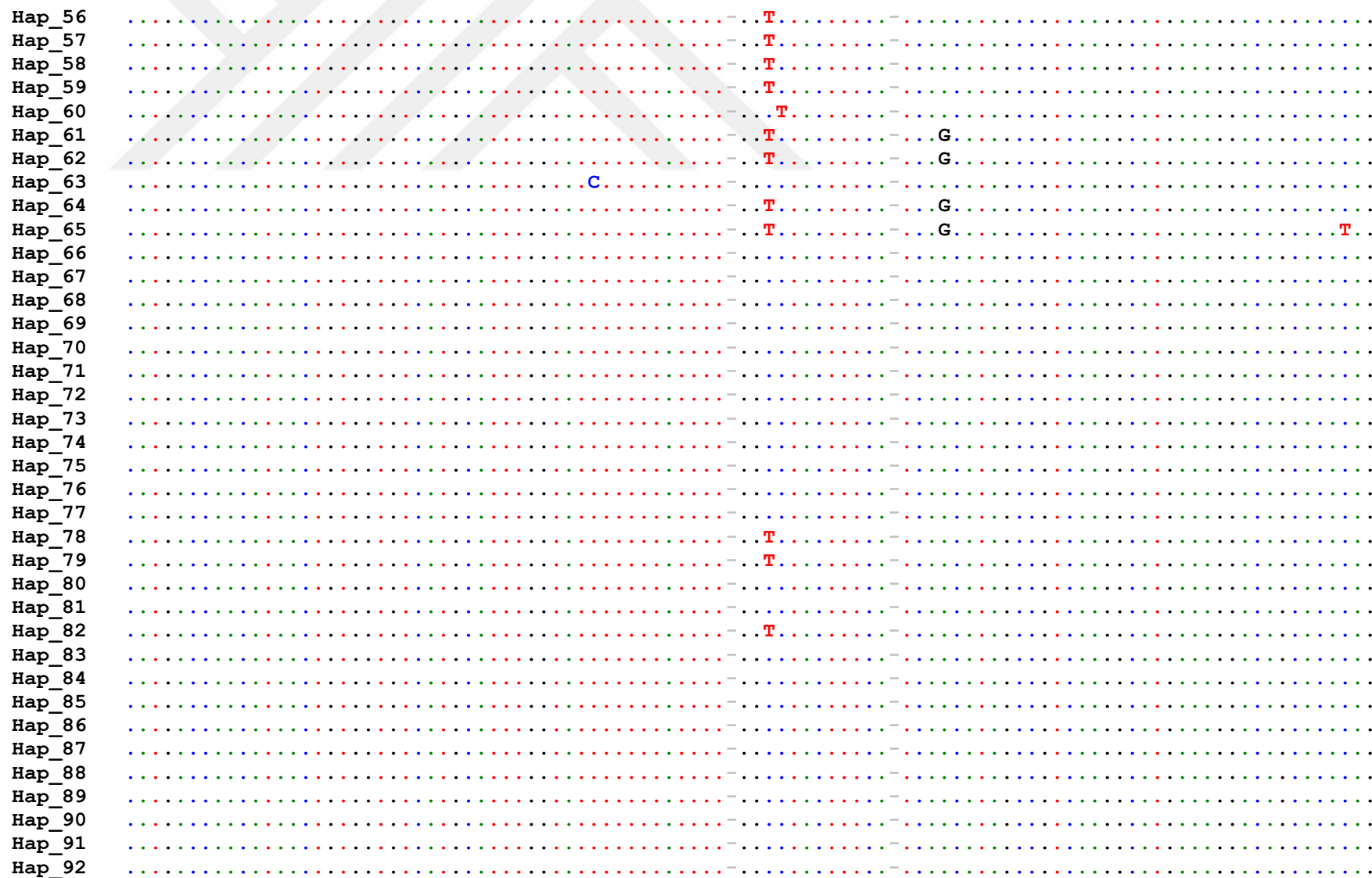


Hap_59
Hap_60
Hap_61
Hap_62
Hap_63
Hap_64
Hap_65
Hap_66
Hap_67
Hap_68
Hap_69
Hap_70
Hap_71
Hap_72
Hap_73
Hap_74
Hap_75
Hap_76
Hap_77
Hap_78
Hap_79
Hap_80
Hap_81
Hap_82
Hap_83
Hap_84
Hap_85
Hap_86
Hap_87
Hap_88
Hap_89
Hap_90
Hap_91
Hap_92
Hap_93
Hap_94
Hap_95

G





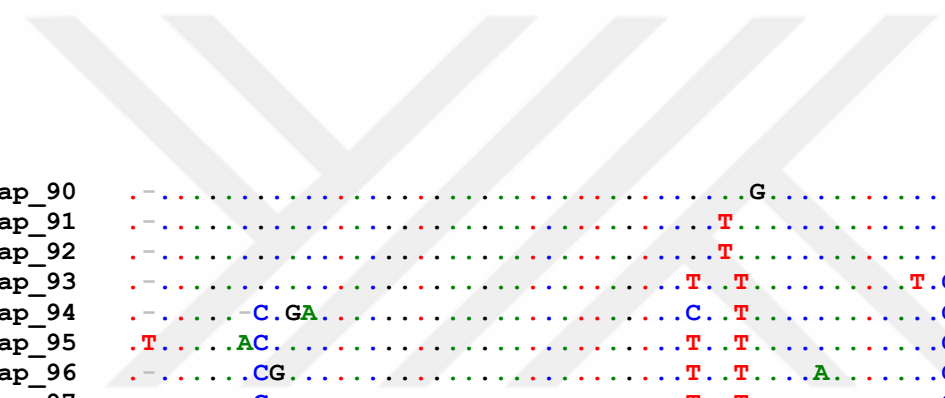


Hap_93 T.....
Hap_94 T.....
Hap_95 T.....
Hap_96 G.....
Hap_97 C.....
Hap_98 T.....
Hap_99 T.....
Hap_100 T.....
Hap_101 T.....
Hap_102 T.....
Hap_103
Hap_104
Hap_105
Hap_106 G.....T.....
Hap_107 C.....AT.....A.....T.....
Hap_108 A.....TTC.....C..GG..G.....TA.GA.G..G.G.C..G.....G..A.TT.TCA
Hap_109 T.....AT..A.....A.....C.GA.G.C..C.....T.....A..
Hap_110 T.....AT..A.....A.....C.GA.G.C..C.....T.....A..

510 520 530 540 550 560 570 580 590 600
Hap_1 T-CTAGACGCACCTACGGTGAAGAATCATTAGTCCGCAAAACCCAATCACCTAAGGCTAAT-TATTCATGCTTGTT-AGACATAAATGCTACTCAATACC
Hap_2 T.....
Hap_3
Hap_4 T.....
Hap_5 C.....
Hap_6 T.....
Hap_7 T.....G.....
Hap_8 T.....
Hap_9
Hap_10 T..T.....C.....AT..T.....
Hap_11 T..T.....C.....AT..T.....
Hap_12 T..T.....C.....AT..T.....
Hap_13 T..T.....C.....T.....AT..T.....
Hap_14 T..T.....C.....AT..T.....
Hap_15 T..T.....C.....AT..T.....

[illegible]

[illegible]



Hap_90 .-.....G.....T

Hap_91 T.....

Hap_92 T.....

Hap_93 T.T.....T.C.....AT.T.....

Hap_94 C.GA.....C.T.....C.....AT.T.....

Hap_95 .T.....AC.....T.T.....C.....AT.T.....

Hap_96 CG.....T.T.....A.....C.....AT.T.....

Hap_97 C.....T.T.....C.....AT.T.....

Hap_98 C.T.....C.....AT.T.....

Hap_99 T.T.....C.....AT.T.....

Hap_100 T.T.....C.....AT.T.....

Hap_101 T.T.....C.....AT.T.....

Hap_102 T.T.....T.C.....AT.T.....

Hap_103 T.T.....C.....AT.T.....

Hap_104 GA.....

Hap_105 GA.....

Hap_106 T.T.....C.....AT.T.....T

Hap_107 G.....C.....T.TT.TT.T.....T

Hap_108 .-G...CT.G..T.TAA.....G.....A..A..T...A...T.G.....A.C..A.....T..CG.....TTACT.T...TT.

Hap_109 .C..GTGGAAC.T.TTA..T..GG.....TAA..T..T.GA.A..G.T.GA..A...T.T.....T...A-.....AT.TA.A...T

Hap_110 .C..GTGGAAC.T.TTA..T..GG.....TA..T..T.GA.A..G.T.GA..A...T.T.....T...A-.....AT.TA.A...T

610 620 630 640 650 660 670 680 690 700

Hap_1 AAAT-TTTAACTCT-CCAAA-CCCC-CACCCC-TCCT---CTTAATGCCAAACCCCAAAA-C---ACTAAGAAGTTGAAA---GACATA

Hap_2 C.....

Hap_3 C.....

Hap_4 CC.....

Hap_5 C.....

Hap_6 CC.....

Hap_7 A.....CC.....

Hap_8 C.....

Hap_9 C.....

Hap_10 .G.....C.....CC.....A.....T.....

Hap_11 .G.....CC.....A.....T.....

Hap_12 .G.....C.....CC.....A.....T.....

[illegible]

Hap_50	 C		
Hap_51	. G CC A		 T
Hap_52	. G CC A		 T
Hap_53	. G CC A		 T
Hap_54	 T		
Hap_55	. G C A		 T
Hap_56	. G CC A		 T
Hap_57	. G CC A		 T
Hap_58	G		
Hap_59	G C		
Hap_60	 T		
Hap_61	. G CC A		 T
Hap_62	. G CC A		 T A . G
Hap_63			
Hap_64	. G CC A		 T A .
Hap_65	. G CC A		 T A .
Hap_66			 C
Hap_67	 C		
Hap_68			
Hap_69	 T		
Hap_70	 CC		
Hap_71	 C		
Hap_72	 C		
Hap_73	 CC		
Hap_74	 C		
Hap_75	 C		
Hap_76	 C		
Hap_77	 C		
Hap_78	G C		
Hap_79	G C		 A
Hap_80	 C		
Hap_81	 CC		
Hap_82	 CC		
Hap_83			
Hap_84			
Hap_85			
Hap_86			

Hap_87 T.....
Hap_88 G.....CC.....
Hap_89
Hap_90 T.....
Hap_91 CC.....A.....
Hap_92
Hap_93 .G.....CC.....A.....T.....
Hap_94 CC.....A.....A.....T.....
Hap_95 .G.....CC.....A.....T.....
Hap_96 .G.....CC.....A.....T.....
Hap_97 .G.....CC.....A C.....T.....G.....
Hap_98 .G.....C.....CC.....A CT.....T.....
Hap_99 .G.....CC.....A.....T.....
Hap_100 .G.....CC.....A.....T.....
Hap_101 .G.....CC.....A.....T.....
Hap_102 .G.....CC.....A.....T.....
Hap_103 .G.....C.....CC.....A.....T.....
Hap_104 C A.....
Hap_105 C A.....
Hap_106 .T.....CC.....ACC.....T.....
Hap_107 .G.....CCA.....A.....AAAA.....
Hap_108 .CT.G...TT.CTAGTT...AAATTTTGG..GA.AATGAA...TATT.....CCCTCC..CCA...TT..TGCCA..CCCCAA.A.C.
Hap_109 G..AAA.C.GT.AAC---...CC.....TACA.CTGAAACT.C.....CATTAA.GC...T.AA.T.---.A.C.
Hap_110 G..AAA.C.GT.AAC---...CC.....TGCA.CTGAAACT.C.....CATTAA.GC...T.AA.T.---.A.C.

710 720 730 740 750 760 770 780
Hap_1 TAATA---TTAACTATCAAACCCCTATGTCCTGATCAATT-CTAGTGGTTCCTCCAAAATAT-GACTTATATTTT-AGTACTTG
Hap_2 A.....
Hap_3
Hap_4 A.....
Hap_5 A.....
Hap_6 A.....
Hap_7 A.....
Hap_8 A.....
Hap_9 A.....

[illegible]

Hap_47	A.....
Hap_48	A.....
Hap_49	A.....
Hap_50	A.....
Hap_51	.T.....A..AA.....T.....
Hap_52	.T.....A..AA.....T.....
Hap_53	.T.....A..AA.....T.....
Hap_54	A.....
Hap_55	.T.....A..AA.....T.....
Hap_56	.T.....A..AA.....T.....
Hap_57	.T.....A..AA.....T.....
Hap_58	
Hap_59	
Hap_60	A.....
Hap_61	.T.....T.....A..AA.....T.....
Hap_62	.T.....A..AA.....T.....
Hap_63	A.....
Hap_64	.T.....A..AA.....T.....
Hap_65	.T.....A..AA.....T.....
Hap_66	A.....
Hap_67	A.....
Hap_68	A.....
Hap_69	A.....
Hap_70	A.....
Hap_71	A.....
Hap_72	A.....
Hap_73	A.....
Hap_74	A.....
Hap_75	
Hap_76	A.....
Hap_77	A.....
Hap_78	A.....
Hap_79	A.....
Hap_80	A.....
Hap_81	A.....
Hap_82	A.....
Hap_83	A.....



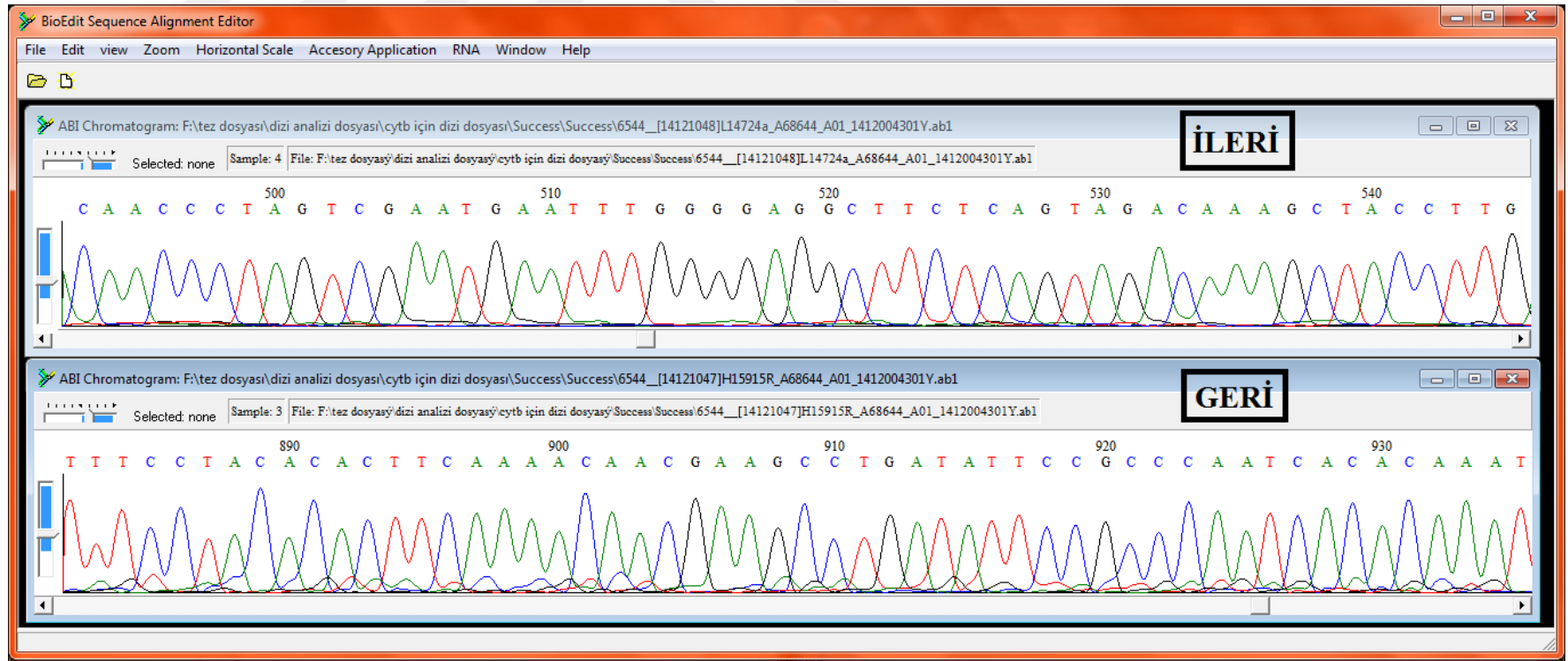
```

Hap_84      . . . . . A . . . . .
Hap_85      . . . . . A . . . . .
Hap_86      . . T . . A . . . . .
Hap_87      . T . . . A . . . . .
Hap_88      . T . . . A . . . . .
Hap_89      . . . . . A . . . . T . . . . .
Hap_90      . . . . . A . . . . .
Hap_91      . . . . . A . . . . .
Hap_92      . . . . . A . . . . .
Hap_93      A . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_94      . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_95      . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_96      . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_97      . . T . . . . . A . . T . . . . . T . . . . .
Hap_98      . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_99      . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_100     . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_101     . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_102     A . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_103     . . T . . . . . A . . AA . . . . . T . . . . .
Hap_104     . . T . . . . . A . . . . . C . . . . .
Hap_105     . . T . . . . . A . . . . . C . . . . .
Hap_106     . . T . . . . . A . . A . . C . . . . .
Hap_107     A . T . . . . . GC . . . . . CA . . . . . A . . T . . . . .
Hap_108     . C . A . GAAT . . . . . GATTC . TC . A . ATA CTT . T . . . . . A . G . . A . A . . . . . T . AA
Hap_109     A . . AGCTAC . . . . T . C . T . . . . . AGG . TC . C . . . . . A . AC . A . . . . T . TA . . . . A . C . . . C . T . G .
Hap_110     A . . AGCTAC . . . . T . C . T . . . . . AGG . TC . C . . . . . A . AC . A . . . . T . TA . . . . A . C . . . C . T . G .

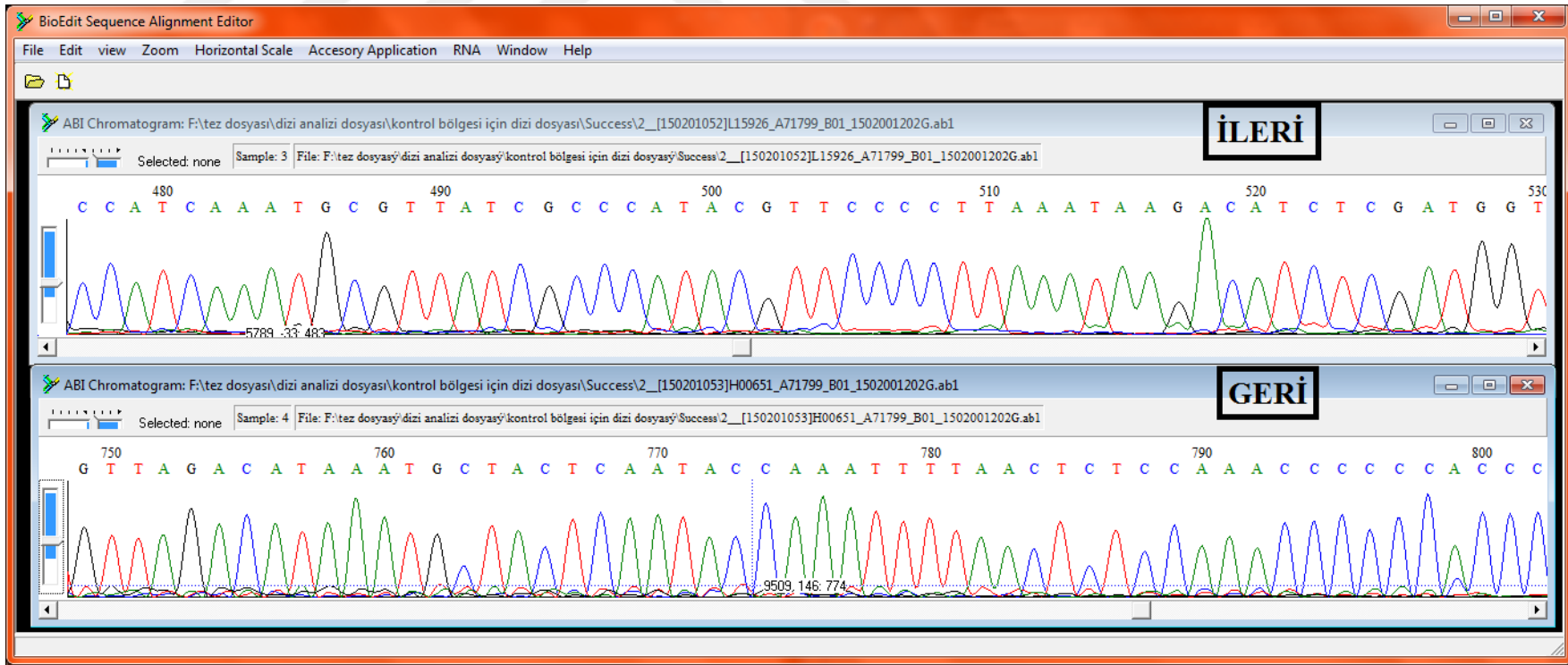
```

EK 3 Sitokrom *b* bölgesine ait kromatogram dosyası

141



EK 4 Kontrol bölgesine ait kromatogram dosyası



ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Ayşegül ÜNVERDİ

Doğum Yeri : Keçiören

Doğum Tarihi : 19/04/1988

Medeni Hali : Bekar

Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lise : Ankara Ayrancı Lisesi (2005)

Lisans : Ege Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2011)

Yüksek Lisans : Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı
(Şubat 2012-Şubat 2016)