

**ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

DOKTORA TEZİ

**KUZEY ANADOLU ve TRAKYA'DAKİ *Apodemus* Kaup, 1829 (MAMMALIA:
RODENTIA) CİNSİNE AİT TÜRLERİN MİTOKONDRIYAL DNA
(SİTOKROM *b* ve KONTROL BÖLGESİ) ANALİZİ**

Engin SELVİ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

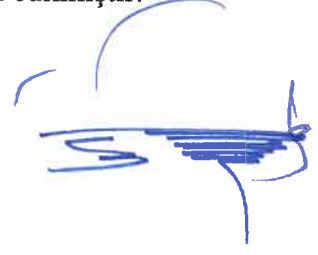
**ANKARA
2019**

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Engin SELVİ tarafından hazırlanan “Kuzey Anadolu ve Trakya’daki *Apodemus Kaup, 1829* (Mammalia: Rodentia) Cinsine Ait Türlerin Mitokondriyal DNA (Sitokrom *b* ve Kontrol Bölgesi) Analizi” adlı tez çalışması 11/01/2019 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı’nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK
Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı



Jüri Üyeleri:

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

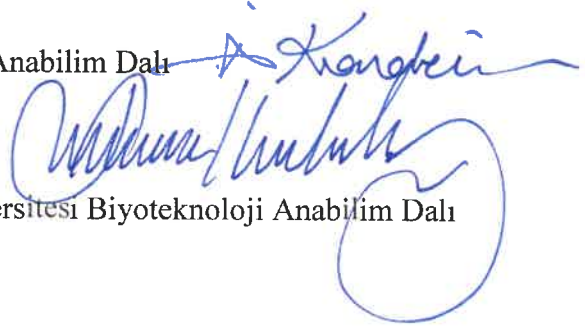


Üye : Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK
Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Mustafa SÖZEN
Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. İrfan KANDEMİR
Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı

Üye : Doç. Dr. Teoman KANKILIÇ
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi Biyoteknoloji Anabilim Dalı



Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Atila YETİŞEMİYEN
Enstitü Müdürü

ETİK

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

11.01.2019



Engin SELVİ

ÖZET

Doktora Tezi

KUZEY ANADOLU ve TRAKYA'DAKİ *Apodemus* Kaup, 1829 (MAMMALIA: RODENTIA) CİNSİNE AİT TÜRLERİN MİTOKONDRİYAL DNA (SİTOKROM *b* ve KONTROL BÖLGESİ) ANALİZİ

Engin SELVİ

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

Bu tez çalışmasında Türkiye'nin kuzeyinde, Trakya'da ve yüz ölçümü bakımından sırasıyla Türkiye'nin üç büyük adası olan Gökçeada, Marmara Adası ile Bozcaada'da yayılış gösteren *Apodemus* cinsine dahil örneklerin mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* ve kontrol bölgesindeki varyasyonlar araştırıldı. DNA dizi analizi sonucunda elde edilen bulgular bu tezin kapsamındaki çalışma alanında *Apodemus* cinsinin 6 türünün (*Apodemus flavicollis*, *Apodemus mystacinus*, *Apodemus witherbyi*, *Apodemus uralensis*, *Apodemus sylvaticus* ve *Apodemus agrarius*) yayılış gösterdiğini ortaya çıkardı. *A. flavicollis*'in Trakya ve Anadolu popülasyonlarının iki farklı genetik soy hattı oluşturduğu belirlendi. *A. mystacinus* popülasyonları Batı Karadeniz ve Orta/Doğu Karadeniz olmak üzere iki farklı genetik gruba ayrıldı. Bu güne kadar Türkiye'de sadece Anadolu'nun büyük bölümünde yayılış gösterdiği bilinen *A. witherbyi* popülasyonlarının Trakya'da yayılışının olduğu ilk kez bu çalışma ile tespit edildi. *A. uralensis* popülasyonları arasında gen akışının devam ettiği, dolayısıyla genetik farklılaşmanın az olduğu sonucuna varıldı. Parçalı yayılışa sahip olan *A. sylvaticus*'un Anadolu'dan tek bir lokalitedeki Kurupelit (Samsun) popülasyonu ile Gökçeada, Marmara adası ve Trakya popülasyonları arasında yüksek genetik farklılıkların bulunduğu açığa çıkarıldı. Trakya'da yayılışı olan *A. agrarius*'un sadece bir lokaliteden incelenen popülasyonunda haplotip çeşitliliğinin yüksek, nükleotid çeşitliliğinin düşük seviyede olduğu bulundu. Miyosen, Pliyosen ve Pleyistosen dönemlerinde meydana gelen jeolojik, tektonik olaylarla beraber iklim değişikliklerinin *Apodemus* cinsi türlerinin genetik farklılaşması üzerinde etkili olduğu ortaya kondu.

Ocak 2019, 199 sayfa

Anahtar Kelimeler: *Apodemus*, sitokrom *b*, kontrol bölgesi, genetik varyasyon, Türkiye

ABSTRACT

Ph.D. Thesis

MITOCHONDRIAL DNA (CYTOCHROME *b* and CONTROL REGION) ANALYSIS of
Apodemus SPECIES Kaup, 1829 (MAMMALIA: RODENTIA) in NORTH ANATOLIA and
THRACE

Engin SELVİ

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

Supervisor: Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

In this thesis, variations in cytochrome *b* and control region of mitochondrial DNA in the samples of the genus *Apodemus* distributed in northern Turkey, Thrace and three islands in Turkey (Imbros, Marmara Island and Tenedos, which are the biggest islands of Turkey according to their surface areas, respectively) were investigated. The findings provided by DNA sequence analysis revealed that 6 species of *Apodemus* (*Apodemus flavicollis*, *Apodemus mystacinus*, *Apodemus witherbyi*, *Apodemus uralensis*, *Apodemus sylvaticus* and *Apodemus agrarius*) live in the study area of this thesis. It was determined that Thrace and Anatolia populations of *Apodemus flavicollis* formed two different genetic lineages. *Apodemus mystacinus* populations were divided into two different genetic groups (Western Black Sea and Central/Eastern Black Sea). So far, *A. witherbyi* populations, which has been known to be lived in the most parts of Anatolia, were recorded from Thrace for the first time by this thesis. A continuing gene flow and therefore little genetic differentiation between *A. uralensis* populations were determined. It was deduced that there was high genetic differentiation between Kurupelit (Samsun) population and populations from Imbros, Marmara Island and Tenedos of *A. sylvaticus* distributed in fragmented habitats. It was found that one population of *A. agrarius* from only one locality in Thrace had high haplotype diversity, but, low nucleotide diversity. It was determined that geologic, tectonic events as well as climatic oscillations occurred during Miocene, Pliocene and Pleistocene had an impact on the genetic differentiation of *Apodemus* species.

January 2019, 199 pages

Key Words: *Apodemus*, cytochrome *b*, control region, genetic variation, Turkey

TEŞEKKÜR

Çalışmalarımı fikir aşamasından sonuca ulaşıncaya kadar yönlendiren, araştırmalarımın her aşamasında bilgi ve deneyimlerini paylaşarak akademik ortamın yanısıra beşeri ilişkilerde de fikir ve düşünceleri ile katkıda bulunan danışman hocam Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK'a (Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı); çalışmalarım esnasında sahip oldukları zengin bilgi ve akademik görüşleriyle katkılarını esirgemeyen değerli hocalarım Prof. Dr. Nuri YİĞİT (Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı) ve Prof. Dr. Mustafa SÖZEN'e (Zonguldak Bülent Ecevit Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı); doktora öğrenimim süresince aldığım derslerle öğrenimime büyük katkıları olan Prof. Dr. Reyhan ÇOLAK (Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı), Prof. Dr. İrfan KANDEMİR (Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı) ve Ankara Üniversitesi Zooloji Anabilim Dalı'ndaki tüm hocalarıma; TÜBİTAK proje deneyimi kazanmamı sağlayan Prof. Dr. Şakir Önder ÖZKURT'a (Ahi Evran Üniversitesi Fen Bilgisi Eğitimi Anabilim Dalı); arazi çalışmaları ve laboratuvar çalışmalarımın yanı sıra sosyal hayatımda da desteklerini daima gördüğüm Doç. Dr. Teoman KANKILIÇ (Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi Biyoteknoloji Anabilim Dalı), Dr. Öğretim Üyesi Perinçek Seçkinozan ŞEKER (Artvin Çoruh Üniversitesi Artvin Meslek Yüksekokulu) ve Dr. Öğretim Görevlisi Münir UÇAK'a (Düzce Üniversitesi Düzce Meslek Yüksekokulu), birlikte çalışmaktan keyif aldığım Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı'ndan çalışma arkadaşlarım Araş. Gör. Dr. Hatice MUTLU EYİSON, Araş. Gör. Derya ÇETİNTÜRK, Uzm. Biyolog Ayşegül ÜNVERDİ, yüksek lisans öğrencileri Müge KOCAAY, Mahir Can ŞENKUŞ ve tüm moleküler sistematik laboratuvarı çalışanlarına; çalışmalarım süresince büyük fedakârlıklar gösteren, maddi-manevi tüm imkânlarını seferber eden ve lisansüstü eğitim yapmamı teşvik eden babam Durak SELVİ, annem Fatma SELVİ, kardeşim UĞUR SELVİ ve tüm SELVİ ailesine; gösterdikleri sabır, fedakârlık için eşim Leyla SELVİ ve oğlum Sarp SELVİ'ye teşekkürlerimi sunarım.

Bu tez çalışması 13L4240016 proje numarasıyla Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü (BAP) tarafından desteklenmiştir.

Engin SELVİ

Ankara, Ocak 2019

İÇİNDEKİLER

TEZ ONAY SAYFASI

ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT.....	iii
TEŞEKKÜR	iv
KISALTMALAR DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiv
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER.....	13
2.1 Takım: Rodentia	13
2.2 Familya: Muridae.....	14
2.3 <i>Apodemus</i> Kaup, 1829	14
2.3.1 <i>Apodemus agrarius</i> (Pallas, 1771)	15
2.3.2 <i>Apodemus sylvaticus</i> (Linnaeus, 1758).....	15
2.3.3 <i>Apodemus uralensis</i> (Pallas, 1811)	15
2.3.4 <i>Apodemus flavicollis</i> (Melchior, 1834)	15
2.3.5 <i>Apodemus mystacinus</i> (Danford ve Alston, 1877).....	16
2.3.6 <i>Apodemus witherbyi</i> (Thomas,1902).....	16
2.4 Filocoğrafya ve Mitokondriyal DNA.....	16
2.4.1 Sitokrom <i>b</i> ve kontrol bölgesi	17
2.5 DNA'nın Elde Edilmesi, Polimeraz Zincir Reaksiyonu ve DNA Dizi Analizi ...	18
2.6 Filogenetik Analizlerde Kullanılan Yöntemler	20
3. MATERYAL VE YÖNTEMLER.....	26
3.1 Araştırma Alanı, Kullanılan Örnek Listesi ve Lokaliteleri	26
3.2 Moleküler Çalışmalar	34
3.2.1 DNA izolasyonu	34
3.2.2 DNA Çoğaltımı (Polimeraz Zincir Reaksiyonu, PZR)	43
3.2.3 İstatistiksel Analizler	45
3.3 Morfometrik Verilerin Analizleri.....	47
4. ARAŞTIRMA BULGULARI.....	48

4.1 Moleküler Analizler	48
4.1.1 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in sitokrom <i>b</i> bölgesi analizleri.....	48
4.1.2 <i>Apodemus mystacinus</i> ' un sitokrom <i>b</i> bölgesi analizleri	57
4.1.3 <i>Apodemus uralensis</i> 'in sitokrom <i>b</i> bölgesi analizleri.....	65
4.1.4 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin sitokrom <i>b</i> bölgesi analizleri.....	73
4.1.5 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un sitokrom <i>b</i> bölgesi analizleri	80
4.1.6 <i>Apodemus agrarius</i> ' un sitokrom <i>b</i> bölgesi analizleri	87
4.1.7 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in kontrol bölgesi analizleri	89
4.1.8 <i>Apodemus mystacinus</i> ' un kontrol bölgesi analizleri.....	97
4.1.9 <i>Apodemus uralensis</i> 'in kontrol bölgesi analizleri	105
4.1.10 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin kontrol bölgesi analizleri.....	112
4.1.11 <i>Apodemus agrarius</i> ' un kontrol bölgesi analizleri	119
4.1.12 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un kontrol bölgesi analizleri	121
4.2 Moleküler Tarihlleme (Evrimsel Ayrılma Zamanları).....	127
4.3 Morfolojik Analizler	129
4.3.1 Metrik karakterler	129
4.3.2 Varyans analizi (iki yönlü ANOVA).....	135
4.3.3 Tukey post hoc test.....	139
4.3.4 Ayrışım fonksiyon analizi (DFA)	149
4.3.5 Kümeleme analizi (Cluster).....	151
5. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	153
5.1 <i>Apodemus</i> Cinsinin mtDNA Dizi ve Morfometrik Analiz Sonuçlarının Değerlendirmesi.....	153
5.2 <i>Apodemus</i> Cinsinin Filocoğrafyası.....	160
5.2.1 Marmara Adası, Gökçeada ve Bozcaada'nın Filocoğrafik Etkisi	171
KAYNAKLAR	180
ÖZGEÇMİŞ.....	197

KISALTMALAR DİZİNİ

%	Yüzde
π	Nükleotid Çeşitliliği
°C	Santigrat Derece
μ l	Mikrolitre
μ mol	Mikromol
A	Adenin
AIC	Akaike Information Criterion (Akaike Bilgi Kriteri)
AICc	Corrected Akaike Information Criterion (Düzeltilmiş Akaike Bilgi Kriteri)
AMOVA	Analysis of Molecular Variance (Moleküler Varyans Analizi)
ANOVA	Analysis of Variance (Varyans Analizi)
BI	Bayesian Inference (Bayesian Çıkarılması)
BIC	Bayesian Information Criterion (Bayesian Bilgi Kriteri)
BME	Betamerkaptoetanol
C	Sitozin
Cytb	Sitokrom b
CLUSTER	Kümeleme Analizi
CTAB	Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
D^2	Mahalanobis Mesafesi
dATP	Deoksiadenozin Trifosfat
dCTP	Deoksisitozin Trifosfat
ddNTP	Dideoksinükleotid Trifosfat
DFA	Ayrışım Fonksiyon Analizi
dGTP	Deoksiguanozin Trifosfat
DNA	Deoksiribonükleik Asit
dNTP	Deoksinükleotid Trifosfat
dTTP	Deoksitimidin Trifosfat
EDTA	Etilendiamintetraasetik Asit
ESS	Effective Sample Size (Etkin Örnek Büyüklüğü)
EtBr	Etidyum Bromür

FCT	Gruplar Arası Fiksasyon İndeksi
FSC	Grupları Oluşturan Populasyonlar Arası Fiksasyon İndeksi
FST	Populasyonları Oluşturan Bireyler Arası Fiksasyon İndeksi
F_{ST}	Genetik Farklılaşma İndisi
h	Haplotip Çeşitliliği
HSD	Tukey'in Çoklu Karşılaştırma Testi
HKY	Kesikli Gamma Dağılımı ve Hasegawa, Kishino ve Yano mutasyon modeli
HKY+G	Kesikli Gamma Dağılımı ve Hasegawa, Kishino ve Yano mutasyon modeli
G	Guanin
k	Ortalama Nükleotid Farklılıklarının Sayısı
Km	Kilometre
K2P	Kimura 2-Parametresi
LGM	Buzul tabakaların maksimum seviyeye ulaştığı dönem. Son Buzul Maksimum (Last Glacial Maximum)
m	Metre
mg	Miligram
ml	Mililitre
mm	Milimetre
mM	Milimolar
M	Molar
MA	Molekül Ağırlığı
MANOVA	Multivariate Analysis of Variance (Çok Değişkenli Varyans Analizi)
ML	Maximum Likelihood (Maksimum Olasılık)
MP	Maximum Parsimony (Maksimum Tutumluluk)
mtDNA	Mitokondriyal DNA
Myö	Milyon yıl önce
MMG	Orta Miyosen Buzullaşması (Middle Miocene Glaciation)
MMCO	Orta Miyosen İklimsel Optimum (Middle Miocene Climatic Optimum)

MMCT	Orta Miyosen İklim Geçişi (Middle Miocene Climatic Transition)
MSC	Messiniyen tuzluluk krizi (Messinian Salinity Crisis) ya da Akdeniz tuzluluk krizi
M ₁	Alt Çenenin Birinci Molar Dişi
M ₂	Alt Çenenin İkinci Molar Dişi
M ₃	Alt Çenenin Üçüncü Molar Dişi
M ¹	Üst Çenenin Birinci Molar Dişi
M ²	Üst Çenenin İkinci Molar Dişi
M ³	Üst Çenenin Üçüncü Molar Dişi
NaCl	Sodyum Klorür
ng	Nanogram
NJ	Neighbour Joining (Komşu Birleştirme)
Nm	Gen Akışı
nm	Nanometre
ND1	NADH Dehidrojenaz I
ND2	NADH Dehidrojenaz II
p	İstatistiksel Testlerin Önem Derecesi
pH	Power of Hydrogen (Hidrojen Gücü)
pmol	Pikomol
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
R	Transisyon/Transversiyon oranı
r	Korelasyon Katsayısı
RAPD	Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA
RNA	Ribonükleik Asit
RNase	Ribonükleaz
rpm	Dakikadaki Devir Sayısı
rRNA	Ribosomal RNA
SSD	Varyasyon Kareler Toplamı
T	Timin
TAE	Tris Asetik asit EDTA
<i>Taq</i>	<i>Thermus aquaticus</i>
TE	Tris-EDTA

TMRCA	Times to Most Recent Common Ancestor (Evrimsel Ayrılma Zamanı, Ortak Ataya Varma Zamanı)
T92	Tamura 1992 Nükleotid deęişim modeli
TN93	Kesikli Gamma daęılımı ve Tamura-Nei 1993 nükleotid deęişim modeli
TN93+G	Kesikli Gamma daęılımı ve Tamura-Nei 1993 nükleotid deęişim modeli
tRNA	Transfer RNA
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (Ortalamalara Baęlı Aęırlıklı Olmayan Çift Grup Yöntemi)
UV	Ultraviyole

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1 Örneklerin toplandığı lokaliteler	27
Şekil 3.2 Örneklerin sitokrom <i>b</i> bölgesine ait jel görüntüleri	39
Şekil 3.3 Örneklerin kontrol bölgesine ait jel görüntüleri	39
Şekil 4.1 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 40 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	51
Şekil 4.2 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 44 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	52
Şekil 4.3 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 40 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü	53
Şekil 4.4 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 18 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	60
Şekil 4.5 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 41 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	61
Şekil 4.6 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 18 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü	62
Şekil 4.7 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 27 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren TN93+G nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	68
Şekil 4.8 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 34 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	69
Şekil 4.9 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 27 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü	70
Şekil 4.10 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 10 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	75
Şekil 4.11 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 21 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	76
Şekil 4.12 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 10 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü	77
Şekil 4.13 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 5 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	82

Şekil 4.14 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 8 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	83
Şekil 4.15 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 5 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü.....	84
Şekil 4.16 <i>Apodemus agrarius</i> 'un Türkiye'deki 3 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	88
Şekil 4.17 <i>Apodemus agrarius</i> 'un Türkiye'deki 2 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	88
Şekil 4.18 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 35 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY+G nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı.....	91
Şekil 4.19 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 47 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	92
Şekil 4.20 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 35 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü.....	93
Şekil 4.21 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 17 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren T92 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	100
Şekil 4.22 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 42 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	101
Şekil 4.23 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 17 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü.....	102
Şekil 4.24 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 22 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	107
Şekil 4.25 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 34 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	108
Şekil 4.26 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 22 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü.....	109
Şekil 4.27 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 14 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	113
Şekil 4.28 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 22 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	114

Şekil 4.29 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 14 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü.....	115
Şekil 4.30 <i>Apodemus agrarius</i> 'un Türkiye'deki 3 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	120
Şekil 4.31 <i>Apodemus agrarius</i> 'un Türkiye'deki 4 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	121
Şekil 4.32 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 7 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı	123
Şekil 4.33 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 9 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı	123
Şekil 4.34 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 7 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü.....	124
Şekil 4.35 Bayesian çıkarımına göre belirlenen <i>Apodemus</i> cinsine ait türlerin sitokrom <i>b</i> soy hatları arasındaki evrimsel ayrılma zamanları (TMRCA, ortak ataya varma zamanları)	128
Şekil 4.36 Çalışılan <i>Apodemus</i> cinsinde altı farklı türe ait bireylerin morfolojik karakterlere bağlı olarak ayrışım fonksiyon analizi ile iki boyutta kümelenmesi.....	151
Şekil 4.37 <i>Apodemus</i> cinsi içerisindeki farklı türlere ait popülasyonlardaki morfolojik farklılığı gösteren mahalnobis mesafe matrisi temel alınarak oluşturulan UPGMA-SHAN kümelemesi	152

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri	28
Çizelge 3.2 DNA izolasyonunda kullanılan çözeltiler ve hazırlanışları	37
Çizelge 3.3 Örneklerden elde edilen DNA miktarları ve saflık dereceleri	40
Çizelge 3.4 PZR karışımında kullanılan çözeltiler ve miktarları	44
Çizelge 3.5 Sitokrom <i>b</i> ve kontrol bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan PZR koşulları	44
Çizelge 3.6 Sitokrom <i>b</i> ve kontrol bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan primerler	45
Çizelge 4.1 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in sitokrom <i>b</i> bölgesi haplotipleri	48
Çizelge 4.2 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in 44 örneğinin sitokrom <i>b</i> bölgesindeki nükleotit değişim oranları	50
Çizelge 4.3 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in 11 lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	54
Çizelge 4.4 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki haplotip grupları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	54
Çizelge 4.5 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 17 lokalitedeki populasyonlar ve GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	55
Çizelge 4.6 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)	55
Çizelge 4.7 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in 11 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	56
Çizelge 4.8 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	57
Çizelge 4.9 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un sitokrom <i>b</i> bölgesi haplotipleri	57
Çizelge 4.10 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un 41 örneğinin sitokrom <i>b</i> bölgesindeki nükleotit değişim oranları	58
Çizelge 4.11 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un 7 lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	63
Çizelge 4.12 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 2 ana haplotip grubu arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklık (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	63

Çizelge 4.13 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 8 lokalitedeki populasyonları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	63
Çizelge 4.14 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un 7 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	64
Çizelge 4.15 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)	64
Çizelge 4.16 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	65
Çizelge 4.17 <i>Apodemus uralensis</i> 'in sitokrom <i>b</i> bölgesi haplotipleri.....	67
Çizelge 4.18 <i>Apodemus uralensis</i> 'in 34 örneğinin sitokrom <i>b</i> bölgesindeki nükleotit değişim oranları.....	67
Çizelge 4.19 <i>Apodemus uralensis</i> 'in 7 lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri.....	70
Çizelge 4.20 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 11 lokalitedeki populasyonları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	71
Çizelge 4.21 <i>Apodemus uralensis</i> 'in haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA).....	72
Çizelge 4.22 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un 4 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri.....	72
Çizelge 4.23 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un haplotip gruplarına ait nötralite testlerinin sonuçları	72
Çizelge 4.24 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin sitokrom <i>b</i> bölgesi haplotipleri	73
Çizelge 4.25 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin 21 örneğinin sitokrom <i>b</i> bölgesindeki nükleotit değişim oranları.....	74
Çizelge 4.26 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin 10 farklı lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	77
Çizelge 4.27 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 10 lokalitedeki populasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	78
Çizelge 4.28 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları	79
Çizelge 4.29 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin iki haplotip grubu arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	80
Çizelge 4.30 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	80
Çizelge 4. 31 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un sitokrom <i>b</i> bölgesi haplotipleri.....	81

Çizelge 4.32 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un 8 örneğinin sitokrom <i>b</i> bölgesindeki nükleotit değişim oranları.....	81
Çizelge 4.33 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un 4 farklı lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	84
Çizelge 4.34 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 4 lokalitedeki popülasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	85
Çizelge 4.35 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Trakya/Adalar ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları.....	85
Çizelge 4.36 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un 2 farklı haplotip grubu arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	86
Çizelge 4.37 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	86
Çizelge 4.38 <i>Apodemus agrarius</i> 'un sitokrom <i>b</i> bölgesi haplotipleri.....	87
Çizelge 4.39 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in kontrol bölgesi haplotipleri	89
Çizelge 4.40 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in 47 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları.....	90
Çizelge 4.41 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in 11 lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	94
Çizelge 4.42 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki haplotip grupları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	94
Çizelge 4.43 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Türkiye'deki 17 lokalitedeki popülasyonlar arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	95
Çizelge 4.44 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA).....	95
Çizelge 4.45 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in 2 farklı haplotip grubu arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	96
Çizelge 4.46 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in 11 farklı lokalitedeki popülasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri.....	97
Çizelge 4.47 <i>Apodemus flavicollis</i> 'in iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	97
Çizelge 4.48 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un kontrol bölgesi haplotipleri	97
Çizelge 4.49 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un 42 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları.....	98
Çizelge 4.50 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un 7 lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri.....	102

Çizelge 4.51 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 2 ana haplotip grubu arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklık (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	103
Çizelge 4.52 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Türkiye'deki 8 lokalitedeki populasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	103
Çizelge 4.53 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un 8 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	104
Çizelge 4.54 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)	104
Çizelge 4.55 <i>Apodemus mystacinus</i> 'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	105
Çizelge 4.56 <i>Apodemus uralensis</i> 'in kontrol bölgesi haplotipleri	105
Çizelge 4.57 <i>Apodemus uralensis</i> 'in 34 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları	106
Çizelge 4.58 <i>Apodemus uralensis</i> 'in 7 lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	109
Çizelge 4.59 <i>Apodemus uralensis</i> 'in Türkiye'deki 11 lokalitedeki populasyonları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	110
Çizelge 4.60 <i>Apodemus uralensis</i> 'in haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)	111
Çizelge 4.61 <i>Apodemus uralensis</i> 'in 4 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	111
Çizelge 4.62 <i>Apodemus uralensis</i> 'in dört haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	111
Çizelge 4.63 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin kontrol bölgesi haplotipleri	112
Çizelge 4.64 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin 22 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları	113
Çizelge 4.65 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin 5 farklı lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	115
Çizelge 4.66 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Türkiye'deki 10 lokalitedeki populasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	116
Çizelge 4.67 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları	117
Çizelge 4.68 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin iki haplotip grubu arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	117

Çizelge 4.69 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin 10 farklı lokalitedeki popülasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	117
Çizelge 4.70 <i>Apodemus witherbyi</i> 'nin iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	118
Çizelge 4.71 <i>Apodemus agrarius</i> 'un kontrol bölgesi haplotipleri	119
Çizelge 4.72 <i>Apodemus agrarius</i> 'un 4 örneğinin sitokrom b bölgesindeki nükleotit değişim oranları	120
Çizelge 4.73 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un kontrol bölgesi haplotipleri	121
Çizelge 4.74 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un 9 örneğinin sitokrom b bölgesindeki nükleotit değişim oranları.....	122
Çizelge 4.75 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un 4 farklı lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri	124
Çizelge 4.76 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Türkiye'deki 4 lokalitedeki popülasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)	125
Çizelge 4.77 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un Trakya/Adalar ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları.....	125
Çizelge 4.78 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un 2 farklı haplotip grubu arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri	126
Çizelge 4.79 <i>Apodemus sylvaticus</i> 'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları	126
Çizelge 4.80 <i>Apodemus</i> içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları.....	129
Çizelge 4.81 <i>Apodemus</i> türlerinde ölçülen karakter ölçülerinin ANOVA analizi sonuçları	135
Çizelge 4.82 <i>Apodemus</i> cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu	139
Çizelge 4.83 Ayırışım fonksiyonu analizine göre ilk üç konikal ayırışım fonksiyonunun eigen değerleri	149
Çizelge 4.84 Ayırışım fonksiyonu analizine göre beş türe bireylerin sınıflandırılması.....	150
Çizelge 4.85 <i>Apodemus</i> cinsine ait türlerde morfolojik farklılığı gösteren mahalnobis mesafe matrisi	152

1. GİRİŞ

Apodemus cinsine ait türler Palearktık bölgenin ılıman bölgelerinde yayılış gösteren kemiricilerdir (Filippucci vd. 2002). *Apodemus*'un alt cinslerinin taksonomik durumlarının belirlenmesinde araştırmacılar arasında fikir birliği sağlanamamıştır. Zimmerman (1962) *Apodemus*'u üç alt cins ayırmıştır: *Apodemus*, *Sylvaemus* ve *Alsomys*. *Apodemus* Kaup, 1829 Orta Avrupa'dan başlayarak Japonya haricinde Asya'ya kadar yayılmıştır. *Sylvaemus* Ognev ve Worobiew, 1923 Batı Avrupa'dan Kuzey Afrika dâhil olmak üzere Orta Asya'ya kadar ve *Alsomys* Dukelski, 1829 Orta ve Doğu Asya, Japonya'da yayılış göstermektedir.

Musser vd. (1996), *Apodemus* cinsini üç alt cins içerisinde gruplandırmışlardır. Bunlar; *Sylvaemus* (*Apodemus sylvaticus*, *Apodemus flavicollis*, *Apodemus uralensis*, *Apodemus mystacinus*, *Apodemus fulvipectus*, *Apodemus hermonensis*, *Apodemus alpicola*, *Apodemus arianus*, *Apodemus hyrcanicus*, *Apodemus ponticus*, *Apodemus rusipes*, *Apodemus wardi*), *Apodemus* (*Apodemus agrarius*, *Apodemus chevrieri*, *Apodemus speciosus*, *Apodemus peninsulae*, *Apodemus latrorum*, *Apodemus droco*, *Apodemus semotus*, *Apodemus gurkha*) ve *Argenteus* (*Apodemus argenteus*).

Serizawa vd. (2000), genetik belirteçler (sitokrom *b* ve IRBP) kullanarak *Apodemus*'u dört gruba ayırmışlardır: *Agrarius* (*A. agrarius*, *A. peninsulae*, *A. semotus*, *A. speciosus*), *Argenteus* (*A. argenteus*), *Gurkha* (*A. gurkha*), *Sylvaticus* (*A. alpicola*, *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*).

Bellinvia (2004), *Apodemus* cinsi içerisindeki farklı türler arasındaki ilişkiyi belirlemek amacıyla mtDNA kontrol bölgelerini inceleyerek türleri iki alt cins içerisine yerleştirmiştir: *Karstomys* (*A. epimelas* ve *A. mystacinus*) ve *Sylvaemus* (*A. alpicola*, *A. flavicollis*, *A. hermonensis*, *A. sylvaticus* ve *A. uralensis*).

Türkiye'de *Apodemus*'un altı türü (*A. mystacinus*, *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. agrarius*, *A. witherbyi* ve *A. uralensis*) yaşamaktadır. Türkiye'deki *Apodemus*'a ait

türlerden *A. mystacinus* dünya üzerinde Yunanistan, Bulgaristan, Yugoslavya, Suriye, Lübnan, Filistin, Irak ve Kafkasya'da yayılışa sahiptir (Ellerman ve Morrison-Scott 1951, Corbet 1978, Musser ve Carleton 1993, Wilson vd. 2017).

A. mystacinus'un ülkemizden ilk kaydı Danford ve Alston (1877) tarafından Mersin-Sebil'den verilmiştir. *A. mystacinus*'un beş alt türü tanımlanmıştır: *A. m. mystacinus* Danford ve Alston, 1877 Mersin-Sebil'de; *A. m. epimelas* Nehring, 1902 Yunanistan ve Ege Adaları'nda; *A. m. smyrnensis* Thomas, 1903 Türkiye'nin batısında; *A. m. rhodius* Festa, 1914 Rodos ve Girit Adaları'nda; *A. m. euxinus* Allen, 1915 Trabzon-Altındere'den kayıt edilmişlerdir. *A. mystacinus* Türkiye'de Trakya Bölgesi haricinde tüm bölgelerde yayılışa sahiptir (Çolak vd. 2004).

A. mystacinus'un taksonomik durumu hakkında farklı görüşler söz konusudur. Türün *Sylvaemus* alt cinsine dahil olduğu (Musser vd. 1996) ya da yalnızca kendisinin olduğu *Karstomys* grubunda bulunması (Storch 1975) durumu tartışmalıdır. Musser vd. (1996) *A. mystacinus*'u *Sylvaemus* alt cinsine dahil etmişlerdir. Liu vd. (2004) ise *Apodemus* grubu içerisinde *Sylvaemus* cinsinin alt cinsi olarak göstermişlerdir. Filippucci vd. (2002) elektroforetik analizlere dayanarak *A. mystacinus*'u *Sylvaemus* alt cinsi içerisinde *A. epimelas*'la birlikte ayrı türler olarak değerlendirmişlerdir.

Çolak vd. (2004) *A. mystacinus*'un morfolojik, karyolojik, bakulum ve fallus özelliklerini çalışmışlar. Biyometrik ve fallus karakterlerinin karşılaştırılmasıyla iki alt türün (*A. m. mystacinus* ve *A. m. epimelas*) birbirinden ayrıldığını tespit etmişlerdir.

Michaux vd. (2005) Balkanlar, Türkiye ve Orta Doğu boyunca yayılış gösteren *A. mystacinus*'un taksonomisi ve biyocoğrafyasını ortaya koymak amacıyla nükleer gen (IRBP) ve mtDNA (sitokrom *b* ve kontrol bölgesi) bölgelerini çalışmışlardır. Bu genetik çalışmalar sonucu iki farklı grup elde edilmiştir: İlki Girit ve Türkiye'nin batısı, ikincisi ise Türkiye'nin kuzeyi, doğusu ve Orta Doğu'dur. Çolak vd. (2014) Türkiye'de yayılış gösteren kayalık faresi *A. mystacinus* populasyonlarının mtDNA (sitokrom *b* ve kontrol bölgesi) ve nükleer DNA sekans analizinde, *A. mystacinus*'un Türkiye'de üç gruba ayrıldığını belirlemişlerdir.

A. flavicollis Kuzey İspanya'dan, kuzeyde Güney Finlandiya ve Güney İsveç'e, güneyde Güney İtalya, Balkanlar ve Yunanistan; doğuda Belarus ve Ukrayna'dan Urallar'a kadar; Türkiye boyunca doğuda Batı Ermenistan, Zagros Dağları'na kadar ve güneyde Suriye, Lübnan ve İsrail'e kadar olan coğrafyada yayılış gösterir (Van der Straeten 1977, Pamukoğlu ve Albayrak 1996, Frynta vd. 2001, Macholán vd. 2001, Filippucci vd. 2002, Kryštufek 2002, Wilson vd. 2017). Bu tür aynı zamanda İngiltere ve Galler, bazı Ege adaları (Vohralik vd. 1996, Özkan ve Kryštufek 1999), Adriyatik Adaları ve Akdeniz'de Korfu Adası'nda (Cheylan 1991) bulunur.

Blagojevic ve Vujosevic (2004) *A. flavicollis* populasyonlarında B kromozomunun sık olarak bulunduğunu ve bu kromozomun bazı karakterler üzerine etki ederek morfolojik ayrımı zorlaştırması sebebiyle taksonomisinde rol oynadığını belirtmişlerdir. Bu kapsamda araştırmacılar B kromozomuna sahip hayvan gruplarında fenotipik çeşitliliğin daha yüksek seviyede olduğunu vurgulamışlardır. Jojić vd. (2007) B kromozomuna sahip olmasının alt çenedeki morfolojik uyum seviyesini artırdığını, alveolar bölgenin belirgin olarak B kromozomu varlığından daha fazla etkilendiği belirtmişlerdir.

A. flavicollis ve *A. sylvaticus* yayılış alanları örtüşen, habitat tercihleri birbirine yakın türlerdir. Marsh ve Harris (2000) *A. flavicollis*'in sıklıkla orman habitatını tercih ettiğini, Hamar vd. (1966) ve Steiner (1968) *A. sylvaticus*'un ormanların yanı sıra, park vb. alanlarla birlikte geniş bir açıda yayılış tercihi gösterdiği belirlenmiştir.

A. sylvaticus Finlandiya, Baltık, Rusya ve İskandinavya'nın kuzeyi hariç tutulduğunda Avrupa'da ve Afrika'nın kuzeyinde oldukça geniş bir alanda yayılışa sahiptir (Wilson vd. 2017). Türkiye'de de yayılışa sahip olduğu araştırmacıların çalışmasıyla belirlenmiştir. Bazı araştırmacılara göre *A. sylvaticus*'un yayılışı Trakya bölgesiyle sınırlıdır. Türkiye'de Kırklareli ve Edirne'de (Yiğit vd. 2003, Çolak vd. 2007), Zonguldak-Çaycuma'da (Filippucci 1996, Michaux vd. 2003) çalışmalar yapılmıştır. Ayrıca Bolu ve Akçakoca'da da yayılışa sahip olduğu (Filippucci vd. 1996, Kryštufek vd. 2009) düşünülmektedir.

Çolak vd. (2005) Trakya'daki *A. flavicollis*, *A. sylvaticus* ve *A. agrarius* örneklerinin morfolojik, karyolojik ve elektroforetik analizlerini yapmışlardır. Esteraz enziminin bu üç türü birbirinden tamamen ayırdığını tespit etmişlerdir. Çolak vd. (2007) Türkiye'deki *Apodemus* cinsine dahil altı tür üzerinde morfometrik ve biyokimyasal analizler yapmışlar ve bu analizler sonucunda bu altı türün birbirlerinden ayrıldığını göstermişlerdir.

Brown ve Dover (1979) *A. sylvaticus* ve *A. flavicollis*'in kromozom satellit DNA sekanslarını restriksiyon enzimleri (Taq I, Alu I ve Hind III) kullanarak kıyaslamışlar ve bunun sonucunda iki tür arasında küçük farklılıkların bulunduğunu ortaya koymuşlardır. Amori ve Contoli (1994) İtalya'da yaşayan *A. sylvaticus* ve *A. flavicollis* türlerinde çevresel şartların ya da rekabetin etkisini incelemiştir. Buna bağlı olarak *A. flavicollis*'in rekabette üstün olan taraf olduğunu ve ormanlık alanlarda yoğun olarak bulunduğunu fakat adalarda bulunmadığını tespit etmişlerdir.

Michaux vd. (1996) Tiren bölgesindeki (Belçika, Fransa, İtalya, Sardinya, Korsika ve Elbe) *A. sylvaticus*'ların taksonomisi ve biyocoğrafyası üzerine yaptığı çalışmada mtDNA ve allozim analizinden yararlanmışır. Allozim analizinde Korsika ve Elbe'den belirli allellere sahip birkaç hayvan hariç tutulduğunda, homojen bir yapı bulunduğunu yani varyasyonların görülmediğini belirtmişler fakat mtDNA analizinde varyasyonlar gözlemlenmişlerdir. Ayrıca Korsika ve Sardina'da bulunan türlerin bu iki adaya insan etkisi ile geldiği belirtilmiştir. Michaux vd. (1996) *A. sylvaticus*'un iki soy hattı tanımlamışlardır. İlki kuzeybatı (Pirene Dağları'ndan İskandinavya'ya kadar), diğeri İtalya ve Tirene Adaları (Elbe, Korsika ve Sardinya). Bu iki hatta ilave olarak Michaux vd. (1998) Sicilya ve Marettimo hattının bulunduğunu belirtmişlerdir. Yapılan mtDNA analizi sonucu Sicilya'nın özel bir soy olarak İtalya ve kuzeybatı hatlarından yüksek seviyede farklılık gösterdiği bulunmuştur. İber ve Fransa'daki hayvanlar arasında nükleotitlerin sekans farklılıklarının seviyesi oldukça düşük olmasından ötürü İber'deki hayvanların İskandinavya'ya kadar uzanan kuzey-batı grubunun bir bölümü olduğu düşünülmektedir (Tegelström 1989, Michaux 1996). Bu veriler, son buzul çağı sırasında Fransa'nın güneyi veya İber yarımadasında bulunan bir sığınaktaki soyun yayılması sonucunda Kuzeybatı Avrupa'nın buzul sonrası kolonileşmesini kuvvetli olarak

desteklemektedir. Bu kolonileşmenin yönü orman faresi (*A. sylvaticus*), boz ayı (*Ursus arctos*) ve bazı akmeşe (*Quercus* spp.) haplotipleri için aynıdır fakat Pireneler'deki iki popülasyona ayrılmış çekirge (*Chorthippus paralellus*) gibi bazı türlerde farklı olduğu gösterilmiştir (Cooper 1995, Tegelström 1989). *A. mystacinus* ve *A. flavicollis* Avrupa'da çok yaygın olarak bulunan türlerdir. Batı ve Orta Avrupa'da birçok ülkeden yayılış kaydı verilmiştir fakat *A. flavicollis* İber yarımadasının güneyinde, Fransa'nın batısında, Kuzey Belçika'da ve Hollanda'da yoktur. Bu iki türün ekolojik tercihleri birbirleriyle örtüşmekle birlikte bu türler simpatriktirler. Bu nedenle türlerin ayrımının yapılmasında sorunlarla karşılaşmaktadır.

Michaux vd. (2003) Avrupa'daki 40 lokaliteden topladıkları *A. sylvaticus* örneklerinde mtDNA sitokrom *b* analizi yaparak filocoğrafyasını araştırmışlardır. Türkiye'den yalnızca bir örnek bu çalışmada analizlere dahil edilmiştir. Avrupa popülasyonlarının iki ana soy hattına sahip oldukları belirtilmiş olup bunlardan ilki güneyde İspanya'nın güneyinden kuzeyde İsveç'in güneyi ve doğuda Ukrayna'ya kadar, ikinci soy ise İtalya, Balkanlar ve Türkiye'nin batı kısmıdır. Bu durum iki farklı sığınaktaki (İber ve İtalya-Balkanlar) orman farelerinin buzul döneminde izole olmasıyla ilişkilendirilmiştir. Bu izolasyonda Alp Dağları'nın biyocoğrafik bir bariyer olarak rol oynadığı ve uzun zaman süresince ayrı kalan bu türler arasında genetik alışverişi engellediği, güçlü genetik farklılıklara yol açtığı düşünülmektedir. Bunun aksine, Kuvaterner buzul dönemlerinde Adriyatik Denizi'nin seviyesindeki düşme sonucu İtalya ve Balkanlar'daki orman faresi popülasyonlarının ilişki kurmasına yol açtığı düşünülmektedir. Aynı şekilde son buzul döneminde Marmara Denizi'ndeki kuru bölgelerin yer değiştirmesiyle Balkanlar ve Batı Türkiye'deki popülasyonlar arasında etkileşim olduğu önerilmiştir (Michaux vd. 2003). Bununla birlikte Helvacı vd. (2012) *Glis glis*'in Avrupa'dan, daha doğudaki Asya'ya buzul dönemlerindeki geçişlerde boğazların bariyer olarak etkisinin azaldığını, bunun yerine iklimsel ve vejetasyon faktörlerinin daha çok önem kazandığını ifade etmişlerdir. Orta Karadeniz kıyıları ve daha doğudaki bölgelerdeki popülasyonlar arasındaki ikincil bir farklılaşmada iklimsel, topoğrafik, insan etkisi ve ekolojik faktörlerin karmaşık bir etkileşimine bağlanmıştır.

Barciova ve Macholan (2006) Çek Cumhuriyeti'nde yaptıkları çalışmada *A. sylvaticus* ve *A. flavicollis* popülasyonları arasındaki ilişkiyi geleneksel ve geometrik morfometri ile açıklamaya çalışmışlar. İki tür arasındaki morfometrik farklılıklarının sebeplerinin ekolojik nedenlerden (besin bulunabilirliği, izolasyon ve şehirleşme) ileri geldiğini vurgulamışlardır.

Chelomina vd. (2007)'nin mtDNA sitokrom *b* geninin 420 baz çiftinden oluşan bir parçası temelinde yaptıkları çalışma sonucunda *A. sylvaticus*'un, diğer üç türden (*A. flavicollis*, *A. hermonensis* ve *A. uralensis*) en erken ayrılan dalı temsil etmesi yönüyle farklı olduğu, *A. hermonensis* ve *A. flavicollis* bir küme oluştururken, *A. uralensis* bu iki türe uzak akraba olduğu görülmüştür.

Bugarski-Stanojevic vd. (2008) Sırbistan'daki *Apodemus* cinsine ait üç tür (*A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. agrarius*) arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla RAPD-PCR yöntemiyle benzer AP-PCR yöntemini kullanmışlardır. *A. flavicollis* ve *A. sylvaticus* aynı filogenetik dalda gruplanırken, *A. agrarius* bu iki türden ayrı bir dalda gruplandığı görülmüştür.

Barciova ve Macholan (2009) morfolojik olarak birbirine benzeyen *A. sylvaticus* ve *A. flavicollis* türlerini birbirlerinden ayırımını sağlayan bir teşhis anahtarıyla türlerin birbirlerinden ayırımını sağlayan karakterlerin alt diş sırasının uzunluğu, kondilobasal uzunluk ve timpanik bulla uzunluğu olduğunu belirtmişlerdir.

Michaux vd. (2004) Türkiye ve Yakın Doğu'daki *A. flavicollis* popülasyonlarının Avrupa'dan farklı olduğunu, bu farklılığa sebep olan biyocoğrafik bariyerler olarak Karadeniz ve Kafkaslar'ın rol oynadığını belirtmişlerdir. Bu kapsamda Batı Paleartik bölgenin tamamının Balkan popülasyonu tarafından kolonileştiğini fakat doğu popülasyonlarının Karadeniz ve Kafkaslar tarafından engellendiği açıklanmıştır. Bu sebepten ötürü Paleartik memelileri için Türkiye'nin yanı sıra Yakın ve Orta Doğu bölgelerinin de bir sığınak olarak işlev gördüğü belirtilmiştir.

Michaux vd. (2005) *A. flavicollis* ve *A. sylvaticus* filocoğrafyalarının araştırıldığı çalışmada son buzullaşmanın sonunda hemen hemen tüm Avrupa'nın İber Yarımadası'nda yaşayan *A. sylvaticus* tarafından yeniden kolonileştiği belirtilmiştir. Holosen'de *A. sylvaticus*'un ciddi derecede genetik dar boğazdan zarar gördüğü İtalya-Balkan bölgesiyle örtüşen ve Kuzey İspanya'yı da içerisine alanda ise *A. flavicollis*'un kolonileştiği belirtilmiştir.

Çolak vd. (2015) Türkiye'de yayılış gösteren *A. flavicollis* populasyonlarının mikrosatellit ve mtDNA sitokrom *b* bölgesi dizi analizi çalışmalarında *A. flavicollis* populasyonlarının Asya ve Avrupa olmak üzere iki gruba ayrıldıklarını, Trakya bölgesinde *A. f. brauneri* ve Anadolu'da *A. f. saturatus* alt türlerinin birbirlerinden ayrı gruplarda dallanma gösterdiğini ortaya koymuşlardır.

A. agrarius Paleartik ve Oryantal olmak üzere iki parça halinde yayılış göstermektedir. Bunlardan ilki Orta Avrupa'dan (Finlandiya'nın güneyi, Baltık bölgesi, Polonya, Almanya, Kuzeydoğu İtalya ve Balkan ülkeleri boyunca Yunanistan, Romanya, Bulgaristan, Türkiye'nin Trakya bölgesi) doğuda Kafkaslar'a, Kazakistan ve Kırgızistan, Baykal Gölü'nün batısı, Moğolistan ve Kuzeybatı Çin'dir. Diğer kısım Uzakdoğu Rusya'daki Amur Nehri'nden, Kore, Çin, Tayvan'a kadar ulaşmaktadır (Karaseva vd. 1992, Wilson vd. 2017).

Karaseva vd. (1992) türün insan kökenli bir etkiyle yayılış alanını genişlettiğini belirtmişlerdir. Hille ve Meinig (1996) *A. agrarius*'un Avrupa'daki üç alt türü *A. a. agrarius* (Batı Avrupa, Çek, Polonya, Estonya, Ukrayna, Romanya ve Moldova), *A. a. kahmanni* (Yugoslavya, Yunanistan ve Balkan yarımadası) ve *A. a. istrianus*'u (Slovenya) elektroforetik ve kraniometrik karakterini kıyaslayarak bu iki taksonu birbirlerinden ayıran farklılıkları belirtmişlerdir. Araştırmacılar Avrupa'daki populasyonlar arasında genetik çeşitlilik seviyesinin düşüklüğüne dikkat çekmişler, daha sonra Martín Suárez ve Mein (1998), Kowalski (2001) yaptıkları çalışmalarla türün Asya'dan Avrupa'ya göç ettiğini belirtmişlerdir. Kartavtseva ve Pavlenko (2000) Avrupa, Sibirya ve Uzak Doğu'daki *A. agrarius*'un alt türlerinin kromozom varyasyonlarını çalışmışlardır.

Suzuki vd. (2003) Nükleer IRBP ve mtDNA sitokrom *b* çalışmalarıyla *A. agrarius*'a en yakın tür olarak *A. chevrieri*'yi bulmuşlar ve bu grup içerisinde ayrıca *A. peninsulae*, *A. draco*, *A. semotus*, *A. latronum* ve *A. speciosus* türlerinin bulunduğunu ortaya koymuşlardır. Araştırmacılar *A. argenteus* ve *A. gorkha* ise farklı yerlerde gruplandıklarını göstermişlerdir.

Atopkin vd. (2007) Avrupa-Sibirya ve Uzak Doğu-Çin'i içerisinde bulduran iki bölgedeki *A. agrarius*'ların genetik varyasyonlarını ve farklılaşmalarını RAPD-PCR analizini kullanarak çalışmışlardır. Ayrıca araştırmacılar Uzak Doğu populasyonlarının Avrupa-Sibirya'ya oranla daha polimorfik olduklarını belirtmişlerdir.

Aguilar vd. (2008) küçük memeli kemiklerinden çıkarılan kollejenin radyokarbon tarihlendirme (C^{14}) yöntemiyle incelenmesi sonucu İ.Ö. 17,417-17,044 tarihine karşılık gelen Fransa'nın güneybatısında (Bouziés-Q bölgesi) Geç Pleistosen'e ait çizgili orman faresi (*A. agrarius*) soyu bulmuşlardır. Bu durum soyun günümüzdeki dağılım alanı içerisinde tespit edilmiş ve aynı zamanda daha genç olan, bu zamana kadar bilinen birkaç fosil populasyonun Pleyistosen'in son soğuk evresinin sonunda olduğu düşünülen çizgili orman faresinin batı yayılışının daha fazla olduğunu göstermiştir. Radyokarbon tarihlendirme verileri bu türün Avrupa içerisine son genişleme hipotezini desteklemektedir. Diş morfolojisi *A. sylvaticus* veya *A. flavicollis* bakımından farklılıklar gösterse de, *A. agrarius*'un günümüzdeki Batı Avrupa ve Bouziés-Q populasyonları arasında kısa zaman dönemi içerisinde olmasına rağmen muhtemelen alt tür seviyesinde evrimleşmeyi kayda değer biçimde işaret etmektedir.

A. agrarius için Türkiye'den ilk kaydı Kahmann (1961) tarafından İstanbul Belgrad ormanından verilmiştir. Daha sonra bazı araştırmacılar tarafından İstanbul-Kemberburgaz ve Kırklareli-Demirköy'den kayıtlar verilmiştir (Yiğit vd. 2000, Krystufek ve Vohralik 2009). İstanbul ve Kırklareli örneklerini Doğramacı (1974) yapmış olduğu tez çalışmasında morfolojik karakterlerini, Yiğit vd. (2000) çalışmasıyla karyolojik özelliklerini, Verimli vd. (2000) ise SDS-PAGE (sodyum dodesil sülfat-poliakrilamid jel elektroforez) ile kan serum proteinlerini incelemişlerdir. Çolak (2006) Trakya'da

yayılsa sahip üç türün (*A. sylvaticus*, *A. flavicollis* ve *A. agrarius*) süperoksitdismutaz (SOD) enzimiyle birbirlerinden ayrıldığını ortaya koymuştur.

A. witherbyi Güney Ukrayna'da Dnepr Nehrinin doğusundan Kafkaslar'a kadar, Anadolu'da ve Bozcaada'da (Kryštufek vd. 2009), güneyde Kuzey İsrail ve Kuzey Batı Ürdün'e (Benda ve Sádlová 1999) Kuzey ve Orta İran'a, doğuda Pakistan'a kadar yayılışa sahiptir (Filippucci vd. 1989, Mezhzherin 1997, Zagorodnyuk vd. 1997). Türkiye'de Trakya Bölgesi hariç tüm bölgelerimizde yayılış gösterir. Bu tür ilk olarak Ellerman (1941) tarafından *Mus sylvaticus*'un alt türü olarak değerlendirilmiş daha sonra *A. sylvaticus*'un alt türü olarak yeniden isimlendirilmiş ve Ellerman ve Morrison-Scott (1951) *A. sylvaticus arianus*'un sinomi olarak kullanmış, Corbet (1978) tarafından *A. sylvaticus*'un sinonimi olarak ele alınmıştır. Filippucci vd. (1989) Akdeniz'in doğusunun Asya kıyılarında *A. sylvaticus*'un bulunmadığını belirterek *A. hermonensis* ismini kullanmışlardır. *A. witherbyi*'nin sinonimleri olarak *A. fulvipectus*, *A. hermonensis* ve *A. falzfeini* kullanılmış daha sonra yapılan çalışmalarla ayrı türler oldukları bulunmuştur (Filippucci vd. 1989, Musser ve Carleton 1993, Filippucci vd. 1996, Chelomina 1998, Çolak 2003).

Türkiye ve Kuzey İran'da yapılmış morfolojik ve allozim çalışmalarında *A. hermonensis* örnekleri tespit edilmiş ve *A. fulvipectus*'un sinonimi (ya da olası junior sinonimi) olduğu belirtilmiştir, fakat Michaux vd. (2002) mtDNA analizleriyle ayrı türler olduklarını ortaya koymuştur.

Kryštufek (2002) *A. hermonensis*'den *A. iconicus*'a verilmiş eski bir taksonomik isimlendirme olarak bahsetmiş ve taksonomik tanımlanmalarıyla ilgili bir şüphe olmadığını, İran'dan tanımlanan *A. hermonensis*'in Anadolu *A. iconicus*'u ile aralarında işitme kapsülü büyüklüğü farkı olduğunu vurgulamıştır.

Verimli vd. (2001) *A. flavicollis* ve *A. hermonensis*'in kan serum proteinlerini incelemişler ve bu iki türün farklı bant yapıları gösterdiklerini belirlemişlerdir. Çolak (2002) çalışmasında Karadeniz Bölgesi'ndeki *Apodemus*'ların kan serum proteinlerini

SDS-PAGE yöntemiyle çalışmışlardır. Çolak (2003) *A. iconucus*'un karyolojisi, bakulum ve fallus özelliklerini incelemiştir.

A. uralensis Orta Avrupa ve Baltık Bölgesi'nde (Kuzeybatı Litvanya, Letonya ve Estonya), doğuda Batı Rusya, Ukrayna ve Altaylar'a kadar olan bölgede, güneyde Kafkaslar ve Türkiye'nin kuzey hattı boyunca yayılış göstermektedir (Filippucci vd. 1996, Mezhzherin 1997, Frynta vd. 2001). Anadolu ve Kafkaslarda nehir ve çay kenarları boyunca yoğun çalılıkların bulunduğu ormanlarda bulunma eğilimi gösterirler (Storch 1999). Diğer *Apodemus* cinsi türlerine nazaran daha küçük vücut büyüklüğüne sahip olmasıyla birlikte *Sylvaemus* alt cinsi içerisine dahil edilmiştir.

A. uralensis, bazı çalışmalarda *A. sylvaticus*'un alttürü olarak (Ellerman ve Morrison-Scott 1951, Corbet 1978, Pavlinov ve Rossolimo 1998), bazı çalışmalarda ise *A. microps* olarak değerlendirilmiştir (Musser ve Carleton 1993, Pavlinov ve Rossolimo 1998, Kuncová ve Frynta 2009). Filippucci vd. (1996) ve Macholán vd. (2001) yapmış oldukları çalışmalarla Avrupa'daki *A. microps* örneklerinin Asya'daki *A. uralensis* örnekleriyle aynı olduklarını ve bunların sinonim olduklarını ortaya konmuşlardır. *A. uralensis* kromozom bantlama tekniği ile yapılan bir çalışmada, *Sylvaemus uralensis* olarak süpertür yapıp *Sylvaemus mosquensis* ve *Sylvaemus ciscaucasicus* olarak iki türü verilmiştir (Orlov vd. 1996).

Balakirev vd. (2007) *ciscaucasicus* formunun taksonomik durumunu (*S. ciscaucasicus*'tan bağımsız bir form mu yoksa *S. uralensis*'in tür içi formu mu olduğunu) belirlemek amacıyla Kafkaslar'ın altı coğrafik bölgesinden *ciscaucasicus* bireylerini ve Doğu Avrupa'dan (Rusya) *S. uralensis*'in mtDNA sitokrom *b* gen bölgesini (402 bp) çalışmışlar. Rusya ve Kafkaslar arasında çok belirgin bir bariyer olmayışından herhangi bir genetik izolasyon (Avrupa ve Kafkaslar arasında) saptanamadığını belirtmişlerdir. Araştırmacılar cüce orman faresi *S. uralensis*'in Kafkasya populasyonlarına verilen *S. ciscaucasicus*'un tür statüsünün geçersiz olduğunu belirtmişlerdir. Ancak *S. uralensis*'in Kafkasya populasyonlarının özgünlüklerini belirten farklı kromozomal belirteçlere (perisentrik C bloklarının sayısında azalma) sahip olduklarının hariç tutulması gerektiğini açıklamışlardır. Bu kapsamda, bu

özgünlük ve özellikle onların coğrafik durumlarına bağlı olarak, bir tür olarak değil fakat Kafkasya'da yaşayan *S. uralensis*'in coğrafik bir formunu ifade eden *ciscaucasicus* isminin kullanımının önerilebileceği belirtilmiştir.

Bogdanov vd. (2009) *S. uralensis*'in Asya ve Avrupa ırkları arasındaki genetik varyasyon ve farklılaşmayı RAPD-PCR yöntemini kullanarak incelemişlerdir. İki ırk kıyaslanmasıyla Asya ırkının yüksek bir izolasyon seviyesiyle Avrupa'dan ayrıldığını göstermişlerdir.

Darvish vd. (2015) *Apodemus* cinsine ait İran ve Türkiye'den beş (*A. witherbyi*, *A. hyrcanicus*, *A. uralensis*, *A. cf. ponticus*, *A. mystacinus*), Afganistan'dan bir (*A. pallipes*) türün mitokondriyal DNA *cytb* gen bölgelerini çalışmışlardır. Araştırmacılar İran'da *A. sylvaticus* ve *A. flavicollis*'in bulunmadığı belirterek, diğer türler arasındaki genetik ilişkileri ortaya koymuşlardır.

Wilson vd. (2017)'e göre *Apodemus ponticus* Türkiye'ye komşu Gürcistan'da ve Kafkasya'nın diğer bölgelerinde yayılış göstermektedir. Ayrıca Wilson vd. (2017) *A. ponticus*'un Türkiye'de yayılış gösteren *A. flavicollis*'e morfolojik olarak çok benzediğini vurgulamıştır.

Türkiye bulunduğu coğrafik konumu ve jeolojik geçmişi bakımından irili ufaklı birçok adaya sahiptir. Bunlardan en önemlileri Gökçeada, Marmara Adası ve Bozcaada'dır. Bu adaların jeolojik geçmişleri üzerinde birçok araştırma yapılmış olmasına karşın adalarda yaşayan memeli hayvanların filocoğrafik ve genetik özelliklerini ortaya koyan çalışmalar yok denecek kadar azdır (Ünverdi 2016, Şeker vd. 2017).

Yukarıda verilen literatür özetinden Türkiye'de altı türün (*A. agrarius*, *A. mystacinus*, *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. witherbyi* ve *A. uralensis*) yayılış gösterdiği anlaşılmaktadır. Bu türlerin dışında Türkiye'ye komşu Kafkasya'da *A. ponticus*'un yaşadığı belirtilmektedir. Buna karşın Kuzey Anadolu bölgesinde yayılış gösteren *Apodemus* türlerinin mitokondriyal DNA'nın sitokrom *b* ve kontrol bölgeleri analizleri

detaylı bir şekilde yapılmamıştır. Kuzey Anadolu bölgesinde ormanlık alanlarda bir arada yaşayarak konvergensi sonucu birbirine benzeyen ve morfolojik olarak ayrılmaları zor olan *Sylvaemus* türlerinin (*A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. uralensis*, *A. witherbyi*) mtDNA özelliklerine göre bölgedeki yayılışları ortaya konmamıştır. Ayrıca Türkiye'ye komşu Kafkasya'da yayılış gösteren *A. ponticus*'un Kuzey Anadolu bölgesindeki varlığı kesinlik kazanmamıştır.

Yukarıda belirtilen taksonomik problemlerin çözümünün yanında Trakya ve Kuzey Anadolu'da yayılış gösteren *Apodemus* cinsine ait bütün türler ve bu türler içinde farklı olduğu tespit edilecek populasyonlar arasındaki filogenetik ilişkilerin kapsamlı ve moleküler düzeyde mtDNA dizi analizi ile ortaya konulması amaçlanmıştır. Bununla beraber evrimsel açıdan öneme sahip, izole olmuş ada populasyonları (Marmara Adası, Gökçeada ve Bozcaada) ile Trakya bölgesindeki populasyonlar ve Anadolu'daki populasyonlar arasındaki genetik ilişkiler ilk kez bu tez çalışması ile karşılaştırılacaktır. Her bir tür için tespit edilen soy hatlarının filogenetik ilişkileriyle beraber türlerin filocoğrafik örgülerinin tespit edilmesi amaçlanmıştır. Her bir türün mtDNA dizileri ile beraber ortaya konacak yeni haplotipler de Genbank aracılığıyla bilim âlemine duyurulacaktır. İncelenen populasyonlara ait genetik parametreler ortaya konularak Türkiye'nin biyoçeşitliliğine ve yaban hayatı yönetimine yönelik yapılacak daha sonraki çalışmalara katkı sunması bakımından yeni moleküler veriler elde edilecektir.

2. KURAMSAL TEMELLER

2.1 Takım: Rodentia

Kemiriciler iki binin üzerindeki tür sayısı ile (2475) memeli hayvanlar sınıfının en geniş takımıdır ve dünya üzerinde yaşayan memeli hayvanların yaklaşık olarak % 40'ını oluştururlar (Wilson vd. 2016, 2017).

Antarktika, Yeni Zelanda ve bazı okyanus adaları hariç dünya üzerinde oldukça geniş bir alanda yayılış gösterirler. Ekolojik bakımdan oldukça farklı habitatlara uyum sağlamışlardır. Birçoğu step, orman, çöl gibi karasal habitatlarda yaşarken, bazı kemiriciler toprakaltı yaşamı için özelleşmiştir. Yarı sucul ve ağaç üzerinde yaşayan kemirici türleri de vardır. Vücutlarında yaşam ortamlarına bağlı olarak çeşitli adaptasyonlar meydana gelmiştir. Toprak altı yaşama adapte olanlarda gözler küçülmüş ya da körelerek deri altında kalmıştır. Gözler gececi olanlarda büyüktür, suda yaşayanlarda başın üst kısmındadır. Gözlere benzer olarak kulaklar da toprak altı ve suda yaşayanlarda küçülmüştür. Kazııcı ve ağaçta yaşayan türlerde tırnaklar uzamıştır (Demirsoy 1992).

Kemiricilerin diğer takımlardan ayrılmasında kullanılan belirgin yapısal özellikler her iki çenede bulunan kesici dişler ve üst çenelerinde köpek ve ön azı dişlerinin kaybolması sonucunda oluşmuş, beslenme esnasında besinlerin toplanmasına yarayan ve diastema olarak bilinen boşluktur. Kesici dişler köksüzdür, yani sürekli büyüme eğilimi gösterirler. Kesici dişler zarar gördüğünde ya da yerinden söküldüğünde yerine yenisi çıkmadığından dolayı kemirme işlemi gerçekleştirilemez ve dolayısı ile bu da hayvanın ölümüne sebep olur (Demirsoy 1992).

Kemiriciler çiğneme kaslarının konumu ve kafatası özelliklerine göre Sciuromorpha, Castorimorpha, Myomorpha, Anomaluomorpha ve Hystricomorpha olmak üzere 5 alttakıma ayrılır (Wood 1965).

Kemiriciler genelde herbivordur ancak, bazı türler omnivordur. Bazı türlerde besin toplamaya yarayan yanak keseleri vardır. Kemiriciler basit bir mideye sahiptir. Kuyrukları uzundur ve bazı türlerde pullarla kaplıdır. Oldukça hızlı ürerler. Gebelik süreleri 16 ile 170 gün arasındadır. Yılda birkaç kez doğururlar. Bir seferde 1 ile 18 arası yavru yaparlar. Kuduz ve veba gibi hastalıkları taşırlar. Bazı türleri de tarım zararlısıdır (Demirsoy 1992).

2.2 Familya: Muridae

Muridae fareler, sıçanlar ve diğer birçok yakın akrabalarının içerisinde yer aldığı büyük bir familyadır. Wilson vd. (2017)'e göre 816 tür ile temsil edilirler. Antartika ve Yeni Zelanda hariç her kıta üzerinde çeşitli habitatlar üzerinde yaşayabilirler (Steppan vd. 2004). Bu familyanın sistematığının belirlenmesinde belirsizlikler ve anlaşmazlıklar vardır (Miller ve Gidley 1918, Simpson 1945, Hooper ve Musser 1964, Carleton ve Musser 1984). Musser ve Charleton (1993) bu grubun üyelerini, alt ailelerin birbirleriyle olan ilişkilerinin nasıl olduğunu belirleme gücünü nedeniyle tek bir aile içerisinde kalmalarının uygun olacağını belirtmişlerdir.

2.3 *Apodemus* Kaup, 1829

Apodemus cinsi nispeten uzun arka bacaklı ve belirgin bir dış değişikliği olmayan küçük-orta büyüklükte canlılardır. Kuyruk uzun ve belirgin şekilli, biraz kıllıdır. Kürkü yumuşaktır. Beş parmaklı ve altı yastıkçıklı ayak ayaları çıplaktır. Kafatası derindir. Rostrum uzundur. (Kryštufek ve Vohralik 2009).

Wilson vd. (2017)'e göre *Apodemus* içerisinde 20 tür tanımlanmıştır (*A. agrarius*, *A. alpicola*, *A. argenteus*, *A. chevrieri*, *A. draco*, *A. epimelas*, *A. flavicollis*, *A. gorkha*, *A. hyrcanicus*, *A. latronum*, *A. mystacinus*, *A. pallipes*, *A. peninsulae*, *A. ponticus*, *A. rusiges*, *A. semotus*, *A. speciosus*, *A. sylvaticus*, *A. uralensis*, *A. witherbyi*).

2.3.1 *Apodemus agrarius* (Pallas 1771)

Pallas (1771) tarafından *Mus agrarius* olarak tanımlanmıştır.

Türkçe Adı: Çizgili orman faresi

Tip Yeri: Simbirsk (Uljanovsk), Volga, Rusya

2.3.2 *Apodemus sylvaticus* (Linnaeus 1758)

Linnaeus (1758) tarafından *Mus sylvaticus* olarak tanımlanmıştır.

Türkçe Adı: Uzun kuyruklu kır faresi

Tip Yeri: Uppsala, İsveç

2.3.3 *Apodemus uralensis* (Pallas 1811)

Pallas (1811) tarafından *Mus sylvaticus* var. *uralensis* olarak tanımlanmıştır.

Türkçe Adı: Ural faresi

Tip yeri: Ural Dağları, Rusya

2.3.4 *Apodemus flavicollis* (Melchior 1834)

Melchior (1834) tarafından *Mus flavicollis* olarak tanımlanmıştır.

Türkçe Adı: Sarı boyunlu orman faresi

Tip yeri: Sielland, Danimarka

2.3.5 *Apodemus mystacinus* (Danford ve Alston 1877)

Danford ve Alston (1877) tarafından *Mus mystacinus* olarak tanımlanmıştır.

Türkçe Adı: Kayalık orman faresi, Doğu geniş dişli orman faresi, geniş dişli orman faresi

Tip Yeri: Mersin, Sebil, Bolkar Dağları, Türkiye

2.3.6 *Apodemus witherbyi* (Thomas 1902)

Thomas (1902) tarafından *Mus witherbyi* olarak tanımlanmıştır.

Türkçe Adı: Step faresi

Tip Yeri: Shul, Fars, İran

2.4 Filocoğrafya ve Mitokondriyal DNA

Filocoğrafya soy hatlarının özellikle yakın akraba türlerin arasındaki ve içindeki soy hatlarının coğrafik dağılımlarını yöneten süreçler ve ilkelerle ilgilenen bir çalışma alanıdır. Filocoğrafya, soy hatlarının mekânsal yayılımlarının tarihi ve filogenetik bileşenleri ile ilgilenir. Zaman ve mekân, ilgilenilen belirli soy hattının haritasını çıkaran filocoğrafya ekseninde birlikte göz önünde tutulur (Avisé 2000).

Soy hatlarının yayılımlarının analizi ve yorumlanması, moleküler genetik, populasyon genetiği, etoloji, demografi, filogenetik biyoloji, paleontoloji, jeoloji ve tarihsel coğrafya alanlarından kapsamlı verilerin elde edilmesini gerektirir. Bundan dolayı, filocoğrafya farklı mikro (etoloji, demografi populasyon genetiği) ve makro evrimsel

disiplinlerin (tarihsel coğrafya, paleontoloji, filogenetik biyoloji) kesişme noktalarına uzanan birleştirici bir faaliyettir (Awise 2000).

Günümüzde, DNA kullanan çok sayıdaki teknik yeni analitik metotlar ve son zamanlardaki paleoklimatik ve jeolojik çalışmalarla birleştirilmiştir ve böylelikle dünya üzerindeki genetik çeşitliliğin yayılışını ve nasıl evrimleştiğini anlamak daha da olası hale gelmiştir. Daha derin filogenetik geçmiş için daha yavaş evrimleşen dizilere ihtiyaç duyulurken, belki sadece on binlerce yılla ölçülen yakın zamandaki evrimsel olaylar için daha fazla çeşitlilik gösteren ya da daha hızlı evrimleşen belirteçlere gereksinim vardır (Awise 2000).

İnsan mitokondriyal DNA'sı 16.539 baz çifti uzunluğunda halkasal, çift iplikli bir moleküldür. Bu molekül oksidatif fosforilasyon sisteminin 13 alt ünitesi, 2 ribosomal RNA (rRNA) ve 22 tane transfer RNA (tRNA) olmak üzere toplam 37 gen kodlar. Mitokondriyal DNA hücre çekirdeği yerine hücrenin enerji üretiminden sorumlu organeli olan mitokondri içinde bulunur. Hücrenin içerdiği mitokondri sayısı ile doğru orantılı olarak mitokondriyal DNA'nın yüksek sayıda kopyası mevcuttur. Mitokondriyal DNA'nın evrimsel ve popülasyon tarihine yönelik çalışmalarda yaygın olarak kullanılmasının nedenleri; yüksek kopya sayısı, maternal kalıtım, rekombinasyon olmaması ve çoğunlukla çekirdek DNA'sına göre daha yüksek mutasyon oranına sahip olmasıdır (Pakendorf ve Stoneking 2005).

2.4.1 Sitokrom *b* ve kontrol bölgesi

Sitokrom *b* bölgesi mitokondriyal DNA'nın protein kodlayan bir bölgesidir. Sitokrom *b* geni filogenetik araştırma aracıdır. Protein kodlayan bir bölge olması sebebiyle sitokrom *b* dizilerinin hizalanması, memeli takımlarının kökenini saptamada hem rekombinant DNA (rDNA) hem de uzak akrabaların kodlanmayan dizilerinin hizalanmasından daha kolaydır (Meyer ve Wilson 1990, Irwin vd. 1991).

Kontrol bölgesi başlıca düzenleyici fonksiyonlardan sorumludur ve mtDNA'nın protein kodlamayan bölgesidir. Yaklaşık 1100 baz çifti uzunluğundadır (Pakendorf ve Stoneking 2005). Kontrol bölgesinin merkezinde daha fazla korunmuş alan ve bunun sağ ve sol tarafında yüksek çeşitlilik gösteren iki alan bulunmaktadır. Buna ilaveten yüksek çeşitlilik gösteren alanların bir tanesinde üç tane (bazen iki) tipik olarak korunmuş dizi blokları (CSB) bulunmaktadır. D-loop kontrol bölgesinin mikroskop altında görülebilen ve DNA replikasyonu ile ilgili bölgesidir (Awise 2000). D-loop bölgesini ihtiva eden kodlanmayan kontrol bölgesi birçok çalışmaya göre (Upholt ve Dawid 1977, Walberg ve Clayton 1981, Chang ve Clayton 1985) mitokondriyal DNA'nın en hızlı evrimleşen kısmıdır (Hoelzel vd. 1991).

2.5 DNA'nın Elde Edilmesi, Polimeraz Zincir Reaksiyonu ve DNA Dizi Analizi

Farklı biyolojik kaynaklardan, organizmaların sahip olduğu toplam genomik DNA'nın saflaştırılabilmesi için farklı yöntemler bulunmaktadır. Bu yöntemler biyolojik kaynağa göre farklılık gösterse bile esasında ardışık üç basamaktan oluşur. Birinci aşama, fiziksel ya da kimyasal yolla hücrenin parçalanmasıdır. Bu işlem sırasında hücre içinde bazı özel proteinler ve RNA ile karmaşık bir yapı oluşturan DNA molekülünün, bu karmaşık yapının bozularak suda çözünebilir hale geçmesi için bazı ekstraksiyon çözeltileri kullanılır. İkinci aşamada serbest ya da suda çözünür hale getirilen DNA molekülleri santrifüjleme işlemi ile hücre kalıntılarından ayrılır. Sonrasında fenol-kloroform uygulaması yapılarak DNA, proteinler, RNA ve diğer makromoleküllerden temizlenir. Üçüncü aşamada diğer hücresel bileşenler ve moleküllerden ayrılan ve sulu fazda çözülmüş halde bulunan DNA çöktürülerek saflaştırılır ve geri kazanılır. Bunun için saf etanol ve soğuk koşullarda (-20 ve -70 °C) inkübasyondan faydalanılır (Gözükırmızı vd. 2011).

Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR), in vitro koşullarında DNA dizilerinin çoğaltılması esasına dayanmaktadır. Temel olarak üç basamaktan oluşmaktadır. Birinci basamakta DNA'nın kalıp zincirinin yüksek sıcaklıkta (90-95 °C) çift sarmal yapısının bozularak tek sarmal yapı elde edilmesi sağlanır. Bu süreç yaklaşık beş dakika sürmektedir. İkinci basamakta temel amaç primerlerin açılan DNA zincirlerine bağlanmasıdır. Reaksiyon

sıcaklığı, 37-65 °C'ye düşürülerek oligonükleotid primerlerin açılan DNA zincirlerinin kendi baz dizilerine karşılık gelen bölgeye yapışması sağlanır. Bu işlem, üretilecek baz uzunluğuna bağlı olarak 30-60 saniyede gerçekleşmektedir. Üçüncü basamak ise primerlerin uzaması işlemidir. Yüksek ısıya dayanıklı olan Taq DNA polimeraz enzimi en yüksek aktivite gösterdiği 72 °C'de nükleotitleri 5' uçtan 3' uca doğru ekleyerek primerlerin uzamasını sağlar ve hedef DNA'nın çift zincirli kopyasını yapar. Bu üç basamaktan oluşan pcr bir devirdir. Genellikle 30-40 devir yapılarak kalıp DNA'nın milyonlarca kopyası oluşturulur.

DNA dizileme, DNA molekülünün istenilen bölgesinin nükleotid sırasının tam olarak belirlenmesidir. DNA dizilemek için hemen hemen aynı zamanda geliştirilmiş olan Maxam-Gilbert kimyasal yıkılım metodu ve Sanger-Coulson zincir sonlandırma metodu olmak üzere iki teknik mevcuttur. Uygulanması tamamen farklı olan bu iki teknik kısa zamanda birkaç kilobaz uzunluğundaki DNA dizilerinin belirlenmesini sağlar. Kimyasal yıkılım tekniğinde kullanılan kimyasalların toksik olmasından ve kullanıcı sağlığına zarar vermesinden dolayı günümüzde yapılan çalışmalarda zincir sonlandırma tekniği yaygın olarak kullanılmaktadır. Bununla birlikte zincir sonlandırma tekniğinin yaygın olarak kullanılmasının esas nedeni bu tekniğin otomatikleştirilebilmesinin nispeten daha kolay olmasıdır (Brown 2009). Zincir sonlandırma yöntemi temelde kalıp DNA molekülüne bağlanan ve normal hidroksil grubu taşıyan deoksiribonükleotid trifosfatların (dNTP) mevcudiyetinde DNA sentezin devam etmesi ve dideoksiribonükleotid trifosfatların (ddNTP) DNA molekülüne bağlandığı yere göre de polimerizasyon reaksiyonunun DNA üzerinde parçalı olarak gerçekleşmesi prensibine dayanmaktadır. Bu yöntemin sonunda poliakrilamid sekans jeline yüklenen ve reaksiyonda zincir sonlanmasına neden olan floresan işaretli dideoksiribonükleotid trifosfatlar jelde yürüme sıralarına göre floresan temelli otomatik dizi analiz sisteminde detektörden geçerken lazer ile farklı renklerde işaretlenerek dizileme işlemi gerçekleştirilir (Gözükırmızı vd. 2011).

2.6 Filogenetik Analizlerde Kullanılan Yöntemler

Günümüzde gerçekleştirilen birçok çalışmada kullanılan DNA dizi verilerinin analizi için çoğunluğu internet üzerinden kolaylıkla erişilebilen ve kullanım açısından karmaşık olmayan birçok biyoinformatik araç mevcuttur. Bunlardan ClustalW, BioEdit ve ChromasPro gibi bazıları çalışılan genomun belirli bir bölgesine ait sekanslardan oluşan veri setinin hazırlanması için kullanılır. jModeltest, MEGA gibi bazı biyoinformatik araçlar da veri seti için uygun nükleotid değişim modelinin (evrimsel modelin) belirlenmesinde kullanılır. MEGA, PAUP, MrBayes, BEAST, Network ve TCS gibi bazı yazılımlar ise evrimsel uzaklıkların belirlenmesi, mesafe ya da model temelli filogenetik ağaçların oluşturulması, evrimsel ilişki örgülerinin belirlenmesi ve evrimsel ayrılma zamanlarının açığa çıkarılması gibi analizlerde kullanılmaktadır. Ayrıca, DNAsp, MEGA, ARLEQUIN gibi popülasyonların genetik yapısı hakkında bilgi veren nükleotid çeşitliliği (π), haplotip çeşitliliği (h), gen akışı (Nm) ve genetik farklılaşma indisi (F_{ST}) gibi tanımlayıcı istatistikleri belirleyen ve popülasyonların genetik farklılaşmasının tahmininde kullanılan parametreleri ortaya koyan birçok biyoinformatik araç mevcuttur.

Popülasyonlar arasındaki evrimsel ilişkileri görselleştirebilmek için en uygun yöntem filogenetik ağaç oluşturmaktır. Filogenetik ağaç çiziminde uzaklık (UPGMA, Neighbor Joining, Minimum Evolution) ya da nükleotid dizisini temel alan yöntemler (Maximum Parsimony, Maximum Likelihood ve Bayesian Inference) kullanılmaktadır. Karmaşık evrimsel ilişkilerin görsel hale getirilmesinde ise evrimsel ilişki örgüsü (Network) analizi kullanılır (Koban vd. 2008).

Filogenetik analizler, protein ya da nükleotid dizilerinin elde edilmesi, homolog dizilerin hizalanması, protein ya da nükleotid evrimi için uygun istatistiksel modelin belirlenmesi, filogenetik ağaç oluşturulması ve filogenetik ağacın değerlendirilmesi olmak üzere beş temel aşamadan oluşur (Pevsner 2009).

Çalışılan canlı grubuna ait nükleotid dizilerine ait ileri ve geri okumaların karşılaştırılması ile ortak (consensus) diziler elde edilir. Bu diziler önce hizalanır, sonra aynı hizada

başlayıp aynı hizada bitmesi için yani her bir örneğe ait eşit uzunlukta dizilerin elde edilmesi için budama işlemi (trim) gerçekleştirilir. Filogenetik analizlerin bazıları nükleotid değişim modellerini temel aldığı için bütün örnekleri içeren veri seti elde edildikten sonra veri seti için uygun nükleotid değişim modeli belirlenir. Uzaklığı temel alan yöntemler için (distance), ikili olarak karşılaştırılan nükleotid dizilerinde farklılığa neden olan nükleotid değişimlerinin sayısı kullanılarak filogenetik ağaç oluşturulur.

Uzaklığa dayalı yöntemlerde amaç nükleotid dizilerinde en az farklılık gösteren bireyleri doğru bir şekilde yerleştirip kullanılan veriyi en iyi yansıtan filogenetik ağacı oluşturmaktır. UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean, Ortalamalara Bağlı Ağırlıklı Olmayan Çift Grup Yöntemi) metoduna göre oluşturulan filogenetik ağacın dalları boyunca evrimsel değişim hızının sabit olduğu varsayılır. Neighbour Joining (NJ, Komşu birleştirme) metodu ise filogenetik ağacın dalları boyunca evrimsel değişim hızının farklı olduğunu kabul eder. Maximum Likelihood (ML, Maksimum Olabilirlik) bireylerin nükleotid dizilerinde gözlenen varyasyonu açıklayan en iyi ağacı oluşturabilmek için olasılık hesapları kullanır. Bütün olası ağaçlar incelenir ve ağaç oluştururken evrimsel modeller kullanır. Bayesian Inference (BI, Bayesian Çıkarsaması) yönteminde tek bir doğru filogenetik ağacı bulmaktan ziyade bütün muhtemel filogenetik ağaçların sonraki (posterior, ardıl) olasılık dağılımlarının hesaplanması amaçlanır. Maximum Parsimony (MP, Maksimum Tutumluluk) bireylerin nükleotid dizilerinde gözlenen varyasyonun açığa çıkarılabilmesi için gereken en az sayıda basamağı içeren filogenetik ağacı (the most parsimonious, en cimri) oluşturur (Koban vd. 2008, Pevsner 2009).

ML algoritmasının kullanıldığı filogenetik analizler evrimsel modellere gereksinim duyar. Bu algoritmanın kullanıldığı filogenetik analizlerde sıklıkla kullanılan General Time Reversible (GTR) ailesi, nükleotid dizilerindeki değişimler için kullanılan parametrelerin farklı kombinasyonlarına sahip 64 tane nükleotid değişim modelini içerir. Model temelli filogenetik analizlerde kullanılacak nükleotid dizilerinden oluşan veri seti için bu nükleotid değişim modellerinden hangisinin kullanılmasının uygun olacağı Modeltest, jModeltest, MEGA gibi programlar tarafından AIC (Akaike Information Criteria), BIC (Bayesian Information Criteria), AICc (Corrected Akaike Information

Criteria) gibi bazı istatistiksel kıstaslara göre belirlenir. Bu nükleotid deęişim modellerinden birisi olan ve evrimsel analizlerde sıklıkla kullanılan Kimura 2-Parametresi (K2P) (Kimura 1980), protein kodlayan bölgelerde aminoasit dizisinin deęişmesine neden olan transisyon ve transversiyonların olasılığını açıklamak için transversiyonlara daha fazla ağırlık verecek şekilde transisyon ve transversiyon oranlarını ayarlar. Bir dięer nükleotid deęişim modeli TN93'tür (Tamura ve Nei 1993). Bu modele göre baz frekansları deęişkenlik gösterebilir, transversiyon oranları eşit iken, transisyon oranları deęişkendir. HKY (Hasegawa vd. 1985) nükleotid deęişim modelinde ise baz frekansları deęişkenlik gösterir ve transisyon ve transversiyon oranları arasında farklılık olduęu varsayılır. Gamma modeli nükleotid dizilerinde deęişkenlik gösteren bölgeler boyunca eşit olmayan deęişim oranlarını açıklar. Bu dağılımın şekli gamma şekil parametresi (α) tarafından belirlenir. Nükleotid dizileri arasında yüksek varyasyon oranına sahip genler ortalama olarak düşük nükleotid deęişimine sahiptirler. Bundan dolayı α deęeri yükselir ve bu evrimleşme hızının yavaş olduęu anlamına gelir. Hızlı evrimleşen proteinler ise düşük α deęerine sahiptirler (Pevsner 2009).

Nükleotid çeşitlilięi (π), haplotip çeşitlilięi (h), gen akışı (Nm) ve genetik farklılaşma indisi (F_{ST}) gibi bazı tanımlayıcı istatistikler incelenen populasyonların genetik yapısını yansıtmak için kullanılmaktadır. Nükleotid çeşitlilięi bir populasyon içindeki polimorfizmin derecesini ölçmek için kullanılan bir kavramdır. İki DNA dizisi arasındaki ortalama nükleotid farklılıklarının sayısıdır ve π ile gösterilir (Nei ve Li 1979). Haplotip çeşitlilięi ise bir populasyonda belirli bir haplotipin benzersiz olma durumunu yansıtan bir ölçüttür ve h ile gösterilir (Nei ve Tajima 1981).

Fiksasyon indisi olarak da bilinen F_{ST} deęeri alt populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesinin tahmin edilmesine olanak sağlar. Bu deęer, ana populasyona dair bir alt populasyon içerisinde soy içi üremenin derecesinin ölçüsüdür ve bir alt populasyon içerisinden tesadüfen çekilen iki alelin yeni nesil ile özdeş olma olasılığını yansıtır. Eęer iki populasyon aynı alel frekanslarına sahipse genetik olarak farklılaşmamışlardır ve dolayısı ile F_{ST} deęeri "0" olacaktır. Zıt durumda ise, yani iki populasyon farklı aleller için fikse olmuş ise F_{ST} deęeri 1'e eşit olacaktır. 0 ve 1 aralıęı

içerisinde, 0-0,05 arasındaki F_{ST} değeri populasyonlar arasında çok az genetik farklılaşma olduğunu, 0,05-0,25 arasındaki F_{ST} değeri orta dereceli bir genetik farklılaşma olduğunu 0,25'den büyük F_{ST} değeri ise oldukça bariz bir genetik farklılaşma olduğunu gösterir (Freeland 2005). Gen akışı alel ya da genlerin bir populasyondan diğerine taşınmasını ifade eder. Populasyonlar arasındaki gen akışının ölçütü Nm değerinin hesaplanması ile belirlenir. Nm ve F_{ST} değerleri ters orantılıdır. Nm değerinin 1'den büyük olması populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın az olduğu anlamına gelir ve düşük F_{ST} değerine sebep olur. Eğer, Nm değeri 1'den küçük olursa populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesi de artar ve F_{ST} değeri büyür.

Populasyonların geçmişte seçilime uğrayıp uğramadıklarını belirlemek için nötralite testleri kullanılır. Tajima'nın D ve Fu'nun F_S istatistikleri bu amaçla populasyon genetiğinde sıkça kullanılan nötralite testleridir. Tajima'nın D istatistiği yüksek miktarda yeni mutasyonların olması ya da yakın zamanda populasyon büyümesi gerçekleştiğinde negatif değer alır. Yeni mutasyonların az miktarda olması, dengeli seçim ya da populasyon azalması durumlarında ise bu istatistik pozitif değer alır. Fu'nun F_S istatistiği populasyonda yeni oluşan haplotiplerin yüksek miktarda görülmesi ya da populasyon genişlemesi görüldüğünde yüksek negatif değerler alır (Koban vd. 2008).

2.7 Adaların Filocoğrafik ve Evrimsel Önemi

Ayrık, içsel olarak ölçülebilen, sayısız ve çeşitli varlıklar olan adalar; bizlere, geliştirilecek ve test edilecek genel önemi olan teorileri mümkün kılan, sezgisi güçlü doğa bilimcilerin doğal dünyanın karmaşıklığını basitleştiren bir seçim yapabileceği doğal laboratuvarlar paketi sağlar (Whittaker ve Fernández-Palacios 2007).

2.7.1 Gökçeada

Gökçeada Trakya'nın güneybatısında, Biga Yarımadası'na yaklaşık 20 km mesafede olup, Ege çukurluğunun kuzeyinde yer almaktadır. Çanakkale ile bağlıdır. 289 km² yüzölçümü ve 92 km kıyı uzunluğu ile Türkiye'nin en büyük adasıdır (Sarı vd. 2015).

Gökçeada, Kuzey Anadolu Fay (KAF) hattının batı kısmına yakındır. Bu hat güneybatıya doğru açık denizde Kuzey Ege Çukuru olarak bilinen derin kanala uzanır (Roussos ve Triantafyllos 1991, Şaroğlu, 1992). Gökçeada, Trakya havzasının 2 km kalınlığında güneybatı uzantısında meydana gelir, neredeyse tamamen çökelmiş Tersiyer dizisi mevcuttur. Tersiyer birimleri Erken Eosen, Orta Eosen-Geç Oligosen, Geç Miyosen ve Pliyosen yaşlı çökellerle temsil edilir (Kesgin ve Varol 2003). Bu dizi, Istranca Dağları'nda (Trakya) 170 km kuzeyde kara üzerinde açık kayalara benzer metamorfik kayalar tarafından Gökçeada'nın batı kıyılarının temelini oluşturmaktadır. (Koral vd. 2009).

2.7.2 Bozcaada

Bozcaada, Türkiye'nin Gökçeada ve Marmara adasından sonra üçüncü büyük adası olup, yaklaşık 39 km²'lik bir yüzölçümüne sahiptir. Biga yarımadasının batı kıyılarından 6 km. açıktaki olup üçgen şeklindedir (Ercan vd. 1995).

Tavşan adaları, Bozcaada'nın kuzeyinde, Biga yarımadasından yaklaşık 6 km uzaklıkta yer alan dört küçük adacık olup, toplam 1 km²'lik bir alan kaplar. Başlangıçta Biga yarımadasının doğal bir uzantısı olarak Bozcaada ile birlikte oluşan Tavşan adaları, çok sonra, Kuvaternerde Ege denizinin yükselmesi ile Biga yarımadasından ayrılmış ve ada halini almışlardır (Ercan vd. 1995).

2.7.3 Marmara Adası

Marmara Adası, Kapıdağ Yarımadası'nın 6 mil (11,1 km) kuzeybatısında yer alır. Türkiye'nin ikinci büyük adası olan Marmara Adası'nın yüzölçümü 117 km²'dir. Marmara Adası, İstanbul Boğazı ile Çanakkale Boğazı arasındadır. İstanbul Boğazı'na 60 mil (111.1 km), Çanakkale Boğazı'na 40 mil (74.8 km) ve Trakya Hasköy Burnu'na 11 mil (20.3 km) uzaklıktadır (Akyol vd. 2009). Marmara Adası, birkaç tektono-stratigrafik alan ve fay zonlarının karmaşık tektonik mozaiği ile çevrelenmiş Marmara Denizi'nde izole edilmiştir. Bu yüzden, Marmara Adası'nın metamorfik birimlerine ait hangi terimlerin olduğuna dair doğrudan bir kanıt yoktur (Ustaömer vd. 2009).



3. MATERYAL VE YÖNTEMLER

3.1 Araştırma Alanı, Kullanılan Örnek Listesi ve Lokaliteleri

Tez çalışması, arazi çalışmaları sonrasında Türkiye’deki farklı lokalitelerden elde edilen örneklere ait çeşitli dokuların (kalp, karaciğer, böbrek, kas ve dalak) laboratuvarında moleküler yöntemler kullanılarak incelenmesiyle gerçekleştirildi. Bu çalışmada kullanılan örnekler ve dokular T.C. Çevre ve Orman Bakanlığı Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü tarafından 72784983-488.04-116945 sayı ile verilen yasal araştırma izni ve Ankara Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu’nun 2015-5-90 kararı kapsamında toplandı ve analiz edildi. Moleküler analizlerde 41 farklı lokaliteden toplam 160 örnek kullanıldı (Şekil 3.1 ve Çizelge 3.1). Örneklerin koleksiyon numaraları çizelge 3.1’de gösterildi. Elde edilen dokular DNA çalışmalarında kullanılmak üzere -86 °C’deki derin dondurucuya kaldırıldı.



Şekil 3.1 Örneklerin toplandığı lokaliteler

1. Uğurlu Köyü (Çanakkale, Gökçeada), 2. Enez (Edirne), 3. Bozcaada (Çanakkale), 4. Sütlüce (Çanakkale, Gelibolu), 5. Lüleburgaz (Kırklareli), 6. Kumbağ (Tekirdağ), 7. Topağaç (Balıkesir, Marmara Adası), 8. Biga (Çanakkale), 9. İğneada (Kırklareli), 10. Çerkezköy (Tekirdağ), 11. Beykoz (İstanbul), 12. Uludağ (Bursa), 13. Maşukiye (Kocaeli, Kartepe), 14. Akçakoca (Düzce), 15. Abant (Bolu), 16. Zonguldak, 17. Çaycuma (Zonguldak), 18. Hanönü (Kastamonu), 19. Bürnük (Sinop), 20. Çorum, 21. Göktepe (Sinop, Dikmen), 22. Kurupelit (Samsun), 23. Çakallı (Samsun), 24. Pazar (Tokat), 25. Akkuş (Ordu), 26. Gürgentepe (Ordu), 27. Efirli (Ordu), 28. Bıcık (Giresun, Bulancak), 29. Bulancak (Giresun), 30. Barça (Giresun), 31. Maçka (Trabzon), 32. Yomra (Trabzon), 33. Çataldere (Rize), 34. Çamlıhemşin (Rize), 35. Hopa (Artvin), 36. Karagöl (Artvin), 37. Ardanuç (Artvin), 38. Posof (Ardahan), 39. Azatlı (Edirne), 40. Orhaniye (Edirne), 41. Fındıklı (Çanakkale, Gelibolu)

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri

Sıra	Müze No	Eşey	Lokalite	Tür
1	3909	♀	Trabzon- Yomra	<i>Apodemus flavicollis</i>
2	5353	♂	Giresun-Barça-Merkez	<i>Apodemus flavicollis</i>
3	7171	♀	Giresun-Bulancak	<i>Apodemus flavicollis</i>
4	2839	♂	Ordu- Akkuş	<i>Apodemus flavicollis</i>
5	3428	♂	Ordu -Perşembe- Efirli	<i>Apodemus flavicollis</i>
6	3471	♂	Ordu -Perşembe- Efirli	<i>Apodemus flavicollis</i>
7	3472	♂	Ordu -Perşembe- Efirli	<i>Apodemus flavicollis</i>
8	5348	♀	Samsun-Çakallı	<i>Apodemus flavicollis</i>
9	3452	♂	Çorum-20 km kuzey	<i>Apodemus flavicollis</i>
10	3453	♀	Çorum-20 km kuzey	<i>Apodemus flavicollis</i>
11	3454	♀	Çorum-20 km kuzey	<i>Apodemus flavicollis</i>
12	3455	♀	Çorum-20 km kuzey	<i>Apodemus flavicollis</i>
13	5200	♀	Zonguldak	<i>Apodemus flavicollis</i>
14	5201	♀	Zonguldak	<i>Apodemus flavicollis</i>
15	3748	♂	Zonguldak- Çaycuma	<i>Apodemus flavicollis</i>
16	5130	♀	Sinop-Bürnük	<i>Apodemus flavicollis</i>
17	6859	♂	Çanakkale-Biga-Sinekçi	<i>Apodemus flavicollis</i>
18	3670	♂	Bursa- Uludağ	<i>Apodemus flavicollis</i>
19	2129	♀	Bolu- Abant	<i>Apodemus flavicollis</i>
20	6406	♀	Kocaeli- Kartepe	<i>Apodemus flavicollis</i>
21	6309	♂	Kocaeli-Kartepe	<i>Apodemus flavicollis</i>
22	6311	♂	Kocaeli-Kartepe	<i>Apodemus flavicollis</i>
23	4031	♂	İstanbul-Beykoz	<i>Apodemus flavicollis</i>

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri (devam)

24	4032	♂	İstanbul-Beykoz	<i>Apodemus flavicollis</i>
25	4035	♂	İstanbul-Beykoz	<i>Apodemus flavicollis</i>
26	4036	♂	İstanbul-Beykoz	<i>Apodemus flavicollis</i>
27	4037	♂	İstanbul-Beykoz	<i>Apodemus flavicollis</i>
28	3964	♀	İstanbul-Beykoz	<i>Apodemus flavicollis</i>
29	4033	♂	İstanbul-Beykoz	<i>Apodemus flavicollis</i>
30	7092	♂	Edirne-Azatlı	<i>Apodemus flavicollis</i>
31	7093	♀	Edirne-Azatlı	<i>Apodemus flavicollis</i>
32	7094	♀	Edirne-Azatlı	<i>Apodemus flavicollis</i>
33	7095	♂	Edirne-Azatlı	<i>Apodemus flavicollis</i>
34	7105	♂	Edirne-Enez	<i>Apodemus flavicollis</i>
35	7106	♂	Edirne-Enez	<i>Apodemus flavicollis</i>
36	7107	♂	Edirne-Enez	<i>Apodemus flavicollis</i>
37	7103	♂	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	<i>Apodemus flavicollis</i>
38	7104	♂	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	<i>Apodemus flavicollis</i>
39	7085	♂	Tekirdağ-Kumbağ-Naip Köyü	<i>Apodemus flavicollis</i>
40	7086	♂	Tekirdağ-Kumbağ-Naip Köyü	<i>Apodemus flavicollis</i>
41	7087	♀	Tekirdağ-Kumbağ-Naip Köyü	<i>Apodemus flavicollis</i>
42	7088	♀	Tekirdağ-Kumbağ-Naip Köyü	<i>Apodemus flavicollis</i>
43	7090	♂	Tekirdağ-Kumbağ-Naip Köyü	<i>Apodemus flavicollis</i>
44	7091	♀	Tekirdağ-Kumbağ-Naip Köyü	<i>Apodemus flavicollis</i>
45	6967	♂	Tekirdağ-Çerkezköy	<i>Apodemus flavicollis</i>
46	6965	♂	Tekirdağ-Çerkezköy	<i>Apodemus flavicollis</i>
47	6966	♂	Tekirdağ-Çerkezköy	<i>Apodemus flavicollis</i>
48	6750	♂	Kırklareli-Lüleburgaz-Kırıkköy	<i>Apodemus flavicollis</i>

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri (devam)

49	6752	♂	Kırklareli-Lüleburgaz-Kırıkköy	<i>Apodemus flavicollis</i>
50	7099	♀	Edirne-Orhaniye-Bağlık	<i>Apodemus witherbyi</i>
51	7101	♂	Edirne-Orhaniye-Bağlık	<i>Apodemus witherbyi</i>
52	7102	♂	Edirne-Orhaniye-Bağlık	<i>Apodemus witherbyi</i>
53	7089	♂	Tekirdağ-Kumbağ-Naip	<i>Apodemus witherbyi</i>
54	2739	♂	Kocaeli-Kartepe	<i>Apodemus witherbyi</i>
55	7007	♂	Çanakkale-Gelibolu-Fındıklı	<i>Apodemus witherbyi</i>
56	7029	♀	Çanakkale-Gelibolu-Fındıklı	<i>Apodemus witherbyi</i>
57	7109	♂	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	<i>Apodemus witherbyi</i>
58	7110	♂	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	<i>Apodemus witherbyi</i>
59	7111	♂	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	<i>Apodemus witherbyi</i>
60	7116	♀	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	<i>Apodemus witherbyi</i>
61	6850	♂	Çanakkale-Biga-Sinekçi	<i>Apodemus witherbyi</i>
62	6848	♀	Çanakkale-Bozcaada	<i>Apodemus witherbyi</i>
63	6834	♂	Çanakkale-Bozcaada	<i>Apodemus witherbyi</i>
64	6841	♂	Çanakkale-Bozcaada	<i>Apodemus witherbyi</i>
65	6843	♀	Çanakkale-Bozcaada	<i>Apodemus witherbyi</i>
66	6832	♂	Çanakkale-Bozcaada	<i>Apodemus witherbyi</i>
67	3451	♀	Çorum-20 km kuzey	<i>Apodemus witherbyi</i>
68	2875	♂	Samsun-Kurupelit	<i>Apodemus witherbyi</i>
69	2850	♂	Samsun-Kurupelit	<i>Apodemus witherbyi</i>
70	2823	♂	Samsun- Kurupelit	<i>Apodemus witherbyi</i>
71	2705	♂	Ardahan	<i>Apodemus witherbyi</i>
72	6968	♂	Tekirdağ-Çerkezköy	<i>Apodemus sylvaticus</i>
73	7100	♀	Edirne-Orhaniye-Bağlık	<i>Apodemus sylvaticus</i>

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri (devam)

74	6889	♀	Çanakkale-Gökçeada-Uğurlu köyü	<i>Apodemus sylvaticus</i>
75	6872	♂	Çanakkale-Gökçeada-Uğurlu köyü	<i>Apodemus sylvaticus</i>
76	6791	♀	Balıkesir-Marmara Adası-Topağaç	<i>Apodemus sylvaticus</i>
77	6823	♂	Balıkesir-Marmara Adası-Topağaç	<i>Apodemus sylvaticus</i>
78	2851	♂	Samsun-Kurupelit	<i>Apodemus sylvaticus</i>
79	2852	♀	Samsun-Kurupelit	<i>Apodemus sylvaticus</i>
80	2822	♀	Samsun- Kurupelit	<i>Apodemus sylvaticus</i>
81	5539	♂	Kırklareli-Demirköy-İğneada	<i>Apodemus agrarius</i>
82	2497	♂	Kırklareli-Demirköy-İğneada	<i>Apodemus agrarius</i>
83	2395	♂	Kırklareli-Demirköy-İğneada	<i>Apodemus agrarius</i>
84	5538	♂	Kırklareli-Demirköy-İğneada	<i>Apodemus agrarius</i>
85	2883	♂	Bolu-Abant	<i>Apodemus uralensis</i>
86	3697	♀	Bursa-Uludağ	<i>Apodemus uralensis</i>
87	6414	♀	Kocaeli-Kartepe	<i>Apodemus uralensis</i>
88	6457	♂	Kocaeli-Kartepe	<i>Apodemus uralensis</i>
89	3672	♀	Düzce-Akçakoca	<i>Apodemus uralensis</i>
90	5068	♂	Sinop-Bürnük	<i>Apodemus uralensis</i>
91	5070	♂	Sinop-Bürnük	<i>Apodemus uralensis</i>
92	5067	♂	Sinop-Bürnük	<i>Apodemus uralensis</i>
93	5076	♂	Sinop-Dikmen-Göktepe	<i>Apodemus uralensis</i>
94	5077	♂	Sinop-Dikmen-Göktepe	<i>Apodemus uralensis</i>
95	2838	♂	Ordu-Akkuş	<i>Apodemus uralensis</i>
96	5340	♂	Giresun-Bicik	<i>Apodemus uralensis</i>
97	5309	♂	Giresun-Bicik	<i>Apodemus uralensis</i>
98	5308	♀	Giresun-Bicik	<i>Apodemus uralensis</i>

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri (devam)

99	5339	♂	Giresun-Bicik	<i>Apodemus uralensis</i>
100	2889	♀	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus uralensis</i>
101	5107	♂	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus uralensis</i>
102	5109	♂	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus uralensis</i>
103	5110	♂	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus uralensis</i>
104	5112	♂	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus uralensis</i>
105	5114	♂	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus uralensis</i>
106	5299	♂	Rize-Çayeli-Çataldere	<i>Apodemus uralensis</i>
107	5300	♂	Rize-Çayeli-Çataldere	<i>Apodemus uralensis</i>
108	5301	♀	Rize-Çayeli-Çataldere	<i>Apodemus uralensis</i>
109	5326	♂	Rize-Çayeli-Çataldere	<i>Apodemus uralensis</i>
110	5327	♂	Rize-Çayeli-Çataldere	<i>Apodemus uralensis</i>
111	5416	♂	Rize-Çamlıhemşin	<i>Apodemus uralensis</i>
112	5397	♂	Artvin-Karagöl Milli Parkı	<i>Apodemus uralensis</i>
113	5375	♂	Artvin-Karagöl Milli Parkı	<i>Apodemus uralensis</i>
114	5411	♂	Artvin-Karagöl Milli Parkı	<i>Apodemus uralensis</i>
115	5701	♀	Artvin-Hopa	<i>Apodemus uralensis</i>
116	3356	♀	Ardahan-Posof	<i>Apodemus uralensis</i>
117	5262	♂	Ardahan-Posof	<i>Apodemus uralensis</i>
118	5278	♀	Ardahan-Posof	<i>Apodemus uralensis</i>
119	6860	♂	Kastamonu-Hanönü	<i>Apodemus mystacinus</i>
120	3702	♀	Düzce-Akçakoca-Akkaya	<i>Apodemus mystacinus</i>
121	3703	♀	Düzce -Akçakoca-Akkaya	<i>Apodemus mystacinus</i>
122	5203	♂	Zonguldak	<i>Apodemus mystacinus</i>
123	5207	♀	Zonguldak	<i>Apodemus mystacinus</i>

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri (devam)

124	7022	♂	Tokat-Pazar-Kalederesi	<i>Apodemus mystacinus</i>
125	7023	♂	Tokat-Pazar-Kalederesi	<i>Apodemus mystacinus</i>
126	7024	♀	Tokat-Pazar-Kalederesi	<i>Apodemus mystacinus</i>
127	5202	♂	Zonguldak	<i>Apodemus mystacinus</i>
128	5204	♀	Zonguldak	<i>Apodemus mystacinus</i>
129	5206	♀	Zonguldak	<i>Apodemus mystacinus</i>
130	7145	♂	Giresun-Bulancak	<i>Apodemus mystacinus</i>
131	7146	♂	Giresun-Bulancak	<i>Apodemus mystacinus</i>
132	7147	♂	Giresun-Bulancak	<i>Apodemus mystacinus</i>
133	7151	♀	Giresun-Bulancak	<i>Apodemus mystacinus</i>
134	7152	♂	Giresun-Bulancak	<i>Apodemus mystacinus</i>
135	7153	♀	Giresun-Bulancak	<i>Apodemus mystacinus</i>
136	3342	♀	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus mystacinus</i>
137	3343	♀	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus mystacinus</i>
138	3350	♂	Trabzon –Maçka-Altındere	<i>Apodemus mystacinus</i>
139	3363	♂	Trabzon –Maçka-Sümela	<i>Apodemus mystacinus</i>
140	3797	♂	Trabzon-Sürmene	<i>Apodemus mystacinus</i>
141	5128	♀	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus mystacinus</i>
142	3798	♀	Trabzon-Maçka-Sümela	<i>Apodemus mystacinus</i>
143	3362	♀	Trabzon-Maçka-Meryemana	<i>Apodemus mystacinus</i>
144	3351	♂	Trabzon-Maçka-Altındere	<i>Apodemus mystacinus</i>
145	5385	♂	Rize-Çamlıhemşin	<i>Apodemus mystacinus</i>
146	5386	♀	Rize-Çamlıhemşin	<i>Apodemus mystacinus</i>
147	5405	♂	Rize-Çamlıhemşin	<i>Apodemus mystacinus</i>
148	5407	♀	Rize-Çamlıhemşin	<i>Apodemus mystacinus</i>

Çizelge 3.1 Örneklerin müze numarası, eşey, lokalite, tür isimleri (devam)

149	5415	♂	Rize-Çamlıhemşin	<i>Apodemus mystacinus</i>
150	6386	♀	Rize-Çamlıhemşin	<i>Apodemus mystacinus</i>
151	5368	♀	Artvin-Cankurtaran Geçidi	<i>Apodemus mystacinus</i>
152	5369	♀	Artvin-Cankurtaran geçidi	<i>Apodemus mystacinus</i>
153	5370	♂	Artvin-Cankurtaran Geçidi	<i>Apodemus mystacinus</i>
154	5707	♀	Artvin-Hopa	<i>Apodemus mystacinus</i>
155	2300	♂	Artvin-Ardanuç	<i>Apodemus mystacinus</i>
156	2303	♂	Artvin-Ardanuç	<i>Apodemus mystacinus</i>
157	2304	♀	Artvin-Ardanuç	<i>Apodemus mystacinus</i>
158	2305	♂	Artvin-Ardanuç	<i>Apodemus mystacinus</i>
159	2306	♀	Artvin-Ardanuç	<i>Apodemus mystacinus</i>
160	3401	♂	Artvin-Ardanuç	<i>Apodemus mystacinus</i>

3.2 Moleküler Çalışmalar

Moleküler çalışmalarda Türkiye'deki 41 farklı lokaliteden toplanan 160 *Apodemus* örneği kullanıldı. Örneklerden elde edilen dokulardan öncelikle toplam genomik DNA izole edildi. Daha sonra mitokondriyal DNA'nın (mtDNA) sitokrom *b* ve kontrol bölgesi özgül primerler kullanılarak polimeraz zincir reaksiyonu ile çoğaltıldı. DNA dizileme reaksiyonları MEDSANTEK firmasından hizmet alımı yoluyla gerçekleştirildi. Elde edilen dizi verileri istatistiksel olarak analiz edildi. Tüm istatistiksel analizlerde dış grup olarak GenBank'tan indirilen diziler kullanıldı.

3.2.1 DNA izolasyonu

Proje çalışması kapsamında Türkiye'deki 41 farklı lokaliteden toplanmış 160 *Apodemus*

örneğinden Doyle and Doyle (1990) protokolu takip edilerek CTAB ((C₁₆H₃₃)N(CH₃)₃Br, setiltrimetilamonyum bromide ya da hegzadesiltrimetill amonyum bromide) metodu ile total genomik DNA izolasyonu gerçekleştirildi. Bu izolasyon yöntemi aşağıdaki basamaklardan oluşmaktadır:

1. Örnekler için 2-3 gram ağırlığında, küçük parçalara ayrılmış böbrek, kas ya da karaciğer dokusu buz kalıpları üzerinde bekletilen ependorf tüplerin içerisine konularak üzerlerine 100 µl CTAB lizis tamponu ilave edildi ve dokular tek kullanımlık havaneli ile ezilmeye başlandı. Dokular bir süre ezildikten sonra her bir tüpe 200 µl CTAB lizis tamponu daha ilave edildi ve mekanik parçalama işleminin tamamlanması için mümkün olduğu kadar homojen bir sıvı elde edinceye kadar ezme işlemine devam edildi.

2. Elde edilen homojenata sırasıyla 300 µl CTAB ve 50 µl BME (2-Merkaptoetanol, β-merkaptoetanol (HO-CH₂-CH₂-SH)) eklendi ve iyice karıştırıldı.

3. Karışım 65°C'lik su banyosunda 1 saat inkübe edildi.

4. İnkübasyon sonrası tüplere 500 µl C:IAA (Kloroform izoamil alkol) (24:1) ilave edildi ve tüp içeriği süte benzer bir kıvam alınca kadar iyice karıştırıldı.

5. Bu işlemden sonra karışımın olduğu tüpler 13.000 rpm'de +4 °C'de 15 dakika santrifüj edildi. Santrifüj işlemi sonrasında ependorf tüplerin içerisinde iki faz gözlemlendi. Üstteki sulu faz DNA'yı içeren fazdır. Alttaki faz kloroform fazıdır ve bozulmuş proteinler, lipitler ve birçok ikincil bileşikler içerir. İki faz arasındaki yüzeyde ise hücre kalıntıları ve bazı bozulmuş proteinleri bulunur. DNA'nın olduğu faz ile ara ve alt fazın karışmasını önlemek için tüpler hassas bir biçimde sarsmadan buz üzerine yerleştirildi.

6. DNA molekülünü içeren sulu üst faz 1000 µl'lik geniş uçlu pipetle önceden numaralandırılmış yeni tüplere aktarıldı. Sulu fazda bulunan DNA molekülü uzun, ince ve kolaylıkla kırılabilir olduğundan dolayı aktarım esnasında geniş uçlu pipet kullanıldı. Elde edilecek DNA'nın kalitesini arttırmak için bu işlem hassas şekilde yapıldı.

7. DNA'yı çöktürmek için tüplerin üzerine -20 °C'de soğutulmuş 500 µl izopropanol eklendi ve tüpler iyice karıştırıldı. Bu aşamada tüplerin içerisinde ya topak ya da bulut şeklinde oldukça fazla miktarda nükleik asit ipliğinin oluştuğu gözlemlendi.

8. Bir sonraki aşamada tüpler -80 °C'de 30 dakika inkübe edildi. Bu sürenin sonunda donmuş haldeki tüplerin erimesine izin verilmeden hemen +4 °C'de 13.000 rpm'de 10 dakika santrifüj edildi. Santrifüj sonrasında DNA molekülünün tüplerin dibinde kenar kısmına yapışık olarak çöktüğü gözlemlendi.

9. Sonraki aşamada süpernatant döküldü ve tüpün dibine yapışmış halde bulunan DNA pelletini çöktürmek için -20 °C'de bekletilen % 70'lik ve % 100'lük etil alkol (C₂H₅OH) ile 2'ser kere yıkama işlemi gerçekleştirildi.

10. DNA pelletini içeren tüpler ters çevrilerek kurutma kâğıdı üzerinde 60 dakika kurumaya bırakıldı.

11. Bu sürenin sonunda tüplerin içerisine 100 µl Tris-EDTA (TE) tamponu ilave edilerek DNA pelletleri çözüldü.

12. Son aşamada Tris-EDTA tamponu içerisinde çözülmüş halde bulunan DNA molekülünü RNA'dan arındırmak amacıyla her bir tüpe 2 µl RNase A (10 mg/ml, Fermentas) ilave edildi ve 30 dakika 37 °C'deki etüv içerisinde inkübasyona bırakıldı.

13. İnkübasyon sonrasında izolasyonu gerçekleştirilen örneklerin DNA konsantrasyonları ve 260 nanometredeki absorban değerleri (A₂₆₀) spektrofotometre (Thermo Scientific NanoDrop 2000) ile ölçüldü.

14. Elde edilen DNA'lar sonraki çalışmalarda kullanılmak üzere -20 °C'lik derin dondurucuya kaldırıldı. DNA izolasyonu için CTAB, Tris Base, EDTA, NaCl, Tris-EDTA Buffer, RNase ve BME çözeltileri kullanıldı (Çizelge 3.2).

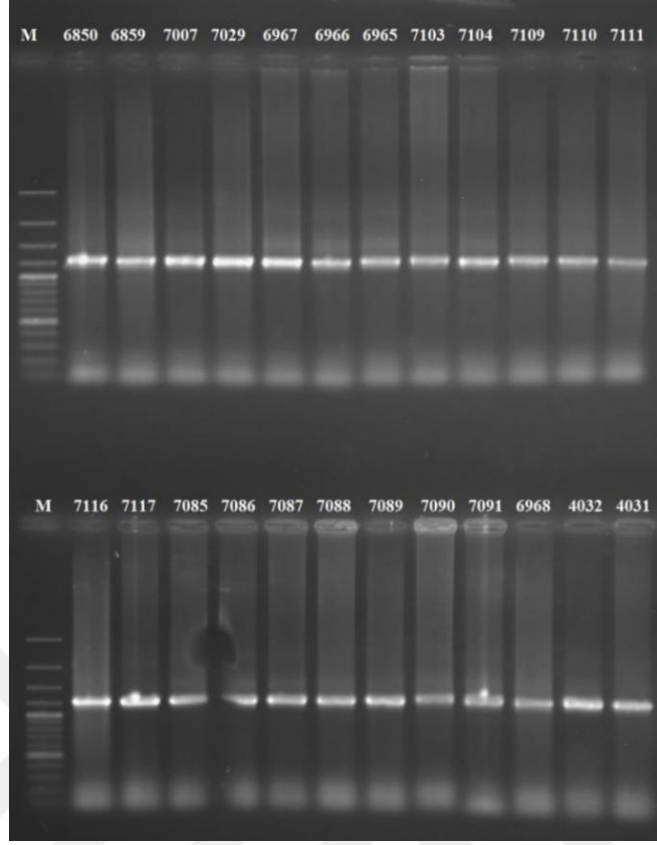
Çizelge 3.2 DNA izolasyonunda kullanılan çözeltiler ve hazırlanışları

Çözelti	Hazırlanışı
CTAB	2 gr CTAB, 10 ml Tris Base (1 M, pH: 8,0), 4 ml EDTA (0,5 M, pH: 8,0) ve 28 ml NaCl (5 M) karıştırıldı ve dH ₂ O ile 100 ml'ye tamamlandı. Hazırlanan çözelti manyetik karıştırıcı ile düşük ısıda bütün bileşenler çözününceye kadar karıştırıldı
Tris Base (1M), pH: 8,0 (MW: 121,1)	12,11 gr Tris Base dH ₂ O ile 100 ml'ye tamamlandı.
EDTA (0,5M) pH: 8,0 (MW: 372,2 gr)	18,61 gr EDTA dH ₂ O ile 100 ml'ye tamamlandı. EDTA pH:8'de iyi çözündüğü için NaOH pelleti kullanıldı.
NaCl (5M) (MW: 58,44 gr)	29,22 gr NaCl dH ₂ O ile 100 ml'ye tamamlandı.
TE Buffer, pH: 8,0	1 ml Tris Base çözeltisi (1M) ve 20 µl EDTA dH ₂ O ile 100 ml'ye tamamlandı.
RNase A	2 µl (10mg/ml, Fermentas)
BME STOCK (β- Merkптоethanol) (MA: 78,13 gr) (250 ml)	17,5 ml BME, 232,5 ml dH ₂ O ile 250 ml'ye tamamlandı.

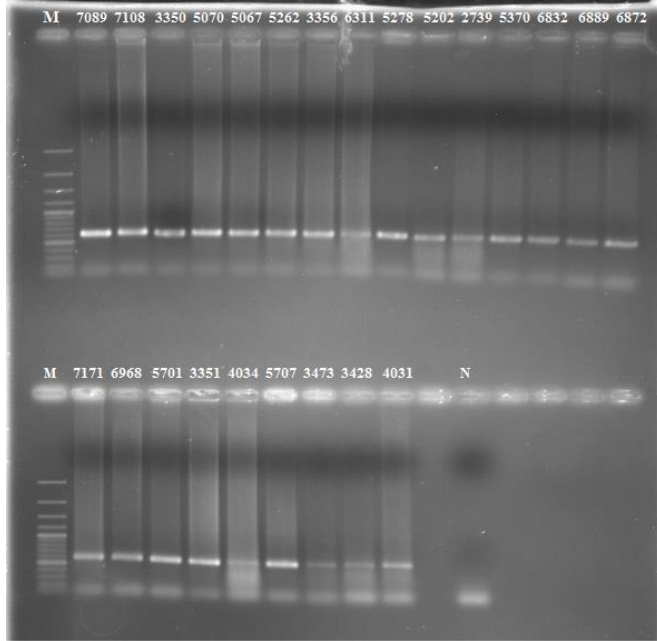
Nükleik asitler UV ışığını sahip oldukları bazların konjuge aromatik özelliklerine göre soğurmaktadırlar. Nükleik asitlerin UV ışığını soğurma özellikleri teşhiste, miktar tayininde ve saflığın değerlendirilmesinde kullanılmaktadır. DNA için UV ışığın maksimum derecede soğurulduğu dalga boyu 260 nm'dir ($\lambda_{max} = 260$). İzole edilmiş DNA'ların yaklaşık saflığı UV ışığın 260 ve 280 nm'deki soğurulmalarının oranıyla (A_{260}/A_{280}) belirlenir. Saf DNA için bu oranın 1.8–2 arasında olması beklenir. 1,8'den daha düşük değerler protein kontaminasyonu, 2'den daha büyük değerler ise RNA kontaminasyonu olduğu anlamına gelir (Turner vd. 2004). Bu proje çalışmasında kullanılan örneklere ait DNA izolasyonlarının spektrofotometrik ölçümleri çizelge 3.3'de gösterildi.

Spektroskopik ölçümlere ilaveten, elde edilen DNA'ların saflığı (kalitesi) kalitatif olarak elektroforetik analizlerle belirlendi (Şekil 3.2-3.3). Agaroz jel üzerindeki bant profillerine dayanarak DNA'ların PZR çalışmaları için uygunlukları kontrol edildi. Örnekler % 0,8'lik agaroz jel üzerinde 70 voltta 90 dakika yürütüldü. 150 ml hacme

sahip elektroforez tankı için gereken jeli hazırlamak amacıyla 1,2 gram agar tartıldı ve 250 ml'lik erlenmayer içerisinde 150 ml 1X Tris-asetik asit-EDTA (TAE) ile çözüldü. 1X TAE hazırlamak için stok halde bulunan 50X TAE'den 20 ml alındı ve üzerine 980 ml distile su ilave edildi. Çözelti mikrodalga fırın içerisinde homojen (saydam) hale gelinceye kadar kaynatıldı. Hazırlanan jel elle tutulabilecek kadar soğuduktan sonra elektroforez tankı içerisindeki tarakları düzgün bir şekilde yerleştirilmiş olan kaset içerisine kabarcık oluşmamasına dikkat edilerek köşeden yavaşça döküldü. Jelin donması beklendi ve jel donduktan sonra taraklar dikkatli bir şekilde çıkarılarak örnekler kuyulara yüklendi. Örneklerin jele yüklenmesi aşamasında 5 mikrolitre yükleme boyası (gel loading dye) parafilm üzerine konuldu. Örnek DNA'sından da 5 mikrolitre alındı ve parafilm üzerindeki yükleme boyası üzerine eklendi. Hazırlanmış olan jel üzerindeki kuyulara parafilm üzerindeki örnek DNA'sı ve yükleme boyası karışımı kuyulardan taşmamasına dikkat edilerek yüklendi ve 70 voltta yaklaşık 1,5 saat koşturuldu. Elektroforez sonrasında jel etidyum bromür (EtBr) çözeltisinde yaklaşık 15-20 dakika bekletildi ve sonrasında Kodak jel görüntüleme sistemi ile görüntülendi.



Şekil 3.2 Örneklerin sitokrom *b* bölgesine ait jel görüntüleri



Şekil 3.3 Örneklerin kontrol bölgesine ait jel görüntüleri

Çizelge 3.3 Örneklerden elde edilen DNA miktarları ve saflık dereceleri

Sıra No	Müze No	Nükleik Asit Konsantrasyonu (ng/µl)	260/280	260/230
1	5114	2975,7	1,83	1,82
2	5112	3385,4	1,88	2,04
3	5107	4170,4	1,88	1,98
4	5109	3202,5	1,85	2,02
5	5110	4382,6	1,88	1,99
6	5340	3968,4	1,89	2,04
7	5309	4541	1,89	1,96
8	5308	3005,1	1,85	1,9
9	5339	4898,2	1,88	2
10	5353	4790,9	1,89	2,12
11	3356	4387,4	1,88	2,01
12	2739	7248,4	1,84	2,04
13	5262	3469,4	1,89	2,05
14	2705	7196	1,84	2,02
15	6457	2251,3	1,89	1,9
16	6406	4902	1,89	2,02
17	6311	5976,4	1,89	2,15
18	6414	4285,2	1,9	2,08
19	6309	6346,8	1,88	2,03
20	3964	5129,9	1,89	2,07
21	4031	3768,3	1,88	1,98
22	4032	1810,5	1,84	1,25
23	4033	6461,7	1,86	2,02
24	4035	7350,6	1,84	2,01
25	4036	4629,9	1,89	2,05
26	4037	2840,8	1,86	1,98
27	2822	4315,7	1,89	2,03
28	2823	5274	1,88	2,01
29	5348	4158,4	1,9	2,09
30	2875	4973,7	1,89	2,12
31	5077	7417,5	1,82	2,05
32	5130	7142,4	1,84	2,04
33	5076	4811,3	1,9	2,1
34	5068	3000,6	1,85	2,05
35	5070	2615,4	1,87	1,97
36	5067	2813,1	1,85	1,89
37	6850	3473,3	1,93	1,91
38	6859	6095,7	1,89	2,07
39	7007	3177,5	1,86	1,89
40	7029	4417,8	1,9	2
41	6967	4331,6	1,89	2

Çizelge 3.3 Örneklerden elde edilen DNA miktarları ve saflık dereceleri (devam)

42	6966	2740	1,87	1,8
43	6965	3577,5	1,9	1,94
44	7103	5014,3	1,89	2,07
45	7104	4409,1	1,88	1,98
46	7109	4263,8	1,89	1,91
47	7110	7294,8	1,87	2,1
48	7111	4996	1,93	2,09
49	7116	6623,5	1,87	2,01
50	6968	3054,6	1,89	1,85
51	7091	3570,6	1,9	1,97
52	7090	2718,8	1,89	1,99
53	7089	4287,4	1,89	1,96
54	7088	4027,7	1,92	2,04
55	7087	4820	1,91	2,05
56	7086	3380,1	1,86	1,83
57	7085	3866,3	1,92	2,05
58	3428	1419,3	1,93	2,05
59	2850	7637,4	1,89	2,02
60	5411	3272,9	1,9	1,94
61	2838	940,9	1,91	1,95
62	3697	2775,5	1,9	2,04
63	3471	1311,6	1,91	2
64	3453	1635,4	1,92	2
65	2852	1959,6	1,97	2
66	5201	5201	1,88	2
67	5397	1462,6	1,92	1,98
68	2851	2092,1	1,94	2
69	3672	1140,3	1,89	1,96
70	2839	1335	1,92	2,05
71	5701	846,5	1,88	1,9
72	3455	1217,7	1,91	2,03
73	3454	1115,8	1,93	1,98
74	3670	1200,8	1,97	2,03
75	3472	858,7	1,89	1,91
76	5200	1431,8	1,89	2,02
77	6848	1393,5	1,89	1,94
78	6889	1416,4	1,9	1,95
79	5326	1685,8	1,9	2,03
80	2889	2126,3	1,89	2,02
81	5327	1636,3	1,89	2
82	5375	2083,9	1,91	2,04
83	6872	2453,2	1,91	2,03
84	6832	2578,4	1,9	2,04
85	6841	2234,8	1,92	2,04
86	6791	1931,3	1,9	2,03

Çizelge 3.3 Örneklerden elde edilen DNA miktarları ve saflık dereceleri (devam)

87	6834	2901,5	1,89	2,02
88	2129	1858,7	1,89	2,04
89	3452	2171,6	1,9	2,06
90	5301	913	1,86	1,88
91	6823	1646,2	1,83	1,82
92	5299	3039,6	1,87	1,99
93	5300	1702,3	1,9	1,99
94	2883	1925,7	1,87	1,93
95	6843	1528,4	1,91	1,98
96	3909	1932,3	1,89	2,03
97	3748	2039,7	1,89	2,01
98	6750	1255,4	1,88	1,96
99	6752	2058,5	1,88	2,02
100	3451	2556,2	1,88	2
101	7146	1930,3	1,92	2,1
102	7145	2140,8	1,91	2,08
103	2306	4347	1,92	2,17
104	2305	3825,6	1,92	2,17
105	2304	2653,2	1,9	2,07
106	2303	2575,7	1,9	2,1
107	5206	6700,9	1,9	2,04
108	5204	3098	1,89	2,06
109	5203	4053,1	1,91	2,11
110	5202	3560,8	1,93	2,14
111	5407	4383	1,91	2,08
112	5405	2253,6	1,91	2,2
113	3798	3197,4	1,88	2,1
114	3797	6420,1	1,93	2,07
115	5128	6315,2	1,91	2,01
116	7147	3891	1,92	2,18
117	7024	3521,9	1,94	2,13
118	7023	3044,4	1,89	2,08
119	7022	4848,6	1,92	2,16
120	5207	2068,2	1,91	2,09
121	3702	6798,3	1,91	1,99
122	3703	5425,8	1,92	2,13
123	6860	4460,7	1,92	2,11
124	5385	7152	1,88	2
125	5415	3980	1,91	2,12
126	3350	1318,5	1,89	1,74
127	3362	3071,1	1,87	2,06
128	5416	3094,6	1,86	1,95

Çizelge 3.3 Örneklerden elde edilen DNA miktarları ve saflık dereceleri (devam)

129	7171	6286,1	1,89	2,14
130	5369	5993,9	1,89	2,06
131	5370	7057,2	1,88	2,04
132	7151	2569,9	1,88	2,03
133	7152	2469,1	1,9	2,04
134	2300	1164,5	1,89	1,99
135	3343	1989,8	1,9	2,05
136	5368	1583,3	1,89	2,07
137	7153	1786,2	1,91	1,94
138	3401	1666,2	1,89	1,53
139	6386	8101,8	1,83	1,94
140	5386	6764,1	1,91	2,05
141	3363	12066,2	1,95	2,16
142	3351	7469	1,86	2,07
143	5707	6109	1,9	2,05
144	2497	1946,7	2,01	2,24
145	5539	2194,5	2,02	2,12
146	5538	1374	2,06	2,1
147	2395	3886	2,03	2,22
148	7092	2562,1	1,93	2,02
149	7093	2215,8	1,92	2,01
150	7094	2853	1,92	1,96
151	7095	2793,4	1,9	2,01
152	7099	4263,7	1,93	2,16
153	7100	2988,4	1,87	2,02
154	7101	1096,6	1,91	1,96
155	7102	2905,4	1,92	2,16
156	7106	4315,6	1,94	2,18
157	7107	2983,8	1,9	2,04
158	7105	6086,8	1,91	2,1
159	3342	949,8	1,85	1,53
160	5278	1141,2	1,86	1,63

3.2.2 DNA Çoğaltımı (Polimeraz Zincir Reaksiyonu, PZR)

Bu proje çalışmasında Türkiye'deki 41 lokaliteden 160 örneğin mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* ve kontrol bölgesi polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ile çoğaltıldı. PZR çalışması sonucunda elde edilen ürünler dizi analizine gönderildi.

Reaksiyon karışımı, reaksiyon koşulları, kullanılan primerler çizelge 3.4-3.6'da gösterildi.

Çizelge 3.4 PZR karışımında kullanılan çözeltiler ve miktarları

Çözeltiler	Miktar (µl)
Steril su	16,25
Tampon (750 mM TrisHCl pH: 8.8, 200 mM (NH ₄) ₂ SO ₄ ; Fermentas)	3,75
dNTP Set (4x25µmol, 0,25 ml 100 mM dATP, dCTP, dGTP, dTTP, Fermentas)	6
F primer (20 pmol Macrogen)	1
R primer (20 pmol Macrogen)	1
MgCl ₂ (2 mM, Fermentas)	3
Taq DNA polimeraz (100 unite Fermentas)	5
DNA (500 ng/ µl)	1,5
Toplam	37,5

Çizelge 3.5 Sitokrom *b* ve kontrol bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan PZR koşulları

Sitokrom <i>b</i>	Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
	Ön Denatürasyon	95°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
Kontrol Bölgesi	Basamak	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
	Denatürasyon	95 °C	30 Saniye	31
	Bağlanma	62 °C	1 Dakika	
	Uzama	72 °C	1 Dakika	
	Son Uzama	72 °C	15 Dakika	1

Çizelge 3.6 Sitokrom *b* ve kontrol bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan primerler

Bölge	Primer Adı	Primer Dizisi	Referans
Sitokrom <i>b</i>	H15915R	5'-GGAATTCATCTCTCCGGTTTACAAGAC-3'	Irwin vd. 1991
	L14724 ^a	5'-CGAAGCTTGATATGAAAAACCATCGTTG-3'	Irwin vd. 1991
Kontrol Bölgesi	Primer 1	5'-ATAAACATTACTCTGGTCTTGTTAAAC-3'	Bellinvia 2004
	Primer 2	5'-CACAGTTATGTTGRTCATGG-3'	Bellinvia 2004

3.2.3 İstatistiksel Analizler

Moleküler çalışmalar sonucunda elde edilen DNA dizi verileri, populasyonların evrimsel geçmişi ve akrabalık ilişkilerini ortaya koyan filogenetik analizler, populasyonların genetik yapılarının belirlenmesine yönelik analizler ve populasyonların ortak ataya varma zamanının (evrimsel ayrılma zamanı/TMRCA) tahmin edilmesi için gerçekleştirilen analizler olmak üzere üç farklı şekilde değerlendirildi.

Filogenetik analizlerin gerçekleştirilmesi için *Apodemus* cinsine ait türlerin mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* ve kontrol bölgesine ait ileri ve geri okumalardan ortak (konsensus) dizilerin elde edilmesi, ortak dizilerin hizalanması ve düzenlemesi işlemleri BioEdit 7.0.9 (Hall 1999) programı ile program içindeki ClustalW modülü kullanılarak gerçekleştirildi. Bu işlemler sonrasında sitokrom *b* bölgesi için *Apodemus* cinsinin altı türü arasında 855-1059 nükleotitik baz dizisi, kontrol bölgesi için 440 - 505 arasında değişen sayıda nükleotidden oluşan veri seti elde edildi ve filogenetik analizler, genetik yapı analizleri ve evrimsel ayrılma zamanlarının belirlenmesi analizlerinde kullanıldı. Haplotip sayısı, haplotip çeşitliliği (h) ve nükleotid çeşitliliği (π) DnaSP v5 (Librado ve Rozas 2009) programı ile belirlendi. Filogenetik ağaçlar, her iki bölge için belirlenen haplotipler üzerinden, neighbour-joining (NJ) ve maximum likelihood (ML) yöntemlerini uygulayabilen MEGA 6 (Tamura vd. 2011) programı kullanılarak oluşturuldu. Bütün filogenetik ağaçların gücü ya da geçerliliği 1000 tekrarlı bootstrap (Felsenstein 1985) yeniden örnekleme ile değerlendirildi. Haplotipler arasındaki evrimsel ilişki örgüsü median-joining (Bendelt vd. 1999) yöntemine göre Network 4.6.1.3 programı ile belirlendi.

Populasyonların genetik yapısını belirlemeye yönelik olarak nükleotid çeşitliliği (π), haplotip çeşitliliği (h) ve gen akışı parametreleri (F_{ST}) analizleri DnaSP v5 (Librado ve Rozas 2009) programı ile gerçekleştirildi. ARLEQUIN version 3.5 (Excoffier ve Lischer 2010) programı tarafından uygulanabilen Moleküler Varyans Analizi Tekniği (AMOVA) kullanılarak populasyonların genetik yapısına ilişkin parametreler elde edildi. AMOVA ile populasyonların genetik yapısında gözlenen varyasyonun kaynağı gruplar arası, gruplar içindeki populasyonlar arası ve populasyonlar içindeki bireyler arası olmak üzere üç farklı seviyede araştırıldı. Elde edilen parametrelerin önem derecesi 1000 permütasyonlu mesafe matrisi kullanılarak belirlendi. Populasyonlar üzerinde seçilim baskısının etkilerini ortaya koyabilmek için varyasyon kareler toplamı (SSD), F_u 's F_S (Fu 1997) ve Tajima's D (Tajima 1989) istatistikleri hesaplandı.

Populasyonların ortak ataya varma zamanlarının (evrimsel ayrılma zamanları/TMRCA) tahmin edilebilmesi için BEAST v1.8.0 (Drummond vd. 2012) programı içerisindeki sıkı saat (strict-clock) yaklaşımı kullanıldı. Bu analizde 41 lokaliteden elde edilen bütün örneklerin mitokondriyal DNA'sının 847 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesi kullanıldı. Sıkı saat yaklaşımı için nükleotid değişim oranı milyon yılda nükleotid başına 0.01 (% 2) olacak şekilde ayarlandı (Taberlet vd. 1998, Johns ve Avise 1998). Moleküler saat ayarlaması 8-15 milyon yıl önce gerçekleşen *Mus-Rattus* ayrımına göre ortalaması 11.7, standart sapması 0.4 olacak şekilde normal dağılım kullanılarak gerçekleştirildi (Benton ve Donoghue 2007, Voloch ve Schrago 2012). Bu analiz için nükleotid değişim modeli olarak TN93+G (Tamura ve Nei 1993) ve soy hattı başına sabit türleşme oranını varsayan Yule tree prior seçeneği kullanıldı. Analiz her 1000 nesilde bir örnekleme yapılarak, 10.000.000 nesil için, üç tekrarlı olacak şekilde yürütüldü. Böylece, toplamda 30.000.000 nesil için oluşturulan 30.000 filogenetik ağaç içeren üç farklı ağaç dosyası ve her bir parametrenin ardıl olasılık dağılımlarının tahmini içeren dosya elde edildi (log file). Her bir log file için hem ayrı ayrı olarak hem de birleştirilmiş dosyaların sonuçları Tracer v1.6 (Rambaut vd. 2014) ile değerlendirildi ve her lokalitedeki populasyonlara ait efektif örnek büyüklüğü (effective sample size, ESS) değerinin 200'ün üzerinde olduğu belirlendi. Sonrasında LogCombiner v1.8.0 (Rambaut ve Drummond 2002-2013) kullanılarak birleştirilmiş ağaç dosyası (combined tree file) elde edildi. Tree Annotator v1.8.0 (Drummond ve Rambaut 2007) kullanılarak

ardıl olasılık sınırı 0.5 ve burn-in değeri 3000 olacak şekilde ağaçlar özetlendi (elde edilen ağaçların %10'u göz ardı edildi ve toplam 27.000 ağaç değerlendirildi) ve en uygun ağaç belirlenerek FigTree v1.8.0 (Rambaut 2008) ile görselleştirildi.

3.3 Morfometrik Verilerin Analizleri

Morfometrik analizlerde kafatası sağlam ve ölçülebilir düzeyde olan 120 kafatası örneği kullanıldı. Örneklere ait standart dış ölçüler (tüm boy uzunluğu, kuyruk uzunluğu, ard ayak uzunluğu, kulak uzunluğu) hariç tutularak literatürde kaydedilmiş (Harrison ve Bates 1991, Çolak 1995, Kankılıç 2010) 33 iç karakter ölçüsü 0,01 mm hassasiyetindeki kumpas ve mikrometre ile ölçüldü. Elde edilen veriler bilgisayar ortamına aktarılarak, veri dosyalarından tanımlayıcı istatistikler (ortalama, standart sapma) hesaplandı. Kafatası özelliklerinden elde edilen ölçümlerin ortalamaları arasındaki fark iki yönlü varyans analizi (ANOVA) ile belirlendi. Bu analizin uygulanmasında SPSS 18 (Norusis 1990) paket programı kullanıldı. ANOVA analizinde gruplar arasında farklılıklar gösteren karakterlerin, hangi gruplar arasında ne derece farka sahip olduklarını belirlemek amacıyla Tukey Post Hoc test yapıldı.

Morfometrik çalışmalar sonucunda elde edilen veriler Ayrışım fonksiyonu analizi (DFA) gibi çok değişkenli istatistik yöntemiyle değerlendirildi. DFA analizi için STATİSTİCA 7 (Anonymous, 2005) paket programı kullanıldı. Bu programdan elde edilen DFA-skorları kullanılarak PASS 2008 (Hintze 2008) paket programında, CVA analizi sonucu oluşan gruplar, 2 boyutlu düzlemde dağılım grafikleri ile gösterildi. Ayrıca CVA sonucu elde edilen Mahalanobis uzaklık matrisi kullanılarak NTSYS pc 2.2 (Rohlf 1993) paket programında bir diğer çok değişkenli analiz olan Kümeleme (Cluster) analizi morfolojik verilere uygulanarak UPGMA ağacı çizildi. Kümeleme analizi için veriler standardize edildikten sonra (YBAR), Dis/similarity matrisinde (Simint – Corr) analiz edilerek, dendrogram (Sahn modülünde) UPGMA (Unweighted Pair-Group Method of Arithmetic Means) prosedürüne göre oluşturuldu.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1 Moleküler Analizler

4.1.1 *Apodemus flavicollis*'in sitokrom *b* bölgesi analizleri

Türkiye'deki 17 farklı lokaliteden elde edilen 44 *Apodemus flavicollis* örneği için toplam 40 haplotip belirlendi (Çizelge 4.1). Bu haplotipler her bir *A. flavicollis* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 859 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 44 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (h) ve nükleotit çeşitliliği (π) değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,996$, $\pi=0,03845$).

Çizelge 4.1 *Apodemus flavicollis*'in sitokrom *b* bölgesi haplotipleri

Haplotiple r	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	3909	Trabzon-Yomra (1)
Hap_2	1	2129	Bolu-Abant (1)
Hap_3	1	3670	Bursa-Uludağ (1)
Hap_4	2	5130	Sinop-Bürnük (1), İstanbul-Beykoz(1)
Hap_5	1	5348	Samsun-Çakallı (1)
Hap_6	1	6859	Çanakkale-Biga-Sinekçi (1)
Hap_7	1	7171	Giresun-Bulancak (1)
Hap_8	1	5353	Giresun-Barça (1)
Hap_9	1	6406	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_10	1	6309	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_11	1	6311	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_12	1	5200	Zonguldak (1)
Hap_13	1	5201	Zonguldak (1)
Hap_14	1	3748	Zonguldak-Çaycuma (1)
Hap_15	1	4035	İstanbul-Beykoz (1)
Hap_16	1	3964	İstanbul-Beykoz (1)
Hap_17	1	4036	İstanbul-Beykoz (1)
Hap_18	1	4037	İstanbul-Beykoz (1)
Hap_19	1	3453	Çorum (1)
Hap_20	1	3452	Çorum (1)
Hap_21	1	3454	Çorum (1)
Hap_22	1	3455	Çorum (1)
Hap_23	1	2839	Ordu-Akkuş (1)
Hap_24	2	3471-3472	Ordu-Efirli (2)
Hap_25	1	3428	Ordu-Efirli (1)
Hap_26	1	6965	Tekirdağ-Çerkezköy (1)
Hap_27	1	6967	Tekirdağ-Çerkezköy (1)
Hap_28	1	7103	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_29	1	7104	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_30	1	7105	Edirne-Enez (1)
Hap_31	1	7106	Edirne-Enez (1)
Hap_32	1	7095	Edirne-Azathı (1)

Çizelge 4.1 *Apodemus flavicollis*'in sitokrom *b* bölgesi haplotipleri (devam)

Hap_33	1	7092	Edirne-Azathlı (1)
Hap_34	2	7093-7094	Edirne-Azathlı (2)
Hap_35	1	7107	Edirne-Enez (1)
Hap_36	1	7086	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_37	2	7087-7085	Tekirdağ-Kumbağ (2)
Hap_38	1	7088	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_39	1	7090	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_40	1	7091	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_41	1	AJ298603.1	Almanya (1)
Hap_42	1	AJ298602.1	Fransa (1)
Hap_43	1	AJ605614.1	Fransa (1)
Hap_44	1	JF819970.1	Bosna Hersek (1)
Hap_45	1	JF819967.1	Yunanistan (1)
Hap_46	1	JF819964.1	Makedonya (1)
Hap_47	1	AJ605690.1	İsrail (1)
Hap_48	1	AJ605688.1	İran (1)
Hap_49	1	AJ605677.1	Türkiye-Fethiye (1)
Hap_50	1	AJ605676.1	Türkiye-Fethiye (1)
Hap_51	1	AJ605672.1	Türkiye-Trakya (1)
Hap_52	1	AJ605668.1	Türkiye-Datça (1)
Hap_53	1	AJ605667.1	Türkiye-Datça (1)
Hap_54	1	AJ605664.1	İsveç (1)
Hap_55	1	AJ605661.1	İspanya (1)
Hap_56	1	AJ605652.1	Rusya (1)
Hap_57	1	AJ605647.1	Rusya (1)
Hap_58	1	AJ605641.1	Litvanya (1)
Hap_59	1	JX457720.1	Portekiz (1) <i>Mus musculus</i>
Hap_60	1	JX457718.1	Portekiz (1) <i>Mus musculus</i>
Hap_61	1	AB746365	Vietnam (1) <i>Rattus norvegicus</i>
Hap_62	1	AB746363	Vietnam (1) <i>Rattus norvegicus</i>

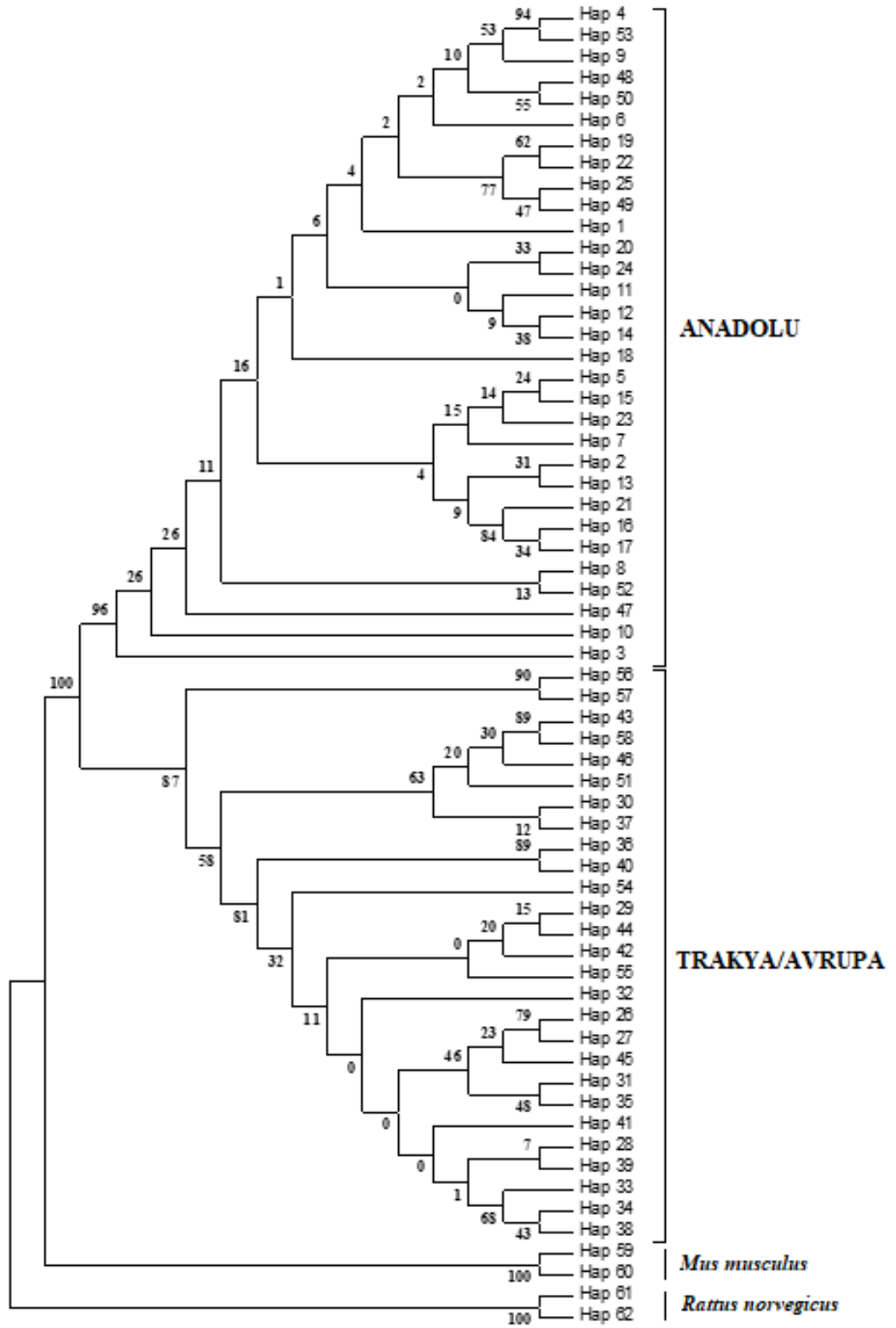
A. flavicollis'in 44 örneğinden oluşan veri setinde 753 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 106 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 85 olarak bulundu. TN93 (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 6,23 olarak hesaplandı. 859 bazdan oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 31,14, T/U = % 29,25, C = % 26,76 ve G = % 12,84 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre TN93 (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.2).

Apodemus flavicollis'in Trakya ve Anadolu'daki 17 lokalitede yayılış gösteren popülasyonları arasındaki evrimsel ilişkiyi belirleyebilmek için yapılan filogenetik analizler sonrasında, dallanma biçimleri büyük oranda birbirinin benzeri olan NJ ve ML

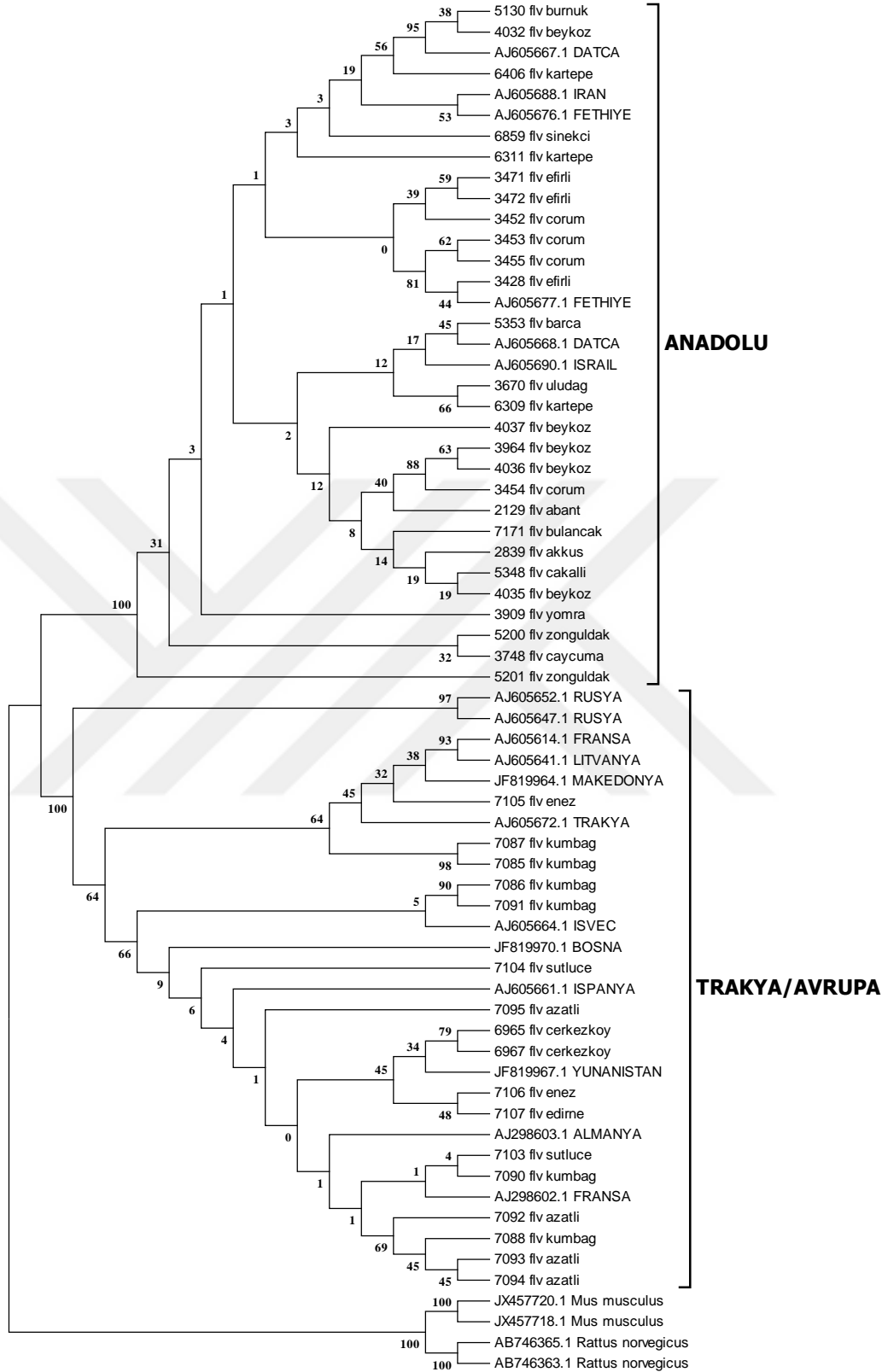
ağaçları elde edildi. Oluşturulan her iki evrimsel ağaçta Trakya ve Anadolu popülasyonlarının birbirlerinden belirgin olarak ayrıldığı belirlendi (Şekil 4.1-4.2).

Çizelge 4.2 *Apodemus flavicollis*'in 44 örneğinin sitokrom *b* bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	2,00	1,83	9,49
T/U	2,13	-	25,73	0,88
C	2,13	28,12	-	0,88
G	23,01	2,00	1,83	-

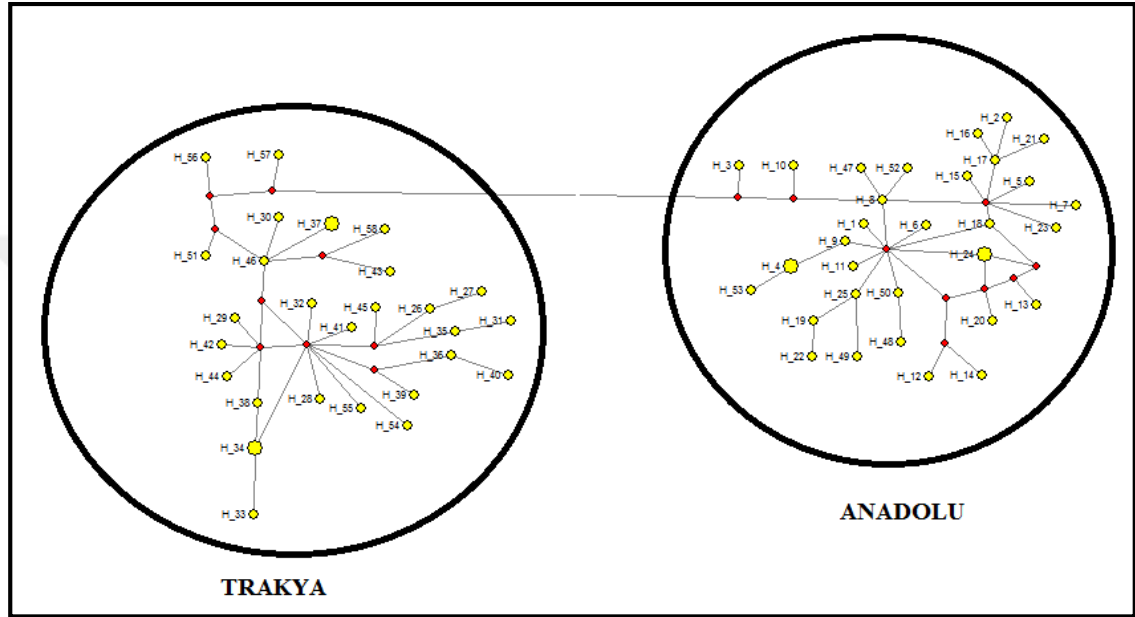


Şekil 4.1 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 40 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.2 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 44 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı

Filogenetik ağaçlar ile benzer olarak, median-joining yöntemi ile oluşturulan haplotipler arasındaki evrimsel ilişki örgüsü temelde 2 ana haplotip grubu (genetik soy hattı/soy hattı) ortaya çıkardı. Bunlar; Trakya haplotipleri ve Avrupa (GenBank) haplotiplerinden oluşan grup ile Anadolu'daki haplotiplerden oluşan gruplardır (Şekil 4.3).



Şekil 4.3 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 40 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

Apodemus flavicollis mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* gen bölgesinin genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri, sadece birer örnek ile temsil edilen 6 lokalite (Bolu, Bursa, Samsun, Çanakkale-Sinekçi, Sinop, Trabzon) hariç tutularak geri kalan 11 lokalitedeki örnekler üzerinden gerçekleştirildi. Tüm populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde yüksek nükleotid çeşitliliğinden söz edilebilirken, her bir populasyon için ayrı değerlendirmeler yapıldığında nükleotid çeşitliliğinin düşük seviyede olduğu gözlemlendi. Populasyonlar arasında Zonguldak ve Enez populasyonlarının diğer populasyonlara oranla daha yüksek nükleotid çeşitliliğine sahip olduğu görüldü (Çizelge 4.3).

Populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri Kimura 2-Parametresi (Kimura 1980) kullanılarak hesaplandı. Buna göre elde edilen sonuçlarda Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasında % 6,7 değerinde genetik farklılaşmanın olduğu tespit edildi (Çizelge 4.4). *Apodemus flavicollis*'in Türkiye populasyonları ve GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki Kimura 2-Parametresi değerleri de çizelge 4.5'te gösterildi.

Çizelge 4.3 *Apodemus flavicollis*'in 11 lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Populasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Giresun	2	2	0,00349	1,00000
Kocaeli	3	3	0,00543	1,00000
Zonguldak	3	3	0,01319	1,00000
İstanbul-Beykoz	5	5	0,00582	1,00000
Çorum	4	4	0,00718	1,00000
Ordu	4	3	0,00427	0,83333
Tekirdağ-Çerkezköy	2	2	0,00116	1,00000
Çanakkale-Sütlüce	2	2	0,00582	1,00000
Edirne-Enez	3	3	0,01009	1,00000
Edirne-Azatlı	4	3	0,00407	0,83333
Tekirdağ-Kumbağ	6	5	0,00869	0,93333
TÜM POPULASYONLAR	38	35	0,03978	0,99573

Çizelge 4.4 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki haplotip grupları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

HAPLOTİP GRUPLARI	1	2	3	4	5	6
1. ANADOLU		0,009	0,009	0,000	0,000	0,009
2. TRAKYA	0,067		0,000	0,009	0,009	0,002
3. AVRUPA	0,065	0,000		0,009	0,009	0,002
4. İran/İsrail	0,000	0,064	0,062		0,000	0,010
5. Fethiye/Datça	0,000	0,067	0,064	-0,001		0,010
6. Trakya (AJ605672.1)	0,069	0,006	0,004	0,067	0,068	

Çizelge 4.5 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 17 lokalitedeki populasyonlar ve GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

POPULASYONLAR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
1. TRABZON		0,004	0,003	0,003	0,003	0,003	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,010	0,009	0,009	0,010	0,009	0,009	0,002	0,002	0,009	
2. BOLU	0,012		0,005	0,004	0,004	0,004	0,003	0,003	0,002	0,003	0,003	0,003	0,011	0,010	0,010	0,011	0,010	0,010	0,003	0,003	0,011
3. BURSA	0,009	0,017		0,003	0,004	0,004	0,003	0,002	0,003	0,003	0,003	0,010	0,009	0,009	0,009	0,009	0,009	0,002	0,003	0,003	0,009
4. SINOP	0,007	0,014	0,009		0,003	0,003	0,002	0,002	0,003	0,002	0,002	0,010	0,010	0,010	0,010	0,009	0,009	0,002	0,001	0,010	
5. SAMSUN	0,008	0,013	0,011	0,011		0,003	0,002	0,002	0,003	0,002	0,002	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,009	0,002	0,002	0,010	
6. SINEKCI	0,006	0,013	0,011	0,008	0,009		0,002	0,002	0,003	0,002	0,002	0,010	0,010	0,009	0,010	0,009	0,009	0,002	0,002	0,010	
7. GİRESUN	0,004	0,009	0,006	0,006	0,004	0,005		0,000	0,002	0,000	0,001	0,001	0,010	0,010	0,009	0,010	0,009	0,009	0,000	0,001	0,010
8. KOCAELI	0,002	0,009	0,005	0,004	0,005	0,004	0,000		0,001	0,001	0,000	0,010	0,009	0,009	0,010	0,009	0,009	0,000	0,000	0,009	
9. ZONGULDAK	0,004	0,007	0,010	0,007	0,008	0,006	0,003	0,002		0,001	0,001	0,010	0,009	0,009	0,010	0,009	0,009	0,001	0,001	0,010	
10. BEYKOZ	0,004	0,007	0,006	0,004	0,004	0,005	0,000	0,001	0,003		0,000	0,010	0,010	0,009	0,010	0,009	0,009	0,001	0,001	0,010	
11. ÇORUM	0,003	0,007	0,007	0,005	0,005	0,004	0,001	0,000	0,002	0,001		0,000	0,010	0,010	0,009	0,010	0,009	0,009	0,000	0,000	0,010
12. ORDU	0,003	0,009	0,007	0,005	0,005	0,004	0,000	0,000	0,002	0,001	0,000	0,010	0,010	0,009	0,010	0,009	0,009	0,000	0,000	0,010	
13. ÇERKEZKOY	0,072	0,085	0,072	0,079	0,076	0,073	0,072	0,071	0,074	0,075	0,074	0,074	0,002	0,002	0,002	0,002	0,002	0,010	0,010	0,004	
14. SUTLUCE	0,068	0,081	0,068	0,074	0,072	0,069	0,068	0,068	0,069	0,070	0,069	0,069	0,004	0,001	0,001	0,001	0,000	0,010	0,009	0,003	
15. ENEZ	0,065	0,078	0,067	0,072	0,069	0,067	0,066	0,066	0,067	0,068	0,067	0,067	0,003	0,001	0,001	0,001	0,001	0,009	0,009	0,002	
16. AZATLI	0,069	0,083	0,070	0,076	0,074	0,071	0,070	0,070	0,071	0,073	0,071	0,072	0,005	0,001	0,002	0,001	0,001	0,010	0,010	0,003	
17. KUMBAG	0,065	0,078	0,066	0,071	0,069	0,066	0,065	0,065	0,067	0,068	0,067	0,067	0,005	0,001	0,000	0,002	0,000	0,009	0,009	0,002	
18. AVRUPA	0,064	0,077	0,064	0,071	0,068	0,065	0,064	0,064	0,066	0,066	0,066	0,066	0,005	0,001	0,000	0,002	0,000	0,009	0,009	0,002	
19.İRAN/İSRAİL	0,002	0,009	0,005	0,004	0,005	0,004	0,000	0,000	0,003	0,000	0,000	0,070	0,065	0,063	0,067	0,063	0,062	0,000	0,010		
20. MUĞLA	0,002	0,009	0,006	0,002	0,005	0,004	0,001	0,000	0,003	0,000	0,000	0,072	0,068	0,066	0,070	0,065	0,064	-0,001	0,010		
21. TRAKYA	0,068	0,081	0,068	0,075	0,072	0,069	0,068	0,068	0,070	0,070	0,070	0,012	0,008	0,005	0,009	0,005	0,004	0,067	0,068		

A. *flavicollis* populasyonlarının mtDNA sitokrom *b* bölgesinde gözlenen varyasyonun kaynağını açıklayabilmek için gerçekleştirilen moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda iki ana haplotip grubu arasındaki farklılığın nedeninin gruplar arasındaki varyasyondan kaynaklandığı tespit edildi (% 88,17). Haplotip gruplarını oluşturan populasyonlar arasındaki varyasyonun populasyon içindeki varyasyona göre daha düşük olduğu tespit edildi. Her üç seviyedeki araştırılan varyasyonların fiksasyon indisleri anlamlıdır (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6 *Apodemus flavicollis*'in Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	563.190	26.73085 Va	88.17
Grupları oluşturan populasyonlar arası	15	69.090	0.70257 Vb	2.32
Populasyonlar içi	27	77.833	2.88272 Vc	9.51
Toplam	43	710.114	30.31614	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0,19596 (Vb)	P<0,000		
FST :	0,90491 (Vc)	P<0,000		
FCT :	0,88174 (Va)	P<0,000		

Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesini ve gen akışının seviyesini belirlemek amacıyla fiksasyon indisi olarak bilinen F_{ST} değerleri hesaplandı. Buna göre Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasındaki F_{ST} değeri (0.88417) bu iki haplotip grubu arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Her iki haplotip grubu arasında gen akış seviyesi $N_m = 0,07$ olarak bulundu. *Apodemus flavicollis*'in 11 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri çizelge 4.7'de gösterildi.

Çizelge 4.7 *Apodemus flavicollis*'in 11 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
GİRESUN	0.00000										
KOCAELİ	0.03478	0.00000									
ZONGULDAK	0.14126	0.20000	0.00000								
BEYKOZ	-0.05991	0.09959	0.32299	0.00000							
CORUM	0.07278	0.05783	0.18280	0.11290	0.00000						
ORDU	0.08197	-0.02954	0.26143	0.10663	-0.06306	0.00000					
ÇERKEZKÖY	0.96667	0.94294	0.87939	0.93352	0.92260	0.95142	0.00000				
ŞÜTLÜCE	0.93162	0.91945	0.85519	0.91830	0.90386	0.93319	0.50000	0.00000			
ENEZ	0.88476	0.88764	0.84127	0.89779	0.88227	0.90516	0.19512	0.01229	0.00000		
AZATLI	0.94356	0.93410	0.89585	0.93008	0.92189	0.94114	0.55663	0.24159	0.25695	0.00000	
KUMBAG	0.88467	0.88669	0.86184	0.89452	0.88420	0.89840	0.32020	0.06042	0.05294	0.20909	0.00000

Populasyonların seçilim baskısına maruz kalıp kalmadığını tespit edebilmek için Tajima's D (Tajima 1989) ve Fu's F_S (Fu 1997) istatistikleri hesaplandı. Populasyon genişlemesi gibi populasyonun boyutunda görülen değişimler ya da doğrudan seçilim baskısı altındaki herhangi bir lokus, D istatistiğinin negatif değer almasına neden olur. Aksi yönde, ana populasyonun alt populasyonlara ayrılması, dengeli seçilim ya da, yakın zamanda gerçekleşen populasyon darboğazı bu istatistiğin pozitif değer almasına neden olur. Fu's F_S değeri ise populasyonların demografik genişlemesine karşı oldukça hassastır ve genişleme görülen populasyonlarda negatif yönde büyük değerler belirlenir. Her iki istatistik hem Trakya hem de Anadolu haplotip gruplarında yüksek negatif değerde ve istatistiksel olarak anlamlı bulundu. Bu Türkiye'de yaşayan *Apodemus flavicollis* populasyonlarının populasyon genişlemesine maruz kaldığını göstermektedir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8 *Apodemus flavicollis*'in iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	ANADOLU	TRAKYA
Tajima's <i>D</i>	-1.59673	-1.18091
P	0.03500	0.10300
Birey Sayısı	27	17
Fu's <i>F_S</i> testi	-19.01309	-6.53924
P	0.00000	0.00400
Haplotip Sayısı	25	15

4.1.2 *Apodemus mystacinus*' un sitokrom *b* bölgesi analizleri

Türkiye'deki 12 farklı lokaliteden elde edilen 41 *Apodemus mystacinus* örneği için toplam 18 haplotip belirlendi (Çizelge 4.9). Bu haplotipler her bir *A. mystacinus* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 855 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 41 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (*h*) ve nükleotit çeşitliliği (π) değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,94062$, $\pi=0,01076$).

Çizelge 4.9 *Apodemus mystacinus*'un sitokrom *b* bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	6860	Kastamonu-Hanönü (1)
Hap_2	1	2300	Artvin-Ardanuç (1)
Hap_3	4	2303-2304-2305-2306	Artvin-Ardanuç (4)
Hap_4	1	3401	Artvin-Ardanuç (1)
Hap_5	2	5707-5370	Artvin-Hopa (1), Artvin-Cankurtaran (1)
Hap_6	2	5368-5369	Artvin-Cankurtaran (2)
Hap_7	5	3342-3343-3363-3362-3350	Trabzon-Sümela (3), Trabzon-Meryemana (1), Trabzon-Altındere (1)
Hap_8	1	5128	Trabzon-Sümela (3)
Hap_9	2	3798-3797	Trabzon-Sümela (1), Trabzon-Sürmene (1)
Hap_10	1	3702	Düzce-Akçakoca (1)
Hap_11	6	3703-5202-5203-5204-5206-5207	Düzce-Akçakoca (1), Zonguldak (5)
Hap_12	5	7145-7146-7147-7151-7152	Giresun-Bulancak (5)
Hap_13	1	7153	Giresun-Bulancak (1)
Hap_14	1	5405	Rize-Çamlıhemşin (1)

Çizelge 4.9 *Apodemus mystacinus*'un sitokrom *b* bölgesi haplotipleri (devam)

Hap_15	2	6386-5415	Rize-Çamlıhemşin (2)
Hap_16	2	5407-5385	Rize-Çamlıhemşin (2)
Hap_17	1	5386	Rize-Çamlıhemşin (1)
Hap_18	3	7022-7023-7024	Tokat-Pazar (3)
Hap_19	1	AJ748239.1	Artvin
Hap_20	1	AJ748225.1	Antalya
Hap_21	1	AJ748226.1	Antalya
Hap_22	1	AJ748240.1	Gürcistan
Hap_23	2	AJ311146.1, AJ748238.1	Suriye
Hap_24	1	AJ748232.1	Girit
Hap_25	1	AJ748233.1	Girit
Hap_26	1	JX457720.1	Portekiz (1) <i>Mus</i>
Hap_27	1	JX457718.1	Portekiz (1) <i>Mus</i>
Hap_28	1	AB746365	Vietnam (1) <i>Rattus</i>
Hap_29	1	AB746363	Vietnam (1) <i>Rattus</i>

A. mystacinus'un 41 örneğinden oluşan veri setinde 816 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 39 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 34 olarak bulundu. TN93 (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 7,5 olarak hesaplandı. 855 bazdan oluşan veri seti için nükleotid frekansları $A = \% 31,09$, $T/U = \% 30,03$, $C = \% 26,29$ ve $G = \% 12,59$ olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre TN93 (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.10).

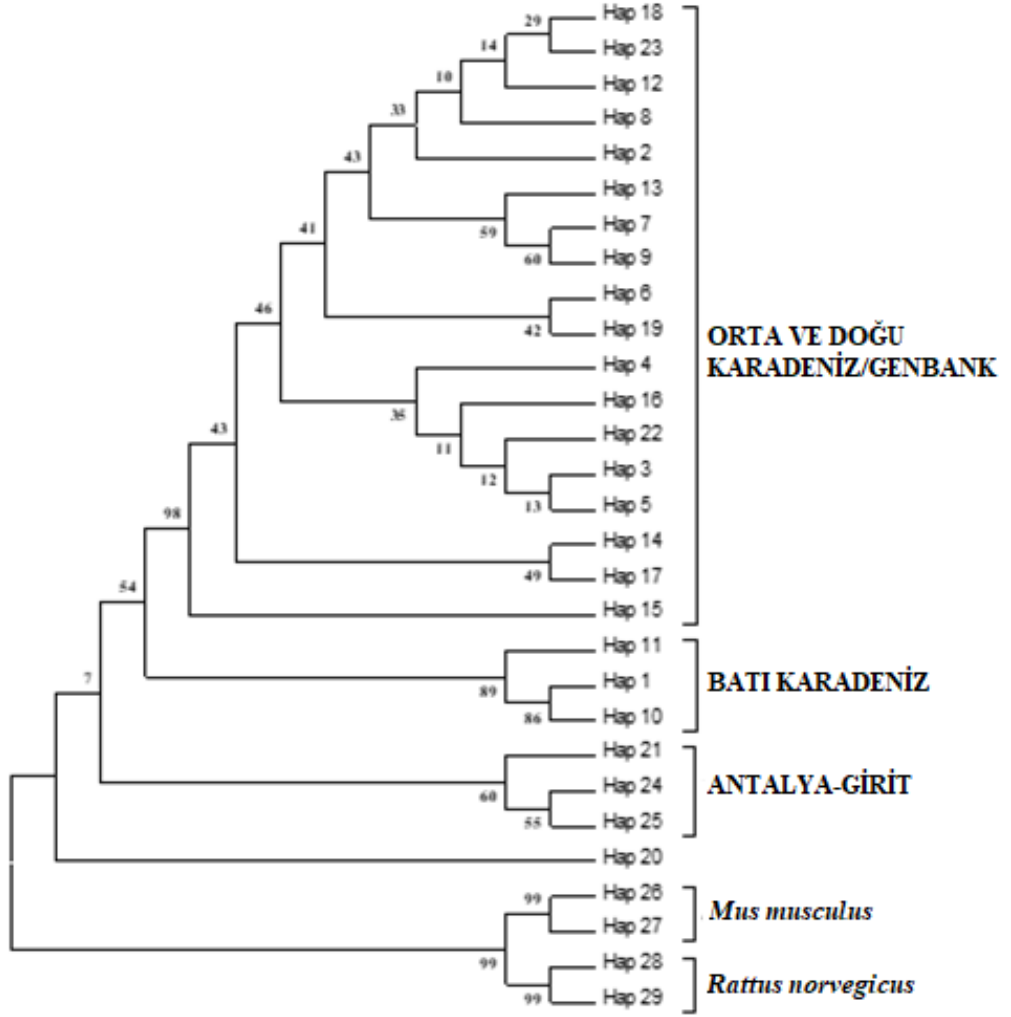
Çizelge 4.10 *Apodemus mystacinus*'un 41 örneğinin sitokrom *b* bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	1,47	1,47	22,05
T/U	1,47	-	22,05	1,47
C	1,47	22,05	-	1,47
G	22,05	1,47	1,47	-

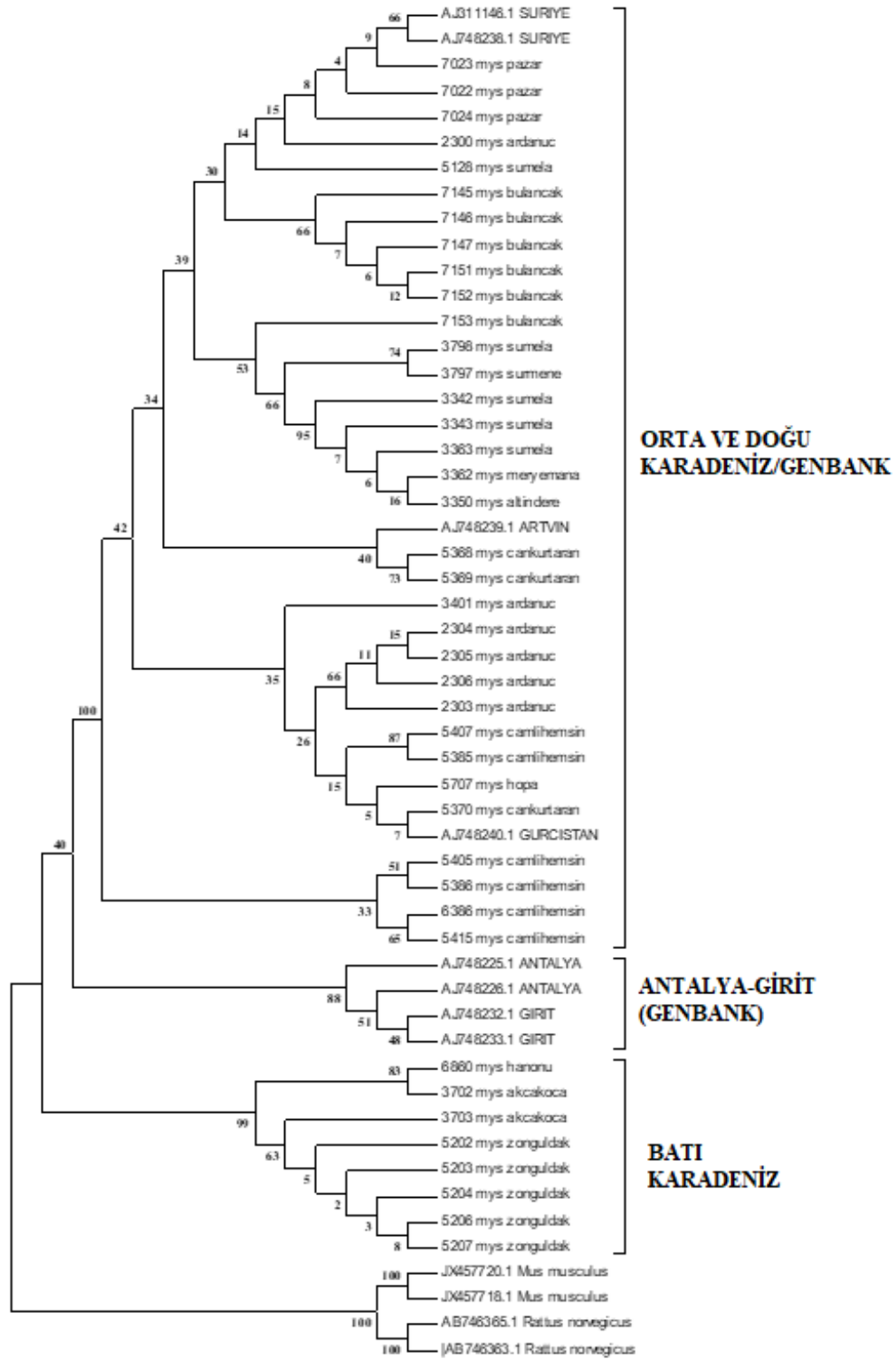
Apodemus mystacinus'un Anadolu'daki 12 lokalitede yayılış gösteren popülasyonları arasındaki evrimsel ilişkiyi belirleyebilmek için yapılan filogenetik analizler sonrasında,

dallanma biçimleri büyük oranda birbirinin benzeri olan NJ ve ML ağaçları elde edildi. Oluşturulan her iki evrimsel ağaç orta seviyedeki bootstrap değerleri ile desteklenen iki farklı kladdan oluştu. Birinci klad Batı Karadeniz'deki Kastamonu, Düzce ve Zonguldak populasyonlarından, ikinci klad ise Orta ve Doğu Karadeniz populasyonlarından meydana geldi (Şekil 4.4-4.5). Benzer sonuç evrimsel ilişki örgüsü analizi sonuçları ile desteklendi. Buna göre Türkiye'nin kuzeyinde yayılış gösteren *A. mystacinus* populasyonları Batı ve Orta/Doğu Karadeniz Bölgeleri'ndeki haplotiplerin temsil ettiği iki ana haplotip grubuna ayrıldı (Şekil 4.6).

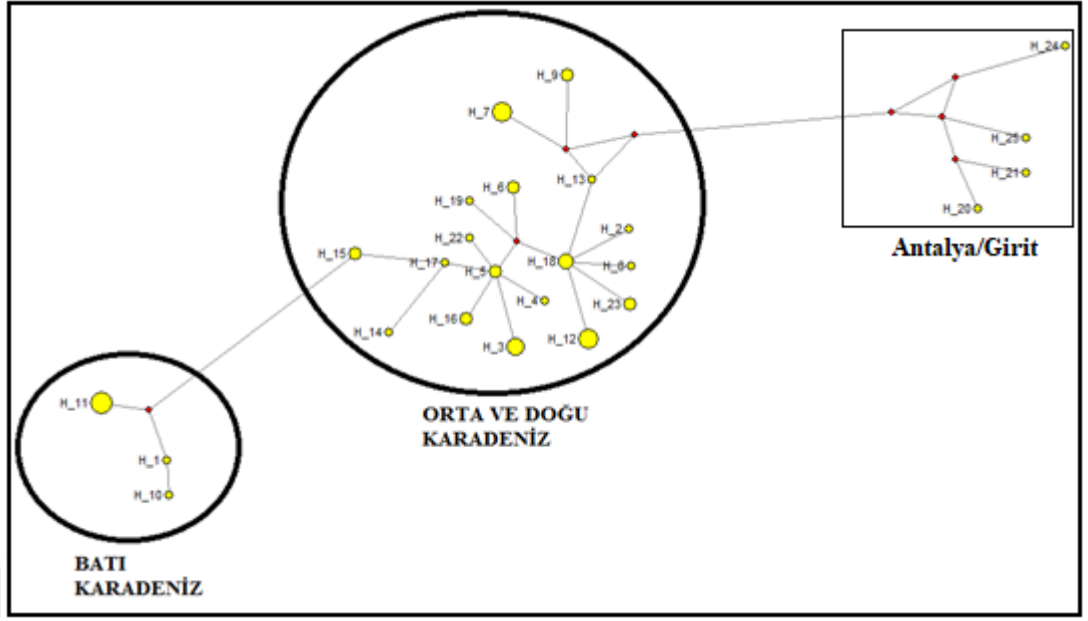




Şekil 4.4 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 18 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.5 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 41 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı



Şekil 4.6 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 18 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

A. mystacinus populasyonları her bir lokalite göz önüne alındığında düşük seviyede nükleotit çeşitliliğine sahiptir. Ancak bütün populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde nükleotit çeşitliliğinin orta seviyede olduğu görüldü. Altı örneğin temsil ettiği 2 haplotipe sahip Giresun lokalitesindeki populasyonlarda haplotip çeşitliliği değeri en düşük seviyede iken, 2 örneğin 2 farklı haplotipi taşıdığı Düzce lokalitesindeki populasyon en yüksek haplotip çeşitliliğine sahiptir. *A. mystacinus*'un mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* gen bölgesinin genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri, sadece bir örnek ile temsil edilen lokalite Kastamonu-Hanönü lokalitesi hariç tutularak geri kalan 7 lokalitedeki örnekler üzerinden gerçekleştirildi (Çizelge 4.11).

Haplotip grupları arasındaki Kimura-2 parametresine göre (K2P) hesaplanan genetik mesafe değeri % 2,5 olarak bulunmuştur ve haplotip grupları arasında alttür seviyesinde genetik farklılaşma olabileceğini işaret etmektedir (Çizelge 4.12). *A. mystacinus*'un Türkiye'deki 8 lokalitedeki populasyonları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar da çizelge 4.13'te gösterildi.

Çizelge 4.11 *Apodemus mystacinus*'un 7 lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Popülasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Artvin	10	5	0,00252	0,82222
Trabzon	8	3	0,00326	0,60714
Düzce	2	2	0,00351	1,00000
Giresun	6	2	0,00078	0,33333
Rize	6	4	0,00288	0,86667
Tokat	3	1	0,00000	0,00000
Zonguldak	5	1	0,00000	0,00000
TÜM POPULASYONLAR	40	18	0,01076	0,94062

Çizelge 4.12 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 2 ana haplotip grubu arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklık (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

Batı Karadeniz		0,005
Orta ve Doğu Karadeniz	0,025	

Çizelge 4.13 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 8 lokalitedeki popülasyonları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

Popülasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8
1. Kastamonu		0,005	0,005	0,000	0,005	0,005	0,005	0,002
2. Artvin	0,026		0,002	0,005	0,001	0,000	0,001	0,005
3. Trabzon	0,029	0,005		0,005	0,001	0,002	0,001	0,005
4. Düzce	0,000	0,025	0,027		0,005	0,005	0,005	0,000
5. Giresun	0,027	0,002	0,004	0,026		0,002	0,001	0,005
6. Rize	0,025	0,001	0,006	0,024	0,004		0,002	0,005
7. Tokat	0,026	0,002	0,003	0,025	0,001	0,003		0,005
8. Zonguldak	0,002	0,026	0,029	0,000	0,027	0,025	0,026	

Alt popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşmayı gösteren fiksasyon indisi (F_{ST}) değerleri yüksektir bariz popülasyon farklılaşmasını göstermektedir. Bu değer iki ana

haplotip grubu arasında yaklaşık olarak 0,88 olarak hesaplandı (Çizelge 4.14). Bunun yanında haplotip grupları arasındaki gen akışı (N_m) değeri 0,07'dir.

Çizelge 4.14 *Apodemus mystacinus*'un 7 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri

Populasyonlar	1	2	3	4	5	6
1. Artvin						
2. Trabzon	0,620					
3. Düzce	0,890	0,887				
4. Giresun	0,597	0,633	0,922			
5. Rize	0,262	0,665	0,878	0,676		
6. Tokat	0,569	0,652	0,933	0,667	0,678	
7. Zonguldak	0,953	0,945	0,000	0,986	0,944	1,000

Moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA) haplotip grupları arasındaki varyasyonun yüksek seviyede olduğunu gösterdi. Bu sonuç haplotip gruplarını oluşturan populasyonların coğrafik dağılımının farklılaşmada önemli katkısının olduğunu göstermektedir. Populasyonlar içi ve arası varyasyon yüzdelerinin fiksasyon indisleri de istatistiksel olarak anlamlı bulundu (Çizelge 4.15).

Çizelge 4.15 *Apodemus mystacinus*'un Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	134.295	9.94487 Va	82.77
Grupları oluşturan populasyonlar arası	6	40.970	1.19820 Vb	9.97
Populasyonlar içi	33	28.783	0.87222 Vc	7.26
Toplam	40	204.049	12.01529	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.57872 (Vb) P<0,000			
FST :	0.92741 (Vc) P<0,000			
FCT :	0.82768 (Va) P<0.016			

Nötralite testleri sonuçlarına göre Tajima's D değeri düşük seviyede negatif ve F_u 's F_s değeri pozitif olarak bulunmuştur. Her iki istatistiğin önem dereceleri anlamsız olarak bulundu. Bu durum *A. mystacinus* popülasyonlarının demografik kararlılıkta olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.16).

Çizelge 4. 16 *Apodemus mystacinus*'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	BATI KARADENİZ	ORTA VE DOĞU KARADENİZ
Tajima's D	-0.17740	-0.56286
P	0.42100	0.34500
Birey Sayısı	8	33
Fu's F_s testi	0.39014	-3.96993
P	0.48900	0.05400
Haplotip Sayısı	3	15

4.1.3 *Apodemus uralensis*'in sitokrom b bölgesi analizleri

Türkiye'deki 11 farklı lokaliteden elde edilen 34 *A. uralensis* örneği için toplam 27 haplotip belirlendi (Çizelge 4.17). Bu haplotipler her bir *A. uralensis* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 901 baz uzunluğundaki sitokrom b bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 34 örneğe ait sitokrom b dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,97931$). Bütün popülasyonların nükleotit çeşitliliği değeri ise düşük bulundu ($\pi=0,00994$)

A. uralensis'in 34 örneğinden oluşan veri setinde 814 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 85 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 31 olarak bulundu. TN93+G (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 6,88 olarak hesaplandı. 901 nükleotidden oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 31,35, T/U = % 28,68, C = % 27,15 ve G = %

12,82 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin deęişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre TN93+G (Tamura ve Nei 1993) nükleotid deęişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.18).



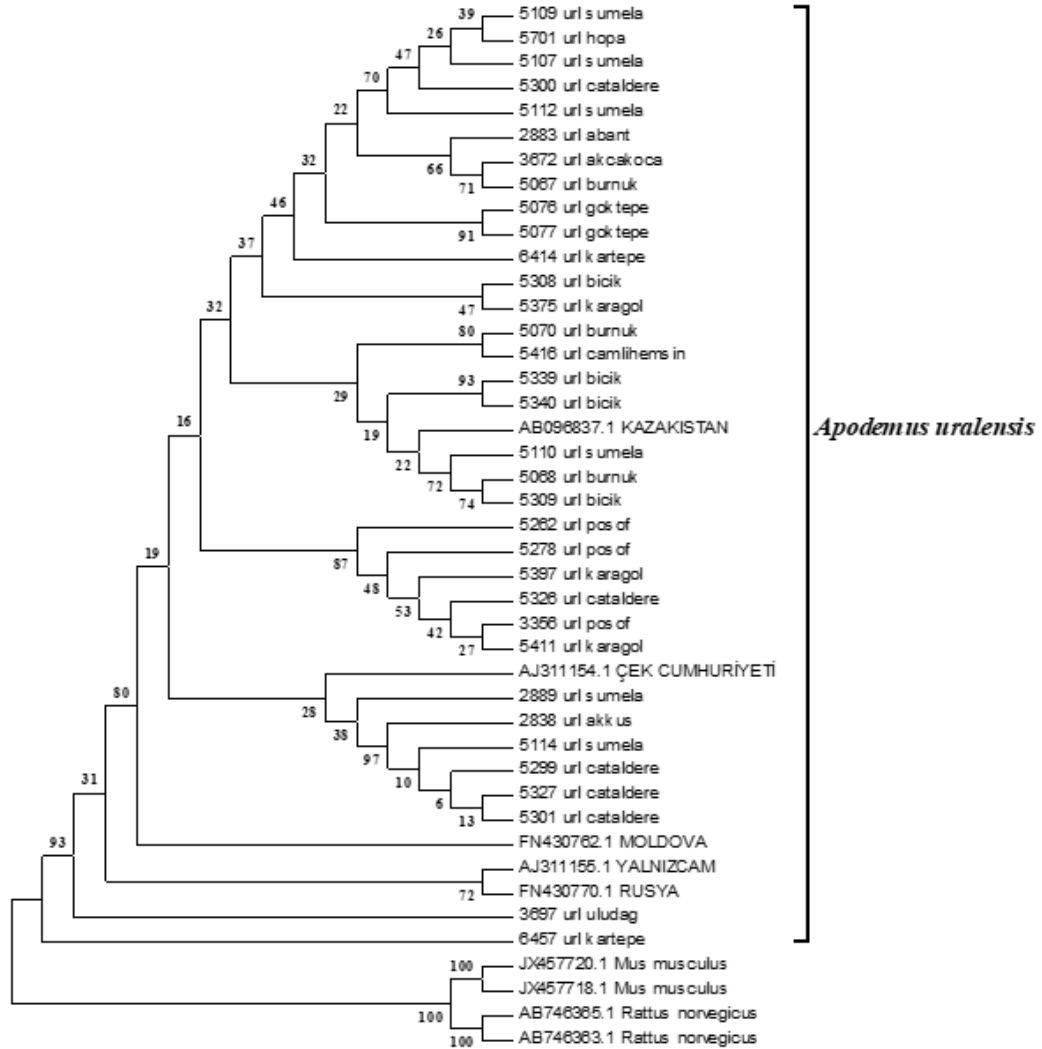
Çizelge 4.17 *Apodemus uralensis*'in sitokrom *b* bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	6457	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_2	1	6414	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_3	1	2883	Bolu-Abant
Hap_4	5	2838-5114-5299-5327-5301	Ordu-Akkuş (1), Trabzon-Sümela (1), Rize-Çataldere (3)
Hap_5	1	3672	Düzce-Akçakoca (1)
Hap_6	1	3697	Bursa-Uludağ (1)
Hap_7	1	5067	Sinop-Bürnük (1)
Hap_8	1	5068	Sinop-Bürnük (1)
Hap_9	1	5070	Sinop-Bürnük (1)
Hap_10	2	5076-5077	Sinop-Dikmen-Göktepe (2)
Hap11	1	5107	Trabzon-Sümela (1)
Hap_12	1	2889	Trabzon-Sümela (1)
Hap_13	2	5109-5701	Trabzon-Sümela (1), Artvin-Hopa (1)
Hap_14	1	5110	Trabzon-Sümela (1)
Hap_15	1	5112	Trabzon-Sümela (1)
Hap_16	1	5262	Ardahan-Posof (1)
Hap_17	1	5278	Ardahan-Posof (1)
Hap_18	2	3356-5411	Ardahan-Posof (1), Artvin-Karagöl (1)
Hap_19	1	5416	Rize-Çamlıhemşin (1)
Hap_20	1	5326	Rize-Çataldere (1)
Hap_21	1	5300	Rize-Çataldere (1)
Hap_22	1	5308	Giresun-Bicik (1)
Hap_23	1	5309	Giresun-Bicik (1)
Hap_24	1	5339	Giresun-Bicik (1)
Hap_25	1	5340	Giresun-Bicik (1)
Hap_26	1	5375	Artvin-Karagöl (1)
Hap_27	1	5397	Artvin-Karagöl (1)
Hap_28	1	AJ311155.1	Artvin-Yalnızçam
Hap_29	1	FN430770.1	Rusya
Hap_30	1	FN430762.1	Moldova
Hap_31	1	AJ311154.1	Çek Cumhuriyeti
Hap_32	1	AB096837.1	Kazakistan
Hap_33	1	JX457720.1	Portekiz (1) <i>Mus musculus</i>
Hap_34	1	JX457718.1	Portekiz (1) <i>Mus musculus</i>
Hap_35	1	AB746365	Vietnam (1) <i>Rattus norvegicus</i>
Hap_36	1	AB746363	Vietnam (1) <i>Rattus norvegicus</i>

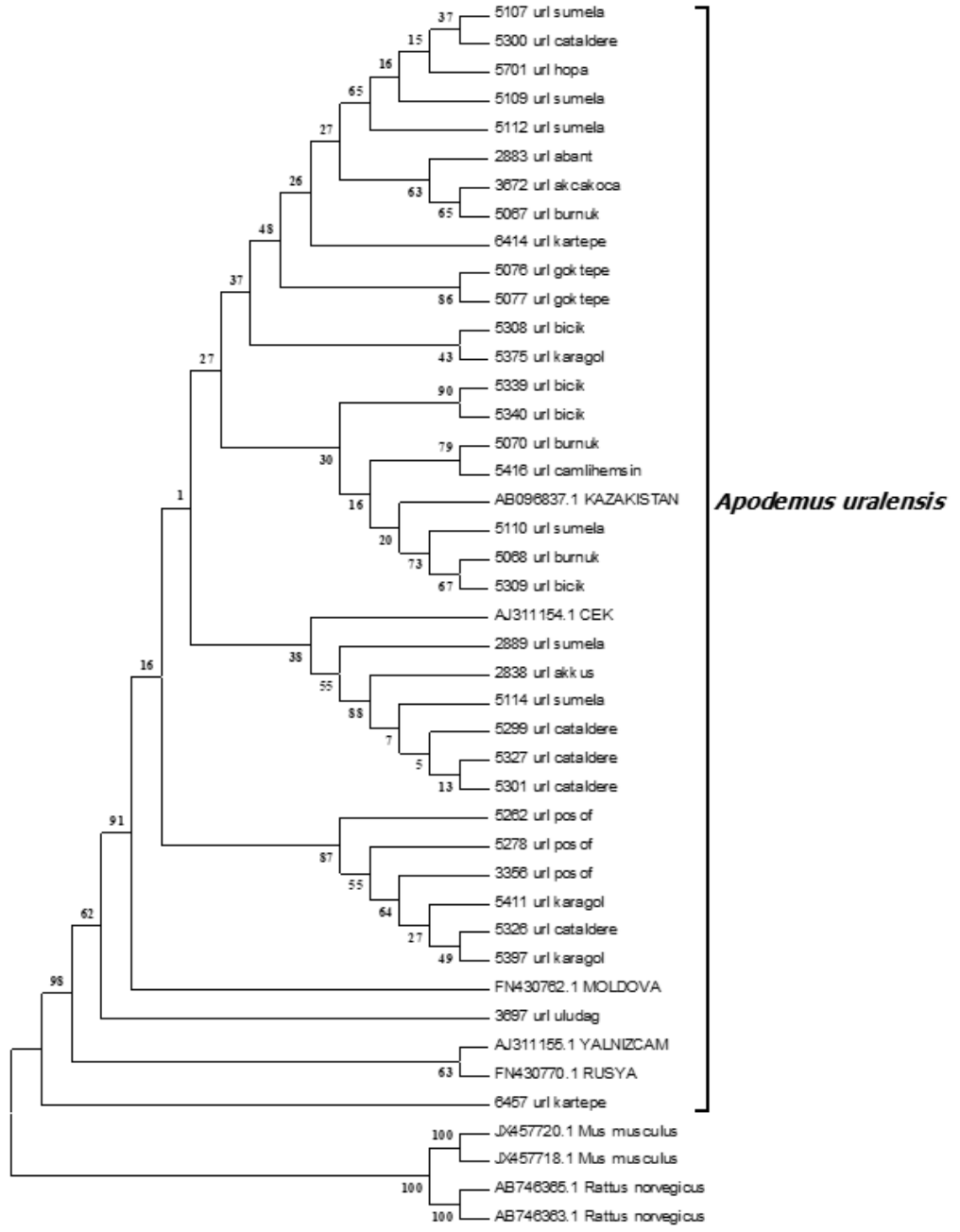
Çizelge 4.18 *Apodemus uralensis*'in 34 örneğinin sitokrom *b* bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	1,81	1,71	8,99
T/U	1,98	-	27,43	0,81
C	1,98	28,97	-	0,81
G	22,00	1,81	1,71	-

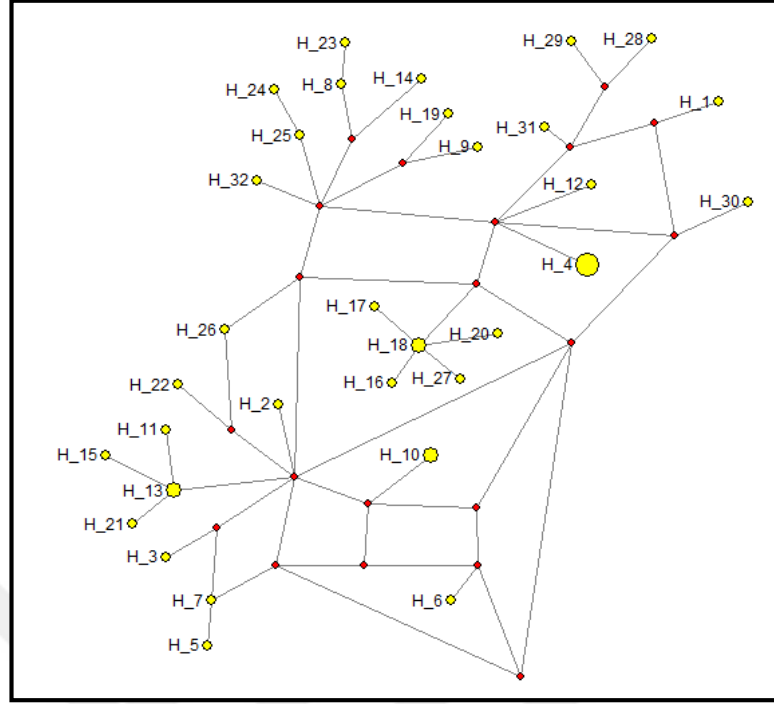
Oluşturulan NJ ve ML filogenetik ağaçlarında Kartepe’den bir örnek ile Uludağ’dan bir örnek diğer popülasyonların en dışında yer alırken, genel olarak *A. uralensis*’in Türkiye’nin kuzeyinde yaşayan popülasyonlarının karmaşık bir filogenetik durumunun olduğu belirlendi. Bu durum *A. uralensis* popülasyonları arasında gen akışının devam ettiğini ve bu türün Türkiye’de tek bir popülasyonunun olduğunu işaret ettiği söylenebilir (Şekil 4.7-4.8). Evrimsel ilişki örgüsü analizi sonuçları ile evrimsel ağaçların sonuçları iyi bir şekilde örtüşmektedir (Şekil 4.9.).



Şekil 4.7 *Apodemus uralensis*’in Türkiye’deki 27 haplotipi ile GenBank’tan alınan haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren TN93+G nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.8 *Apodemus uralensis*'in Türkiye'deki 34 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı



Şekil 4.9 *Apodemus uralensis*'in Türkiye'deki 27 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

A. *uralensis*'in 1'den fazla sayıda örneğe sahip popülasyonlarındaki en yüksek nükleotid çeşitliliği değeri filogenetik ağaçlarda bazal grup olarak yer alan Kartepe örneklerini kapsayan Kocaeli lokalitesindedir. Diğer lokalitelerdeki popülasyonların nükleotid çeşitliliği değeri düşük seviyededir. Popülasyonların haplotip çeşitliliği değeri de yüksek bulunmuştur (Çizelge 4.19).

Çizelge 4.19 *Apodemus uralensis*'in 7 lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Popülasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Kocaeli	2	2	0,05006	1,00000
Sinop	5	4	0,00667	0,90000
Trabzon	6	6	0,00667	1,00000
Ardahan	3	3	0,00222	1,00000
Rize	6	4	0,00660	0,80000
Giresun	4	4	0,00649	1,00000

Çizelge 4.19 *Apodemus uralensis*'in 7 lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri (devam)

Artvin	4	4	0,00519	1,00000
Tüm Popülasyonlar	30	27	0,00994	0,97931

Popülasyonlar arasındaki genetik mesafe değerleri oldukça düşük seviyededir. En düşük K2P değeri Sinop Kocaeli popülasyonları arasındayken en yüksek K2P değerleri Bursa ile diğer lokalitelerdeki popülasyonlar arasındadır (Çizelge 4.20).

Çizelge 4.20 *Apodemus uralensis*'in Türkiye'deki 11 lokalitedeki popülasyonları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

Popülasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1. Kocaeli		0,002	0,002	0,002	0,003	0,000	0,001	0,002	0,001	0,001	0,001
2. Bolu	0,003		0,003	0,002	0,005	0,002	0,002	0,003	0,002	0,002	0,002
3. Ordu	0,003	0,009		0,003	0,005	0,002	0,001	0,003	0,000	0,002	0,002
4. Düzce	0,003	0,004	0,009		0,005	0,001	0,002	0,003	0,002	0,002	0,002
5. Bursa	0,009	0,022	0,022	0,019		0,004	0,004	0,005	0,004	0,004	0,004
6. Sinop	0,000	0,003	0,004	0,003	0,017		0,000	0,002	0,001	0,000	0,000
7. Trabzon	0,000	0,004	0,003	0,004	0,018	0,000		0,002	0,000	0,000	0,000
8. Ardahan	0,004	0,009	0,007	0,009	0,020	0,005	0,004		0,001	0,002	0,000
9. Rize	0,000	0,005	0,001	0,005	0,018	0,001	0,000	0,003		0,001	0,001
10. Giresun	-0,001	0,005	0,004	0,005	0,019	0,000	0,000	0,005	0,001		0,001
11. Artvin	0,001	0,005	0,004	0,005	0,018	0,001	0,001	0,001	0,001	0,001	

Popülasyonların yayılış gösterdiği lokalitelerin coğrafik pozisyonlarına göre 4 gruba ayrılarak gerçekleştirilen moleküler varyans analizi sonuçları gruplar arası varyasyondan ziyade popülasyon içi varyasyonların bu türün popülasyonları arasındaki genetik varyasyonun nedeni olduğunu gösterdi. Ancak popülasyonları oluşturan bireylerden ileri gelen varyasyon yüzdesinin önem derecesi istatistiksel olarak anlamsız bulundu. Dolayısı ile popülasyonlar arasındaki varyasyon yüzdesi düşüktür ve bu da genetik farklılaşmanın az olduğunu gösteren bir başka bulgudur (Çizelge 4.21). Benzer

şekilde sadece Bursa (Uludağ) örneği ile diğer üç grup arasındaki F_{ST} değeri yüksek iken diğer gruplar arasındaki genetik farklılaşma düşük seviyededir (Çizelge 4.22).

Nötralite testlerinde negatif yüksek değerler söz konusudur, ancak, Tajima's D ve Fu's F_s istatistiklerinin istatistiksel olarak anlamsız olması bu türün popülasyonlarındaki demografik kararlılığı gösterir (Çizelge 4.23).

Çizelge 4.21 *Apodemus uralensis*'in haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	3	36.791	1.09450 Va	20.93
Grupları oluşturan popülasyonlar arası	7	37.567	0.56702 Vb	10.84
Popülasyonlar içi	23	82.083	3.56884 Vc	68.23
Toplam	33	156.441	5.23036	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.13710 (Vb)	P<0.02933		
FST :	0.31767 (Vc)	P<0.50049		
FCT :	0.20926 (Va)	P<0.00293		

Çizelge 4.22 *Apodemus mystacinus*'un 4 farklı lokalitedeki popülasyonları arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri

F_{ST}	1	2	3	4
1. Kocaeli-Bolu-Düzce	0.00000			
2. Bursa	0.04127	0.00000		
3. Sinop-Ordu-Giresun	0.13157	0.70048	0.00000	
4. Trabzon	0.25160	0.71139	0.08635	0.00000

Çizelge 4.23 *Apodemus mystacinus*'un haplotip gruplarına ait nötralite testlerinin sonuçları

	Kocaeli-Bolu-Düzce	Bursa	Sinop-Ordu-Giresun	Trabzon
Tajima's D	-0.80375	0.00000	-1.12521	-1.09566
P	0.13200	1.00000	0.14800	0.12900
Birey Sayısı	4	1	10	19
Fu's F_s testi	1.36197	0.00000	-2.90655	-4.51994

Çizelge 4.23 *Apodemus mystacinus* 'un haplotip gruplarına ait nötralite testlerinin sonuçları

P	0.46600	-	0.06000	0.02400
Haplotip Sayısı	4	1	9	14

4.1.4 *Apodemus witherbyi*'nin sitokrom *b* bölgesi analizleri

Türkiye'deki 10 farklı lokaliteden elde edilen 21 *A. witherbyi* örneği için toplam 10 haplotip belirlendi (Çizelge 4.24). Bu haplotipler her bir *A. witherbyi* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 974 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 21 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,857$). Bütün popülasyonların nükleotit çeşitliliği değeri ise düşük bulundu ($\pi=0,00722$)

Çizelge 4.24 *Apodemus witherbyi*'nin sitokrom *b* bölgesi haplotipleri

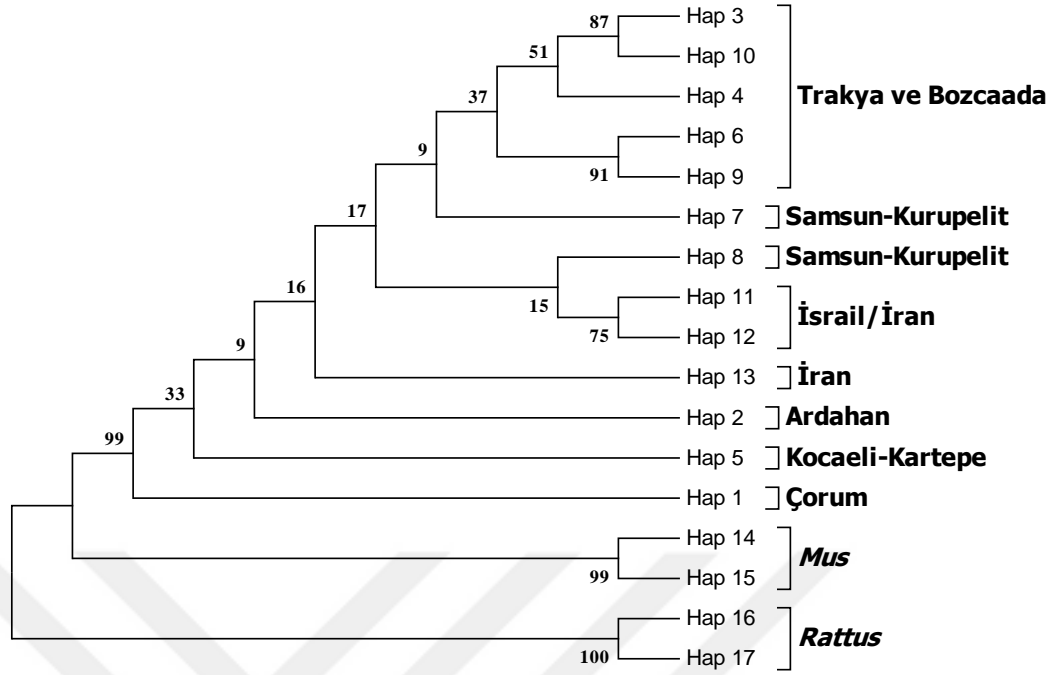
Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	3451	Çorum (1)
Hap_2	1	2705	Ardahan (1)
Hap_3	7	6850-7101-6832-6834-6841-6843-6848	Çanakkale-Biga-Sinekçi (1), Edirne-Orhaniye (1), Çanakkale-Bozcaada (5)
Hap_4	4	7089-7099-7007-7110	Tekirdağ-Kumbağ (1), Edirne-Orhaniye (1), Çanakkale-Gelibolu (1), Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_5	1	2739	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_6	3	7102-7029-7116	Edirne-Orhaniye (1), Çanakkale-Gelibolu (1), Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_7	1	2875	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_8	1	2850	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_9	1	7109	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_10	1	7111	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_11	1	AB303228.1	İsrail (1)
Hap_12	2	AB303227.1, AB303227.1	İsrail (1), İran (1)
Hap_13	1	KR003090.1	İran (1)
Hap_14	1	JX457720.1	<i>Mus</i>
Hap_15	1	JX457718.1	<i>Mus</i>
Hap_16	1	AB746365.1	<i>Rattus</i>
Hap_17	1	AB746363.1	<i>Rattus</i>

A. witherbyi'nin 21 örneğinden oluşan veri setinde 947 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 27 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 17 olarak bulundu. HKY (Hasegawa, 1985) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 13,58 olarak hesaplandı. 974 nükleotidden oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 30,42, T/U = % 30,58, C = % 26,22 ve G = % 12,78 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre HKY (Hasegawa, 1985) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.25).

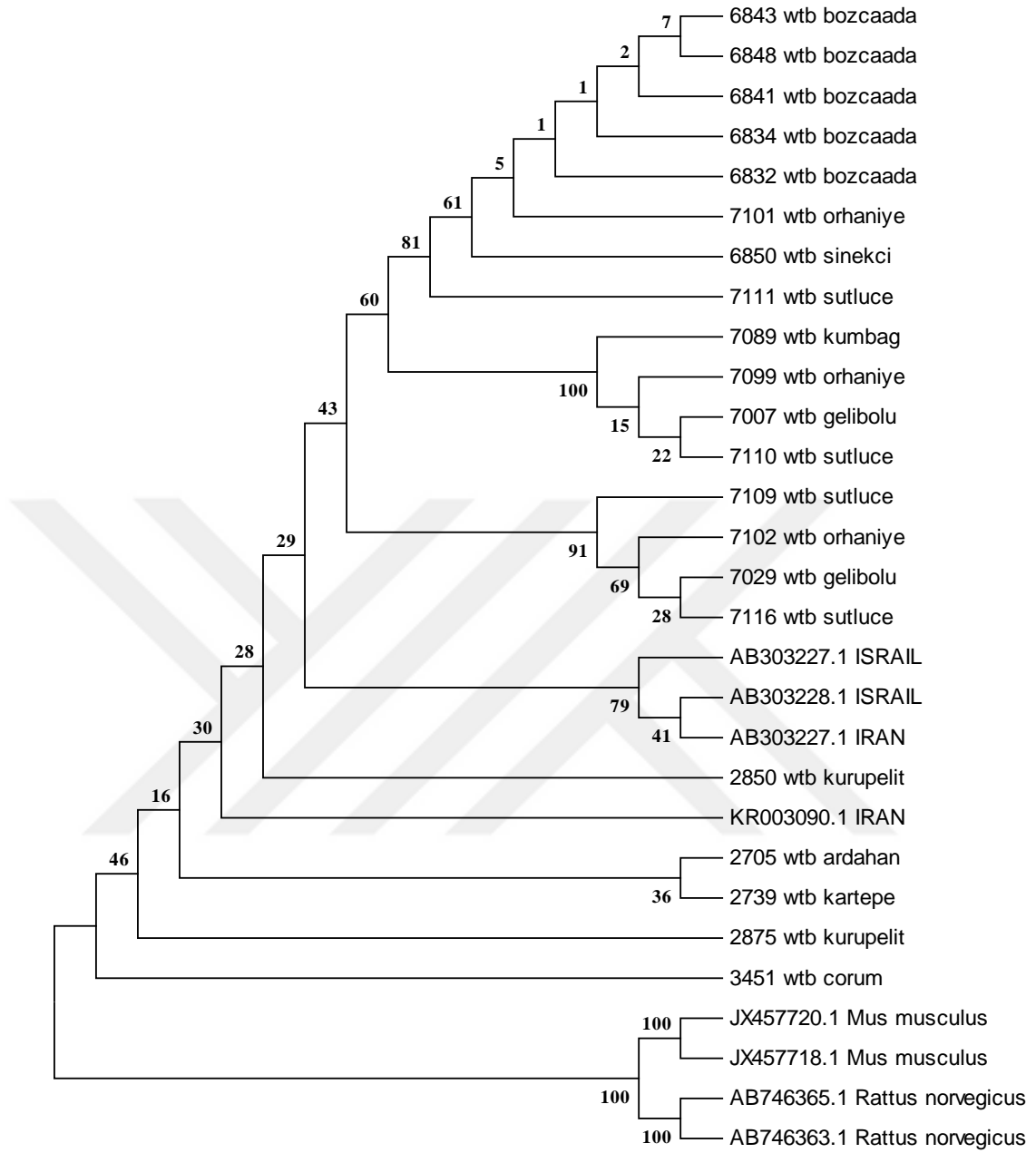
Çizelge 4.25 *Apodemus witherbyi*'nin 21 örneğinin sitokrom b bölgesindeki nükleotid değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	1,02	0,87	11,93
T/U	1,01	-	24,48	0,43
C	1,01	28,54	-	0,43
G	28,39	1,02	0,87	-

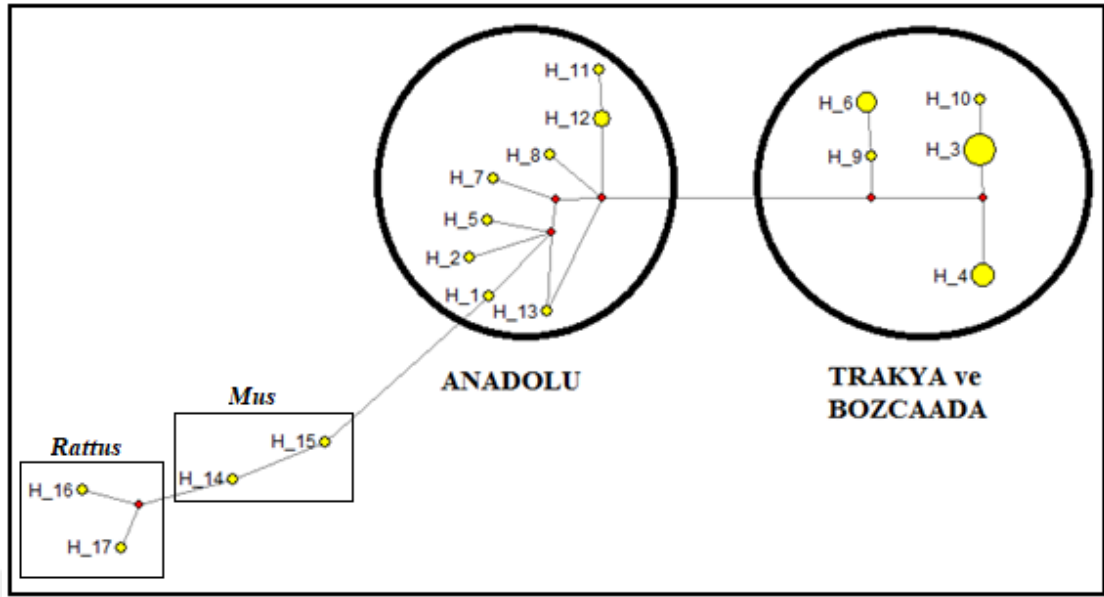
Oluşturulan NJ ve ML filogenetik ağaçlarında *Apodemus witherbyi*'nin iki ana gruba (Trakya/Bozcaada ve Anadolu) ayrıldığı görüldü (Şekil 4.10-4.11). Evrimsel ilişki örgüsü analizi sonuçları ile evrimsel ağaçların sonuçları iyi bir şekilde örtüşmektedir (Şekil 4.12).



Şekil 4.10 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 10 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.11 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 21 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı



Şekil 4.12 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 10 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

Apodemus witherbyi'nin mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* gen bölgesinin genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri, sadece birer örnek ile temsil edilen 5 lokalite (Çorum, Ardahan, Çanakkale-Biga-Sinekçi, Tekirdağ-Kumbağ, Kocaeli-Kartepe) hariç tutularak geri kalan 5 lokalitedeki örnekler üzerinden gerçekleştirildi. Tüm populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde yüksek haplotip çeşitliliğinden söz edilebilirken, nükleotid çeşitliliğinin düşük seviyede olduğu gözlemlendi. (Çizelge 4.26).

Çizelge 4.26 *Apodemus witherbyi*'nin 10 farklı lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Populasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Edirne-Orhaniye	3	3	0,00958	1,00000
Çanakkale-Bozcaada	5	1	0,00000	0,00000
Samsun-Kurupelit	2	2	0,00821	1,00000
Çanakkale-Gelibolu	2	2	0,01232	1,00000
Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	4	4	0,00821	1,00000
Çorum	1	1	-	-
Ardahan	1	1	-	-

Çizelge 4.26 *Apodemus witherbyi*'nin 10 farklı lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri (devam)

Çanakkale-Biga-Sinekçi	1	1	-	-
Tekirdağ-Kumbağ	1	1	-	-
Kocaeli-Kartepe	1	1	-	-
TÜM POPULASYONLAR	21		0,00722	0,857

Apodemus witherbyi'nin 10 farklı lokaliteden populasyonları arasındaki genetik mesafe değerleri düşük seviyededir. Trakya'daki Tekirdağ-Kumbağ lokalitesi ile bu türün diğer lokalitelerdeki populasyonları arasındaki K2P değerleri nispeten daha yüksek değerlerdir ve bu lokalitedeki populasyon ile diğer populasyonlar arasında yaklaşık % 1 oranında genetik mesafe vardır (Çizelge 4.27).

Çizelge 4.27 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 10 lokalitedeki populasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

Populasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. Çorum		0,002	0,003	0,004	0,002	0,002	0,003	0,002	0,002	0,002
2. Ardahan	0,003		0,003	0,003	0,001	0,002	0,003	0,001	0,002	0,002
3. Sinekci	0,008	0,007		0,003	0,003	0,000	0,000	0,002	0,001	0,001
4. Kumbağ	0,015	0,011	0,010		0,004	0,001	0,003	0,003	0,000	0,001
5. Kartepe	0,003	0,002	0,007	0,014		0,002	0,003	0,001	0,002	0,002
6. Orhaniye	0,006	0,004	0,001	0,003	0,004		0,000	0,001	0,001	0,001
7. Bozcaada	0,008	0,007	0,000	0,010	0,007	0,001		0,002	0,001	0,001
8. Kurupelit	0,003	0,002	0,004	0,010	0,002	0,001	0,004		0,001	0,001
9. Gelibolu	0,005	0,003	0,002	0,000	0,004	-0,004	0,002	0,001		0,001
10. Sütluçe	0,006	0,004	0,002	0,005	0,005	-0,002	0,002	0,001	-0,003	

Apodemus witherbyi populasyonlarının mtDNA sitokrom *b* bölgesinde gözlenen varyasyonun kaynağını açıklayabilmek için gerçekleştirilen moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasındaki farklılığın nedeninin gruplar arasındaki varyasyondan kaynaklandığı tespit edildi (% 35,35). Populasyonlar içi varyasyon da yüksek seviyede bulunmasına rağmen fiksasyon indisi istatistiksel olarak anlamsızdır (Çizelge 4.28).

Çizelge 4.28 *Apodemus witherbyi*'nin Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	15.111	1.59310 Va	35.35
Grupları oluşturan populasyonlar arası	8	23.842	0.06545 Vb	1.45
Populasyonlar içi	11	31.333	2.84848 Vc	63.20
Toplam	20	70.286	4.50703	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.02246 (Vb)	P<0.37537		
FST :	0.36799 (Vc)	P<0.07429		
FCT :	0.35347 (Va)	P<0.00587		

Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesini ve gen akışının seviyesini belirlemek amacıyla fiksasyon indisi olarak bilinen F_{ST} değerleri hesaplandı. Buna göre Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasındaki F_{ST} değeri (0.35555) bu iki haplotip grubu arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Her iki haplotip grubu arasında gen akış seviyesi $N_m=0,87$ olarak bulundu (Çizelge 4.29).

Populasyonların seçilim baskısına maruz kalıp kalmadığını tespit edebilmek için Tajima's D (Tajima 1989) ve Fu's F_S (Fu 1997) istatistikleri hesaplandı. Populasyon genişlemesi gibi populasyonun boyutunda görülen değişimler ya da doğrudan seçilim baskısı altındaki herhangi bir lokus, D istatistiğinin negatif değer almasına neden olur. Aksi yönde, ana populasyonun alt populasyonlara ayrılması, dengeli seçilim ya da, yakın zamanda gerçekleşen populasyon darboğazı bu istatistiğin pozitif değer almasına neden olur. Fu's F_S değeri ise populasyonların demografik genişlemesine karşı oldukça hassastır ve genişleme görülen populasyonlarda negatif yönde büyük değerler belirlenir. Her iki istatistik Anadolu haplotip gruplarında negatif değerde ve istatistiksel olarak anlamsız bulundu. Trakya ve Bozcaada haplotip grubunda ise bu iki istatistik pozitif değer almıştır. Bu Türkiye'de yaşayan *A. witherbyi* populasyonlarının yakın zamanda herhangi bir populasyon genişlemesine maruz kalmadığını aksine demografik kararlılıkta olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.30).

Çizelge 4.29 *Apodemus witherbyi*'nin iki haplotip grubu arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri

F _{ST}	ANADOLU (Çorum, Ardahan, Kocaeli, Samsun)	0.00000	
	TRAKYA (Çanakkale-Sütlüce, Tekirdağ, Edirne, Çanakkale-Bozcaada, Çanakkale-Gelibolu, Çanakkale-Sinekçi)	0.35555	0.00000

Çizelge 4.30 *Apodemus witherbyi*'nin iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	ANADOLU	TRAKYA VE BOZCAADA
Tajima's <i>D</i>	-0.97762	1.20990
P	0.19400	0.91400
Birey Sayısı	5	16
Fu's <i>F_s</i> testi	-1.22315	3.88698
P	0.13300	0.95100
Haplotip Sayısı	5	5

4.1.5 *Apodemus sylvaticus*'un sitokrom *b* bölgesi analizleri

Türkiye'deki 6 farklı lokaliteden elde edilen 8 *Apodemus sylvaticus* örneği için toplam 5 haplotip belirlendi (Çizelge 4.31). Bu haplotipler her bir *A. sylvaticus* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 898 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 8 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (*h*) ve nükleotit çeşitliliği (π) değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,893$, $\pi=0,05055$).

A. sylvaticus'un 8 örneğinden oluşan veri setinde 790 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 108 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 99 olarak bulundu. TN93 (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (*R*) 3,73 olarak hesaplandı. 898 bazdan oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 30,46, T/U = % 31,38, C = % 25,15 ve G = % 13,02 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına

göre TN93 (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.32).

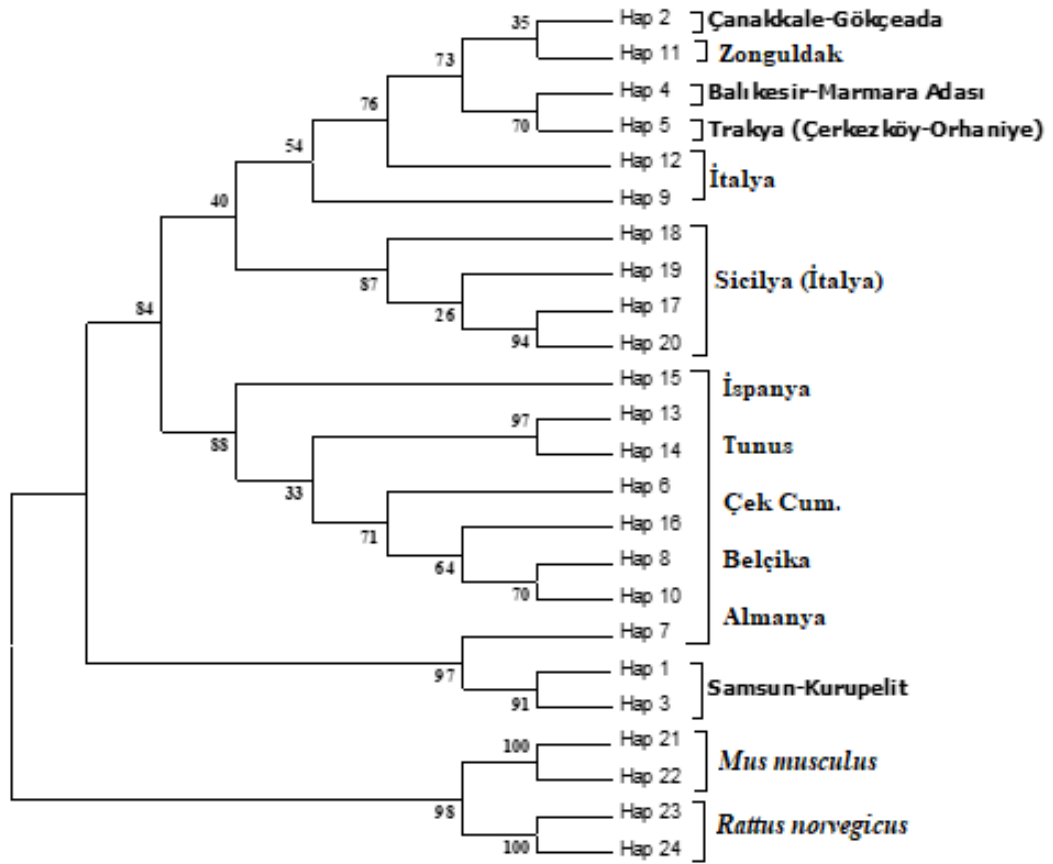
Çizelge 4. 31 *Apodemus sylvaticus*'un sitokrom *b* bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	2852	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_2	2	6872-6889	Çanakkale-Gökçeada (2)
Hap_3	1	2822	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_4	2	6791-6823	Balıkesir-Marmara Adası-Topağaç (2)
Hap_5	2	7100-6968	Edirne-Orhaniye (1), Tekirdağ-Çerkezköy (1)
Hap_6	1	AB033695.1	Genbank_Suzuki vd. 2000
Hap_7	1	AF159395.1	Almanya
Hap_8	1	AJ298605.1	Belçika
Hap_9	2	AJ298600.1, AJ311148.1	İtalya (2)
Hap_10	1	AJ298598.1	Belçika
Hap_11	1	AJ511939.1	Türkiye-Zonguldak
Hap_12	1	AJ511937.1	İtalya
Hap_13	1	AJ511920.1	Tunus
Hap_14	1	AJ511917.1	Tunus
Hap_15	1	AJ511914.1	İspanya
Hap_16	1	AJ511907.1	Çek Cumhuriyeti
Hap_17	1	AJ511973.1	İtalya-Sicilya
Hap_18	1	AJ511972.1	İtalya-Sicilya
Hap_19	1	AJ511971.1	İtalya-Sicilya
Hap_20	1	AJ511969.1	İtalya-Sicilya
Hap_21	1	JX457720.1	<i>Mus musculus</i>
Hap_22	1	JX457718.1	<i>Mus musculus</i>
Hap_23	1	AB746365.1	<i>Rattus norvegicus</i>
Hap_24	1	AB746363.1	<i>Rattus norvegicus</i>

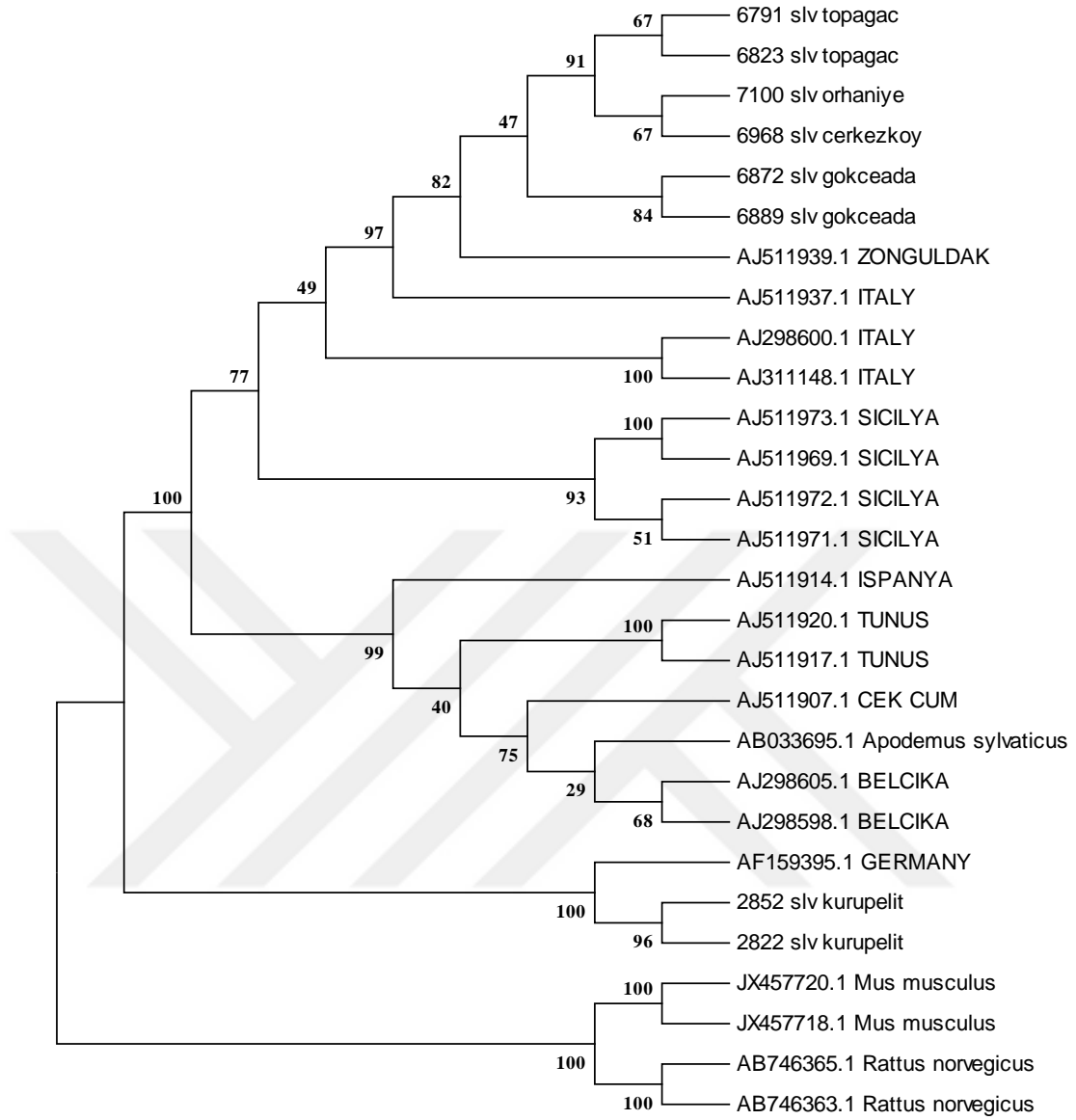
Çizelge 4. 32 *Apodemus sylvaticus*'un 8 örneğinin sitokrom *b* bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	3,41	2,74	5,80
T/U	3,31	-	26,19	1,42
C	3,31	32,67	-	1,42
G	13,57	3,41	2,74	-

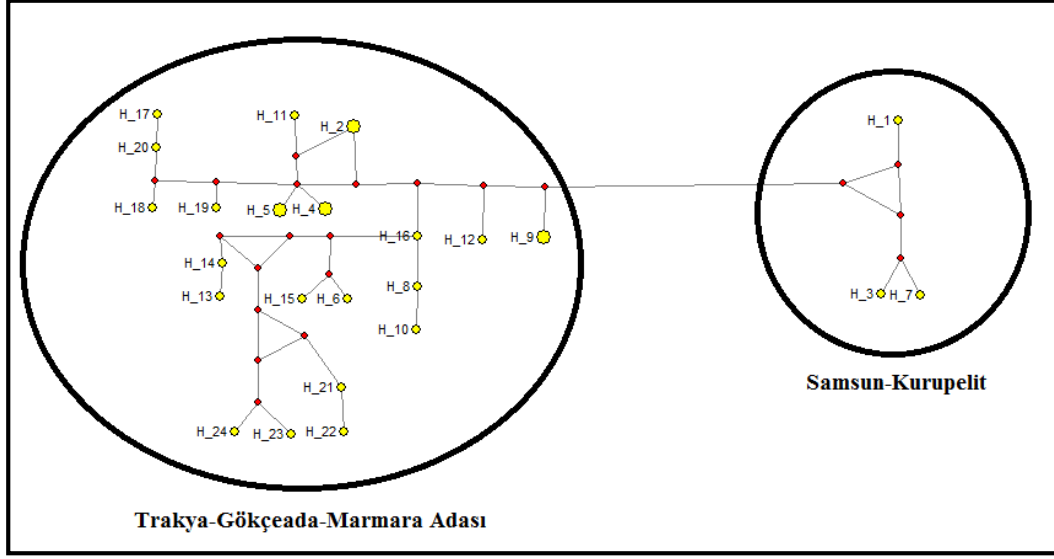
A. sylvaticus'un Trakya/Adalar ve Anadolu'daki 5 lokalitede yayılış gösteren populasyonları arasındaki evrimsel ilişkiyi belirleyebilmek için yapılan filogenetik analizler sonrasında, dallanma biçimleri büyük oranda birbirinin benzeri olan NJ ve ML ağaçları elde edildi. Oluşturulan her iki evrimsel ağaçta Trakya ve Anadolu populasyonlarının birbirlerinden belirgin olarak ayrıldığı belirlendi. Buna göre Anadolu'daki lokalite olan Samsun-Kurupelit örnekleri her iki evrimsel ağaçta bazal grup olarak yer alırken Marmara Adası, Gökçeada ve Trakya'daki iki lokalite (Çerkezköy-Orhaniye) populasyonları bir arada gruplandı. Network analizi sonucu her iki filogenetik ağacın dallanma biçimi ile uyumludur (Şekil 4.13-4.15).



Şekil 4.13 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 5 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.14 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 8 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı



Şekil 4.15 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 5 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

Apodemus sylvaticus'un mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* gen bölgesinin genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri 4 grup üzerinden gerçekleştirildi. Tüm gruplar bir arada değerlendirildiğinde yüksek nükleotid çeşitliliğinden söz edilebilirken, her bir populasyon için ayrı değerlendirmeler yapıldığında nükleotid çeşitliliğinin düşük seviyede olduğu gözlemlendi (Çizelge 4.33).

Çizelge 4.33 *Apodemus sylvaticus*'un 4 farklı lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Populasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Samsun-Kurupelit	2	2	0,01002	1,00000
Çanakkale-Gökçeada	2	1	0,00000	0,00000
Balıkesir-Marmara Adası-Topağaç	2	1	0,00000	0,00000
Trakya (Çerkezköy-Orhaniye)	2	1	0,00000	0,00000
TÜM POPULASYONLAR	8	5	0,05055	0,89286

Populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri Kimura 2-Parametresi (Kimura 1980) kullanılarak hesaplandı. Buna göre elde edilen sonuçlarda Samsun-Kurupelit populasyonu ile diğer populasyonlar arasında yaklaşık olarak % 12 değerinde genetik farklılaşmanın olduğu tespit edildi (Çizelge 4.34).

Çizelge 4.34 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 4 lokalitedeki populasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

POPULASYONLAR	1	2	3	4
1. Samsun-Kurupelit		0,012	0,013	0,013
2. Çanakkale-Gökçeada	0,119		0,002	0,002
3. Balıkesir-Marmara Adası-Topağaç	0,123	0,003		0,002
4. Trakya (Çerkezköy-Orhaniye)	0,123	0,003	0,002	

Apodemus sylvaticus populasyonlarının mtDNA sitokrom *b* bölgesinde gözlenen varyasyonun kaynağını açıklayabilmek için gerçekleştirilen moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda iki ana haplotip grubu arasındaki farklılığın nedeninin gruplar arasındaki varyasyondan kaynaklandığı tespit edildi (% 96,26) (Çizelge 4.35).

Çizelge 4.35 *Apodemus sylvaticus*'un Trakya/Adalar ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	149.042	48.79167 Va	96.26
Grupları oluşturan populasyonlar arası	2	5.333	0.77083 Vb	1.52
Populasyonlar içi	4	4.5	1.12500 Vc	2.22
Toplam	7	158.875	50.68750	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.40659 (Vb)	P< 0.01369		
FST :	0.97781 (Vc)	P<0.07429		
FCT :	0.96260 (Va)	P< 0.26979		

Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesini ve gen akışının seviyesini belirlemek amacıyla fiksasyon indisi olarak bilinen F_{ST} değerleri hesaplandı. Buna göre Trakya/Adalar ve Anadolu haplotip grupları arasındaki F_{ST} değeri (0.96772) bu iki haplotip grubu arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Her iki haplotip grubu arasında gen akış seviyesi $N_m = 0,02$ olarak bulundu (Çizelge 4.36).

Çizelge 4.36 *Apodemus sylvaticus*'un 2 farklı haplotip grubu arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri

Populasyonlar	1	2
1. Samsun-Kurupelit	0.00000	
2. Trakya/Adalar	0.96772	0.00000

Populasyonun demografik geçmişini yansıtan analizler sonucunda belirlenen iki farklı nötralite testi sonucu pozitif olarak bulunmuştur. Bu Türkiye'de yaşayan *Apodemus sylvaticus* populasyonlarının populasyon genişlemesine maruz kalmadığını göstermektedir (Çizelge 4.37).

Çizelge 4.37 *Apodemus sylvaticus*'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	SAMSUN-KURUPELİT	TRAKYA/ADALAR
Tajima's D	0.00000	1.18059
P	1.00000	0.89500
Birey Sayısı	2	6
Fu's F_s testi	2.19722	1.14056
P	0.54100	0.71900
Haplotip Sayısı	2	3

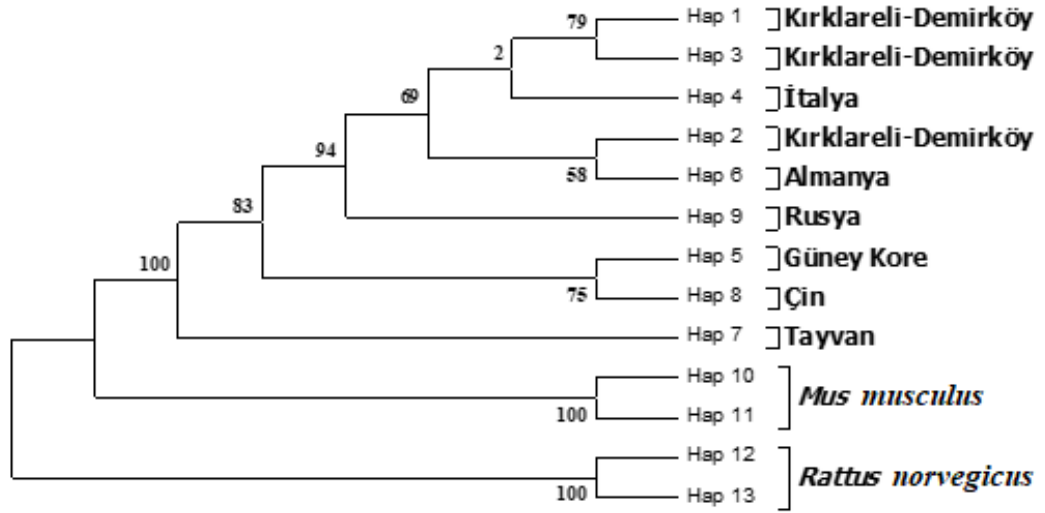
4.1.6 *Apodemus agrarius*' un sitokrom *b* bölgesi analizleri

Türkiye'deki tek lokaliteden elde edilen 4 *Apodemus agrarius* örneği için toplam 3 haplotip belirlendi (Çizelge 4.38). Bu haplotipler her bir *A. agrarius* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 1059 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 4 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (h) değeri oldukça yüksek olmasına karşın nükleotit çeşitliliği (π) düşük bulundu ($h=0,833$ $\pi=0,00315$).

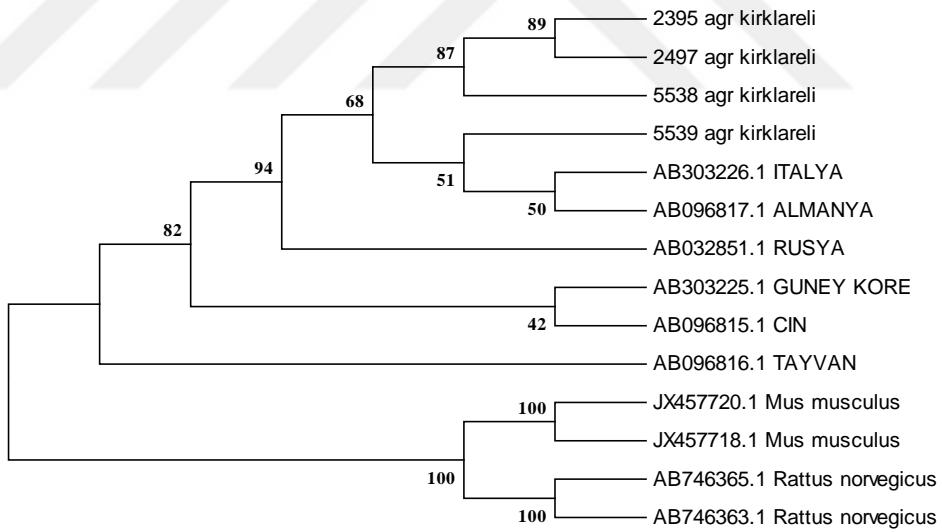
Çizelge 4.38 *Apodemus agrarius*'un sitokrom *b* bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	5538	Kırkklareli-Demirköy-İğneada
Hap_2	1	5539	Kırkklareli-Demirköy-İğneada
Hap_3	2	2395-2497	Kırkklareli-Demirköy-İğneada
Hap_4	1	AB303226.1	İtalya
Hap_5	1	AB303225.1	Güney Kore
Hap_6	1	AB096817.1	Almanya
Hap_7	1	AB096816.1	Tayvan
Hap_8	1	AB096815.1	Çin
Hap_9	1	AB032851.1	Rusya
Hap_10	1	JX457720.1	<i>Mus</i>
Hap_11	1	JX457718.1	<i>Mus</i>
Hap_12	1	AB746365.1	<i>Rattus</i>
Hap_13	1	AB746363.1	<i>Rattus</i>

A. agrarius'in 4 örneğinden oluşan veri setinde 1053 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 6 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 2 olarak bulundu. 1059 bazdan oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 29,65, T/U = % 29,79, C = % 27,43 ve G = % 13,13 olarak bulundu. NJ ve ML ağaçlarında benzerlik olduğu görüldü (Şekil 4.16-4.17).



Şekil 4.16 *Apodemus agrarius*'un Türkiye'deki 3 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren TN93 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.17 *Apodemus agrarius*'un Türkiye'deki 2 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı

4.1.7 *Apodemus flavicollis*'in kontrol bölgesi analizleri

Türkiye'deki 18 farklı lokaliteden elde edilen 47 *Apodemus flavicollis* örneği için toplam 35 haplotip belirlendi (Çizelge 4.39). Bu haplotipler her bir *A. flavicollis* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın yaklaşık 440 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 47 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (h) ve nükleotit çeşitliliği (π) değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,988$, $\pi=0,03297$).

Çizelge 4.39 *Apodemus flavicollis*'in kontrol bölgesi haplotipleri

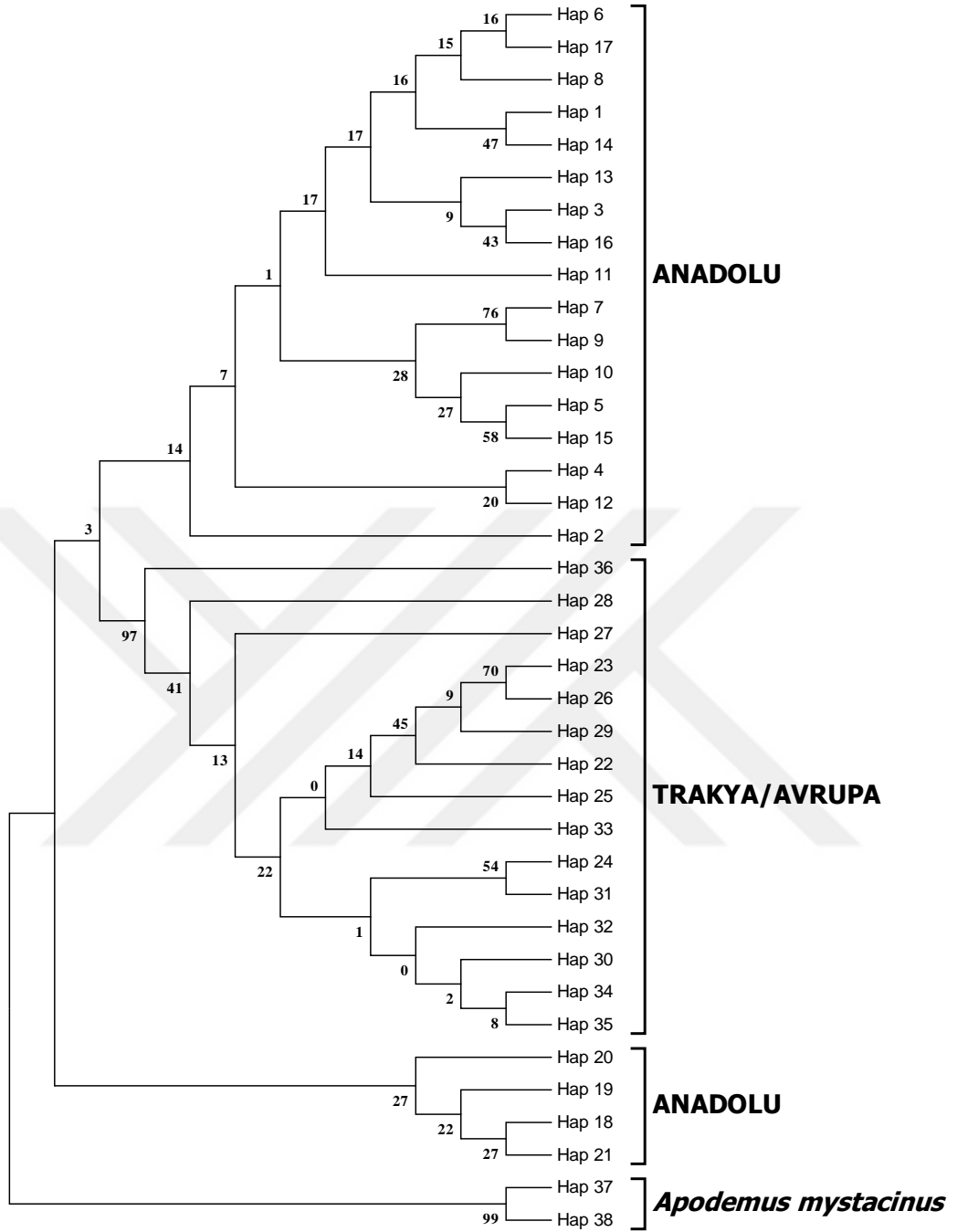
Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	5348	Samsun-Çakallı (1)
Hap_2	1	3909	Trabzon-Yomra (1)
Hap_3	1	2129	Bolu-Abant (1)
Hap_4	1	6859	Çanakkale-Biga-Sinekçi (1)
Hap_5	1	5130	Sinop-Bürnük (1)
Hap_6	1	7171	Giresun-Bulancağ (1)
Hap_7	1	5200	Zonguldak (1)
Hap_8	1	5201	Zonguldak (1)
Hap_9	1	3748	Zonguldak (1)
Hap_10	1	6406	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_11	1	6309	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_12	1	6311	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_13	3	3964-2839-3454	İstanbul-Beykoz (1), Ordu-Akkuş (1), Çorum (1)
Hap_14	3	4031-4033-4035	İstanbul-Beykoz (3)
Hap_15	1	4032	İstanbul-Beykoz (1)
Hap_16	1	4036	İstanbul-Beykoz (1)
Hap_17	1	4037	İstanbul-Beykoz (1)
Hap_18	1	3428	Ordu-Efirli (1)
Hap_19	2	3471-3472	Ordu-Efirli (2)
Hap_20	1	3452	Çorum (1)
Hap_21	2	3453-3455	Çorum (2)
Hap_22	2	7085-7087	Tekirdağ-Kumbağ (2)
Hap_23	1	7086	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_24	2	7088-7092	Tekirdağ-Kumbağ (2)
Hap_25	1	7090	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_26	1	7091	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_27	1	7103	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_28	1	7104	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_29	1	7105	Edirne-Enez (1)
Hap_30	2	7106-7107	Edirne-Enez (2)
Hap_31	2	7093-7094	Edirne-Azatlı (2)
Hap_32	1	7095	Edirne-Azatlı (1)
Hap_33	2	6965-6967	Tekirdağ-Çerkezköy (2)
Hap_34	1	6966	Tekirdağ-Çerkezköy (1)
Hap_35	2	6750-6752	Kırklareli-Kırıkköy (2)
Hap_36	2	AY588264.1- AY588253.1	Çek Cumhuriyeti (1), Türkiye-Istranca (1)
Hap_37	2	AY623067.1	Antalya-Kaş (<i>A. mystacinus</i>)
Hap_38	1	AY623066.1	Artvin-Damar (<i>A. mystacinus</i>)

A. flavicollis'in 47 örneğinden oluşan veri setinde 390 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 47 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 38 olarak bulundu. HKY+G (Hasegawa vd. 1985) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (*R*) 5,22 olarak hesaplandı. 440 bazdan oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 31,9, T/U = % 32,99 C = % 24,59 ve G = % 10,46 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre HKY+G (Hasegawa vd. 1985) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.40).

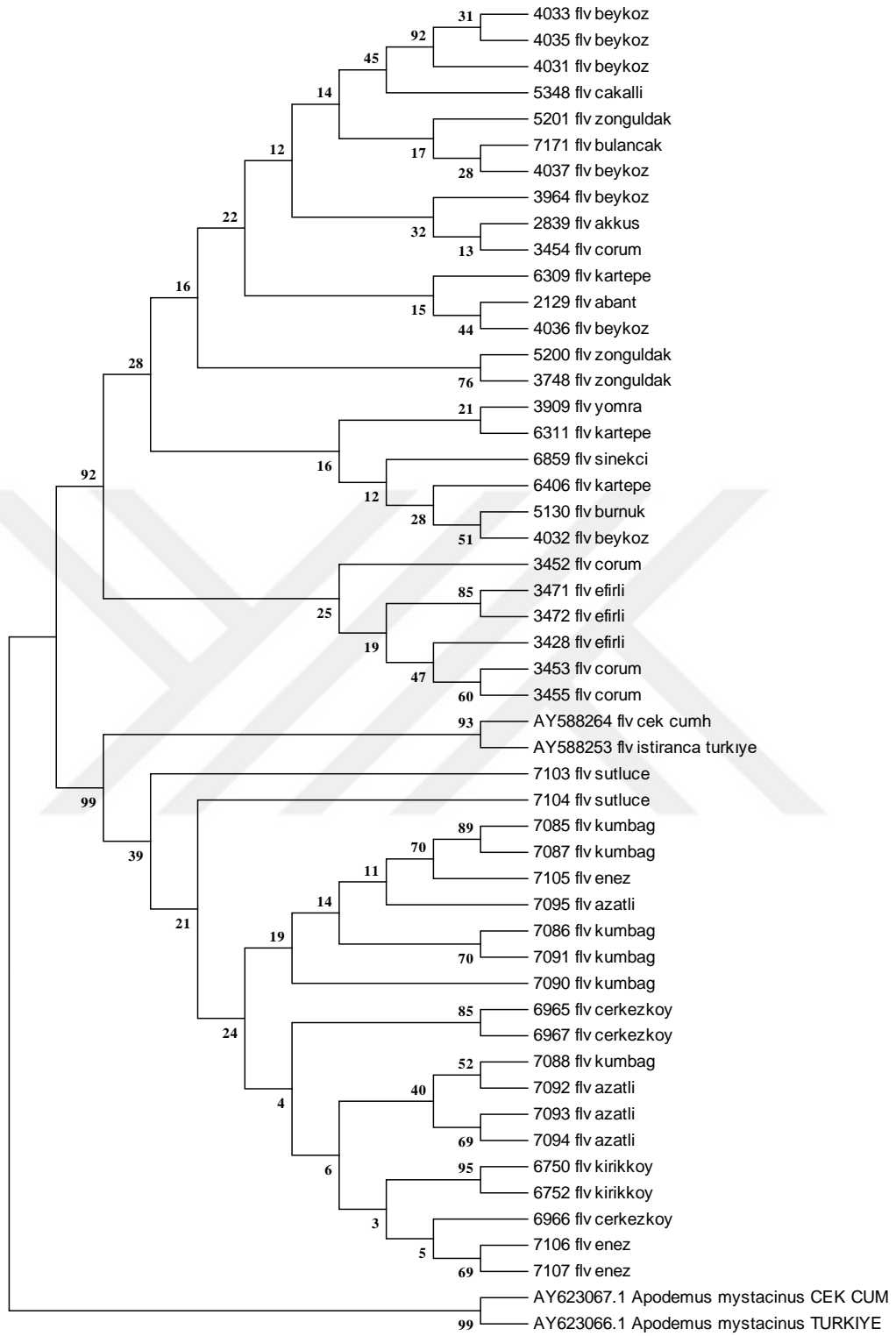
Çizelge 4.40 *Apodemus flavicollis*'in 47 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotid değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	2,51	1,87	8,87
T/U	2,43	-	20,84	0,80
C	2,43	27,96	-	0,80
G	27,10	2,51	1,87	-

A. flavicollis'in Trakya ve Anadolu'daki 18 lokalitede yayılış gösteren popülasyonları arasındaki evrimsel ilişkiyi belirleyebilmek için yapılan filogenetik analizler sonrasında, dallanma biçimleri büyük oranda birbirinin benzeri olan NJ ve ML ağaçları elde edildi (Şekil 4.18-4.19). Oluşturulan her iki evrimsel ağaçta Trakya ve Anadolu popülasyonlarının birbirlerinden belirgin olarak ayrıldığı belirlendi (Şekil 4.20).

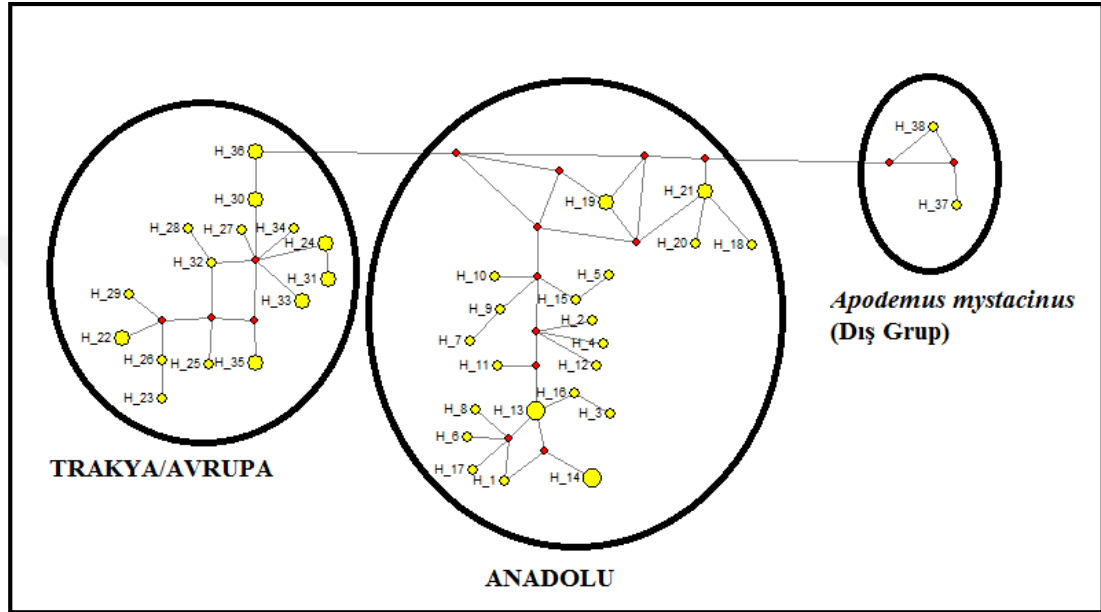


Şekil 4.18 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 35 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY+G nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.19 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 47 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı

Filogenetik ağaçlar ile benzer olarak, median-joining yöntemi ile oluşturulan haplotipler arasındaki evrimsel ilişki örgüsü temelde 2 ana haplotip grubu (genetik soy hattı/soy hattı) ortaya çıkardı. Bunlar; Trakya haplotipleri ve Avrupa (GenBank) haplotiplerinden oluşan grup ile Anadolu'daki haplotiplerden oluşan gruplardır (Şekil 4.20).



Şekil 4.20 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 35 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

Apodemus flavicollis mitokondriyal DNA'sının sitokrom *b* gen bölgesinin genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri 11 lokalitedeki örnekler üzerinden gerçekleştirildi. Tüm populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde yüksek nükleotid çeşitliliği ve haplotip çeşitliliği olduğu gözlemlendi (Çizelge 4.41).

Populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri Kimura 2-Parametresi (Kimura 1980) kullanılarak hesaplandı. Buna göre elde edilen sonuçlarda Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasında % 4,3 değerinde genetik farklılaşmanın olduğu tespit edildi (Çizelge 4.42). *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 17 lokalitedeki populasyonlar arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar çizelge 4.43'de gösterildi.

Çizelge 4.41 *Apodemus flavicollis*'in 11 lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Popülasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
1. Zonguldak	3	3	0,01068	1,00000
2. Kocaeli	3	3	0,00763	1,00000
3. İstanbul-Beykoz	7	5	0,01111	0,85714
4. Ordu	4	3	0,01335	0,83333
5. Çorum	4	3	0,00801	0,83333
6. Tekirdağ-Kumbağ	6	5	0,01190	0,93333
7. Çanakkale-Sütlüce	2	2	0,01144	1,00000
8. Edirne-Enez	3	3	0,00915	1,00000
9. Edirne-Azathı	4	3	0,00381	0,83333
10. Tekirdağ-Çerkezköy	3	2	0,00763	0,66667
11. Kırklareli-Kırıkköy	2	1	0,00000	0,00000
TÜM POPULASYONLAR	41		0,03332	0,98415

Çizelge 4.42 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki haplotip grupları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

HAPLOTİP GRUPLARI	1	2
1. ANADOLU		0,009
2. TRAKYA	0,043	

Çizelge 4.43 *Apodemus flavicollis*'in Türkiye'deki 17 lokalitedeki populasyonlar arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

POPULASYONLAR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1. Samsun		0,005	0,005	0,006	0,007	0,004	0,003	0,005	0,002	0,004	0,003	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,012
2. Trabzon	0,014		0,006	0,004	0,005	0,005	0,003	0,002	0,004	0,002	0,003	0,010	0,010	0,010	0,011	0,011	0,011
3. Bolu	0,012	0,016		0,006	0,007	0,005	0,003	0,004	0,003	0,004	0,004	0,011	0,011	0,011	0,011	0,011	0,012
4. Sinekçi	0,016	0,007	0,019		0,004	0,006	0,004	0,003	0,004	0,003	0,004	0,010	0,010	0,010	0,011	0,010	0,012
5. Sinop	0,021	0,012	0,023	0,009		0,006	0,005	0,004	0,005	0,004	0,005	0,010	0,010	0,011	0,011	0,011	0,012
6. Giresun	0,007	0,012	0,014	0,014	0,019		0,003	0,004	0,003	0,004	0,004	0,010	0,010	0,011	0,011	0,011	0,012
7. Zonguldak	0,006	0,006	0,008	0,009	0,010	0,005		0,002	0,001	0,002	0,002	0,009	0,009	0,010	0,010	0,010	0,011
8. Kocaeli	0,010	0,002	0,011	0,005	0,008	0,008	0,002		0,002	0,002	0,002	0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,011
9. Beykoz	0,003	0,009	0,008	0,009	0,014	0,007	0,003	0,005		0,002	0,002	0,009	0,009	0,009	0,010	0,010	0,011
10. Ordu	0,011	0,003	0,012	0,007	0,010	0,010	0,002	0,002	0,005		0,001	0,010	0,009	0,010	0,009	0,010	0,011
11. Çorum	0,008	0,006	0,012	0,008	0,013	0,009	0,003	0,003	0,004	0,000		0,010	0,010	0,010	0,010	0,010	0,012
12. Kumbag	0,053	0,048	0,053	0,048	0,052	0,050	0,044	0,044	0,045	0,045	0,049		0,003	0,001	0,002	0,002	0,004
13. Sütluce	0,049	0,044	0,049	0,044	0,047	0,047	0,041	0,040	0,041	0,038	0,043	0,004		0,003	0,003	0,002	0,005
14. Enez	0,054	0,047	0,054	0,047	0,052	0,053	0,045	0,044	0,045	0,042	0,046	0,001	0,002		0,001	0,001	0,004
15. Azath	0,055	0,050	0,055	0,050	0,055	0,052	0,047	0,046	0,047	0,044	0,048	0,004	0,003	0,002		0,002	0,005
16. Çerkezköy	0,054	0,049	0,054	0,046	0,053	0,052	0,048	0,047	0,046	0,044	0,048	0,005	0,002	0,002	0,003		0,005
17. Kırıkköy	0,062	0,057	0,062	0,057	0,062	0,060	0,056	0,054	0,054	0,055	0,060	0,009	0,012	0,008	0,011	0,011	

Apodemus flavicollis populasyonlarının mtDNA kontrol bölgesinde gözlenen varyasyonun kaynağını açıklayabilmek için gerçekleştirilen moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda iki ana haplotip grubu arasındaki farklılığın nedeninin gruplar arasındaki varyasyondan kaynaklandığı tespit edildi (% 77.08). Haplotip gruplarını oluşturan populasyonlar arasındaki varyasyonun populasyon içindeki varyasyona göre daha yüksek olduğu tespit edildi. Her üç seviyedeki araştırılan varyasyonların fiksasyon indisleri anlamlıdır (Çizelge 4.44).

Çizelge 4.44 *Apodemus flavicollis*'in Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	229.237	9.74973Va	77.08
Grupları oluşturan populasyonlar arası	15	62.736	0.79464Vb	6.28
Populasyonlar içi	30	63.155	2.10516Vc	16.64
Toplam	46	355.128	12.64953	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.27403 (Vb)	P<0,000		
FST :	0.83358 (Vc)	P<0,000		
FCT :	0.77076 (Va)	P<0,000		

Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesini ve gen akışının seviyesini belirlemek amacıyla fiksasyon indisi olarak bilinen F_{ST} değerleri hesaplandı. Buna göre Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasındaki F_{ST} değeri (0.778) bu iki haplotip grubu arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Her iki haplotip grubu arasında gen akış seviyesi $N_m = 0,16$ olarak bulundu (Çizelge 4.45). *A. flavicollis*'in 11 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri çizelge 4.46'da gösterildi.

Çizelge 4.45 *Apodemus flavicollis*'in 2 farklı haplotip grubu arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri

F_{ST} Gruplar	1	2
1. ANADOLU	0.00000	
2. TRAKYA	0.77888	0.00000

Populasyonların seçilim baskısına maruz kalıp kalmadığını tespit edebilmek için Tajima's D (Tajima 1989) ve Fu's F_S (Fu 1997) istatistikleri hesaplandı. Populasyon genişlemesi gibi populasyonun boyutunda görülen değişimler ya da doğrudan seçilim baskısı altındaki herhangi bir lokus, D istatistiğinin negatif değer almasına neden olur. Aksi yönde, ana populasyonun alt populasyonlara ayrılması, dengeli seçilim ya da, yakın zamanda gerçekleşen populasyon darboğazı bu istatistiğin pozitif değer almasına neden olur. Fu's F_S değeri ise populasyonların demografik genişlemesine karşı oldukça hassastır ve genişleme görülen populasyonlarda negatif yönde büyük değerler belirlenir. Bu iki istatistikten Tajima's D istatistiği anlamsız, Fu's F_S değeri ise istatistiksel olarak anlamlı bulundu. Bu Türkiye'de yaşayan *Apodemus flavicollis* populasyonlarının populasyon genişlemesine maruz kaldığını göstermektedir (Çizelge 4.47).

Çizelge 4. 46 *Apodemus flavicollis*'in 11 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1	0,00000																
2	1,00000	0,00000															
3	1,00000	1,00000	0,00000														
4	1,00000	1,00000	1,00000	0,00000													
5	1,00000	1,00000	1,00000	1,00000	0,00000												
6	1,00000	1,00000	1,00000	1,00000	1,00000	0,00000											
7	0,06667	0,06667	0,22222	0,22222	0,33333	-0,00000	0,00000										
8	0,44444	-0,23000	0,47368	0,09091	0,33333	0,33333	0,20000	0,00000									
9	-0,25926	0,20910	0,15000	0,22727	0,41111	0,10526	0,20503	0,79626	0,00000								
10	0,24731	-0,37255	0,29293	-0,01449	0,19540	0,19540	0,12619	0,12782	0,30259	0,00000							
11	0,33333	0,17647	0,48148	0,33333	0,51724	0,39130	0,25972	0,27846	0,25285	-0,00901	0,00000						
12	0,80377	0,79660	0,80377	0,78776	0,80377	0,79660	0,80081	0,81292	0,80369	0,79947	0,83028	0,00000					
13	0,76000	0,73913	0,76000	0,73913	0,75000	0,78638	0,81524	0,78801	0,74714	0,82643	0,26154	0,00000					
14	0,84810	0,83099	0,84810	0,83099	0,84416	0,84615	0,82743	0,84862	0,81693	0,79311	0,83185	0,05556	0,20755	0,00000			
15	0,91586	0,90877	0,91586	0,90877	0,91586	0,91246	0,87140	0,88963	0,84183	0,83333	0,88552	0,28344	0,36102	0,24583	0,00000		
16	0,87342	0,86101	0,87342	0,85507	0,87013	0,86842	0,84463	0,86607	0,82546	0,80699	0,86452	0,30000	0,23490	0,21429	0,34576	0,00000	
17	1,00000	1,00000	1,00000	1,00000	1,00000	0,88859	0,91620	0,84994	0,84519	0,90894	0,41353	0,62500	0,54717	0,72703	0,65909	0,00000	

Populasyon numaraları: 1. Samsun, 2. Trabzon, 3. Bolu, 4. Çanakkale, 5. Sinop, 6. Giresun, 7. Zonguldak, 8. Kocaeli, 9. İstanbul-Beykoz, 10. Ordu, 11. Çorum, 12. Tekirdağ-Kumbağ, 13. Çanakkale-Sütlüce, 14. Edirne-Enez, 15. Edirne-Azatlı, 16. Tekirdağ-Çerkezköy, 17. Kırklareli-Kırkköy

Çizelge 4.47 *Apodemus flavicollis*'in iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	ANADOLU	TRAKYA
Tajima's <i>D</i>	-0.41259	-1.18091
<i>P</i>	0.37900	0.10300
Birey Sayısı	27	20
Fu's <i>F_s</i> testi	-11.68838	-6.09137
<i>P</i>	0.00000	0.00700
Haplotip Sayısı	21	15

4.1.8 *Apodemus mystacinus*' un kontrol bölgesi analizleri

Türkiye'deki 12 farklı lokaliteden elde edilen 42 *Apodemus mystacinus* örneği için toplam 17 haplotip belirlendi (Çizelge 4.48). Bu haplotipler her bir *A. mystacinus* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 494 baz uzunluğundaki sitokrom *b* bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 42 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (*h*) değeri yüksek iken nükleotit çeşitliliği (π) değeri nispeten düşük bulundu ($h=0,869$, $\pi=0,00905$).

Çizelge 4.48 *Apodemus mystacinus*'un kontrol bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	2300	Artvin-Ardanuç (1)
Hap_2	4	2306-2303-2304-2305	Artvin-Ardanuç (4)

Çizelge 4.48 *Apodemus mystacinus*'un kontrol bölgesi haplotipleri (devam)

Hap_3	1	3401	Artvin-Ardanuç (1)
Hap_4	2	5368-5369	Artvin-Cankurtaran (2)
Hap_5	1	5370	Artvin-Cankurtaran (1)
Hap_6	1	5707	Artvin-Hopa (1)
Hap_7	14	3797-3798-3343-3342-3363-3362-3350-3351-7023-7145-7146-7147-7151-7152	Trabzon-Sürmene (1), Trabzon-Sümela (4), Trabzon-Meryemana (1), Trabzon-Altındere (2), Tokat-Pazar (1), Giresun-Bulancak (5)
Hap_8	1	5128	Trabzon-Sürmene (1)
Hap_9	2	5385-5407	Rize-Çamlıhemşin (2)
Hap_10	3	5405-6386-5415	Rize-Çamlıhemşin (3)
Hap_11	1	5386	Rize-Çamlıhemşin (1)
Hap_12	2	7022-7024	Tokat-Pazar (2)
Hap_13	1	7153	Giresun-Bulancak (1)
Hap_14	1	3702	Düzce-Akçakoca (1)
Hap_15	1	3703	Düzce-Akçakoca (1)
Hap_16	5	5204-5206-5203-5202-5207	Zonguldak (5)
Hap_17	1	6860	Kastamonu-Hanönü (1)
Hap_18	1	AY623067.1	Türkiye-Antalya-Kaş
Hap_19	1	AY623066.1	Türkiye-Artvin-Damar
Hap_20	1	AY623065.1	Suriye-Bloudan
Hap_21	1	AY623064.1	Yunanistan-Delphes
Hap_22	2	AY623063.1- AY588253.1	Bulgaristan-Gorna Breznica (1), Türkiye-Istranca (1)

A. *mystacinus*'un 42 örneğinden oluşan veri setinde 470 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 24 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 14 olarak bulundu. T92 (Tamura, 1992) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 3,43 olarak hesaplandı. 494 bazdan oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 32,22, T/U = % 32,22, C = % 17,78 ve G = % 17,78 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre T92 (Tamura 1992) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.49).

Çizelge 4.49 *Apodemus mystacinus*'un 42 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	3,40	1,87	14,03

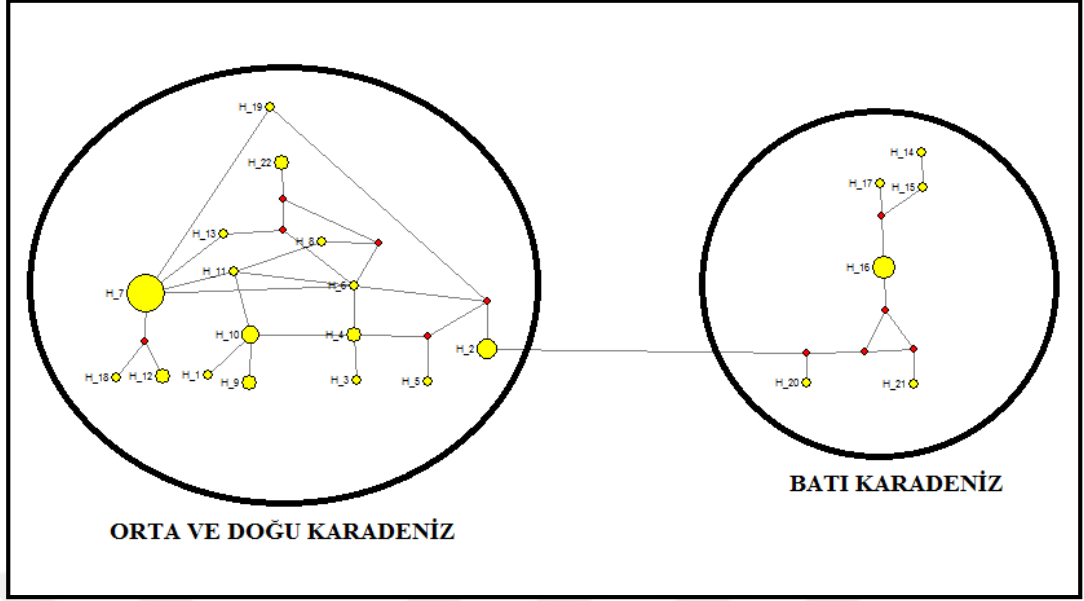
Çizelge 4.49 *Apodemus mystacinus*'un 42 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları (devam)

T/U	3,40	-	14,03	1,87
C	3,40	25,42	-	1,87
G	25,42	3,40	1,87	-

A. mystacinus'un Anadolu'daki 12 lokalitede yayılış gösteren popülasyonları arasındaki evrimsel ilişkiyi belirleyebilmek için yapılan filogenetik analizler sonrasında, dallanma biçimleri büyük oranda birbirinin benzeri olan NJ ve ML ağaçları elde edildi (Şekil 4.21-4.22). Oluşturulan her iki evrimsel ağaç yüksek seviyedeki bootstrap değerleri ile desteklenen iki farklı kladdan oluştu. Birinci klad Orta ve Doğu Karadeniz popülasyonlarından, ikinci klad ise Batı Karadeniz'deki Kastamonu, Düzce ve Zonguldak popülasyonlarından meydana geldi. Benzer sonuç evrimsel ilişki örgüsü analizi sonuçları ile desteklendi (Şekil 4.23). Buna göre Türkiye'nin kuzeyinde yayılış gösteren *A. mystacinus* popülasyonları Batı ve Orta/Doğu Karadeniz Bölgeleri'ndeki haplotiplerin temsil ettiği iki ana haplotip grubuna ayrıldı.



Şekil 4.21 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 17 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren T92 nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.23 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 17 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

A. mystacinus populasyonları 7 farklı lokalitedeki populasyonlar arasında haplotip çeşitliliği yüksek bulunurken, nükleotid çeşitliliği nispeten daha düşük bulundu. Genetik çeşitlilik parametreleri hesaplanırken tek örneği bulunan lokaliteler analiz dışında bırakıldı (Çizelge 4.50).

Çizelge 4.50 *Apodemus mystacinus*'un 7 lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Populasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Artvin	10	6	0,00576	0,84444
Trabzon	9	2	0,00090	0,22222
Düzce	2	2	0,01012	1,00000
Giresun	6	2	0,00067	0,33333
Rize	6	2	0,00175	0,73333
Tokat	3	2	0,00270	0,66667
Zonguldak	5	1	0,00000	0,00000
TÜM POPULASYONLAR	41		0,00859	0,86220

Haplotip grupları (Batı Karadeniz-Orta/Doğu Karadeniz) arasındaki Kimura-2 parametresine göre (K2P) hesaplanan genetik mesafe değeri % 1,4 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.51). *A. mystacinus*'un Türkiye'deki 8 lokalitedeki populasyonları arasındaki K2P değerlerinde Düzce, Zonguldak ve Kastamonu populasyonları ile diğer populasyonlar arasında yaklaşık olarak % 2'ye varan genetik mesafenin bulunduğu görüldü (Çizelge 4.52).

Çizelge 4.51 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 2 ana haplotip grubu arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklık (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

Batı Karadeniz		0,005
Orta ve Doğu Karadeniz	0,014	

Çizelge 4.52 *Apodemus mystacinus*'un Türkiye'deki 8 lokalitedeki populasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

POPULASYONLAR	1	2	3	4	5	6	7	8
1. Artvin		0,002	0,002	0,002	0,002	0,005	0,005	0,006
2. Trabzon	0,003		0,002	0,001	0,000	0,006	0,006	0,006
3. Rize	0,003	0,003		0,003	0,002	0,006	0,006	0,006
4. Tokat	0,004	0,001	0,005		0,001	0,006	0,005	0,006
5. Giresun	0,003	0,000	0,004	0,001		0,006	0,006	0,006
6. Düzce	0,015	0,016	0,016	0,015	0,017		0,003	0,003
7. Zonguldak	0,015	0,016	0,016	0,015	0,016	0,004		0,003
8. Kastamonu	0,019	0,020	0,020	0,019	0,021	0,004	0,004	

Alt populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmayı gösteren fiksasyon indisi (F_{ST}) değerleri yüksektir bariz populasyon farklılaşmasını göstermektedir (Çizelge 4.53). Bu değer iki ana haplotip grubu arasında yaklaşık olarak 0,74 olarak hesaplandı. Bunun yanında haplotip grupları arasındaki gen akışı (N_m) değeri 0,18'dir.

Moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA) haplotip grupları arasındaki varyasyonun yüksek seviyede olduğunu gösterdi. Bu sonuç haplotip gruplarını oluşturan populasyonların coğrafik dağılımının farklılaşmada önemli katkısının olduğunu göstermektedir. Fiksasyon indislerinin her üçü de istatistiksel olarak anlamlı bulundu (Çizelge 4.54).

Çizelge 4.53 *Apodemus mystacinus*'un 8 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri

Populasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8
1. Artvin	0.00000							
2. Trabzon	0.43888	0.00000						
3. Rize	0.36085	0.71518	0.00000					
4. Tokat	0.43171	0.55477	0.70968	0.00000				
5. Giresun	0.41613	-0.00834	0.74286	0.55172	0.00000			
6. Düzce	0.71434	0.90213	0.84587	0.75180	0.88909	0.00000		
7. Zonguldak	0.78581	0.96321	0.94127	0.94361	0.97736	0.74359	0.00000	
8. Kastamonu	0.73663	0.95556	0.91475	0.86667	0.96721	-0.11111	1.00000	0.00000

Çizelge 4. 54 *Apodemus mystacinus*'un Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	45.082	9.94487 Va	82.77
Grupları oluşturan populasyonlar arası	6	25.126	1.19820 Vb	9.97
Populasyonlar içi	34	21.411	0.87222 Vc	7.26
Toplam	41	91.619	12.01529	4.51763
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.52603 (Vb)	P<0,000		
FST :	0.86060 (Vc)	P<0,000		
FCT :	0.70590 (Va)	P< 0.01564		

Nötralite testleri sonuçlarına göre Tajima's *D* değeri düşük seviyede negatif ve *F_s* değeri pozitif olarak bulunmuştur. Her iki istatistiğin önem dereceleri anlamsız olarak

bulundu. Bu durum *A. mystacinus* populasyonlarının demografik kararlılıkta olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.55).

Çizelge 4.55 *Apodemus mystacinus*'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	BATI KARADENİZ	ORTA VE DOĞU KARADENİZ
Tajima's <i>D</i>	-0.97349	-1.07047
P	0.20800	0.14300
Birey Sayısı	8	34
Fu's <i>F_S</i> testi	0.58341	-5.32655
P	0.60400	0.01100
Haplotip Sayısı	4	15

4.1.9 *Apodemus uralensis*'in kontrol bölgesi analizleri

Türkiye'deki 14 farklı lokaliteden elde edilen 34 *A. uralensis* örneği için toplam 22 haplotip belirlendi (Çizelge 4.56). Bu haplotipler her bir *A. uralensis* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 477 baz uzunluğundaki kontrol bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 34 örneğe ait kontrol bölgesi dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği değeri oldukça yüksek bulundu ($h= 0,955$). Bütün populasyonların nükleotit çeşitliliği değeri ise düşük bulundu ($\pi= 0,00965$)

Çizelge 4.56 *Apodemus uralensis*'in kontrol bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	2883	Bolu-Abant (1)
Hap_2	1	2838	Ordu-Akkuş (1)
Hap_3	1	2889	Trabzon-Sümela (1)
Hap_4	1	3672	Düzce-Akçakoca (1)
Hap_5	1	3697	Bursa-Uludağ (1)
Hap_6	4	6414-5068-5076-5077	Kocaeli-Kartepe (1), Sinop-Bürnük (1), Sinop-Dikmen-Göktepe (2)
Hap_7	1	6457	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_8	4	3356-5262-5326-5411	Ardahan-Posof (2), Rize-Çataldere (1), Artvin-Karagöl (1)
Hap_9	1	5278	Ardahan-Posof (1)

Çizelge 4.56 *Apodemus uralensis*'in kontrol bölgesi haplotipleri (devam)

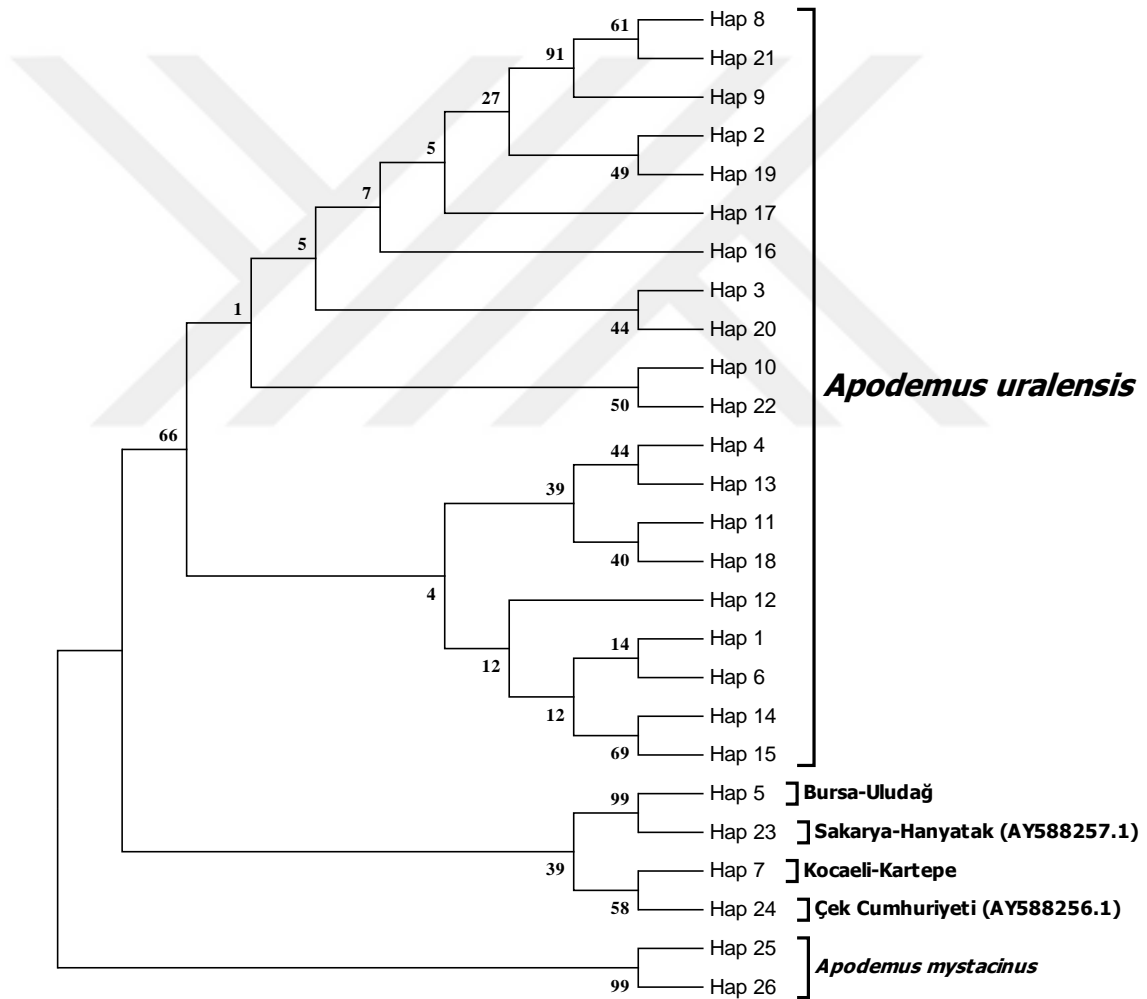
Hap_10	1	5067	Sinop-Bürnük (1)
Hap_11	1	5070	Sinop-Bürnük (1)
Hap_12	1	5308	Giresun-Bicik (1)
Hap_13	1	5309	Giresun-Bicik (1)
Hap_14	1	5339	Giresun-Bicik (1)
Hap_15	1	5340	Giresun-Bicik (1)
Hap_16	3	5107-5300-5416	Trabzon-Sümela (1), Rize-Çataldere (1), Rize-Çamlıhemşin (1)
Hap_17	1	5109	Trabzon-Sümela (1)
Hap_18	1	5110	Trabzon-Sümela (1)
Hap_19	5	5112-5114-5299-5301-5327	Trabzon-Sümela (2), Rize-Çataldere (3)
Hap_20	1	5375	Artvin-Karagöl (1)
Hap_21	1	5397	Artvin-Karagöl (1)
Hap_22	1	5701	Artvin-Hopa (1)
Hap_23	1	AY588257.1	Türkiye-Sakarya-Hanyatak
Hap_24	1	AY588256.1	Çek Cumhuriyeti
Hap_25	1	AY623064.1	<i>Apodemus mystacinus</i> (Yunanistan)
Hap_26	1	AY623063.1	<i>Apodemus mystacinus</i> (Bulgaristan)

A. uralensis'in 34 örneğinden oluşan veri setinde 438 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 34 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 15 olarak bulundu. HKY (Hasegawa vd. 1985) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 4,80 olarak hesaplandı. 477 nükleotidden oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 29,69, T/U = % 33,29, C = % 26,25 ve G = % 10,77 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre HKY (Hasegawa vd. 1985) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.57).

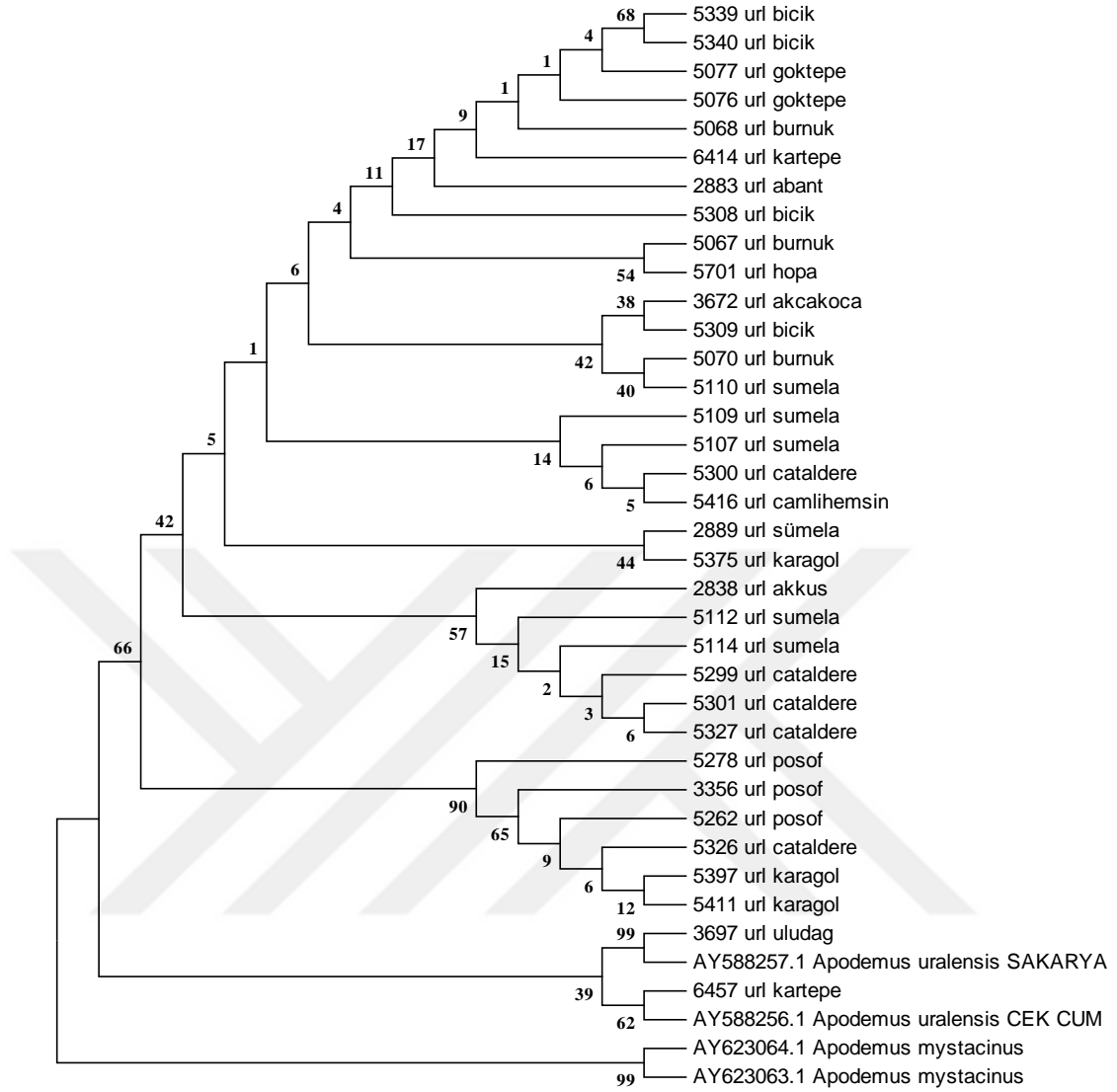
Çizelge 4.57 *Apodemus uralensis*'in 34 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	2,85	2,24	8,93
T/U	2,54	-	21,76	0,92
C	2,54	27,60	-	0,92
G	24,62	2,85	2,24	-

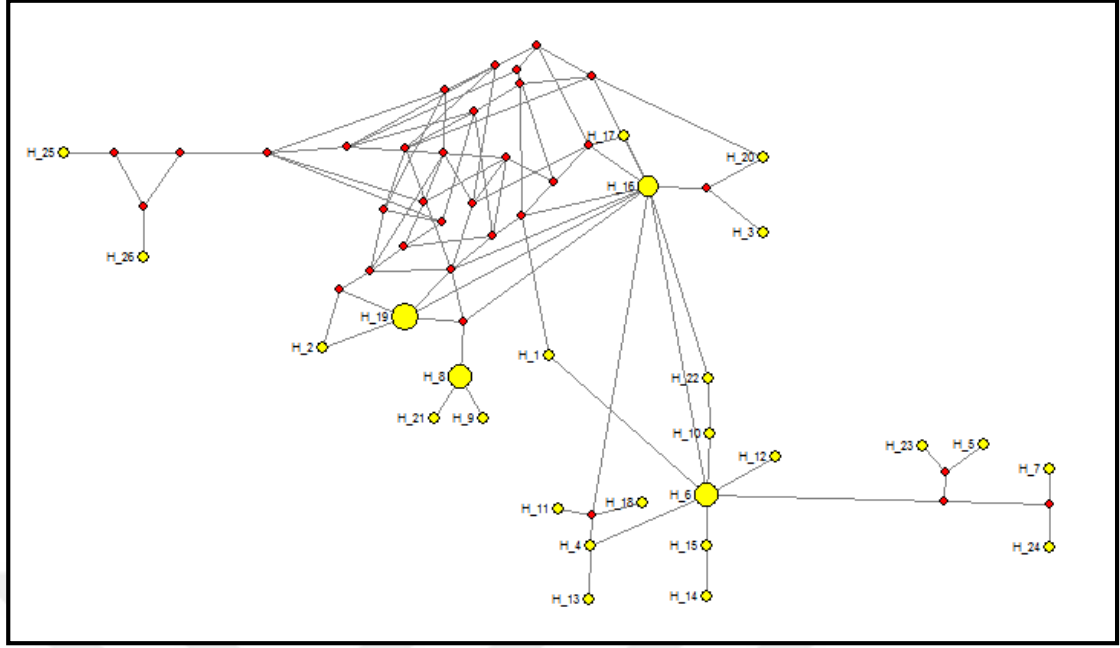
Oluşturulan NJ ve ML filogenetik ağaçlarında Kartepe ve Uludağ'dan birer örnek diğer popülasyonların en dışında yer alırken, genel olarak *A. uralensis*'in Türkiye'nin kuzeyinde yaşayan popülasyonlarının karmaşık bir filogenetik durumunun olduğu belirlendi. Bu durum *A. uralensis* popülasyonları arasında gen akışının devam ettiğini ve bu türün Türkiye'de tek bir popülasyonunun olduğunu işaret ettiği söylenebilir (Şekil 4.24-4.25). Evrimsel ilişki örgüsü analizi sonuçları ile evrimsel ağaçların sonuçları iyi bir şekilde örtüşmektedir (Şekil 4.26).



Şekil 4.24 *Apodemus uralensis*'in Türkiye'deki 22 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.25 *Apodemus uralensis*'in Türkiye'deki 34 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı



Şekil 4.26 *Apodemus uralensis*'in Türkiye'deki 22 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

A. uralensis'in 1'den fazla sayıda örneğe sahip populasyonlarındaki en yüksek nükleotid çeşitliliği değeri filogenetik ağaçlarda bazal grup olarak yer alan Kartepe örneklerini kapsayan Kocaeli lokalitesindedir. Diğer lokalitelerdeki populasyonların nükleotid çeşitliliği değeri düşük seviyededir. Populasyonların haplotip çeşitliliği değeri de yüksek bulunmuştur (Çizelge 4.58).

Çizelge 4.58 *Apodemus uralensis*'in 7 lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Populasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Kocaeli	2	2	0,02537	1,00000
Sinop	5	3	0,00423	0,70000
Trabzon	6	5	0,00536	0,93333
Ardahan	3	2	0,00141	0,66667
Rize	6	3	0,00366	0,73333
Giresun	4	4	0,00669	1,00000
Artvin	4	4	0,00987	1,00000
Tüm Populasyonlar	30	27	0,00882	0,94253

Populasyonlar arasındaki genetik mesafe değerleri oldukça düşüktür. En yüksek K2P değerleri Bursa ile diğer lokalitelerdeki populasyonlar arasındadır (Çizelge 4.59).

Çizelge 4.59 *Apodemus uralensis*'in Türkiye'deki 11 lokalitedeki populasyonları ile GenBank'tan alınan haplotipler arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

Populasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1. Bolu		0,004	0,003	0,003	0,008	0,002	0,005	0,002	0,002	0,003	0,003
2. Ordu	0,009		0,002	0,004	0,008	0,004	0,005	0,003	0,003	0,002	0,003
3. Trabzon	0,004	0,003		0,002	0,007	0,002	0,004	0,001	0,002	0,000	0,001
4. Düzce	0,004	0,009	0,004		0,008	0,002	0,005	0,001	0,001	0,003	0,003
5. Bursa	0,026	0,026	0,022	0,026		0,006	0,008	0,007	0,007	0,007	0,007
6. Kocaeli	0,002	0,007	0,002	0,002	0,015		0,005	0,000	0,001	0,002	0,002
7. Ardahan	0,013	0,011	0,008	0,013	0,029	0,010		0,004	0,005	0,003	0,001
8. Sinop	0,002	0,006	0,001	0,001	0,022	0,000	0,010		0,000	0,001	0,002
9. Giresun	0,002	0,006	0,002	0,001	0,024	-0,001	0,011	0,000		0,002	0,002
10. Rize	0,005	0,002	0,000	0,005	0,022	0,003	0,005	0,002	0,003		0,000
11. Artvin	0,006	0,005	0,001	0,006	0,022	0,003	0,001	0,002	0,004	0,000	

Populasyonların yayılış gösterdiği lokalitelerin coğrafik pozisyonlarına göre 4 gruba ayrılarak gerçekleştirilen moleküler varyans analizi sonuçları gruplar arası varyasyondan ziyade populasyon içi varyasyonların bu türün populasyonları arasındaki genetik varyasyonun nedeni olduğunu gösterdi. Ancak populasyonları oluşturan bireylerden ileri gelen varyasyon yüzdesinin önem derecesi istatistiksel olarak anlamsız bulundu. Dolayısı ile populasyonlar arasındaki varyasyon yüzdesi düşüktür ve bu da genetik farklılaşmanın az olduğunu gösteren bir başka bulgudur. Benzer şekilde sadece Bursa Uludağ örneği ile diğer üç grup arasındaki F_{ST} değeri yüksek iken diğer gruplar arasındaki genetik farklılaşma daha düşük seviyededir (Çizelge 4.60-4.61).

Nötralite testlerinde negatif yüksek değerler söz konusudur, ancak, Tajima's D ve Fu's F_s istatistiklerinin istatistiksel olarak anlamsız olması bu türün populasyonlarındaki demografik kararlılığı gösterir (Çizelge 4.62).

Çizelge 4.60 *Apodemus uralensis*'in haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları (AMOVA)

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	3	24.099	0.83684 Va	30,91
Grupları oluşturan populasyonlar arası	7	19.156	0.39915 Vb	14,75
Populasyonlar içi	23	33.833	1.47101 Vc	54,34
Toplam	33	77.088	2.70701	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.21343 (Vb)	P<0.11339		
FST :	0.45659 (Vc)	P<0.00000		
FCT :	0.30914 (Va)	P<0.00098		

Çizelge 4.61 *Apodemus uralensis*'in 4 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri

F _{ST}	1	2	3	4
1. Kocaeli-Bolu-Düzce	0.00000			
2. Bursa	0.48148	0.00000		
3. Sinop-Ordu-Giresun	0.05576	0.78291	0.00000	
4. Trabzon-Ardahan-Rize-Artvin	0.31195	0.74435	0.23546	0.00000

Çizelge 4.62 *Apodemus uralensis*'in dört haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	Kocaeli-Bolu-Düzce	Bursa	Sinop-Ordu-Giresun	Trabzon-Ardahan-Rize-Artvin
Tajima's <i>D</i>	-0.84532	0.00000	-1.22774	-0.74167
P	0.10000	1.00000	0.11300	0.25400
Birey Sayısı	4	1	10	19
Fu's <i>F_S</i> testi	-0.09451	0.00000	-3.76820	-2.55749
P	0.27500	-	0.01000	0.09200
Haplotip Sayısı	4	1	8	10

4.1.10 *Apodemus witherbyi*'nin kontrol bölgesi analizleri

Türkiye'deki 10 farklı lokaliteden elde edilen 22 *Apodemus witherbyi* örneği için toplam 14 haplotip belirlendi (Çizelge 4.63). Bu haplotipler her bir *A. witherbyi* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 505 baz uzunluğundaki kontrol bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 22 örneğe ait sitokrom *b* dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,926$). Bütün populasyonların nükleotid çeşitliliği değeri ise düşük bulundu ($\pi=0,00936$)

Çizelge 4. 63 *Apodemus witherbyi*'nin kontrol bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	6832	Çanakkale-Bozcaada (1)
Hap_2	5	6834-6843-6848-6850-7101	Çanakkale-Bozcaada (3), Çanakkale-Biga-Sinekçi (1), Edirne-Orhaniye (1)
Hap_3	1	6841	Çanakkale-Bozcaada (5)
Hap_4	2	7007-7110	Çanakkale-Gelibolu (1), Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_5	4	7029-7102-7109-7116	Çanakkale-Gelibolu (1), Edirne-Orhaniye (1), Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (2)
Hap_6	1	7099	Edirne-Orhaniye (1)
Hap_7	1	7089	Tekirdağ-Kumbağ (1)
Hap_8	1	7111	Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce (1)
Hap_9	1	2705	Ardahan (1)
Hap_10	1	2823	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_11	1	2850	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_12	1	2875	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_13	1	2739	Kocaeli-Kartepe (1)
Hap_14	1	3451	Çorum (1)
Hap_15	1	AY588263.1	Türkiye-Safranbolu
Hap_16	1	AY588260.1	Türkiye-Hakkari
Hap_17	1	AY623067.1	Türkiye-Antalya (<i>Apodemus mystacinus</i>)
Hap_18	1	AY623066.1	Türkiye-Artvin-Damar (<i>Apodemus mystacinus</i>)

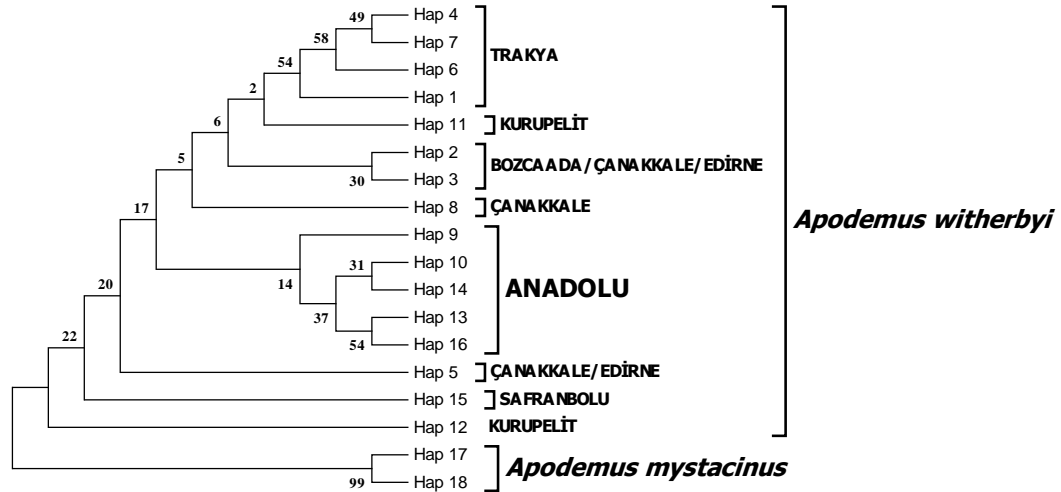
A. witherbyi'nin 22 örneğinden oluşan veri setinde 483 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 22 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 11 olarak bulundu. HKY (Hasegawa, 1985) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 27,23 olarak hesaplandı. 505 nükleotidten oluşan veri seti için nükleotid

frekansları A = % 30,81, T/U = % 32,53, C = % 24,71 ve G = % 11,95 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre HKY (Hasegawa, 1985) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.64).

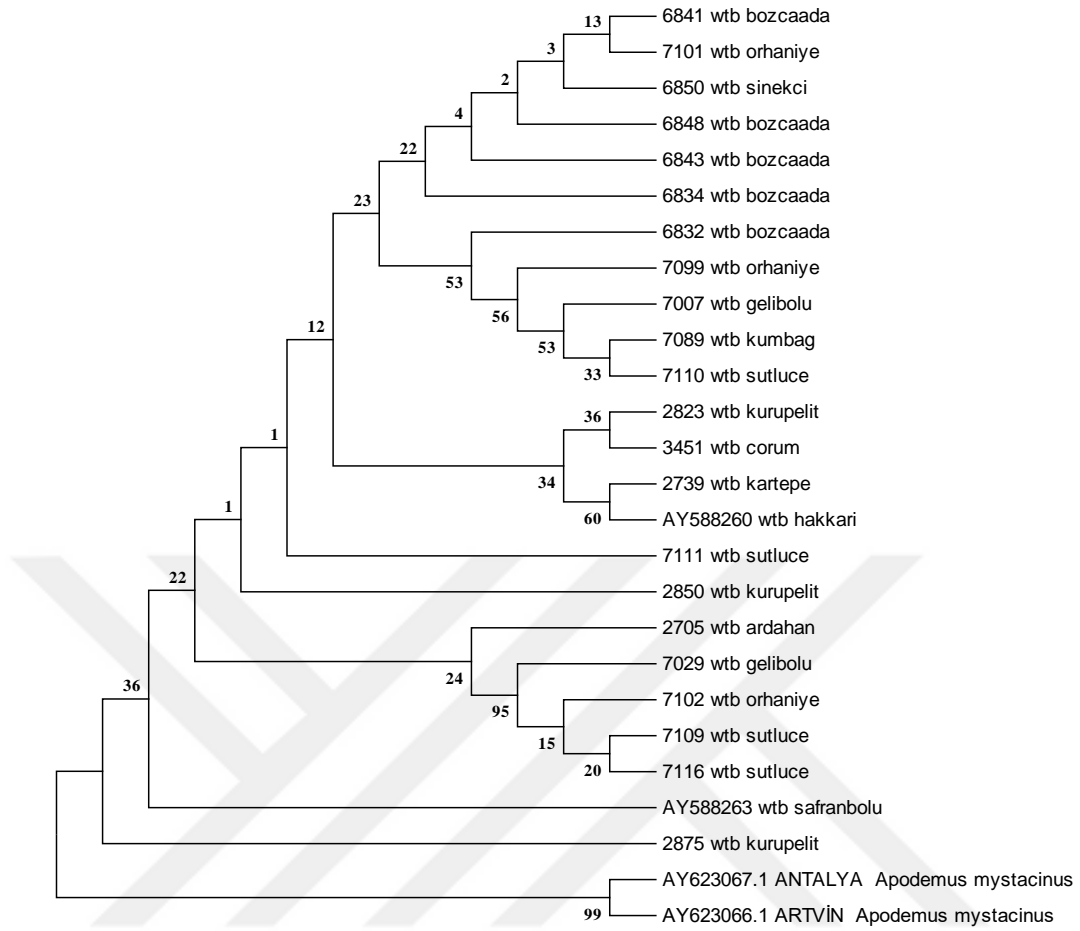
Çizelge 4.64 *Apodemus witherbyi*'nin 22 örneğinin kontrol bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	0,55	0,42	11,55
T/U	0,52	-	23,87	0,20
C	0,52	31,42	-	0,20
G	29,76	0,55	0,42	-

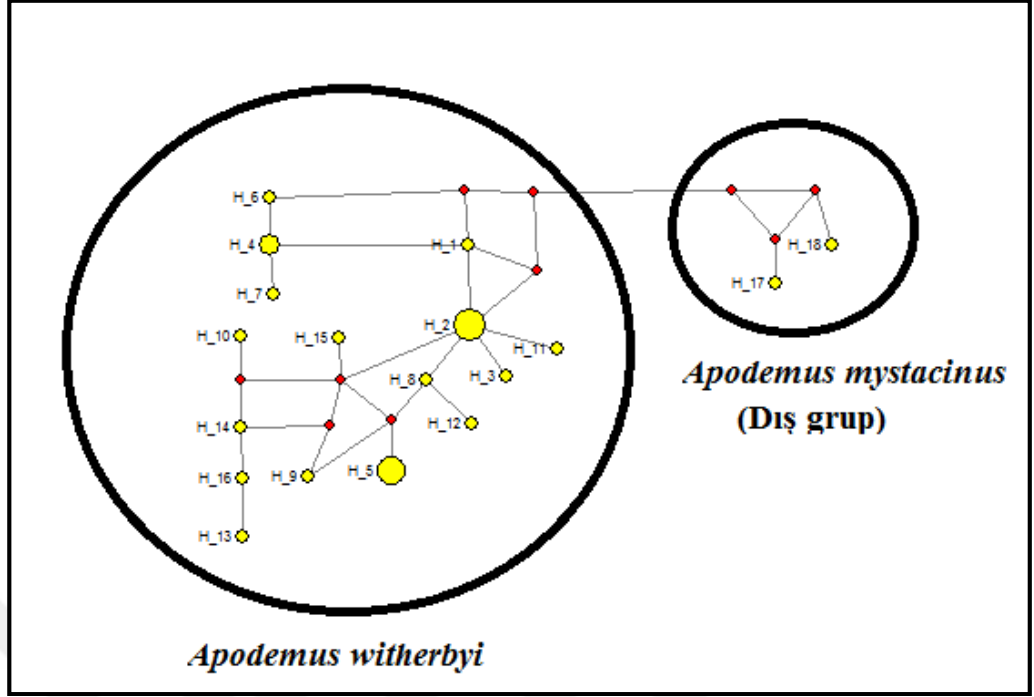
Oluşturulan ML filogenetik ağaçlarında *A. witherbyi*'nin Trakya, Bozcaada ve Anadolu haplotiplerinin ayrılmadıkları ve birarada gruplandıkları gözlemlendi. NJ ağacında da benzer durum görüldü (Şekil 4.27 ve Şekil 4.28). Evrimsel ilişki örgüsü analizi sonuçları ile evrimsel ağaçların sonuçları benzer sonuçlar gösterdi (Şekil 4.29).



Şekil 4.27 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 14 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotid değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.28 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 22 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı



Şekil 4.29 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 14 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

Apodemus witherbyi'nin mitokondriyal DNA'sının kontrol bölgesinin genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri, sadece birer örnek ile temsil edilen 5 lokalite (Çorum, Ardahan, Çanakkale-Biga-Sinekçi, Tekirdağ-Kumbağ, Kocaeli-Kartepe) hariç tutularak geri kalan 5 lokalitedeki örnekler üzerinden gerçekleştirildi. Tüm populasyonlar bir arada değerlendirildiğinde yüksek haplotip çeşitliliğinden söz edilebilirken, nükleotid çeşitliliğinin düşük seviyede olduğu gözlemlendi. (Çizelge 4.65).

Çizelge 4.65 *Apodemus witherbyi*'nin 5 farklı lokalitedeki populasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Populasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Edirne-Orhaniye	3	3	0,01188	1,00000
Çanakkale-Bozcaada	5	3	0,00158	0,70000
Samsun-Kurupelit	3	3	0,01584	1,00000
Çanakkale-Gelibolu	2	2	0,01386	1,00000

Çizelge 4.65 *Apodemus witherbyi*'nin 5 farklı lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri (devam)

Çanakkale-Gelibolu-Sütlüce	4	3	0,00924	0,83333
Tüm Popülasyonlar	17		0,00906	0,90441

Apodemus witherbyi'nin 10 farklı lokaliteden popülasyonları arasındaki genetik mesafe değerleri düşük seviyededir. Anadolu'daki Kocaeli-Kartepe ile bu türün diğer lokalitelerdeki popülasyonları arasındaki K2P değerleri nispeten daha yüksek değerlerdir ve bu lokalitedeki popülasyon ile diğer popülasyonlar arasında yaklaşık %1 oranında genetik mesafe vardır (Çizelge 4.66).

Çizelge 4.66 *Apodemus witherbyi*'nin Türkiye'deki 10 lokalitedeki popülasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

POPULASYONLAR	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. Bozcaada		0,000	0,002	0,001	0,004	0,001	0,003	0,001	0,004	0,003
2. Sinekçi	0,000		0,002	0,001	0,004	0,001	0,003	0,001	0,004	0,003
3. Gelibolu	0,002	0,002		0,002	0,002	0,002	0,003	0,001	0,004	0,004
4. Orhaniye	0,000	0,001	-0,005		0,002	0,001	0,002	0,001	0,004	0,003
5. Kumbağ	0,007	0,008	0,002	0,003		0,003	0,005	0,003	0,005	0,005
6. Sütlüce	0,003	0,003	-0,004	-0,002	0,006		0,002	0,001	0,004	0,003
7. Ardahan	0,006	0,006	0,004	0,004	0,014	0,004		0,002	0,005	0,003
8. Kurupelit	0,001	0,001	-0,001	-0,001	0,007	0,000	0,004		0,003	0,002
9. Kartepe	0,008	0,008	0,010	0,009	0,016	0,011	0,014	0,006		0,004
10. Çorum	0,006	0,006	0,006	0,005	0,014	0,007	0,004	0,004	0,010	

Apodemus witherbyi popülasyonlarının mtDNA kontrol bölgesinde gözlenen varyasyonun kaynağını açıklayabilmek için gerçekleştirilen moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasındaki farklılığın nedeninin popülasyon içi varyasyondan kaynaklandığı tespit edildi (% 85.07). Fiksasyon indisleri istatistiksel olarak anlamsızdır (Çizelge 4.67).

Çizelge 4.67 *Apodemus witherbyi*'nin Trakya ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	5.116	0.31986 Va	12.51
Grupları oluşturan populasyonlar arası	8	18.421	0.06187 Vb	2.42
Populasyonlar içi	12	26.100	2.17500 Vc	85.07
Toplam	21	49.636	2.55673	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.02766 (Vb)	P<0.54154		
FST :	0.14930 (Vc)	P<0.22678		
FCT :	0.12510 (Va)	P<0.07331		

Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesini ve gen akışının seviyesini belirlemek amacıyla fiksasyon indisi olarak bilinen F_{ST} değerleri hesaplandı. Buna göre Trakya ve Anadolu haplotip grupları arasındaki F_{ST} değeri (0.12948) bu iki haplotip grubu arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Her iki haplotip grubu arasında gen akış seviyesi $N_m = 4.84$ olarak bulundu (Çizelge 4.68-4.69).

Çizelge 4.68 *Apodemus witherbyi*'nin iki haplotip grubu arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri

F_{ST}	ANADOLU (Çorum, Ardahan, Kocaeli, Samsun)	0.00000	
	TRAKYA (Çanakkale-Sütlüce, Tekirdağ, Edirne, Çanakkale-Bozcaada, Çanakkale-Gelibolu, Çanakkale-Sinekçi)	0.12948	0.00000

Çizelge 4.69 *Apodemus witherbyi*'nin 10 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri

F_{ST}	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1. Bozcaada	0.00000									
2. Sinekçi	-1.00000	0.00000								
3. Gelibolu	0.48433	-0.55556	0.00000							
4. Orhaniye	0.19263	-0.80000	-0.54054	0.00000						
5. Kumbağ	0.80000	1.00000	-0.55556	-0.28571	0.00000					
6. Sütlüce	0.40567	-0.16667	-0.48673	-0.26829	0.15152	0.00000				

Çizelge 4.69 *Apodemus witherbyi*'nin 10 farklı lokalitedeki populasyonları arasındaki FST (genetik farklılaşma) değerleri

7. Ardahan	0.76471	1.00000	-0.27273	-0.20000	1.00000	-0.03704	0.00000			
8. Kurupelit	0.21824	-0.84615	-0.11290	-0.10526	-0.04348	0.02703	-0.33333	0.00000		
9. Kartepe	0.81818	1.00000	0.17647	0.18182	1.00000	0.41667	1.00000	-0.14286	0.00000	
10. Çorum	0.76471	1.00000	-0.07692	-0.05882	1.00000	0.22222	1.00000	-0.33333	1.00000	0.00000

Populasyonların seçilim baskısına maruz kalıp kalmadığını tespit edebilmek için Tajima's D (Tajima 1989) ve Fu's F_S (Fu 1997) istatistikleri hesaplandı. Populasyon genişlemesi gibi populasyonun boyutunda görülen değişimler ya da doğrudan seçilim baskısı altındaki herhangi bir lokus, D istatistiğinin negatif değer almasına neden olur. Aksi yönde, ana populasyonun alt populasyonlara ayrılması, dengeli seçilim ya da, yakın zamanda gerçekleşen populasyon darboğazı bu istatistiğin pozitif değer almasına neden olur. Fu's F_S değeri ise populasyonların demografik genişlemesine karşı oldukça hassastır ve genişleme görülen populasyonlarda negatif yönde büyük değerler belirlenir. D istatistiği Anadolu grubunda negatif değerde olmasına karşın, Trakya/Bozcaada grubunda pozitif değerdedir ve her iki grupta da istatistiksel olarak anlamsızdır. Trakya ve Bozcaada haplotip grubunda ise bu iki istatistik pozitif değer almıştır. F_S istatistiği ise her iki grupta da negatif değerdedir ve iki grupta da istatistiksel olarak anlamsızdır. Bu Türkiye'de yaşayan *A. witherbyi* populasyonlarının yakın zamanda herhangi bir populasyon genişlemesine maruz kalmadığını aksine demografik kararlılıkta olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.70).

Çizelge 4.70 *Apodemus witherbyi*'nin iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	ANADOLU	TRAKYA VE BOZCAADA
Tajima's D	-0.22144	0.58121
P	0.46700	0.74300
Birey Sayısı	6	16
Fu's F_S testi	-1.71475	-0.74341
P	0.08200	0.35700
Haplotip Sayısı	6	8

4.1.11 *Apodemus agrarius*' un kontrol bölgesi analizleri

Türkiye'deki tek lokaliteden elde edilen 4 *A. agrarius* örneği için toplam 3 haplotip belirlendi (Çizelge 4.71). Bu haplotipler her bir *A. agrarius* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 456 baz uzunluğundaki kontrol bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 4 örneğe ait kontrol bölgesi dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (h) değeri oldukça yüksek olmasına karşın nükleotid çeşitliliği (π) düşük bulundu ($h=0,833$ $\pi=0,00334$).

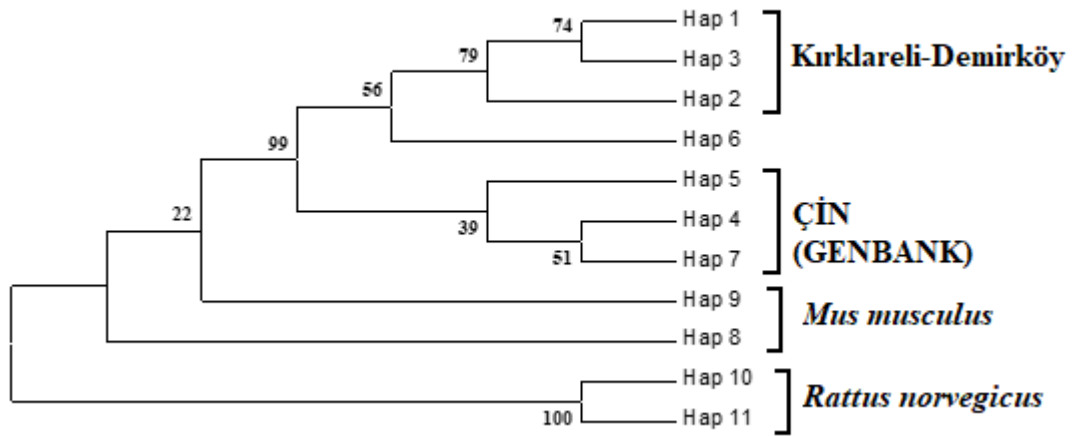
Çizelge 4.71 *Apodemus agrarius*'un kontrol bölgesi haplotipleri

Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaliteler ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	5538	Kırklareli-Demirköy-İğneada
Hap_2	1	5539	Kırklareli-Demirköy-İğneada
Hap_3	2	2395-2497	Kırklareli-Demirköy-İğneada
Hap_4	1	HQ655921.1	Çin
Hap_5	1	HQ655924.1	Çin
Hap_6	1	HQ655923.1	Çin
Hap_7	1	HQ655922.1	Çin
Hap_8	1	KC139204.1	<i>Mus musculus domesticus</i>
Hap_9	1	KC139206.1	<i>Mus musculus domesticus</i>
Hap_10	1	HQ655915.1	<i>Rattus norvegicus</i>
Hap_11	1	HQ655911.1	<i>Rattus norvegicus</i>

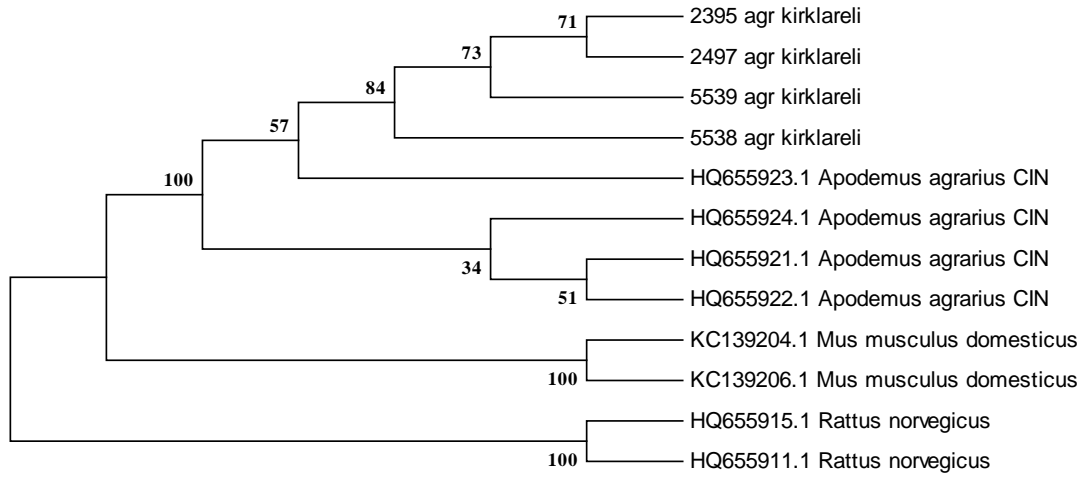
A. agrarius'in 4 örneğinden oluşan veri setinde 446 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 3 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölgenin olmadığı tespit edildi. HKY (Hasegawa vd. 1985) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 4,46 olarak hesaplandı. 446 nükleotidden oluşan veri seti için nükleotid frekansları $A = \% 30,87$, $T/U = \% 30,56$, $C = \% 26,51$ ve $G = \% 12,06$ olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre HKY (Hasegawa vd. 1985) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.72). NJ ve ML ağaçları benzer özellikler gösterdi (Şekil 4.30-4.31).

Çizelge 4.72 *Apodemus agrarius*'un 4 örneğinin sitokrom b bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	2,72	2,36	9,91
T/U	2,75	-	21,79	1,07
C	2,75	25,12	-	1,07
G	25,37	2,72	2,36	-



Şekil 4.30 *Apodemus agrarius*'un Türkiye'deki 3 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4. 31 *Apodemus agrarius*'un Türkiye'deki 4 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı

4.1.12 *Apodemus sylvaticus*'un kontrol bölgesi analizleri

Türkiye'deki 5 farklı lokaliteden elde edilen 9 *Apodemus sylvaticus* örneği için toplam 7 haplotip belirlendi (Çizelge 4.73). Bu haplotipler her bir *A. sylvaticus* örneğine ait mitokondriyal DNA'nın toplam 469 baz uzunluğundaki kontrol bölgesine ait DNA dizilerinden oluşan veri seti kullanılarak belirlendi. Analiz edilen 9 örneğe ait kontrol dizisinden oluşan veri setinde haplotip çeşitliliği (h) ve nükleotit çeşitliliği (π) değeri oldukça yüksek bulundu ($h=0,944$, $\pi=0,00990$).

Çizelge 4. 73 *Apodemus sylvaticus*'un kontrol bölgesi haplotipleri

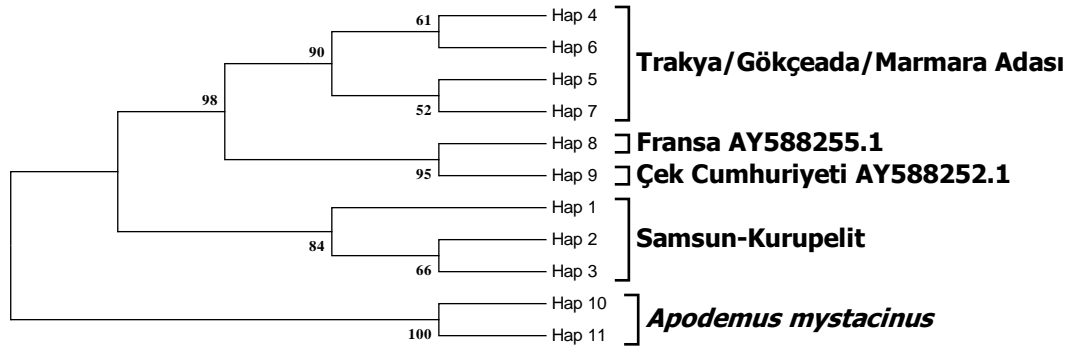
Haplotipler	Haplotip Frekansı	Müze/Genbank Numarası	Lokaller ve Örnek Sayıları
Hap_1	1	2822	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_2	1	2851	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_3	1	2852	Samsun-Kurupelit (1)
Hap_4	2	6968-7100	Tekirdağ-Çerkezköy (1), Edirne-Orhaniye (1)
Hap_5	2	6791-6823	Balıkesir-Marmara Adası-Topağaç (2)
Hap_6	1	6872	Çanakkale-Gökçeada (1)
Hap_7	1	6889	Çanakkale-Gökçeada (1)
Hap_8	1	AY588255.1	Fransa-Mantet
Hap_9	1	AY588252.1	Çek Cumhuriyeti-Musov Betlem
Hap_10	1	AY623076.1	Türkiye-Antalya (<i>A. mystacinus</i>)
Hap_11	1	AY623065.1	Suriye-Bloudan (<i>A. mystacinus</i>)

A. sylvaticus'un 9 örneğinden oluşan veri setinde 420 bölge değişkenlik göstermezken (monomorfik, invariable), 43 bölgenin değişkenlik gösterdiği tespit edildi (polimorfik, variable). Parsimonik bilgilendirici bölge sayısı ise 37 olarak bulundu. HKY (Hasegawa 1985) nükleotid değişim modeline göre ortalama Transisyon/Transversiyon oranı (R) 0,91 olarak hesaplandı. 469 bazdan oluşan veri seti için nükleotid frekansları A = % 29,88, T/U = % 32,93, C = % 26,33 ve G = % 10,87 olarak bulundu. Veri setindeki nükleotidlerin değişim oranlarını gösteren matris maximum likelihood algoritmasına göre TN93 (Tamura ve Nei 1993) nükleotid değişim modeli kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.74).

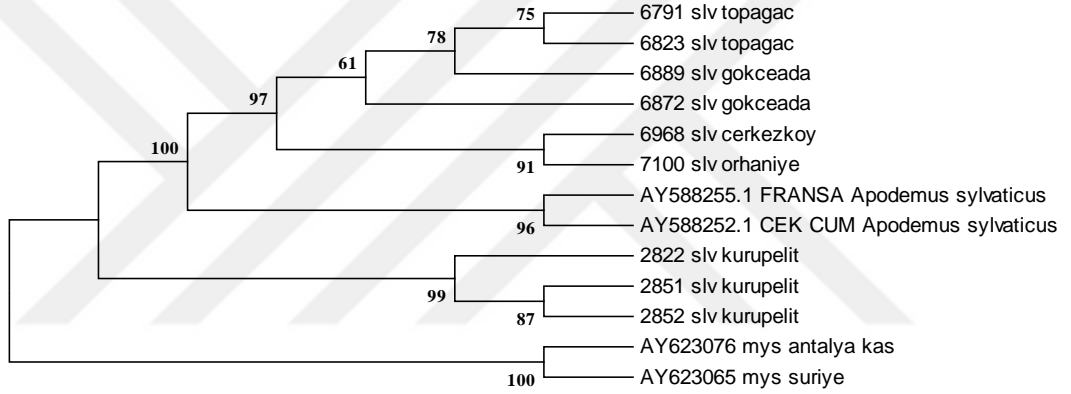
Çizelge 4.74 *Apodemus sylvaticus*'un 9 örneğinin sitokrom b bölgesindeki nükleotit değişim oranları

	A	T/U	C	G
A	-	8,57	6,86	5,21
T/U	7,78	-	12,62	2,83
C	7,78	15,78	-	2,83
G	14,32	8,57	6,86	-

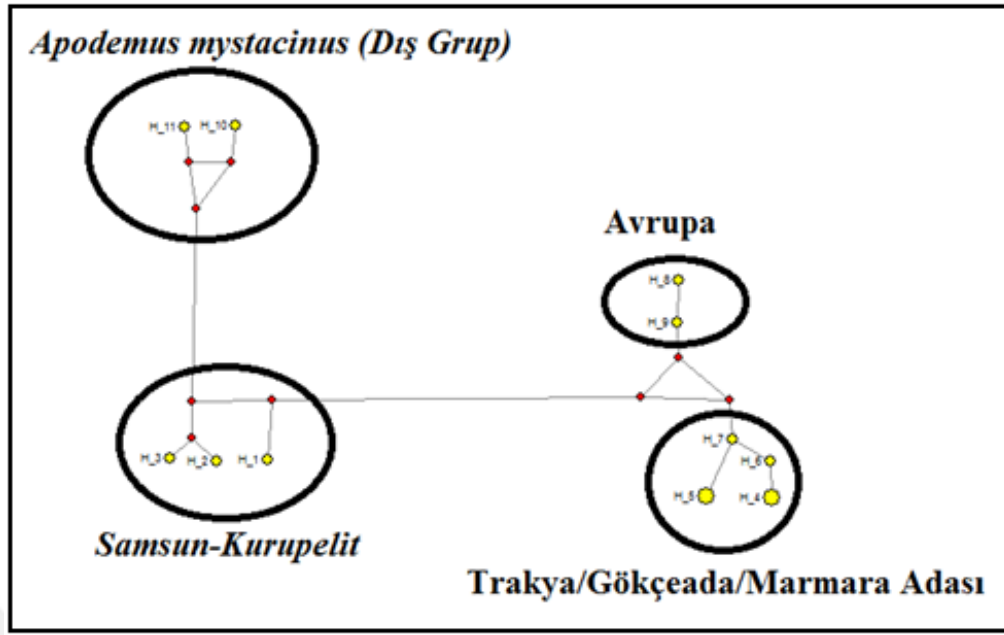
A. sylvaticus'un Trakya/Adalar ve Anadolu'daki 5 lokalitede yayılış gösteren populasyonları arasındaki evrimsel ilişkiyi belirleyebilmek için yapılan filogenetik analizler sonrasında, dallanma biçimleri büyük oranda birbirinin benzeri olan NJ ve ML ağaçları elde edildi. Oluşturulan her iki evrimsel ağaçta Trakya ve Anadolu populasyonlarının birbirlerinden belirgin olarak ayrıldığı belirlendi. Buna göre Anadolu'daki lokalite olan Samsun-Kurupelit örnekleri her iki evrimsel ağaçta bazal grup olarak yer alırken Marmara Adası, Gökçeada ve Trakya'daki iki lokalite (Çerkezköy-Orhaniye) populasyonları bir arada gruplandı (Şekil 4.32-4.33). Network analizi sonucu her iki filogenetik ağacın dallanma biçimi ile uyumludur (Şekil 4.34).



Şekil 4.32 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 7 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren HKY nükleotit değişim modeline göre oluşturulan ML ağacı



Şekil 4.33 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 9 örneği ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkileri gösteren ve K2P'ye göre oluşturulan NJ ağacı



Şekil 4.34 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 7 haplotipi ile GenBank'tan alınan haplotipleri arasındaki evrimsel ilişki örgüsü

A. sylvaticus'un mitokondriyal DNA'sının kontrol gen bölgesinin genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşma analizleri 4 grup üzerinden gerçekleştirildi. Tüm gruplar bir arada değerlendirildiğinde yüksek nükleotid ve haplotip çeşitliliğinin olduğu görüldü. Her bir popülasyon için ayrı değerlendirmeler yapıldığında ise nükleotid çeşitliliğinin düşük seviyede olduğu gözlemlendi. Samsun-Kurupelit popülasyonunun diğer popülasyonlara oranla daha yüksek nükleotid ve haplotip çeşitliliğine sahip olduğu görüldü (Çizelge 4.75).

Çizelge 4.75 *Apodemus sylvaticus*'un 4 farklı lokalitedeki popülasyonlarına ait genetik çeşitlilik parametreleri

Popülasyonlar	Birey Sayısı (N)	Haplotip Sayısı	Nükleotid Çeşitliliği (π)	Haplotip Çeşitliliği (h)
Samsun-Kurupelit	3	3	0,01872	1,00000
Çanakkale-Gökçeada	2	2	0,00216	1,00000
Balıkesir-Marmara Adası-Topağaç	2	1	0,00000	0,00000
Trakya (Çerkezköy-Orhaniye)	2	1	0,00000	0,00000
tüm popülasyonlar	9	7	0,04284	0,94444

Populasyonlar arasındaki genetik mesafe değeri Kimura 2-Parametresi (Kimura 1980) kullanılarak hesaplandı. Buna göre elde edilen sonuçlarda Samsun-Kurupelit populasyonu ile diğer populasyonlar arasında yaklaşık olarak % 7 değerinde genetik farklılaşmanın olduğu tespit edildi (Çizelge 4.76).

Çizelge 4.76 *Apodemus sylvaticus*'un Türkiye'deki 4 lokalitedeki populasyonları arasındaki Kimura-2 parametresine göre hesaplanan genetik uzaklıklar (diyagonalin altı) ve standart sapmalar (diyagonalin üstü)

POPULASYONLAR

1. Samsun-Kurupelit		0,012	0,013	0,013
2. Trakya (Tekirdağ-Çerkezköy, Edirne-Orhaniye)	0,071		0,005	0,004
3. Balıkesir-Marmara Adası	0,074	0,011		0,002
4. Çanakkale-Gökçeada	0,071	0,007	0,002	

Apodemus sylvaticus populasyonlarının mtDNA kontrol bölgesinde gözlenen varyasyonun kaynağını açıklayabilmek için gerçekleştirilen moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucunda iki ana haplotip grubu arasındaki farklılığın nedeninin gruplar arasındaki varyasyondan kaynaklandığı tespit edildi (% 86,51) (Çizelge 4.77).

Çizelge 4.77 *Apodemus sylvaticus*'un Trakya/Adalar ve Anadolu haplotip gruplarına ilişkin moleküler varyans analizi sonuçları

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi (df)	Kareler toplamı	Varyans bileşenleri	Varyasyon yüzdesi
Gruplar arası	1	69.389	16.45556 Va	86.51
Grupları oluşturan populasyonlar arası	2	6.333	0.60000 Vb	3.15
Populasyonlar içi	5	9.833	1.96667 Vc	10.34
Toplam	8	85.556	19.02222	
Fiksasyon indeksleri				
FSC :	0.23377 (Vb)	P< 0.07136		
FST :	0.89661 (Vc)	P< 0.00000		
FCT :	0.86507 (Va)	P< 0.24829		

Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşmanın derecesini ve gen akışının seviyesini belirlemek amacıyla fiksasyon indisi olarak bilinen F_{ST} değerleri hesaplandı. Buna göre Trakya/Adalar ve Anadolu haplotip grupları arasındaki F_{ST} değeri (0.87895) bu iki haplotip grubu arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Her iki haplotip grubu arasında gen akış seviyesi $N_m = 0,07$ olarak bulundu (Çizelge 4.78).

Çizelge 4.78 *Apodemus sylvaticus*'un 2 farklı haplotip grubu arasındaki F_{ST} (genetik farklılaşma) değerleri

Populasyonlar	1	2
1. Samsun-Kurupelit	0.00000	
2. Trakya/Adalar	0.87895	0.00000

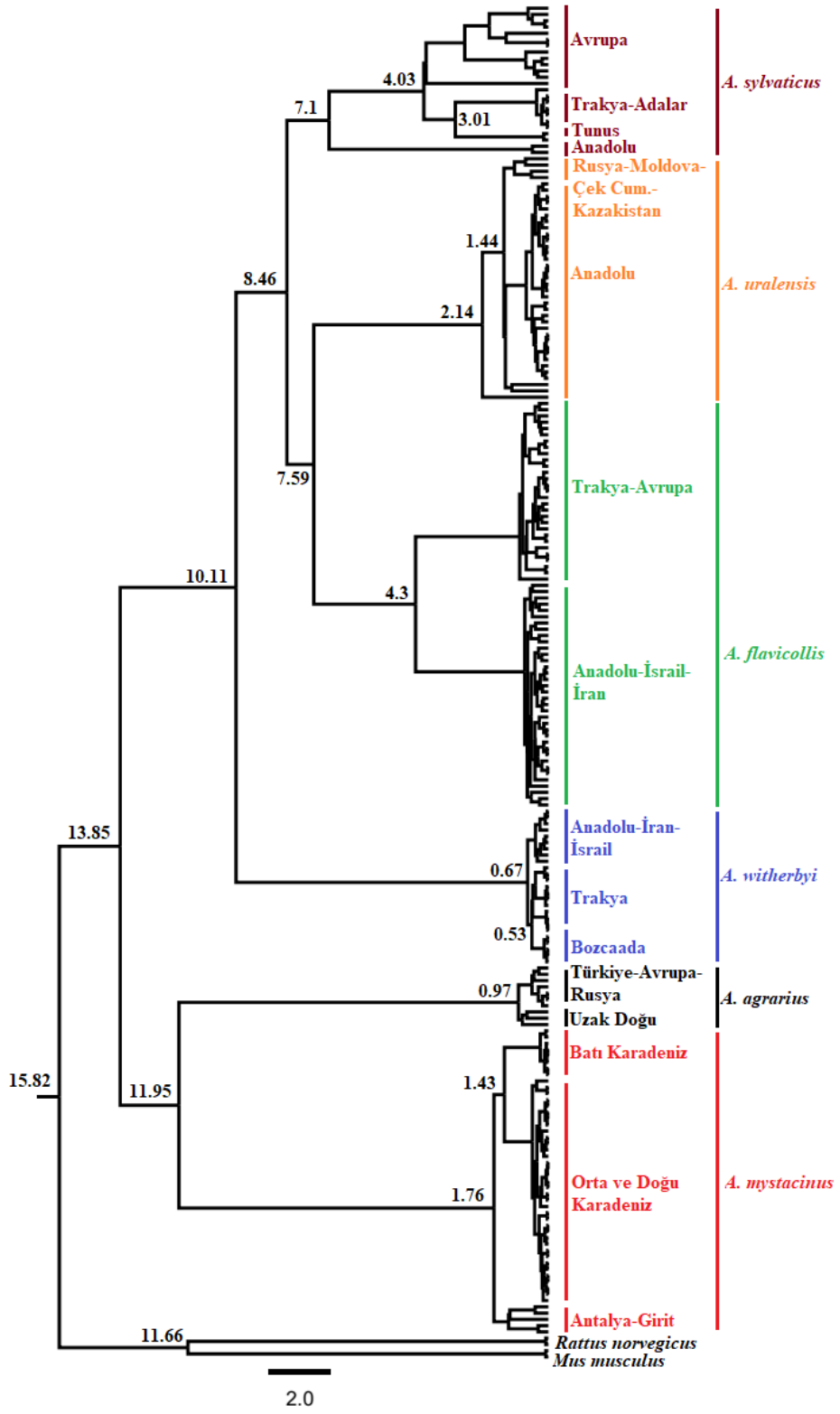
Populasyonun demografik geçmişini yansıtan analizler sonucunda belirlenen iki farklı nötralite testi sonucu pozitif olarak bulunmuştur fakat Tajima's D ve Fu's F_S analizleri istatistiki olarak anlamsız bulunmuştur. Bu Türkiye'de yaşayan *Apodemus sylvaticus* populasyonlarının populasyon genişlemesine maruz kalmadığını göstermektedir (Çizelge 4.79).

Çizelge 4.79 *Apodemus sylvaticus*'un iki haplotip grubuna ait nötralite testlerinin sonuçları

	SAMSUN-KURUPELİT	TRAKYA/ADALAR
Tajima's D	0.00000	1.38922
P	0.68900	0.93600
Birey Sayısı	3	6
Fu's F_S testi	1.06599	0.06663
P	0.45400	0.46100
Haplotip Sayısı	3	4

4.2 Moleküler Tarihleme (Evrimsel Ayrılma Zamanları)

Türkiye’de yaşayan *Apodemus* cinsine dahil örneklerin evrimsel ayrılma zamanlarını belirleyebilmek için gerçekleştirilen moleküler tarihleme analizi sonucunda *A. mystacinus/A. agrarius*’un günümüzden yaklaşık 13,857 Myö (Güven aralığı: 17,398-10,643 Myö) diğer türlerden ayrıldığı belirlendi. Bu iki türe ait populasyonların birbirlerinden ayrılma zamanı 11,957 Myö (Güven aralığı: 15,689-8,653 Myö) olarak belirlendi. *A. mystacinus*’un Batı Karadeniz ve Orta/Doğu Karadeniz populasyonları günümüzden yaklaşık olarak 1,431 Myö (Güven aralığı: 2,003-0,9 Myö) birbirlerinden ayrılmıştır. Diğer *Apodemus* türlerinden ikinci olarak *A. witherbyi* populasyonları yaklaşık 10,111 Myö (Güven aralığı: 13,408-7,574 Myö) ayrılmıştır. *A. witherbyi*’nin Anadolu ve Trakya/Bozcaada populasyonları 0,677 Myö (Güven aralığı: 0,994-0,407 Myö) farklılaşmaya başlamıştır. *Apodemus* cinsi içinde *A. sylvaticus* ve *A. flavicollis/A. uralensis* ayrımı ise yaklaşık olarak 8,465 Myö (Güven aralığı: 10,965-6,246 Myö) gerçekleşmiştir. Bu ayırmadan sonra 7,594 Myö (Güven aralığı: 9,993-5,524 Myö) *A. flavicollis* ve *A. uralensis* populasyonları farklılaşmıştır. Buna yakın bir zaman diliminde günümüzden yaklaşık olarak 7,101 Myö (Güven aralığı: 9,372-5,164 Myö) *A. sylvaticus*’un Anadolu ve Trakya/Adalar populasyonları farklılaşmıştır. *Apodemus flavicollis*’in Anadolu ve Avrupa populasyonlarının genetik olarak farklılaşmaları 4,302 Myö (Güven aralığı: 5,854-2,976 Myö) meydana gelmiştir (Şekil 4.35).



Şekil 4.35 Bayesian çıkarımına göre belirlenen *Apodemus* cinsine ait türlerin sitokrom *b* soy hatları arasındaki evrimsel ayrılma zamanları (TMRCA, ortak ataya varma zamanları)

4.3 Morfolojik Analizler

4.3.1 Metrik karakterler

Morfometri çalışmasında, Türkiye’de yayılış gösteren *Apodemus cinsine ait altı türe* ait ergin örneklerde 33 iç morfolojik karakter (Harrison ve Bates 1991, Çolak 1995, Kankılıç 2010) ölçüldü. Her tür için karakterlerin ortalamaları ve standart sapmaları hesaplandı. Altı türe ait bireylerin kafatası ölçümlerinin ortalamaları ve bu ortalamalara ait standart sapma değerleri çizelge 4.80’de gösterildi.

Çizelge 4.80 *Apodemus* içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları

Karakterler	Türler	N	Ort	St.Sapma	St. Hata	Min.	Max.
Zygomatik Gen.	<i>A. witherbyi</i>	18	12,73	0,61	0,14	11,38	13,66
	<i>A. flavicollis</i>	40	12,95	0,93	0,15	10,51	14,92
	<i>A. uralensis</i>	17	11,97	0,62	0,15	10,43	12,87
	<i>A. sylvaticus</i>	8	12,99	0,35	0,12	12,49	13,40
	<i>A. mystacinus</i>	34	14,10	0,77	0,13	12,28	15,55
	<i>A. agrarius</i>	2	12,00	0,40	0,28	11,72	12,28
	Total		119	13,09	1,04	0,10	10,43
Rostrum Gen.	<i>A. witherbyi</i>	18	4,59	0,23	0,05	4,18	5,01
	<i>A. flavicollis</i>	40	4,78	0,32	0,05	3,88	5,47
	<i>A. uralensis</i>	17	4,34	0,20	0,05	3,98	4,70
	<i>A. sylvaticus</i>	8	4,81	0,20	0,07	4,51	5,10
	<i>A. mystacinus</i>	34	4,97	0,36	0,06	4,22	5,79
	<i>A. agrarius</i>	2	4,99	0,28	0,20	4,79	5,18
	Total		119	4,75	0,36	0,03	3,88
İnterorbital Gen.	<i>A. witherbyi</i>	18	4,21	0,22	0,05	3,93	4,80
	<i>A. flavicollis</i>	40	4,20	0,24	0,04	3,77	4,74
	<i>A. uralensis</i>	17	4,07	0,13	0,03	3,84	4,32
	<i>A. sylvaticus</i>	8	4,11	0,15	0,05	3,88	4,32
	<i>A. mystacinus</i>	34	4,48	0,18	0,03	4,12	4,94
	<i>A. agrarius</i>	2	4,36	0,16	0,12	4,24	4,47
	Total		119	4,26	0,24	0,02	3,77
Oksipital Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	25,09	1,05	0,25	23,30	27,11
	<i>A. flavicollis</i>	40	26,09	1,37	0,22	22,77	28,65
	<i>A. uralensis</i>	17	24,39	0,85	0,21	22,66	26,01
	<i>A. sylvaticus</i>	8	26,21	0,96	0,34	24,83	27,69

Çizelge 4.80 *Apodemus* içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları (devam)

	<i>A. mystacinus</i>	34	28,79	1,40	0,24	24,64	30,70
	<i>A. agrarius</i>	2	25,36	1,29	0,91	24,44	26,27
	Total	119	26,46	2,01	0,18	22,66	30,70
Nasal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	8,97	0,56	0,13	8,07	10,00
	<i>A. flavicollis</i>	40	9,35	0,87	0,14	6,81	10,60
	<i>A. uralensis</i>	17	8,98	0,56	0,13	8,36	10,75
	<i>A. sylvaticus</i>	8	9,46	1,08	0,38	7,42	10,57
	<i>A. mystacinus</i>	34	10,95	0,87	0,15	7,86	12,41
	<i>A. agrarius</i>	2	9,62	0,91	0,64	8,97	10,26
	Total	119	9,71	1,13	0,10	6,81	12,41
Nasal Gen.	<i>A. witherbyi</i>	18	3,07	0,18	0,04	2,77	3,41
	<i>A. flavicollis</i>	40	3,17	0,29	0,05	2,52	3,69
	<i>A. uralensis</i>	17	3,15	0,28	0,07	2,58	3,70
	<i>A. sylvaticus</i>	8	3,06	0,23	0,08	2,73	3,37
	<i>A. mystacinus</i>	34	3,66	0,32	0,06	3,08	4,55
	<i>A. agrarius</i>	2	3,31	0,13	0,09	3,22	3,40
	Total	119	3,29	0,37	0,03	2,52	4,55
Frontal Suture Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	8,51	0,55	0,13	7,24	9,25
	<i>A. flavicollis</i>	40	9,42	0,76	0,12	7,88	11,38
	<i>A. uralensis</i>	17	8,73	0,55	0,13	7,42	10,11
	<i>A. sylvaticus</i>	8	9,37	1,48	0,52	7,56	11,63
	<i>A. mystacinus</i>	34	9,45	0,79	0,14	8,08	12,05
	<i>A. agrarius</i>	2	8,90	0,09	0,07	8,83	8,96
	Total	119	9,18	0,85	0,08	7,24	12,05
Parietal Suture Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	5,06	0,43	0,10	4,38	5,85
	<i>A. flavicollis</i>	40	5,07	0,54	0,09	3,65	6,21
	<i>A. uralensis</i>	17	4,69	0,41	0,10	4,11	5,51
	<i>A. sylvaticus</i>	8	5,11	0,41	0,14	4,67	5,66
	<i>A. mystacinus</i>	34	5,77	0,58	0,10	4,92	7,31
	<i>A. agrarius</i>	2	4,50	0,72	0,51	3,99	5,01
	Total	119	5,21	0,64	0,06	3,65	7,31
Occipital Gen.	<i>A. witherbyi</i>	18	9,89	0,75	0,18	8,44	10,84
	<i>A. flavicollis</i>	40	10,34	1,02	0,16	8,43	11,89
	<i>A. uralensis</i>	17	9,38	0,65	0,16	8,27	10,84
	<i>A. sylvaticus</i>	8	10,55	0,78	0,28	9,46	11,35
	<i>A. mystacinus</i>	34	10,71	0,68	0,12	8,90	12,61
	<i>A. agrarius</i>	2	9,90	0,10	0,07	9,83	9,97
	Total	119	10,25	0,92	0,08	8,27	12,61
Beyin Kapsülü G.	<i>A. witherbyi</i>	18	11,38	0,33	0,08	10,85	12,20
	<i>A. flavicollis</i>	40	11,74	0,40	0,06	10,82	12,64
	<i>A. uralensis</i>	17	11,15	0,31	0,08	10,53	11,64
	<i>A. sylvaticus</i>	8	11,53	0,41	0,14	11,00	12,22

Çizelge 4.80 *Apodemus* içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları (devam)

	<i>A. mystacinus</i>	34	13,15	0,60	0,10	11,53	14,36
	<i>A. agrarius</i>	2	10,72	0,31	0,22	10,50	10,94
	Total	119	11,97	0,90	0,08	10,50	14,36
Kondilobasal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	20,17	1,14	0,27	17,98	22,02
	<i>A. flavicollis</i>	40	20,98	1,94	0,31	11,58	23,64
	<i>A. uralensis</i>	17	19,46	0,99	0,24	17,36	21,26
	<i>A. sylvaticus</i>	8	21,36	0,70	0,25	20,41	22,59
	<i>A. mystacinus</i>	34	23,21	1,37	0,24	19,70	25,46
	<i>A. agrarius</i>	2	20,89	1,25	0,89	20,00	21,77
	Total	119	21,30	1,98	0,18	11,58	25,46
Kondilonasal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	23,14	0,97	0,23	21,45	25,26
	<i>A. flavicollis</i>	40	24,35	1,30	0,20	21,43	26,66
	<i>A. uralensis</i>	17	22,55	0,97	0,23	20,73	24,66
	<i>A. sylvaticus</i>	8	24,21	0,77	0,27	23,23	25,13
	<i>A. mystacinus</i>	34	26,71	1,34	0,23	22,85	28,50
	<i>A. agrarius</i>	2	23,76	1,14	0,81	22,95	24,56
	Total	119	24,57	1,90	0,17	20,73	28,50
Bazal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	21,13	0,95	0,22	19,53	22,96
	<i>A. flavicollis</i>	40	22,22	1,26	0,20	19,11	24,35
	<i>A. uralensis</i>	17	20,62	0,97	0,24	18,90	22,62
	<i>A. sylvaticus</i>	8	22,46	0,62	0,22	21,71	23,59
	<i>A. mystacinus</i>	34	24,29	1,27	0,22	20,58	26,15
	<i>A. agrarius</i>	2	21,90	1,31	0,93	20,97	22,82
	Total	119	22,43	1,74	0,16	18,90	26,15
Yüz Bölgesi Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	13,89	0,62	0,15	12,90	15,19
	<i>A. flavicollis</i>	40	14,58	0,82	0,13	12,53	16,16
	<i>A. uralensis</i>	17	13,70	0,52	0,13	12,69	14,70
	<i>A. sylvaticus</i>	8	14,47	0,66	0,23	13,20	15,18
	<i>A. mystacinus</i>	34	16,14	0,93	0,16	13,39	17,37
	<i>A. agrarius</i>	2	14,43	0,96	0,68	13,75	15,11
	Total	119	14,78	1,20	0,11	12,53	17,37
Mastoid Gen.	<i>A. witherbyi</i>	18	6,37	0,43	0,10	5,51	6,99
	<i>A. flavicollis</i>	40	6,50	0,43	0,07	5,20	7,36
	<i>A. uralensis</i>	17	6,06	0,31	0,07	5,52	6,79
	<i>A. sylvaticus</i>	8	6,54	0,33	0,12	5,95	6,98
	<i>A. mystacinus</i>	34	7,09	0,47	0,08	5,63	7,92
	<i>A. agrarius</i>	2	6,22	0,06	0,04	6,17	6,26
	Total	119	6,59	0,54	0,05	5,20	7,92
Beyin Kapsülü Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	10,46	0,65	0,15	9,28	12,06
	<i>A. flavicollis</i>	40	10,69	0,77	0,12	8,89	12,02
	<i>A. uralensis</i>	17	9,96	0,41	0,10	9,11	10,82

Çizelge 4.80 *Apodemus* içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları (devam)

	<i>A. sylvaticus</i>	8	10,94	0,73	0,26	10,28	12,11
	<i>A. mystacinus</i>	34	11,74	0,62	0,11	9,94	12,58
	<i>A. agrarius</i>	2	10,34	0,58	0,41	9,93	10,75
	Total	119	10,86	0,89	0,08	8,89	12,58
Diestema Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	6,52	0,46	0,11	5,45	7,19
	<i>A. flavicollis</i>	40	7,00	0,49	0,08	5,99	7,97
	<i>A. uralensis</i>	17	6,75	0,38	0,09	6,19	7,71
	<i>A. sylvaticus</i>	8	7,21	0,39	0,14	6,74	7,84
	<i>A. mystacinus</i>	34	7,72	0,56	0,10	6,34	8,59
	<i>A. agrarius</i>	2	7,36	0,28	0,20	7,16	7,55
	Total	119	7,12	0,64	0,06	5,45	8,59
Damak Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	10,56	0,55	0,13	9,61	11,51
	<i>A. flavicollis</i>	40	11,27	0,69	0,11	9,63	12,78
	<i>A. uralensis</i>	17	10,44	0,38	0,09	9,36	11,25
	<i>A. sylvaticus</i>	8	11,07	0,37	0,13	10,57	11,63
	<i>A. mystacinus</i>	34	12,53	0,88	0,15	9,93	14,12
	<i>A. agrarius</i>	2	10,45	1,23	0,87	9,58	11,32
	Total	119	11,37	1,05	0,10	9,36	14,12
Foramen İncis Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	4,71	0,34	0,08	3,81	5,12
	<i>A. flavicollis</i>	40	4,87	0,61	0,10	3,41	5,93
	<i>A. uralensis</i>	17	4,67	0,60	0,14	3,41	5,91
	<i>A. sylvaticus</i>	8	4,91	0,70	0,25	3,81	5,78
	<i>A. mystacinus</i>	34	6,23	0,38	0,07	5,26	7,10
	<i>A. agrarius</i>	2	4,86	0,18	0,13	4,73	4,99
	Total	119	5,21	0,83	0,08	3,41	7,10
Timpanik Bulla Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	5,99	0,49	0,12	5,08	6,96
	<i>A. flavicollis</i>	40	6,21	0,55	0,09	4,51	7,29
	<i>A. uralensis</i>	17	5,58	0,60	0,15	4,48	6,42
	<i>A. sylvaticus</i>	8	5,91	0,27	0,09	5,34	6,18
	<i>A. mystacinus</i>	34	6,29	0,52	0,09	5,28	7,24
	<i>A. agrarius</i>	2	5,65	0,12	0,09	5,56	5,73
	Total	119	6,08	0,57	0,05	4,48	7,29
Timpanik Bulla Gen.	<i>A. witherbyi</i>	18	4,56	0,41	0,10	3,40	5,08
	<i>A. flavicollis</i>	40	4,78	0,40	0,06	3,45	5,86
	<i>A. uralensis</i>	17	4,39	0,26	0,06	3,79	4,81
	<i>A. sylvaticus</i>	8	4,85	0,38	0,14	4,35	5,60
	<i>A. mystacinus</i>	34	4,91	0,43	0,07	3,23	5,48
	<i>A. agrarius</i>	2	4,79	0,25	0,18	4,61	4,96
	Total	119	4,73	0,43	0,04	3,23	5,86
Sağ Üst Molar Alv.Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	3,86	0,15	0,04	3,68	4,07

Çizelge 4.80 *Apodemus* içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları (devam)

	<i>A. flavicollis</i>	40	3,98	0,23	0,04	3,41	4,47
	<i>A. uralensis</i>	17	3,53	0,14	0,03	3,15	3,68
	<i>A. sylvaticus</i>	8	3,86	0,18	0,06	3,68	4,20
	<i>A. mystacinus</i>	34	4,52	0,29	0,05	3,68	4,99
	<i>A. agrarius</i>	2	3,68	0,00	0,00	3,68	3,68
	Total	119	4,04	0,40	0,04	3,15	4,99
Rostrum Yük.	<i>A. witherbyi</i>	18	5,15	0,52	0,12	3,75	5,89
	<i>A. flavicollis</i>	40	5,51	0,36	0,06	4,74	6,29
	<i>A. uralensis</i>	17	5,11	0,29	0,07	4,54	5,80
	<i>A. sylvaticus</i>	8	5,44	0,23	0,08	5,11	5,73
	<i>A. mystacinus</i>	34	5,84	0,27	0,05	5,08	6,33
	<i>A. agrarius</i>	2	5,55	0,21	0,15	5,40	5,69
	Total	119	5,49	0,44	0,04	3,75	6,33
Bullalı Beyin Kap. Yük	<i>A. witherbyi</i>	18	9,09	0,29	0,07	8,40	9,61
	<i>A. flavicollis</i>	40	9,74	0,44	0,07	8,83	10,63
	<i>A. uralensis</i>	17	8,79	0,27	0,07	8,48	9,58
	<i>A. sylvaticus</i>	8	9,54	0,22	0,08	9,15	9,85
	<i>A. mystacinus</i>	34	10,41	0,43	0,07	9,01	11,05
	<i>A. agrarius</i>	2	9,25	0,10	0,07	9,18	9,32
	Total	119	9,67	0,69	0,06	8,40	11,05
Bullasız Bey Kap. Yük	<i>A. witherbyi</i>	18	8,56	0,32	0,08	8,11	9,16
	<i>A. flavicollis</i>	40	9,06	0,53	0,08	8,06	10,22
	<i>A. uralensis</i>	17	8,16	0,38	0,09	7,50	8,98
	<i>A. sylvaticus</i>	8	8,97	0,30	0,11	8,63	9,48
	<i>A. mystacinus</i>	34	9,71	0,45	0,08	8,50	10,68
	<i>A. agrarius</i>	2	8,48	0,03	0,02	8,46	8,50
	Total	119	9,03	0,69	0,06	7,50	10,68
Sağ Alt Molar Alv. Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	3,46	0,20	0,05	3,15	3,94
	<i>A. flavicollis</i>	40	3,72	0,23	0,04	3,41	4,33
	<i>A. uralensis</i>	17	3,44	0,14	0,03	3,28	3,68
	<i>A. sylvaticus</i>	8	3,66	0,27	0,09	3,15	3,94
	<i>A. mystacinus</i>	34	4,31	0,28	0,05	3,94	4,99
	<i>A. agrarius</i>	2	3,81	0,18	0,13	3,68	3,94
	Total	119	3,81	0,41	0,04	3,15	4,99
Mandibul Yük.	<i>A. witherbyi</i>	18	6,84	0,46	0,11	5,82	7,67
	<i>A. flavicollis</i>	40	6,97	0,59	0,09	5,80	8,53
	<i>A. uralensis</i>	17	6,63	0,39	0,09	5,82	7,57
	<i>A. sylvaticus</i>	8	6,72	0,32	0,11	6,32	7,16
	<i>A. mystacinus</i>	34	7,79	0,46	0,08	6,57	8,53
	<i>A. agrarius</i>	2	6,34	1,12	0,79	5,55	7,13
	Total	119	7,11	0,67	0,06	5,55	8,53

Çizelge 4.80 *Apodemus* içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları (devam)

Mandibul Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	13,80	0,66	0,16	12,94	15,12
	<i>A. flavicollis</i>	40	14,42	0,87	0,14	12,35	15,81
	<i>A. uralensis</i>	17	13,54	0,64	0,15	12,25	14,98
	<i>A. sylvaticus</i>	8	14,06	0,72	0,26	12,86	14,90
	<i>A. mystacinus</i>	34	16,09	0,69	0,12	14,30	17,38
	<i>A. agrarius</i>	2	13,61	0,41	0,29	13,32	13,90
	Total	119	14,64	1,22	0,11	12,25	17,38
Pterigoid Kemik Gen. Max	<i>A. witherbyi</i>	18	1,06	0,14	0,03	0,78	1,31
	<i>A. flavicollis</i>	40	1,17	0,17	0,03	0,78	1,57
	<i>A. uralensis</i>	17	1,10	0,15	0,04	0,78	1,31
	<i>A. sylvaticus</i>	8	0,97	0,16	0,06	0,65	1,05
	<i>A. mystacinus</i>	34	1,58	0,13	0,02	1,31	1,84
	<i>A. agrarius</i>	2	1,18	0,18	0,13	1,05	1,31
	Total	119	1,24	0,26	0,02	0,65	1,84
Pterigoid Kemik Gen. Min	<i>A. witherbyi</i>	18	0,88	0,18	0,04	0,52	1,31
	<i>A. flavicollis</i>	40	0,96	0,20	0,03	0,52	1,31
	<i>A. uralensis</i>	17	0,87	0,21	0,05	0,26	1,05
	<i>A. sylvaticus</i>	8	0,78	0,16	0,06	0,52	1,05
	<i>A. mystacinus</i>	34	1,37	0,16	0,03	1,05	1,70
	<i>A. agrarius</i>	2	1,05	0,00	0,00	1,05	1,05
	Total	119	1,04	0,28	0,03	0,26	1,70
Üst Sağ M ¹ Taç Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	1,70	0,16	0,04	1,31	1,84
	<i>A. flavicollis</i>	40	1,77	0,16	0,02	1,44	2,10
	<i>A. uralensis</i>	17	1,53	0,08	0,02	1,31	1,57
	<i>A. sylvaticus</i>	8	1,77	0,14	0,05	1,57	1,97
	<i>A. mystacinus</i>	34	1,97	0,14	0,02	1,70	2,36
	<i>A. agrarius</i>	2	1,84	0,00	0,00	1,84	1,84
	Total	119	1,78	0,20	0,02	1,31	2,36
Üst Sağ M ² Taç Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	1,10	0,09	0,02	1,05	1,31
	<i>A. flavicollis</i>	40	1,12	0,09	0,01	1,05	1,31
	<i>A. uralensis</i>	17	1,02	0,07	0,02	0,92	1,18
	<i>A. sylvaticus</i>	8	1,12	0,10	0,03	1,05	1,31
	<i>A. mystacinus</i>	34	1,31	0,07	0,01	1,18	1,44
	<i>A. agrarius</i>	2	1,05	0,00	0,00	1,05	1,05
	Total	119	1,16	0,13	0,01	0,92	1,44
Üst Sağ M ³ Taç Uz.	<i>A. witherbyi</i>	18	0,83	0,09	0,02	0,78	1,05
	<i>A. flavicollis</i>	40	0,87	0,09	0,01	0,76	1,05
	<i>A. uralensis</i>	17	0,77	0,10	0,02	0,65	1,05
	<i>A. sylvaticus</i>	8	0,80	0,05	0,02	0,78	0,92
	<i>A. mystacinus</i>	34	1,00	0,10	0,02	0,78	1,18

Çizelge 4.80 *Apodemus* içerisindeki türlere ait tanımlayıcı istatistik sonuçları (devam)

<i>A. agrarius</i>	2	0,72	0,09	0,07	0,65	0,78
Total	119	0,88	0,13	0,01	0,65	1,18

4.3.2 Varyans analizi (iki yönlü ANOVA)

Türkiye’de yayılış gösteren *Apodemus* cinsindeki altı türü temsil eden bireylerden alınan morfolojik karakter ölçülerin ortalamaları arasında bir farklılık olup olmadığını test etmek için analiz edilmiştir. Yapılan varyans analizleri sonucunda (ANOVA), 33 morfometrik karakterin ortalama değerleri türler arasında istatistik açıdan oldukça farklılık göstermiştir ($p<0,01$) (Çizelge 4.81).

Çizelge 4.81 *Apodemus* türlerinde ölçülen karakter ölçülerinin ANOVA analizi sonuçları

Karakterler		Kareler Toplamı	df	Kareler ortalaması	F	Önemlilik *P<0.01
Zygomatik Gen.	Gruplar arasında	61,45	5,00	12,29	20,87	0,00 *
	Gruplar içinde	66,55	113,0	0,59		
	Total	128,01	118,0			
Rostrum Gen.	Gruplar arasında	5,09	5,00	1,02	11,29	0,00 *
	Gruplar içinde	10,18	113,0	0,09		
	Total	15,27	118,0			
İnterorbital Gen.	Gruplar arasında	2,54	5,00	0,51	12,75	0,00 *
	Gruplar içinde	4,51	113,0	0,04		
	Total	7,05	118,0			
Oksipital Uz.	Gruplar arasında	298,79	5,00	59,76	38,31	0,00 *
	Gruplar içinde	176,26	113,0	1,56		
	Total	475,05	118,0			
Nasal Uz.	Gruplar arasında	76,50	5,00	15,30	23,35	0,00 *
	Gruplar içinde	74,03	113,0	0,66		
	Total	150,53	118,0			

Çizelge 4.81 *Apodemus* türlerinde ölçülen karakter ölçülerinin ANOVA analizi sonuçları (devam)

Nasal Gen.	Gruplar arasında	6,88	5,00	1,38	17,31	0,00 *
	Gruplar içinde	8,98	113,0	0,08		
	Total	15,86	118,0			
Frontal Suttur Uz.	Gruplar arasında	16,68	5,00	3,34	5,50	0,00 *
	Gruplar içinde	68,54	113,0	0,61		
	Total	85,22	118,0			
Parietal Suttur Uz.	Gruplar arasında	17,71	5,00	3,54	13,28	0,00 *
	Gruplar içinde	30,12	113,0	0,27		
	Total	47,83	118,0			
Occipital Gen.	Gruplar arasında	23,62	5,00	4,72	7,02	0,00 *
	Gruplar içinde	75,99	113,0	0,67		
	Total	99,61	118,0			
Beyin Kapsülü G.	Gruplar arasında	72,00	5,00	14,40	72,21	0,00 *
	Gruplar içinde	22,54	113,0	0,20		
	Total	94,54	118,0			
Kondilobasal Uz.	Gruplar arasında	209,44	5,00	41,89	18,81	0,00 *
	Gruplar içinde	251,59	113,0	2,23		
	Total	461,03	118,0			
Kondilonasal Uz.	Gruplar arasında	266,94	5,00	53,39	37,42	0,00 *
	Gruplar içinde	161,22	113,0	1,43		
	Total	428,17	118,0			
Bazal Uz.	Gruplar arasında	205,46	5,00	41,09	30,82	0,00 *
	Gruplar içinde	150,65	113,0	1,33		
	Total	356,11	118,0			
Yüz Bölgesi Uz.	Gruplar arasında	100,19	5,00	20,04	32,56	0,00 *
	Gruplar içinde	69,53	113,0	0,62		
	Total	169,72	118,0			
Mastoid Gen.	Gruplar arasında	14,81	5,00	2,96	17,01	0,00 *
	Gruplar içinde	19,68	113,0	0,17		
	Total	34,48	118,0			
Beyin Kaps. Uz.	Gruplar arasında	44,38	5,00	8,88	20,20	0,00 *

Çizelge 4.81 *Apodemus* türlerinde ölçülen karakter ölçülerinin ANOVA analizi sonuçları (devam)

	Gruplar içinde	49,67		113,0	0,44		
	Total	94,05		118,0			
Diestema Uz.	Gruplar arasında	21,78		5,00	4,36	18,38	0,00 *
	Gruplar içinde	26,78		113,0	0,24		
	Total	48,55		118,0			
Damak Uz.	Gruplar arasında	74,98		5,00	15,00	31,35	0,00 *
	Gruplar içinde	54,06		113,0	0,48		
	Total	129,04		118,0			
Foramen İncis Uz.	Gruplar arasında	50,41		5,00	10,08	37,27	0,00 *
	Gruplar içinde	30,57		113,00	0,27		
	Total	80,98		118,0			
Timpanik Bulla Uz.	Gruplar arasında	7,08		5,00	1,42	5,17	0,00 *
	Gruplar içinde	30,91		113,0	0,27		
	Total	37,99		118,0			
Timpanik Bulla Gen.	Gruplar arasında	3,78		5,00	0,76	4,87	0,00 *
	Gruplar içinde	17,54		113,0	0,16		
	Total	21,32		118,0			
Sağ Üst Molar Alv.Uz.	Gruplar arasında	13,38		5,00	2,68	51,66	0,00 *
	Gruplar içinde	5,85		113,0	0,05		
	Total	19,23		118,0			
Rostrum Yük.	Gruplar arasında	8,89		5,00	1,78	14,57	0,00 *
	Gruplar içinde	13,78		113,0	0,12		
	Total	22,67		118,0			
Bullalı Beyin Kap Yük	Gruplar arasında	38,54		5,00	7,71	51,71	0,00 *
	Gruplar içinde	16,84		113,0	0,15		
	Total	55,38		118,0			
Bullasız Bey Kap. Yük	Gruplar arasında	33,07		5,00	6,61	33,50	0,00 *
	Gruplar içinde	22,31		113,0	0,20		
	Total	55,37		118,0			

Çizelge 4.81 *Apodemus* türlerinde ölçülen karakter ölçülerinin ANOVA analizi sonuçları (devam)

Sağ Alt Molar Alv. Uz.	Gruplar arasında	13,58		5,00	2,72	50,76	0,00 *
	Gruplar içinde	6,05		113,0	0,05		
	Total	19,62		118,0			
Mandibul Yük.	Gruplar arasında	23,93		5,00	4,79	18,96	0,00 *
	Gruplar içinde	28,53		113,0	0,25		
	Total	52,47		118,0			
Mandibul Uz.	Gruplar arasında	112,16		5,00	22,43	40,26	0,00 *
	Gruplar içinde	62,96		113,0	0,56		
	Total	175,12		118,0			
Pterigoid Kemik Gen. Max	Gruplar arasında	5,60		5,00	1,12	47,87	0,00 *
	Gruplar içinde	2,65		113,0	0,02		
	Total	8,25		118,0			
Pterigoid Kemik Gen. Min	Gruplar arasında	5,51		5,00	1,10	32,94	0,00 *
	Gruplar içinde	3,78		113,0	0,03		
	Total	9,28		118,0			
Üst Sağ M ¹ Taç Uz.	Gruplar arasında	2,36		5,00	0,47	23,41	0,00 *
	Gruplar içinde	2,27		113,0	0,02		
	Total	4,63		118,0			
Üst Sağ M ² Taç Uz.	Gruplar arasında	1,21		5,00	0,24	36,84	0,00 *
	Gruplar içinde	0,74		113,0	0,01		
	Total	1,96		118,0			
Üst Sağ M ³ Taç Uz.	Gruplar arasında	0,88		5,00	0,18	19,83	0,00 *
	Gruplar içinde	1,00		113,0	0,01		
	Total	1,89		118,0			

4.3.3 Tukey post hoc test

Apodemus cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirlemek amacıyla Tukey Post Hoc. testi yapılmıştır. Bu test sonucunda gruplar arasında istatistiki olarak farklı olan karakterler Çizelge 4.82’de ayrıntılı bir şekilde sunulmuştur. Tukey analizi sonucunda özellikle zygomatik genişlik, yüz bölgesi uzunluğu, beyin kapsülü uzunluğu, occipital genişlik, kafatasının en geniş yeri, timpanik bulla uzunluğu ve üst molar taç uzunluğu ölçüm karakterlerinin populasyonları birbirlerinde ayırmada önemli karakterler oldukları belirlenmiştir.

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu

Karakterler	(I) Tür	(J) Tür	Ort. Fark (I-J)	Std. Hata	Önemlilik *P<0,05, **P<0,01
Zygomatik Gen.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. uralensis</i>	0,76	0,26	0,05*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,37	0,22	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,99	0,22	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,14	0,18	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. witherbyi</i>	-0,76	0,26	0,05*
		<i>A. flavicollis</i>	-0,99	0,22	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-1,03	0,33	0,03*
		<i>A. mystacinus</i>	-2,13	0,23	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	1,03	0,33	0,03*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,1	0,3	0,01*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,37	0,22	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,14	0,18	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	2,13	0,23	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	2,1	0,56	0,00**
<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-2,1	0,56	0,00**	
Rostrum Gen.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,38	0,09	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,44	0,09	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,44	0,09	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-0,47	0,13	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,63	0,09	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,38	0,09	0,00**

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

		<i>A. uralensis</i>	0,63	0,09	0,00**
İnterorbital Gen.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,26	0,06	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,27	0,05	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,4	0,06	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,36	0,08	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,26	0,06	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,27	0,05	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,4	0,06	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,36	0,08	0,00**
Oksipital Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-3,69	0,36	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	1,7	0,36	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-2,7	0,29	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-1,7	0,36	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-1,82	0,54	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-4,4	0,37	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	1,82	0,54	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-2,58	0,49	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	3,69	0,36	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	2,7	0,29	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	4,4	0,37	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	2,58	0,49	0,00**
<i>A. agrarius</i>		3,43	0,91	0,00**	
<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-3,43	0,91	0,00**	
Nasal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,97	0,24	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,6	0,19	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,96	0,24	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,49	0,32	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,97	0,24	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,6	0,19	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	1,96	0,24	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	1,49	0,32	0,00**
Nasal Gen.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,59	0,08	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,49	0,07	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,51	0,08	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,6	0,11	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,59	0,08	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,49	0,07	0,00**
<i>A. uralensis</i>		0,51	0,08	0,00**	

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

		<i>A. sylvaticus</i>	0,6	0,11	0,00**
Frontal Suture Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,91	0,22	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,94	0,23	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,91	0,22	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,68	0,23	0,03*
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,68	0,23	0,03*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,72	0,23	0,03*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,94	0,23	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,72	0,23	0,03*
Parietal Suture Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,72	0,15	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,7	0,12	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,09	0,15	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,67	0,2	0,02*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,72	0,15	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,7	0,12	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	1,09	0,15	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,67	0,2	0,02*
		<i>A. agrarius</i>	1,27	0,38	0,01*
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,27	0,38	0,01*
Occipital Gen.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,82	0,24	0,01*
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,96	0,24	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,96	0,24	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-1,16	0,35	0,02*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,33	0,24	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	1,16	0,35	0,02*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,82	0,24	0,01*
<i>A. uralensis</i>		1,33	0,24	0,00**	
Beyin Kapsülü G.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,77	0,13	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,59	0,13	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,42	0,1	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	1,02	0,32	0,03*
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,59	0,13	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-2	0,13	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,62	0,18	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,77	0,13	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,42	0,1	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	2	0,13	0,00**
<i>A. sylvaticus</i>		1,62	0,18	0,00**	

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

		<i>A. agrarius</i>	2,43	0,32	0,00**	
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. flavicollis</i>	-1,02	0,32	0,03*	
		<i>A. mystacinus</i>	-2,43	0,32	0,00**	
Kondilobasal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-3,05	0,43	0,00**	
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	1,52	0,43	0,01*	
		<i>A. mystacinus</i>	-2,23	0,35	0,00**	
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-1,52	0,43	0,01*	
		<i>A. sylvaticus</i>	-1,9	0,64	0,04*	
		<i>A. mystacinus</i>	-3,75	0,44	0,00**	
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	1,9	0,64	0,04*	
		<i>A. mystacinus</i>	-1,85	0,59	0,02*	
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	3,05	0,43	0,00**	
		<i>A. flavicollis</i>	2,23	0,35	0,00**	
		<i>A. uralensis</i>	3,75	0,44	0,00**	
		<i>A. sylvaticus</i>	1,85	0,59	0,02*	
Kondilonasal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-1,21	0,34	0,01*	
		<i>A. mystacinus</i>	-3,57	0,35	0,00**	
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,21	0,34	0,01*	
		<i>A. uralensis</i>	1,81	0,35	0,00**	
		<i>A. mystacinus</i>	-2,36	0,28	0,00**	
		<i>A. flavicollis</i>	-1,81	0,35	0,00**	
		<i>A. sylvaticus</i>	-1,67	0,51	0,02*	
		<i>A. mystacinus</i>	-4,17	0,35	0,00**	
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	1,67	0,51	0,02*	
		<i>A. mystacinus</i>	-2,5	0,47	0,00**	
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	3,57	0,35	0,00**	
		<i>A. flavicollis</i>	2,36	0,28	0,00**	
		<i>A. uralensis</i>	4,17	0,35	0,00**	
		<i>A. sylvaticus</i>	2,5	0,47	0,00**	
		<i>A. agrarius</i>	2,96	0,87	0,01*	
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-2,96	0,87	0,01*	
	Bazal Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-1,08	0,33	0,02*
			<i>A. mystacinus</i>	-3,15	0,34	0,00**
<i>A. flavicollis</i>		<i>A. witherbyi</i>	1,08	0,33	0,02*	
		<i>A. uralensis</i>	1,6	0,33	0,00**	
		<i>A. mystacinus</i>	-2,07	0,27	0,00**	
<i>A. uralensis</i>		<i>A. flavicollis</i>	-1,6	0,33	0,00**	
		<i>A. sylvaticus</i>	-1,84	0,5	0,00**	
		<i>A. mystacinus</i>	-3,67	0,34	0,00**	

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	1,84	0,5	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,83	0,45	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	3,15	0,34	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	2,07	0,27	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	3,67	0,34	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	1,83	0,45	0,00**
Yüz Bölgesi Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,69	0,22	0,03*
		<i>A. mystacinus</i>	-2,26	0,23	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,69	0,22	0,03*
		<i>A. uralensis</i>	0,88	0,23	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,57	0,18	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,88	0,23	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-2,45	0,23	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,68	0,31	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	2,26	0,23	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,57	0,18	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	2,45	0,23	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	1,68	0,31	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	1,71	0,57	0,04*
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,71	0,57	0,04*
Mastoid Gen.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,72	0,12	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,44	0,12	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,59	0,1	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,44	0,12	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,03	0,12	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,56	0,16	0,01*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,72	0,12	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,59	0,1	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	1,03	0,12	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,56	0,16	0,01*
Beyin Kapsülü Uz.	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,73	0,19	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,04	0,15	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,73	0,19	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-0,98	0,28	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,77	0,2	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	0,98	0,28	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,8	0,26	0,03*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,28	0,19	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,04	0,15	0,00**

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

		<i>A. uralensis</i>	1,77	0,2	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,8	0,26	0,03*
Diestema Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,48	0,14	0,01*
		<i>A. sylvaticus</i>	-0,69	0,21	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,2	0,14	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,48	0,14	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,72	0,11	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,97	0,14	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,69	0,21	0,01*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,2	0,14	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,72	0,11	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,97	0,14	0,00**
Damak Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,71	0,2	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,97	0,2	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,71	0,2	0,01*
		<i>A. uralensis</i>	0,83	0,2	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,26	0,16	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,83	0,2	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-2,09	0,21	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,46	0,27	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,97	0,2	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,26	0,16	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	2,09	0,21	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	1,46	0,27	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	2,08	0,5	0,00**
<i>A. mystacinus</i>		-2,08	0,5	0,00**	
Foramen İncis Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,52	0,15	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	-1,36	0,12	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	-1,56	0,15	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-1,32	0,2	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,52	0,15	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,36	0,12	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	1,56	0,15	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	1,32	0,2	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	1,37	0,38	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-1,37	0,38	0,01*
Timpanik Bulla Uz.	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,63	0,15	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,7	0,16	0,00**

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. uralensis</i>	0,7	0,16	0,00**
Timpanik Bulla Gen.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,35	0,11	0,03*
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,39	0,11	0,01*
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,39	0,11	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,52	0,12	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,35	0,11	0,03*
		<i>A. uralensis</i>	0,52	0,12	0,00**
Sağ Üst Molar Alv.Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. uralensis</i>	0,33	0,08	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,66	0,07	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,44	0,07	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,54	0,05	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. witherbyi</i>	-0,33	0,08	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	-0,44	0,07	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-0,33	0,1	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,98	0,07	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	0,33	0,1	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,66	0,09	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,66	0,07	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,54	0,05	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,98	0,07	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,66	0,09	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	0,84	0,17	0,00**
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,84	0,17	0,00**
Rostrum Yük.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,36	0,1	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,69	0,1	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,36	0,1	0,01*
		<i>A. uralensis</i>	0,4	0,1	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,34	0,08	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,4	0,1	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,74	0,1	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,69	0,1	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,34	0,08	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	0,74	0,1	0,00**	
Bullalı Beyin Kap Yük	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,65	0,11	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,32	0,11	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,65	0,11	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,95	0,11	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,67	0,09	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,95	0,11	0,00**

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

		<i>A. sylvaticus</i>	-0,75	0,17	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,62	0,11	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	0,75	0,17	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,87	0,15	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,32	0,11	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,67	0,09	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	1,62	0,11	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,87	0,15	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	1,16	0,28	0,00**
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,16	0,28	0,00**
Bullasız Bey Kap. Yük	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,51	0,13	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,15	0,13	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,51	0,13	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,9	0,13	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,65	0,1	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,9	0,13	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-0,8	0,19	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,54	0,13	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	0,8	0,19	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,74	0,17	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	1,15	0,13	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,65	0,1	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	1,54	0,13	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,74	0,17	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	1,23	0,32	0,00**
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,23	0,32	0,00**
Sağ Alt Molar Alv. Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,26	0,07	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,85	0,07	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,26	0,07	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,28	0,07	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,59	0,05	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,28	0,07	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,87	0,07	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,65	0,09	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,85	0,07	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,59	0,05	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,87	0,07	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,65	0,09	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	0,5	0,17	0,04*

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,5	0,17	0,04*
Mandibul Yük.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,95	0,15	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,81	0,12	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,16	0,15	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,06	0,2	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,95	0,15	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,81	0,12	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	1,16	0,15	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	1,06	0,2	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	1,45	0,37	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-1,45	0,37
Mandibul Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,63	0,21	0,04*
		<i>A. mystacinus</i>	-2,3	0,22	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,63	0,21	0,04*
		<i>A. uralensis</i>	0,88	0,22	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-1,67	0,17	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,88	0,22	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-2,56	0,22	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-2,03	0,29	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	2,3	0,22	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	1,67	0,17	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	2,56	0,22	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	2,03	0,29	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	2,48	0,54	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-2,48	0,54
Pterigoid Kemik Gen. Max	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,52	0,04	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. sylvaticus</i>	0,2	0,06	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,41	0,04	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,48	0,05	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,2	0,06	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,61	0,06	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,52	0,04	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,41	0,04	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,48	0,05	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,61	0,06	0,00**
	<i>A. agrarius</i>	0,4	0,11	0,01*	
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,4	0,11	0,01*
Pterigoid Kemik Gen. Min	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,49	0,05	0,00**

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,42	0,04	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,5	0,05	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,59	0,07	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,49	0,05	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,42	0,04	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,5	0,05	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,59	0,07	0,00**
Üst Sağ M ¹ Taç Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. uralensis</i>	0,17	0,05	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,27	0,04	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,24	0,04	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,19	0,03	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. witherbyi</i>	-0,17	0,05	0,01*
		<i>A. flavicollis</i>	-0,24	0,04	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	-0,24	0,06	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,43	0,04	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. uralensis</i>	0,24	0,06	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,19	0,06	0,01*
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,27	0,04	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,19	0,03	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,43	0,04	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,19	0,06	0,01*
Üst Sağ M ² Taç Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,21	0,02	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,11	0,02	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,18	0,02	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. witherbyi</i>	-0,08	0,03	0,04*
		<i>A. flavicollis</i>	-0,11	0,02	0,00**
		<i>A. mystacinus</i>	-0,29	0,02	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,19	0,03	0,00**
	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,21	0,02	0,00**
		<i>A. flavicollis</i>	0,18	0,02	0,00**
		<i>A. uralensis</i>	0,29	0,02	0,00**
		<i>A. sylvaticus</i>	0,19	0,03	0,00**
		<i>A. agrarius</i>	0,26	0,06	0,00**
	<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,26	0,06	0,00**
Üst Sağ M ³ Taç Uz.	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,18	0,03	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	0,09	0,03	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,14	0,02	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	<i>A. flavicollis</i>	-0,09	0,03	0,01*
		<i>A. mystacinus</i>	-0,23	0,03	0,00**

Çizelge 4.82 *Apodemus* cinsinde altı türe ait bireylerden ölçülen 33 karakter ölçüsünün hangi tür arasında farklılık gösterdiğini belirten Tukey Post Hoc testi sonucu (devam)

<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,21	0,04	0,00**
<i>A. mystacinus</i>	<i>A. witherbyi</i>	0,18	0,03	0,00**
	<i>A. flavicollis</i>	0,14	0,02	0,00**
	<i>A. uralensis</i>	0,23	0,03	0,00**
	<i>A. sylvaticus</i>	0,21	0,04	0,00**
	<i>A. agrarius</i>	0,29	0,07	0,00**
<i>A. agrarius</i>	<i>A. mystacinus</i>	-0,29	0,07	0,00**

4.3.4 Ayrışım fonksiyon analizi (DFA)

Morfolojik verilere göre çalışılan altı tür arasındaki farklılıkları tespit edebilmek için çok değişkenli istatistik analizlerinden ayrışım fonksiyon analizi uygulandı. Ayrışım fonksiyon analizi sonucunda toplam varyasyon (% 100) 5 kononikal eksen tarafından açıklandı. I. eksen total varyasyonun % 66,11'ini, II. eksen % 18,61'ini, III. eksen % 8,41'ini açıkladı (Çizelge 4.83).

Ayrışım fonksiyonu analizi morfolojik karakterler temel alınarak çalışılan altı *Apodemus* türüne ait bireyleri % 89,1 doğrulukla sınıfladı (Çizelge 4.84).

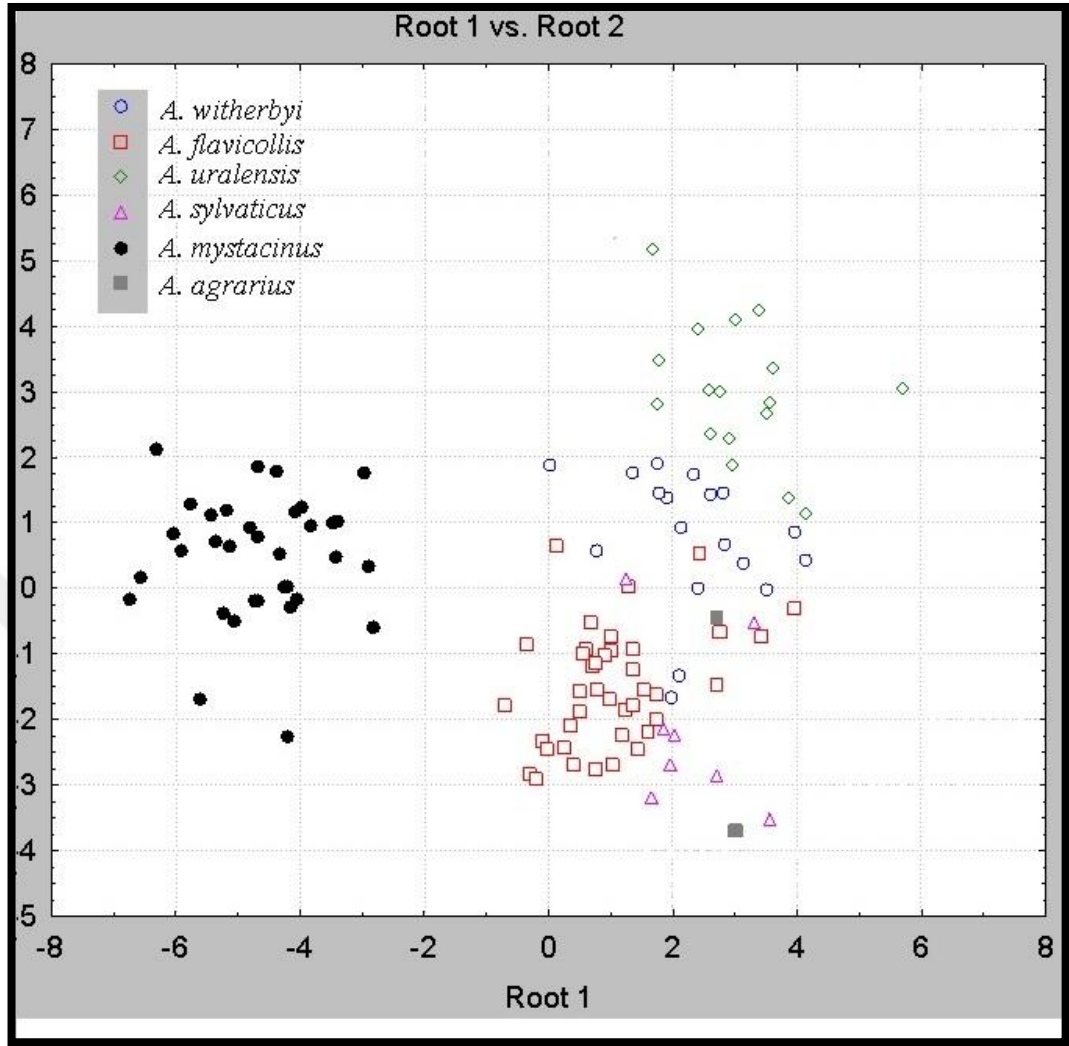
Çizelge 4.83 Ayrışım fonksiyonu analizine göre ilk üç konikal ayrışım fonksiyonunun eigen değerleri

Fonksiyon	Eigen Değeri	% Varyans	Total %	Kanonikal Korelasyon
1	9,69	66,11	66,11	0,95
2	2,73	18,61	84,72	0,86
3	1,23	8,41	93,13	0,74
4	0,66	4,48	97,61	0,63
5	0,35	2,39	100,00	0,51

Çizelge 4.84 Ayırışım fonksiyonu analizine göre beş türe bireylerin sınıflandırılması

	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. agrarius</i>	Total
<i>A. witherbyi</i>	14	1	0	0	0	3	18
<i>A. flavicollis</i>	1	37	0	1	0	1	40
<i>A. uralensis</i>	0	0	13	0	0	4	17
<i>A. sylvaticus</i>	1	0	0	6	0	1	8
<i>A. mystacinus</i>	0	0	0	0	34	0	34
<i>A. agrarius</i>	0	0	0	0	0	2	2
%	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. agrarius</i>	Total
<i>A. witherbyi</i>	77,8	5,6	0	0	0	16,7	100
<i>A. flavicollis</i>	2,5	92,5	0	2,5	0	2,5	100
<i>A. uralensis</i>	0	0	76,5	0	0	23,5	100
<i>A. sylvaticus</i>	12,5	0	0	75	0	12,5	100
<i>A. mystacinus</i>	0	0	0	0	100	0	100
<i>A. agrarius</i>	0	0	0	0	0	100	100

Ayırışım fonksiyon analizinde çalışılan bireylerin üç boyutlu olarak kümelenmesi şekil 4.36'da gösterildi. Bu dağılıma göre Türkiye'de temsil edilen 6 türe ait bireyler ayrı gruplar olarak kümelendi. Özellikle *A. mystacinus* türüne ait bireyler diğer *Apodemus* cinsi türlerinden oldukça farklı konumlandı. *A. agrarius* türüne ait bireyler diğer türlere ait bireylerin içinde kümelendi.



Şekil 4.36 Çalışılan *Apodemus* cinsinde altı farklı türe ait bireylerin morfolojik karakterlere bağlı olarak ayırışım fonksiyon analizi ile iki boyutta kümelenmesi

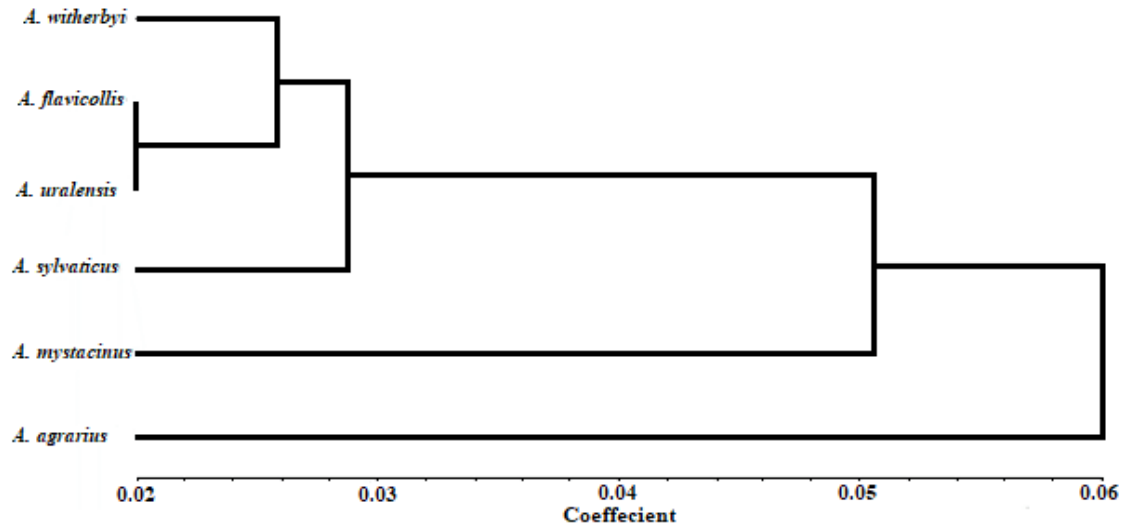
4.3.5 Kümeleme analizi (Cluster)

Apodemus cinsinde altı türe ait populasyonlar arasında morfolojik farklılıkları belirlemek için Mahalanobis mesafe matrisi (D^2) hesaplandı (Çizelge 4.85) ve bu matrisi temel alınarak UPGMA kümelemesi ile grupların ayrımını gösteren SHAN dendrogram oluşturuldu (Şekil 4.37). En yüksek mesafe değerleri *A. agrarius* ve diğer *Apodemus* türleri arasında belirlenmiştir. *A. flavicollis* ve *A. witherbyi* arasında en düşük mesafe değeri $D^2=12,42$ belirlenmiştir.

UPGMA kümelenmesi ile oluşturulan dendrogramda DFA analizine benzer sonuçlara ulaşılmıştır. Özellikle üç tür *A. witherbyi*, *A. flavicollis* ve *A. uralensis* yakın dallarda kümelenmiştir.

Çizelge 4.85 *Apodemus* cinsine ait türlerde morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi

Populasyonlar	<i>A. witherbyi</i>	<i>A. flavicollis</i>	<i>A. uralensis</i>	<i>A. sylvaticus</i>	<i>A. mystacinus</i>	<i>A. agrarius</i>
<i>A. witherbyi</i>	-	P<0,01	P<0,01	P<0,01	P<0,01	P<0,01
<i>A. flavicollis</i>	12,42	-	P<0,01	P<0,05	P<0,01	P<0,05
<i>A. uralensis</i>	15,68	25,75	-	P<0,01	P<0,01	P<0,01
<i>A. sylvaticus</i>	20,44	11,73	32,80	-	P<0,01	P>0,05
<i>A. mystacinus</i>	52,90	37,08	67,21	60,28	-	P<0,01
<i>A. agrarius</i>	56,36	41,88	54,89	32,45	95,14	-



Şekil 4.37 *Apodemus* cinsi içerisindeki farklı türlere ait populasyonlardaki morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi temel alınarak oluşturulan UPGMA-SHAN kümelemesi

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

5.1 *Apodemus* Cinsinin mtDNA Dizi ve Morfometrik Analiz Sonuçlarının Değerlendirmesi

Türkiye'nin kuzeyindeki 17 farklı lokaliteden incelenen *A. flavicollis* populasyonlarında 40 yeni sitokrom *b* haplotipi tespit edildi. Kontrol bölgesi analizleri 18 lokaliteden örnekleri kapsamaktadır ve bu bölge için toplam 35 yeni haplotip belirlendi. *Apodemus flavicollis*'in bütün populasyonları sitokrom *b* gen bölgesi ve kontrol bölgesinde yüksek seviyede nükleotid ve haplotip çeşitliliğine sahiptir (sitokrom *b* $\pi = 0,03978$, $h=0,99573$, kontrol bölgesi $\pi= 0,03332$, $h=0,98415$). Mitokondriyal DNA'nın her iki bölgesi için ayrı olarak gerçekleştirilen filogenetik ve evrimsel ilişki örgüsü analizleri sonucunda bu türün Trakya ve Anadolu populasyonları belirgin bir şekilde birbirlerinden ayrıldı ve iki farklı genetik soy hattı oluşturdu. Bu iki genetik soy hattı arasında paylaşılan haplotip bulunmamaktadır. Genetik soy hatları arasında Kimura-2 parametresine göre belirlenen genetik mesafe değeri sitokrom *b* gen bölgesi için % 6,7, kontrol bölgesi için % 4,3'tür ve bu değerler iki genetik soy hattı arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Bu sonucu destekleyen diğer bulgular bu türün Trakya ve Anadolu'daki genetik soy hatları arasındaki F_{ST} ve Nm değerleridir (sitokrom *b* için $F_{ST} =0,88417$ ve $Nm=0,07$, kontrol bölgesi için $F_{ST} =0,778$ ve $Nm=0,16$). Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucu gruplar arası yüksek varyasyon yüzdesi (sitokrom *b* için % 88,17, kontrol bölgesi için % 77,08) *A. flavicollis* populasyonlarının coğrafik olarak iki genetik soy hattına ayrılmasını destekleyen bir diğer bulgudur. Her iki nötralite testinin (Tajima's D ve Fu's F_s) sonuçları *A. flavicollis* populasyonlarının yakın geçmişte populasyon genişlemesine maruz kaldığını işaret etmektedir. Trakya ve Anadolu genetik soy hatlarına ait nükleotid çeşitliliği değerleri sitokrom *b* gen bölgesi (Anadolu için $\pi= 0,00803$, Trakya için $\pi= 0,00834$) ve kontrol bölgesinde (Anadolu için $\pi= 0,01316$, Trakya için $\pi= 0,01189$) hemen hemen birbirine eşit seviyededir. Her iki genetik soy hattındaki nükleotid çeşitliliği değerleri kontrol bölgesinde sitokrom *b* bölgesine oranla daha yüksektir. Haplotip çeşitliliği değerleri de nükleotid çeşitliliği değerleri gibi her iki genetik soy hattında birbirine yakın değerlerdedir ve yüksek seviyededir (sitokrom *b* gen bölgesinde: Anadolu için $h=$

0,99430, Trakya için $h= 0,98529$, kontrol bölgesinde: Anadolu için $h= 0,97721$, Trakya için $h= 0,97368$). Bütün örneklerin kullanıldığı ve sitokrom *b* bölgesindeki milyon yılda % 2 mutasyon gerçekleştiği varsayılarak yapılan moleküler tarihlendirme analizleri *A. flavicollis*'in Trakya ve Anadolu'daki her iki genetik soy hattının günümüzden yaklaşık olarak 4,302 milyon yıl önce farklılaşmaya başladığını göstermektedir. Her iki genetik soy hattı arasında sitokrom *b* gen bölgesinde tespit edilen % 7,6 (yaklaşık 3,8 milyon yıl önce) oranındaki genetik mesafe değeri de moleküler tarihlendirme analiz ile belirlenen ayrılma zamanını desteklemektedir. Öncelikli olarak her iki genetik soy hattı arasında boğazların önemli bir coğrafik bariyer olarak rol oynamış olabileceği düşünülse bile, elde edilen sonuçlar *A. flavicollis*'in Trakya ve Anadolu'daki genetik soy hatlarının Kuaterner buzul dönemi öncesinde farklılaşmaya başladığını işaret etmektedir.

Türkiye'deki 12 farklı lokaliteden elde edilen 41 *A. mystacinus* örneği için 18 sitokrom *b* bölgesi haplotipi, 17 kontrol bölgesi haplotipi belirlendi. *A. mystacinus*'un bütün popülasyonları sitokrom *b* gen bölgesi ve kontrol bölgesinde ılımlı seviyede nükleotid çeşitliliğine sahiptir (sitokrom *b* için $\pi= 0,01076$, kontrol bölgesi için $\pi= 0,00905$). Haplotip çeşitliliği ise her iki bölge için yüksek seviyededir (sitokrom *b* için $h= 0,94062$, kontrol bölgesi için $h= 0,869$). Mitokondriyal DNA'nın her iki bölgesi için ayrı olarak gerçekleştirilen filogenetik ve evrimsel ilişki örgüsü analizleri sonucunda bu türün Batı Karadeniz ve Orta/Doğu Karadeniz popülasyonları ve iki farklı genetik soy hattı oluşturdu. Bu iki genetik soy hattı arasında paylaşılan haplotip bulunmamaktadır. Genetik soy hatları arasında Kimura-2 parametresine göre belirlenen genetik mesafe değeri sitokrom *b* gen bölgesi için % 2,5 kontrol bölgesi için % 1,5'tir ve bu değerler iki genetik soy hattı arasında orta seviyeli genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Bu türün Batı Karadeniz ve Orta/Doğu Karadeniz genetik soy hatları arasındaki genetik farklılaşma ve gen akışı değerleri sitokrom *b* için $F_{ST} =0,88$ ve $Nm=0,07$, kontrol bölgesi için $F_{ST} =0,74$ ve $Nm=0,18$ olarak bulundu. Genetik yapısına ilişkin parametrelere ilaveten, moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucu gruplar arasında varyasyon yüzdesinin yüksek bulunması (sitokrom *b* için % 82,77, kontrol bölgesi için % 70,59) *A. mystacinus*'un Batı Karadeniz ve Orta/Doğu Karadeniz genetik soy hatları arasındaki farklılaşmayı desteklemektedir. Her iki nötralite testinin (Tajima's *D* ve Fu's *F_s*) sonuçları *A. mystacinus* popülasyonlarının yakın geçmişte popülasyon

genişlemesine maruz kalmadığını aksine demografik açıdan kararlı olduklarını göstermektedir. Batı Karadeniz ve Orta/Doğu Karadeniz genetik soy hatlarına ait nükleotid çeşitliliği değerleri sitokrom *b* gen bölgesi (Batı Karadeniz için $\pi= 0,00129$, Orta/Doğu Karadeniz için $\pi= 0,00482$) ve kontrol bölgesinde (Batı Karadeniz için $\pi= 0,00499$, Orta/Doğu Karadeniz için $\pi= 0,00465$) düşük seviyededir. Haplotip çeşitliliği değerleri mtDNA'nın her iki bölgesi için az sayıda örneğe sahip Batı Karadeniz genetik soy hattında düşük, Orta/Doğu Karadeniz genetik soy hattında ise yüksek seviyededir. (sitokrom *b* gen bölgesinde: Batı Karadeniz için $h= 0,46429$, Orta/Doğu Karadeniz için $h= 0,93561$, kontrol bölgesinde: Batı Karadeniz için $h= 0,64286$, Orta/Doğu Karadeniz için $h= 0,81640$). Bütün örneklerin kullanıldığı ve sitokrom *b* bölgesindeki milyon yılda % 2 mutasyon gerçekleştiği varsayılarak yapılan moleküler tarihlendirme analizleri *A. mystacinus*'un Batı Karadeniz ve Orta/Doğu Karadeniz genetik soy hatlarının günümüzden yaklaşık olarak 1,431 milyon yıl önce farklılaşmaya başladığını göstermektedir. Her iki genetik soy hattı arasında sitokrom *b* gen bölgesinde tespit edilen % 2,5 (yaklaşık 1,25 milyon yıl önce) oranındaki genetik mesafe değeri de moleküler tarihlendirme analiz ile belirlenen ayrılma zamanını desteklemektedir. *A. mystacinus*'un her iki genetik soy hattının arasındaki gen akışının kesilmesi için coğrafik bariyer olarak Kızılırmak deltası ve Ilgaz Dağları'nın engel teşkil etmiş olabileceği düşünülmektedir.

Türkiye'deki 10 farklı lokaliteden elde edilen 21 *A. witherbyi* örneği için toplam 10 sitokrom *b* haplotipi, 14 kontrol bölgesi haplotipi belirlendi. *A. witherbyi*'nin bütün populasyonları sitokrom *b* gen bölgesi ve kontrol bölgesinde nükleotid çeşitliliği düşük ve haplotip çeşitliliği yüksektir (sitokrom *b* $\pi = 0,00722$, $h= 0,857$, kontrol bölgesi $\pi = 0,00936$, $h=0,926$). Mitokondriyal DNA'nın sitokrom *b* gen bölgesi dizilerine dayalı olarak gerçekleştirilen filogenetik ve evrimsel ilişki örgüsü analizleri sonucunda bu türün Trakya/Bozcaada ve Anadolu populasyonları belirgin bir şekilde birbirlerinden ayrıldı ve iki farklı genetik soy hattı oluşturdu. Kontrol bölgesinde ise sitokrom *b* gen bölgesine göre daha karmaşık bir filogenetik durum ortaya çıktı ve türün Trakya ve Anadolu populasyonları/haplotipleri bir arada kümelendi. Bu durum mtDNA'nın organizasyonundan sorumlu olan ve protein kodlamayan kontrol bölgesinin sitokrom *b* gen bölgesine göre filogenetik çözümlenmelerde daha zayıf olmasından kaynaklanabilir.

Bu türün özellikle sitokrom *b* gen bölgesi analizleri göz önüne alındığında Trakya/Bozcaada ve Anadolu olarak iki farklı genetik gruba ayrılan popülasyonları arasında haplotip paylaşımı söz konusu değildir. Genetik gruplar arasında Kimura-2 parametresine göre belirlenen genetik mesafe değerleri sitokrom *b* gen bölgesi için % 0,3 kontrol bölgesi için % 0,1'dir ve bu değerler iki genetik grup arasında genetik farklılaşmanın seviyesinin düşük olduğunu göstermektedir. Bu sonucu destekleyen diğer bulgular bu türün Trakya/Bozcaada ve Anadolu'daki genetik grupları arasında az miktarda genetik farklılaşma ve yüksek seviyede gen akışının olduğunu gösteren F_{ST} ve N_m değerleridir (sitokrom *b* için $F_{ST}=0,36$ ve $N_m=0,87$, kontrol bölgesi için $F_{ST}=0,13$ ve $N_m=4,84$). Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucu gruplar arası düşük varyasyon yüzdesi (sitokrom *b* için % 35,35, kontrol bölgesi için % 12,51) ve istatistiksel olarak önemsiz sonuçların elde edilmesi *A. witherbyi* popülasyonlarının coğrafik olarak net bir biçimde farklı genetik soy hattına ayrılmadığını destekleyen bir diğer bulgudur. Her iki nötralite testinin (Tajima's D ve Fu's F_s) sonuçları *A. witherbyi* popülasyonlarının yakın geçmişte popülasyon genişlemesine maruz kalmadığını işaret etmektedir. Bütün örneklerin kullanıldığı ve sitokrom *b* bölgesindeki milyon yılda % 2 mutasyon gerçekleştiği varsayılarak yapılan moleküler tarihlendirme analizleri *A. witherbyi*'nin Anadolu'daki popülasyonlarının Trakya ve Bozcaada popülasyonlarından günümüzden yaklaşık olarak 677 bin yıl önce farklılaşmaya başladığını göstermektedir. Bozcaada popülasyonlarının ise Trakya popülasyonlarından günümüzden yaklaşık 540 bin yıl önce farklılaşmaya başladığı tespit edilmiştir. Bu türün 2'den fazla örneğe sahip lokaliteleri nükleotid çeşitliliği bakımından karşılaştırıldığında, Bozcaada hariç diğer lokalitelerin yaklaşık olarak aynı seviyede genetik zenginliğe sahip olduğu gözlemlendi. Bozcaada popülasyonu 5 örneğe sahip olmasına rağmen tek bir haplotiple temsil edilmektedir. Dolayısıyla ile bu veri ışığında bu türün Bozcaada popülasyonuna göre genetik bakımdan (nükleotid çeşitliliği seviyesi) daha zengin olan Trakya ya da Anadolu'dan Bozcaada'ya geçiş yapmış olabileceği düşünülmektedir. Buzul dönemlerinden sonra Bozcaada'nın ana kara ile karasal bağlantısının kesilmesi sonucu yüz ölçümü bakımından küçük olan adada genetik sürüklenmeden bahsetmek mümkündür. Filogenetik analizlerde bu türün Trakya haplotipleri/örnekleri ile daha yakın gruplanması ve Anadolu popülasyonlarının evrimsel açıdan Trakya ve Bozcaada'dan daha önce farklılaşmaya başladığının tespit edilmesi Bozcaada

populasyonunun Trakya'dan köken almış olabileceği ihtimalini kuvvetlendirmektedir. *A. witherbyi*, *Mus* ya da *Rattus* cinslerine dahil türlerden farklı olarak insan yaşam alanlarının dışında yaşadığı bilinmektedir. Bu durum türün insanlar tarafından adalara taşınma olasılığını azaltmaktadır. Bunun sonucu olarak *A. witherbyi* adada kendine özgü habitallara yerleşerek farklı bir soy hattı oluşturduğu söylenebilir.

Türkiye'deki 11 farklı lokaliteden elde edilen 34 *A. uralensis* örneğinin sitokrom *b* bölgesi için 27, kontrol bölgesi için 22 haplotip belirlendi. *A. uralensis*'in bütün populasyonları sitokrom *b* gen bölgesi ve kontrol bölgesinde düşük seviyede nükleotid çeşitliliğini barındırırken, haplotip çeşitliliği ise yüksek seviyededir (sitokrom *b* $\pi = 0,00994$, $h = 0,97931$, kontrol bölgesi $\pi = 0,00965$, $h = 0,955$). Mitokondriyal DNA'nın her iki bölgesi için ayrı olarak gerçekleştirilen filogenetik ve evrimsel ilişki örgüsü analizleri sonucunda bu türün populasyonlarının yayılış alanında herhangi bir coğrafik varyasyona rastlanmadı ve karmaşık bir filogenetik durum açığa çıktı. Sadece Uludağ (Bursa) lokalitesinden bir örnek evrimsel ağaçlarda diğer lokalitelerdeki populasyonların dışında gruplandı. Bu durum Kimura-2 parametresine dayalı olarak hesaplanan genetik mesafe değerleri ile desteklendi. Bütün populasyonlar arasındaki genetik mesafe değerleri oldukça düşük seviyedeysen, Uludağ (Bursa) örneği ile diğer lokalitelerdeki populasyonlar arasındaki mesafe değerleri daha yüksektir. Bu türün populasyonları arasında yüksek genetik mesafe olmaması ve belirgin genetik gruplar tespit edilememesine rağmen, populasyonların yayılış gösterdiği lokalitelerin coğrafik pozisyonlarına göre 4 gruba ayrılarak analiz edilen gruplar arasında en yüksek genetik farklılaşmanın Uludağ (Bursa) örneği ile diğer gruplar arasında olduğu görüldü. Moleküler varyans analizi sonuçları gruplar arası varyasyondan ziyade populasyon içi varyasyonların bu türün populasyonları arasındaki genetik varyasyonun nedeni olduğunu gösterdi. Ancak populasyonları oluşturan bireylerden ileri gelen varyasyon yüzdesinin önem derecesi istatistiksel olarak anlamsız bulundu. Dolayısı ile populasyonlar arasındaki varyasyon yüzdesi düşüktür ve bu da genetik farklılaşmanın az olduğunu gösteren bir başka bulgudur. Yapılan analizler bu türün populasyonları arasında coğrafyaya bağlı genetik varyasyon olmadığını ortaya çıkardı.

Türkiye'deki 6 farklı lokaliteden elde edilen 8 *A. sylvaticus* örneği için 5 sitokrom *b* haplotipi, 7 kontrol bölgesi haplotipi belirlendi. *A. sylvaticus*'un bütün populasyonları sitokrom *b* gen bölgesi ve kontrol bölgesinde yüksek seviyede nükleotid ve haplotip çeşitliliğine sahiptir (sitokrom *b* $\pi= 0,05055$, $h= 0,89286$, kontrol bölgesi $\pi= 0,04284$, $h=0,944$). Mitokondriyal DNA'nın her iki bölgesi için ayrı olarak gerçekleştirilen filogenetik ve evrimsel ilişki örgüsü analizleri sonucunda bu türün Anadolu ve Trakya/Adalar populasyonları belirgin bir şekilde birbirlerinden ayrıldı ve iki farklı genetik soy hattı oluşturdu. Bu iki genetik soy hattı arasında paylaşılan haplotip bulunmamaktadır. Anadolu ve Trakya/Adalar genetik soy hatları arasında Kimura-2 parametresine göre belirlenen genetik mesafe değeri sitokrom *b* gen bölgesi için yaklaşık % 12, kontrol bölgesi için % 7'dir ve bu değerler iki genetik soy hattı arasında yüksek genetik farklılaşmanın olduğunu göstermektedir. Bu sonucu destekleyen diğer bulgular bu türün Anadolu ve Trakya/Adalar genetik soy hatları arasında belirgin genetik farklılaşma ve düşük seviyede gen akışının olduğunu gösteren F_{ST} ve Nm değerleridir (sitokrom *b* için $F_{ST} = 0,96772$ ve $Nm=0,02$, kontrol bölgesi için $F_{ST} = 0,87895$ ve $Nm=0,07$). Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonucu sitokrom *b* gen bölgesinde populasyonlar arası, kontrol bölgesinde ise populasyon içi farklılıkların Anadolu ve Trakya/Adalar genetik soy hatları arasındaki varyasyonların esas kaynağı olduğunu gösterdi. Bu analiz sonucunda her iki hiyerarşik seviyedeki düşük varyasyon yüzdeleri hem örnek elde edilen lokalite hem de bu lokalitelerdeki birey sayısının az olmasından kaynaklanmış olabilir. Populasyonun demografik geçmişi yansıtan analizler sonucunda belirlenen iki farklı nötralite testi sonucu pozitif olarak bulunmuştur. Bu Türkiye'de yaşayan *A. sylvaticus* populasyonlarının populasyon genişlemesine maruz kalmadığını göstermektedir. Anadolu'daki genetik soy hattını temsil eden Kurupelit (Samsun) populasyonundaki iki birey iki farklı haplotipi meydana getirmiştir. Trakya/Adalar soy hattını oluşturan lokalitelerde de ikişer örnek mevcuttur ancak her bir lokalitede sadece birer haplotip bulunmaktadır. Dolayısı ile genetik çeşitlilik bakımından bir karşılaştırılma yapıldığında Anadolu genetik soy hattının nükleotid çeşitliliği daha yüksek olduğu görülür. Bu durum *A. witherbyi* populasyonlarındakine benzer bir durumdur. Bütün örneklerin kullanıldığı ve sitokrom *b* bölgesindeki milyon yılda % 2 mutasyon gerçekleştiği varsayılarak yapılan moleküler tarihlendirme analizleri *A. sylvaticus*'un Anadolu ve Trakya/Adalar'daki her iki genetik soy

hattının günümüzden yaklaşık olarak 7,1 milyon yıl önce farklılaşmaya başladığını göstermektedir. Her iki genetik soy hattı arasında sitokrom *b* gen bölgesinde tespit edilen yaklaşık % 12 (yaklaşık 6 milyon yıl önce) oranındaki genetik mesafe değeri de moleküler tarihlleme analiz ile belirlenen ayrılma zamanını desteklemektedir. Bu türün her iki genetik soy hattını temsil eden populasyonlar arasında coğrafik mesafe fazladır. Türün populasyonlarının yayılış alanının habitat parçalanması ile kesintiye uğramış olması bu erken dönem genetik farklılaşmanın nedenleri olarak göz önüne alınabilir.

Bu tez çalışmasında Demirköy (Kırklareli)'den elde edilen dört *A. agrarius* örneğinin sitokrom *b* ve kontrol bölgesinde yüksek haplotip çeşitliliği, düşük nükleotid çeşitliliği gösterdiği belirlendi. Türkiye'de sadece Trakya'da yayılış gösteren bu türün tek lokaliteden elde edilen örneklerinin filogenetik durumunu net olarak ortaya koyabilmek için Avrupa'dan örnek kullanılması ve değerlendirme yapılmalıdır.

Morfolojik analizler sonucunda Türkiye'de yaşayan altı türün (*A. mystacinus*, *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. uralensis* ve *A. agrarius*) metrik olarak birbirlerinden farklı değerlere sahip oldukları görüldü. Ayrışım fonksiyon analizinde Türkiye'de temsil edilen altı türün birbirlerinden ayrı ayrı gruplar oluşturduğu görüldü. *Karstomys* alt cinsi içerisinde bulunan *A. mystacinus* türüne ait bireyler diğer *Apodemus* cinsi türlerinden oldukça farklı konumlandı. *A. agrarius* türüne ait bireyler diğer türlere ait bireylerin içinde kümelendi. Morfolojik karakterlerin alt cins ve türleri ayırmada etkili olduğu fakat tam ayrımın yapılan genetik çalışmalarda ortaya çıktığı görüldü. Morfolojik analizler genetik analizleri desteklemektedir.

5.2 *Apodemus* Cinsinin Filocoğrafyası

Tez çalışmasında *Apodemus* cinsine ait altı tür *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. uralensis*, *A. witherbyi*, *A. agrarius* ve *A. mystacinus* mtDNA cytb ve mtDNA kontrol bölgesine ait diziler kullanılarak analiz edildi. MtDNA cytb gen bölgesi dizilerine dayanarak yapılan bayesian çıkarılması (Bayesian Inference=BI) analizleri sonucunda *Apodemus* cinsi içinde ana soy hatlarına ayrılma ve türleşme olaylarının 13.85 Myö başladığı tahmin edildi. Bu farklılaşma zamanı Orta Miyosen'e (16-11.6 Myö) denk gelmektedir. Orta Miyosen'de küresel iklimde önemli değişiklikler meydana gelmiştir. Bu periyodun ilk safhası Orta Miyosen İklimsel Optimum (MMCO) olarak bilinir ve sıcak şartlarla karakterize edilir. Bütün Miyosen'den daha sıcak olmasına rağmen Antartika buzlarında bir genişleme meydana gelmiş ve dünya soğumuştur. Böylece iklimde geçiş meydana gelmiştir. Bu periyot Orta Miyosen İklim Geçişi (MMCT) olarak adlandırılmaktadır (Rögl 1999, Zachos vd. 2001, Mourik 2010, Frigola vd. 2018). *Apodemus* cinsinde 13.85 Myö tahmin edilen türleşme zamanı MMCT dönemine denk geldiği görüldü. MMCT döneminin sonlarına doğru Orta Miyosen Buzul (MMG) dönemi küresel iklimde meydana gelen soğuma ormanlık alanların parçalanmasına ve step alanların genişlemesine neden olmuştur (Frigola vd. 2018). Ormanların parçalanması sonucu mutlak orman formlarından yaklaşık 13.85 Myö orman dışında kayalık alanlarda yaşayan *A. mystacinus* ve yine ormanlarda fakat zemini kumlu alanları tercih eden *A. agrarius* yeni oluşan habitatlara uyuma zorlanarak yeni türlere farklılaşmış olabilir. Böylece parçalanmış ormanlık alanlar 13.85 Myö *Apodemus* cinsinde vikaryans yoluyla ortak atadan ilk ayrılmaların gerçekleşmiş olabileceği tahmin edildi. Bunun dışında Afrika ve Arabistan plakalarıyla Avrasya plakasının çarpışması sonucunda *Apodemus* cinsinin yayılış alanı içinde önemli orojenik olaylar yaşanmıştır. Büyük Kafkaslar, Küçük Kafkaslar, Karadeniz Dağları ve Toros Dağları yükselmiştir (Şengör ve Yılmaz 1981, Adamia vd. 2011, Tibaldi vd. 2017). Böylece birçok yerde ormanlık alanlar yerlerini step ve kayalık alanlara bırakmıştır. Yeni açılan alanlarda yeni türleşmeler gerçekleşmiş olabilir. *Apodemus* cinsi içinde ikinci bir ayrılma 11.95 Myö *A. mystacinus* ve *A. agrarius* arasında olduğu tahmin edildi. Michaux vd. (2002) üç grup (*mystacinus* ve iki alt cins *Sylvaemus* ve *mystacinus*) için 7 ile 8 Myıl arasında ayrılma zamanını tahmin etmişlerdir.

Ayrıca arařtıřıcılar her bir altcins içinde ayrılma zamanlarını *Apodemus* için 5.4 ile 6 Myıl, *Sylvaemus* ve *mystacinus* arasında 2.2 ile 3.5 Myıl arası olarak tahmin etmişlerdir. Arařtıřıcılar *Apodemus* cinsi içindeki 7-8 Myö olarak tahmin edilen farklılaşma zamanını Cerling vd. (1997) tarafından ortaya konan bütün dünyada iklimde görölen önemli deęişikliklerden kaynaklanan vejetasyon deęişikliklerine bağlamışlardır. Bu vejetasyon deęişiklikleri de beraberinde faunal deęişiklikleri getirmiştir (Michaux vd. 2002). Bu arada orman sever türlerin yerine step ve açık alan türleri almıştır. Michaux vd. (2002) iklim deęişikliklerinin hüküm sürdüğü dönemde Avrupa'da bazı popülasyonların sığınaklarda (izole olmuş ormanlar) izole olmuş olabileceğini ileri sürmüşlerdir. Bu nedenle arařtıřıcılar Avrupa'nın *Apodemus*'un türleşmesi üzerinde önemli rol oynamış olabileceğini ortaya koymuşlardır. Bu tez çalışmasında *Apodemus* cinsinde tahmin edilen 13.85 Myö farklılaşma zamanı dünyada step ve açık alanların oluşma zamanıyla uyum içinde bulundu (Tapaltsyan vd. 2015). Tapaltsyan vd. (2015) açık alanların genişlemesine bağlı olarak kemiricilerde hypsolodonti diş tipinde üç aşamalı (14, 8, 5 Myö) yayılmanın olduğunu ortaya koymuşlardır. 14 Myö açık alanlarda meydana gelen ilk genişleme (Tapaltsyan vd. 2015) ile bu tez çalışmasında *Apodemus* cinsi içinde tahmin edilen 13.85 Myö farklılaşma zamanına yakın olduğunu görüldü. MtDNA cytb gen bölgesi dizilerine dayarak yapılan bayesian çıkarsaması analizi sonucunda *A. sylvaticus*-*A. flavicollis*-*A. uralensis* grubu içindeki türleşme olaylarının 8.46-7.59 Myıl arasında gerçekleşmiş olabileceği tahmin edildi. Bu farklılaşma örgüsü Cerling vd. (1997), Fortelius vd. (2002) ve Kerr, (2006) tarafından ortaya konan step ve açık alanlardaki genişleme zamanıyla uyum içinde olduğu görüldü. Şöyle ki, her üç araştırma grubu 9-7 Myö step ve açık alanlarda genişlemenin olduğunu ortaya koymuşlardır. Michaux vd. (2002) tarafından *Apodemus* cinsi içinde tahmin edilen 7.8 Myö farklılaşma zamanı bu tez çalışmasındaki *A. sylvaticus*-*A. flavicollis*-*A. uralensis* grubu için tahmin edilen farklılaşma zamanıyla uyum içindedir. *A. sylvaticus*, *A. flavicollis* ve *A. uralensis* mutlak orman türleridir. Michaux vd. (2002) Avrupa'da *Apodemus* için sığınak görevi yapan izole olmuş ormanlık alanlarının cins içinde türleşme olaylarına katkılar sağlamış olabileceğini ortaya atmışlardır. Michaux vd. (2002) tarafından ortaya konan türleşme modeli bu tez çalışmasında tespit edilen *A. sylvaticus*, *A. flavicollis* ve *A. uralensis* için de türleşme modeli olabilir. *A. sylvaticus*, *A. flavicollis* ve *A. uralensis*'in türleşme modellerinin birbirine benzer olmasının

yanında *A. witherbyi* atasal gen stoğundan farklı bir ayrılma örgüsü sergiledi. *A. witherbyi* bu üç türden 10.11 Myö farklılaştığı tahmin edildi. *A. witherbyi* çayırlar, dağ, plato, stepler ve yükseklerdeki yarı çöl alanları gibi çok farklı habitatlarda yaşamaktadır (Wilson vd. 2017). Ayrıca hem bu tez çalışmasında hem de Kryštufek ve Vohralik (2009) tarafından Bozcaada ve Anadolu steplerinde geniş bir yayılışa sahip olduğu belirtilmiştir. Böylece *A. witherbyi*'nin türleşme olaylarının step ve açık alanların genişlemesine paralel olarak yeni oluşan farklı ekolojik nişlere açılım ile başladığı söylenebilir.

Liu vd. (2004) mtDNA cytb gen bölgesi analizine dayanarak Çin'de yayılış gösteren 15 *Apodemus* türünün filocoğrafyasını araştırmışlardır. Araştırmacıların sonuçlarına göre 15 *Apodemus* türü dört ana gruba ayrılmıştır: (1) *Sylvaemus* grubu (*A. sylvaticus*, *A. flavicollis*, *A. alpicola*, ve *A. uralensis*), (2) *Apodemus* grup (*A. peninsulae*, *A. chevreri*, *A. agrarius*, *A. speciosus*, *A. draco*, *A. ilex*, *A. semotus*, *A. latronum* ve *A. mystacinus*), (3) *A. argenteus*, (4) *A. gurkha*. Liu vd. (2004) dört ana soy hattının geç Miyosen'de (7.82-12.74 Myö) farklılaştığını ortaya koymuşlardır. Bu farklılaşma zamanı bu tez çalışmasında tahmin edilen farklılaşma zamanına yakın bulundu. Liu vd. (2004) *Sylvaemus* grubu (*A. sylvaticus*, *A. flavicollis*, *A. alpicola* ve *A. uralensis*) içindeki farklılaşma zamanını yaklaşık 2.92-5.21 Myö olarak tahmin etmişlerdir. Bu evrimleşme zamanı bu tez çalışmasında tahmin edilen evrimleşme zamanından daha düşük olduğu görüldü.

Çolak vd. (2007) Türkiye'den 48 lokaliteden *A. sylvaticus*, *A. flavicollis*, *A. mystacinus*, *A. agrarius*, *A. iconicus* (*A. witherbyi*) ve *A. uralensis* olmak üzere altı türe ait 253 örnek üzerinde yapmış oldukları allozim analizleri sonucunda bu tez çalışmasındaki sonuçlara benzer şekilde *A. flavicollis*, *A. iconicus* (*A. witherbyi*), *A. uralensis* ve *A. sylvaticus*'un birbirlerine yakın olduğunu belirterek bu dört türü *Sylvaemus* alt cinsine dahil etmişlerdir. Ayrıca araştırmacılar benzer şekilde *A. mystacinus* ve *A. agrarius*'un aynı soy hattı içinde yerleştiklerini tespit etmişlerdir.

Darvish vd. (2015) İran, Türkiye ve Afganistan'da yaşayan *Apodemus* cinsine ait türlerin mitokondriyal DNA cytb bölgelerini çalışmışlardır. Araştırmacılar İran'da *A.*

sylvaticus ve *A. flavicollis*'in bulunmadığını belirtmişlerdir. Yapmış oldukları ayrılma zamanı analizleri ile alt cinsler ve alt cinsler içindeki türlerin ayrılma zamanlarını tahmin etmişlerdir. *A. mystacinus* *Karstomys* alt cinsi; *A. witherbyi*, *A. uralensis*, *A. hyrcanicus*. *A. cf. ponticus*, *A. flavicollis* ve *A. sylvaticus* *Sylvaemus* alt cinsi içerisinde değerlendirilmişlerdir. Araştırmacılar *Karstomys* ve *Sylvaemus* alt cinsleri arasındaki ayrılma zamanını 7.2 myö olarak tahmin etmişlerdir. *A. witherbyi* ile diğer türler (*A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. uralensis* arasında 6 myö, *A. sylvaticus* ile *A. flavicollis*-*A. cf. ponticus* arasında 3.8 myö, *A. cf. ponticus* ile *A. flavicollis* arasında ise 2.6 myö olan ayrılma zamanlarının bulunduğunu belirtmişlerdir. Darvish vd. (2015)'nin aksine, bu tez çalışmasında ise *Sylvaemus* altcinsinin cinsin geri kalanından 13.85 Myö gerçekleştiği ortaya kondu. Bu ayrılma zamanı Orta Miyosen İklim Geçiş döneminde karşılık gelmektedir (Frigola vd. 2018). Bu dönemin başında iklim optimum şartların hüküm sürmesine karşılık dönemin sonlarına doğru iklimde görülen soğuma ve kuraklaşmaya bağlı olarak ormanlık alanlar parçalanmış ve *Apodemus* cinsinde olduğu gibi glirid (Montgelard vd. 2003) ve dipoditlerde (Zhang vd. 2012) cins seviyesinde derin parçalanmaların olduğu ortaya konmuştur. Darvish vd. (2015)'nin tespit etmiş oldukları ayrılma zamanı 7.2 myö olup bu tez çalışmasından farklı olarak geç Miyosen'e karşılık gelmektedir. Aksine bu tez çalışmasında türleşme olaylarının geç Miyosen'de (8.46 Myö) başlayıp ve geç Pliyosen'e (2.14 Myö) kadar devam ettiği görüldü.

Apodemus cinsinin evrimsel sürecine ışık tutabilecek çok sayıda fosil kaydı mevcuttur. Bu fosil kayıtlarından en eskileri *Parapodemus* olarak tanımlanmış ve bu fosillerin en eskileri Türkiye'den (Çorum-Sungurlu-Tuğlu-) 9.5-9 Myö, İspanya'da 9.5-9 Myö, Avusturya'da 9.5-9Myö, Yunanistan'da 9.5-8.2 Myö ve Afganistan'da ise 9.5-9 Myö'sinde kaydedilmiştir. *Parapodemus*'un en eski fosil kaydı 11.2-9 Myö Çek Cumhuriyeti ve Macaristan'dan kaydedilmiştir. Türkiye'deki (Ankara-Kazan-Sinap) en eski fosil kaydı ise *Sinapodemus* olarak 9.77-9.73 Myö'sine kadar geriye gitmektedir. *Apodemus* cinsine ait en eski fosil kayıtları ise Ayseki'den (Çankırı-Yapraklı) 8.2-5.3 Myö kaydedilmiştir. Bunun dışında Slovakya'dan 11.2-9.5 Myö, Rusya'da 9.5-5.3 Myö ve İspanya'da 7.1-5.3 Myö kaydedilmiştir. Bu fosil kayıtlarından da anlaşılacağı gibi *Apodemus* cinsine ait en eski fosilin Avrupa kökenli olduğu ve Avrupa'dan Anadolu'ya

Apodemus yayılmasının olabileceği söylenebilir. *Apodemus*'un fosil kayıtları dikkate alınarak geçmişte yayılış gösterdiği coğrafyalarda jeolojik ve iklimsel olayların etkisiyle yeni türlere farklılaşmış olabilir (<http://www.helsinki.fi/science/now/> 2018).

Çanakkale ve İstanbul Boğazı, Marmara Denizi (Michaux vd. 2002, 2004, 2005; Kankılıç vd. 2018), Sabanca-Sakarya-Karadeniz Su Yolu (Elmas 2003), Melet Irmağı (Helvacı vd. 2012) ve Çoruh Nehri Kanyonu (Sağlam vd. 2014; Kankılıç vd. 2018) gibi coğrafik bariyerlerin Kuzey Anadolu bölgesinde yayılış gösteren populasyonların geçmişteki yayılışı ve evrimi üzerinde muhtemel etkilerinin olduğu çeşitli çalışmalarla ortaya konmuştur. Bu coğrafik bariyerlerden en önemlisi ve Geç Miyosen'den beri zaman zaman açılıp kapanan su yollarıdır. Hem Anadolu hem de Trakya'da yayılış gösteren *Apodemus* cinsine ait türlerinin filoğrafyaları üzerinde nasıl etkili olduğu tartışılabilir.

Apodemus cinsine ait türlerden *A. flavicollis*'in Trakya soy hattı Anadolu soy hattından 4.3 Myö ayrıldığı tahmin edildi. Bu ayrılma zamanı Erken Orta Pliyosen'e karşılık gelmektedir. Bu dönemde soğuk ve kurak koşullar hüküm sürmüştür. *A. flavicollis*'in Trakya'dan Anadolu'ya, Anadolu'dan Trakya'ya yayılması önündeki en önemli coğrafik engeller Çanakkale Boğazı, İstanbul Boğazı ve Marmara Denizi gibi Akdeniz'i Karadeniz'e bağlayan su yollarıdır. Bu su yolları Messinien Tuzluluk Krizi (MSC=Messinian Salinity Crisis = Akdeniz Tuzluluk Krizi), pliyosen soğuk ve kurak iklimleri, pleyistosen buzul dönemleri süresince açılıp kapanmış ve böylece iki kara parçası arasında kara köprüleri oluşmuştur (Çağatay vd. 2003, 2006, Gökaşan vd. 1997). Bu su yollarının bazı türlerin filoğrafik örgüleri üzerindeki belirgin etkileri bazı çalışmalarda ortaya konmuştur: Santucci vd. (1998) *Erinaceus europaeus* ve *E. concolor*; Michaux vd. (2004) *Apodemus sylvaticus*; Michaux vd. (2005) *Apodemus mystacinus*; Lymberakis vd. (2007) *Pelophylax*; Wielstra vd. (2010) *Triturus karelini*; Mouton vd. (2012, 2017) *Muscardinus avellanarius*; Zinenko vd. (2015) *Vipera*; Tamar vd. (2014) *A. schreiberi*; Skourtanioti vd. (2016) *Ablepharus kitaibelii*; Yiğit vd. (2017) *Microtus*; Kankılıç vd. (2018) *Dryomus nitedula* için ortaya koymuşlardır. Bu çalışmalar genellikle Messinien tuzluluk krizi ve Pleyistosen buzulları süresince bu su yollarının etkisini vurgulamaktadır. Santucci vd. (1998) *E. europaeus* ile *E. concolor*

arasındaki ayrılma zamanını 5.8 Myö Geç Miyosen-Erken Pliyosen olarak tahmin etmişlerdir. Michaux vd. (2004), mtDNA sitokrom b gen bölgesi analizine dayanarak *A. flavicollis*'in Trakya ve Anadolu popülasyonlarının ayrılma zamanını Tersiyer-Kuvaterner (2.2-2.4 Myö) olarak tespit etmişlerdir. Araştırmacılara göre bu dönem bir iklimsel geçiş dönemidir. Avrupa'da hem iklim hem de vejetasyon hızlı bir şekilde değişmiş ve Kuzey Avrupa'nın birçok bölgesinde step ve orman-step alanlar oluşmuştur. İki mtDNA gen bölgesi (cytb ve D-loop) ve bir de nükleer gen bölgesine (IRBP) dayanarak, Michaux vd. (2005) *A. mystacinus* içinde türleşme olaylarının 4.2-5.1 Myö süresince gerçekleştiğini ve bu türleşme olayının sonucunda Anadolu'da *A. mystacinus* ve Balkanlar'da *A. epimelas*'in oluştuğuna işaret etmişlerdir. Bu tez çalışmasında olduğu gibi araştırmacılar ya geç Pliyosen ya da Erken Pleyistosen iklim değişikliklerinin iki türün izolasyonuna yol açtığını ileri sürmüşlerdir. Benzer şekilde Kankılıç vd. (2018) *D. nitedula*'nın Trakya ve Anadolu soy hatları arasındaki ayrılma zamanını 5.88 Myö olarak tahmin etmişlerdir. Araştırmacılar bu ayrılma zamanı için iki ana olaya dikkatleri çekmişlerdir; birincisi su yollarındaki erozyonla bağlantılı olarak jeomorfolojik oluşumlardır (11.62-5.33), diğeri de 5.66 Myö bölgede meydana gelen tektonik yükselmelerdir. Bu tez çalışmasında *A. flavicollis*'in Trakya ve Anadolu soy hatları arasındaki 4.3 Myö ayrılma zamanı, *E. concolor-E. europaeus* (Hewitt, 1999) (6 Myö) ve *A. flavicollis* (2.2-2.4 My) (Michaux vd. 2004) farklı bulundu. Hewitt (1999) iki tür arasındaki ilk ayrılmayı (6 Myö) Pliyosen buzullaşmasına bağlamıştır. Bu tez çalışmasında *A. flavicollis*'in Trakya ve Anadolu soy hatları arasındaki ayrılmanın Messinien tuzluluk krizinden sonra gerçekleşmiş olduğu ortaya kondu. *A. flavicollis*'in Trakya ve Anadolu soy hatları arasında bugün fiziki bariyer olarak Çanakkale ve İstanbul boğazları ile Marmara Deniz'i vardır. Marmara Deniz'i Orta Miyosen'den (15-13.5 Myö) beri Paratetis ile Akdeniz arasında bir su yolu olduğu düşünülmektedir (Çağatay vd. 2006). Araştırmacılara göre Paratetis ile Akdeniz arasında Geç Pliyosen'e (3.6-2.6 Myö) kadar yeniden bağlantı kurulmamıştır (Çağatay vd. 2006). Marmara Denizi üzerinden yeniden bağlantıyı hem Kuzey Anadolu Fayı'ndaki (KAF) artan aktivite hem de küresel deniz seviyesindeki artışa bağlamışlardır. Buradaki önemli soru şudur: *A. flavicollis* Trakya'dan Anadolu'ya mı, Anadolu'dan Trakya'ya mı yayıldı? Yayılma yolları ve yönleri hakkında çeşitli araştırmacılar araştırmalar yapılmıştır. Dubey vd. (2006) *Crocidura suaveolens* grubu için karasal bağlantılarla Messinien tuzluluk

krizi, Pliyosen ve Pleyistosen süresince Anadolu'dan Balkanlar'a, Balkanlar'dan da Anadolu'ya yayılmanın gerçekleşmiş olduğunu ortaya koymuşlardır. Araştırmacılar Pleyistosen buzuları sırasında deniz seviyesinin düşük olduğu dönemlerde Türkiye'nin batısında bu türde bir yayılmanın olduğunu belirtmişlerdir. Dubey vd. (2007) Pleyistosen'de *C. leucodon* için Avrupa ile Orta Doğu arasında iki yönlü bir yayılmanın olduğunu tespit etmişlerdir. Bu tez çalışmasında Pleyistosen süresince *A. flavicollis*'te söz konusu alanlarda bir yayılmanın olabileceği gözlemlendi. Gündüz vd. (2007) Güneydoğu Avrupa'daki *Spermophilus citellus* ile Anadolu'daki *Spermophilus taurensis* için yayılmanın 7000 yıla kadar sürdüğünü ileri sürmüşlerdir. Çıplak, (2008) Anadolu Çaprazı, Toroslar ve Ege yüksek alanlarını içine alan yüksek dağ zincirini Kafkaslar ile Balkanlar arasında yayılış koridoru olduğunu tespit etmiştir. Wielstra vd. (2010) *Triturus karelini* grubu için Messinien tuzluluk krizi ile bağlantılı olarak deniz seviyesindeki dramatik düşüş sırasında karasal köprü sayesinde Anadolu ile Balkanlar arasında yayılışların olduğunu göstermişlerdir. Çıplak (2010) *Eupholidoptera* için Avrupa'ya iki yayılış yolu önermiştir. Araştırmacı 11-9 Myö, Ege plakasının Anadolu ve Yunanistan'a bölünmesinden sonra Messinien tuzluluk krizinde (7-5.5Myö), Pliyosen'de (4.5 Myö) Ege alanında deniz seviyesinin düşmesine ve Pleyistosen'de deniz seviyesindeki dalgalanmalara bağlı olarak iki kara arasında karasal köprü yeniden kurulduğunu tespit etmişlerdir. Stamatis vd. (2009) *Lepus europaeus* için geç Pleyistosen İstanbul Boğazı kara köprüsü sayesinde Anadolu'dan Avrupa'ya gen akışının olduğunu ortaya koymuşlardır. Çolak vd. (2016) *Myodes glareolus* için Pleyistosen buzul dönemleri süresince kara köprüsüyle Balkanlar ile Anadolu arasında yayılmanın olduğunu, Özdemir vd. (2014) Balkan (*B. viridis*) ile Anadolu (*B. variabilis*) bireyleri arasındaki farklılığı vurgulayarak bu farklılığın sebebinin Geç Pliyosen'de Ege'nin oluşmasıyla bağlantılı olabileceğini belirtmişlerdir. Skourtanioti vd. (2016) *A. kitaibelii*'nin Anadolu'dan Balkanları muhtemelen Orta-Ege Çukuru'nun oluşmasından sonra istila ettiğini belirterek iki yayılma yolu teklif etmişlerdir. Birincisi Anadolu'dan Kuzey Yunanistan'a, ikincisi ise Anadolu'dan Kuzey Ege Adaları'na doğru olduğunu ortaya koymuşlardır. Kaya ve Çıplak (2017) Messinien tuzluluk krizi süresince Anadolu ile Balkanlar arasındaki kara köprüsünün Pleyistosen'in başlarında Paratetis ile Akdeniz arasındaki ilişkiyi kuran Sabanca-Sakarya-Karasu su yolunun kurulmasıyla sona erdiğini ortaya koymuşlardır. Zinenko vd. (2015) Paratetis'in geri çekilme olaylarından

biri süresince kurulan kara köprüsü sayesinde *Vipera ursinii*'nin atalarının Anadolu'dan Balkanlar'a girdiğini belirtmişlerdir. *A. flavicollis*'in 4.3 Myö Trakya ile Anadolu popülasyonları arasındaki gen akışının kesildiği iki kara arasındaki yayılmanın bu tarihten önce kurulmuş olan kara köprüleri sayesinde gerçekleşmiş olabileceği ve en uygun senaryonun da Messinien tuzluluk krizi süresince Paratetis'te yaşanan geri çekilmeler sayesinde kurulan kara köprüleri aracılığıyla ya da Pliyosen buzulları sırasında kurulan kara köprüleri ile yayılmanın olabileceği söylenebilir. *A. flavicollis*'in en eski fosil kaydı 3.5-0.36 Myö olarak İspanya'dan verilmiştir. Bunun dışında Fransa ve Polonya'dan 1.95 -0.1 Myö, Türkiye'de (Emirkaya, Seydişehir) aynı şekilde 1.95-0.01 Myö olarak kayıt verilmiştir (<http://www.helsinki.fi/science/now/> 2018). Bu fosil kayıtları en eski fosilin Avrupa'dan kaydedilmiş olması nedeniyle *A. flavicollis*'in Avrupa kökenli olabileceği söylenebilir.

Apodemus cinsi türlerinden *A. sylvaticus*'un hem Anadolu hem de Trakya'daki popülasyonlarına ait bireylerin mtDNA cytb gen bölgesi analiz edildi. Bayesian çıkarılması analizine göre *A. sylvaticus*'un Trakya ve Anadolu soy hatları arasındaki ayrılma zamanı 7.1 Myö olarak tahmin edildi. Bu ayrılma zamanı Geç Miyosen'e Messinien tuzluluk krizinin (5.99-5.33) başlangıcına denk gelmektedir. *A. sylvaticus*'un Anadolu'daki fosil kaydı Hamamayağı'dan (Samsun-Havza) 5.3-0.01 Myö'sine kadar geriye gitmektedir. Buna karşın Avrupa'daki en eski fosil kaydı 2.67-1.95 Myö yaşındaki katmanlardan elde edilmiştir. Anadolu dışındaki Asya'daki en eski fosil kaydı ise 2.6-1.95 Myö Çin'den kaydedilmiştir (<http://www.helsinki.fi/science/now/> 2018). Bu fosil bulgularına dayanarak *A. sylvaticus*'un türleşme olaylarının Anadolu'da başlamış olabileceği söylenebilir. Akdeniz Havzasının jeolojik evrimi *A. sylvaticus*'un bölgede atasal gen stoğundan ayrılmasına neden olmuş olabilir. Hem Messinien tuzluluk krizi hem de Anadolu'da görülen yüzey yükselmeleri Anadolu'nun iklimini ve vejetasyon yapısını etkilemiştir (Kayseri-Özer 2017). Michaux vd. (2004) Çaycuma (Türkiye) ve Avrupa örnekleri için yapmış oldukları mtDNA cytb analizinde Türkiye'nin batısı, Balkanlar ve İtalya popülasyonlarının birlikte ayrı bir soy hattında gruplandığını kaydetmişlerdir. Ayrıca Kuzey Afrika'da yayılış gösteren *A. sylvaticus*'un Güneybatı Avrupa orjinine sahip olabileceğini ortaya koymuşlardır. Araştırmacılar Kuzey Afrika'ya muhtemel yayılma yolunu ise Cebelitarık Boğazı üzerinden olduğunu

belirtmişlerdir. Araştırmacılar Kuzey Afrika popülasyonu ile Avrupa popülasyonu arasındaki ayrılma zamanını 0.4 Myö (Orta Pleyistosen) olarak tahmin etmişlerdir. Michaux vd. (2004) kurucu bir popülasyonun İber Yarımadası'ndan Kuzey Afrika'ya yayıldığını ileri sürmüşlerdir. Araştırmacılar Türkiye'nin batısında yaşayan popülasyonun Balkanlar'a çok benzediğini Balkanlar ile Türkiye'nin batısı arasındaki son temasın muhtemelen Marmara Denizi'nin kuru kara ile yer değiştirdiği son buzul çağlarından biri süresince gerçekleşmiş olabileceğini önermişlerdir. Michaux vd. (2004)'nin bulgularını destekler nitelikte, *A. sylvaticus*'un Trakya popülasyonundan 7.1 Myö ayrılmış olması ve en eski fosilin Anadolu'dan kaydedilmesi *A. sylvaticus* için Anadolu'dan Avrupa'ya yayılma senaryosunu desteklemektedir. GenBank'tan kullanılan mtDNA dizileriyle beraber yapılan analiz sonucunda Michaux vd. (2004) tarafından ortaya konan filogenetik ilişkilerin ortaya çıktığı görüldü. Tüm Batı Anadolu örnekleri Gökçeada popülasyonu ile beraber Trakya ve Avrupa popülasyonlarıyla beraber kümelendi. Zonguldak örneğinin farklı bir soy hattı olarak ayrılan Kurupelit (Samsun) örnekleriyle *A. sylvaticus* içindeki soy hatları arasında yerleştiği görüldü. Bu bulgu Helvacı vd. (2012) tarafından yapılan çalışmada elde edilen sonuçlara benzer bulundu. Helvacı vd. (2012) geometrik morfometri metodu kullanarak analiz ettikleri *Glis glis*'in Zonguldak örneklerinin Trakya ile Karadeniz'in geri kalanı arasında bir yerde yer aldıklarını ortaya koymuşlardır. *A. sylvaticus* içinde genetik darboğaz olayının muhtemel varlığını Samsun (Kurupelit) soy hattının farklılaşma biçimi gösterebilir. Kurupelit soy hattının türün geri kalanından 7.1 Myö ayrıldığı tahmin edildi. Bu farklılaşmanın geçmişte yaşanan jeolojik, tektonik ve iklimsel olaylarla ilişkisi kurulamadı. Karadeniz Bölgesi'ndeki tür içi farklılaşmaların Pleyistosen dönemiyle sınırlı olduğu yapılan çalışmalarla ortaya konmuştur (Sağlam vd. 2014, Karacan vd. 2013, Riemsdijk vd. 2017, Kankılıç vd. 2018). Daha geniş alanlardan, daha fazla örnek analiz ederek Kurupelit soy hattının tür seviyesindeki taksonomik statüsü çalışılabilir.

A. mystacinus üzerinde Karacan vd. (2015) tarafından yapılan mtDNA cytb PCR-RFLP analizi sonucunda bu çalışmada olduğu gibi Batı Karadeniz popülasyonunun Orta ve Doğu Karadeniz popülasyonlarından ayrıldığını ve daha önce tanımlanmış olan *A. m. euxinus* alttürünün Orta ve Doğu Karadeniz bölgesinde yayılış gösterdiğini ortaya koymuşlardır. Bu tez çalışmasında yapılan bayesian çıkarsaması analizleri sonucunda

Batı ve Orta-Doğu Karadeniz soy hatları arasındaki farklılaşmanın Pleyistosen iklimsel dalgalanmalarının gerçekleşmiş olduğu döneme karşılık gelen 1.43 Myö farklılaştıkları ortaya konmuştur. Benzer şekilde Riemsdijk vd. (2017) iki mitokondriyal ve iki de çekirdek gen bölgelerini analiz ederek bir semender türü olan *Ommatotriton ophryticus*'un Orta ve Doğu Karadeniz bölgesindeki popülasyonlarının 2.4 Myö-günümüze kadar devam eden ve Kuvaterner iklim dalgalanmalarıyla uyumlu bir farklılaşmanın olduğunu ortaya koymuşlardır. Sağlam vd. (2014) mtDNA cyt-b, ND1 ve ND2 gen bölgelerini analiz ederek Doğu Karadeniz Bölgesi'nde Artvin ve Rize dağlarında yaşayan iki çekirge türü olan *Phochorion uvarovi* ve *P. artvinensis* arasındaki ayrılmanın 14.8-119.7 bin yıl arasında, Çolak vd. (2016) mtDNA cytb ve mtDNA kontrol bölgesi analizlerine dayanarak kızıl sırtlı orman faresi *Myodes glareolus*'un Batı Karadeniz ve Doğu Karadeniz soy hatları arasında 0.36 milyon yıllık bir farklılaşma zamanı belirlemişlerdir. Bu tez çalışmasında *A. mystacinus*'un 1.43 Myö biri Batı Karadeniz, bir diğeri de Orta ve Doğu Karadeniz'de olmak üzere iki farklı soy hattına farklılaştığı görüldü. Bu sonuç her iki bölgenin herhangi bir yerinde *A. mystacinus* için iki farklı buzul sığınağının olabileceğini göstermektedir. *A. mystacinus* üzerinde en geniş filocoğrafik çalışma Michaux vd. (2005) tarafından yapılmıştır. Araştırmacılar mtDNA cytb, mtDNA D-loop ve nükleer DNA (IRBP) gen bölgeleri dizilerine dayanarak 15 lokaliteden 21 örneği *A. mystacinus*'un biyocoğrafik özelliklerini ortaya koymak için analiz etmişlerdir. Araştırmacılar Türkiye'den (Antalya (n=1), Sarfanbolu (n=1), Damar (n=2)) dört örnek analiz etmişlerdir. Araştırmacılar *A. mystacinus*'un Orta Pliyosen'de bütün Avrupa'daki yayılışına atıf yaparak (Martín Suárez ve Mein 1998, Michaux vd. 2005) bu dönemde (4.2-5.1 Myö) Messinien tuzluluk krizi ile bağlantılı olarak iklim değişiklikleri nedeniyle iki soy hattının (Balkan sığınağı ve Türkiye-İsrail sığınağı) farklılaştığını belirtmişlerdir. Ayrıca araştırmacılar biri Antalya diğeri de Karadeniz olmak üzere Türkiye'de iki farklı soy hattının yaşadığını ortaya koymuşlardır. Türkiye'deki bu iki soy hattı arasındaki ayrılma zamanını 1-0.9 Myö olarak tespit etmişlerdir. Araştırmacılar bu ayrılma zamanı süresince Kuvaterner iklim dalgalanmaları etkisiyle *A. mystacinus* için Türkiye'de iki farklı buzul sığınağının varlığını ortaya koymuşlar. *A. mystacinus*'un Türkiye'deki yayılışı bu periyot süresince derin bir şekilde etkilenmiştir (Michaux vd. 2005). Karacan (2013) mtDNA cytb ve mtDNA D-loop gen bölgelerini kullanarak *A. mystacinus*'un Türkiye'de üç soy hattının

bulduğunu ortaya koymuşlardır. MtDNA cytb gen bölgesi dizilerine dayanarak yapmış olduğu bayesian çıkarsaması analizinde üç soy hattı arasındaki farklılaşmanın 0.882-0.723 Myö iki aşamalı farklılaştığını ortaya koymuştur. Bu çalışmada olduğu gibi bu da Pleyistosen iklim dalgalanmalarının *A. mystacinus*'un Anadolu'daki farklılaşması üzerindeki etkisini göstermiştir. *A. mystacinus*'un Anadolu'daki kökeni hakkında fosil kayıtları önemli veriler ortaya koymaktadır. *A. mystacinus*'un fosil kayıtlarının en eskisi Avrupa'da Slovakya'da 4.2-3.4 Myö, İspanya ve Yunanistan'da 3.4-2.6 Myö ve Türkiye'de ise Anadolu'da Emirkaya'dan (Seydişehir) 1.95-0.01 Myö, Kemalpaşamahallesi 1 (Aydın-Söke) ve Trakya'dan (Yarımburgaz Mağarası) 1.4-0.9 Myö olarak kaydedilmiştir (<http://www.helsinki.fi/science/now/> 2018). Bu bilgiler *A. mystacinus*'un Avrupa kökenli olabileceğini desteklemektedir. Bu türün Anadolu'daki yayılışı ve evrimi üzerinde Pleyistosen iklim dalgalanmalarının derin etkisinin olduğu ortaya kondu. Bu etki sonucunda *A. mystacinus* Karadeniz Bölgesi'nde iki farklı soy hattına ayrıldığı söylenebilir.

Apodemus cinsi türlerinden *A. uralensis* Posof'tan (Ardahan) Uludağ'a (Bursa) kadar uzanan bir hat üzerinde Kuzey Anadolu Bölgesi'nde yayılış gösteren örnekleri analiz edildi. *A. uralensis*'in bütün yayılış alanında (Avrupa-Asya) Geç Pliyosen (2.14 Myö) ve Erken-Geç Pleistosen dönemlerine karşılık gelen iki derin farklılaşmanın olduğu görüldü. Paylaşılan haplotiplerin varlığı Kuzey Anadolu Bölgesi'nde yakın geçmiş genişlemesinin olduğunu ortaya koydu. *A. uralensis*'in yayılışı ve farklılaşması üzerinde Pleistosen iklim dalgalanmalarının etkili olduğu söylenebilir. *A. uralensis* fosillerinin kayıtları Gürcistan (Güney Osetya, Transkafkasya), Rusya (Soçi yakınları, Kafkasya) ve Azerbaycan'dan (Bakü) 1.95-0.01 Myö verilmiştir (<http://www.helsinki.fi/science/now/> 2018). Bunun dışında Bogicevic vd. (2017) Batı Sırbistan'dan Geç Pleistosen dönemine ait *A. cf. uralensis* fosilleri bulmuşlardır. Türkiye'de ise türün fosil kayıtlarına rastlanmamıştır. Bu fosil kayıtlarına dayanarak *A. uralensis* Pleistosen iklim dalgalanmaları sırasında Kafkaslar'dan Anadolu'ya giriş yapmış olabileceği söylenebilir. *A. uralensis* Karagöl'den (Borçka) Uludağ'a kadar çok geniş bir yayılışa sahiptir. Bu yayılış alanında *G. glis* için coğrafik bariyer olan Melet Irmağı (Helvacı vd. 2012) ve *Phochorion* (Sağlam vd. 2014) ve *D. nitedula* (Kankılıç vd. 2018) için bariyer olan Çoruh Nehri Havzası *A. uralensis*'in popülasyonları arasında ayırıcı etkiye sahip

olmadığı görüldü.

Apodemus witherbyi Türkiye’de Trakya ve Anadolu’da yayılış göstermektedir. Bu tez çalışmasında Trakya ve Bozcaada örneklerinin birlikte kümelenildiği görüldü. Trakya-Bozcaada ve Anadolu soy hatları arasındaki ayrılma zamanı 0.67 Myö olarak tahmin edildi. Trakya ile Bozcaada soy hatları arasındaki ayrılma zamanı ise 0.53 Myö olarak tespit edilmiştir. Bu farklılaşma zamanı Pleyistosen iklim dalgalanmalarının hüküm sürdüğü döneme karşılık geldiği görüldü. Anadolu’dan (Sinekçi) bir örnek Trakya-Bozcaada soy hattı içinde yer almıştır. Pleyistosen döneminde deniz seviyesindeki düşüşler nedeniyle Bozcaada ile hem Anadolu hem de Trakya arasında kurulan kara köprüleri sayesinde gen akışı devam etmiş olabilir. Buna benzer bulgular *G. glis* için Helvacı vd. (2012) ve *M. glareolus* için de Çolak vd. (2016) tarafından elde edilmiştir. Anadolu içindeki haplotip dağılımı tür içinde Anadolu’da yakın geçmiş genişlemesini işaret etmiştir. Ayrıca Anadolu örneklerinin farklı bir soy hattı olarak farklılaşması tür için Anadolu’da muhtemel bir buzul sığınağının varlığını destekleyebilir. Çayırlar, dağ ve plato stepleri ve yükseklerdeki yarı çölleri seven *A. witherbyi* (Wilson vd. 2017) bu alanların genişlemesine bağlı olarak Pleyistosen döneminde yayılış alanını genişletmiş olabilir.

5.2.1 Marmara Adası, Gökçeada ve Bozcaada’nın Filocoğrafik Etkisi

Bu tez çalışmasında yapılan arazi çalışmasında her üç adada da *Apodemus*’un yayılış gösterdiği tespit edildi. *A. sylvaticus* hem Gökçeada’da hem de Marmara Adası’nda ve *A. witherbyi*’nin ise sadece Bozcaada’da yayılış gösterdiği saptandı.

Marmara Denizi’nde yer alan Marmara Adası, Kapıdağ Yarımadası’na 6 mil uzaklıktadır. Adanın yüz ölçümü 117. 17 km² dir. *A. sylvaticus*’un Marmara Adası’daki popülasyonunun Trakya ile bir soy hattı oluşturduğu ve bu soy hattının da Avrupa soy hattı ile kümelenildiği görüldü. Trakya-Marmara Adası soy hattının türün geri kalanından 3.01 Myö ayrıldığı ortaya kondu. Bu ayrılma zamanı Orta Pliyosen’e karşılık gelmektedir. Orta Pliyosen iklimsel geçişin olduğu bir dönemdir. Messinien tuzluluk krizi (5.96-5.33 Myö) ve Pleyistosen iklimsel dalgalanmaları süresince (1.81-0.010

myö) deniz seviyesindeki düşüşle beraber Trakya, Marmara Adası ve Anadolu arasında kara köprülerinin oluşmasına bağlı olarak *A. sylvaticus* bu üç kara arasında yayılmış olabilir. Benzer şekilde Ünverdi (2016) mtDNA cytb gen bölgesi analizine dayanarak *Mus* cinsi üzerinde yapmış olduğu çalışmada Marmara Adası'nda evlerde yaşayan *M. domesticus*'un yayılış gösterdiğini ortaya koymuştur. Araştırmacı hem Trakya hem de Anadolu populasyonları arasında paylaşılan haplotiplerin olduğunu, populasyon içi genetik çeşitliliği dikkate alarak ayrılma zamanı olarak Pleyistosen buzul dönemlerinin etkisine dikkat çekmiştir. Bu çalışmada elde edilen sonuçlar Ünverdi (2016) ile uyumdur. Ayrıca Ünverdi (2016)'da olduğu gibi bir haplotipin Tunus haplotiplerine yakın olduğunu görüldü.

Paratetis'in evrimi Marmara Denizi havzasını etkilemiştir. Marmara Adası'nın içinde yer aldığı Marmara Denizi'nin oluşumuyla ilgili çalışma Görür vd. (1997) tarafından yapılmıştır. Görür vd. (1997) yapmış oldukları çalışmada Marmara Denizi'nin Kuzey Batı Anadolu graben (faylarla sınırlanmış alçakta kalan yer kabuğu kütlesi) sisteminin su altında kalan bir parçası olduğunu ortaya koymuşlardır. Araştırmacılar Marmara Denizi'nin Kuzey Anadolu Fayı'nın geç Serravaliyen (11-11.6 Myö) döneminde harekete geçmesiyle beraber oluşmaya başladığını tespit etmişlerdir. McHugh vd. (2008)'e göre Marmara Denizi'nin jeolojik evrimi Neojen'de (23 Myö-0) başlamış Pliyosen-Pleyistosen'e kadar uzanan bir süre içinde gerçekleşmiştir. Marmara havzası bu dönemden beri zaman zaman Akdeniz, zaman zaman da Paratetis tarafından işgal edilmiş ve son buzul döneminde (Vürm) izole bir göl haline gelmiştir (Görür vd. 1997, Çağatay vd. 2006, McHugh vd. 2008).

Görür vd. (1997)'ne göre Marmara Denizi 7.500 yıl önce bugünkü halini almıştır. Yaltırak vd. (2002) Marmara Denizi'nin evrimi üzerinde yapmış oldukları çalışmada buzul dönemleri ve buzul arası dönemlere bağlı olarak geç Pleistosen süresince Marmara Denizi'nde zaman zaman deniz seviyesinde dalgalanmalar olduğunu belirtmişlerdir. Araştırmacılar 0.32, 0.2, 0.12 Myö Çanakkale Boğazı'nın bugüne göre daha geniş olduğunu bu dönemlerde bir tanesi Eceabat, bir diğeri de Bolayır olmak üzere Ege ile Marmara arasında su bağlantısı sağlayan dar iki boğazın (500-900 m genişliğinde) olduğunu ortaya koymuşlardır. Görür vd. (1997) ve Yaltırak vd. (2002)'de

olduğu gibi 20 bin yıl önce (LGM) Marmara Denizi'nin Ege Denizi'nden tamamen izole olduğunu ve bir iç göl haline geldiğini belirtmişlerdir. Bu iç göl oluşumu sırasında 20 bin yıl önce Marmara Adası hem Anadolu hem de Trakya ile kara bağlantısı kurmuştur (Yaltırak vd. 2002). Benzer şekilde Aksu vd. (2002) tarafından yapılan çalışma ile Marmara Denizi deniz seviyesi 70 m düştüğü vakit Marmara Adası'nın hem Trakya hem de Anadolu ile kara bağlantısı kurabileceği ortaya konmuştur. Marmara Denizi'nin jeolojik evrimi de göz önüne alınarak burada cevaplanması gereken soru *A. sylvaticus*'un Marmara Adası'na Trakya'dan mı yoksa Anadolu'dan mı yayılmıştır? İnsan kaynaklı bir yayılma olabilir mi? *A. sylvaticus*'un Avrupa'ya göre en eski fosillerinin Anadolu'dan olması *A. sylvaticus* için Anadolu kökenini işaret etmektedir. Marmara Denizi'nin jeolojik olarak Kuzey Batı Anadolu'nun grabeni olması Anadolu kökenini desteklemektedir. Buna karşın haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiler Marmara ve Batı Karadeniz bölgesindeki haplotipler arasında (Trakya, Marmara Adası ve Zonguldak) bir afinitenin (bağlanmanın) olduğunu göstermektedir. Marmara Bölgesi'nde *A. sylvaticus*'da genetik olarak sığ bir farklılaşmanın olması Pleyistosen dönemindeki iklim dalgalanmaları sırasında gen akışının varlığını ortaya koymaktadır. Messinien tuzluluk krizinden sonra Cebelitarık Boğazı'nın açılmasını takiben Pliyosen'in Zankleyan (5.33-3.5 Myö) döneminde Akdeniz suyu Karadeniz'e akarak Trakya-Anadolu ilişkisi kesilmiştir (Clauzon vd. 2005). Bu sayede Marmara Denizi'nde deniz seviyesinin yükselmesiyle adanın Trakya ve Anadolu ile Messinien tuzluluk krizi süresince olan kara bağlantısı kesilmiş olabilir. Zankleyan döneminden önce Marmara Adası'nda *A. sylvaticus*'un varlığı hakkında karar vermek için daha fazla veriye gerek vardır. Marmara Adası'nda *A. sylvaticus*'a ait fosil kaydının olmaması *A. sylvaticus*'un Marmara Adası'ndaki kökeni hakkında karar vermeyi zorlaştırmaktadır. Ancak bu çalışmada elde edilen sonuçlar *A. sylvaticus*'un Marmara Adası'na yakın geçmişte yayıldığını göstermektedir. *A. sylvaticus*'un kesintili yayılış göstermesi kalıntı populasyonlarda genetik sürüklenmeye yol açabilmesi olasılığı nedeniyle *A. sylvaticus*'un hem ada hem de ana kara filogenisi ve filocoğrafyası hakkında kesin sonuca varmayı engellemektedir. Ünverdi (2016) Marmara Adası'ndaki insan yerleşiminin günümüzden 3200 yıl önce olabileceğini belirterek *M. domesticus*'un adaya insanlardan önce geldiğini kaydetmiştir. Bu çalışmada elde edilen sonuçlar Ünverdi (2016)'de olduğu gibi *A. sylvaticus*'un adaya insan kaynaklı taşınmadığını ortaya

koymuştur. *A. sylvaticus*'un Marmara Adası'na yakın geçmişte yayıldığını destekleyen çalışma Şeker vd. (2017) tarafından yapılmıştır. Şeker vd. (2017) Marmara Adası'ndan *M. domesticus*, *A. sylvaticus* ve *R. rattus*'u kaydetmişlerdir. Araştırmacılar üç kemirici türünün karyolojik özelliklerini ana kara popülasyonunun özellikleriyle karşılaştırmışlar ve Marmara Adası popülasyonlarıyla ana kara popülasyonları arasında herhangi bir varyasyonun olmadığını tespit etmişlerdir. Bu da *A. sylvaticus*'un Marmara Adası ile anakara popülasyonları arasında uzun süreli bir izolasyonun yaşanmadığını ortaya koymuştur.

Gökçeada, Gelibolu Yarım Adasına 13 km uzaklıkta Ege Denizi içinde yer almaktadır. Yüz ölçümü 285.5 km² dir. Bu çalışmada Gökçeada'da *A. sylvaticus*'un yayılış gösterdiği tespit edildi. Buna karşın Özkan ve Kryštufek (1999) yapmış oldukları çalışmada Gökçeada'da iki *Apodemus* türü; *A. flavicollis* ve *A. sylvaticus*'u kaydetmişlerdir. Araştırmacılar Gökçeada *Apodemus*'larının Trakya'ya benzer olduğunu ortaya koymuşlardır. Bu tez çalışmasında yapılan filogenetik analizler (NJ) iki Gökçeada örneğinin farklı bir soy hattı olarak grubun geri kalanından ayrıldığını ve Trakya soy hattı içinde yer aldığını gösterdi. Gerek Özkan ve Kryštufek (1999) ve gerekse bu çalışmada elde edilen sonuçlar jeolojik çalışmalar tarafından da desteklenmektedir.

Gökçeada'nın Trakya havzasına ait olduğunu ortaya koyan jeolojik çalışmalarda Gökçeada'nın Kuzey Anadolu Fay Zonu'nun (KAF) batı kısmına yakın bir yerde yer aldığı ortaya konmuştur (Koral vd. 2009, Avcıoğlu vd. 2016). Avcıoğlu vd. (2016) analizlerde kullanılan iki örneğin alındığı Uğurlu'nun KAF içinde yer alan aktif bir fay (Uğurlu Fayı) olduğunu belirtmişlerdir. Koral vd. (2009) ise Gökçeada'nın Trakya havzasının güney-batı yönlü genişleyen kısmında yer aldığını tespit etmişlerdir. Koral vd. (2009) Gökçeada için Pleyistosen yükselmesi kanıtlarını işaret etmektedirler. Bu jeolojik çalışmalar Gökçeada'nın jeolojik olarak Trakya ana karasına ait olduğunu göstermektedir. Pleyistosen süresince buzul dönemlerine bağlı olarak deniz seviyesindeki düşüşler nedeniyle anakaraya yakın olan adaların kara köprüleriyle anakaraya bağlandıkları ve bu sayede ada ile anakara arasında yayılmaların olduğu belirtilmektedir. Perissoratis ve Conispoliatis (2003) geç Pleyistosen süresince deniz

seviyesinde yaşanan deęişikliklerin Ege Adaları üzerindeki etkisini ortaya koyarken deniz seviyesindeki düşüşler sırasında Gökçeeda'nın Gelibolu ile kara bağlantısı kurduğunu göstermişlerdir. Araştırmacılar 21.500 yıl önce deniz seviyesinin 120 m düşmesini takiben sahile yakın birçok adanın anakara ile kara bağlantısı kurduklarını belirtmişlerdir. Lykousis (2009) 250-480 bin yılları arasında Gökçeeda ve Bozcaada'nın içinde yer aldığı Kuzey Ege'nin deniz olmadığı ve bu adaların karayla bağlantılı olduğunu ortaya koymuşlardır. Papoulia (2017) Kuzey Ege adalarının pleyistosen süresince zaman zaman kara bağlantılarının kesildiğini ileri sürmüşlerdir. Adanın hayvan çeşitliliği üzerindeki etkisini ortaya koyan bir çalışma da Percin-Paçal vd. (2017) tarafından yapılmıştır. Araştırmacılar Gökçeeda'nın ostracodları üzerinde yapmış oldukları morfolojik çalışmada Gökçeeda'nın diğer bazı Akdeniz adalarının faunalarına yüksek benzerliğe sahip olmadığını bunun olası nedeninin de Gökçeeda'nın diğer adalardan daha küçük olmasına bağlamışlardır. Araştırmacılar buna sebep olarak Gilpin ve Diamond (1976), Lomolino (1990)'a atıf yaparak daha büyük adaların habitat çeşitliğinin daha yüksek olduğunu vurgulamışlardır. Gökçeeda'nın insular bir ada olmadığını açıklayan bir çalışma da Şeker vd. (2017) tarafından yapılmıştır. Araştırmacılar Gökçeeda'dan *M. macedonicus*, *A. sylvaticus* ve *R. rattus*'u kaydetmişlerdir. Şeker vd. (2017) üç kemirici türünün karyolojik özelliklerini ana kara populasyonunun özellikleriyle karşılaştırmışlar ve Gökçeeda populasyonlarıyla ana kara populasyonları arasında herhangi bir varyasyonun olmadığını ortaya koymuşlardır.

Bozcaada, Geyikli'ye (Ezine-Çanakkale) dört deniz mili uzaklıktadır. Çanakkale Boğazı'nın 19 km güneyinde yer alır ve yüz ölçümü 40 km² olup en yüksek yeri deniz seviyesinden 192 m. yüksektir (Gürol vd. 2016). Bu tez çalışmasında Bozcaada'da *Apodemus* cinsine ait *A. witherbyi*'nin yayılış gösterdiği ortaya konmuştur. Arazi çalışmaları sırasında yama şeklinde kalıntı halindeki bir çalılık içinden beş *Apodemus* örneği toplanmıştır. Filogenetik analizler sonucunda Bozcaada'nın farklı bir soy hattı olarak ayrıldığı ve yakın geçmişte Trakya'dan gen akışının olduğu tespit edilmiştir. Anadolu'dan ise Sinekçi'den (Biga, Çanakkale) bir örneğin Bozcaada soy hattı ile gruplandığı görüldü. Bayesian çıkarsaması analizine göre Bozcaada soy hattı 0.53 Myö türün geri kalanından ayrıldığı tahmin edildi. Ünverdi (2016) mtDNA cytb ve mtDNA kontrol bölgesi analizlerine dayanarak Bozcaada'da yaşayan *Mus domesticus*'un hem

Anadolu hem de Trakya'ya yakın olduğunu ortaya koymuştur. Ünverdi (2016) mtDNA cytb gen bölgesine dayanarak yapmış olduğu evrimsel ayrılma zamanı analizinde filocoğrafik açıdan geç pleyistosen döneminde hem ayrılma hem de ana karadan bir yayılmanın olduğunu ortaya koymuştur. Araştırmacı bölgede tür içi farklılaşmaların 0.04-0.035 Myö gerçekleştiğini tahmiş etmiştir. Araştırmacı ayrıca Bozcaada'nın İtalya ve İran'dan birer haplotipi ortak paylaştığını ve adadaki kolonizasyonun insan adaya yerleşmeden önce gerçekleşmiş olduğunu tespit etmiştir. Farklı olarak bu tez çalışmasında ise *A. witherbyi*'nin farklılaşma zamanı ise 0.53 Myö'ye kadar geriye gittiği saptandı. Özkan ve Kryštufek (1999) yapmış oldukları morfolojik ve morfometrik değerlendirmeler sonucunda Bozcaada'da *A. hermonensis*'in (*witherbyi*) yaşadığını ve Bozcaada *Apodemus*'larının Kuzeybatı Anadolu örneklerine benzer olduğunu ortaya koymuşlardır.

Kesgin ve Varol (2003) yapmış oldukları jeolojik çalışmada hem Bozcaada hem de Gökçeada'nın Biga Yarımadası'nda bulunan Sakarya zonunun batısında Ege Denizi çukurluğunun kuzeydoğusunda yer aldığını ortaya koymuşlardır. Bu tez çalışmasında olduğu gibi Çördük vd (2017) iki mtDNA gen bölgesini (ND4 ve 16SrRNA) kullanarak bir semender türü olan *Lissotriton vulgaris* üzerinde yapmış oldukları çalışmada üç popülasyonun (Bozcaada, Gelibolu ve Kuzeydoğu Yunanistan [Trakya]) genetik olarak birbirine benzediğini tespit etmişlerdir. Ayrıca araştırmacılar bu semenderin geç pleyistosen buzul dönemleri sırasında adaya kolonize olmuş olabileceğini ortaya koymuşlardır. Bu tez çalışmasında elde edilen sonuçları destekleyen çalışma Şeker vd. (2017) tarafından yapılmıştır. Şeker vd. (2017) Bozcaada'dan *M. domesticus*, *A. witherbyi* ve *R. rattus*'u kaydetmişlerdir. Araştırmacılar üç kemirici türünün karyolojik özelliklerini ana kara popülasyonunun özellikleriyle karşılaştırmışlar ve Bozcaada popülasyonlarıyla anakara popülasyonları arasında herhangi bir varyasyonun olmadığını ortaya koymuşlardır.

Ege ve Akdeniz adalarında yaşayan hayvan türlerinin filocoğrafyaları üzerinde yapılan çalışmalar bu çalışmada araştırılan adalarla benzer sonuçlar ortaya koymuşlardır. Bugün Ege adalarında yaşayan hayvan popülasyonlarının bu adalara nasıl kolonize olduklarını açıklamak için birçok çalışma yapılmıştır. Yapılan çalışmalarda adalar iki gruba

ayrılmıştır: Ana karayla hiçbir zaman bağlantı kurmayan izole büyük adalar ve ana karaya yakın deniz seviyesi düşüşlerine bağlı olarak ana karayla bağlantı kuran küçük adalar. Adaların bu özelliklerine dayanarak adalara yayılış için iki yol tanımlanmıştır. Bunlardan bir tanesi kara köprüsüyle ulaşılamayan adalara hayvanların deniz yüzeyinde sürüklenerek (rafting) ve insanlar tarafından olmak üzere iki yayılma yolu tanımlanmıştır (Dubey vd. 2007, Dufresnes vd. 2018).

Hayvanların ada filocoğrafyaları üzerinde yapılan çalışmalar omurgalı hayvanlar üzerinde yoğunlaşmıştır. Michaux vd. (2005) Ege adalarından bir tanesi olan Girit Adası'nda yaşayan *A. mystacinus*'un deniz seviyesinin düşük olduğu dönemlerde yakın geçmişte Güneybatı Anadolu'dan Girit Adası'na yayıldığını ortaya koymuşlardır. Araştırmacılar kuvaterner süresince soy hattının Girit Adası ve Güneybatı Türkiye'de farklılaştığını belirtmişlerdir. Michaux vd. (2005) bu soy hattının türün geri kalanından 1-0.9 Myö ayrıldığını tahmin etmişlerdir.

Adaların özellikleri de adalarda yaşayan popülasyonların genetik yapılarını etkilemektedir. Dufresnes vd. (2018) mtDNA ve nükleer gen bölgelerini kullanarak Yunanistan, İzmir ve Yunanistan'a komşu diğer ülkelerle beraber Ege Denizi'nde yer alan Chios, Crete, Ikaria, Kythera, Lemnos adalarına ait *Bufo viridis* alt grubunun filocoğrafik analizini yapmışlardır. Araştırmacılar gerek Messinien tuzluluk krizi gerekse Pleyistosen iklim dalgalanları sırasında adaların hem birbirleriyle hem de ana karayla kara köprüleri kurduklarını ileri sürmüşlerdir. Araştırmacılar ana kara ile bağlantısı olmayan bazı adalarda endemizmin yüksek olduğunu ortaya koymuşlardır. Buna karşın Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası'nda olduğu gibi ana karaya 10 km'den daha yakın ve sığ kıyı suyuyla ana karadan ayrılmış olan adaların genetik olarak farklı olmadıklarını, yakın zaman genişlemesini gösterdiklerini tespit etmişlerdir. Araştırmacılar bazı Ege adalarında antik çağlarda insan hareketleri sonucu hayvanların taşınmasıyla omurgalı varlığının oluşmasına katkı sağlandığını ortaya koymuşlardır.

Dubey vd. (2007) mtDNA cytb gen bölgesi dizilerini kullanarak Ege Adaları, Orta Doğu ve Avrupa'da yayılış gösteren *Crocidura suaveolens* grubu üzerinde yapmış oldukları çalışmada Türkiye'ye yakın olan Midilli Adası soy hattının Türkiye soy hattı

ile birlikte gruplandığını ortaya koymuşlardır. Gökçeada, Bozcaada ve Marmara Adası'nda olduğu gibi, araştırmacılar bu adaya kolonizasyonun doğal yollarla son buzul dönemi (Last Glacial Maximum=LGM) süresince deniz seviyesinin düşük olduğu zamanlarda ana karayla kurulan kara köprüleri sayesinde gerçekleştiğini ve buzul arası dönemde ise Midilli Adası'nın izole olduğunu ortaya koymuşlardır. Araştırmacılar üzerinde araştırma yaptıkları adaları iki gruba ayırmışlardır. Bunlardan bir tanesi Pleyistosen buzul arası dönemlerde ana karayla kara köprüsüyle bağlantı kurabilen küçük adalar, diğer grup ise Akdeniz'in kısmen kuruduğu Messinien tuzluluk krizinden (5 Myö) beri kara köprüsüyle ana karaya bağlantı kurmayan büyük ya da ayrılmış (insular) adalar. Araştırmacılar büyük adalara hayvan geçişlerinin sürüklenme (rafting) yoluyla ya da Neolitik koloniyasyonla olduğunu ileri sürmüşlerdir. Dubey vd. (2007) ekolojik olarak insanla beraber yaşayan *Erinaceus europaeus* ve *A. sylvaticus*'un Korsica Adası'na taşınmasının insan kaynaklı olabileceğini ortaya koymuşlardır.

Atici vd. (2017) Gökçeada'nın Uğurlu yöresinde yapmış oldukları zooarkeolojik çalışmada Gökçeada'ya ilk yerleşenlerin çiftçi olduklarını ve 6500 yıl önce adaya evcil domuz, koyun, keçi ve sığır getirdiklerini ortaya koymuşlardır. Özbek (2012) son buzul dönemi (Last Glacial Maximum=LGM) süresince Gökçeada ve Bozcaada'nın kara ile bağlantılı olduğunu ortaya koymuşlardır. Araştırmacılar 12.7-11 bin yıl önce Marmara Gölü zamanında batı Marmara ya da güney Trakya'nın kısa ve soğuk yazlarda insanların yaşaması için daha az uygun olduğunu tespit etmişlerdir. Araştırmacılar karaya yakın olan Gökçeada'ya gemi kullanmadan yaklaşık 11.500 yıl önce insanlar tarafından kolaylıkla ulaşılabilir olduğunu belirtmişlerdir. Tüm bu açıklamalar, bu tarihlerde adalara insanlar tarafından *Apodemus* cinsi örneklerinin taşınabilir olduğu fikrini desteklemektedir.

Sonuç olarak bu tez çalışması ile Türkiye'nin Kuzey Anadolu, Trakya ve üç büyük adası olan Bozcaada, Marmara Adası, Gökçeada'da *Apodemus* cinsine ait altı türün (*A. mystacinus*, *A. flavicollis*, *A. sylvaticus*, *A. uralensis*, *A. agrarius*) yaşadığı yapılan genetik ve morfometrik analizlerle tespit edildi. Ada ve anakarada yaşayan *Apodemus* popülasyonları arasındaki genetik ilişkiler detaylı olarak bu çalışmayla ortaya kondu. Özellikle Doğu Karadeniz olmak üzere çalışılan örnekler arasında literatürde belirtilenin

aksine *A. ponticus*'un Kuzey Anadolu'daki varlığına rastlanmadı. Miyosen, pliyosen ve pleyistosen dönemlerinde meydana gelen jeolojik ve tektonik olaylarla beraber iklimsel değişikliklerin *Apodemus* cinsine ait türlerin yayılışı, türleşmesi üzerinde etkili olduğu ortaya kondu. Özellikle *Sylvaemus* alt cinsi içerisinde birbirine benzeyen ve morfolojik olarak ayrılmaları zor olan türlerin genetik olarak birbirlerinden ayrıldıkları yapılan mtDNA cytb ve kontrol bölgesi analizleri ile belirlendi. Birçok türün soy hatlarına ayrılmasına katkı sağlayan Çoruh Kanyonu, Melet Irmağı ve diğer büyük akarsuların *Apodemus* türlerinin filocoğrafyaları üzerinde etkili olmadığı görüldü. İstanbul ve Çanakkale Boğazları'yla birlikte Marmara Denizi'nin *Apodemus* türlerinin soy hatlarına farklılaşmasına katkı sağladığı ortaya kondu. Araştırma alanında yer alan Marmara Adası, Bozcaada ve Gökçeada'da cinse ait türlerin yaşadığı tespit edildi. *Apodemus* cinsine ait türlerin adalara kolonizasyonu hem insan kaynaklı hem de buzul dönemleri sırasında deniz seviyesinin alçalmasına bağlı olarak kurulan kara köprüleri sayesinde gerçekleştiği ortaya kondu. Karadeniz Bölgesi'nde pleyistosen buzul dönemlerinde buzul sığınaklarında sığınak populasyonlarının soy hatlarına farklılaştığı tespit edildi. Türlerin tespiti, yayılış sınırlarının belirlenmesi, populasyon yapıları ve genetik ilişkilerinin ortaya konulması bakımından koruma biyolojisine katkıda bulunulmaya çalışıldı.

KAYNAKLAR

- Anonymous. 2005. STATISTICA (data analysis software system), version 7.1.
- Anonymous. 2018. Web sitesi: <http://www.helsinki.fi/science/now/>, Erişim Tarihi: 01.10.2018.
- Adamia, S., Zakariadze, G., Chkhotua, T., Sadradze, N., Tsereteli, N., Chabukiani, A. and Gventsadze, A. 2011. Geology of the Caucasus: A Review. Turkish Journal of Earth Sciences (Turkish J. Earth Sci.), 20: 489–544.
- Aguilar, J., Pélissié, T., Sigé, B. and Michaux, J.R. 2008. Occurrence of the Stripe Field Mouse lineage (*Apodemus agrarius* Pallas 1771; Rodentia; Mammalia) in the Late Pleistocene of southwestern France. Académie des sciences C. R. Palevol 7 217–225.
- Aksu, A.E., Hiscott, R.N., Kaminski, P.J., Mudie, P.J., Gillespie, T., Abrajano, T. and Yaşar, D. 2002. Last glacial-Holocene paleoceanography of the Black Sea and Marmara Sea: stable isotopic, foraminiferal and coccolith evidence. Marine Geology, 190, 119-149.
- Akyol, O., Ceyhan, T. ve Ertosluk, O. 2009. Marmara Adası Kıyı Balıkçılığı ve Balıkçılık Kaynakları. E.U. Journal of Fisheries & Aquatic Sciences 2009 Cilt 26, Sayı 2: 143-148.
- Amori, G. and Contoli, L. 1994. Morphotypic, craniometric and genotypic diversification in *Apodemus flavicollis* and *Apodemus sylvaticus*. Bolletino di zoologia 61: 353-357.
- Atici, L., Birch, S.E.P. and Erdoğan, B. 2017. Spread of domestic animals across Neolithic western Anatolia: New zooarchaeological evidence from Uğurlu Höyük, the island of Gökçeada, Turkey. Plos one 12 (10): e0186519.
- Atopkin, D. M., Bogdanov A.S. and Chelomina G.N. 2007. Genetic Variation and Differentiation in Striped Field Mouse *Apodemus agrarius* Inferred from RAPD-PCR Analysis. Russian Journal of Genetics, 2007, Vol. 43, No. 6, pp. 665–676.
- Avcıoğlu, M., Yiğitbaş, E. and Ergina, A.E. 2016. Beachrock formation on the coast of Gökçeada Island and its relation to the active tectonics of the region, northern Aegean Sea, Turkey. Quaternary International 401: 141-152
- Avice J.C. 2000. Phylogeography: The History and Formation of Species. Harvard University Press, 447 p, Cambridge.
- Balakirev, A.E., Baskevich, M.I., Gmyl, A.P., Okulova, N.M., Andreeva T.A., Sokolenko, A.V., Malygin, V.M, Khlyap, L.A., Oparin, M.L and Orlov, V.N.

2007. On the Taxonomic Rank of *ciscaucasicus* and Its Relationships with the Pygmy Wood Mouse *Sylvaemus uralensis* Inferred from the mtDNA Cytochrome b Gene Sequence. *Russian Journal of Genetics*, 2007, Vol. 43, No. 12, pp. 1386–1399.
- Barciova, L. and Macholán, M. 2006. Morphometric study of two species of wood mice *Apodemus sylvaticus* and *A. flavicollis* (Rodentia Muridae) traditional and geometric morphometric approach. *Acta Theriologica* 51: 15-27.
- Barciova, L. and Macholán, M. 2009. Morphometric key for the discrimination of two wood mice species, *Apodemus sylvaticus* and *A. flavicollis*. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae* 55 (1), pp. 31-38.
- Bayrakçı, Y., Ayaz, D., Yakın, B.Y., Çiçek, K. and Tok, C.V. 2016. Abundance of Western Caspian Turtle, *Mauremys rivulata* (Valenciennes, 1833) in Gökçeada (Imbros), Turkey. *Russian Journal of Herpetology* 23 (4): 254 – 260.
- Bellinvia, E. 2004 A phylogenetic study of genus *Apodemus* by sequencing the mitochondrial DNA control region. *J. Zool. Syst. Evol. Research* 42: 289-297.
- Benda, P. and Sádlová, J. 1999. New records of small mammals (Insectivora, Chiroptera, Rodentia, Hyracoidea) from Jordan. *Časopis Národního muzea Řada přírodovědná* 168: 25-36.
- Bendelt, H., Froster, P. and Rohl, A. 1999. Median joining network for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16; 37– 48.
- Benton, M.J. and Donoghue, P.C. 2007. Paleontological evidence to date the tree of life. *Molecular Biology Evolution*, 24;26–53.
- Bogdanov, A.S., Atopkin, D.M. and Chelomina, G.N. 2009. Analysis of Genetic Variation and Differentiation in the Pygmy Wood Mouse *Sylvaemus uralensis* (Rodentia, Muridae) Aided by the RAPD-PCR Method. *Biology Bulletin*, Vol. 36, No. 3, pp. 227–241.
- Bugarski-Stanojevic, V., Blagojevic, J. Adnadevic, T., Jojić, V. and Vujosevic, M. 2008. Molecular phylogeny and distribution of three *Apodemus* species (Muridae, Rodentia) in Serbia. *J Zool Syst Evol Res* 46(3), 278–286.
- Blagojevic, J. and Vujosevic, M. 2004. B chromosomes and developmental homeostasis in the yellow-necked Mouse, *Apodemus flavicollis* (Rodentia, Mammalia) : Effect on nonmetric traits. *Heredity* 93, 249-254.
- Brown, S.D.M. and Dover, G.A. 1979. Conservation of sequences in related genomes of *Apodemus*: constraints on the maintenance of satellite DNA sequencing. *Nucleic Acids Research* Volume 6 Number 7.

- Brown, T.A. 2009. Gene cloning and DNA analysis. An introduction. Fifth Edition. 396 p, Manchester, UK.
- Carleton, M.D. and Musser, G.G. 1984. Muroid rodents. Pp. 289–379 in S. Anderson and J.K. Jones, eds. Orders and families of Recent mammals of the world. John Wiley & Sons, New York
- Clauzon, G., Suc, J. P., Popescu, S. M., Marunteanu, M., Rubino, J. L., Marinescu, F. and Melinte, M. C. 2005. Influence of Mediterranean sea-level changes on the Dacic Basin (Eastern Paratethys) during the late Neogene: the Mediterranean Lago Mare facies deciphered. *Basin Res.* 17, 437–462.
- Cerling, T.E., Harris, J.M., MacFadden, B.J., Leakey, M.G., Quade, J., Eisenmann, V. and Ehleringer J.R. 1997. “Global vegetation change through the Miocene/Pliocene boundary”, *Nature*, 389, 153–158.
- Chang, D. and Clayton, D.A. 1985. Priming of human mitochondrial DNA replication occurs at the light strand promoter. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA* 82:351-355.
- Chelomina, G.N. 1998. Molecular phylogeny of forest and field mice of the genus *Apodemus* (Muridae, Rodentia) based on the data on restriction analysis of total nuclear DNA. *Genetika* 34: 1286-1292.
- Chelomina, G.N., Atopkin, D.M. and Bogdanov, A.S. 2007. Phylogenetic Relationships between Species and Intraspecific Forms of Forest Mice from the Genus *Sylvaemus* Determined by Partial Sequencing of the Cytochrome *b* Gene of Mitochondrial DNA. *Doklady Biological Sciences*, Vol. 416, pp. 356–359.
- Cheyilan, G. 1991. Patterns of Pleistocene turnover, current distribution and speciation among Mediterranean mammals. *Biogeography of Mediterranean Invasions* (R. H.Groves and F. Di Castri, eds.). Cambridge University Press, Cambridge.
- Cooper, S.J., Ibrahim, K.M. and Hewitt, G.M., 1995. Post- glacial expansion and genome subdivision in the European grasshopper *Chorthippus parallelus*. *Mol. Ecol.* 4: 49-60.
- Corbet, G. 1978. The mammals of the Palaearctic region: a taxonomic review. British Museum (Natural History), London.
- Çağatay, M. N., Görür, N., Polonia, A., Demirbağ, E., Sakınç, M., Cormier, M.-H., Capotondi, L., McHugh, C., Emre, Ö. and Eriş, K. 2003. “Sea level changes and depositional environments in the İzmit Gulf, eastern Marmara Sea, during the late glacial-Holocene period”, *Marine Geology*, 202, 159–173.
- Çağatay, N.M., Görür, N., Flecker, R., Sakınç, M., Tünoğlu, C., Ellam, R., Krijgsman, W., Vincent, S. and Dikbaş A. 2006. “Paratethyan–Mediterranean

connectivity in the Sea of Marmara region (NW Turkey) during the Messinian”, *Sedimentary Geology*, 188–189, 171–187.

- Çıplak, B. 2008. The analogy between glacial cycles and global warming for the glacial relicts in a refugium: a biogeographic perspective for conservation of Anatolian Orthoptera. *Insect Ecology and Conservation* (ed. by S. Fattorini), pp. 135–163. Research Signpost, Kerala, India
- Çıplak, B., Heller, K-G. and Willemse, F. 2010. Phylogeny and biogeography *Eupholidoptera* Maran (Orthoptera, Tettigoniidae): morphological speciation incorrelation with the geographical evolution of theeastern Mediterranean. *Systematic Entomology* 35, 722–738.
- Çolak, E. 1995. Türkiye’deki *Allactaga* Cuvier, 1836 (Mammalia: Rodentia) Cinsinin Taksonomik Durumu ve Yayılışı. Doktora Tezi, Ankara.
- Çolak, R. 2002. Electrophoretic Aspects of Blood Serum Proteins of the Genus *Apodemus* in the Black Sea Region. *Turk. J. Biol.* 26 125-131.
- Çolak, E. 2003. A Study on *Apodemus iconicus* Heptner, 1948 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turkish Journal of Zoology* 27: 61-63.
- Çolak, E., Yiğit, N., Çolak, R., Sözen, M., Özkurt, Ş. and Kankılıç, T. 2004. Taxonomic Status and Distribution of *Apodemus mystacinus* (Danford and Alston, 1877) (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turkish Journal of Zoology* 28: 285-294.
- Çolak, R., Çolak, E. and Yiğit, N. 2005. Morphometric, Karyotypic and Electrophoretic Analysis of the Genus *Apodemus* Kaup, 1826 (Mammalia: Rodentia) in Thrace. *Turk. J. Zool.* 29 147-153.
- Çolak, R. 2006. Importance of Superoxide Dismutase in Distinguishing of *Apodemus flavicollis* and *Apodemus sylvaticus* (Mammalia: Rodentia) in Thrace. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 9 (11): 2153-2155.
- Çolak, R., Çolak, E., Yiğit, N., Kandemir, İ. and Sözen, M. 2007. Morphometric and biochemical variation and the distribution of the Genus *Apodemus* (Mammalia: Rodentia) In Turkey. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae* 53: 239-256.
- Çolak, R., Çolak, E. and Karacan, G.O. 2014. Türkiye’de Yayılış Gösteren Kayalık Faresi *Apodemus mystacinus* (Danford and Alston, 1877) (Mammalia: Rodentia) Populasyonlarının mtDNA (sitokrom *b* ve kontrol bölgesi) ve Nükleer DNA Sekans Analizi. Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projesi, Ankara-2014.
- Çolak, R., Çolak, E., Beteş, D. and Karacan, G.O. 2015. Türkiye’de Yayılış Gösteren *Apodemus flavicollis* (Melchior, 1834) (Mammalia: Rodentia) populasyonlarının Mikrosatellit ve mtDNA (sitokrom *b*) Dizi Analizi. Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projesi, Ankara-2015.

- Çolak, R., Karacan, G.O., Kandemir, İ., Çolak, E., Kankılıç, T., Yiğit, N. and Michaux, J. 2016. Genetic variations of Turkish bank vole, *Myodes glareolus* (Mammalia: Rodentia) inferred from mtDNA. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6): 4372–4379.
- Çördük, N., Gül, Ç., Tosunoğlu, M. and Sotiropoulos, K. 2017. Taxonomic status of a newly described island population of the smooth newt *Lissotriton vulgaris* (Linnaeus, 1758) from Bozcaada (Çanakkale, Turkey). *Turk. J. Zool.* 41: 189-195.
- Danford, C. and Alston, E. 1877. On the Mammals of Asia Minor. *Proc. Zool. Soc. London*, 270-281.
- Darvish, J., Mohammadi, Z., Ghorbani, F., Mahmoudi, A. and Dubey, S. 2015. Phylogenetic Relationships of *Apodemus* Kaup, 1829 (Rodentia:Muridae) Species in the Eastern Mediterranean Inferred from Mitochondrial DNA, with Emphasis on Iranian Species. *J. Mammal. Evol.* 22:583–595.
- Demirsoy, A. 1992. Yaşamın Temel Kuralları, Omurgalılar/Amniyota (Sürüngenler, Kuşlar, Memeliler), 942 s, Ankara.
- Doğramacı, S. 1974. Türkiye *Apodemus* (Mammalia: Rodentia) larının Taksonomik Durumları. PhD Thesis, Tarım Hayvancılık Bakanlığı Zirai Mücadele Müdürlüğü Araştırma.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L. 1991. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12(1):13-15.
- Dubey, S., Zaitsev, M., Cosson, J.F., Abdukadier, A. and Vogel, P. 2006. Pliocene and Pleistocene diversification and multiple refugia in a Eurasian shrew (*Crocidura suaveolens* group). *Mol. Phylogenet. Evol.* 38: 635–647.
- Dubey, S., Cosson, J.F., Magnanou, C.E., Vohralík, V., Benda, P., Frynta, D., Hutterer, R., Vogel, V. and Vogel, P. 2007. Mediterranean populations of the lesser white-toothed shrew (*Crocidura suaveolens* group): an unexpected puzzle of Pleistocene survivors and prehistoric introductions. *Molecular Ecology* 16, 3438–3452
- Dufresnes, C., Lymberakis, P., Kornilios, P., Savary, R., Perrin, N. and Stöck, M. 2018. Phylogeography of Aegean green toads (*Bufo viridis* subgroup): continental hybrid swarm vs. insular diversification with discovery of a new island endemic. *BMC Evolutionary Biology*, 18:67.
- Drummond, A.J. and Rambaut, A. 2007. BEAST: Bayesian evolutionary analysis by sampling trees. *BMC Evolutionary Biology* 7, 214.
- Drummond, A.J., Suchard, M.A., Xie, D. and Rambaut, A. 2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*, 29; 1969–1973.

- Ellerman, J.R. 1941. The families and genera of living rodents. Oxford Univ. Press., 1-644, London.
- Ellerman, J.R. and Morrison-Scott, T. 1951. Checklist of Palaearctic and Indian Mammals 1758 to 1946. Brit. Mus. Nat. Hist. London.
- Elmas, A. 2003. Late Cenozoic tectonics and stratigraphy of northwestern Anatolia: the effects of the North Anatolian Fault to the region. International Journal of Earth Sciences, 92, 380–396
- Ercan, T., Satır, M., Steintz, 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.
- Excoffier, L. and Lischer, H.E.L. 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources. 10: 564-567.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution, 39; 783-791.
- Filippucci, M.G., Simson, S. and Nevo, E. 1989. Evolutionary biology of the genus *Apodemus* Kaup, 1829 in Israel. Allozymic and biometric analyses with description of a new species: *Apodemus hermonensis* (Rodentia, Muridae). Bolletino di zoologia 56: 361-376.
- Filippucci, M.G., Storch, G. and Macholán, M. 1996. Taxonomy of the genus *Sylvaemus* in Western Anatolia morphological and electrophoretic evidence (Mammalia: Rodentia: Muridae). Senckenbergiana biologica 75: 1-14.
- Filippucci, M.G., Macholán, M. and Michaux, J.R. 2002. Genetic variation and evolution in the genus *Apodemus* (Muridae: Rodentia). Biological Journal of the Linnean Society 75: 395-419.
- Fortelius, M., Eronen, J., Jernvall, J., Liu, L., Pushkina, D., Rinne, J., Tesakow, A., Vislobokova, I., Zhang, Z. and Zhou L. 2002. “Fossil mammals resolve regional patterns of Eurasian climate change over 20 million years”, Evolut. Ecol. Res., 4, 1005-1016.
- Frigola, A., Prange, M. and Schulz M. 2018. “Boundary conditions for the Middle Miocene Climate Transition (MMCT v1.0)”, Geosci. Model Dev, 11, 1607–1626.
- Frynta, D., Mikulová, P., Suchomelová, E. and Sádlova, J. 2001. Discriminant analysis of morphometric characters in four species of *Apodemus* (Muridae: Rodentia) from eastern Turkey and Iran. Israel Journal of Zoology 47: 243-258.

- Freeland, J.R. 2005. Molecular Ecology. 388 p, England.
- Fu, Y.X. 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*; 147; 915-25.
- Gilpin, M.E. and Diamond, J.M. 1976. Calculations of immigration and extinction curves from species area-distance relation. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 73 (11): 4130-4134.
- Gökaşan, E., Demirbağ, E., Oktay, F.Y., Ecevitoğlu, B., Şimşek, M. and Yüce H. 1997. "On the origin of the Bosphorus", *Marine Geology*, 140, 183–199.
- Görür, N., Çağatay, N., Sakınç, M., Sümengen, M., Şentürk, K., Yalıtırak, C. ve Tchapylyga, A. 1997. Marmara Denizi ne zaman ve nasıl oluştu? Marmara Denizi Araştırmaları Workshop III, 2-3 Haziran 1997, A.Ü.F.F. Jeoloji M. Bölümü, Ankara.
- Gürol, A., Tavukçu, A.Y., Şakar, E., Tavukçu, Z.A., Başaran, C. and Baştuğ, A. 2016. X-ray fluorescence analysis of archaeological artefacts from Bozcaada (Tenedos), Turkey, *Post-Medieval Archaeology*, 50:2, 412-419.
- Gündüz, I., Jaarola, M., Tez, C., Yenyurt, C., Polly, P.D. and Searle J.B. 2007. Multigenic and morphometric differentiation of ground squirrels (*Spermophilus*, *Sciuridae*, *Rodentia*) in Turkey, with a description of a new species, *Molecular. Phylogenetics and Evolution*, 43: 3-6.
- Gözükırmızı, N., Ertuğrul, F. Hasańcebi, S. Karakaş, Ö. ve Türkteaş, M. 2011. Floresan Temelli Yeni Nesil Genetik Analiz Uygulamaları: DNA Dizi Analizi, Moleküler Markör Uygulamaları ve Çoklu Gen Anlatım Analizleri Uygulamalı Eđitimi. Gen Mühendisliđi ve Biyoteknoloji Enstitüsü, Marmara Araştırma Merkezi, Tübitak, İzmit.
- Hall, T.A. 1999. A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucl. Acids. Symp. Ser.* 41:95-98.
- Hamar, M., Simonescu, V. and Theiss, F. 1966 Biometrische und zoogeographische Untersuchungen der Gattung *Apodemus* (Kaup, 1829) in der Sozialistischen Republik Rumänien. *Acta Theriologica* 11: 1-40.
- Harrison, D.L. and Bates, P.J.J. 1991. The mammals of Arabia. Second Edition. *Harr. Zool. Mus. Pub.* 1-353.
- Hasegawa, M., Kishino, H. and Yano, T. 1985. Dating of human-ape splitting by a molecular clock of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 22 (2); 160–174.
- Helvacı, Z., Renaud, S., Ledevin, R., Adriaens, D., Michaux, J., Çolak, R., Kankılıç, T., Kandemir, İ., Yiđit, N. and Çolak, E. 2012. Morphometric and genetic structure

- of the edible dormouse (*Glis glis*): a consequence of forest fragmentation in Turkey. *Biological Journal of the Linnean Society*, 107, 611–623.
- Hewitt, G.M. 1999. Post-glacial recolonization of European Biota. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68:87-112.
- Hille, A. and Meinig, H. 1996. The subspecific status of European populations of the striped field mouse *Apodemus agrarius* (Pallas, 1771) based on morphological and biochemical characters. *Bonner Zoologische Beiträge* 46: 203-231.
- Hintze, J. 2008. PAST 2008. Kaysville, Utah: NCSS.
- Hoelzel, A.R., Hancock, J.M. and Dover, G.A. 1991. Evolution of the Cetacean Mitochondrial D-Loop Region. *Mol. Biol. Evol.* 8(3):475-493.
- Hooper, E. T. and Musser, M. D. 1964. The glans penis in Neotropical cricetines (family Muridae) with comments on classification of muroid rodents. *Misc. Publ. Univ. Mich.* 123:1–57.
- 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.
- Johns, G.C. and Avise, J.C. 1998. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome b gene. *Molecular Biology and Evolution*, 15;1481–1490.
- Jojić, V., Blagojević, J., Ivanović, A., Bugarski-Stanojević, V. and Vujošević, M. 2007. Morphological integration of the mandible in yellow-necked field mice: the effects of b chromosomes. *Journal of Mammalogy* 88: 689–695.
- Kahmann, H. 1961. Beitrage zur Saugetierkunde der Türkei. Die Brandmaus (*Apodemus agrarius* Pallas, 1774) in Thrakien und die Südeuropaeische verbreitung der Art. *Rev. Fac. Sci. Univ. Istanbul* 26: 87 - 106.
- Kankılıç, T. 2010. Türkiye'deki *Spalax leucodon cilicicus* Mehely, 1909 ve *Spalax leucodon anatolicus* Mehely, 1909 alttürleri arasında genetik farklılıkların belirlenmesi. Doktora Tez Çalışması, Ankara.
- Kankılıç, T., Şeker, P.S., Erdik, A.C., Kankılıç,T., Selvi, E., Yiğit, N. and Çolak E. 2018. Determination of genetic variations in the genus *Dryomys* Thomas, 1906 (Rodentia: Gliridae) distributed in Turkey using NADH dehydrogenase 1 (ND1) gene. *Mitochondrial DNA Part A*, Vol. 29, No. 6, 933-942.
- Karacan, G.O. 2013. Türkiye'de Yayılış Gösteren Kayalık Faresi, *Apodemus mystacinus* (Danford and Alston, 1877) (Mammalia: Rodentia) Populasyonlarının RFLP ve mtDNA (sitokrom *b* ve kontrol bölgesi) Filogenisi. Doktora Tez Çalışması, Ankara.

- Karaseva, E., Tikhonova, G. and Bogomolov, P. 1992. Distribution of the field mouse (*Apodemus agrarius*) and peculiarities of its ecology in different parts of its range. *Zool. Zh* 71: 106-115.
- Kartavtseva, I.V. and Pavlenko, M.V. 2000. Chromosomal variability of the field mouse *Apodemus agrarius* (Rodentia, Muridae). *Genetika* 36: 223-236.
- Kaya, S. and Çıplak, B. 2017. Phylogeography and taxonomy of the *Psorodonotus caucasicus* (Orthoptera, Tettigoniidae) group: independent double invasion of the Balkans from the Caucasus. *Systematic Entomology*, 42, 118–133.
- Kaya, F., Bibi, F., Žliobaitė, I., Eronen, J. T., Hui, T. and Fortelius, M. 2018. The rise and fall of the Old World savannah fauna and the origins of the African savannah biome. *Nature Ecology & Evolution*, vol 2, 241–246.
- Kayseri-Özer, M.S. 2017. Cenozoic vegetation and climate change in Anatolia-A study based on the IPR-vegetation analysis. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 467, 37–68.
- Kerr, R.A. 2006. “An Early Date for Raising the Roof of the World”, *Science*, 311, (5762), 758.
- Kesgin, Y. ve Varol, B. 2003. Gökçeada ve Bozcaada'nın Tersiyer Jeolojisi (Çanakkale), *Türkiye. MTA Dergisi* 126: 49-67.
- 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.
- Kuncová, P. and Frynta, D. 2009. Interspecific morphometric variation in the postcranial skeleton in the genus *Apodemus*. *Belgian Journal of Zoology* 139: 133-146.
- Kryštufek, B. 2002. Identity of four *Apodemus* (*Sylvaemus*) types from the eastern Mediterranean and the Middle East. *Mammalia* 66: 43-52.
- Kryštufek, B., Vohralík, V. and Janžekovič, F. 2009. Mammals of Turkey and Cyprus: Rodentia II: Cricetinae, Muridae, Spalacidae, Calomyscidae, Capromyidae, Hystricidae, Castoridae. *Univerza na Primorskem, Znanstveno -raziskovalno središče, Založba Annales*.
- Koban, E., Berkman, C., Dinç, H. ve Togan, İ. 2008. Türk Hayvanatçıları Projesi, Populasyon Genomik Çalışmaları-II. ODTÜ Biyoloji Bölümü. Ankara.
- Koral, H., Öztürk, H. and Hanilçi, N. 2009. Tectonically induced coastal uplift mechanism of Gökçeada Island, Northern Aegean Sea, Turkey. *Quaternary International* 197: 43–54.

- Kowalski, K. 2001. Pleistocene rodents of Europe. *Folia Quaternaria* 72: 3-389.
- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* 25: 1451-1452 doi:10.1093/bioinformatics/btp187.
- Liu, X., Wei, F., Li, M., Jiang, X., Feng, Z. and Hu, J. 2004. Molecular phylogeny and taxonomy of wood mice (genus *Apodemus* Kaup, 1829) based on complete mtDNA cytochrome b sequences, with emphasis on Chinese species. *Mol Phylogenet Evol* 33: 1-15.
- Lomolino, M.V. 1990. A test of the 'target area effect': The influence of island area on immigration rates of non-volant mammals. *Oikos* 57 (3): 297-300.
- Lykousis, V. 2009. Sea-level changes and shelf break prograding sequences during the last 400 ka in the Aegean margins: subsidence rates and palaeogeographic implications. *Cont. Shelf. Res.* 29: 2037-44.
- Lymberakis, P., Poulakakis, N., Manthou, G., Tsigenopoulos, C.S., Magoulas, A. and Mylonas, M. 2007. Mitochondrial phylogeography of *Rana (Pelophylax)* populations in the Eastern Mediterranean region. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 44, 115-125.
- Macholán, M., Filippucci, M.G., Benda, P., Frynta, D. and Sádlová, J. 2001. Allozyme variation and systematics of the genus *Apodemus* (Rodentia: Muridae) in Asia minor and Iran. *Journal of Mammalogy* 82: 799-813.
- Marsh, A. and Harris, S. 2000. Partitioning of woodland resources by two sympatric species of *Apodemus*: lessons for the conservation of yellow-necked mouse (*A. flavicollis*) in Britain. *Biological Conservation* 92: 275-283.
- Martín Suárez, E. and Mein, P. 1998. Revision of the genera *Parapodemus*, *Apodemus*, *Rhagamys* and *Rhagapodemus* (Rodentia, Mammalia). *Geobios* 31: 87-97.
- McHugh, C.M.G., Gurung, D., Giosan, L., Ryan, W.B.F., Mart, Y., Sancar, U., Burckle, L. and Çağatay, N. 2008. The last reconnection of the Marmara Sea (Turkey) to the World Ocean: A paleoceanographic and paleoclimatic perspective. *Marine Geology* 255, 64-82.
- Meyer, A. and Wilson, A.C. 1990. Origin of tetrapods inferred from their mitochondrial DNA affiliation to lungfish. *J. Mol. Evol.*, 31:359-364.
- Mezhzherin, S. 1997. Revision of mice genus *Apodemus* (Rodentia, Muridae) of Northern Eurasia. *Vestnik Zoologii* 31: 29-41.
- Michaux, J., Libois, R. and Fons, R. 1996. Différentiation génétique et morphologique du mulot, *Apodemus sylvaticus*, dans le bassin méditerranéen occidental. *Vie and Milieu* 46: 193-203.

- Michaux, J.R., Sarà, M., Libois, R. and Matagne, R. 1998. Is the woodmouse (*Apodemus sylvaticus*) of Sicily a 'separate' species? *Belgian Journal of Zoology* 128: 209-212.
- Michaux, J.R., Chevret, P., Filippucci, M.G. and Macholán, 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.
- Michaux, J.R., Magnanou, E., Paradis, E., Nieberding, C. and Libois, R. 2003. Mitochondrial phylogeography of the Woodmouse (*Apodemus sylvaticus*) in the Western Palearctic region. *Molecular Ecology* 12: 685-697.
- Michaux, J.R., Libois, R., Paradis, E. and Filippucci, M.G. 2004. Phylogeographic history of the yellow-necked fieldmouse (*Apodemus flavicollis*) in Europe and in the Near and Middle East. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 32: 788-798.
- Michaux, J.R., Bellinvia, E. and Lymberakis, P. 2005. Taxonomy, evolutionary history and biogeography of the broad-toothed field mouse (*Apodemus mystacinus*) in the eastern Mediterranean area based on mitochondrial and nuclear genes. *Biological Journal of the Linnean Society* 85: 53-63.
- Miller, G.S., and Gidley, J.W. 1918. Synopsis of the supergeneric groups of rodents. *J. Wash. Acad. Sci.* 8:431-448.
- Montgelard, C., Matthee, C.A. and Robinson T.J. 2003. Molecular systematics of dormice (Rodentia: Gliridae) and the radiation of *Graphiurus* in Africa. *Proc. R. Soc. Lond. B.* 270, 1947-1955.
- Mourik, A. 2010. The Middle Miocene Climate Transition in the Central Mediterranean. *Geologica Ultraiectina. Mededelingen van de Faculteit Geowetenschappen - Universiteit Utrecht - No. 326*
- Mouton, A., Grill, A., Sara, M., Kryštufek, B., Randi, E., Amori, G., Juskitis, R., Aloise, G., Mortelliti, A., Panchetti, F. and Michaux J.R. 2012. Evidence of a complex phylogeographic structure in the common dormouse, *Muscardinus avellanarius* (Rodentia: Gliridae). *Biological Journal of the Linnean Society*, 105, 648-664.
- Mouton, A., Mortelliti, A., Grill, A., Sara, M., Kryštufek, B., Juškaitis, R., Latinne, A., Amori, G., Randi, E., Büchner, S., Schulz, B., Ehlers, S., Lang, J., Adamik, P., Verbeylen, G., Dorenbosch, M., Trout, R., Elmeros, M., Aloise, G., Mazzoti, S., Matur, F., Poitevin, F. and Michaux, J.R. 2017. Evolutionary history and species delimitations: a case study of the hazel dormouse, *Muscardinus avellanarius*. *Conserv. Genet.*, 18:181-196.

- Musser, G.G. and Carleton, M.D. 1993. Family Muridae. In: Wilson, D.E., Reeder, D.M. (Eds.), *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. Washington and London, Random House (Smithsonian Institution Press).
- Musser, G., Brothers, E., Carleton, M. and Hutterer, R. 1996. Taxonomy and distributional records of Oriental and European *Apodemus*, with a review of the *Apodemus-Sylvaemus* problem. *Bonner Zoologische Beiträge* 46: 143-190.
- Nei, M. and Li, W. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *PNAS* 76-10; 5269–5273.
- Nei, M. and Tajima, F. 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases, *Genetics*, 97; 145-163.
- Norusis, M.J./SPSS Inc. 1993. *SPSS for Windows. Professional statistics. Release 6.0.* Chicago: SPSS.
- Orlov, V.N., Bulatova, N.S., Nadjafova, R.S. and Kozlovsky, I. 1996. Evolutionary classification of European wood mice of the subgenus *Sylvaemus* based on allozyme and chromosome data. *Bonner Zoologische Beiträge* 46: 191-202.
- Özbek, O. 2012. Sea level changes and prehistoric sites on the coasts of Southern Turkish Thrace, 12,000-6000 BP. *Quaternary International* 261: 162-175.
- Özdemir, N., Gül, S., Poyarkov., N.A., Kutrup, B., Tosunoğlu, M. and Doglio, S. 2014. “Molecular systematics and phylogeography of *Bufo variabilis* (syn. *Pseudepidalea variabilis*) (Pallas, 1769) in Turkey”, *Turkish Journal of Zoology*, 38, 412-420.
- Özkan, B. and Kryštufek, B. 1999. Wood mice, *Apodemus* of two Turkish islands: Gökçeada and Bozcaada. *Folia Zoologica* 48: 17-24.
- Pakendorf, B. and Stoneking, M. 2005. Mitochondrial DNA and human evolution. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 6; 165–83.
- Pamukoğlu, N. and Albayrak, İ. 1996. The rodents of Kastamonu Province (Mammalia: Rodentia). *Communications de la Faculté des Sciences de Université d’Ankara, Série C, Biologie* 14: 1-22.
- Papoulia, C. 2017. Seaward dispersals to the NE Mediterranean islands in the Pleistocene. The lithic evidence in retrospect. *Quat. Int.* 431:3–19.
- Pavlinov, I.Y. and Rossolimo, O.L. 1998. *Systematics of mammals of USSR*. Moscow.
- Perçin-Paçal, F., Altınışal, S. and Altınışal, S. 2017. Distribution, diversity and some ecological characteristics of ostracods (Crustacea: Ostracoda) in Gökçeada (Imbros) Island (Northern Aegean Sea, Turkey). *Biologia* 72/7: 774-789.

- Perissoratis, C. and Conispoliatis, N. 2003. The impacts of sea-level changes during latest Pleistocene and Holocene times on the morphology of the Ionian and Aegean seas (SE Alpine Europe). *Marine Geology* 196: 145-156.
- Pevsner, J. 2009. *Bioinformatics and Functional Genomics*, 951 p, New Jersey.
- Rambaut A. 2008. FigTree, Version 1.2. Available at: <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/FigTree/>
- Rambaut, A. and Drummond A.J. 2002-2013. LogCombiner v1.8.0. Part of BEAST package
- Rambaut, A., Suchard, M.A., Xie, D. and Drummond A.J. 2014 Tracer v1.6, Available from <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer>.
- Riemsdijk, I.V., Arntzen, J.W., Bogaerts, S., Franzen, M., Litvinchuk, S.N., Kurtuluş, O. and Wielstra B. 2017. “The Near East as a cradle of biodiversity: A phylogeography of banded newts (genus *Ommatotriton*) reveals extensive inter- and intraspecific genetic differentiation”. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 114, 73–81.
- Rohlf, J.F. 1993. NTSYS-pc, Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Exeter Publishing, Setauket, N.Y.
- Roussos, N. and Triantafyllos, L. 1991. Structure of the central North Aegean trough: an active strike-slip deformation zone. *Basin Research* 3, 39–48.
- Rögl, F. 1999. Mediterranean and Paratethys. Facts and hypotheses of an Oligocene to Miocene paleogeography (short overview). *Geologica Carpathica*, 50 (4): 339–349.
- Sağlam, İ., Küçükyıldırım, S. and Çağlar S.S. 2014. Diversification of montane species via elevation shifts: the case of the Kaçkar cricket Phonochorion (Orthoptera), *Journal of Zoological Systematics and Evolution Research*, 53, (3), 177-189.
- Santucci, F., Emerson, B.C. and Hewitt, G.M. 1998. Mitochondrial DNA phylogeography of European hedgehogs *Molecular Ecology* (1998) 7, 1163-1172.
- Sarı, R., Türkecan, A., Dönmez, M., Küçükefe, Ş., Aydın, Ü. ve Özmen, Ö. 2015. Gökçeada'nın (Çanakkale) Jeolojisi. *MTA Dergisi*, 150: 1-17.
- Serizawa, K., Suzuki, H. and Tsuchiya, K. 2000. A phylogenetic view on species radiation in *Apodemus* inferred from variation of nuclear and mitochondrial genes. *Biochem Genet* 38: 27-40.
- Simpson, G.G. 1945. The principles of classification and a classification of mammals. *Bull. Am. Mus. Nat. Hist.* 85: 1–350.

- Skourtanioti, E., Kapli, P., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Avcı, A., Ahmadzadeh, F., Crnobrnja-Isailovic, J., Gherghel, I., Lymberakis, P. and Poulakakis, N. 2016. A reinvestigation of phylogeny and divergence times of the *Ablepharus kitaibelii* species complex (Sauria, Scincidae) based on mtDNA and nuDNA genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 103:199–214.
- Stamatis, C., Suchentrunk, F., Moutou, K. A., Giacometti, M., Haerer, G., Djan, M., Vapa, L., Vukovic, M., Tvrtkovic, N., Sert, H., Alves, P. C. and Mamuris, Z. 2009. Phylogeography of the brown hare (*Lepus europaeus*) in Europe: a legacy of south-eastern Mediterranean refugia? *Journal of Biogeography* (J. Biogeogr.) 36, 515–528.
- Steppan, S. J., Adkins, R. M. and Anderson, J. 2004. Phylogeny and Divergence-Date Estimates of Rapid Radiations in Muroid Rodents Based on Multiple Nuclear Genes. *Syst. Biol.* 53(4):533–553.
- Storch, G. 1975. Eine Mittelpleistozäne Nager -Fauna von der Insel Chios, Ägäis (Mammalia, Rodentia). *Senckenbergiana Biologica* 165-189.
- Storch, G. 1999. *Apodemus alpicola* Heinrich, 1952. The atlas of European mammals. ed. A.J. Mitchell-Jones, G. Amori, W. Bogdanowicz, B. Kryštufek, P.J.H. Reijnders, F. Spitzenberger, M. Stubbe, J.B.M. Thissen, V. Vohralík and J. Zima. Academic Press, London.
- Steiner, H. 1968. Untersuchungen über die Variabilität und Bionomie der Gattung *Apodemus* (Muridae, Mammalia) der Donau-Auen von Stockerau (Niederösterreich). *Zeitschrift für wissenschaftliche Zoologie* 177: 1-96.
- Suzuki, H., Sato, J.J., Tsuchiya, K., Luo, J., Zhang, Y-P., Wang, Y.X. and Jiang, X.L. 2003. Molecular phylogeny of wood mice (*Apodemus*, Muridae) in East Asia. *Biological Journal of the Linnean Society* 80: 469-481.
- Şaroğlu, F., Emre, O. and Kuşçu, I. 1992. Active Fault Map of Turkey. General Directorate of Mineral and Research Exploration of Turkey (MTA), Ankara.
- Şeker, P.S., Selvi, E. and Çolak, E. 2017. Karyological and distributional contributions to Turkish rodent fauna (Mammalia: Rodentia) from islands in Aegean and Marmara Sea. *Artvin Coruh University Journal of Forestry Faculty* 18, (1):28-35.
- Şengör, A.M.C. and Yılmaz, Y. 1981. Tethyan Evolution of Turkey: A Plate Tectonic Approach. *Tectonophysics*, 75, 181-241.
- Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust-Saucy, A.G. and Cossons, J.F. 1998. Comparative phylogeography and post-glacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology*, 7: 453-461.
- Tajima, F. 1989. The effect of change in population size on DNA polymorphism.

Genetics, 123; 597-601.

- Tamar, K., Carranza, S., Sindaco, R. Moravec, J.I. and Meiri, S. 2014. Systematics and phylogeography of *Acanthodactylus schreiberi* and its relationships with *Acanthodactylus boskianus* (Reptilia: Squamata: Lacertidae) *Zoological Journal of the Linnean Society*, 172, 720–739.
- Tamura, K. 1992. Estimation of the number of nucleotide substitutions when there are strong transition-transversion and G+C-content biases. *Mol. Biol. Evol.* 9(4):678-687.
- Tamura, K and Nei, M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10; 512-526.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. and Kumar, S. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* doi: 10.1093/molbev/msr121.
- Tapaltsyan, V., Eronen, J.T., Lawing, A.M., Sharir, A., Janis, C., Jernvall, J. and Klein O.D. 2015. “Continuously growing rodent molars result from a predictable quantitative evolutionary change over 50 million years”, *Cell Reports*, 11, 673–680.
- Tegelström, H. and Jaarola, M. 1989. Genetic divergence in mitochondrial DNA between the Wood Mouse (*Apodemus sylvaticus*) and the Yellow necked mouse (*A. flavicollis*). *Hereditas*, 111, 49-60.
- Tibaldi, A., Russo, E., Bonali, F.L., Alania, V., Chabukiani, A., Enukidze, O. and Tsereteli, N. 2017. 3-D anatomy of an active fault-propagation fold: A multidisciplinary case study from Tsaishi, Western Caucasus (Georgia). *Tectonophysics* 717: 253–269.
- Turner, P.C., McLennan, A.G., Bates, A.D and White, M.R.H. 2004 *Instant Notes in Molecular Biology*, Bios Scientific Publishers, 307 p, Oxford, UK.
- Upholt, W.B. and Dawid, I.B. 1977. Mapping of mitochondrial DNA of individual sheep and goats: rapid evolution in the D-loop region. *Cell* 11: 571-583.
- 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.
- Ünverdi, A. 2016. Marmara Bölgesi’nde yayılış gösteren *Mus* L., 1758 (Mammalia: Rodentia) cinsinin mitokondriyal DNA (sitokrom *b* ve kontrol bölgesi)

varyasyonları. Yüksek Lisans Tezi, Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 152, Ankara.

- Walberg, M.W. and Clayton, D.A. 1981. Sequence and properties of the human KB cell and mouse L cell D-loop regions of mitochondrial DNA. *Nucleic Acids Res.* 9: 5411-5421.
- Whittaker, R.J. and Fernández-Palacios, J.M. 2007. *Island Biogeography: ecology, evolution and conversation.* Oxford University Press, 416, USA.
- Wielstra, B., Espregueira Themudo, G., Güçlü, Ö., Olgun, K., Poyarkov, N.A. and Arntzen, J.W., 2010. Cryptic crested newt diversity at the Eurasian transition: the mitochondrial DNA phylogeography of Near Eastern *Triturus newts*. *Mol. Phylogenet. Evol.* 56, 888–896.
- Wilson, D.E., Lacher, T.E., JR and Mittermeier, R.A. 2016. *Handbook of the Mammals of the World. Vol. 6. Lagomorphs and Rodents I.* Lynx Edicions. Barcelona.
- Wilson, D.E., Lacher, T.E., JR and Mittermeier, R.A. 2017. *Handbook of the Mammals of the World. Vol. 7. Rodents II.* Lynx Edicions. Barcelona.
- Wood A.E. 1965. Grades and clades among rodents. *Evolution*, 19: 115-130.
- Van der Straeten, E. 1977. *Apodemus flavicollis* (Melchior, 1834) in Nedherland. *Lutra*19: 20-21.
- Verimli, R., Çolak, E., Yiğit, N., Sözen, M. and Özkurt, Ş. 2000. Electrophoretic aspects of blood-serum proteins of *Apodemus mystacinus* and *Apodemus agrarius* (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turk J. Zool.* 24: 225-230.
- Verimli, R., Çolak, E., Yiğit, N., Sözen, M. and Özkurt, Ş. 2001. Blood serum proteins of *Apodemus flavicollis* and *Apodemus hermonensis* (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Turk J. Zool.* 25: 89-92.
- Vohralik, V., Sofianidou, T. and Frynta, D. 1996. Morphological comparison between mainland and insular *Apodemus* (Mammalia: Rodentia) populations from the North Aegean Region. *Vie et Milieu* 46: 375-384.
- Voloch, C.M. and Schrago, C.G. 2012. Impact of the Partitioning Scheme on Divergence Times Inferred from Mammalian Genomic Data Sets. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 8; 207–218.
- Yaltirak, C., Sakinc, M., Aksu, A.E., Hiscott, R.N., Galle, B. and Ulgen, U.B. 2002. Late Pleistocene uplift history along the southwestern Marmara Sea determined from raised coastal deposits and global sea-level variations. *Marine Geology* 190: 283-305.

- Yiğit, N., Verimli, R., Sözen, M., Çolak, E. and Özkurt, Ş. 2000. The Karyotype of *Apodemus agrarius* (Pallas, 1771) (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Zoology in The Middle East* 20: 21-23.
- Yiğit, N., Çolak, E., Sözen, M. and Özkurt, Ş. 2003. A study on the geographical distribution along with habitat aspects of rodent species in Turkey. *Bonner Zoologische Beiträge* 50: 355-368.
- Yiğit, N., Çetintürk, D. and Çolak E. 2017. “Phylogenetic assessment of voles of the Guentheri Group (Mammalia: Microtus) in Turkish Thrace and Western Anatolia”, *The European Zoological Journal*, DOI: 10.1080/24750263.2017.1317041
- Zachos, J., Pagani, M., Sloan, L., Thomas, E. and Billups K. 2001. “Trends, rhythms, and aberrations in global climate 65 Ma to present” *Science*, 292, 5517.
- Zagorodnyuk, I.V., Boyeskorov, G.G. and Zykov, A. 1997. Variation and taxonomic status of the steppe forms of genus *Sylvaemus* (*falzfeini-fulvipectus-hermonensis-arianus*). *Vestn. Zool, Kiev* 31: 37-56.
- Zhang, O., Xia, L., Kimura, Y., Shenbrot, G., Zhang, Z., Ge, D. and Yang, Q. 2012. Tracing the Origin and Diversification of Dipodoidea (Order: Rodentia): Evidence from Fossil Record and Molecular Phylogeny. *Evolutionary Biology*. DOI 10.1007/s11692-012-9167-6
- Zinenko, O., Stümpel, N., Mazanaeva, L., Bakiev, A., Shiryaev, K., Pavlov, A., Kotenko, T., Kukushkin, O., Chikin, Y., Duisebayeva, Nilson, G., Orlov, N. L., Tuniyev, S., Ananjeva, N. B., Murphy, R. W. and Joger, U. 2015. Mitochondrial phylogeny shows multiple independent ecological transitions and northern dispersion despite of Pleistocene glaciations in meadow and steppe vipers (*Vipera ursinii* and *Vipera renardi*). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 84, 85–100.
- Zimmermann, K. 1962. Die Untergattungen der Gattung *Apodemus* Kaup Bonn. *Zool. Beitr.* 13: 198-208.

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Engin SELVİ

Doğum Yeri : Ankara

Doğum Tarihi : 28.05.1984

Medeni Hali : Evli

Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim durumu (Kurum ve Yıl)

Lise : Mehmetçik Lisesi (Yabancı Dil Ağırlıklı) (2002)

Lisans : Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü (2007)

Yüksek Lisans: Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji A.B.D. (2010)

Çalıştığı Kurum

Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2017- Devam ediyor)

Yayınlar (SCI)

Kankılıç, T., Kankılıç, T., Şeker, P. S., Çolak, R., **Selvi, E.**, Çolak, E. 2010. Contributions to the karyology and distribution areas of cytotypes of *Nannospalax leucodon* (Rodentia: Spalacidae) in Western Anatolia. Acta zool. bulg., 62 (2), 161-167.

Şeker., P.O., **Selvi., E.**, Çolak., E. 2016. Karyological and distributional contributions to Turkish rodent fauna (Mammalia:Rodentia) from islands in Aegean and Marmara Sea. Artvin Coruh University Journal of Forestry Faculty, vol: 18, issue:1, pages: 28-35.

Kankılıç, T., Şeker, P. O., Erdik, A. C., Kankılıç, T., **Selvi, E.**, Yiğit, N., Çolak, E. 2018. Determination of genetic variations in the genus *Dryomys* Thomas, 1906 (Rodentia: Gliridae) distributed in Turkey using NADH dehydrogenase1 (*ND1*) gene. Mitochondrial DNA part A, vol. 29, no. 6, 933–942.

Şeker, P. O., **Selvi, E.** Kankılıç, T., Çolak, E. 2018. Geographical distribution pattern of mitochondrial DNA Cytochrome *b* diversity in populations of *Arvicola amphibius*

(Linnaeus, 1758) (Mammalia: Rodentia) in Turkey as determined by PCR-RFLP. Acta zool. bulg., 70 (1), 19-30.

Şeker, P. O., Arslan, A., **Selvi, E.**, Kankılıç, T., Zima., J. 2018. Variation in the conventional and banded karyotypes among populations of *Arvicola amphibius* (L., 1758) (Mammalia: Rodentia) from Turkey. Acta zool. bulg., 70 (2), 147-152.

Hakemli Dergiler

Selvi, E., Kankılıç, T., Şeker, P.O., Çolak., E. 2016: Morphometric analysis of *Nannospalax leucodon* (Nordmann, 1840) with 2n=60 distributed in Central Anatolia. Commun. Fac. Sci. Univ. Ank. Series C, volume 25, number 1-2, pages 33-55.

Ulusal Kongre Sunum

Şeker, P. O., **Selvi, E.**, Yavuz, G., Helvacı, Z., Çolak, E. 2014. Gökçeada, Marmara Adası ve Bozcaada kemirici faunasına katkılar. 22. Ulusal Biyoloji Kongresi.

Şeker, P. O., Kankılıç, T., **Selvi, E.**, Çolak, E. 2014. Türkiye’de Yayılış Gösteren *Arvicola amphibius* (Mammalia:Rodentia) populasyonlarının karyolojik bakımdan incelenmesi. 22. Ulusal Biyoloji Kongresi.

Şeker, P. O., **Selvi, E.**, Kankılıç, T., Çolak, E. 2016. *Arvicola amphibius*’un (Mammalia Rodentia) Türkiye’deki yeni yayılış kayıtları. 23. Ulusal Biyoloji Kongresi.

Selvi, E., Çolak, E., Kankılıç, T., Şeker, P. O., 2016. İç Anadolu’da yayılış gösteren 2n= 60 kromozoma sahip *Nannospalax leucodon* (Nordmann, 1840)’un morfometrik analizi. 23. Ulusal Biyoloji Kongresi.

Şeker, P. O., Çolak, E., Kankılıç, T., **Selvi, E.** 2016. Doğu Karadeniz Bölgesi’nde yayılış gösteren *Terricola* (Mammalia: Rodentia) altcinsinin morfolojik ve morfometrik analizi. 23. Ulusal Biyoloji Kongresi.

Uluslararası Kongre Sunum

Şeker, P. O., Kankılıç, T., **Selvi, E.**, Gözcelioğlu B., Çolak., E. 2014. Morphometric analysis of *Arvicola amphibius* populations from Turkey. 14. Rodens et Spatium, International Conference on Rodent Biology.

Yiğit., N. Çolak., E., Çetintürk D., Şeker, P. O., **Selvi, E.**, Saygılı Yiğit., F. 2014. Mitochondrial Cyt *b* diversity in Turkish specimens of *Meriones tristrami* Rodentia Gerbillinae using RFLP. 14. Rodens et Spatium International Conference on Rodent Biology.

Şeker, P. O., **Selvi, E.**, Kankılıç, T., Çolak., E. 2014. Determination of mitochondrial DNA variations in *Arvicola amphibius* Mammalia Rodentia populations by PCR RFLP. 3. International Molecular Biology and Biotechnology Congress.

Şeker, P. O., Arslan, A., **Selvi, E.**, Kankılıç, T., Zima., J. 2016. Chromosomal variation in *Arvicola amphibius* Mammalia Rodentia populations from Turkey. 5th International Molecular Biology and Biotechnology Congress.

Çolak., R., Çolak., E., Markov., G., Beteş, D., Kankılıç, T., **Selvi, E.**, Yiğit., N. 2016. Phylogenetic relationships among Gliridae (Mammalia:Rodentia) species in Turkey and the Balkan Peninsula inferred from mitochondrial CO1 gene. The 15th Rodens et Spatium.

Mutlu Eyison., H., **Selvi, E.**, Cebesoy., S., Çolak., E., 2017. Rodents as a vector of biological warfare agent and their distribution in Turkey. International CBRN Congress

Kankılıç., T., Şeker., P. O., Altunbaş., D., Kankılıç., T., **Selvi, E.**, Yiğit., N., Çolak., E. 2017. Mitochondrial DNA variations of *Dryomys nitedula* (Mammalia: Rodentia) distributed in Turkey based on 12S ribosomal RNA. XIII. Congress of ecology and environment with International Participation.

Kankılıç., T., **Selvi, E.**, Çelikkilek, H. D., Şeker., P. O., Kankılıç., T., 2017. Determination of the genetic variation in different chromosome races of *Nannospalax* (Rodentia: Spalacidae) from Turkey using 16S rRNA Gene. XIII. Congress of ecology and environment with international partly.

Kankılıç., T., Şeker., P. O., Erdik, A. C., **Selvi, E.**, Kankılıç., T., Çolak., E. 2017. Mitochondrial phylogeny of *Dryomys nitedula* (Mammalia:Rodentia) from Turkey. Ecology symposium 2017.