

T.C.
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HİBRİT BÖLGE, KORUMA VE FİLOCOĞRAFYA BAĞLAMINDA
TÜRKİYE'DEKİ İKİ KİRPİ TÜRÜNÜN (*Erinaceus roumanicus* ve *Erinaceus
concolor*) EVRİMSEL GENETİĞİ: BATI, DOĞU İLE KARŞILAŞIYOR

Metin SİLSÜPÜR

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

SAMSUN
2018

Her hakkı saklıdır.

TEZ ONAYI

Metin SİLSÜPÜR tarafından hazırlanan “**HİBRİT BÖLGE, KORUMA VE FİLOCOĞRAFYA BAĞLAMINDA TÜRKİYE’DEKİ İKİ KİRPI TÜRÜNÜN (*Erinaceus roumanicus* ve *Erinaceus concolor*) EVRİMSEL GENETİĞİ: BATI, DOĞU İLE KARŞILAŞIYOR**” adlı tez çalışması .../.../2018 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı’nda Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

Danışman Prof. Dr. İslam GÜNDÜZ
Biyoloji Anabilim Dalı

Jüri Üveleri

Başkan Prof. Dr. İslam GÜNDÜZ
Biyoloji Anabilim Dalı

Üye Dr. Öğr. Üyesi Oğuzhan Yanar
Biyoloji Anabilim Dalı

Üye Dr. Öğr. Üyesi Murat Karavin
Biyoloji Anabilim Dalı

Yukarıdaki sonucu onaylarım./..../2018

.....
Prof. Dr. Bahtiyar ÖZTÜRK

Enstitü Müdürü

ETİK BEYAN

Ondokuz Mayıs 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.

...../...../2018

Metin SİLSÜPÜR



Aileme,

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

HİBRİT BÖLGE, KORUMA VE FİLOCOĞRAFYA BAĞLAMINDA
TÜRKİYE'DEKİ İKİ KIRPI TÜRÜNÜN (*Erinaceus roumanicus* ve *Erinaceus
concolor*) EVRİMSEL GENETİĞİ: BATI, DOĞU İLE KARŞILAŞIYOR

Metin SİLSÜPÜR

Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. İslam GÜNDÜZ

Pleistosen Buzul Çağı'nda meydana gelen başlıca iklimsel dalgalanmalar, türlerin dağılımını büyük ölçüde etkilemiş ve intraspesifik genetik çeşitlilik üzerinde izler bırakmıştır. Geçmişteki dağılım değişimleri filocoğrafik analizler yardımıyla yeniden yapılandırılabilir. Bu çalışmada, iki kardeş kirpi türü, *Erinaceus roumanicus* ve *Erinaceus concolor* için yürütülen detaylı bir filocoğrafik araştırmasının sonucunu sunmakta ve bu türler arasındaki bir sekonder temas bölgesini ilk defa tanımlamayı hedeflemekteyiz. Hibrit zonlar, popülasyonların genetik yapısı ve dinamikleri, evrimsel ayrışma ve türleşme süreçlerini ve mekanizmalarını anlamak için önemli bilgiler sağlar. Genel olarak, taksonlar arasındaki daha yüksek evrimsel farklılık seviyelerinin üreme izolasyonu ile ilişkili olması çok daha muhtemel olup baskılanmış veya sınırlandırılmış hibridizasyona neden olabilir. Kirpi örnekleri mitokondriyal (mtDNA, 193 birey), Y-kromozom (93 birey), ve nükleer belirteç (*bfibr* intron 7, 175 birey) için analiz ederek temas bölgesinde gen akışının yönünü ve derecesini karakterize edilmesi hedeflendi. mtDNA'nın introgressionu çoğunlukla türler arasındaki temas bölgesiyle sınırlıdır, ancak *E. concolor* mtDNA'nın *E. roumanicus*'a asimetric introgressionu durumunda geniş bir coğrafi aralığı içerir. Nispeten geniş bir karışım alanında hem otozomal hem de mtDNA belirteçlerinin introgressionu, türler arasında seçici olarak nötral hibridizasyona işaret ederken, çok dar bir hibridizasyon alanı, belirteç klinlerindeki kaymalar ve Y-kromozom introgresyonunun neredeyse yokluğu, hareketli bir hibrit bölgeyi destekler ve türler arasındaki erkek mezlere karşı tek yönlü seçimi işaret eder.

Haziran 2018, 135 sayfa

Anahtar Kelimeler: Filogeni, filocoğrafya, popülasyon demografisi, introgression,
hibrit zon, kirpi.

ABSTRACT

Master's Thesis

EVOLUTIONARY GENETICS OF TWO HEDGEHOG SPECIES (*Erinaceus roumanicus* and *Erinaceus concolor*) IN TURKEY WITH PARTICULAR EMPHASIS ON HYBRID ZONE, CONSERVATION AND PHYLOGEOGRAPHY: WEST MEETS TO THE EAST

Metin SİLSÜPÜR

Ondokuz Mayıs University
Graduate School of Sciences
Department of Biology

Supervisor: Prof. Dr. İslam GÜNDÜZ

The major climatic oscillations during Pleistocene Ice Age heavily influenced the distribution of species and left mark on intraspecific genetic diversity. Past range shifts can be reconstructed with the aid of phylogeographical analyses. This study presents the result of a dense phylogeographical survey for two sister hedgehog species, *Erinaceus roumanicus* and *Erinaceus concolor* and try to describe a secondary contact zone between these species for the first time. The genetic structure and dynamics of hybrid zones provide crucial information for understanding the processes and mechanisms of evolutionary divergence and speciation. In general, higher levels of evolutionary divergence between taxa are more likely to be associated with reproductive isolation and may result in suppressed or strongly restricted hybridization. Hedgehog specimens were examined for mitochondrial (mtDNA, 193 individuals), Y-chromosome (93 individuals) and nuclear marker (b fibr intron 7, 175 individuals) and used assignment and cline analysis methods to characterize the extent and direction of gene flow in the contact zone. Introgression of mtDNA is mostly restricted to contact zone between the species, but involves a large geographical range in the case of asymmetrical introgression of *E. concolor* mtDNA into *E. roumanicus*. Introgression of both autosomal and mtDNA markers in a relatively broad area of admixture indicates selectively neutral hybridization between the species, but a very narrow area of hybridization, shifts in marker clines and the quasi-absence of Y-chromosome introgression support a moving hybrid zone and unidirectional selection against male hybrids between the species.

June 2018, 135 pages

Keywords: Phylogeny, phylogeography, population demography, introgression
hybrid zone, hedgehog

ÖNSÖZ ve TEŞEKKÜR

Değerli tez danışmanım **Prof. Dr. İslam GÜNDÜZ**'e yüksek lisans tezimi yazma aşamasında bana karşı göstermiş olduğu yaklaşımı, bilgi, birikim ve tecrübesiyle her zaman yanımda olması ve değerli katkılarını her alanda derinden hissetmiş olmam sebebiyle teşekkürü ve duyduğum minneti ifade etmeyi bir borç bilirim.

Yüksek lisans boyunca desteklerini ve tecrübelerini istisnasız her an aktarmaya gayret gösteren, hem arazi hem de laboratuvar çalışmalarında yardımını bir an olsun esirgemeyen saygıdeğer hocam sayın **Dr. Sadık DEMİRTAŞ**'a en derin saygılarımı ve teşekkürlerimi sunarım.

Yüksek lisans eğitimi boyunca her türlü desteklerini ve yardımlarını gördüğüm, bütün sürecin keyfini, dertlerini, mutluluklarını beraber paylaştığımız değerli arkadaşlarım, **Cengiz NİGİZ, Enes HANÇER, Aykut AYDIN ve Ali TOKATLI** 'ya en derin teşekkürlerimi ve minnetlerimi sunarım.

Bütün bu süreç boyunca manevi desteklerini bir an bile olsa benden esirgemeyen **Tuğçe PEHLİVANLI, Erkan SERİNKAYA, Çağrı KARA, Tolga AL** ve adını sayamadığım tüm arkadaşlarıma teşekkürü bir borç bilirim.

Yüksek lisans eğitimim boyunca maddi manevi desteğini esirgemeyen, sevgisiyle hayat bulduğum **Sevgili Aileme** en derin teşekkürlerimi ve minnetlerimi sunarım.

Bu tez çalışması, **114Z497** proje nolu 1001-Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Projelerini Destekleme Programı kapsamında **TÜBİTAK** tarafından desteklenmiştir.

Haziran, 2018

Metin SİLSÜPÜR

İÇİNDEKİLER DİZİNİ

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
ÖNSÖZ ve TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER DİZİNİ	iv
SİMGELER ve KISALTMALAR	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ	vii
ÇİZELGELER DİZİNİ	x
1. GİRİŞ	1
1.1. <i>Erinaceus</i> Türlerinin Taksonomisi ve Dağılışı.....	1
2. KURAMSAL TEMELLER ve KAYNAK ÖZETLERİ	5
2.1. Genel Bilgiler.....	5
2.1.1.Familya: Erinaceidae.....	5
2.1.2.Alt familya: Erinaceinae	5
2.1.3.Genus: <i>Erinaceus</i>	6
2.2. Literatür	6
2.3. Hibrit Zonlar	11
2.3.1.Hibrit Zonların Tarihçesi.....	11
2.3.2.Hibridizasyonun Evrimsel Etkisi	13
2.3.3.Hibrit Zonlarda Genetik Çeşitlilik Ve Türleşme.....	13
2.3.4.Hibrit Zonlarda Eşeyssel Seçilim Ve Eş Tercihi	14
2.3.5.Hibrit Zonlarda Üreme Bariyerleri.....	15
2.4. Mitokondriyal DNA.....	16
2.4.1.Sitokrom-b (Cyt-b) Gen Bölgesi.....	18
2.5. Y Kromozomu	19
2.6. Beta fibrinojen intron 7 gen bölgesi	19
3. MATERYAL ve YÖNTEM	21
3.1. Örneklerin Elde Edilmesi.....	21
3.2. Örneklerden Toplam DNA Elde Edilmesi.....	21
3.3 Y kromozomunun (DBY intron 4 lokusu) PCR ile çoğaltılması ve Dizi Analizi.....	23
3.4. Mitokondriyal DNA (sitokrom b, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop) bölgelerinin çoğaltılması için kullanılan PCR Stratejileri ve Dizi analizi	23
3.5. Nüklear Beta-Fibrinojen Intron 7 Bölgesinin (<i>b fibr</i> intron 7) PCR yöntemi ile çoğaltılması ve Dizi analizleri	26
3.6. Moleküler Analizler.....	28
3.6.1.Y kromozomunun (DBY intron 4 lokusu) dizilerinin veri matrisinin hazırlanması	28
3.6.2.mtDNA (sitokrom b ve D-loop) verilerinin filogenetik analizleri... ..	28
3.6.3.mtDNA verileri için en iyi baz değişim modelinin belirlenmesi	29
3.6.4.Distance analizi (uzaklık analizi).....	29
3.6.5.Maksimum parsimoni analizi (tutumluluk analizi).....	30
3.6.6.Maksimum likelihood analizi (maksimum olasılık analizi).....	30
3.6.7.Bayesian analizi	30
3.6.8.mtDNA verilerinin demografik tarih analizleri.....	31

3.6.9. DNA tabanlı verilerin popülasyon genetiği analizleri	32
3.6.10. Nükleer Genetik belirteç (<i>bfibr</i> intron 7) dizilerinin veri matrisinin hazırlanması	33
3.6.11. Nükleer Genetik belirteç (<i>bfibr</i> intron 7) haplotiplerinin median-joining network analizi.....	33
3.6.12. Klin Analizleri	33
4. BULGULAR ve TARTIŞMA.....	34
4.1. Y Kromozomu DNA'sına dayalı genetik varyasyonlar.....	34
4.2. Y kromozomu DNA dizilerine dayalı network analizi.....	36
4.3. mtDNA Varyasyonu	37
4.3.1. <i>E. roumanicus</i> 'da mtDNA varyasyonu.....	37
4.3.2. <i>E. roumanicus</i> 'da mtDNA tabanlı filogeni	38
4.3.3. <i>E. roumanicus</i> 'un moleküler filogenisi.....	39
4.3.4. Median joining-network analizi	41
4.3.5. <i>E. roumanicus</i> 'da mtDNA tabanlı popülasyon genetiği parametreleri ve demografik tarihi	45
4.3.6. <i>E. concolor</i> 'da mtDNA varyasyonu.....	53
4.3.7. <i>E. concolor</i> 'da mtDNA tabanlı filogeni (Seçilen baz değişim modeli)	54
4.3.8. <i>E. concolor</i> 'un moleküler filogenisi	54
4.3.9. <i>E. concolor</i> 'da mtDNA tabanlı popülasyon genetiği parametreleri ve demografik tarih	60
4.4. Nükleer DNA Beta-fibrinojen intron 7 bölgesinin Genetik Varyasyonu .	66
4.5. Nükleer <i>bfibr</i> intron 7 Dizi Kompozisyonunu.....	69
4.6. <i>bfibr</i> intron 7 DNA dizilerine dayalı median-joining network analizi .	70
4.7. Batı Doğu ile karşılaşıyor: <i>E. roumanicus</i> - <i>E. concolor</i> arası sekonder hibrit zon	71
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	80
5.1. Sonuç.....	80
5.2. Öneriler	81
KAYNAKLAR.....	84
EKLER	96
EK1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri	97
EK2 <i>E. roumanicus</i> mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi	119
EK3 <i>E. concolor</i> mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi	122
ÖZGEÇMİŞ	136

SİMGELER ve KISALTMALAR

A	Adenin Bazı
AIC	Akaike Bilgi Kriteri (Akaike information criterion)
bç	Baz Çifti (DNA)
<i>bfibr</i>	Beta fibrinojen
BI	Bayes Analizi
C	Sitozin Bazı
CI	Consistency indeksleri
Da	Net nükleotit çeşitliliği
ddH₂O	Deiyonize Distile Su
DNA	Deoksiribonükleik Asit
dNTP	Deoksiribonükleotid Trifosfat
Dxy	Ham nükleotit çeşitliliği
<i>EC</i>	Ani Büyüme Katsayısı
G	Guanin Bazı
<i>H_a</i>	Haplotip çeşitliliği
HKY+G	Hasegawa-Kishino-Yano modeli
<i>k</i>	Ortalama Nükleotid Farklılık Sayısı
KM-2P	Kimura 2 parametre modeli
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
MEGA	Moleküler Evrimsel Genetik Analizi (Molecular Evolutionary Genetics Analysis)
ML	Maximum Olasılık (Maximum Likelihood)
MP	Maximum Parsinomi (Maximum Parsimony)
mtDNA	Mitokondriyal DNA
Myö	Milyon Yıl Önce
nDNA	Nükleer DNA
NJ	Neighbour Joining
PAUP	Parsimoni Kullanarak Filogenetik Analiz
PCR	Polimeraz zincir reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)
RI	Retention Endeksleri
<i>SH</i>	Standart hata
sit b	Sitokrom b
<i>t</i>	Her Bir Nesilde Her Bir Nükleotid Başına Düşen Mutasyon Oranı
T	Timin Bazı
TL	Ağaç uzunluğu
θ_0	Genişleme Öncesindeki Baz Değişim Oranı
θ_1	Genişleme Sonrasındaki Baz Değişim Oranı

ŞEKİLLER DİZİNİ

- Şekil 1.1. *Erinaceus* cinsine ait dört türün dağılış alanları (IUCN, 2018) 2
- Şekil 2.1. Mitokondriyal genom üzerinde sitokrom-*b* geninin yerleşimi göstermektedir (Lagouge vd, 2013). 18
- Şekil 3.1. Tez kapsamında toplanan örnekler ve lokalitelerin haritadaki konumu . 21
- Şekil 3.2. Sekiz *E. roumanicus* örneği için toplam DNA elde edilmesi sonrası yürütülen agaroz jel görüntüsü. Bu örneklerin microvolume spectrometre sonuçları ise şu şekilde belirlenmiştir: DNA konsantrasyonu sırası ile soldan sağa: 109 ng/µl, 109 ng/µl, 111 ng/µl,..... 23
- Şekil 3.3. İlgili mtDNA fragmanının PCR ile çoğaltılmasını ve ardından da dizilenmesini sağlamak için kullanılan stratejiler. Numaralandırma için *E. europaeus*'a ait tüm mtDNA dizisi (Krettek vd, 1995) referans alınmıştır. 24
- Şekil 3.4 1728bç'lik ilgili mtDNA bölgesinin (sitokrom b, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop'un sol tarafı) 14727-E2-H16498 primer çifti ile çoğaltılması sonrası çekilen PCR ürünü agaroz jel görüntüsü. 26
- Şekil 3.5. *bfibr* intron 7 bölgesinin 903 bç'lik kısmının PCR ile çoğaltılması ve 673 bç'lik kısmının dizilenmesi için kullanılan primerler ve strateji..... 26
- Şekil 3.6. 903 bç'lik *bfibr* intron 7 bölgesinin BFIBR1 ve BFIBR2 primer çifti ile çoğaltılması sonrası çekilen PCR ürünü agaroz jel görüntüsü. 28
- Şekil 4.1. DBY4_F ve DBY4_R primerleri kullanılarak bir *E. concolor* bireyinde DBY4 intronunu için elde edilen çift yönlü dizi analizinin kısmi kromatogramı 34
- Şekil 4.2. DBY4_F ve DBY4_R primerleri kullanılarak bir *E. concolor* bireyinde DBY4 intronunu için elde edilen çift yönlü dizi analizinin kısmi kromatogramı 35

- Şekil 4.3. *E.con_Y1* (üst) ve *E.rou_Y1* (alt) haplotipleri arasında sabit hale gelmiş 149. pozisyondaki baz değişimini gösteren kısmi kromatogramı. 36
- Şekil 4.4. Y kromozom DNA haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren median-joining network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansıya doğru orantılıdır. Haplotipleri birbirine bağlayan dallar üzerinde bulunan çizgilerin her biri ilgili pozisyondaki 1 mutasyonel adım..... 37
- Şekil 4.5. *E. roumanicus* türünde mtDNA soyhatları konumlanmasını gösteren harita..... 42
- Şekil 4.6. *E. roumanicus*'da belirlenen mtDNA haplotiplerine dayalı HKY+G baz değişim modeli kullanılarak oluşturulan ML ağacı. Ağaç üzerindeki rakamlar %70'in üzerindeki bootstrap (ML, MP ve NJ) ve posterior olasılık (BI) değerlerini göstermektedir. Ağaç(lar)'ı köklendirmek için 2 *E. concolor* haplotipi dış grup olarak kullanılmıştır..... 43
- Şekil 4.7. *E. roumanicus*'da belirlenen 34 mtDNA haplotipi arasındaki evrimsel ilişkiyi ve 5 soyhattının konumlanmasını gösteren median joining-network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansıya doğru orantılıdır. 44
- Şekil 4.8. *E. roumanicus* türü ve ana soyhatları için mtDNA verisine dayalı olarak yapılan analizlerden elde edilen mismatch dağılım grafikleri. 52
- Şekil 4.9. *E. concolor* türünde mtDNA soyhatları konumlanmasını gösteren harita. 57
- Şekil 4.10. *E. concolor*'da belirlenen mtDNA haplotiplerine dayalı GTR+I+G baz değişim modeli kullanılarak oluşturulan ML ağacı. Ağaç üzerindeki rakamlar %70'in üzerindeki bootstrap (ML, MP ve NJ) ve posterior olasılık (BI) değerlerini göstermektedir. 58
- Şekil 4.11. *E. concolor* 'da belirlenen 86 mtDNA haplotipi arasındaki evrimsel ilişkiyi ve 2 soyhattının konumlanmasını gösteren median joining-network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansıya doğru orantılıdır. 59

- Şekil 4.12. *E. concolor* türü ve Soyhatı 1 için mtDNA verisine dayalı olarak yapılan analizlerden elde edilen mismatch dağılım grafikleri 65
- Şekil 4.13. BFIBR3int ve BFIBR4 primerleri ile *b fibr* intron 7'nin 673bç'lik kısmı çoğaltılan bir olası hibrit bireyde (DUZ_8, Düzce-7, Akçakoca) *E. concolor* ve *E. roumanicus* haplotiplerinin nasıl ayrıldığını gösteren kramatogram. Görüldüğü gibi bu birey pozisyon 201. de hem A (*E. concolor*) hem de G (*E. roumanicus*) bazlarına sahip olup, bu pozisyon ok ile gösterilmiştir..... 66
- Şekil 4.14. Hem türler arası hem de tür içi *b fibr* intron 7 haplotipleri arası evrimsel ilişkiyi gösteren median joining-network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansı ile doğru orantılıdır..... 71
- Şekil 4.15. Yerli *E. concolor* türünün mtDNA'sının asimetric introgresyonunu Y kromozom DNA'sı tiplerinin dağılımıyla birlikte gösteren harita. Metinde bahsedilen sekonder temas bölgesinin konumu devamsız çizgi ile gösterilmektedir..... 75
- Şekil 4.16. Hibridizasyon ve türün birinin dağılışı alınına diğerinin alması ile asimetric mtDNA transferinin nasıl meydana geldiğini gösteren temsili diyagram. İntrogresif hibridizasyon aracılığı ile mtDNA'nın türlerin dağılışı sınırları boyunca nasıl transfer edildiğinin kompozisyonu, küçük daireler ise mtDNA tipini göstermektedir (Wielstra ve Arntzen, 2012'den uyarlanmıştır). 75
- Şekil 4.17. mtDNA için yapılan ön klin analiz sonuçları. Klin merkezi (0 km) tüm genetik belirteçlere bakılarak Zonguldak olarak alınmıştır..... 76
- Şekil 4.18. *b fibr* intron 7 DNA için yapılan ön klin analiz sonuçları. Klin merkezi (0 km.) tüm genetik belirteçlere bakılarak Zonguldak olarak alınmıştır. 77

ÇİZELGELER DİZİNİ

- Çizelge 3.1. mtDNA (sitokrom *b*, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop)'nın çoğaltılması için kullanılan primerler ve PCR stratejisi. 25
- Çizelge 3.2. *bfibr* intron 7 bölgesinin PCR ile çoğaltılması ve dizilenmesi için kullanılan primerler ve strateji..... 27
- Çizelge 4.1. *E. roumanicus* mtDNA verileri için hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri. N, birey sayısı; H, haplotip sayısı; H_d haplotip çeşitliliği; π , pozisyon başına nükleotid çeşitliliği; θ_w , segregasyon gösteren baz bölgesi sayısından hesaplanan nükleotid çeşitliliği; S, segregasyon gösteren baz bölgesi sayısı; k, ortalama nükleotid farklılık sayısı; EC, ani büyüme kat sayısı ve SH, standart hata. 49
- Çizelge 4.2. *E. roumanicus* mtDNA verileri için yapılan nötralite analiz sonuçları. S_s, Strobeck's S; R₂, Ramos-Onsins & Rozas's R₂;..... 50
- Çizelge 4.3. *E. roumanicus* mtDNA verileri için yapılan mismatch analiz sonuçları. T: Yıl olarak günümüz öncesi. θ_0 , ekspansiyondan önceki baz değişim oranı; θ_1 , ekspansiyondan sonraki baz değişim oranı; τ , tau istatistiği, SSD, beklenen ve gözlenen arasındaki kare farklarının toplamı; *rg*, Harpendin's Raggedness indeksi; *t*, $\tau = 2ut$ formülüyle hesaplanan jenerasyon olarak ekspansiyon zamanı, burada $u=2 \mu$, μ mutasyon oranı ve *k* ise DNA dizisinin uzunluğudur. Populasyon ekspansiyon zamanları sabit moleküler saat ve 1.14×10^{-5} değişim/baz/yıl mutasyon oranı varsayılarak hesaplanmıştır. 51
- Çizelge 4.4. *E. concolor* mtDNA verileri için hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri. N, birey sayısı; H, haplotip sayısı; H_d, haplotip çeşitliliği; π , pozisyon başına nükleotid çeşitliliği; θ_w , segregasyon gösteren baz bölgesi sayısından hesaplanan nükleotid çeşitliliği; S, segregasyon gösteren baz bölgesi sayısı; k, ortalama nükleotid farklılık sayısı; EC, ani büyüme kat sayısı ve SH, standart hata. 63

Çizelge 4.5.	<i>E. concolor</i> mtDNA verileri için yapılan nötralite analiz sonuçları. SS, Strobeck's S; R2, Ramos-Onsins & Rozas's; R2.....	63
Çizelge 4.6.	<i>E. concolor</i> mtDNA verileri için yapılan mismatch analiz sonuçları. T: Yıl olarak günümüz öncesi. θ_0 , ekspansiyondan önceki baz değişim oranı; θ_1 , ekspansiyondan sonraki baz değişim oranı; τ , tau istatistiği, SSD, beklenen ve gözlenen arasındaki kare farklarının toplamı; <i>rg</i> , Harpendin's Raggedness indeksi; <i>t</i> , $\tau = 2ut$ formülüyle hesaplanan jenerasyon olarak ekspansiyon zamanı, burada $u=2 \mu k$, μ mutasyon oranı ve <i>k</i> ise DNA dizisinin uzunluğudur. Populasyon ekspansiyon zamanları sabit moleküler saat ve 1.14×10^{-5} değişim/baz/yıl mutasyon oranı varsayılarak hesaplanmıştır.	64
Çizelge 4.7.	PHASE programı tarafından toplam verinin çözülmesi ile belirlenen <i>bfibr</i> intron 7 haplotipleri.	68
Çizelge 4.8.	<i>bfibr</i> intron 7 bölgesi dizileri için <i>Erinaceus</i> türleri arasında gözlenen dizi varyasyonları.	69

1. GİRİŞ

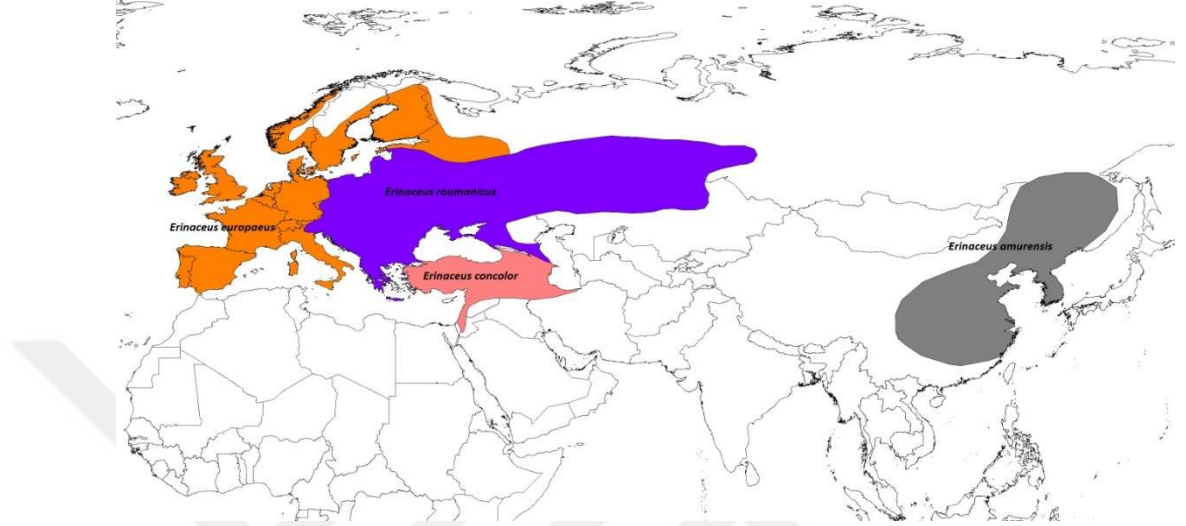
1.1. *Erinaceus* Türlerinin Taksonomisi ve Dağılışı

Kirpiler (*Erinaceus*) gececil, böceklerle beslenen, tarım arazileri ve hatta şehir içlerinde sıklıkla rastlanan memeli hayvanlardır. *Erinaceus* cinsinin dağılım alanı genel olarak Palearktik bölge içerisinde yer alan uygun habitatlardır. *Erinaceus* cinsine ait günümüzde Palearktik'te yaşayan dört tür [*E. europaeus* Linnaeus, 1758 (Batı Avrupa kirpisi), *E. concolor* Martin, 1938 (Ak göğüslü kirpi), *E. roumanicus* Barrett - Hamilton, 1900 (Doğu Avrupa kirpisi) ve *E. amurensis* Schrenk, 1858 (Amur kirpisi)] tanımlanmıştır. *E. amurensis* türü hakkına bilinenler sınırlıdır, diğer üç tür ise Batı Palearktik'te yayılış gösterir (Aulagnier vd, 2009). Dört türün sistematik yeri (Hutterer, 2005) aşağıda verilmektedir.

Alem	: Animalia
Şube	: Chordata
Sınıf	: Mammalia
Takım	: Erinaceomorpha Gregory 1910
Familya	: Erinaceidae
Alt familya	: Erinaceinae
Cins	: <i>Erinaceus</i>
Tür 1	: <i>E. europaeus</i> Linnaeus, 1758
Tür 2	: <i>E. amurensis</i> Schrenk, 1858
Tür 3	: <i>E. concolor</i> Martin, 1938
Tür 4	: <i>E. roumanicus</i> Barrett-Hamilton, 1900

Bu türlerden *E. europaeus* İngiltere'den başlayıp İskandinavya, Baltık Cumhuriyetleri ve Kuzey Rusya'ya kadar Batı Avrupa'nın hemen hemen tamamında; *E. amurensis* Çin ağırlıklı olmak üzere Asya kıtasının doğu kısmında; *E. concolor* Türkiye'nin Anadolu tarafında ve Levant'ta, *E. roumanicus* ise Türkiye'nin Trakya tarafı dahil hemen hemen tüm Doğu Avrupa'da yayılış göstermektedir (Şekil 1.1). Bu

dört türden *E. concolor* ve *E. roumanicus* Türkiye sınırları içerisinde yayılış göstermektedir. Her iki tür de bugün IUCN 2018 (<http://www.iucnredlist.org>) kırmızı tür listesi değerlendirmelerine göre “Least Concern” (LC) yani asgari endişe gerektiren türler kategorisinde yer almaktadır.



Şekil 1.1. *Erinaceus* cinsine ait dört türün dağılış alanları (IUCN, 2018)

Erinaceus cinsi ile ilgili yapılan ilk morfolojik arařtırmalarda kirpi örneklerinin yalnızca tek bir türe ait olduđu (*Erinaceus europaeus* Linnaeus, 1758) belirtilse de bu tek türün çok sayıda alttür ve ırka sahip olduđu belirtilmiřtir (Ellerman ve Morrison-Scott, 1951). Fakat Miller (1912), Dođu Avrupa’da farklı lokalitelerden topladıkları örneklerin Batı Avrupa’dakilerden farklı olduđu belirterek Batı Avrupa örneklerini *Erinaceus roumanicus* Barrett-Hamilton, 1900 olarak isimlendirmiřtir. 1966 yılından itibaren yapılan karyolojik arařtırmalara (Kratochvíl, 1966; Král, 1967; Kryřtufek, 1983; Dođramacı ve Gündüz, 1993) göre *E. europaeus* olarak verilen tüm Dođu Avrupa populasyonlarının *E. concolor* (Martin, 1838) olduđu belirlenerek (Corbet, 1988), Güneydođu Avrupa’da *E. c. roumanicus* Barrett-Hamilton, 1900; *E. c. bolkayi* Martino, 1930; *E. c. drozdovskii* Martino 1933; Anadolu’da ise *E. c. concolor* Martin, 1938; *E. c. transcausicus* Satunin, 1905; Girit adasında *E. c. nesiotus* Bate, 1906; Rodos adasında *E. c. rhodius* Festa, 1914 adıyla farklı *E. concolor* alttürleri tanımlamıřtır.

E. europaeus ve *E. concolor* üzerinde mtDNA’ya dayalı çalıřmalara Anadolu ve Trakya’dan toplanan sınırlı sayıdaki örnekler dahil edilmiř ve bu örneklerin hepsi *E. concolor* olarak deđerlendirmiřlerdir. Arařtırmacılar biri Dođu Avrupa’dan

Trakya'ya, diğzerinin ise Anadolu ve İsrail'e kadar yayılış gösterdiği belirlenmiştir (Santucci vd, 1998). Daha sonraki yıllarda mtDNA ve nDNA tabanlı çalışmalarda ise *E. roumanicus*, *E. concolor*' un alt türü olarak ele alınmış ve soyhatları arasındaki ayrılma zamanını 1,7-2,2 MYÖ olarak belirlemişlerdir. Ayrıca araştırmacı örnek sayısını artırarak Türkiye'den elde edilen örnekleri de dahil edip sitokrom *b* ve D-loop verilerini kıyaslayarak Türkiye'nin batısı ile Kafkas Dağları'nın güney kesimi arasında genetik olarak farklılıkların bulunduğunu vurgulamıştır (Seddon vd, 2001; Seddon vd, 2002). Cinsin filocoğrafyası üzerine yapılan çalışmalarda DQA ve DQB alellerinin dağılımı incelenmiş ve daha önce yapılan mtDNA temelli çalışmalar (Seddon vd, 2001) ile kıyaslanıp Türkiye'de boğazların etkin bir bariyer özelliği taşıdığı vurgulanmıştır (Berggren vd, 2005). Yakın tarihte yapılan DNA tabanlı moleküler çalışmada farklı gen bölgeleri kullanılarak (mtDNA- sitokrom *b*; 12 S rDNA, nDNA-GRH; TTR; RAG 1; BRCA 1; vWF) Palearktık bölgede *Erinaceus* cinsine ait yayılış gösteren dört türün varlığı ortaya konulmuş (*E. concolor*, *E. roumanicus*, *E. europaeus* ve *E. amurensis*) *E. concolor* - *E. roumanicus* arasındaki ayrılma zamanını 0,89 milyon yıl önce (MYÖ) olarak vermişlerdir (Bannikova vd, 2014).

Türkiye'de ise kirpileri üzerine yapılan DNA tabanlı çalışmalarda Anadolu'daki haplotiplerin, Trakya'dakilerden önemli derecede genetik farklılığa sahip olduğu ve Anadolu popülasyonlarını *E. concolor*, Trakya popülasyonlarını ise *E. roumanicus* olarak vermiş ve dolayısı ile Türkiye'de iki türün varlığı ile ilgili ilk moleküler verileri sunmuştur (Tiryaki, 2009). Filocoğrafya yaklaşımı benimsenerek yapılan yakın tarihli çalışmada ise Anadolu popülasyonları *E. concolor* trakya popülasyonları ise *E. roumanicus* olarak verilmiş, Aynı zamanda da *E. roumanicus* türünün Kuzey-Batı Anadolu'da sınırlı bölgede de yayılış gösterdiğini ve hatta bu iki kardeş türün parapatrik olarak dağılış gösterdiği bu bölgede olası karşılaşma alanlarını (hibrit zon) da haritalandırılmıştır. Aynı zamanda araştırmacı Zonguldak ve Sakarya'nın doğusu ile Bolu ve Karabük'ün batısından yapılacak örnekleme için iki tür arasında herhangi bir hibrit oluşumunun var olup olmadığının belirlenmesine önemli katkıların sağlanabileceği vurgulanmıştır (Demirtaş, 2012).

Yapılan filogenetik çalışmalarda (Santucci vd, 1998; Seddon vd, 2001; Seddon vd, 2002; Berggren vd, 2005; Bannikova vd, 2014) *E. roumanicus* ve *E. concolor*'un filogenetik olarak *E. europaeus*'a göre birbirlerine daha yakın olduğu düşünülürse ve farklı kirpi türleri arasında olası bir hibrit zon varsa bunun büyük bir olasılıkla da *E.*

roumanicus ve *E. concolor* arasında olacağı ve bu hibrit zonu bulmak için de bu iki türün doğada bir araya geldiği parapatrik dağılışı alanlarına bakmak gerektiği, böyle bir 'aday' alanın da Kuzey-Batı Anadolu olduğu açıktır.

Doğada *Erinaceus* cinsi için bilinen tanımlanmış herhangi bir hibrit zon bölgesi yoktur. Aynı şekilde Türkiye'de tanımlanmış herhangi bir memeli grubuna ait hibrit zon çalışmasına da literatürde rastlanmamıştır. Bu yönüyle *E. roumanicus* Anadolu popülasyonları ile *E. concolor* popülasyonları arasındaki olası hibrit zonun çalışılması bu yöndeki ilk çalışma olması yönünden önemlidir düşüncesinden yola çıkarak hazırlanan bu tez tek ebeveyn (uniparental) kalıtılan iki belirteç (mtDNA, maternal kalıtım; Y-kromozomu DNA'sı, paternal kalıtım) ve iki ebeveyn (biparental) kalıtılan bir belirteç (beta fibrinojen intron 7 (*bfibr* intron 7)) kullanılarak *E. roumanicus* ve *E. concolor* türlerine ait Türkiye popülasyonlarının genetik yönden araştırılması, bu türlere ait soy hatlarının belirlenerek coğrafik dağılımlarının haritalandırılması, türler ve soyhatları demografik tarihlerinin irdelenmesi, filogenetik ve filocoğrafik değerlendirmeler yapılmasını amaçlamıştır. Ayrıca, çalışılan her bir bireyin bu genetik belirteçler için genotiplendirilmesiyle öncelikle olası hibrit zonun varlığının belirlenmesi, ardından da bu genetik belirteçlerin hibrit zon bölgesinde dağılımının ve böylece iki tür arasındaki genomik sızmaların olup olmadığının belirlenmesi diğer bir amacı oluşturmaktadır. Böylece olası hibrit zonun karakterinin (yapısı, yeri, uzunluğu ve genişliği) nasıl olduğunun net bir şekilde ortaya konulması hedeflenmektedir.

2. KURAMSAL TEMELLER ve KAYNAK ÖZETLERİ

2.1. Genel Bilgiler

2.1.1. Familya: Erinaceidae

Gill'in (1872) çalışmalarından bu yana, *Erinaceidae* familyası evrensel olarak yakın yaşayan akrabaları olmayan ayrı, monofiletik bir takson olarak tanınmaktadır. Soyu tükenmiş Kuzey Amerika familyası *Scenopagidae*'nin (Butler, 1988) yanında *Erinaceomorpha* altındaki tek yaşayan familyadır. Avrupa, Asya ve Afrika'nın sıcak ve tropikal ortamların çölden ormana kadar olan karasal ortamlarında yaşamaktadır. Familya 60 MYÖ Paleosenin ortası ve paleosenden bu yana geçen tüm dönemlerde gözlenmektedir. *Erinaceidae* familyası *Erinaceinae* ve *Galericinae* olmak üzere 2 alt familya içerir. Memelilerin yeni sınıflandırılmasında, ikinci alt familyaya genellikle *Echinosoricinae* denir, ancak *Galerix* ve buna bağlı soyu tükenmiş cins dahil edilirse doğru adı *Galericinae*'dir. (Van Valen, 1967; Gureev, 1979; Rich, 1981). Bu alt familyalar birbirinden oldukça farklı olup her biri monofiletiktir.

2.1.2. Alt familya: Erinaceinae

Palaeartik Bölge'nin büyük bir bölümü, Tayland ve tundra bölgelerinin güneyinde (yalnızca Japonya, Tibet Platosu ve diğer yüksek dağlık alanlar hariç) ve Afrika'nın büyük bir bölümünde (yağmur ormanı hariç) ayrıca Doğu ve Güney Hindistan yarımadasında da dağılım göstermektedir (Corbet, 1988).

Genel olarak *Erinaceus*, *Hemiechinus* ve *Paraechinus* olmak üzere 3 cins tanımlanmıştır. Ancak Gureev (1979), bir cins içinde yalnızca beş türün tanınmasıyla aşırı derecede basitleştirilmiş sınıflandırmayı kullanmıştır (Sokolov, 1973; Zaitsev, 1984).

Paraechinus'u *Hemiechinus*'un sinonimi olarak kullanıp yalnızca *Erinaceus* ve *Hemiechinus*'u cins olarak kabul etmişlerdir. Familyanın genel özelliklerine bakıldığında kas sistemlerinin ve gözün iyi geliştiği dikkat çekmekte ve kuyruğun daima kısa bir ucla sonlandığı gözlenmektedir.

2.1.3. Genus: *Erinaceus*

Batı Avrupa'dan Batı Sibirya'ya, Güneyde İsrail ve İran'a, Doğu Asya'da Amur ve Yangtze vadileri arasına kadar uzanmaktadır. İyi gelişmiş kafatası ve küçük tympanik bullalara sahiptir. Kısa ve boyutu değişen kıllı bir kuyruğa sahip olup boynundaki dikenler alnını geçmemektedir.

2.2. Literatür

Erinaceus (kirpiller) özellikle yakın zamanda yapılmış moleküler tabanlı çalışmalar ışığında Erinaceomorpha Gregory 1910 ordosu içerisinde tek familya olan Erinaceidae familyasına dahil edilen bir cinstir. Bu cinsin dağılım alanı literatürde genel olarak Palearktik bölge olarak verilmektedir (Hutterer, 2005). *Erinaceus* cinsine ait bu zoocoğrafik bölge içerisinde dört farklı tür (*E. europaeus* Linnaeus, 1758, *E. concolor* Martin, 1938, *E. roumanicus* Barrett-Hamilton, 1900 (Doğu Avrupa kirpisi) ve *E. amurensis* Schrenk, 1858 (Amur kirpisi)) ile temsil edilmektedir. Bu dört türden ilk üçü Batı Palearktik'te yayılış gösterirken *E. amurensis* Doğu Palearktik bölgede yayılış gösterir (Aulagnier vd, 2009).

Kirpiller ile yapılan ilk morfolojik çalışmalarda, Türkiye'deki tüm kirpilerin *E. europaeus* olduğu bildirilmiştir (Bennet, 1835). Ancak Martin (1838), 1833- 1835 yılları arasında Anadolu'da farklı lokalitelerden toplanmış örnekleri yeniden değerlendirerek *Erinaceus concolor* adıyla yeni bir tür tanımlamıştır. Bu çalışmadan sonra Türkiye'deki *Erinaceus* cinsi ile ilgili en kapsamlı araştırma Gündüz ve Doğramacı (1993) tarafından yapılan karyolojik ve morfolojik çalışmadır. Bu araştırmacılar, daha önce Martin (1838) tarafından yapılan çalışmayı destekler şekilde Türkiye'deki örneklerin tamamının *Erinaceus concolor* olduğunu belirtmişler ve ayrıca üç farklı alttürün varlığını ortaya koyarak bunların hangi alanlarda dağılım gösterdiklerini de saptamışlardır. Bu çalışmaya göre Anadolu'nun kuzey kesimlerinde *E. c. concolor* (Martin, 1838), Anadolu'nun güneyi ve orta kesimlerinde *E. c. transcaucasicus* (Satunin, 1905), ve Trakya'da *E. c. drozdovskii*'nin (Martino, 1930) varlığını ortaya koymuşlardır. Ayrıca araştırmacılar Trabzon topotip örneklerini morfolojik ve karyolojik olarak ayrıntılı bir şekilde yeniden değerlendirerek Batı Avrupa'dakilerden oldukça farklı olduklarını ancak Doğu Avrupa'dakilere daha benzer olduklarını tespit etmişlerdir.

1996 yılına kadar yapılan morfolojik ve karyolojik çalışmalar *Erinaceus* cinsine ait türlerin kategorisini belirlemeye her ne kadar yardımcı olmuş olsa da bu tarihten sonra yapılan morfolojik (geometrik morfometri), karyolojik (NOR ve C bantlama) ve moleküler ve filocoğrafik tabanlı (allozim, DNA dizileme ve mikrosatellit) çalışmalar cins içerisinde yer alan tüm taksonların taksonomik durumlarını ve coğrafi dağılımlarını daha net bir şekilde ortaya koymuştur (Filippucci ve Simson, 1996; Santucci vd, 1998; Seddon vd, 2001; Bannikova, 2002; Kryštufek, 2002; Bergreen, 2005; Karataş, 2007; Arslan, 2008; Bolfikova 2011; He, 2012).

Kirpilerle ilgili ilk moleküler tabanlı çalışma niteliğinde olan Filippucci ve Simon (1996) çok sayıda Avrupa ve Orta Doğu örneği ile yapmış oldukları allozim çalışmasında Doğu ve Batı Avrupa örneklerinin birbirinden genetik olarak çok farklı olduğunu tespit etmişler ve Batı Avrupa örneklerinin *E. europaeus* L., 1758, Doğu Avrupa, Balkanlar ve Orta Doğu örneklerinin *E. concolor* Martin, 1838 olduğunu net bir şekilde ortaya koymuşlardır. Ancak aynı araştırmacılar Doğu Avrupa ve Balkanlar'daki örnekler ile Orta Doğu örnekleri arasında da genetik farklılıklar olduğunu belirleyerek daha önce farklı araştırmacılar tarafından *E. concolor* olarak değerlendirilen Doğu Avrupa ve Balkanlar'daki örneklerin *E. roumanicus* Barrett-Hamilton, 1900 adıyla farklı bir tür olarak ele alınmasını önermişlerdir.

Kirpilerle ilgili ilk DNA tabanlı çalışma niteliğinde olan Santucci vd (1998) tarafından mitokondrial DNA sitokrom *b* gen bölgesine dayalı çalışmalarında araştırmacılar, sınırlı sayıda (56 örnek) Avrupa ve OrtaDoğu örnekleri ile çalışmışlar ve Filippucci ve Simon (1996) ortaya koyduğu sonuçlarla örtüşen bulgular elde etmişlerdir. Ayrıca araştırmacılar sınırlı sayıda örnekle yapmış oldukları bu çalışmalarında *E. europaeus* ve *E. concolor* ana soyhatlarının ortak atadan ayrılma zamanını tahmin ederek, bu iki ana soy hattının Pliyosenin başında (yaklaşık 5 800 000) ortak bir atadan ayrıldığını ortaya koymuşlardır.

Seddon vd (2001) yaptıkları DNA temelli filocoğrafik çalışmada Santucci vd, (1998) tarafından yapılan çalışmayı daha da genişleterek yeni çıktılar elde etmiştir. Bu çalışmalarında araştırmacılar, Avrupa ve OrtaDoğu'daki lokalite, örnek (273 örnek) ve moleküler belirteç (sitokrom *b*, kontrol bölgesi, beta fibrinojen ve myoglobin intron bölgeleri) sayısını arttırarak bir takım filogenetik, filocoğrafik ve popülasyon analizleri yapmışlardır. Araştırmacıların sonuçları genel hatları ile Filippucci ve Simon (1996) ve Santucci vd (1998) ile aynıdır. Ancak araştırmacılar *E. europaeus*

içerisinde ve *E. concolor* içerisinde bir takım soy hatları tespit etmişler ve bu soy hatlarının dağılım alanları ve birbirinden genetik olarak ne kadar farklılık içerdiklerini ayrıntılı olarak vermeye gayret etmişlerdir. Özellikle hem nükleer hem de mitokondrial DNA belirteçlerinin tamamı *E. concolor* içerisinde iki farklı soy hattının varlığını net bir şekilde ortaya çıkartmıştır. Buna göre Doğu Avrupa ve Balkanlardaki örnekler Anadolu ve İsraildekilerden genetik oldukça farklı olup her ikisinin Filippucci ve Simon (1996) vurguladığı gibi farklı türler olarak ele alınabileceği yinelenmiş ve bu ayırmda Türkiye'deki Çanakkale ve İstanbul Boğazları'nın önemli bir rol aldığı vurgulanmıştır. Yine yapılan bu çalışmada *E. europaeus* ve *E. concolor* arasındaki ayrılma tarihi Santucci vd (1998)'den farklı olarak 3 200 000-4 500 000 (Pliyosen ortaları) olarak belirlenmiş ayrıca *E. concolor* içerisinde verilen Doğu Avrupa ve Orta Doğu soy hatları arasındaki ayrılma tarihi de 1.700.000-2.200.000 (Pleistosen başları) olarak tespit edilmiştir. Bu sonuçlar gerek *E. europaeus* gerekse *E. concolor* içerisinde yer alan soy hatlarının farklı refüjel alanlardan köken aldıklarını işaret etmektedir. Bu alanlar çalışmada Avrupa için İspanya ve İtalya yarımadaı ile Balkanlar iken Orta Doğu, Çin, İsrail ve Türkiye'nin kuzeyi olarak tahmin edilmiştir.

Seddon vd (2002), yaptıkları DNA temelli çalışmada sadece *E. concolor* türünü ele alarak tür içerisindeki soy hatlarını ayrıntılı olarak çalışmışlardır. Bu kapsamda Doğu Avrupa ve Balkanlar ile Transkafkasya ve Orta Doğu örneklerini iki belirteç (sitokrom *b* ve kontrol bölgesi) ile karşılaştırarak bir takım önemli sonuçlar ortaya koymuşlardır. Araştırmacıların bulgularına göre *E. concolor* Filippucci ve Simon (1996) ve Santucci vd (1998) işaret ettiği gibi biri Doğu Avrupa ve Balkanlar ve diğeri Orta Doğu olmak üzere iki soy hattına ayrılmaktadır. Ayrıca araştırmacılar Orta Doğu örneklerinin de iki soy hattına sahip olduğunu belirleyerek Türkiye ve İsrail örneklerinin farklı refüjel alanlardan kolonize olmuş olabileceğini ve buna ilaveten yine *E. concolor* içerisinde Transkafkasya bölgesinde farklı bir soy hattı daha olduğunu ortaya koyarak bunun da farklı bir refüjel alandan kolonize olmuş olabileceğini tespit etmişlerdir. Bunlara ilaveten araştırmacılar Türkiye'deki boğazların türlerin dağılım alanlarının ayrılmasında önemli bir bariyer olduğunu ifade ederek Anadolu'nun kuzeyi ve hatta batısında refüjel alanlar olabileceğini de vurgulamışlardır.

Berggren vd (2005) Seddon vd (2001) tarafından çalışılmış örneklerle farklı bir genetik belirteç kullanarak filocoğrafik bir çalışma yapmışlardır. Bu çalışmalarında

arařtırmacılar MHC (major histocompatibility complex) genindeki iki lokusu (DQA ve DQB) ele almıřlar ve daha önceki moleküler çalıřmalarla bir arada deęerlendirmişlerdir. Arařtırmacılar yine önceki arařtırmacıların bulgularını destekleyici veriler elde etmiş olup, Seddon vd (2001, 2002)'da belirttięi gibi Türkiye'deki boęazların *E. concolor* içerisindeki soy hatlarının ayrılmasında önemli bir bariyer olduęunu ortaya koymuşlardır. Türkiye'de kirpi türleri üzerine moleküler tabanlı ilk kapsamlı çalıřma Tiryaki (2009) tarafından yapılmıştır. Bu arařtırmacı, Türkiye'nin Trakya ve Anadolu kısımlarından seçmiş olduęu lokalitelerden topladıęı örnekler ile mitokondrial DNA kontrol bölgesine dayalı filogenetik bir çalıřma yapmıştır. Arařtırmacı yaptıęı analizlerde Trakya örnekleri ile Anadolu örnekleri arasında genetik olarak bir ayrımın olduęunu Seddon vd (2001) ve Berggren vd (2005)'nin bulgularını destekleyerek Trakya örneklerinin *E. roumanicus* Anadolu örneklerini ise *E. concolor* olarak vermiştir. Ancak özellikle İstanbul ve Çanakkale Boęazı'na yakın yerlerden örnek sayısını arttırıp çok lokuslu moleküler belirteçler kullanarak bu bölgenin ayrıntılı bir şekilde çalıřılması gerektięinin önemini de vurgulamıştır. Ayrıca arařtırmacı Seddon vd (2002) de verildięi gibi Anadolu'da farklı refüjel alanların olabileceęini vurgulamıştır.

Bogdanov vd (2009) Doęu Avrupa'da özellikle *E. europaeus* ve *E. roumanicus* türlerinin doęada parapatric olarak yayılıř gösterdięi bir alanda (Moskova yakınları: Rusya) moleküler temelli kapsamlı bir çalıřma yapmışlardır. Arařtırmacılar *Erinaceus* cinsine ait dört türü mtDNA (sitokrom b) ve nükleer DNA (Transthyretin gen intron 1) DNA dizilerini filogenetik bir aęaç üzerinde karşılařtırmalı olarak göstermişlerdir. Bu çalıřmada Nikolina Gora bölgesinden bir örneğin sitokrom b analizine göre *E. europaeus* ancak Transthyretin gen intron 1 analizine göre *E. roumanicus* olduęunu tespit etmişlerdir. Bu bulgulardan yola çıkarak arařtırmacılar bu örneğin iki tür arasında hibrit bir örnek olabileceęini ifade ederek bunun iki tür arasında moleküler verilerle desteklenen ilk hibridizasyon olayı olduęunu ifade etmişlerdir.

Bolfiková ve Hulva (2011) ise Batı ve Doęu Avrupa'da arasında *E. europaeus* ve *E. roumanicus* türlerinin parapatric olarak yayılıř gösterdięi bir zon tespit ederek bu zonun her iki tarafından çok sayıda örnekle (yaklařık 200 örnek) moleküler temelli (mtDNA kontrol bölgesi ve mikrosatellit) bir çalıřma yapmışlar ancak türler arası bir hibrit zona veya hibridizasyon olayına rastlamamışlardır. Ancak bu çalıřma, türlerin genetik çeřitlilięi ve evrimsel tarihleri konusunda önemli bilgilere iřaret etmektedir.

Türkiye’de bulunan iki kirpi türünün dağılım alanları, yayılış modelleri popülasyon yapısı evrimsel genetiği ve türlerin kolonileşme tarihlerinin belirlenmesi ile ilgili olarak filocoğrafya kavramını ön plana çıkaran en kapsamlı çalışma Demirtaş (2012) tarafından yapılmıştır. Çalışma kapsamında Trakya ve Anadolu’dan toplam 179 örnek (33 *E. roumanicus* ve 146 *E. concolor*) kullanılmış olup, bu örnekler mtDNA (sitokrom *b*) ve nükleer (*b fibr* intron 7) DNA dizi analizleri yönünden karşılaştırılmışlardır. Araştırmacı yukarıda ayrıntılı olarak verilen literatürler ışığında özellikle boğazların her iki yanından ve Türkiye sınırları içerisinde, Transkafkasya bölgesine yakın lokalitelerden örnekleme yapmış sonuç olarak Anadolu popülasyonlarını *E. concolor*, Trakya popülasyonlarını ise *E. roumanicus* olarak vermekle kalmamış aynı zamanda *E. roumanicus* türünün Kuzey-Batı Anadolu’da sınırlı bölgede de yayılış gösterdiğini ve hatta bu iki kardeş türün parapatrik olarak dağılış gösterdiği bu bölgede olası karşılaşma alanlarını (hibrit zon) da haritalandırmıştır. Özellikle Zonguldak ve Sakarya’nın doğusu ile Bolu ve Karabük’ün batısından yapılacak örneklemler iki tür arasında herhangi bir hibrit oluşumunun var olup olmadığının belirlenmesine önemli katkılar sağlayacağını vurgulamıştır. Araştırmacı aynı zamanda Türkiye’nin Kuzeydoğu sınırlarına yakın alanlarda Seddon vd, (2002)’de vurguladıkları soyhattını da tespit etmiştir. Sonuç olarak, bu soy hattı Seddon vd, (2001, 2002) ve Tiryaki 2009’nun Türkiye’de farklı refüjel alanlar olabileceği vurgusuna da önemli katkılar sağlamıştır.

Yakın zamanda *Erinaceus* türleri ile yapılan çalışmalarda genel olarak *E. roumanicus* türü ele alınmaktadır (Stefanovic vd, 2017; Djan vd, 2017; Bolfiková vd, 2017). Bu çalışmalarda özellikle türün yoğun olarak bulunduğu balkanlar ve yakın lokalitelerden örnekler çalışılmıştır. Bu çalışmalarda genel olarak nötral bir belirteç olan mtDNA kullanılmıştır. Bu çalışmalarda bu türün diğer türlerle filogenetik ilişkileri oratya konulmuş ayrıca türün içerisinde yer alan farklı soy hatarı da tanımlanarak türün dağılım alanı içerisindeki olası refüjel alanlar belirlenmeye çalışılmıştır. Bu çalışmalar içerisinde en kapsamlısı (Bolfiková vd, 2017) olup çalışmada mtDNA yanında ayrıca mikrosatellit analizleri de çalışmaya dahil edilmiştir. Yapılan Bayesian koalosent çıkarımı ve nötral testler popülasyon büyüklüğünde bir artışın varlığını ortaya koymuştur. Ayrıca ilk kez orta Avrupa bölgesinde hibrit bir birey tespit edilmiştir. Çalışmanın bir diğer sonucu ise Girit’te düşük genetik çeşitlilik gözlenirken Romanya’da ki bireyler arasındaki genetik uzaklığın yüksek olduğu

belirlenmiştir. Çalışmada yapılan detaylı analizler, parapatri ve peripatrinin aralık genişlemesini sınırlayan tek faktör olmayabileceğini, aynı zamanda türlerin genetik yapısını değiştirebilecek güçlü mikro evrimsel güçleri gösterebileceğini göstermiştir.

2.3. Hibrit Zonlar

Hibrit zonlar genetik olarak farklı popülasyonların, alttürlerin ya da tamamlanmamış üreme bariyerine sahip yakın akraba türlerin doğada karşılaştıkları ve çiftleştikleri, böylece karışım halindeki ata döllerinin meydana getirildiği alanlar olarak tanımlanır (Barton ve Hewitt, 1985; 1989, Harrison, 1990; 1993).

Geçtiğimiz 20 yıl boyunca modern moleküler teknikler devrim yaratmış ve hibrit zonlardaki evrimsel süreci anlamamız için uygulanmıştır. Hatta kriptik türler arasında bile hibridizasyonun yönü ve hızını karakterize etmek günümüzde rutin bir işlem haline gelmiştir. Son 20 yılda hibrit zonlar ile ilgili yapılan çalışmalardaki yayın oranlarının sekiz kat artması ile birlikte zoolojide homoploid türleşmenin oluşup oluşamayacağı ve uzun süredir devam eden tartışmalara çözüm bulmaya yardımcı olmuştur (Schwenk vd, 2008). Bu sürece rağmen çeşitli temel sorular cevapsız kalmıştır. Örneğin biz hala üreme izolasyonunun genetik temelini, eş tanıma ve eş seçim mekanizmasını, hibridizasyonun evrimde ve hayvan yaşamındaki çeşitliliği bakımından ne derece önemli olduğu konusunda hala yeteri kadar bilgiye sahip değiliz (Dowling ve Secor 1997; Schwenk vd, 2008; Randler 2002; Noor ve Feder 2006). Fakat çok sayıdaki memeli taksonunun doğal hibrit zon oluşturduğu ve bazılarının üreme izolasyon mekanizmalarını ve türleşmenin genetiğini anlamak için modeller olduğu gösterilmiş ve memeli hibridizasyonunun ve hibrit zonlarının kapsamlı bir incelemesi yayınlanmıştır (Shrutliff, 2011).

2.3.1. Hibrit Zonların Tarihçesi

20 yy. başlarından beri botanikçiler hibridizasyonu evrimsel değişimin birinci mekanizması olarak düşünürken (Lotsy, 1916; Anderson ve Hubricht, 1938) zoologlar hibridizasyon hakkında şüpheli kalmış ve evrimsel öneminin ötesinde hibridizasyonu türleşmenin son basamağı olarak düşünmüşlerdir (Dobzhansky, 1940, Mayr, 1963). Türler arası hibridizasyonun hayvanlar alemindeki biyolojik çeşitliliğe ne derecede katkıda bulunduğu hala iyi anlaşılmamış olmasına rağmen zoologlar için evrimde

hibritleşmenin yaratıcı bir kuvvet olarak önemli bir rol oynadığı olgusu hem arazi gözlemleri hem de laboratuvar deneyleri ile ikna edici bir veri oluşturmuştur (Arnold, 1997; Dowling ve Secor, 1997; Barton, 2001). 1950'lerin sonunda doğal hibridizasyon birkaç omurgalı sınıfı içinde belgelenmesine rağmen memeli hibridizasyonu ile ilgili yapılan çalışmaların az olması dikkat çekmiştir (Kuşlar-Mayr, 1942; Balıklar-Hubbs, 1955; Sürüngenler-Szymura, 1993). 1970'lerin sonunda doğal olarak meydana gelen hibridizasyon vakası hala azdı ama yaban tavşanları dahil birkaç hibridizasyon çalışması yayınlanmıştır (*Lepus* – Lönnberg, 1905), (*Peromyscus* – Howell, 1921; McCarley, 1954; *Mus* – Ursin 1952; *Spermophilus* – Hall, 1943; *Sorex* – Rudd, 1955; *Odocoileus* – Cowan, 1962; *Cervus* – Murie, 1966; *Thomomys* – Ingles ve Biglione, 1952; Thaeler, 1968).

1970'lerin sonunda rodentler üzerinde yapılan sitolojik araştırmalara bağlı olarak memeli hibrit zonlardaki yayınlar önemli ölçüde artmıştır. Kriptik kromozom ırkları arasında morfolojik tahliller kullanılarak ayırt edilemeyen hibridizasyon gözlemlenebilir duruma gelmiş ve gen akışında herhangi bir düşüştürten üreme izolasyonuna kadar çeşitli sonuçların sabit kromozom farklılıklarına sahip populasyonlar arasında hibritleşmesinden kaynaklanabileceğinin kanıtı sağlanmıştır (Hunt ve Selander, 1973; Capanna vd, 1977; Pembleton ve Baker 1978, Searle, 1993).

Nevo ve Heth (1976) hibrit zonlardaki varyasyondan sorumlu mekanizmayı tanımlamak için *Spalax ehrenbergi*'nin farklı kromozomal ırklarını kullanarak laboratuvarda dişilerin eş tercih deneyini yürütmüşler ve doğal olarak hibritleşmiş bireyleri kullanarak ilk eş tercih deneylerini yapmışlardır. Yoğun bilimsel incelemelere tabi tutulan ilk memeli hibrit zonlarından biride Danimarka Jutland yarım adasının yerli türleri olan *Mus musculus musculus* ve *Mus musculus domesticus* arasındaki hibrit zondur. Yedi enzimatik belirteç kullanılarak 2700 allozim varyasyonu incelenen bu hibrit bölgede bireyler arasında asimetric intogression (gen sızması) varlığını gösterilmiştir (Hunt ve Selander, 1973).

Hibrit zonların moleküler karakterizasyonu ve analizi için model haline gelen bir diğer sistem, 1970'lerden beri yoğun bir şekilde araştırılan Güneybatı Batı Amerika Birleşik Devletleri'ndeki *Thomomys bottae*'dir (Patton, 1993). Araştırmacılar morfolojik ve karyotipik veriler kullanarak beş parapatric temas bölgesinde populasyonlar arasındaki intogression (gen sızması) miktarını bildirmişlerdir. Ayrıca hibrit uyum gücünün populasyondaki genetik kompozisyonunu karakterize ederek F₁

ve F₂ geri çarpazlarının tespit edilebileceğini göstermişlerdir (Patton, 1993). Ayrıca, ilk kez memelilerin hibrit zonlarından gelen veriler Endler' in (1977) nötr difüzyon modeli gibi klin modellerini test etmek için kullanılmıştır. Bazı araştırmacılar ise gen akışı ve seçilim arasındaki denge üzerinde durmuşlardır (Fisher, 1937; Slatkin, 1973, Barton ve Hewitt, 1981).

2.3.2. Hibridizasyonun Evrimsel Etkisi

Populasyonlar arası hibridizasyon kanıtları, hibridizasyonu adaptif evrimi teşvik eden bir mekanizma olarak desteklemeye devam etmektedir (Seehausen, 2004). Teorik olarak hibridizasyonun ya da birçok taksonun birbiri ile çiftleşmesi ve evrimsel yörüngenin etkilenmesi için birçok yol mevcuttur. Hafif bir etki, genetik çeşitliliği artırabilir ve potansiyel olarak çevresel değişim karşısında bir organizmanın adaptif özellikleri artırabilir. Daha dramatik bir etki olarak birbirleriyle etkileşime giren taksonlardan biri genetik olarak yok olabilir, ya da üreme yoluyla ebeveyn türden izole olup yeni bir tür meydana gelebilir (Masembe vd, 2006; McDevitt vd, 2009). Son zamanlarda Seehausen (2004)'in geliştirdiği hipoteze göre hibridizasyon, evrimsel değişimi açıklayan kolaylaştırılmış bir yoldur ve radyasyon etkisiyle türler arası hibridizasyonun artacağını, ikincil temasın yarattığı tüm genotip ve fenotipik varyasyonlarını radyasyonla daha kolay ve hızlı gerçekleştirebileceğini ileri sürmüştür. Henüz hiçbir memeli taksonu radyasyonda test edilmemiş olmasına rağmen balıklar, çiçekler, kuşlar ve böceklerden gelen filogenetik kanıtlar, bu hipotezi destekleyebilir. Memeli hibrit zonları, hibridizasyonu evrimsel değişimin bir mekanizması olarak görev aldığını ve hangi yollarla çeşitlilik göstermede yararlı olduğu kanıtlanmıştır. Örneğin; araştırmacılar coğrafi bariyerler ile birlikte hibridizasyonu günümüze kadar gelen taksonların mevcut coğrafi dağılımını nasıl etkilediğini göstermişlerdir (Good, 2003, Melo-Ferreira, 2005). Diğer çalışmalar ise genetik çeşitliliğin sürekli veya tekrarlayan gen akışı yoluyla devam edebileceği ve korunabileceğini göstermiştir (Pitra, 2002; Wyner, 2002; Masembe, 2006; McDevitt, 2009).

2.3.3. Hibrit Zonlarda Genetik Çeşitlilik Ve Türleşme

Memeli olmayan sistemlerdeki araştırmalar bazı allellerin, hibrit bir bölgede, bölgenin dışındaki spesifik populasyonlardan çok daha yüksek frekanslarda ortaya çıktığı 'nadir

allel' olgusunu ortaya çıkarmıştır. Örneğin; kurbağalar (Sage ve Selander, 1979), çekirge, (Barton, 1983) , salyangoz, (Schilthuizen, 1999). Bu olgu, memeli hibrit zonlarında da doğrulanmıştır. *Peromyscus californicus*'ın iki alt türü arasındaki hibrit zonda iki lokustaki allellerin ebeveyn popülasyonlarına göre 10 ile 20 kat daha yaygın olduğunu ortaya çıkarmıştır (Smith, 1979). *Eulemur albocollaris* ve *E. rufus*'un hibrit zonunda ebeveyn popülasyonlarında belgelenmemiş olan, hibrit popülasyona ait birkaç özel alleli tespit edilmiştir (Wyner vd, 2002). Son zamanlarda, araştırmacılar, iki ev fare alttürü arasındaki hibrit zonda yakalanan bireylerde gen kopyalama sayısı varyasyonlarının değişkenlik oranının arttığını gözlemlemiştir (Scavetta ve Tautz, 2010).

Bu örnekler, hibridizasyonun genetik çeşitliliği geliştirebileceğini ve koruduğunu gösterirken, bu genetik çeşitliliğin ebeveyn popülasyonlarından üreme izolasyonu yoluyla tutulup tutulamayacağı fazla belirgin bir olgu değildir. Başka bir deyişler hibrit zonlardan ortaya yeni bir tür çıkabilir mi? Homoploid hibrit türleşmesinin sağlam kanıtları öncelikle böcekler (Mavárez, 2006) ve balıklara (DeMarais, 1992) ilişkin araştırmalardan gelmektedir. Memelilerde ise hibridizasyon yoluyla ortaya çıkan bir memeli taksonunun ilk kanıtı, *M. musculus*'un alttürlerinde bulunmuştur (Yonekawa vd, 1988). Bu taksonlar arasında sadece spesifik farklılıklar olmasına rağmen, uzun yıllardır bu çalışma, hibridizasyon yoluyla ortaya çıkan bir memeli taksonunun sağlam ve tek kanıtını sunmuştur.

2.3.4. Hibrit Zonlarda Eşeyssel Seçim Ve Eş Tercihi

Eşeyssel seçim, çiftleşme veya dölleme başarısı varyasyonlarından oluşur ve üreme avantajı sağlayan özelliklerin seçilmesine yol açar. Doğal seçimin bu bileşeni, üreme izolasyonunun ve türleşme sürecinin belki de en önemli güç olduğunu düşündürmektedir (Ritchie, 2007). Eşeyssel seçim fikri ilk defa Darwin (1871) tarafından önerildiğinden beri, birçok araştırmacı eşeyssel seçimin çeşitli ekolojik kısıtlamalar altında nasıl işlediğini incelemiştir. Bununla birlikte, 10-15 yıl öncesine kadar eşeyssel seçimin, doğal olarak bulunan hibrit zonlarda nasıl işlev gördüğü sorusu birçok araştırmacının ilgi odağı olmuştur (Butlin ve Neems, 1994; Bergman ve Beehner, 2003). Dişilerde eş tercihi, hibrit zonlarda çeşitliliği yaratmada ve sürdürmede önemli bir rol oynayabilen eşeyssel seçimin tanımlayıcı bir özelliğidir (Bergman ve Beehner, 2003). Dişilerin, tür içi erkek bireylerle çiftleşme eğiliminin tür

dışı erkeklere oranla daha fazla olduğu bilinmekle birlikte dişilerin bu tercihi, hibridizasyon ihtimalini düşüren önemli bir faktördür (Howard, 1993; Coyne ve Orr, 2004). Bununla birlikte, dişi bireylerin eş seçiminde boyut (Patton ve Smith, 1993), yenilik (Bercovitch, 1991), yakınlık (Ricanakova vd, 2007), baskınlık (Huck vd, 1981), parazit yükü (Kavaliers vd, 2003) ve tür içi çiftleşme sıklığı (Wirtz, 1999) gibi çeşitli ekolojik, davranışsal ve fizyolojik ipuçları üzerinde erkek bireyleri seçtikleri gösterilmiştir. Koku duyusu, memelilerde, özellikle rodentlerde, bireyler arası iletişimde oldukça önemlidir (Brown, 1979).

Danimarka'nın Kuzeyinde bulunan Jutland bölgesinde meydana gelen *Mus musculus musculus* x *M. m. domesticus* hibrit zonu üzerine yapılan araştırmalarda, dişilerin tür içi (konspesifik) ve tür dışı (heterospesifik) bireyleri, idrarlarında bulunan üründen (Smadja ve Ganem, 2002; Smadja vd, 2004), ağız sıvılarından (Talley vd, 2001) ayırt ettikleri ortaya çıkarılmıştır. (Bu ayırım, tükürük androjen bağlayıcı proteinin alfa alt birimini kodlayan genin alelik farklılıklarına dayanmakta olup bu gen tarafından üretilen protein kendini tımar sırasında kürk üzerine bırakılır). Benzer birçok çalışmada, *M. m. musculus* dişilerinin, *M. m. domesticus* dişilerine kıyasla daha fazla alt-tür içi (konspesifik) çiftleşme eğiliminde olduğu görülmüştür (Smadja ve Ganem, 2002; Smadja vd, 2004; Ganem vd, 2008). Bu durum, hibrit zonda gerçekleşen üreme karakterindeki değişim ile açıklanmaktadır. Ayrıca eşey seçimi bulguları da, *M. m. musculus* ve *M. m. domesticus* arasındaki asimetric gen akışını desteklemektedir (Dod vd, 1993; Payseur vd, 2004).

Ganem (2008) yaptığı çalışmada hibrit zonun her iki tarafından toplanan erkek bireylerin eş seçimi davranışı bakımından klinal bir varyasyon gösterdiği belirtilmiştir. Christophe ve Baudoin (1998) allozimlerle yaptığı çalışmada klinal varyasyonları karşılaştırmış ve F₁ nesliyle uyum gösterdiğini ortaya koymuştur. *Arctocephalus sp.* cinsi bir fok ile yapılan çalışmada ise dişi bireylerin heterospesifik çiftleşme oranının (diğer dişilere göre) oldukça fazla olduğu ve bu durumun hibrit zondaki uyum gücünün artmasına neden olduğu ile açıklanmıştır (Lancaster vd, 2007).

2.3.5. Hibrit Zonlarda Üreme Bariyerleri

Hibridizasyon her zaman uyum gücünü azaltmazsa da, birçok durumda, hibritlerin uyum gücünün düşük olması dikkat çekmektedir (Arnold, 1997). Üreme izolasyonun

eksikliği ile meydana gelen hibridizasyonun irdelenmesi genellikle uyum gücünü azaltan mekanizmaların saptanmasına izin vermektedir. Araştırmacılar hibrit zonların genetik karakterizasyonunu belirlerken karyotipik, nükleer DNA ve mtDNA belirteçlerini kullanarak bireyler arasındaki çiftleşme ve üreme başarısını belirleyebilmektedirler. Böylesi genetik ve moleküler çalışmalar soylar arası gen akışını arttıran veya azaltan mekanizmalar arasındaki izolasyonun gücüne dair bilgi sağlayan süreçleri ortaya çıkartmaktadır. Cortés-Ortiz vd, (2007) yaptıkları çalışmada, hibridizasyon sonucu meydana gelen bireylerden heterogametik olanların steril olduğunu ortaya koymuştur. *Mus musculus musculus* x *Mus musculus domesticus* hibrit zonu birkaç parçaya bölünüp detaylı analizi yapılmıştır (Payseur ve Nachman, 2005; Good vd, 2008). Bu hibrit zonun genişliğinin oldukça dar olduğu ve belirli gen lokuslarının birbirleriyle uyumlu bir şekilde klinal varyasyon gösterdiği belirtilmiştir. Ayrıca bu hibrit zonda canlı yakalanan *M.m. musculus* ve *M. m. domesticus* bireyleri laboratuvarında çiftleştirme deneyine maruz bırakılmış ve sonuç olarak kısır bireyler ortaya çıkmıştır. (Britton- Davidian vd, 2005). Bu hibrit zonda *M. m. domesticus*'a ait allelerine *M. m. musculus* alttürüne ait bireylerinde gözlenmiştir (Boursot, 1993). Ayrıca eşey kromozomlarında meydana gelen gen akışının otozomal kromozomlara kıyasla daha düşük olduğu belirtilmiştir (Tucker vd, 1992; Dod vd, 1993). X-bağlantılı lokuslarda gözlenen düşük gen sızması (intogression) oranı da, bu kromozom üzerindeki bazı genlerin yüksek seçilim baskısında olduğunu ifade etmektedir (Dod vd, 2005).

Sorex araneus türü için farklı kromozom düzenlemesine sahip bir türdür. Bu nedenle farklı karyotipik formlar arasındaki gen akışının belirlenmesinde kullanılan iyi bir model organizmadır (Rieseberg, 2001). Dağılım gösterdiği Avrasya hattı boyunca farklı düzenlemelere sahip olan (robersonian düzenlenmesi) *S.araneus* türünün bilinen 70 kromozom formu, 13 tane de hibrit zonu tanımlamıştır (Wójcik vd, 2002; Shchipanov ve Pavlova, 2007). Bu hibrit zondaki bireylerin mayoz bölünme sırasındaki hatalar nedeniyle ve düşük uyum gücü sebebiyle düşük üreme başarısı gösterdiği kaydedilmiştir (Capanna vd, 1977).

2.4. Mitokondriyal DNA

Uzunluğu 15.0000- 19.000 bç arasında değişen, çift zincirli halkasal bir yapıda olan mtDNA ökaryotik genomun en iyi bilinen ve karakteristik özellikleri tüm metazoada

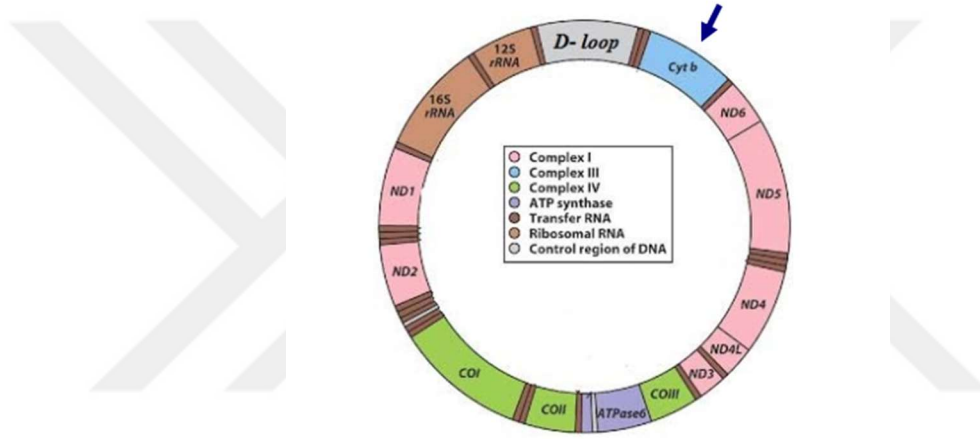
ortak olan bir DNA'dır (Brown, 1985). mtDNA'nın yaklaşık olarak %94' ü kodlama yapmakta olup, transfer RNA (tRNA) genleri, ribozomal RNA (rRNA) ve protein kodlayan genler arasına yerleşmiştir (Bibb vd, 1981). Hayvansal mtDNA çoğunlukla korunmuş, 2 rRNA, 13 protein, 22 tRNA genleri içeren, oldukça yoğun genomlu bir organel DNA'sıdır (Anderson vd, 1981; Chomyn vd, 1985,1986).

mtDNA'nın RNA veya protein kodlaması yapmayan tek bölgesi yaklaşık 879 nükleotitlik olan D-loop (displacement loop) bölgesidir. Bu bölge L ve H zincirlerinin transkripsiyonunu başlatan promotor sekanslarını içerdiği için kontrol bölgesi olarak da bilinir (Clayton, 1984; Attardi, 1985; Cantatorre ve Saccone, 1987). H zinciri (OH) D-loop bölgesindedir, L zinciri (OL) beş tRNA geni arasında bulunmaktadır. mtDNA'da replikasyon ise devamlı, asimetrik ve tek yönlüdür (Clayton, 1982; Moritz vd, 1987). Memeli mtDNA'sının en önemli karakteristik özelliklerinden biri ise hızlı bir şekilde evrimleşmesidir (Brown, 1985). Bu nedenle mitokondriyal DNA populasyonlar ve türler arası evrimsel ilişkiyi belirlemek için kullanılan en önemli belirteçlerden biri haline gelmiştir.

mtDNA'da en yüksek baz değişim oranı D-loop bölgesindedir (Aquadro ve Greenberg, 1983). D-loop memeli mtDNA'sında kodlanmayan tek büyük bölge olup diğer bölgelere nispeten dizi varyasyonu daha fazla olduğu bir bölgedir. D-loop bölgesinin bu özelliğinden dolayı D-loop sekansları çoğu hayvan türleri için türler arası ve tür içindeki ilişkiyi kıyaslamada ve araştırmada iyi bir belirteç olarak kullanılmaktadır (Yamagata ve Namikawa, 1999). Nüklear DNA'ya kıyasla mitokondriyal DNA sadece fonksiyonel olarak gerekli olan proteinleri kodlar ve kodlanmayan bölgeler nadirdir (Roderick ve Holmes, 2006). Yine nüklear DNA'ya kıyasla memelilerde mtDNA mutasyonları 10 kat daha hızlı birikir. Diğer yandan mtDNA'nın gen organizasyonu bakımından küçük bir genom olması, çok sayıda kopyası olup kolay izole edilebilmesi, uniparental kalıtım göstermesi ve evrimsel değişim hızının yüksek olması gibi genel özelliklerinden dolayı populasyon genetiği, sistematik çalışmalar, gen akışı ve hibridizasyon, biyocoğrafya ve çeşitli taksonlar arasındaki filogenetik ilişkilerin araştırılmasında oldukça önemli bir belirteç haline gelmiştir (Roderick ve Holmes, 2006; Bibb vd, 1981; Brown, 1985).

2.4.1. Sitokrom-b (Cyt-b) Gen Bölgesi

Yaklaşık 1140 bç uzunluğunda bir gen bölgesi olan Sitokrom-*b*, mtDNA'daki diğer gen bölgelerine kıyasla protein kodlaması yapar ve filogenetik araştırmalar için önemli bir belirteçtir (Irwin vd, 1991). Kolay evrimleşebilen ve iyi korunan kodon pozisyonlarını içeren sitokrom-*b* geni sistematik problemlerin aydınlatılması için iyi bir belirteçtir. Özellikle, derin filogenetik ilişkileri olan taksonlar arasında sistematik durumun netleştirilmesi adına oldukça avantajlı olan evrensel bir belirteçtir (Meyer ve Wilson, 1990; Irwin vd, 1991; Normark vd, 1991; Cantatore vd, 1989; Lydeard ve Roe, 1997; Kumazawa ve Nishida, 1999).



Şekil 2.1. Mitokondriyal genom üzerinde sitokrom-*b* geninin yerleşimi göstermektedir (Lagouge vd, 2013).

2.5. Y Kromozomu

Memelilerde erkeklik ve dişilik heteromorfik bir kromozom sistemi tarafından belirlendiği bilinmektedir (Aasen ve Medrano, 1990). Heteromorfik olan erkek bireylerde cinsiyet tayini Y kromozom varlığına bağlıdır (Welshons ve Russell, 1959). Memelilerdeki Y kromozomu esasen dejenere olmuş bir X kromozomudur (Graves, 2002). Y kromozomundaki bir çok genin erkek cinsiyeti belirleme ile ilgili özellikleri kazandığı bilinmektedir (Carvaldo ve Santos, 2005). Y kromozomu parental kalıtım göstermekle birlikte atalardan baba yoluyla oğula aktarılmaktadır (Butler, 2003). Y kromozomu PAR (pseudoautosomal region=*yalancı otozomal bölge*) ve MSY (male-specific region of Y) olmak üzere 2 temel bölgeden oluşmaktadır. PAR bölgesi X kromozomu ile rekombinasyona girerken, MSY bölgesi rekombine olmaz sadece erkeğe özgüdür. PAR bölgesinde X ve Y kromozomları arasındaki rekombinasyon varlığı ve buna bağlı olarak bu bölgenin X kromozomuna ait gen kopyalarını taşıması nedeniyle sadece erkek bireylerin döllere yaptığı katkının göstergesi olarak kabul edilmektedir (Burgoyne, 1998; Lahn ve Page, 1999). Ayrıca bu bölge Y kromozomunun %5 lik kısmını oluşturmaktadır. Kromozom uzunluğunun geriye kalan %95 lik kısım ise MYS bölgesidir. Bu bölgede X ve Y kromozomları arasında rekombinasyon nedeni ile olası gen kaybı söz konusu olduğu için Y kromozomuyla ilgi çalışmaların odak noktası çoğunlukla bu bölge üzerinde gerçekleşmektedir. 1990 lı yıllarda insan Y kromozomundan klonlanan, eşey belirlemede aday bir gen olarak kullanılabileceği düşünülen ve SRY (sex determining region of Y) olarak adlandırılan bir gen belirlenmiştir (Sinclair vd, 1990). SRY geni MYS gen bölgesinde bulunan, intron içermeyen, tek bir ekzona sahip olan ve 204 aminoasitlik bir proteini kodlayan genidir. Temel olarak DNA- binding (DNA bağlayan) ve DNA-bending (DNA esneten) bölgelerinden oluşup SRY gen bölgesine erkek cinsiyet belirleme özelliği kazandırdığı bilinmektedir (Giese vd, 1994; Pontiggia vd,1994).

2.6. Beta fibrinojen intron 7 gen bölgesi

Geleneksel olarak paleontoloji, anatomi, davranış ve morfolojik verilerine dayanan omurgalı filogeni çalışmaları, moleküler dizi verilerindeki ilerlemelere bağlı olarak önemli ölçüde artmıştır (Meyer ve Zardoya, 2003). Geçtiğimiz 10 yılda çoğu omurgalı moleküler filogeni çalışmaları mtDNA'nın kodlanmayan gen bölgelerinin DNA

sekans verileri ile ortaya konulmuştur. mtDNA'nın sahip olduğu hızlı mutasyon oranı ile zengin bir belirteç olması taksonlar arasındaki ilişkinin çözümlenmesinde mtDNA'yı kullanışlı bir belirteç haline getirmiştir (Awise, 1994). Ancak mtDNA sadece anneden kalıtıldığı için gen topolojileri tür ağacının sadece bağımsız bir çıkarımını ortaya koymaktadır. Diğer bir deyişle maternal filogeni sadece uniparental model ve gen ağacındaki ilişkilerin evrimsel tahminini sağlar. Soy ağaçlarının değişken (stokastik) doğası nedeniyle tür ağaçlarını doğru bir şekilde yansıtmayabilir (Nei, 1987; Awise, 1989, 1994; Moore, 1995). Biyoteknoloji ve moleküler biyolojideki gelişmeler ile nükleer DNA'nın keşfi ve moleküler belirteçlerin gelişimi filogenetik ağaçlar için daha pratik bir sistemizeyi mümkün hale getirmiştir. Tür ağaçlarının bağımsız tahminleri, herbiri farklı soyhatlarını temsil eden birkaç genin analizi ile elde edilebilir. Böylece mtDNA ve çeşitli nükleer genlerin kullanımı ile daha sağlam bir filogeni oluşturulabilir (Pamilo ve Nei, 1983). Nükleer DNA sekansları mtDNA filogenisinden bağımsız bir şekilde bireylerin ebeveynlerinin genetik hikayesi hakkında bilgi sağlar. Bu nedenden dolayı filogenetik sorunların çözümünde nükleer DNA intronlarından yararlanılmıştır. Nükleer intronlar, exonlara kıyasla nötral olup daha hızlı değişim gösterirler (Baker vd, 2000).

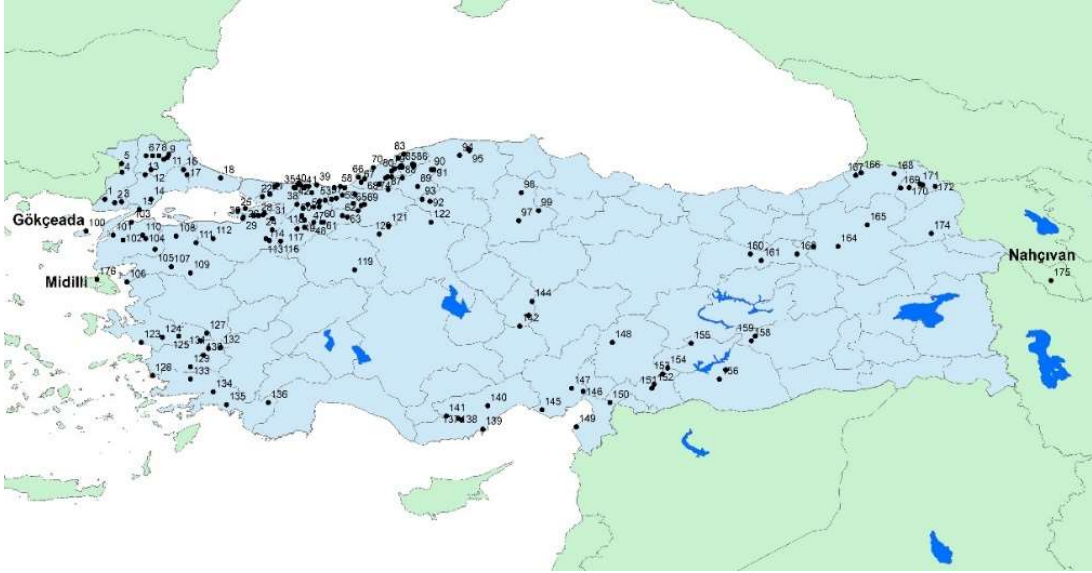
Tipik olarak intronların eksonlara kıyasla daha hızlı evrimleşme oranı yakın zamanda evrimleşmiş taksonların filogenetik analizi için daha uygun olmasını sağlamıştır (Slade vd,1994; Pritchko ve Moore, 2003). İtronlar DNA dizisi evrim modellerini uygulama sürecini karışık hale getiren hem nükleotid hem de indel polimorfizmiyle gelişirler. Bu yüzden devam eden gelişim ve karşılaştırmalı analizler hızla değişen mtDNA genleri ile uyumlu olan ve şuanda uygulanan DNA dizi evrimi modelleriyle uyumlu olan nükleer lokuslar araştırılmaktadır.

mtDNA ve Beta fibrinojen intron 7 verilerine dayanan yakın ilişkili taksonların filogenetik ilişkilerini karşılaştıran yakın tarihli çalışmalar, kombine veriler ile eş zamanlı olarak analiz edildiğinde filogenetik problemlerin çözümünde etkili olduğu ve filogenetik karmaşanın önüne geçmesinde katkıda bulunduğu gözlenmiştir (Pritchko ve Moore, 2000; Johnson ve Clayton, 2000; Godinho vd, 2005; Weibel ve Moore, 2002; Creer vd, 2003; Yu ve Zhang, 2005).

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Örneklerin Elde Edilmesi

114Z497 nolu TUBİTAK projesi kapsamında kullanılan 174 farklı lokaliteden toplam 189 örneğin tamamı yollarda arabalar vb. tarafından kazara ezilen hayvanlardan oluşmaktadır. Bu tez çalışması sırasında hiçbir canlı hayvan kullanılmamıştır. Bu tez kapsamında kullanılan örnekler ait izinler Ondokuz Mayıs Üniversitesi Hayvan Deneyleleri Yerel Etik Kurulu (izin no: 2014-01) ve Orman ve Su İşleri Bakanlığı, Doğa Koruma ve Milli Parklar Genel Müdürlüğü (izin no: 2014-65049)'den alınmıştır. Arazide çalışmaları sırasında toplanan örneklerden mümkün olduğunca az zarar görmüş doku kısımlarının (kas, kuyruk, kulak, tırnak ve diken vb.) alınmasına gayret edilmiştir. Elde edilen materyaller %90'lık etil alkolde ve +4 °C'de muhafaza edilmektedir. Proje sırasında toplanan örneklerin tümünün GPS (Magellan marka-Küresel Konumlama Sistemi) vasıtasıyla konumları derece ve dakika cinsinden alınmıştır.



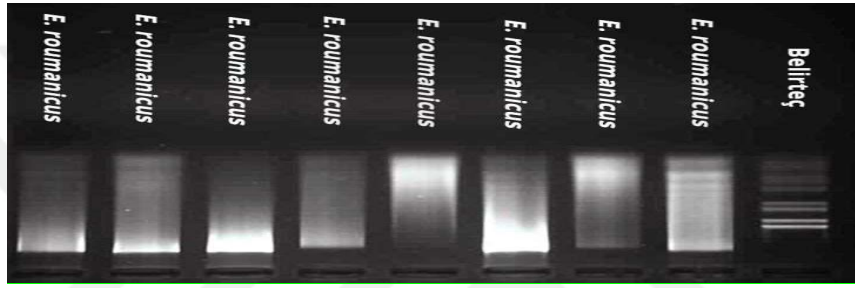
Şekil 3.1. Tez kapsamında toplanan örnekler ve lokalitelerin haritadaki konumu

3.2. Örneklerden Toplam DNA Elde Edilmesi

Tez kapsamında toplanan örneklerden DNA eldesinde “Dneasy Blood & Tissue” DNA izolasyon kiti (QIAGEN) kullanılmıştır. İzolasyon protokolü olarak firmanın

önerdiği '**purification of total DNA from animal tissues**' adlı protokol takip edilmiştir. Buna göre protokol uygulanmadan önce alkol içerisinde korunan doku örneklerinden yaklaşık 25 mg. alınarak, numaralandırılmış steril kap içerisine konulmuş ve etil alkolün uzaklaşması için en az 4-5 dk bekletilmiştir. Alkolde kalmaktan kaynaklanan doku sertleşmesini azaltmak için alkolü uzaklaştırılan örnekler üzerine 2-3 damla steril distile su damlatılmış ve yaklaşık 10 dk daha beklenmiştir. Numaralandırılmış ayrı bir steril kaba alınan yumuşamış doku parçaları steril bisturi yardımıyla çok daha küçük parçalara bölünmüş ve önceden numaralandırılmış 1,5 ml'lik mikrosantrifüj tüplerine aktarılmıştır. Bu işlemlerin yapılmasından sonra dokuların kimyasal olarak parçalanması işlemine geçilmiş ve ilgili protokol uygulanarak toplam DNA izolasyon işlemi tamamlanmıştır. Mikrosantrifüj tüpüne aktarılan doku parçaları üzerine 180 µl ATL tamponu ve 20 µl Proteinaz K eklenerek karışım iyice karıştırılmıştır. Mikrosantrifüj tüpü içerisindeki karışım, parçalanma (lisis) işleminin tamamlanması için yumuşak dokularda (böbrek, kas gibi) 56 °C'de yaklaşık 3 saat; sert dokularda (kuyruk, tırnak, diken gibi) ise 56 °C'de gece boyunca inkübasyona bırakılmıştır. Tüpler, eğer gece boyunca inkübasyona bırakılmamışsa, inkübasyon işlemi esnasında her yarım saatte bir hafifçe karıştırılmıştır; gece boyunca inkübasyona bırakılan tüpler ise inkübasyon sırasında birkaç kez hafifçe karıştırılmıştır. İnkübasyon süresi tamamlanan örnekler oda sıcaklığında yaklaşık yarım saat bekletilmiş ve her bir tüp içerisine 200 µl AL tamponu eklenmiş ve tüpler yeniden karıştırılmıştır. Karışım içerisine 200 µl oda sıcaklığında % 96'lık alkol eklenmiş iyice karıştırılmıştır. Bu işlemler tamamlandıktan sonra mikrosantrifüj tüpü içerisindeki karışım kolon (DNeasy Mini spin column) içerisine aktarılmış ve 8000 rpm'de 1 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminin ardından kolonun alt kısmında bulunan toplama tüpü, içerisindeki sıvı ile birlikte atılmış ve yeni toplama tüpü üzerine kolon yerleştirilmiştir. Kolon içerisine 500 µl AW1 tamponu eklenmiş ve 8000 rpm'de 1 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminin ardından tekrar kolonun alt kısmında bulunan toplama tüpü, içerisindeki sıvı ile birlikte atılmış ve yeni toplama tüpü üzerine kolon yerleştirilmiştir. Bu defa kolon içerisine 500 µl AW2 tamponu eklenmiş ve 13000 rpm'de 3 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj işlemi tamamlandıktan sonra tekrar kolonun alt kısmında bulunan toplama tüpü, içerisindeki sıvı ile birlikte atılmış ve üzerine örnek numarası, tarih gibi bilgilerin yazılı olduğu etiket bulunan yeni mikrosantrifüj tüpü, kolonun alt kısmına yerleştirilmiştir. Son

olarak; kolon içerisine 200 µl AE tamponu ilave edilmiş ve 1 dk oda sıcaklığında inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon süresi tamamlandıktan hemen sonra kolon 8000 rpm'de 1 dk santrifüj edilmiş ve kolon atılarak altındaki mikrosantrifüj tüpü içerisinde biriken sıvı, bundan sonra yapılacak elektroforez ve PCR işlemleri için kısa süreli için +4 °C'de uzun süreli için ise -20°C'de saklanmıştır. Zaman zaman bazı örneklerin DNA eldesinde aşırı degradasyondan dolayı kaliteli DNA'lar elde edilememiş, bu nedenle bu örneklerden birkaç kez DNA izolasyonu denenmiştir. Elde edilen toplam DNA'ların tamamının kalitesi microvolume spectrometre (Colibri) ile kontrol edilmiştir. Kalitesi düşük örnekler (>20ng/µl) ayrıca % 1,25'lük agaroz jel elektroforezi yöntemiyle de görüntülenerek DNA kalitesi kontrol edilmiştir.



Şekil 3.2. Sekiz *E. roumanicus* örneği için toplam DNA elde edilmesi sonrası yürütülen agaroz jel görüntüsü. Bu örneklerin microvolume spectrometre sonuçları ise şu şekilde belirlenmiştir: DNA konsantrasyonu sırası ile soldan sağa: 109 ng/µl, 109 ng/µl, 111 ng/µl,

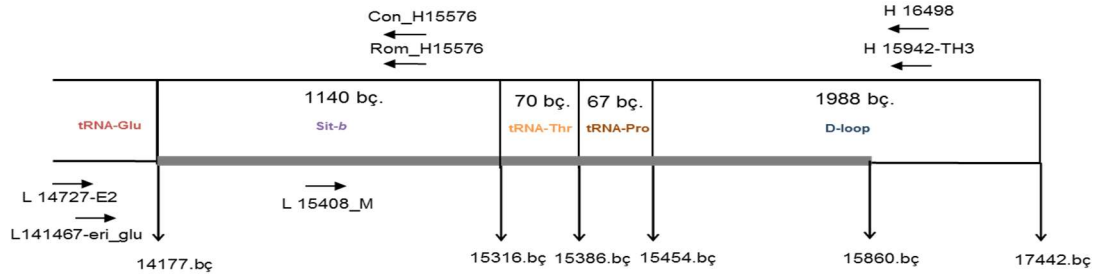
3.3. Y kromozomunun (DBY intron 4 lokusu) PCR ile çoğaltılması ve Dizi Analizi

Farklı lokalitelerden toplanan 93 bireyin Y kromozom üzerinde bulunan intron DBY4 bölgesinin 239 bç'lik kısmı PCR ile başarılı bir şekilde çoğaltılmış ve bunun 208 bç'lik kısmı ise aynı PCR primerleri (DBY4_F ve DBY4_R) ile iki yönlü olarak hizmet alımı karşılığı (Macrogen, Hollanda) dizilenmiştir. Elde elektroferogramlar Sequencher® (Gene Codes, Ann Arbor, MI) programında gözden geçirilerek DNA veri matrisi hazırlanmıştır.

3.4. Mitokondriyal DNA (sitokrom b, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop) bölgelerinin çoğaltılması için kullanılan PCR Stratejileri ve Dizi analizi

Tez kapsamında toplanan 189 örneğin aşağıda belirtilen stratejilere göre PCR analizleri yapılmıştır (Şekil 3.3). Bunun için farklı primer kombinasyonları ile PCR stratejileri denenmiş ve agaroz jel görüntüsü en net olan strateji izlenmiştir. Bu amaçla

141467 eri_glu- H15942_TH3 primer çifti, 141467 eri_glu-H16498 primer çifti ve 14727-E2-H16498 primer çifti ile PCR işlemleri yapılmıştır. Bu üç stratejinin tamamının da iyi reaksiyon verdiği görülmüş ve 14727-E2-H16498 stratejisi en sık kullanılmıştır. Ancak bazı örnekler için zaman zaman diğer stratejiler de kullanılmıştır. Bu primerler vasıtasıyla toplam 1728 bç'lik (sitokrom *b* 1140 bç; tRNA-Thr 70 bç; tRNA-Pro 67 bç; kontrol bölgesi 429 bç) kısmının çoğaltılması hedeflenmiştir. PCR için kullanılan primerler ve PCR programı Çizelge 3.1'de verilmektedir. Elde edilen PCR ürünleri agaroz jel elektroferezi ile görüntülenmiştir (Şekil 3.4.). Aşağıda detayları verilen PCR primerleri, aynı zamanda eksternal dizileme primerleri olarak kullanılmış, ilaveten internal dizileme primerleri olarak ise bu proje kapsamında dizayn edilmiş tür spesifik L15408_M, Rom_H15576 ve Con_H15576 primerleri kullanılmış ve her bir örnek için iki yönde elde edilen elektroferogramlar Sequencher® (Gene Codes, Ann Arbor, MI) programı yardımıyla gözden geçirilerek hizalanmış ve 1678 bç'lik (indel dahil) DNA veri matrisi hazırlanmıştır.



Şekil 3.3. İlgili mtDNA fragmanının PCR ile çoğaltılmasını ve ardından da dizilenmesini sağlamak için kullanılan stratejiler. Numaralandırma için *E. europaeus*'a ait tüm mtDNA dizisi (Krettek vd, 1995) referans alınmıştır.

Çizelge 3.1. mtDNA (sitokrom *b*, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop)'nın çoğaltılması için kullanılan primerler ve PCR stratejisi.

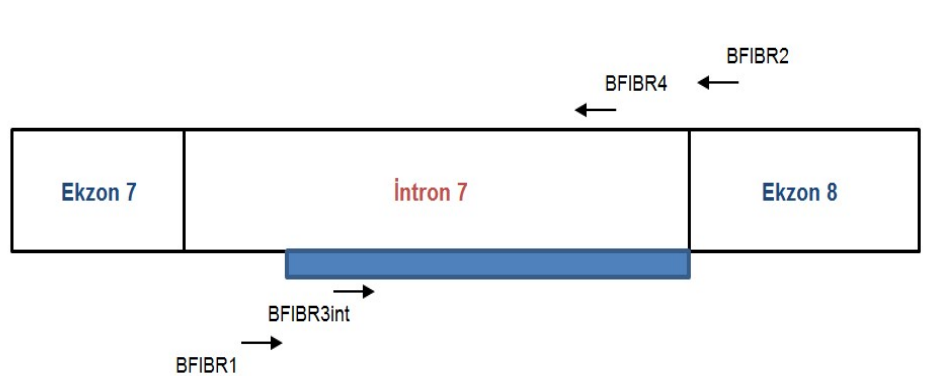
PCR için kullanılan primerler	
L141467 eri_glu	5'GAAAAATCATTGTTGTAACCTCAACT3' (Bannikova vd, 2014)
H15942_TH3	5'CCTGAAGAAAGAACCAGATGTC3' (Bu tez)
14727-E2	5'GATATGAAAAATCATTGTTG3' (Demirtaş, 2012)
H16498	5'CCTGAAGTAGGAACCAGATG3' (Meyer vd, 1990)
Dizileme için kullanılan primerler	
L141467 eri_glu	5'GAAAAATCATTGTTGTAACCTCAACT3' (Bannikova vd, 2014)
14727-E2	5' GATATGAAAAATCATTGTTG 3' (Demirtaş, 2012)
H16498	5'CCTGAAGTAGGAACCAGATG 3' (Meyer vd, 1990)
L15408_M	5'TCTGACAAATCCCATTCCA3' (Bu tez)
Rom_H15576	5'GATCGGAGAATTGCGTAGG3' (Bu tez)
Con_H15576	5'GACCGAAGAATTGCGTAGG3' (Bu tez)
Kullanılan PCR protokolü	Kullanılan PCR programı
ddH ₂ O	1: 95.0°C → 2:00dk
Buffer	2: 95.0°C → 0:40dk
Forward primer: 5 µl	3: 55.0°C → 0:50dk
Reverse primer : 5 µl	4: 72.0°C → 1:30dk
dNTP	5: Adım 2'ye git, 35 defa
MgCl ₂	6: 95.0°C → 0:40dk
Taq polimeraz	7: 50.0°C → 0:50dk
Kalıp DNA	8: 72.0°C → 1:30dk
	9: 4.0°C Soğuma



Şekil 3.4 1728bp'lik ilgili mtDNA bölgesinin (sitokrom b, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop'un sol tarafı) 14727-E2-H16498 primer çifti ile çoğaltılması sonrası çekilen PCR ürünü agaroz jel görüntüsü.

3.5. Nükleer Beta-Fibrinojen Intron 7 Bölgesinin (*bfibr* intron 7) PCR yöntemi ile çoğaltılması ve Dizi analizleri

Nükleer Beta-Fibrinojen Intron 7 Bölgesi'nin 903 bp'lik kısmı BFIBR1 ve BFIBR2 primerleri kullanılarak çoğaltılmıştır (Şekil 3.5; Çizelge 3.2). Elde edilen PCR ürünleri agaroz jel elektroferezi ile görüntülenmiştir (Şekil 3.6). Yapılan birkaç deneme PCR primerlerinin (özellikle de BFIBR1) dizileme için tüm türlerde aynı kalitede çalışmadığını göstermiştir. Bu nedenle iki internal primer (BFIBR3int ve BFIBR4) ya da bir eksternal ve bir internal primer (BFIBR2 ve BFIBR3int) kullanılarak 673 bp.'lik kısmın dizi analizi yapılmıştır. Her bir örnek için elde edilen elektroferogramlar Sequencher® (Gene Codes, Ann Arbor, MI) programı yardımıyla gözden geçirilerek 673 bp'lik DNA veri matrisi hazırlanmıştır.



Şekil 3.5. *bfibr* intron 7 bölgesinin 903 bp'lik kısmının PCR ile çoğaltılması ve 673 bp'lik kısmının dizilenmesi için kullanılan primerler ve strateji.

Çizelge 3.2. *b fibr* intron 7 bölgesinin PCR ile çoğaltılması ve dizilenmesi için kullanılan primerler ve strateji.

PCR için kullanılan primerler	
BFIBR1	5'ATTCAACACGGCATGTTCTTCAG3' (Seddon vd, 2001)
BFIBR2	5'AANGKCCACCCCAGTAGTATCTG3' (Seddon vd, 2001)
Dizileme için kullanılan primerler	
BFIBR2	5'AANGKCCACCCCAGTAGTATCTG3' (Seddon vd, 2001)
BFIBR3int	5'AAAGCATTCCAACCTCTCAG3' (Demirtaş, 2012)
BFIBR4	5'CCAAAACCTGTGTTCTAATTCCA3' (Seddon vd, 2001)
Kullanılan PCR protokolü	Kullanılan PCR programı
ddH ₂ O	1: 95.0°C → 2:00dk
Buffer	2: 95.0°C → 1:00dk
Forward primer: 5 µl	3: 60.0°C → 1:00dk
Reverse primer : 5 µl	4: 72.0°C → 1:00dk
dNTP	5: Adım 2'ye git, 35 defa
MgCl ₂	6: 95.0°C → 1:00dk
Taq polimeraz	7: 60.0°C → 1:00dk
Kalıp DNA	8: 72.0°C → 1:00dk
	9: 4.0°C Soğuma



Şekil 3.6. 903 bç'lik *b fibr* intron 7 bölgesinin BFIBR1 ve BFIBR2 primer çifti ile çoğaltılması sonrası çekilen PCR ürünü agaroz jel görüntüsü.

3.6. Moleküler Analizler

3.6.1. Y kromozomunun (DBY intron 4 lokusu) dizilerinin veri matrisinin hazırlanması

DBY intron 4 lokusu dizileri tür içi varyasyon göstermeyip sadece türler arası varyasyon gösterdiği için her bir erkek bireye ait DBY intron 4 haplotipinin hangi türe özgü olduğu belirlenerek bu bireyin tür düzeyinde ayrımı yapılmış ve her bir türe ait toplam birey sayısı belirlenerek her bir haplotipin frekansını da içerecek şekilde haplotip DNA matrisi hazırlanarak daha sonra yapılan DNA tabanlı analizlerde bu matris kullanılmıştır.

3.6.2. mtDNA (sitokrom b ve D-loop) verilerinin filogenetik analizleri

191 birey (121 *E. concolor* ve 70 *E. roumanicus*)'e ait mtDNA dizileri bir araya getirilerek tüm verilerden oluşan bir DNA matrisi oluşturulmuştur. Bu DNA matrisi referans olarak kullanılan *E. europaeus*'a ait tüm mtDNA dizisi (Krettek vd, 1995, GenBank accession no: X88898)'ndeki 14182. ile 15863. pozisyonlar arasında denk gelmekte olup, indeller dahil 1678 baz çiftinden oluşmaktadır (sitokrom *b* 1140 bç; tRNA-Thr 70 bç; tRNA-Pro 67 bç; D-loop bölgesinin sol tarafı 400 bç). Oluşturulan matris daha sonra kullanılacak programlar için ana dosyalar oluşturmak, farklı haplotipleri ve bunların frekansını belirlemek amacıyla MacClade ver. 4.08 (Maddison ve Maddison, 2000) adlı filogenetik analiz programına aktarılmıştır. Her bir türe ait haplotiplerin belirlenmesinin ardından sadece haplotiplerden oluşan ikinci bir veri matrisi oluşturulmuş ve daha sonraki filogenetik ve populasyon genetiği analizlerinde

bu matris kullanılmıştır. Filogenetik analizler için distance Neighbour Joining-NJ (Saitou ve Nei, 1987), Maksimum likelihood (ML, Felsenstein, 1981), Maksimum parsimoni (MP, Fitch, 1971) ve Bayesian (BI) (Huelsenbeck ve Ronquist, 2001) olmak üzere dört farklı metod kullanılmıştır. Kullanılan bu metodlar ile haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiler değerlendirilmiş ve oluşturulan evrimsel ağaçlar birbiriyle karşılaştırılarak tartışılmıştır. Oluşturulan ağaçlardaki ana dallanma noktalarının istatistiksel olarak hangi oranda desteklendiğini görmek amacıyla bootstrap analizi (Felsenstein, 1985) yapılmıştır. Daha önceki çalışmalara (Bannikova vd, 2014) dayanarak *E. roumanicus* için yapılan filogenetik analizlerde tez kapsamında bulunan 2 *E. concolor* haplotipi (Eco_27 ve Eco_40), *E. concolor* için yapılan filogenetik analizlerde ise yine tez kapsamında bulunan 2 *E. roumanicus* haplotipi (Ero_1 ve Ero_8) dış grup olarak kullanılmıştır. Ayrıca, filogeninin sığ olduğu durumdaki tür içi haplotipler arasındaki ilişkiyi göstermede network metodunu kullanmanın avantajları olduğu gösterildiğinden (Crandall ve Templeton, 1993; Posada ve Crandall, 2001) ve simülasyon çalışmalarının bu metodun genolojinin doğru olarak tahmin edilmesini sağladığından (Cassens vd, 2005; Woolley vd, 2008) yola çıkarak, yukarıda belirtilen bu dört filogenetik metoda ilave olarak, haplotipler arasındaki ilişkiler iki farklı network yaklaşımı ile incelenmiştir. İlk olarak haplotipler arası ilişkiler Network ver. 4.6.1.2 (Bandelt vd, 1999; <http://www.fluxus-engineering.com>) programında yer alan median-joining algoritması kullanılarak incelenmiştir.

3.6.3. mtDNA verileri için en iyi baz değişim modelinin belirlenmesi

Baz değişim modeli uzaklık tabanlı filogenetik analizlerin yürütülebilmesi için dış grup içermeyen (sadece iç grup) haplotip matrisleri jModeltest 2 (Darriba vd, 2012) programına aktarılmış ve Akaike Information Criterion (AICc) (Akaike, 1973; Akaike,1974) model seçim seçeneğinin önerdiği en iyi uyan baz değişim modeli tespit edilmiştir. Daha sonra yapılan filogenetik analizlerde (NJ, ML ve BI) belirlenen bu baz değişim modeli kullanılmıştır.

3.6.4. Distance analizi (uzaklık analizi)

Haplotiplerden oluşan DNA veri matrisi PAUP* ver. 4.0 b10 (Swofford, 2002) filogenetik analiz programına aktarılmış ve en uygun baz değişim modeli kullanılarak Neighbour Joining algoritması altında uzaklık tabanlı evrimsel ağaçlar oluşturulmuştur. Aynı baz değişim modelleri kullanılarak ağaçtaki soy hatlarının

istatistiksel olarak ne kadar desteklendiğini belirlemek amacıyla, 1000 tekrarlı bootstrap analizi yapılmış ve hem dış grup içeren hem de içermeyen matrisler için farklı baz değişim modelleri ile elde edilen ağaçların bootstrap değerleri birbirleri ile karşılaştırılmıştır. Sonuç olarak, en yüksek bootstrap değerine sahip ağaç sunulmak üzere seçilmiştir. Ağaç çizimi için TreeView ver. 1.6.6 (Page, 1996) programı kullanılmıştır.

3.6.5. Maksimum parsimoni analizi (tutumluluk analizi)

Parsimoni analizi PAUP* programında yürütülmüş olup Heuristic araştırma algoritması ve 10 rastgele tekrar seçeneği kullanılarak yapılmıştır. Birden fazla sayıda ve eşit olasılıkta kısa ağaçlar bulunduğu, her bir ağaç için ağaç uzunlukları (*TL*), Consistency indeksleri (*CI*) ve Retention indeksleri (*RI*) belirlenmiş ve bu ağaçların özetini oluşturmak için Strict ve % 50 Majority Rule konsensus ağaçları üretilmiştir. Oluşturulan bu parsimoni ağaçlarındaki ana ve alt kladların istatistiksel olarak ne kadar desteklendiğini görmek amacıyla 10 rastgele tekrar seçeneği ile 1000 tekrarlık bootstrap analizi yapılmıştır. Haplotipler arasındaki filogenetik ilişkileri göstermek için % 50 Majority Rule konsensus ağacı ve bootstrap değerlerini belirten Strict konsensus ağacı gösterilmiştir.

3.6.6. Maksimum likelihood analizi (maksimum olasılık analizi)

Maksimum likelihood analizi her bir veri seti için önerilen uygun baz değişim modeli kullanılarak PhyML ver. 3.0 (Guindon ve Gascuel, 2003) programında parsimoni temelli olarak oluşturulan ağaç, başlangıç ağacı olarak kullanılarak yapılmıştır. ML ağacındaki ana soyhatlarının istatistiksel olarak hangi oranda desteklendiğini belirlemek için 1000 tekrardan oluşan bootstrap analizi yine aynı baz değişim modelleri ve program kullanılarak yapılmıştır. Elde edilen ağaç dosyaları TreeView programında açılarak bootstrap değerleri ağaç üzerinde % olarak gösterilmiştir.

3.6.7. Bayesian analizi

Bayesian analizi her bir veri seti için önerilen baz değişim modeli MrBayes ver. 3 (Ronquist ve Huelsenbeck, 2003) programında yapılmıştır. Bunun için 4 milyon (*E. roumanicus* veri seti) ve 7 milyon (*E. concolor* veri seti) jenerasyondan oluşan 4 Markov Chain Monte Carlo (MCMC) kullanılmış ve ağaçlar her bir yüz nesilde örneklenmiştir. Ağaçların log-likelihood skorları jenerasyon zamanına karşılık

gelecek şekilde grafiklendirilerek 'burn-in periyodu' belirlenmiştir. % 25'lik burn-in ağaçları atıldıktan sonra kalan ağaçlardan % 50 Majority konsensus ağacı oluşturularak posterior probabilities (olasılık) değerleri bu ağaç üzerinde gösterilmiştir. Ağaç çizimi için FigTree ver. 1.1.1 kullanılmıştır (Rambaut, 2008).

3.6.8. mtDNA verilerinin demografik tarih analizleri

Filogenetik analizler ile belirlenen türler ve tür içi ana soyhatlarının geçmişteki demografik şekillenmelerini (örneğin expansion: genişleme, bottleneck: evrimsel darboğaz) test etmek için üç farklı yaklaşım kullanılmıştır: İlk olarak demografik tarihler DnaSP ver. 5 (Librado ve Rozas, 2009) programında hesaplanan ikili nükleotid farklılığındaki mismatch dağılımı kullanılarak incelenmiştir. Buna göre multimodal mismatch dağılımı stabil bir demografik durumu işaret ederken, unimodal bir mismatch dağılımı ani bir genişlemesini/büyümesini işaret eder (Slatkin ve Hudson, 1991). Ayrıca, ani genişleme modeli altında gözlenen ve beklenen verileri karşılaştırmak için Arlequin programında raggedness index- rg (Harpending, 1994) ve beklenen ve gözlenen arasındaki kare farklarının toplamı- SSD (Schneider ve Excoffier, 1999) testleri ile 10000 parametrik bootstrap yapılarak değerlendirilmiştir. Ayrıca, ikili nükleotid farklılığındaki mismatch dağılımı genişleme zamanını hesaplamak içinde kullanılmıştır (Rogers ve Harpending, 1992). Genişleme başlangıcından beri dışı etkili popülasyon büyüklüğündeki (N) değişim genişlemeden beri nesil sayısı zamansal olarak hesaplanmıştır. N_0 büyüklüğüne sahip bir dengeli popülasyon N_1 büyüklüğüne τ birimindeki bir mutasyonel değişimle geçer. Model τ değeri var olan popülasyondaki ikili genetik farklılık karşılaştırılması ile belirlenir. Modelin parametreleri $\theta_0 = 2N_0u$, $\theta_1 = 2N_1u$ ve $\tau = 2ut$ formülleri ile verilir. Burada, θ_0 , genişleme öncesindeki baz değişim oranı; θ_1 , genişleme sonrasındaki baz değişim oranı; t , genişleme olduğundan beri geçen zamanı ve u ise incelenen DNA büyüklüğündeki mutasyon oranıdır. $u = 2\mu k$ olup, burada μ her bir nesilde her bir nükleotid başına düşen mutasyon oranını, k ise incelen DNA fragmentinin büyüklüğünü (yani *E. roumanicus* veri seti için 1673 bç ve *E. concolor* veri seti için 1675 bç) işaret etmektedir. Arlequin programı kullanılarak parametric bootstrap (10 000 tekrar) yaklaşımı ile θ_0 , θ_1 ve τ için güven aralıkları (GA) %95 seviyesinde hesaplanmıştır (Schneider ve Excoffier, 1999). Mutasyon oranı (μ) $1,14 \times 10^{-5}$ değişim/baz/yıl oranı kullanılmış olup, bu değer memeli mitokondri DNA'sı soyhatları arasında milyon yıl başına % 2'lik farklılaşmaya denk gelmektedir (Brown vd, 1985).

İkinci olarak nötralite dengesinden bir sapmanın olup olmadığını belirlemek için Arlequin (10000 simulations) programında Tajima's D (Tajima, 1989), Fu & Li's D^* (Fu ve Li, 1993) ve Fu's F_s (Fu, 1997) testleri yapılmıştır. Büyüklüğündeki değişme aynı zamanda haplotip frekanslarının dağılımında da bir değişime neden olabildiği için, DnaSP programı kullanılarak Strobeck's S istatistiği (Strobeck, 1987) ve R_2 (Ramos-Onsins ve Rozas, 2002) de hesaplanmıştır. Son olarak, segregasyon gösteren baz bölgesi sayısının (S) ve ortalama nükleotid farklılık sayısına (k) bölünmesi ile elde edilen ve ani büyüme katsayısı (EC) olarak ifade edilen değer (Peck ve Congdon, 2004; Von Haeseler vd, 1996) yine DnaSP programı (10000 simulations) kullanılarak hesaplanmıştır.

3.6.9. DNA tabanlı verilerin populasyon genetiği analizleri

Oluşturulan haplotip ve frekansları içeren veri matrisi ilgili genetik analiz programlarına aktararak ilgili DNA bölgesinin dizi kompozisyonu belirlenmiş ve filogenetik analizler ile belirlenen türler ve tür içi ana soyhatları için genetik parametreler hesaplanmıştır. Haplotip çeşitliliği (haplotype diversity: H_d) ve standart hatası (SH) Kimura 2 parametre modeli (KM-2P; Kimura, 1980)'ne göre Arlequin programında; ilgili bölgenin baz kompozisyonu, nükleotid çeşitliliğinin iki ölçüsünden nükleotid çeşitliliği (nucleotide diversity: π) ve standart hatası (SE) KM-2P modeline göre 10000 tekrarlı bootstrap kullanılarak MEGA (Tamura vd, 2011) programında; θ_w değeri (Watterson, 1975) ise ProSeq ver. 3 (Filatov, 2009) programında hesaplanmıştır. Bu parametrelere ilave olarak ayırım gösteren baz bölgesi sayısı (segregating site: S) ve ortalama nükleotid farklılık sayısı (k) DnaSP programı ile belirlenmiştir. Ana soyhatları arasındaki ham nükleotid çeşitliliği (D_{xy} ; Nei, 1987) ve net nükleotid çeşitliliği (D_a ; Nei, 1987) KM-2P modeli kullanılarak MEGA programında hesaplanmıştır. Haplotipler arası ikili genetik uzaklığı ve bunlara karşılık gelen baz değişim sayısını hesaplamak için yine KM-2P modeli ve MEGA programı kullanılmıştır. Soyhatları arasındaki ayrılma zamanını hesaplamak için $T=Da/2\mu$ formülü kullanılmış olup burada 2μ farklılaşma oranı olup, mutasyon oranı (μ) olarak $1,14 \times 10^{-5}$ değişim/baz/yıl oranı kullanılmış olup, bu değer memeli mitokondri DNA'sı soyhatları arasında milyon yıl başına % 2'lik farklılaşmaya denk gelmektedir (Brown vd, 1979).

3.6.10. Nüklear Genetik belirteç (*bfibr* intron 7) dizilerinin veri matrisinin hazırlanması

Nüklear genetik belirteç (*bfibr* intron 7) bölgesinin dizi kompozisyonunun ve sergilemiş olduğu varyasyonu göstermek için bu genetik belirteç için çalışılan örneklerin ham DNA dizileri incelendiğinde bireylerden bazılarının belirli pozisyonlarda iki farklı baz içerdiği yani bu pozisyonlar için heterozigot oldukları belirlenmiştir. Bu durumda her bir bireyde homozigot olanlar için tek, heterozigot olanlar için ise çift DNA dizi dosyası hazırlanmıştır. Daha sonra her bir birey için hazırlanan FASTA formatındaki bu DNA dizileri PHASE ver. 2.1 programına aktararak Bayesian istatistik metodu ile coalenscent teori tahminleri doğrultusunda diploit veriler haploit verilere dönüştürülmüş ve her bir haplotipin frekansı hesaplanmıştır. Analiz esnasında 1000 bootstrap, 10 interval ve 0,90 güven aralığı ve 100 burn-in Markov Chain Monte Carlo simulation'ta kullanılmıştır. Belirlenen *bfibr* intron 7 haplotipleri yeni bir matris haline getirilerek network analizlerinde kullanılmıştır.

3.6.11. Nüklear Genetik belirteç (*bfibr* intron 7) haplotiplerinin median-joining network analizi

Nüklear genetik belirteç (*bfibr* intron 7) verilerinin çok sınırlı oranda bir varyasyon sergilemesi nedeniyle çok detaylı filogenetik analizler yapılmamış, bunun yerine belirlenen haplotipler ve bunların frekansları Network ver. 4.6.1.2 (Bandelt vd, 1999; <http://www.fluxus-engineering.com>) adlı programa aktararak median-joining network oluşturulmuş ve haplotiplerin oluşturduğu gruplar (türler) arasındaki ilişki bu networklar üzerinden değerlendirilmiştir

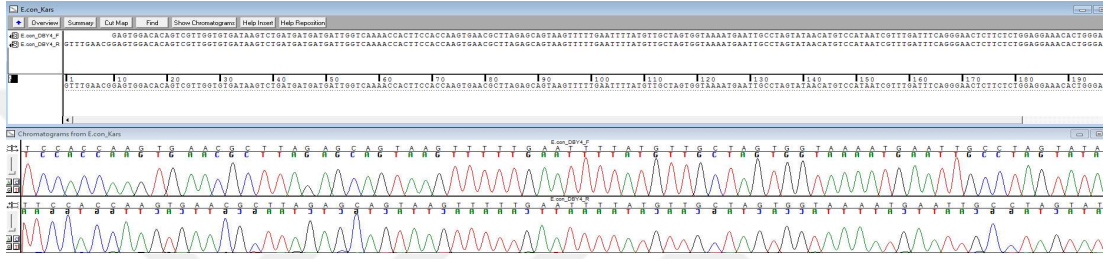
3.6.12. Klin Analizleri

Her bir bireyin tüm genetik belirteçler için genotiplenmesinin tamamlanmasının ardından olası hibrit bireyler belirlenerek bu hibrit bireylerin elde edildiği lokaliteler belirlenmiş ve olası hibrit zon merkezi tahmin edilmeye çalışılmıştır. Bu merkezin belirlenmesinin ardından Batı ve Doğu yönünde bir hat boyunca diğer örneklem lokalitelerinin bu noktaya olan mesafeleri km olarak ölçülmüş ve her bir örneklem alanındaki bireylerin her bir genetik frekansları hesaplanmış ve Microsoft Excel programı kullanılarak klin grafikleri çizilmiştir.

4. BULGULAR ve TARTIŞMA

4.1. Y Kromozomu DNA'sına dayalı genetik varyasyonlar

96 bireyin (52, *E. concolor*, 41 *E. roumanicus*, 2 *E. europaeus* ve 1 *E. amurensis*) Y kromozom üzerinde bulunan intron *DBY4* bölgesinin 239 bç'lik kısmı PCR ile başarılı bir şekilde çoğaltılmış ve bunun 208 bç'lik kısmı ise aynı PCR primerleri (*DBY4_F* ve *DBY4_R*) ile iki yönlü olarak dizilenmiştir (Şekil 4.1).

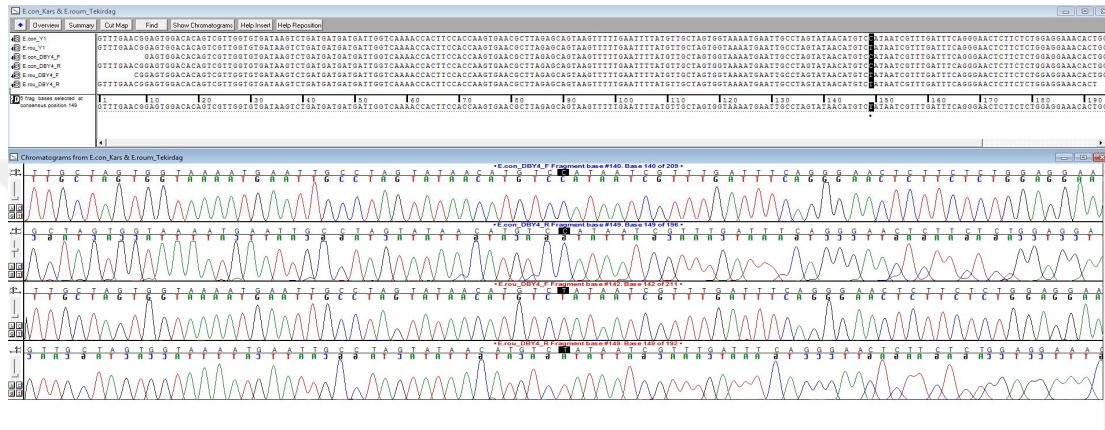


Şekil 4.1. *DBY4_F* ve *DBY4_R* primerleri kullanılarak bir *E. concolor* bireyinde *DBY4* intronunu için elde edilen çift yönlü dizi analizinin kısmi kromatogramı

DNA dizileri incelenmiş, tür içi ve türler arası genetik farklılıklar ortaya konulmuştur. Bu amaçla farklı lokalitelerden 52 erkek *E. concolor* bireyi (Türkiye *E. roumanicus* için ise Türkiye'nin farklı lokalitelerinden toplanan 41 erkek birey kullanılmıştır. Ayrıca, tez kapsamında çalışılan bu iki kirpinin kullanılan Y-kromozomu genetik belirteci ile bir birinden net olarak ayrılıp ayrılmadığını görmek için koleksiyonumuzda dokuları bulunan diğer iki türe ait *E. europaeus* için 2 erkek birey ve *E. amurensis* için 1 erkek birey *DBY4* intron analizine dahil edilmiştir. Böylece tez kapsamında çalışılan örnek sayısı toplamda 96 birey olmuştur.

EK1-Tablo 1 belirtildiği gibi, incelenen tüm *E. concolor* erkeklerinin tek tip (E.con_Y1) *E. roumanicus* erkellerini de yine tek tip (E.rou_Y1) Y-haplotipine sahip oldukları bulunmuştur. Diğer bir ifade ile her iki türde de belli tek tip Y- haplotipi sabit hale gelmiştir. E.con_Y1 ve E.rou_Y1 haplotipleri birbirinden tek bir baz değişimi ile ayrılmaktadır. Bu baz değişimi 218 bç uzunluğundaki fragmentin 149. pozisyonuna denk gelmekte olup, bu pozisyonda E.con_Y1 haplotipi 'C' E.rou_Y1 ise 'T' taşımaktadır (Şekil 4.2).

E. concolor için incelenen 2 erkek bireyin tek tip (E.eur_Y1) *E. europaeus* için incelenen 1 erkeğinde yine tek tip (E.amu_Y1) *E. amurensis* Y-haplotipine sahip oldukları bulunmuştur. Dört *Erinaceus* türüne (*E. concolor*, *E. roumanicus*, *E. europaeus* ve *E. amurensis*) ait Y- haplotiplerinin hizalanması ile oluşturulan kontig incelendiğinde, her bir türe ait haplotipin birbirinden tek pozisyonda (bir mutasyonel adım) ayrıldığı, herşeyden önemlisi de 149. pozisyonadaki baz değişiminin E.con_Y1 ve E.rou_Y1 haplotiplerini tür düzeyinde ayıran karakter durumları olduğu doğrulanmıştır.

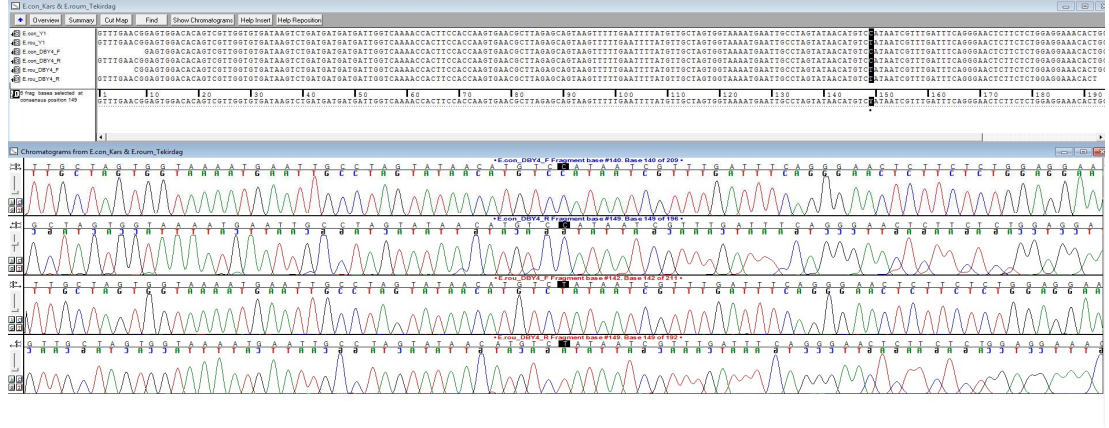


Şekil 4.2. DBY4_F ve DBY4_R primerleri kullanılarak bir *E. concolor* bireyinde DBY4 intronunu için elde edilen çift yönlü dizi analizinin kısmi kromatogramı

DNA dizileri incelenmiş, tür içi ve türler arası genetik farklılıklar ortaya konulmuştur. Bu amaçla farklı lokalitelerden 52 erkek *E. concolor* bireyi, *E. roumanicus* için ise Türkiye'nin farklı lokalitelerinden toplanan 41 erkek birey kullanılmıştır. Ayrıca, tez kapsamında çalışılan bu iki kirpinin kullanılan Y-kromozomu genetik belirteci ile bir birinden net olarak ayrılıp ayrılmadığını görmek için koleksiyonumuzda dokuları bulunan diğer iki türe ait *E. europaeus* için 2 erkek ve *E. amurensis* için 1 erkek de DBY4 intron analizine dahil edilmiştir. Böylece tez kapsamında çalışılan örnek sayısı toplamda 96 birey olmuştur.

EK1-Tablo 1 belirtildiği gibi, incelenen tüm *E. concolor* erkeklerinin tek tip (E.con_Y1) *E. roumanicus* erkellerini de yine tek tip (E.rou_Y1) Y-haplotipine sahip oldukları bulunmuştur. Diğer bir ifade ile her iki türde de belli tek tip Y- haplotipi sabit hale gelmiştir. E.con_Y1 ve E.rou_Y1 haplotipleri birbirinden tek bir baz değimi ile ayrılmaktadır. Bu baz değişimi 218 bç uzunluğundaki fragmentin 149. pozisyonuna

denk gelmekte olup, bu pozisyonda E.con_Y1 haplotipi ‘C’ E.rou_Y1 ise ‘T’ taşımaktadır (Şekil 4.3).



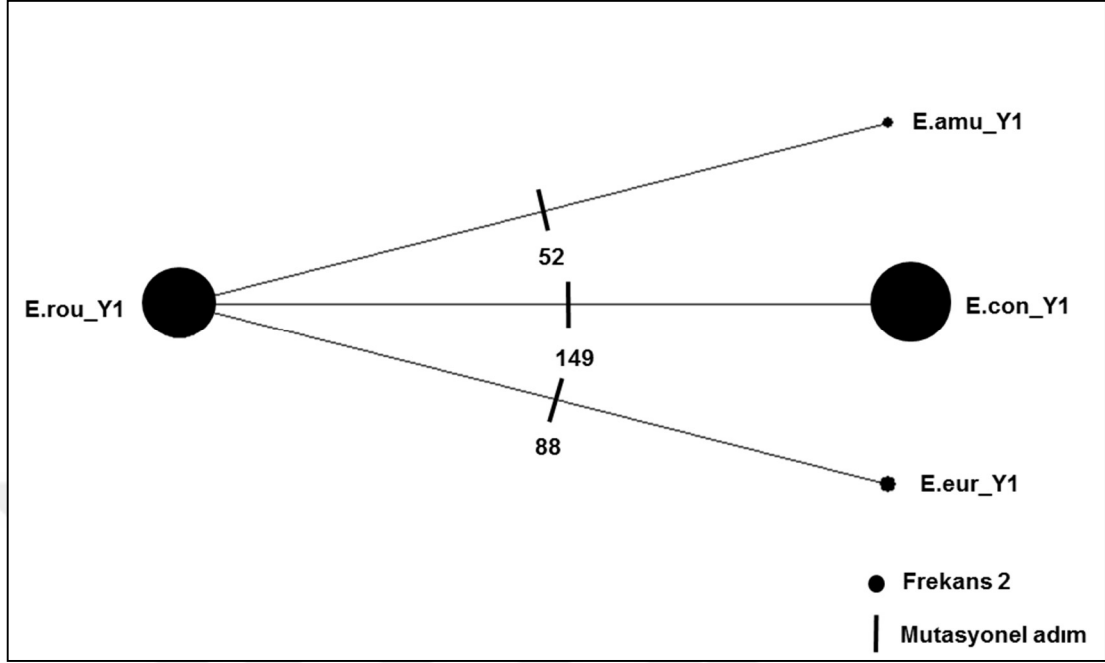
Şekil 4.3. E.con_Y1 (üst) ve E.rou_Y1 (alt) haplotipleri arasında sabit hale gelmiş 149. pozisyonundaki baz değişimini gösteren kısmi kromatogramı.

4.2. Y kromozomu DNA dizilerine dayalı network analizi

Y kromozomu haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkiyi daha iyi yansıtabilmek için oluşturulan median-joining network Şekil 4.4’de gösterilmektedir. Y kromozomu haplotipleri için oluşturulan median-joining networku incelediğimizde bunun bir yıldız benzeri filogeni oluşturduğu, *Erinaceus* cinsine ait 4 türün (*E. concolor*, *E. roumanicus*, *E. europaeus* ve *E. amurensis*) net bir biçimde ayrıldığı görülmektedir. Yıldız benzeri bu networkta *E. roumanicus* türünde tespit edilen E.rou_Y1 haplotipi ortada konumlanmakta ve diğer türlerden *E. concolor*’a ait E.con_Y1 haplotipi 149. pozisonda, *E. europaeus*’a ait E.eur_Y1 haplotipi 88. pozisyonunda ve *E. amurensis*’e ait E.aum_Y1 haplotipi ise 52. pozisyonunda E.rou_Y1 haplotipinden birer adımlık mutasyonel farklılık göstermektedir.

Kalıtım şekli (sadece baba tarafından), etkili popülasyonu büyüklüğü (n) ve yavaş mutasyon hızının Y-kromozomunun karakteristiği olduğu düşünülürse, hem türler arası hem de cinsler arası az sayıda pozisyon farklılığının bulunmuş olması normaldir. Ancak, bu çalışmanın ana konusunu 2 tür (*E. concolor*, *E. roumanicus*) oluşturduğundan ve amaç aynı lokalite, yakın iki lokalite ya da uzak iki lokaliteden elde edilmiş iki bireyin bu iki türden hangisine ait olduğunun Y-kromozom temelli moleküler teşhisi olduğundan, kullanılan DBY4 intronu bu amaca tam hizmet etmiş olup, herhangi bir bireye ait DNA’nın 149. pozisyonuna (C veya T bazı) bakarak

bunun hangi tip haplotip (E.con_Y1 ya da E.rom_Y1) olduğu ve dolayısı ile ilgili türün moleküler teşhisi kesin olarak yapılabilmektedir.



Şekil 4.4. Y kromozom DNA haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren median-joining network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansı ile doğru orantılıdır. Haplotipleri birbirine bağlayan dallar üzerinde bulunan çizgilerin her biri ilgili pozisyondaki 1 mutasyonel adım.

4.3. mtDNA Varyasyonu

4.3.1. *E. roumanicus* 'da mtDNA varyasyonu

Tez kapsamında çalışılan 70 *E. roumanicus* bireyine ait mtDNA dizleri bir araya getirilerek oluşturulan DNA veri matrisi (1673 bç, (sitokrom *b*, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop)'nin analizi sonucunda toplamada 34 haplotip (Ero_1-Ero_34) belirlenmiş olup, bu haplotipler 1673 bç'lik haplotip veri matrisinde 42 pozisyonda varyasyon göstermektedir. Bu 42 değişken pozisyonun 27 tanesi parsimonik olarak bilgi içermekte ve 15 tanesi ise singleton pozisyonudur. Varyasyon gösteren 42 pozisyondan 27 tanesi 1140 bç'lik sitokrom *b* geni içerisinde yer almakta olup, bunlardan 17 pozisyon parsimonik olarak bilgi içermekte, 10 tanesi ise singleton pozisyonudur. 27 pozisyondan 22 tanesi sinonim olan 5 tanesi ise sinonim olmayan aminoasit değişimi ile sonuçlanmaktadır. 34 mtDNA haplotip arası Kimura 2 Parametre tabanlı genetik uzaklık matrisi EK2-Tablo 2'de özetlenmektedir. Tablo incelendiğinde haplotipler arasında sadece indel yönünden farklılık gösteren ve aralarındaki genetik uzaklığın %

0 olduğu 8 haplotip (Ero_1-5, Ero_2-3, Ero_12-23 ve Ero_33-34) olduğu görülmektedir. Diğer haplotip çiftleri arasındaki pozisyon farklılıkları 2 ile 15 arasında değişmekte olup bu farklılıklar % 0,1 ile % 0,9'luk bir genetik uzaklığı göstermektedir. En büyük genetik uzaklık % 0,9'luk değer ile Ero_17 ile Ero_27 ve Ero_32 haplotipleri arasındadır. Dolayısı ile tüm bu değerler 34 *E. roumanicus* mtDNA haplotiplerinin birbirine çok yakın olduğunu işaret etmektedir. 34 haplotipten en yüksek frekansa (% 14,2) sahip haplotip Ero_1 olup, bu haplotip Anadolu'dan 10 lokaliteden (İstanbul-LOK. 19, Kocaeli-LOK. 21, Sakarya-LOK.39, Sakarya-LOK.40, Sakarya-LOK.41, Sakarya-LOK.43, Sakarya-LOK.47 Düzce-LOK.53, Düzce-LOK.54, Düzce-LOK.56) toplam 10 bireyde tespit edilmiştir. İkinci en yaygın haplotip olan Ero_2 (% 10) olup, bu haplotip Anadolu'dan 5 lokaliteden (İstanbul-LOK.20, Kocaeli-LOK.33, Kocaeli-LOK.34, Kocaeli-LOK.37, Sakarya-LOK.44, , Düzce-LOK.52, Bolu-LOK.64) toplam 7 bireyde tespit edilmiştir. Üçüncü en yaygın haplotip ise Ero_3 (% 8,57) olup bu haplotip Anadolu'dan 6 lokalite (Kocaeli-LOK.22, Kocaeli-LOK.24, Kocaeli-LOK.38, Sakarya-LOK.49, Zonguldak-LOK.74, Bartın-LOK.84) toplam 6 bireyde bulunmuştur. Geri kalan haplotiplerden 8 tanesinin (Ero_4-11) tespit edildiği birey sayısı 2-5 arasında değişmektedir. Haplotiplerin yarıdan fazlasını oluşturan 23 haplotip (Ero_12-34) nadir haplotipler olup bunlar sadece birer bireyde tespit edilmiştir (EK1-Tablo 1).

Bu haplotiplerden 9 tanesi (Ero_1, Ero_2, Ero_3, Ero_5, Ero_10, Ero_11, Ero_25, Ero_30, Ero_33) diğer genetik belirteçlerden en az birinin olası hibrit olduğu 12 bireyde tespit edilmiş olup bunlardan 4 tanesi (Ero_11, Ero_25, Ero_30, Ero_33) sadece olası hibritlerde tespit edilmiştir.

4.3.2. *E. roumanicus* 'da mtDNA tabanlı filogeni

Akaike Information Criterion model seçim taslağı, gamma doğrulama değeri (gamma distribution=G) 0,0120 olan HKY+G (Hasegawa vd, 1985) baz değişim modelini önermiştir. Veri matrisi içerisinde bazların frekansı ise A= 0,3207, C= 0.2191, G= 0.1059 ve T= 0.3543 olarak bulunmuştur. Önerilen bu baz değişim modeli NJ, ML ve BI ve bootstrap analizlerinde kullanılmıştır.

4.3.3. *E. roumanicus*'un moleküler filogenisi

Maksimum parsimoni analizi sonucunda Ağaç uzunluğu (TL): 154; (Consistency index (CI): 0,889 ve Retention index (RI): 0,938 olan eşit olasılıkta 7 parsimoni ağacı elde edilmiştir. Analiz sonucunda elde edilen eşit olasılıktaki ağaçların % 50'sinde beraber gruplanma gösteren kladları gösteren Majority Rule konsensus ağacı ile % 100'ünde beraber gruplanma gösteren kladları gösteren Strict konsensus ağacı oluşturularak bunların topolojileri incelenmiştir. Bootstrap analizi sonucunda oluşturulan bootstarap konsensus ağacı üzerinde düğümlere denk gelen bootstrap değerleri strict konsensus ağacı üzerine aktarılarak soyhatlarının istatistiksel olarak ne derece desteklendikleri belirlenmiştir.

Neighbour Joining analizi ve bootstrap analizi veriye en iyi uyan HKY+G modeli kullanılarak yapılmış olup elde edilen filogram topolojisi incelenerek düğümleri bootstrap değerleri ile de desteklenen ana soyhatları belirlenmiştir.

Maksimum likelihood analizi ve bootstrap analizi veriye en iyi uyan HKY+G modeli kullanılarak yapılmış olup elde edilen filogram topolojisi incelenerek düğümleri bootstrap değerleri ile de desteklenen ana soyhatları belirlenmiştir.

Bayesian analizi veriye en iyi uyan HKY+G modeli kullanılarak yapılmış olup elde edilen % 50 majority konsensus ağacının topolojisi ve düğümlere denk gelen posterior değeri incelenerek ana soyhatları belirlenmiştir.

Belirtilen bu dört filogenetik metot (MP, NJ, ML ve BI) ile oluşturulan ağaçların topolojileri ve bootstrap (MP, NJ ve ML) ile posterior (BI) değerlerinin incelenmesi sonucunda her bir metodun benzer soyhatlarının varlığını işaret ettikleri gözlenmiştir. Bu nedenle her bir metot ile elde edilen ağaçların gösterilmesi yerine Maksimum likelihood analizi sonucu elde edilen ML ağacı kullanılarak diğer metotlar ile varlığı belirlenen aynı soyhatları tek bir ağaçta kombine hale getirilmiştir. Şekil 4.6'da gösterilen bu ML ağacı incelendiğinde 5 soyhattının varlığı görülmektedir:

Soyhattı 1: Bu soyhattı *E. roumanicus* türünün Anadolu'daki yayılış alanının büyük bir kısmını temsil etmekte olup, 45 bireyde tespit edilen 18 haplotipi içermekte olup bu haplotipler arasında en yaygın haplotipler (Ero_1, Ero_2 ve Ero_3) yer almaktadır. Bu soyhattının dağılış sınırları içerisinde 9 farklı ile (İstanbul, Kocaeli, Sakarya, Düzce, Bolu, Zonguldak, Bartın, Karabük ve Bursa) ait farklı alt lokaliteler yer almaktadır (EK1-Tablo 1; Şekil 2.1). Bu soyhattı için bootstrap değerleri (ML ve

NJ) % 70'in altında olsa da bu soyhattına köken veren düğüm BI analizi sonucu elde edilmiş olan yüksek bir posterior olasılık değerine (0,91) ve % 74'lük bootstrap (MP) sahiptir.

Soyhattı 2: Bu soyhattı *E. romanicus* türünün Trakya'daki yayılış alanının büyük bir kısmını temsil etmekte olup, 14 bireyde tespit edilen 9 haplotipi (Ero_4, Ero_9, Ero_13, Ero_14, Ero_15, Ero_16, Ero_20, Ero_21, Ero_22). içermektedir. Bu soyhattının dağılış sınırları içerisinde 3 farklı ile (Edirne, Kırklareli ve Tekirdağ) ait farklı alt lokaliteler yer almaktadır. Yine, bu soyhattı için MP bootstrap değerleri % 70'in altında olsa da bu soyhattına köken veren düğüm BI analizi sonucu elde edilmiş olan yüksek bir posterior olasılık değerine (0,99) ve ML ve NJ analizleri için sırası ile % 76 ve % 77'lik bootstrap değerlerine sahiptir.

Soyhattı 3: Bu soyhattı *E. roumanicus* türünün Trakya'daki yayılış alanının bir kısmını temsil etmekte olup, 5 bireyde tespit edilen 3 haplotipi (Ero_6, Ero_18 ve Ero_19) içermektedir. Bu soyhattının dağılış sınırları içerisinde 3 farklı ile (Edirne, Kırklareli ve Tekirdağ) ve bu illere ait farklı alt lokaliteler yer almaktadır. Yine, bu soyhattı için bootstrap değerleri (ML, MP ve NJ) % 70'in altında olsa da bu soyhattına köken veren düğüm BI analizi sonucu elde edilmiş olan yüksek bir posterior olasılık değerine (0,95) sahiptir.

Soyhattı 4: Bu soyhattı *E. roumanicus* türünün Trakya'daki yayılış alanının dar bir kısmını temsil etmekte olup, 3 bireyde tespit edilen 3 haplotipi (Ero_12, Ero_17 ve Ero_23) içermektedir. Bu soyhattının dağılış sınırları içerisinde 3 farklı ile (Edirne, Kırklareli ve İstanbul) ait farklı alt lokaliteler yer almaktadır. Bu soyhattına köken veren düğüm % 99-100'lük yüksek bootstrap değerleri (ML, MP ve NJ) ve yine 1 değerinde (BI) yüksek bir posterior olasılık değeri ile desteklenmektedir.

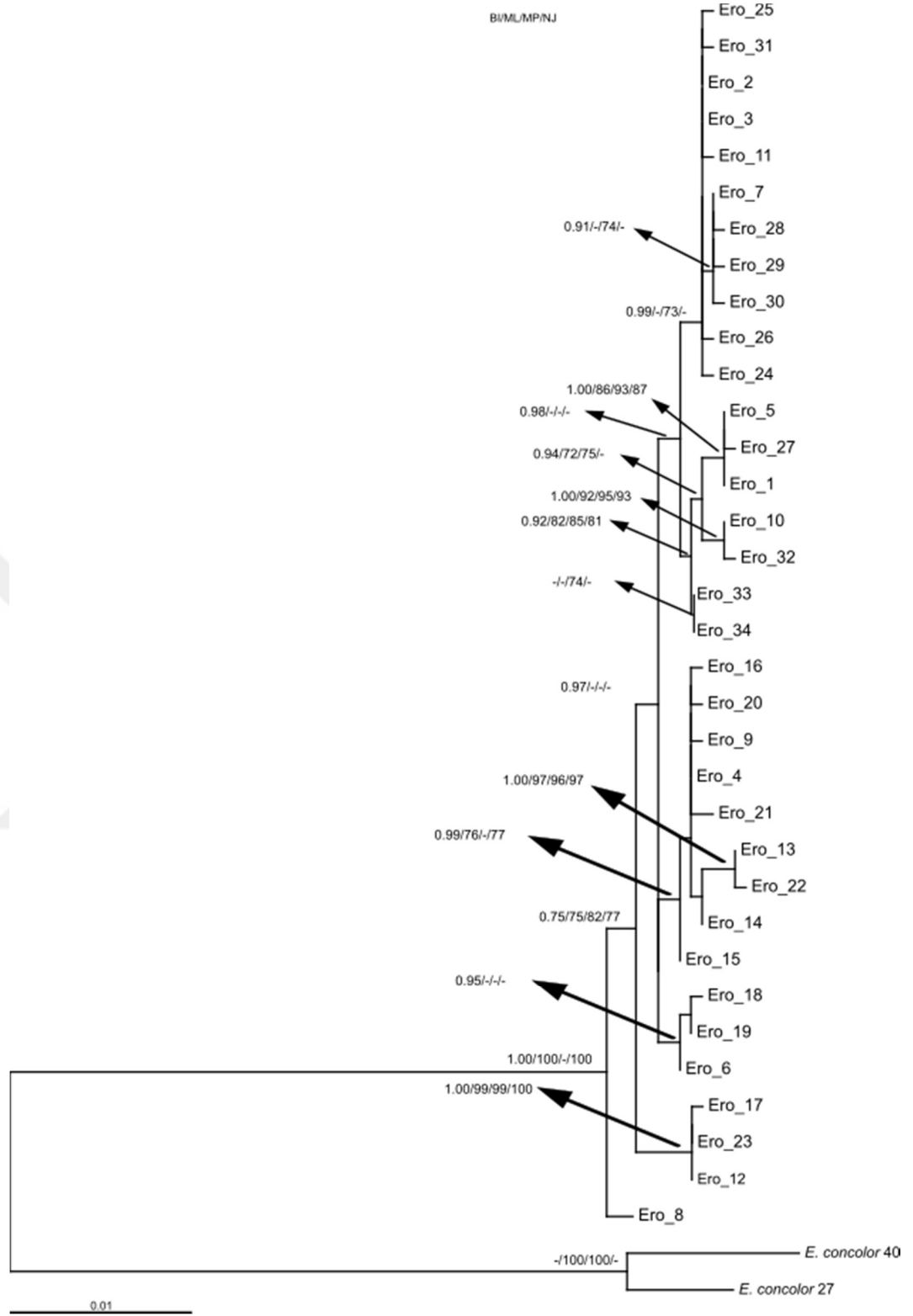
Soyhattı 5: Bu soyhattı Çanakkale ili içerisinde yer alan alt lokalitelerden biri olan Gökçeada'dan 3 bireyde tespit edilmiş olan tek tip haplotipi (Ero_8) içermekte olup, ağacın en bazalında yer almakta ve büyük bir ihtimalle farklı bir atasal popülasyondan Gökçeada'ya kolonize olmuş birey(lerde)ki atasal bir haplotipi temsil etmektedir. Bu haplotipe kaynak oluşturmuş olması olası böyle bir popülasyonun nerede konumlanmış olabileceğini araştırmak başka ve ilginç bir çalışmanın konusunu oluşturabilir.

4.3.4. Median joining-network analizi

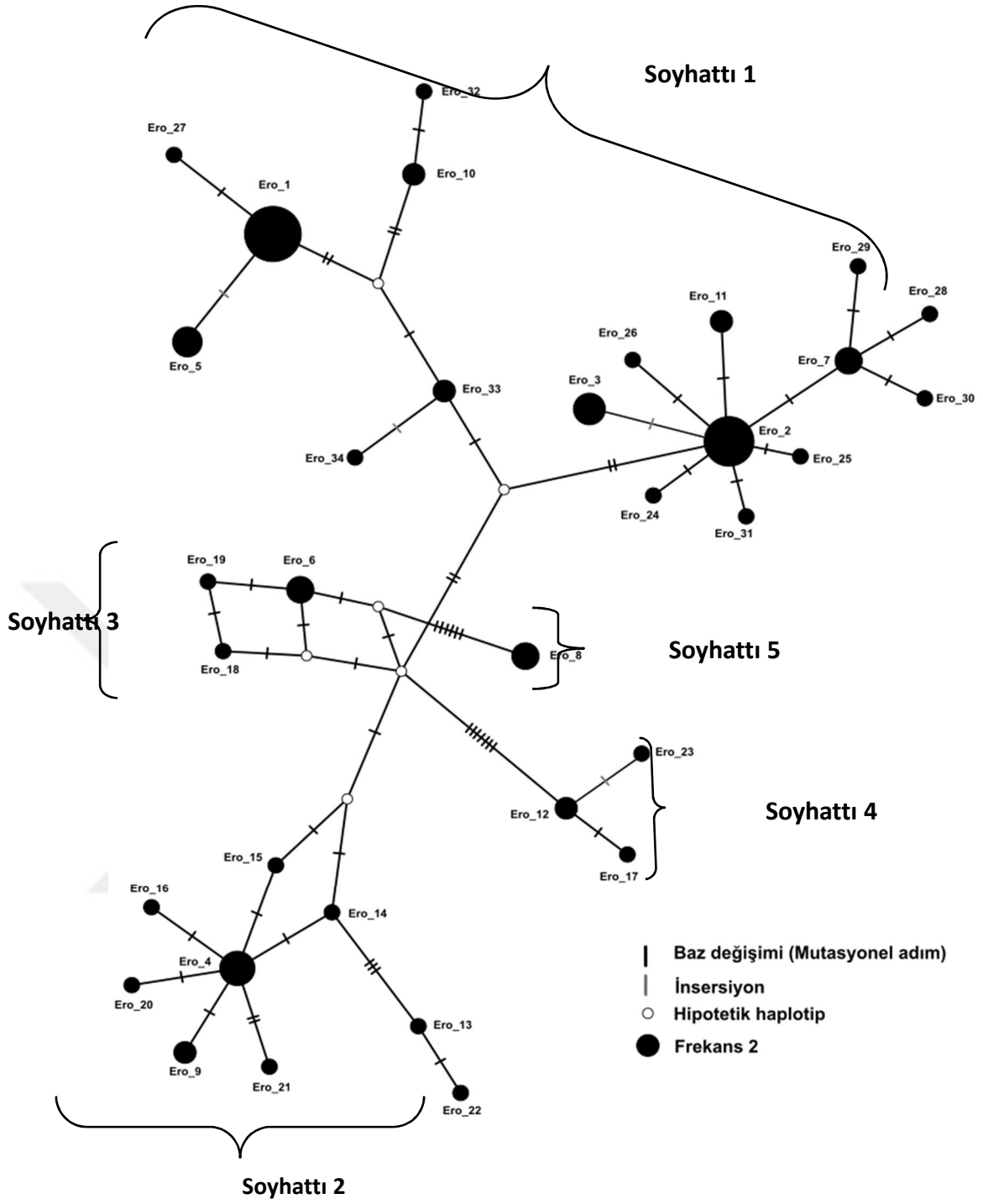
Şekil 4.6’da verilen filogenetik ağacın topolojisi incelendiğinde gerek iç gerekse dış dalların uzunluklarının kısa olduğu, dolayısı hem haplotipler hem de soyhatları arasındaki genetik uzaklığın düşük olduğu görülmektedir. Bu durum 40 mtDNA haplotip arası Kimura 2 Parametre tabanlı genetik uzaklık matrisi incelendiğinde de net bir şekilde gözükmemektedir (EK2-Tablo 2). Yapılan simülasyon çalışmaları filogeninin sığ olduğu durumlarda tür içi haplotipler arası ilişkiyi göstermede ve dolayısı ile genolojinin doğru olarak tahmin edilmesinde network metodununun daha etkin bir yöntem olabileceğini göstermiştir (Crandall ve Templeton, 1993; Posada ve Crandall, 2001; Cassens vd, 2005; Woolley vd, 2008). Buradan yola çıkarak 34 *E. roumanicus* haplotipi arasında evrimsel ilişkiyi özetlemek için oluşturulan median joining-network Şekil 4.7’de verilmektedir. Median joining-network incelendiğinde yukarıda filogenide tartışılan 5 soyhattının varlığı net bir şekilde görülmektedir. Her ne kadar bu soyhatları hipotetik haplotipler ile birbirine bağlı olsa da, her soyhattında yer alan frekansı yüksek yaygın haplotipler etrafında adeta bir yıldız filogeni oluşturacak şekilde gruplandıkları görülmektedir. Her bir soyhattının 1 ile 7 baz değişimi ile hipotetik haplotipler aracılığı ile birbirine bağlandıkları dolayısıyla da farklı birer evrimsel yörüngeyi temsil ettikleri açıktır.



Şekil 4.5. *E. roumanicus* türünde mtDNA soyhatları konumlanmasını gösteren harita.



Şekil 4.6. *E. roumanicus*'da belirlenen mtDNA haplotiplerine dayalı HKY+G baz değişim modeli kullanılarak oluşturulan ML ağacı. Ağaç üzerindeki rakamlar %70'in üzerindeki bootstrap (ML, MP ve NJ) ve posterior olasılık (BI) değerlerini göstermektedir. Ağaç(lar)'ı köklendirmek için 2 *E. concolor* haplotipi dış grup olarak kullanılmıştır.



Şekil 4.7. *E. roumanicus*'da belirlenen 34 mtDNA haplotipi arasındaki evrimsel ilişkiyi ve 5 soyhattının konumlanmasını gösteren median joining-network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansıyla doğru orantılıdır.

4.3.5. *E. roumanicus*'da mtDNA tabanlı populasyon genetiği parametreleri ve demografik tarihi

Yapılan tüm filogenetik analizler *E. roumanicus* haplotiplerinin farklı evrimsel tarihlere sahip 5 soyhattına sahip olduğunu göstermiştir. Örnek sayılarının az olması ($N > 10$) nedeniyle populasyon genetiği parametrelerinin hesaplanması ve demografik tarihle ilgili analizler Soyhattı 3, 4 ve 5 için yapılamamış, sadece iki soyhattı (1 ve 2) için ve türün tamamı için yapılmıştır.

Buna göre Anadolu'ya ait soyhattı 1 ile Trakya'ya ait soyhattı 2 arasında hesaplanan net nükleotid çeşitliliği $D_a = \% 0,34$ ve ham nükleotid çeşitliliği $D_{xy} = \% 0,53$ olarak bulunmuştur. Bu durum bu iki anasoyhattının yaklaşık 14.912 yıl önce birbirinden ayrıldıklarını işaret etmektedir.

Bu soy hatları ve türün tamamı için hesaplanan populasyon genetiği parametreleri çizelge 4,1'de özetlenmektedir. Bu genetik parametreler incelendiğinde tüm veri seti için oldukça yüksek bir haplotip çeşitlilik değerinin 0,9549 (SH:0,0117) olduğu görülmektedir. Haplotip çeşitliliğinin 1'e yakın olması, tür içindeki haplotip çeşitliliğinin ve dolayısıyla genetik çeşitliliğinin fazla olduğunu göstermekte olup, örnekleminin de coğrafik olarak büyük oranda yansıtıldığını işaret etmektedir. Türün tamamı için hesaplanan nükleotid çeşitliliğinin iki parametresinden biri olan $\pi = 0,4582$ (SH: 0,2396) ve $\theta_w = 0,52$ (SH: 0,15)'dir.

Bu değerler haplotipler arasındaki nükleotid farklılığının oldukça düşük olduğunu göstermektedir. Örnek sayısının yetersiz olması nedeniyle hesaplamaların yapılamadığı durumlar dışında (Soyhattı 3, 4 ve 5) diğer soyhattları incelendiğinde bu soyhattları içinde haplotip çeşitliliklerinin yüksek nükleotid çeşitliliğinin ise düşük olduğu görülmektedir.

Filogenetik analizler ile belirlenen ana soyhattları ve verinin tamamı için geçmişteki demografik şekillenmeleri (Örneğin; expansion= genişleme, bottleneck= evrimsel darboğaz) test etmek için kullanılan testlerden ilki olan ani büyüme katsayısı (EC) değerleri Çizelge 4.1'de verilmiştir. EC değerlendirildiğinde bu değerlerin tüm veri seti ve hesaplanması mümkün olan 2 soyhattı (Soyhattı 1-2) içinde k (ortalama nükleotid farklılık sayısı) değerlerinden yüksek olduğu görülmekte olup, bu durum tür ve ilgili soyhattlarının zaman içinde populasyon büyüklüğünde bir artış (genişleme) yaşadıklarını işaret etmektedir.

Demografik tarihle ilgili deęişik nötralite testlerinin sonuçları Çizelge 4.2’de özetlenmektedir. Tajima’s D istatistik sonuçları iki soyhattı ve türün tamamı için düşük de olsa negatiftir (Soyhattı 1 = -0,35790, Soyhattı 2 = -1,34942 ve Toplam= -0,86041), ancak bunlar istatistiksel olarak önemsizdir ($P > 0,10$). Tajima’s D deęerlerinin negatif olması genellikle genetik olarak beraberinde sürüklenme (genetic hitchhiking) gibi bir pozitif temizleyici seçilimi veya popülasyon büyüklüğünde genişlemeyi ya da arka plan bir seçilimi işaret eder. Dolayısı ile bu deęerlerin negatif ancak istatistiksel olarak önemsiz olması nötraliteden bir sapmanın olmadığını, dięer bir ifadeyle bir genişlemesinin olmadığı stabil bir popülasyon tarihini ifade etmektedir.

Nötralite testlerden Fu’s F_s deęerleri incelendiğinde sonuçların iki soyhattı ve türün tamamı için oldukça negatif (Soyhattı 1 = -2,957, Soyhattı 2 = -4,267 ve Toplam= -9,514), aynı zamanda istatistiksel olarak önemli ($P < 0,05$) oldukları görülmektedir. Yine, Fu’s F_s deęerlerinin negatif olması genellikle genetik olarak beraberinde sürüklenme gibi bir pozitif temizleyici seçilimi veya popülasyon büyüklüğünde genişlemeyi ya da arka plan bir seçilimi işaret eder. Dolayısı ile bulunan deęerlerin negatif ve aynı zamanda da istatistiksel olarak önemli olması nötraliteden bir sapmanın olduğunu ve bir genişlemenin olduğu bir popülasyon tarihini ifade etmektedir. Nötralite testlerden Fu & Li’s D^* istatistięi sonuçları yine iki soyhattı ve türün tamamı için düşükte olsada negatiftir (Soyhattı 1 = -1,609861, Soyhattı 2 = -0,88155 ve Toplam= -0,43581), ancak bunlar istatistiksel olarak önemsizdir ($P > 0,10$). Yani, Fu & Li’s D^* sonuçları negatif olsa da bunların istatistiksel olarak önemsiz olması, nötraliteden bir sapmanın olmadığını dięer bir ifadeyle bir popülasyon genişlemesinin olmadığı stabil bir popülasyon tarihini ifade etmektedir.

Nötralite testlerinden Fu’s F_s ’nin dięerlerine göre bir genişlemenin olup olmadığına ilişkin sinyali yakalamada daha güçlü olduğu belirtmektedir (Ramos-Onsins ve Rozas, 2002). Ayrıca, Fu (1997) farklı nötralite testlerinin istatistiksel sonuçlarının karşılaştırılması, veri setinde aynı izler bırakabilecek iki olayı, yani genetik olarak beraberinde sürüklenme ile popülasyon büyüklüğünde genişlemenin birbirinden ayırt edilebileceğini göstermiştir. Buna göre, eęer Fu & Li’s D^* test sonucu negatif ve istatistiksel olarak önemli ise, ancak Fu’s F_s test sonucu istatistiksel olarak önemli deęilse bu durum büyük olasılıkla bir arka plan seçim olayını işaret ederken; tersi durum, yani, Fu’s F_s test sonucu negatif ve istatistiksel olarak önemli, ancak Fu & Li’s D^* test sonucu istatistiksel olarak önemli deęilse, bu durum büyük olasılıkla

populasyon büyüklüğünde bir genişleme olayını işaret etmektedir. Strobeck's S istatistiği (S_s) ve R_2 istatistiği incelendiğinde, Strobeck's S istatistiği sonuçları soy hatları ve verinin tamamı için 1'e yakındır (Soyhattı 1 için $S_s = 0,978$, Soyhattı 2 için $S_s = 0,997$ ve toplam için $S_s = 1,000$).

Bu sonuçlar iki soyhattı ve türün tamamında gen frekansına ve mutasyon oranına bağlı olarak eşit veya daha az haplotip bulma olasılığının çok yüksek olduğunu göstermekte olup, bu durum ya seçilim ya da populasyon genişlemesinden dolayı nötraliteden bir sapmanın olduğunu işaret etmektedir (Strobeck, 1987). Polimorfizm frekansından bilgi alan, singlton sayısı ve ortalama baz farklılığı sayısını karşılaştıran R_2 istatistiği sonuçları incelendiğinde bunların iki soyhattı ve türün tamamında düşük pozitif değerler taşıdığı görülmektedir (Soyhattı 1 için $R_2 = 0,0987$, Soyhattı 2 için $R_2 = 0,0858$ ve Toplam için $R_2 = 0,0751$). R_2 değerlerinin düşük pozitif değere yaklaşması yakın bir zamandaki bir populasyon genişlemesini işaret etmektedir (Ramos-Onsins ve Rozas, 2002).

Geçmişteki demografik şekillenmeler ile ilgili mismatch dağılım analizi sonuçları Çizelge 4.3'de verilmektedir. Sum of squared differences (SSD) istatistiği sonuçları hem iki soyhattı hem de türün tamamı için bir populasyon genişlemesi olduğu yönündeki sıfır hipotezi desteklemektedir. Soyhattı 1 için $SSD = 0,01408$ ($P = 0,4216$), Soyhattı 2 için $SSD = 0,01377$ ($P = 0,59520$) ve Toplam için $SSD = 0,00282$ ($P = 0,7682$). Raggedness index (rg) değerlerine bakıldığında ise bu istatistiğin Soyhattı 1 için $0,03053$ ($P = 0,4231$), Soyhattı 2 için $0,05446$ ($P = 0,64840$) ve Toplam için $0,00828$ ($P = 0,71720$) olduğu görülmektedir. $0,05$ 'ten daha küçük bir rg değeri ani populasyon genişlemesindeki bir işareti ifade etmektedir (Harpending vd, 1993). Buna göre rg değerleri hem soyhattı 1 hem de toplam veri için bir populasyon genişlemesinin varlığını işaret etmektedir.

Ancak mismatch dağılım grafikleri incelendiğinde (Şekil 4.8), iki soyhattı için ani genişleme modeli altında beklenen unimodel bir dağılımın olmadığı, türün tamamı için ise böyle bir dağılımın neredeyse yakalanabildiği görülmekte olup, bu durum gerek türün gerekse soyhatlarının evrimsel geçmişi tam yansıtacak şekilde örneklenmemiş olabileceğini işaret etmektedir.

Yapılan demografik analizlerin çoğu [EC değerleri, nötralite testlerinin çoğu (Fu's F_s , S_s , R_2), mismatch dağılım istatistikleri (SSD , rg) ve kısmende mismatch

dağılım grafikleri] hem iki soyhattı hem de türün tamamı için geçmişte bir genişlemesinin olduğunu işaret etmektedir. İki soyhattı ve türün tamamı için bu populasyon genişlemesinin yaklaşık ne zaman meydana geldiği Çizelge 4.3'de verilmektedir. Buna göre yaklaşık olarak, Soyhattı 1'in 195.306 (47.614_{altsınır} - 311.615^{üst sınır}) yıl önce, Soyhattı 2'in 19.664 (-alt sınır - 193.681^{üst sınır}) yıl önce ve türün tamamının ise 253.592 (127.503_{altsınır} - 354.063^{üst sınır}) yıl önce populasyon büyüklüğünde bir genişleme geçirmiş olabileceği görülmektedir.



Çizelge 4.1. *E. roumanicus* mtDNA verileri için hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri. N, birey sayısı; H, haplotip sayısı; H_d haplotip çeşitliliği; π , pozisyon başına nükleotid çeşitliliği; θ_w , segregasyon gösteren baz bölgesi sayısından hesaplanan nükleotid çeşitliliği; S, segregasyon gösteren baz bölgesi sayısı; k, ortalama nükleotid farklılık sayısı; EC, ani büyüme kat sayısı ve SH, standart hata.

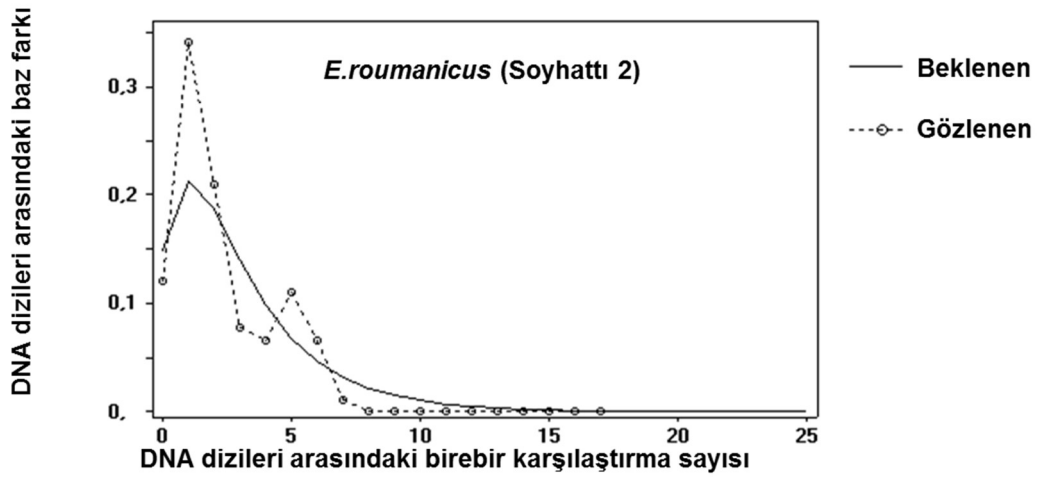
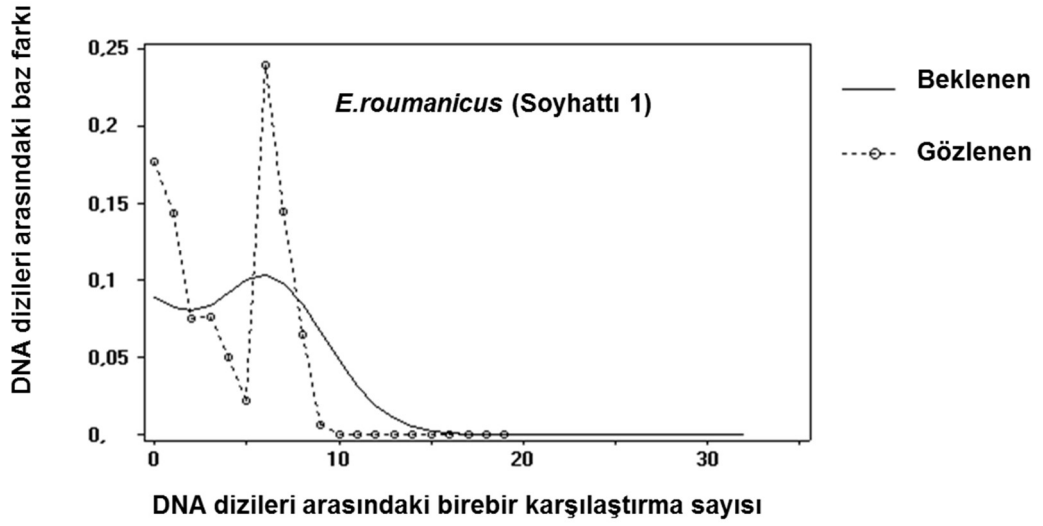
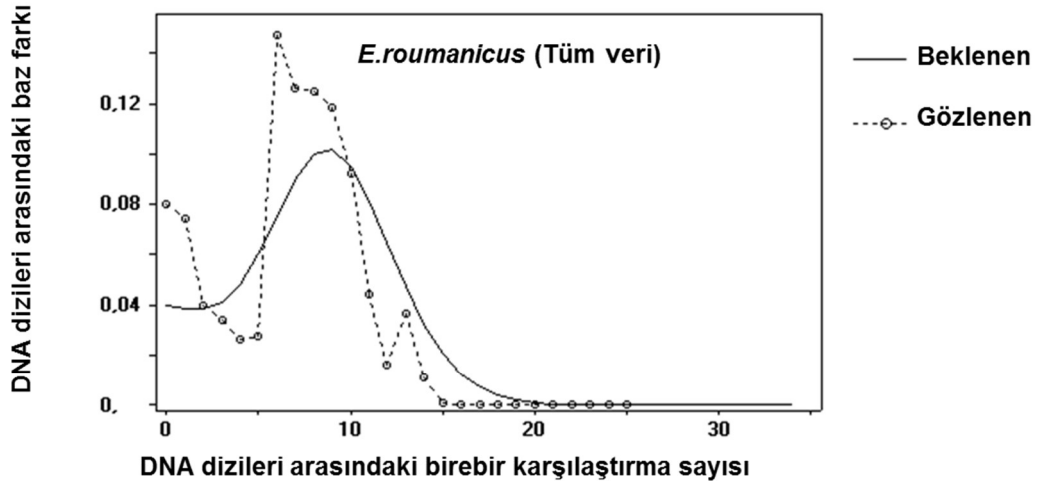
Soyhattı	N	H	H_d (SH)	% π (%SH)	% θ_w (%SH)	S	k	EC=S/k
Soyhattı 1	45	18	0,9071 (0,0243)	0,2887 (0,1594)	0,25 (0,089)	18	3,863	4,65
Soyhattı 2	14	9	0,8791 (0,0788)	0,1530 (0,0980)	0,21 (0,096)	11	2,275	4,83
Soyhattı 3	5	3	-	-	-	-	-	-
Soyhattı 4	3	3	-	-	-	-	-	-
Soyhattı 5	3	1	-	-	-	-	-	-
Toplam	70	34	0,9549 (0,0117)	0,4582(0,2396)	0,52 (0,15)	42	6,579	6,38

Çizelge 4.2. *E. roumanicus* mtDNA verileri için yapılan nötralite analiz sonuçları. S_S , Strobeck's S; R_2 , Ramos-Onsins & Rozas's R_2 ;

Soyhattı	Tajima's D	Fu's F_s	Fu ve Li's D^*	S_S	R_2
Soyhattı 1	-0,35790 ($P > 0,10$)	-2,957 ($P > 0,05$)	-1,609861 ($P > 0,10$)	0,978	0,0987
Soyhattı 2	- 1,34942 ($P > 0,10$)	-4,267 ($P < 0,05$)	-0,88155 ($P > 0,10$)	0,997	0,0858
Soyhattı 3	-	-	-	-	-
Soyhattı 4	-	-	-	-	-
Soyhattı 5	-	-	-	-	-
Toplam	-0,86041 ($P > 0,10$)	- 9,514 ($P < 0,05$)	-0,43581 ($P > 0,10$)	1,000	0,0751

Çizelge 4.3. *E. roumanicus* mtDNA verileri için yapılan mismatch analiz sonuçları. *T*: Yıl olarak günümüz öncesi. θ_0 , ekspansiyondan önceki baz değişim oranı; θ_1 , ekspansiyondan sonraki baz değişim oranı; τ , tau istatistiği, SSD, beklenen ve gözlenen arasındaki kare farklarının toplamı; *rg*, Harpendin's Raggedness indeks; *t*, $\tau = 2ut$ formülüyle hesaplanan jenerasyon olarak ekspansiyon zamanı, burada $u=2 \mu$, μ mutasyon oranı ve *k* ise DNA dizisinin uzunluğudur. Populasyon ekspansiyon zamanları sabit moleküler saat ve 1.14×10^{-5} değişim/baz/yıl mutasyon oranı varsayılarak hesaplanmıştır.

Soyhattı	θ_0	θ_1	τ (%95 GA)	SSD	<i>rg</i>	<i>T</i> (%95 GA)
Soyhattı 1	0,000	10,354	7,449 (1,816-11,885)	0,01408 (<i>P</i> = 0,4216)	0,03053 (<i>P</i> = 0,4231)	195.306 (47.614-311.615)
Soyhattı 2	2,178	99999,00	0,750 (0,000-7,387)	0,01377 (<i>P</i> = 0,59520)	0,05446 (<i>P</i> = 0,64840)	19.664 (/-193.681)
Soyhattı 3	-	-	-	-	-	-
Soyhattı 4	-	-	-	-	-	-
Soyhattı 5	-	-	-	-	-	-
Toplam	0,000	24,288	9,672 (4,863-13,504)	0.00282 (<i>P</i> = 0,7682)	0.00818 (<i>P</i> = 0,71420)	253.592 (127.503-354.063)



Şekil 4.8. *E. roumanicus* türü ve ana soyhattarı için mtDNA verisine dayalı olarak yapılan analizlerden elde edilen mismatch dağılım grafikleri.

4.3.6. *E. concolor* 'da mtDNA varyasyonu

Tez kapsamında çalışılan 121 *E. concolor* bireyine ait mtDNA dizleri bir araya getirilerek oluşturulan DNA veri matrisi (1675 bç, (sitokrom *b*, tRNA-Thr, tRNA-Pro ve D-loop)'nin analizi sonucunda toplamada 86 haplotip (Eco_1-Eco_86) belirlenmiştir (EK 1-Tablo 1).

Bu 86 haplotip 1675 bç'nin 103 pozisyonunda varyasyon göstermekte olup, bu 103 değişken pozisyonun 66 tanesi parsimonik olarak bilgi içermekte ve 37 tanesi ise singleton pozisyondur. Varyasyon gösteren 86 pozisyondan 76 tanesi 1140 bç'lik sitokrom *b* geni içerisinde yer almakta olup, bunlardan 49 pozisyon parsimonik olarak bilgi içermekte, 27 tanesi ise singleton pozisyondur.

Sitokrom *b* geni içerisinde varyasyon gösteren 76 pozisyondan 61 tanesi sinonim olan 15 tanesi ise sinonim olmayan aminoasit değişimi ile sonuçlanmaktadır. 86 mtDNA haplotip arası KM-2P tabanlı genetik uzaklık matrisi EK 3-Tablo 3'te özetlenmektedir.

Tablo incelendiğinde haplotipler arasında sadece indel yönünden farklılık gösteren ve aralarındaki genetik uzaklığın % 0 olduğu 21 haplotip çifti vardır (Eco_1- Eco_15, Eco_2- Eco_26, Eco_2- Eco_30, Eco_5- Eco_37, Eco_3- Eco_47, Eco_3- Eco_51, Eco_8- Eco_72, Eco_10- Eco_29, Eco_14- Eco_58, Eco_14- Eco_59, Eco_18- Eco_31, Eco_18- Eco_46, Eco_23- Eco_24, Eco_23- Eco_52, Eco_24- Eco_52, Eco_26- Eco_30, Eco_31- Eco_46, Eco_36- Eco_75, Eco_40- Eco_41, Eco_47- Eco_51, ve Eco_58- Eco_59). Diğer haplotip çiftleri arasındaki pozisyon farklılıkları 2 ile 34 arasında değişmekte olup bu farklılıklar % 0,1 ile % 2,1'lik bir genetik uzaklığı göstermektedir. En büyük genetik uzaklık % 2,2'lik değer ile Eco_40- Eco_81 ve Eco_41- Eco_81 haplotip çiftleri arasındadır. Tablo incelendiğinde adeta farklı bir soyhattını işaret edecek şekilde haplotipler arası en yüksek genetik uzaklık % 1 ile % 2,1 değerleri arasında olup, bu uzaklık değeri Eco_38, Eco_40, Eco_41 ve Eco_77 haplotiplerinden bir ile diğer haplotipler arasında bulunmakta olup, bu 4 haplotip 4 lokaliteden (Artvin, Ardahan, Kars ve Azerbaycan) 4 bireyde tespit edilmiştir.

86 haplotipten en yüksek frekansa (% 4,95) sahip haplotipler Econ_1 olup, bu haplotip 4 ile (Çanakkale, Balıkesir, Bursa ve Manisa) ait lokalitelerden 6 bireyde tespit edilmiştir. İkinci en yüksek frekansa (% 3,30) sahip haplotip ise

Econ_2 olup, bu haplotip 3 ile (Bartın, Karbük ve Zonguldak) ait lokalitelerden 5 bireyde tespit edilmiştir. Diğer haplotiplerin tespit edildiği birey sayısı 1-4 arasında olup, bunlardan 62 haplotip (Econ_21-37, Econ_39, Econ_42-76 ve Econ_78-86) nadir haplotipler olup sadece birer bireyde tespit edilmiştir (EK1-Tablo 1). Bu haplotiplerden 14 tanesi (Eco_2, Eco_3, Eco_4, Eco_10, Eco_11, Eco_22, Eco_25, Eco_26, Eco_27, Eco_28, Eco_29, Eco_30, Eco_31 ve Eco_56) diğer genetik belirteçlerden en az birinin olası hibrit olduğu 19 bireyde tespit edilmiştir.

4.3.7. *E. concolor*'da mtDNA tabanlı filogeni (Seçilen baz değişim modeli)

Akaike Information Criterion model seçim taslağı, değişim göstermeyen pozisyonların oranı (proportion of invariable sites=I) 0,3060 ve gamma doğrulama değeri (gamma distribution=G) 0.0850 olan General Time Reversible (GTR) baz değişim modelini (Tavaré, 1986) önerdi. Veri matrisi içerisinde bazların frekansı A= 0,3210, C= 0,2094, G= 0,1115 ve T= 0,3581 olarak bulunmuştur. Önerilen bu baz değişim modeli NJ, ML ve BI ve bootstrap analizlerinde kullanılmıştır.

4.3.8. *E. concolor* 'un moleküler filogenisi

Maksimum parsimoni analizi sonucunda TL: 224; CI: 0,740 ve RI: 0,876 olan eşit olasılıklıta 2 parsimoni ağacı elde edilmiştir. Analiz sonucunda elde edilen eşit olasılıklıdaki ağaçların % 50'sinde beraber gruplanmış kladları gösteren Majority Rule konsensus ağacı ile % 100'ünde beraber gruplanmış kladları gösteren Strict konsensus ağacı oluşturularak bunların topolojileri incelenmiştir. Bootstrap analizi sonucunda oluşturulan bootstrap konsensus ağacı üzerinde düğümlere denk gelen bootstrap değerleri strict konsensus ağacı üzerine aktarılarak soyhatlarının istatistiksel olarak ne derece desteklendikleri belirlenmiştir.

Neighbour Joining analizi ve bootstrap analizi veriye en iyi oyan GTR+I+G modeli kullanılarak yapılmış olup elde edilen filogram topolojisi incelenerek düğümleri bootstrap değerleri ile de desteklenen ana soyhatları belirlenmiştir.

Maksimum likelihood analizi ve bootstrap analizi veriye en iyi oyan GTR+I+G modeli kullanılarak yapılmış olup elde edilen filogram topolojisi incelenerek düğümleri bootstrap değerleri ile de desteklenen ana soyhatları belirlenmiştir.

Bayesian analizi veriye en iyi oyan GTR+I+G modeli kullanılarak yapılmış olup elde edilen % 50 majority konsensus ağacının topolojisi ve düğümlere denk gelen posterior değeri incelenerek ana soyhatları belirlenmiştir.

Belirtilen bu dört filogenetik metot (MP, NJ, ML ve BI) ile oluşturulan ağaçların topolojileri ve bootstrap (MP, NJ ve ML) ile posterior (BI) değerlerinin incelenmesi sonucunda her bir metodun benzer soyhatlarının varlığını işaret ettikleri gözlenmiştir. Bu nedenle her bir metot ile elde edilen ağaçların gösterilmesi yerine Maksimum likelihood analizi sonucu elde edilen ML ağacı kullanılarak diğer metotlar ile varlığı belirlenen aynı soyhatları tek bir ağaçta bir araya getirilmiştir. Şekil 4.10'da gösterilen bu ML ağacı incelendiğinde 2 soyhattının varlığı gözükmemektedir:

Soyhattı 1: Bu soyhattı *E. concolor* türünün Anadolu'da ki yayılış alanının büyük bir kısmını temsil etmekte olup, 117 bireyde tespit edilen 82 haplotipi (Eco_1-37, Eco_39, Eco_42-76 ve Eco_78-86) içermektedir. Bu soyhattının dağılış sınırları içinde 64 il ve bu illere ait farklı alt lokaliteler yer almaktadır. Her ne kadar bu soyhattı içinde bazı alt soyhatlarını tanımlamak mümkünse de bu alt soyhatlarının çoğu istatistiksel olarak ya zayıf ya da hiç desteklenmediğinden bunların tek bir ana soyhattı içinde değerlendirilmesi uygun bulunmuştur. Bu soyhattına köken veren düğüm % 96-98'lik yüksek bootstrap değerleri (ML, MP ve NJ) ve yine 0,99 değerinde (BI) yüksek bir posterior olasılık değeri ile desteklenmektedir.

Soyhattı 2: Bu soyhattı *E. concolor* türünün Anadolu'daki yayılış alanının spesifik bir kısmını temsil etmekte olup, 3 ilden (Artvin, Ardahan, Kars) 3 bireyde tespit edilen 3 haplotipi (Eco_38, Eco_40, Eco_41) ve Azerbaycan'dan 1 bireyde tespit edilen Eco_77 haplotipini içermektedir. Bu durum bu soyhattının kaynak popülasyonu olarak Kafkasları işaret etmektedir. Artvin, Ardahan, Kars illerine ait alt lokalitelerde soyhattı 2 içerisinde yer alan bu haplotipler ile birlikte soyhattı 1 içinde yer alan haplotiplerinde kaydedilmiş olması bu iller ve yakın civar lokalitelerin iki soyhattının parapatric olarak dağılış gösterdiği alanları işaret ettiğini söylemek mümkündür, ancak bu durumun tam netlik kazanması ve özellikle soyhattı 2'nin coğrafik olarak dağılış sınırlarının çizilebilmesi için bu alanlardan daha fazla örnekleme ihtiyacı vardır.

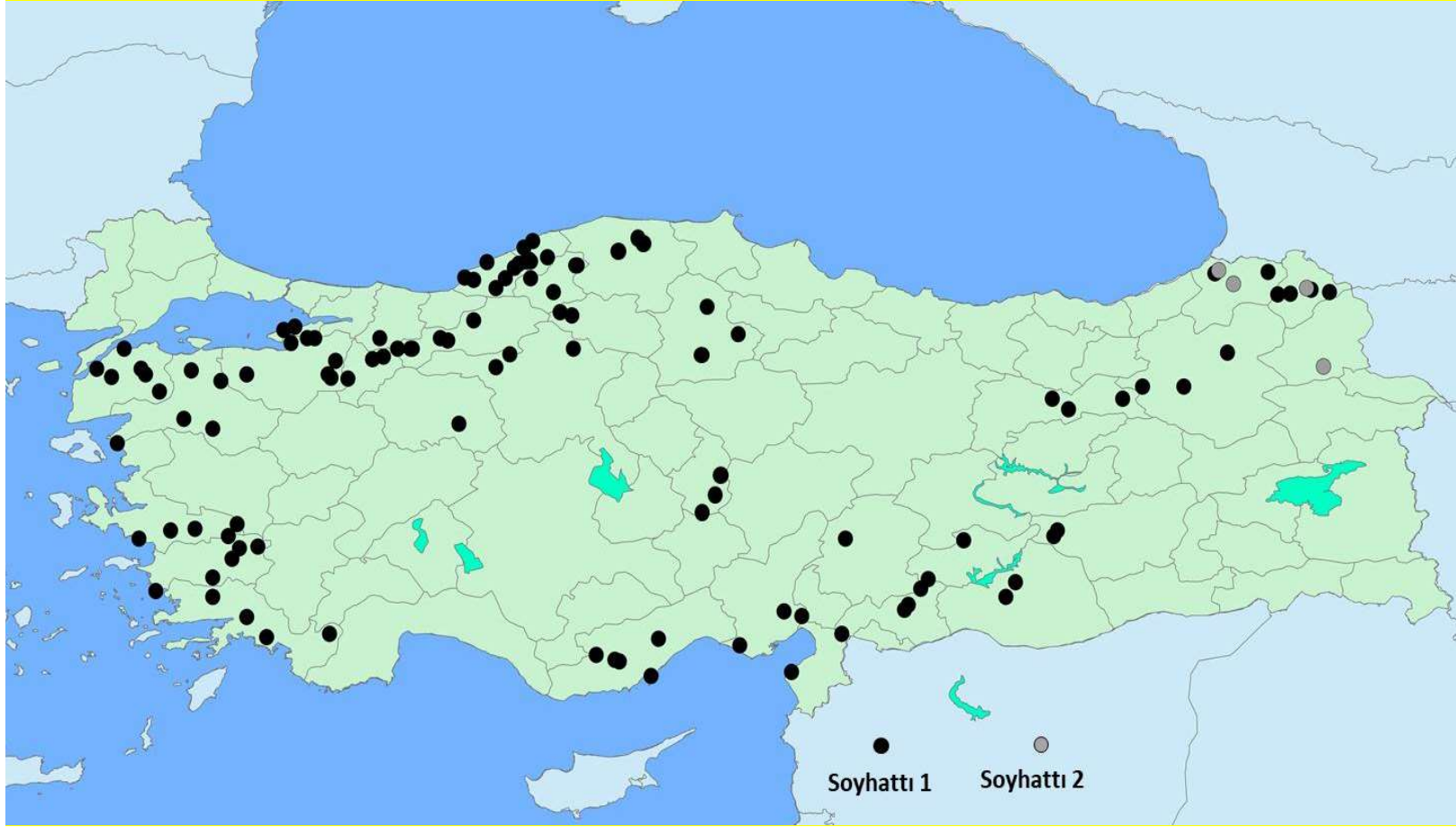
Soyhattı 2 için BI analizi sonucu elde edilmiş orta derecede posterior olasılık değeri (0,79) elde edilmiş olsa da, b soyhattına köken veren düğüm %93-94'lük yüksek bootstrap değerleri (ML, MP ve NJ)'ne sahiptir.

Median joining-network analizi

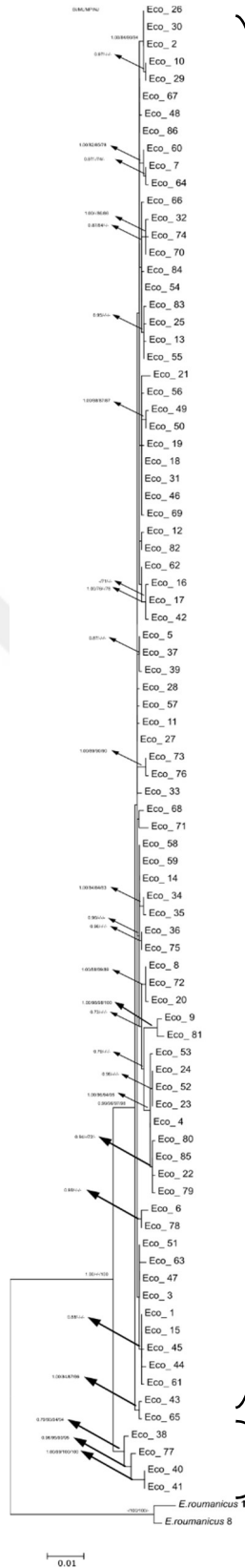
Şekil 4.10'da verilen filogenetik ağacın topolojisi incelendiğinde özellikle soyhatları içi dalların uzunluklarının kısa olduğu, ve dolayısı ile soyiçi haplotipler arası genetik uzaklıkların düşük olduğu görülmektedir. Bu durum 86 mtDNA haplotip arası KM-2P tabanlı genetik uzaklık matrisi incelendiğinde de net bir şekilde gözükmemektedir (EK3-Tablo 3). Dolayısı ile 86 *E. concolor* haplotipi arasında evrimsel ilişkiyi en iyi şekilde özetlemek için median joining-network analizi yapılmış ve elde edilen network Şekil 4.11'de gösterilmiştir. Median joining-network incelendiğinde yukarıda filogenide tartışılan 2 soyhattının varlığı net bir şekilde görülmektedir.

Soyhattı 1 incelendiğinde, Econ_27 haplotipinin ortada konumlandığı diğer haplotiplerin bu haplotipten doğrudan ya da birkaç hipotetik haplotip aracılığı ile köken aldığı görülmektedir. Bu durum yakın geçmişte bir popülasyon genişlemesi (ekspansiyon)'u işaret edecek şekildeki bir yıldız filogeniyi göstermektedir. Ancak bu tür bir durumda merkezde konumlanan haplotipin frekans bakımından en yaygın (örneğin Eco_1 veya Eco_2) haplotiplerden birinin olması beklenir. Oysa ortada konumlanan haplotip Econ_27 nadir bir haplotip olup sadece Zonguldak-Ereğli, Kızılcapınar (lokalite 68)'den bir bireyde kaydedilmiştir. Bu durumu açıklayabilecek en olası öneri örneklem azlığı ya da bu haplotipin geçmişte yüksek frekansa sahip olduğu halde zaman içinde atasal popülasyonun bir evrimsel darboğaza maruz kalması nedeniyle bu gün nadir olması olabilir.

Soyhattı 2 (Kafkaslar) incelendiğinde hipotetik haplotipler aracılığı ile 14 mutasyonel adımla Soyhattı 1 içindeki Eco_3 haplotipine bağlanan bu soyhattı içinden önce 2 mutasyonel adımla Eco_38 ayrılmakta bu haplotipin ayrıldığı dal 3 mutasyonel adımla ikinci bir hipotetik haplotipe bağlanmakta ve soyhattı içindeki diğer haplotipler (Eco_40 ve Eco_77) 2-6 arası mutasyonel adımla bu hipotetik haplotipten ve dolayısıyla da birbirinden ayrılmakta, Eco_41 ise Eco_40'tan 1 indel ile ayrılmaktadır.



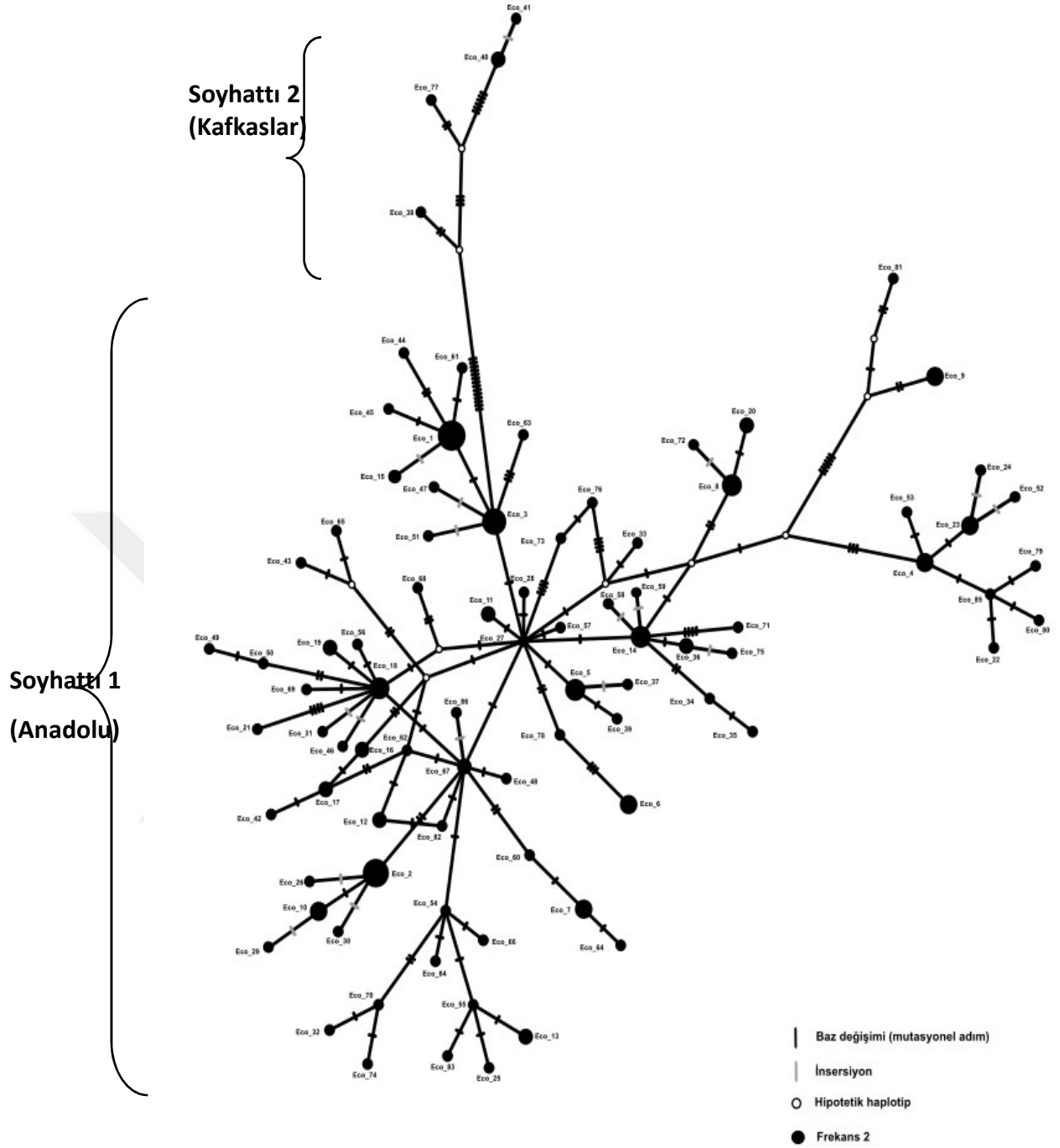
Şekil 4.9. *E. concolor* türünde mtDNA soyhatları konumlanmasını gösteren harita.



**Soyhattı 1
(Anadolu)**

**Soyhattı 2
(Kafkaslar)**

Şekil 4.10. *E. concolor*'da belirlenen mtDNA haplotiplerine dayalı GTR+I+G baz değişim modeli kullanılarak oluşturulan ML ağacı. Ağaç üzerindeki rakamlar %70'in üzerindeki bootstrap (ML, MP ve NJ) ve posterior olasılık (BI) değerlerini göstermektedir.



Şekil 4.11. *E. concolor* 'da belirlenen 86 mtDNA haplotipi arasındaki evrimsel ilişkiyi ve 2 soyhattının konumlanmasını gösteren median joining-network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansıyla doğru orantılıdır.

4.3.9. *E. concolor*'da mtDNA tabanlı populasyon genetiği parametreleri ve demografik tarih

Yapılan tüm filogenetik analizler Türkiye *E. concolor* türü mtDNA haplotiplerinin Soyhattı 1 (Anadolu) ve Soyhattı 2 (Kafkaslar) farklı evrimsel tarihlere sahip ve bir dereceye kadar coğrafik bir yapılanma gösteren iki gruba ayrıldığını göstermektedir. Bu iki soyhattı arasındaki ham nükleotid çeşitliliği $D_{xy} = \% 1,44$ ve net nükleotid çeşitliliği $D_a = \% 1,03$ 'tür. Bu iki soyhattı arasındaki $\% 1,03$ 'lük net genetik uzaklık bu iki soyhattının yaklaşık 45.175 yıl önce birbirinden ayrıldıklarını işaret etmektedir.

Bu soyhatları ve türün tamamı için hesaplanan populasyon genetiği parametreleri Çizelge 4.4'de özetlenmektedir. Örnek sayısının az olması ($N=4$) nedeniyle söz konusu parametreler Soyhattı 2 için hesaplanamamıştır. Bu genetik parametreler incelendiğinde tüm veri seti için oldukça yüksek bir haplotip çeşitlilik değerinin (0,9917, SH: 0,0026) varlığı ve dolayısı ile tür içi genetik çeşitliliğin fazla olduğu görülmekte olup, bu durum yapılan örneklemin coğrafik olarak büyük oranda türün dağılış alanının büyük bir kısmını yansıtacak şekilde yapıldığını işaret etmektedir. Türün tamamı için hesaplanan nükleotid çeşitliliğinin iki parametresinden biri olan $\pi = 0,4443$ (SH: 0,2315) ve $\theta_w = 1,16$ (SH: 0,291)'dir. Bu değerler haplotipler arasındaki nükleotid farklılığının orta derecede olduğunu göstermektedir. Soyhattı 1 için bu parametreler incelendiğinde, yüksek bir haplotip çeşitlilik (0,9912, SH: 0,0027) ve orta derecede nükleotid çeşitlilik ($\pi = 0,3745$, SH: 0,2198 ve $\theta_w = 0,98$, SH: 0,249) değerinin elde edildiği görülmektedir. Filogenetik analizler ile belirlenen Soyhattı 1 ve verinin tamamı için geçmişteki demografik şekillenmeleri test etmek için kullanılan testlerden ilki olan ani büyüme katsayısı (EC) değerleri Çizelge 4.4'de verilmiştir. EC değerlendirildiğinde bu değerlerin tüm veri seti ve Soyhattı 1 için k (ortalama nükleotid farklılık sayısı) değerlerinden yüksek olduğu görülmekte olup, bu durum tür ve ilgili bu soyhattının zaman içinde populasyon büyüklüğünde bir artış (genişleme) yaşadıklarını işaret etmektedir. EC değerinin Soyhattı 1 için düşük elde edilmesi büyük olasılıkla örnek sayısı azlığından kaynaklanmaktadır. Demografik tarihle ilgili değişik nötralite testlerinin sonuçları Çizelge 4.5'de özetlenmektedir. Tajima's D istatistik sonuçları hem Soyhattı 1 ($-1,97890$, $P < 0,05$) hem de türün tamamını ($-1,99302$, $P < 0,05$) için negatif ve

istatistiksel olarak önemlidir. Bu Tajima's D istatistik deęerleri türün ve Soyhattı 1'in geçmişte bir populasyon büyümesi geçirdiğine işaret edebilir.

Nötrallite testlerinden Fu's F_s deęerleri incelendiğinde sonuçların Soyhattı 1 ve türün tamamı için oldukça negatif (Soyhattı 1 =-24,83137 ve Toplam=-24,61343), aynı zamanda da istatistiksel olarak anlamlı ($P<0,05$) oldukları görülmektedir. Dolayısıyla Soyhattı 1 ve türün tamamı için bulunan bu deęerlerin negatif ve aynı zamanda da istatistiksel olarak önemli olması nötralliteden bir sapmanın ve geçmişte ani populasyon büyümesine maruz kalmış populasyonları işaret etmektedir.

Nötrallite testlerden Fu & Li's D^* istatistięi sonuçları Soyhattı 1 için negatif ve istatistiksel olarak anlamlı (-2,50417, ($P<0,05$)) iken türün tamamı için negatif ancak istatistiksel olarak önemsizdir (-1,76906, ($P>0,10$)). Dolayısıyla Fu & Li's D^* sonuçları negatif ve istatistiksel olarak anlamlı olması, Soyhattı 1 için nötralliteden sapmanın ve bir populasyon genişlemesinin olduğu işaret etmektedir.

Strobeck's S istatistięi (S_s) ve R_2 istatistięi incelendiğinde, Strobeck's S istatistięi Soyhattı 1 ve türüne tamamı için 1'dir. Bu yine, Soyhattı 1 ve türün tamamında gen frekansına ve mutasyon oranına baęlı olarak eşit veya daha az haplotip bulma olasılıęının çok yüksek olduğunu göstermekte olup, bu durum ya seçim ya da populasyon genişlemesi nedeniyle nötralliteden bir sapmanın olduğunu işaret etmektedir. Polimorfizm frekansından bilgi alan ve singloton sayısı ve ortalama baz farklılıęı sayısını karşılaştıran R_2 istatistięi sonuçları incelendiğinde bunların Soyhattı 1 ve türün tamamında düşük pozitif deęerler taşıdığı görülmektedir (Soyhattı 1 için $R_2= 0,0341$ ve Toplam için $R_2 = 0,0340$). R_2 deęerlerinin düşük pozitif deęere yaklaşması Soyhattı 1 ve türün tamamı için yakın bir zamandaki bir populasyon genişlemesini işaret etmektedir.

Geçmişteki demografik şekillenmeler ile ilgili mismatch dağılım analizi sonuçları Çizelge 4.6'da verilmektedir. Sum of squared differences (SSD) istatistięi sonuçları Soyhattı 1 ve türün tamamı için bir populasyon genişlemesi olduğu yönündeki sıfır hipotezi desteklemektedir. Soyhattı 1 için $SSD= 0.02856$ ($P = 0,0001$) ve toplam için $SSD= 0,00085$ ($P = 0,0000$). Raggedness index (rg) deęerlerine bakıldığında ise bu istatistięin Soyhattı 1 için 0.00580 ($P = 1$) ve toplam için 0.00509 ($P = 1$) olduğu görülmektedir. 0,05'ten daha küçük bir rg

değerinin ani populasyon genişlemesi durumunu işaret ettiği düşünülürse, yine Soyhattı 1 ve türün tamamı için geçmişte yüz yüze kalınan bir evrimsel darboğazdan söz etmek olasıdır.

Burada özetlenen demografik testlerle paralellik gösterir şekilde, mismatch dağılım grafikleri incelendiğinde (Şekil 4.12), gerçekten de Soyhattı 1 ve türün tamamı için elde edilen dağılım grafikleri ani populasyon büyümesi gösteren bir populasyonda beklenen unimodel dağılım ile çok iyi bir şekilde uyumaktadır.

Soyhattı 1 ve türün tamamı için bu populasyon genişlemesinin yaklaşık ne zaman meydana geldiği Çizelge 4.6'da verilmektedir. Buna göre yaklaşık olarak, Soyhattı 1'in 130.924 (111.835_{alt sınır} - 146.739_{üst sınır}) yıl önce ve türün tamamının ise 124.011 (105.813_{alt sınır} - 138.963_{üst sınır}) yıl önce populasyon büyüklüğünde bir genişleme geçirmiş olabileceği görülmektedir.

Çizelge 4.4. *E. concolor* mtDNA verileri için hesaplanan genetik çeşitlilik parametreleri. N, birey sayısı; H, haplotip sayısı; Hd, haplotip çeşitliliği; π , pozisyon başına nükleotid çeşitliliği; θ_w , segregasyon gösteren baz bölgesi sayısından hesaplanan nükleotid çeşitliliği; S, segregasyon gösteren baz bölgesi sayısı; k, ortalama nükleotid farklılık sayısı; EC, ani büyüme kat sayısı ve SH, standart hata.

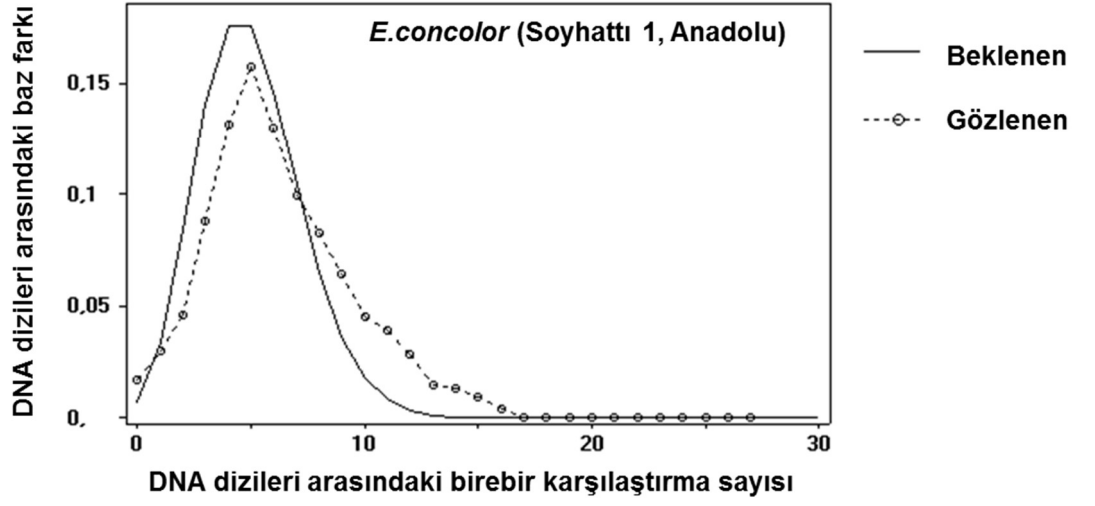
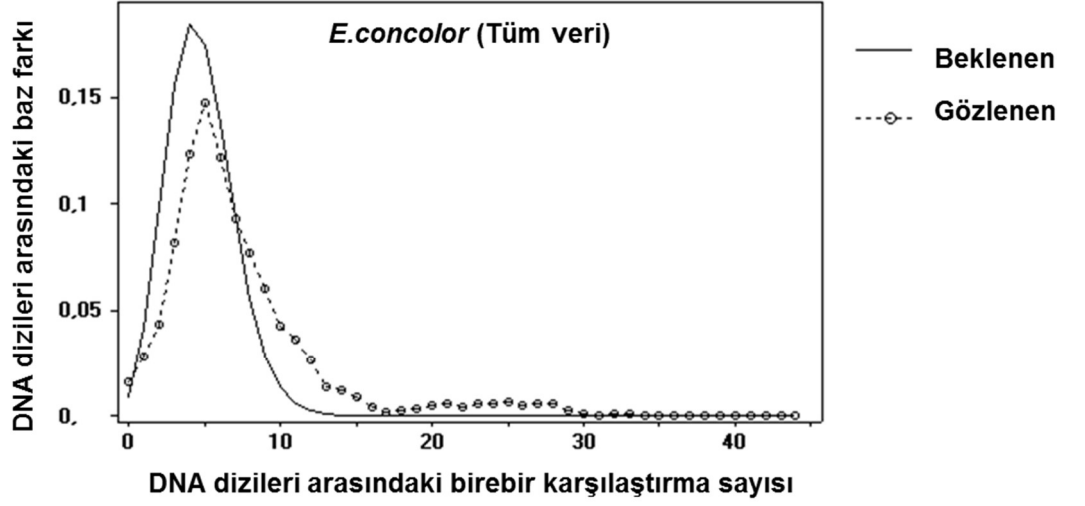
Soyhattı	N	H	H _d (SH)	% π (%SH)	% θ_w (%SH)	S	k	EC=S/k
Soyhattı 1	117	82	0,9912 (0,0027)	0,3745 (0,1982)	0,98 (0,249)	85	7,369	11,54
Soyhattı 2	4	4	-	-	-	-	-	-
Toplam	121	86	0,9917 (0,0026)	0,4443 (0,2315)	1,16 (0,291)	102	7,369	13,84

Çizelge 4.5. *E. concolor* mtDNA verileri için yapılan nötralite analiz sonuçları. SS, Strobeck's S; R2, Ramos-Onsins & Rozas's; R2

Soyhattı	Tajima's D	Fu's Fs	Fu ve Li's D*	S _S	R ₂
Soyhattı 1	-1,97890 (P < 0,05)	-24.83137 (P < 0,05)	- 2,50417 (P < 0,05)	1,000	0,0341
Soyhattı 2	-	-	-	-	-
Toplam	-1,99302 (P < 0,05)	-24.61343 (P < 0,05)	-1,76906 (P > 0.10)	1,000	0,0340

Çizelge 4.6. *E. concolor* mtDNA verileri için yapılan mismatch analiz sonuçları. T: Yıl olarak günümüz öncesi. θ_0 , ekspansiyondan önceki baz değişim oranı; θ_1 , ekspansiyondan sonraki baz değişim oranı; τ , tau istatistiği, SSD, beklenen ve gözlenen arasındaki kare farklarının toplamı; rg , Harpendin's Raggedness indeksi; t , $\tau = 2ut$ formülüyle hesaplanan jenerasyon olarak ekspansiyon zamanı, burada $u=2 \mu$, μ mutasyon oranı ve k ise DNA dizisinin uzunluğudur. Populasyon ekspansiyon zamanları sabit moleküler saat ve 1.14×10^{-5} değişim/baz/yıl mutasyon oranı varsayılarak hesaplanmıştır.

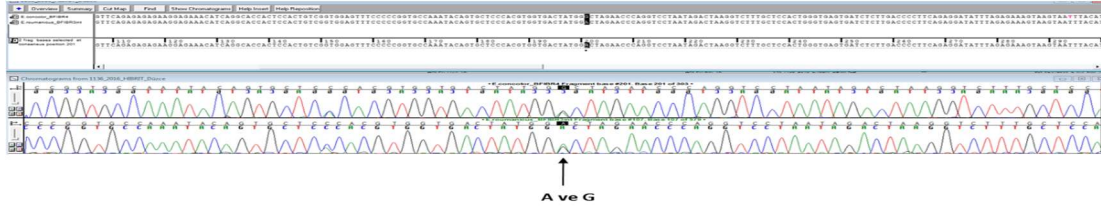
Soyhattı	θ_0	θ_1	τ (%95 GA)	SSD	rg	T (%95 GA)
Soyhattı 1	0,000	99999	5 (4,271-5,604)	0.02856 ($P = 0,0001$)	0.00580 ($P = 1$)	130.924 (111.835-146.739)
Soyhattı 2	-	-	-	-	-	-
Toplam	0,000	99999	4,736 (4,041-5,307)	0,00085 ($P = 0,0000$)	0.00509 ($P = 1$)	124.011 (105.813-138.963)



Şekil 4.12. *E. concolor* türü ve Soyhattı 1 için mtDNA verisine dayalı olarak yapılan analizlerden elde edilen mismatch dağılım grafikleri

4.4. Nüklear DNA Beta-fibrinojen intron 7 bölgesinin Genetik Varyasyonu

Çalışılan 100 *E. concolor* ve 75 *E. roumanicus* ve olası hibrit olduğu tahmin edilen 11 hibrit bireye ait 673 bç büyüklüğündeki DNA dizileri BFIBR3int ve BFIBR4 ya da BFIBR2 ve BFIBR3int primerleri ile iki yönlü olarak okunmuştur. (Şekil 4.13)



Şekil 4.13. BFIBR3int ve BFIBR4 primerleri ile bfibr intron 7'nin 673bç'lik kısmı çoğaltılan bir olası hibrit bireyde (DUZ_8, Düzce-7, Akçakoca) *E. concolor* ve *E. roumanicus* haplotiplerinin nasıl ayrıldığını gösteren kromatogram. Görüldüğü gibi bu birey pozisyon 201. de hem A (*E. concolor*) hem de G (*E. roumanicus*) bazlarına sahip olup, bu pozisyon ok ile gösterilmiştir.

Her bir bireyin homozigot mu, heterozigot mu ya da olası hibritler mi oldukları tür içi ve türler arası varyasyon gösteren pozisyonlar tek tek incelenerek belirlenmiş ve her bir bireye ait olası iki haplotip oluşturularak bunlar tek bir matriste bir araya getirilmiştir. Bu matirse Seddon vd, (2001) tarafından tanımlanan ve GenBankası'nda depolanan *E. roumanicus* (accesion no: AF379848, AF379849; AF379850, AF379851), *E. concolor* (accesion no: AF379852, AF379853), *E. europaeus* (accesion no: AF379833, AF379836) *bfibr* intron 7 haplotipleride eklenerek PHASE programına aktarılması ile toplamda 271 bireylik bir veri matrisi oluşmuştur. Bayesian istatistik metodu ile coalenscent teori tahminleri doğrultusunda diploit verilerin haploit verilere dönüştürülmesi ve her bir haplotipin frekansının hesaplanması ile toplamda 8 olası haplotip tanımlanmıştır (Çizelge 4.7). Bu haplotiplerden 3 tanesinin (E.rou_FGB_AF379848, E.rou_FGB_TR1 ve E.rou_FGB_TR2) *E. roumanicus* türüne; 4 tanesinin (E.con_FGB_TR1, E.con_FGB_TR2, E.con_FGB_TR3 ve E.con_FGB_TR4) *E. concolor* türüne, 1 tanesinin (E.eur_FGB_AF379833/36) *E. europaeus* türüne ait olduğu görülmüştür. Çizelge incelendiğinde Türkiye'nin Trakya bölgesi dahil Balkanlar ve Avrupa'nın büyük bir kısmından tanımlanan *E. roumanicus* AF379849, AF379850, AF379851 haplotiplerinin Türkiye'deki E.rou_FGB_TR1 haplotipi ile aynı olduğu, Polonya'dan tanımlanan E.rou_FGB_AF379848 haplotipinin Türkiye örnekleri içerisinde tespit edilemediği görülmektedir.

GenBankası'nda bulunmayan yeni 2 *E. roumanicus* haplotipi (E.rou_FGB_TR1, E.rou_FGB_TR2) bu tez kapsamında tespit edilmiştir. Benzer şekilde E.con_FGB_TR1 haplotipinin Anadolu'da 2 lokaliteden verilen AF379852 haplotipi ile aynı olduğu ve yüksek bir frekansa sahip olduğu görülmektedir. Yine, Türkiye'deki çok sayıda lokaliteden kaydettiğimiz E.con_FGB_TR2 haplotipinin de İsrail'den 2 farklı lokaliteden verilen AF379853 haplotipi ile aynı olduğu görülmektedir. Yeni dört *E. concolor* haplotipi (E.con_FGB_TR3, E.con_FGB_TR4, E.con_FGB_TR5, E.con_FGB_TR6) tanımlanmıştır. PHASE programının ürettiği çıktı incelendiğinde, *E.roumanicus* bireylerinin 51 tanesinin E.rou_FGB_TR1 haplotipi için, 4 tanesinin E.rou_FGB_TR2 haplotipi için homozigot; 20 tanesinin ise E.rou_FGB_TR1 - E.rou_FGB_TR2 arası heterozigotlar olduğu bulunmuştur (EK1-Tablo 1). *E. concolor* bireylerinin ise 40 tanesinin E.con_FGB_TR1 haplotipi için homozigot, 21 tanesinin E.con_FGB_TR2 için homozigot, 1 tanesinin E.con_FGB_TR3 için homozigot; 10 tanesinin E.con_FGB_TR1-E.con_FGB_TR3, 36 tanesinin E.con_FGB_TR1-E.con_FGB_TR2 ve 2 tanesinin E.con_FGB_TR2-E.con_FGB_TR3 haplotipleri için heterozigot olduğu bulunmuştur.

İlginç bir şekilde 11 bireyden 5 tanesinin [(BAR_1, lok.77, Kozcağız), (KOC_11, lok.35, Kandıra), (SAK_10, lok.41, Kaynarca), (IST_7, lok.20, Ağva) ve (ANK_3, lok.121, Beypazarı)] E.rou_FGB_TR1-E.con_FGB_TR2 haplotiplerine sahip; 1 tanesinin (KOC_5, lok.24, Karamürsel) E.rou_FGB_TR2-E.con_FGB_TR1 haplotiplerine sahip; 2 tanesinin (KOC_3, LOK.33, Kandıra) ve (DUZ_8, LOK.57 Akçakoca) E.rou_FGB_TR2-E.con_FGB_TR2 haplotiplerine sahip, 1 tanesinin (SAK_9, lok.49, Geyve) E.rou_FGB_TR1-E.con_FGB_TR1 haplotiplerine sahip; 1 tanesinin (BOL_3, lok.64, Belkarağaç) E.rou_FGB_TR1-E.con_FGB_TR3 haplotiplerine sahip 1 tanesinin de E.rou_FGB_TR1-E.con_FGB_TR4 (BOL_4, lok.63, Mudurnu) haplotiplerine sahip olduğu görülmüştür. Hem *E. roumanicus* hem de *E. concolor* haplotiplerinin farklı kombinasyonlarda ve genellikle de en yaygın haplotiplere sahip olacak şekilde beraber bulunduran bu bireyler iki türün doğada karşı karşıya geldikleri 'parapatrik' dağılım alanından toplanan bireyler olup, bu alanda sadece karşı karşıya gelinmediği aynı zamanda gen alış verişinin olduğu bir hibrit zonun varlığını işaret etmektedirler (EK1-Tablo 1).

Çizelge 4.7. PHASE programı tarafından toplam verinin çözülmesi ile belirlenen *bfibr* intron 7 haplotipleri.

Haplotipler	Frekans
<i>E. roumanicus</i>	
E.rou_FGB_AF379848	2
E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]	79
E.rou_FGB_TR2	27
<i>E. concolor</i>	
<i>E.con_FGB_TR1</i> [AF379852]	86
E.con_FGB_TR2 [AF379853]	59
E.con_FGB_TR3	13
E.con_FGB_TR4	1
<i>E. europaeus</i>	
E.eur_FGB_AF379833/36	6

4.5. Nükleer *b fibr* intron 7 Dizi Kompozisyonunu

Çizelge 4.7’de detayaları verilen 8 *Erinaceus* haplotipinin hizalanması ile oluşturulan 3 farklı türe ait haplotip matrisi incelendiğinde 15 baz değişimi ile bu haplotiplerin bir birinden ayrıldıkları görülmüştür (Çizelge 4.8). Bu çalışmanın esas konusunu oluşturan *E. concolor* ve *E. roumanicus* türlerinin bir birinden 6 pozisyonda (81, 150, 184, 201, 344 ve 581) net bir şekilde ayrıldıkları ve dolayısı bu genetik belirteç ile ilgili pozisyonlara bakarak saf *E. concolor* ve *E. roumanicus* bireyler ile bunlar arasında oluşması mümkün hibrit bireyler (F_1 veya geri çaprazlar)’in net bir biçimde ayrılacağı görülmektedir. Buradan yola çıkarak hem bu 6 pozisyon hem de diğer pozisyonlar için DNA dizileri incelen 186 birey (*E. concolor* ve *E. roumanicus*)’den 100 saf *E. concolor*, 75 saf *E. roumanicus* ve 11 olası hibrit bulunmuştur (EK1-Tablo 1)

Çizelge 4.8. *b fibr* intron 7 bölgesi dizileri için *Erinaceus* türleri arasında gözlenen dizi varyasyonları.

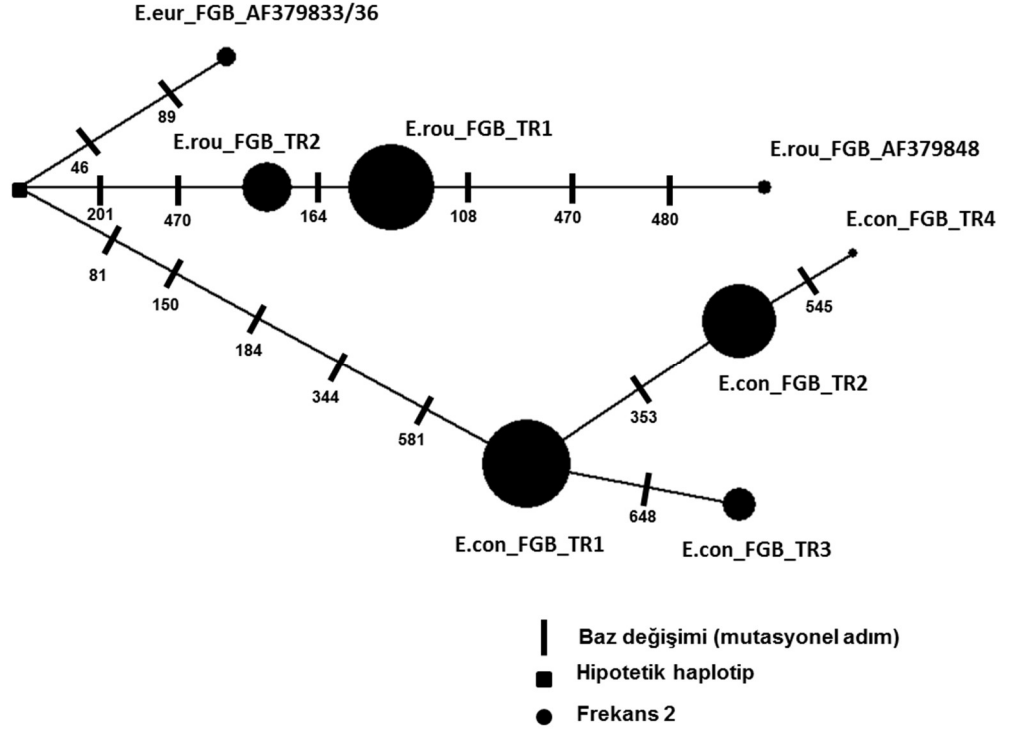
Pozisyon	Değişim	Tür		
		<i>E. europaeus</i>	<i>E. roumanicus</i>	<i>E. concolor</i>
46	C/T = Y	T	C	C
81	A/T = W	T	T	A
89	C/T = Y	T	C	C
108	G/T = K	T	G/T	T
150	G/T = K	G	G	T
164	A/C = M	C	A/C	C
184	A/C = M	A	A	C
201	A/G = R	G	A	G
344	G/T = K	G	G	T
353	C/T = Y	T	T	C/T
470	A/G/T = D	T	A/G	T
480	A/C = M	A	A/C	A
545	A/G = R	G	G	A/G
581	C/T = Y	C	C	T
648	A/G = R	A	A	A/G

4.6. *bfibr* intron 7 DNA dizilerine dayalı median-joining network analizi

bfibr intron 7 haplotipleri arasındaki evrimsel ilişkiyi daha iyi yansıtabilmek için oluşturulan median joining-network Şekil 4.14'de gösterilmektedir. Network incelendiğinde 18 pozisyondaki baz değişimi ile gerek türler arası gerekse tür içi haplotiplerin bir birinden net bir biçimde ayrıldıkları görülmektedir. Adeta bir yıldız filogeni oluşturan networkta hipotetik bir haplotip merkezde yerleşmiş olup, diğer haplotipler bu haplotipten dallanmaktadır. Bu hipotetik haplotipten *E. europaeus* türüne ait E.eur_FGB_AF379833/36 haplotipi iki mutasyonel adımla, *E. roumanicus* türüne ait E.rou_FGB_TR2 haplotipi yine iki mutasyonel adımla, *E. concolor* türüne ait E.con_FGB_TR1 haplotipi ise beş mutasyonel adımla ayrılmaktadır.

E. roumanicus türüne ait haplotiplere bakıldığında ise bunlardan ikinci derecede en yaygın haplotip olan E.rou_FGB_TR2 köken oluşturmakta ve en yaygın haplotip olan E.rou_FGB_TR1 ise bu haplotipten 1 mutasyonel adımla ayrılmaktadır.

Türkiye dışından (Polonya) kaydedilmiş olan E.rou_FGB_AF379848 haplotipi ise hem Türkiye hem de Avrupa'da en yaygın haplotip olan E.rou_FGB_TR1 haplotipinden 3 mutasyonel adımla ayrılmaktadır. *E. concolor* türüne ait haplotiplere bakıldığında ise en yaygın haplotip olan E.con_FGB_TR1 kökende yer almakta olup nadir E.con_FGB_TR3 ve en yaygın olan ikinci haplotip olan E.con_FGB_TR2 bu haplotipten bir mutasyonel adımla ayrılmaktadır. Nispeten nadir bulunan *E. concolor* haplotipi olan E.rou_FGB_TR4 en yaygın ikinci haplotip olan E.con_FGB_TR2'den bir mutasyonel adımla ayrılmaktadır. Bu networkun en önemli özelliği bu tezin esas konusunu oluşturan *E. concolor* ve *E. roumanicus* türlerinin bir birinden 6 pozisyonda (81, 150, 184, 201, 344 ve 581) net bir şekilde ayrıldıkları ve dolayısı bu genetik belirteç ile ilgili pozisyonlara bakarak saf *E. concolor* ve *E. roumanicus* bireyler ile bunlar arasında oluşması mümkün hibrit bireyler (F₁ veya geri çaprazlar)'in net bir biçimde ayrılabilmesi göstermesidir.



řekil 4.14. Hem turler arası hem de tır ii *b fibr* intron 7 haplotipleri arası evrimsel iliřkiyi gsteren median joining-network. Her bir dairenin boyutu haplotipin frekansıyla doęru orantılıdır.

4.7. Batı Doęu ile karřılařıyor: *E. roumanicus* -*E. concolor* arası sekonder hibrit zon

Tez alıřması kapsamında elde edilen mtDNA haplotiplerinin Kimura 2 Parametre baz deęiřim modeli kullanılarak yapılan uzaklık analizi *E. roumanicus* ve *E. concolor* arasındaki ham nkleotid farklılıęının (D_{xy}) % 6,2 (SH: % 0,5) net ham nkleotid farklılıęının (D_{xy}) % 5,7 (SH: % 0,5) da olduęunu gstermiřtir. Bu derecedeki yksek bir farklılık bir bireyin mtDNA haplotipine bakarak bireyin *E. roumanicus* mu yoksa *E. concolor* tipi mi haplotipe sahip olduęunun rahatlıkla belirlenebileceęini ifade etmektedir. Kaldı ki ok lokuslu bir yaklařım sunan bu alıřma, bir bireyin tır kimlięinin belirlenmesinde sadece mtDNA ile yetinmemiř olup, hem erkek eřey kromozomu hem de nkleer DNA verilerini de kullanmıřtır.

Her bir birey iin kullanılan genetik belirteler incelendięinde (EK1-Tablo 1) 9 il (İstanbul, Kocaeli, Sakarya, Dzce, Bolu, Zongudak, Bartın, Karabkve Ankara) ve bunlara ait alt lokaliteden 28 bireyde ilgin durumla karřılařılmıřtır. *E. roumanicus* Trkiye daęılıř alanın Trakya ve Kuzey-Batı Anadolu'nun batısından rneklenen

bireyler spesifik *E. roumanicus* tip mtDNA, Y-DNA ve nükleer DNA (*bfibr* intron 7) sahip, aynı şekilde *E. concolor* Anadolu dağılışı alanından örneklenen bireylerde spesifik *E. concolor* tip mtDNA, Y-DNA, ve nükleer DNA (*bfibr* intron 7) sahip iken bu iki türün doğada karşı karşıya geldikleri alanda genomik etkileşim ve sızmanın bulgularına rastlanmıştır. Bu iki türün doğada karşı karşıya geldikleri bu parapatric alanda kardeş türler arası üremenin ürünleri olan hibrit bireylere rastlanmıştır. Bu etkileşim alanının (sekonder hibrit zon) coğrafik konumu yaklaşık olarak Kuzey Batı Anadolu'da kuzeyde Bartın'dan başlayıp güneyde Ankara-Beypazarı'na kadar uzanan yaklaşık 160 km'lik bir kuzey-güney hattının sağ ve solunda olup en geniş genomlar arası sızma gösteren *bfibr* intron 7 genetik belirtecinin dağılışı alanına bakarak buranın kuzey ve güneyde yaklaşık 217 km, batıda yaklaşık 71 km, doğuda ise yaklaşık 160 km.'lik hattı içerecek şekilde tahminen 15.000 km²'lik bir alana denk geldiğini söylemek olasıdır.

İki akraba tür arasındaki genetik etkileşimin varlığını, derecesini ve coğrafik konumunu göstermek için kullanılacak en iyi genetik belirteçler sadece anne hattı boyunca bir nesilden diğer nesile aktarılan ve böylece nükleer genetik belirteçlerden farklı olarak rekombinasyonla sulandırılmayan mtDNA ile yine haploit olup sadece baba hattı aracılığıyla bir nesilden diğerine aktarılan Y kromozomu DNA'sı olacaktır.

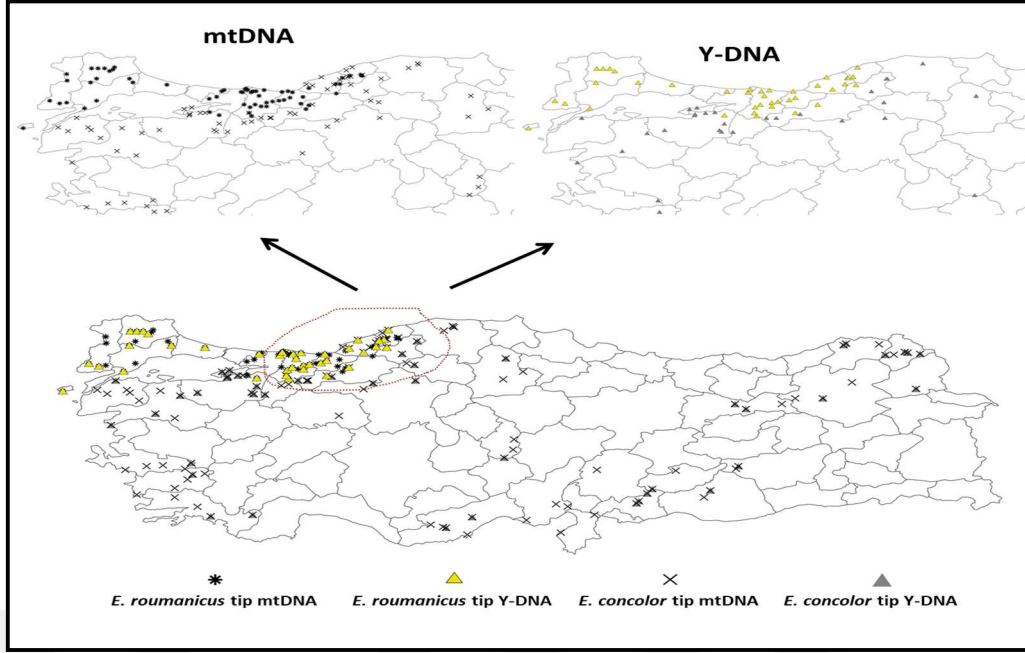
Parapatric dağılışı gösteren hem yakın akraba türlerde hem de uzak akraba bazı türlerde bir türün diğer türe ait tipik genleri taşıdığı dolayısıyla coğrafik olarak asimetric bir introgresyonun olduğu bir çok çalışmada gösterilmiştir (Currat, 2009). Bu durum tercih edilen favori yabancı genlerin bir türün dağılışı alanı içerisine çekilmesiyle doğal seçim tarafından meydana getirilebilir (Ballard ve Whitlock, 2004). Ancak yapılan teorik ve simulasyon çalışmaları göstermiştir ki, eğer bir türün dağılışı alanı diğer tür tarafından işgal edilmesine hibridizasyon da eşlik ederse "yerli türe" ait nötral genlerin işgalci türe introgresyonun olabileceğini göstermiştir (Currat, 2009; Petit ve Excoffier, 2009). Ayrıca tür içi düşük gen akışı gösteren ve dolayısıyla da yayılımlarınının sınırlı olmasından dolayı genetik olarak hakim olma şansları az olan genetik belirteçlerin (örneğin mtDNA ve Y kromozomu) olası bir introgresyonun varlığı için çok daha bilgi içerici oldukları gösterilmiştir göstermiştir (Currat, 2009; Petit ve Excoffier 2009). Buradan yola çıkarak bu iki tür arasındaki sekonder temas bölgesi boyunca mtDNA ve Y kromozom DNA'nın tipi ve yayılışları incelendiğinde bu alan içerisinde 10 bireyin (SAK_17, BOL_5, BOL_9, ZON_3, ZON_6, ZON_8,

BAR_2, BAR_3, BAR_6 ve KRB_3) tipik *E. concolor* mtDNA haplotiplerinden (Eco2, Eco3, Eco10, Eco22, Eco25, Eco26 ve Eco27) birine, ancak bunların hepsinin tür spesifik Y kromozom DNAsı haplotipine (E.rou_Y1 haplotipine) sahip oldukları bulunmuş olup, dolayısıyla bu durum mtDNA'sının *E. concolor* kökenden (muhtemelen bu anneler geri çapraz bireyleri ya da hibritler arası çaprazlamayı temsil etmektedir) Y kromozom DNA'sının ise *E. roumanicus* kökenden (muhtemelen bu babalar geri çapraz bireyleri ya da hibritler arası çaprazlamayı temsil etmektedir) geldiklerini işaret etmektedir. 28 bireyden iki tanesi (KOC_1 ve KOC_5) ise tipik *E. roumanicus* mtDNA haplotiplerine (Ero3 ve Ero11 haplotipleri) ancak bunların hepsinin tür spesifik Y kromozom DNA'sı haplotipine (E.con_Y1) sahip oldukları bulunmuştur. Bu durum büyük bir ihtimalle ya annesi *E. roumanicus* babası *E. concolor* olan F₁ bireyleri ya da daha önceki nesiller aracılığıyla E.rou_Y1 tip Y kromozomunu almış hibrit bir erkek birey ile saf bir *E. roumanicus* anne ya da hibritler arası çiftleşmenin döllerini gösteriyor olabilirler.

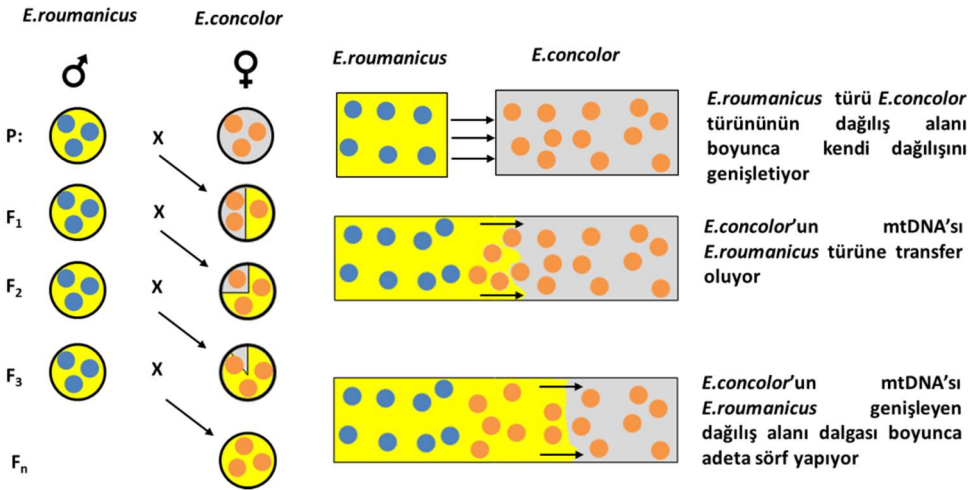
Burada verilen bilgiler Şekil 4.15'de verilen bilgilerle eşleştirildiğinde ortaya çıkan senaryo Trakya'dan Kuzeybatı Anadolu'ya geçen az sayıdaki işgalci *E. roumanicus* popülasyonunun Anadolu'da yaygın ve yerli olan *E. concolor* mtDNA'sını introgresif hibridizasyon ile genomlarına kattıklarıdır. Buna göre bu işgalci tür yerli türün dağılım alanına doğru kendi dağılımını genişlettikçe popülasyon büyüklüğü artar ve introgresyona uğrayan mtDNA iki tür tarafından beraberce kopya sayısı bakımından arttırılır. Bunun sonucunda introgresyona uğramış mtDNA işgalci türün dağılım genişletme dalgasını atlatarak işgalci tür dağılım alanı içerisine yayılır (Şekil 4.16).

Şekil 4.16'da görüldüğü gibi iki türün bireyleri arasında (turuncu *E. concolor* dişi - mavi *E. roumanicus* erkek) ilk hibridizasyon olayı meydana gelmiştir. Meydana gelen F₁ döller hem sarı hem gri nükleer DNA'nın bir karışımını bulundururken, anne tarafından kalıtım nedeniyle mtDNA'nın turuncu versiyonunu bulundururlar. Daha sonraki nesillerde karışım halindeki dişilerin sarı *E. roumanicus* erkekleriyle geri çaprazlaması gri nükleer DNA'yı sulandırıp seyreltecek, sarı tür (*E. roumanicus*) genomik DNA'sını yeniden yapılandıracak ancak oluşan bireylerin anasal kalıtım nedeniyle turuncu (*E. concolor*) tip mtDNA'ya sahip olmasına neden olacaktır. İlk karşı karşıya geldiklerinde ve hatta bugün bile istilacı tür *E. roumanicus*'un nadir, yerli *E. concolor* türünün ise yaygın olması bu gözlenen asimetric mtDNA introgresyonunu

açıklamak için yeterli olabilir (Currat vd, 2008). Ancak burada gözlenen örüntü “Haldane kuralı” nedeniyle (Haldane, 1922) erkek eğilimli yayılma nedeniyle güçlendirilebilir (reinforcement). Haldane kuralı F₁ döller arasında eğer eşeylerden biri yok, nadir ya da sterilse bu eşeyin genetik uyumsuzluktan fazlasıyla etkilenen heterogametik eşey olduğunu ifade eder (Turelli ve Orr, 2000; Coyne ve Orr, 2004; Presgraves, 2010). Kirpilerin söz konusu olduğu bu çalışmada bu eşey erkek olacaktır. Buna göre hibritleşebilecekleri bir tür (*E. concolor*) tarafından işgal edilen alanlar içerisine doğru yayılan işgalci türe (*E. roumanicus*) ait erkekler çiftleşmek için sadece yerli türün dişileriyle rastlaşacaklardır. Bu erkeklerin genetik materyalleri gelecek nesillere aktarma potansiyeline sahip olsa da bunların döllerini anne tarafından kalıtım nedeniyle her zaman yerli türün mtDNA’sına sahip olacaktır. Her ne kadar *E. roumanicus* türünde erkek eğilimli yayılım hakkında veri yok ise de mtDNA ve Y kromozomunun dağılışı dişi tarafından kalıtılan kalıtsal materyalin (mtDNA) introgresyona daha fazla maruz kaldığını göstermektedir. *E. europaeus* türünde yapılan çalışma ve gözlemler epigamik davranışın çok karmaşık olduğunu göstermiştir (Herter, 1965; Reeve, 1994). Bu türde dişiler oldukça seçici olup çiftleşme öncesi davranış oldukça uzun olabilir (Reeve ve Morris, 1986). Her ne kadar durum net değilse de buradaki örnekte dişi eğilimli yayılım ve Haldane kuralı beraberinde çalışırken rastgele olmayan çiftleşme asimetric mtDNA introgresyonunu devam ettirebilir. Buna göre yerli *E. concolor* türünün üyeleri kendi aralarında çiftleşmeyi tercih ederken, işgalci erkekler ve sayıca artan hibrit dişiler büyük bir olasılıkla kendi aralarında çiftleşeceklerdir. Bu durumla paralellik gösterecek şekilde bu 28 bireyden 10 tanesinin *E. concolor* anneli hibrit bireyler olması, (bunlar birbirlerine uzaklıkları değişen 10 farklı lokalitedendir) bunların sayıca az olan (2 birey ise çok yakın lokalitedendir) *E. roumanicus* anneli hibritlere göre üreme bakımından daha başarılı olduklarını göstermektedir, bu durum *E. roumanicus* mtDNA’sının hibrit zon içerisine girişini engelleyen adeta bir filtre görevi göstermektedir. mtDNA’da gözlenen bu duruma *E. roumanicus* ve *E. concolor* türlerinin nükleer genomları (Y kromozom DNA) birbirinden izole olup iç içe geçmemektedir. Ne *E. roumanicus* tipi Y DNA ne de *E. concolor* tipi Y DNA hibrit zon boyunca iç içe geçmemekte olup bu durum her bir türde de farklı türün Y kromozomu taşıyan olası hibritlere karşı seçilimin çok yüksek olduğunu göstermektedir (Haldane kuralı).



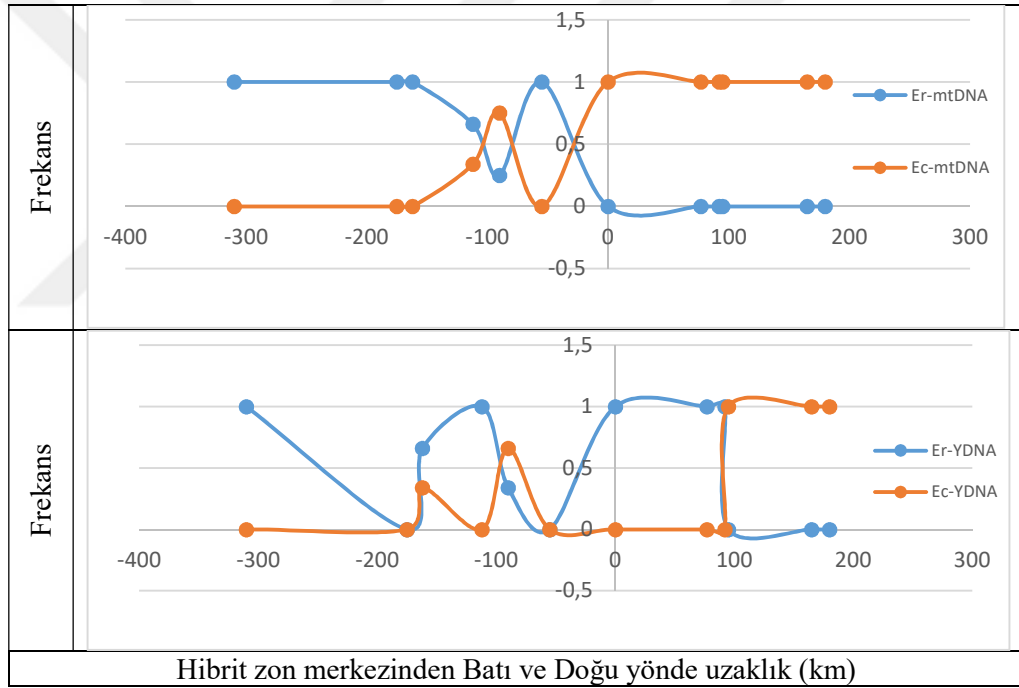
Şekil 4.15. Yerli *E. concolor* türünün mtDNA'sının asimetrik introgresyonunu Y kromozom DNA'sı tiplerinin dağılımıyla birlikte gösteren harita. Metinde bahsedilen sekonder temas bölgesinin konumu devamsız çizgi ile gösterilmektedir.



Şekil 4.16. Hibridizasyon ve türün birinin dağılış alanını diğerinin alması ile asimetrik mtDNA transferinin nasıl meydana geldiğini gösteren temsili diyagram. İntrogresif hibridizasyon aracılığı ile mtDNA'nın türlerin dağılış sınırları boyunca nasıl transfer edildiğinin kompozisyonu, küçük daireler ise mtDNA tipini göstermektedir (Wielstra ve Arntzen, 2012'den uyarlanmıştır).

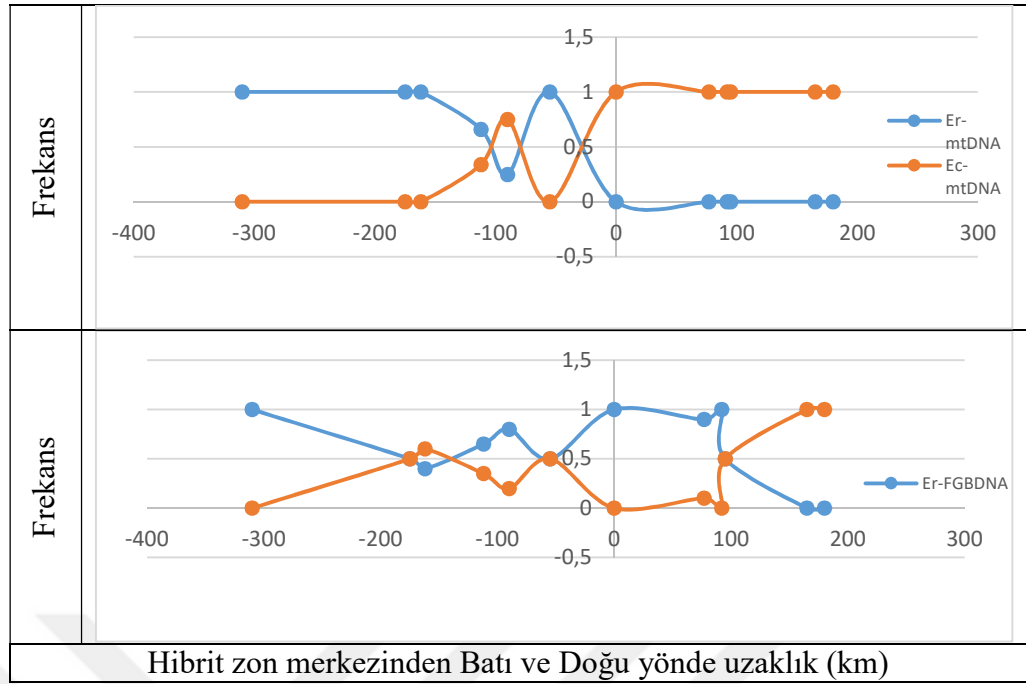
Klin analizleri bir hibrit zondaki hibritlere karşı olan seçilimin gücü hakkında bilgi vermekle kalmaz aynı zamanda hibrit zondaki genetik intogresyonun yönü hakkında da bilgi verir. Örneğin farklı genetik belirteçler için elde edilecek klin

merkezlerinin beraber ve hemen hemen aynı alanda bulunması genetik belirteçler için asimetrik intogresyonu dolayısıyla genetik belirteçlerin bir veya birkaçı üzerine doğal seçilimin zayıf veya olmadığını gösterir. Bunun tersi durumu ise yani farklı genetik belirteçler için farklı klin merkezlerinin ve genişliklerinin olması her bir genetik belirteç için etki eden doğal seçilimin farklı güçlerde olduğunu gösterir (Barton ve Hewitt, 1985; Whitney vd, 2006; Nolte vd, 2009). Farklı genetik belirteçler için genotipe bakılarak hibrit bireylerin en fazla bulunduğu alan olan Zonguldak'ı hibrit zonun aşağı yukarı merkezi alıp buradan saf *E. roumanicus* Kuzey-Batı yönünde (son nokta Tekirdağ) ve Kuzey-Doğu yönünde (son nokta Kastamonu) olacak şekilde bir hat boyunca her ilde mtDNA ve Y kromozom DNA'sı için genotiplenen bireyler için hangi DNA'ya sahip oldukları ve bunların frekansı kullanılarak oluşturulan ön klin analiz sonuçları Şekil 4.17'de verilmektedir.



Şekil 4.17. mtDNA için yapılan ön klin analiz sonuçları. Klin merkezi (0 km.) tüm genetik belirteçlere bakılarak Zonguldak olarak alınmıştır.

Şekildeki grafikler incelendiğinde mtDNA ve Y kromozom DNA'sı için oluşturulan klinlerin merkezi ve genişliği beraber ve aynı alanda olmayıp, nötral bir genetik belirteç olan mtDNA için yaklaşık olarak Sakarya'dan Bolu'ya kadar (yaklaşık 120 km'lik) bir alan boyunca bir klin genişliğinin olduğu görülmektedir.



Şekil 4.18. *bfi*br intron 7 DNA için yapılan ön klin analiz sonuçları. Klin merkezi (0 km) tüm genetik belirteçlere bakılarak Zonguldak olarak alınmıştır.

Bunun aksine seçilim bakımından nötral olmayan hayati genlerin taşındığı Y kromozom DNA'sında ise bu hat boyunca hemen hemen *E. roumanicus* tip DNA ile *E. concolor* tip DNA hibrit zonun her iki yanında karışmadan konumlanmakta olup her iki tip klinin birbirine yaklaştığı tek iki nokta Kocaeli ve Bolu olup buralarda bile iki tip DNA iki farklı alt lokalitede konumlanmakta ve hiçbir şekilde iç içe geçmemektedir.

Yukarıda belirtilen 28 hibrit orjinli bireylerin mtDNA tipleri ile *bfi*br intron 7 DNA'ları birlikte değerlendirildiğinde bu bireylerden 12 tanesinin (SAK_17, lokalite-50; BOL_5, lokalite-62; BOL_9, lokalite-69; ZON_3, lokalite-70; ZON_4, lokalite-72; ZON_6, lokalite-73; BAR_3, lokalite-83; BAR_6, lokalite-78; BAR_7 ve BAR_8, lokalite-81, BAR_9, lokalite-80; BAR_10, lokalite-86) *E. roumanicus* tip alel olan E.rou_FGB_TR1 için homozigot, 1 tanesinin (ZON_9, Zonguldak-9) *E. roumanicus* tip alel olan E.rou_FGB_TR2 için homozigot, 3 tanesinin (ZON_8, lokalite-68; BAR_2, lokalite-76; KRB_3, lokalite-88) *E. roumanicus* tip alellerinden E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2 tip heterozigot, 1 tanesinin (KOC_5, lokalite-24) *E. concolor* tip alel olan E.con_FGB_TR1 için homozigot, 1 tanesi (SAK_9, lokalite-49) E.rou_FGB_TR1 ile E.con_FGB_TR1 arasında hibrit, 5 tanesinin (IST_7, lokalite-20; KOC_11, lokalite-35 ; SAK_10, lokalite-41; BAR_1, lokalite-77 ve ANK_3,

lokalite-121) E.rou_FGB_TR1 ile E.con_FGB_TR2 arasında hibrit, 1 tanesinin (KOC_1, lokalite-23;) E.rou_FGB_TR2 ile E.con_FGB_TR1 arasında hibrit, 2 tanesinin (KOC_3, lokalite-33 ve DUZ_8, lokalite-57) E.rou_FGB_TR2-E.con_FGB_TR2 arasında hibrit, 1 tanesinin (BOL_3, lokalite-64) E.rou_FGB_TR1 ile E.con_FGB_TR3 arasında hibrit, 1 tanesinin (BOL_4, lokalite-63) E.rou_FGB_TR1 ile E.con_FGB_TR4 arasında hibrit olduğu belirlenmiştir.

mtDNA ve nötral genetik belirteç olan *bfibr* için oluşturulan klin incelendiğinde *bfibr* klinin de İstanbul'dan Bartın'a yaklaşık 225 km'lik bir hat boyunca her iki türe ait alelerinde beraberce bulunduğu ve dolayısıyla bu genetik belirteç için klinin çok geniş (yaklaşık 225 km) ve doğal seçiliminde çok daha zayıf olduğu görülmektedir (Şekil 4.18). Bu durum doğal seçim yönünden nötral olan bir belirteç için gayet doğaldır. Yukarıda kalıtım şekli, popülasyon büyüklüğü ve doğal seçilime maruz kalma derecesi farklı üç genetik belirteç (mtDNA, Y kromozomu, ve *bfibr* intron 7) klinlerinin farklı genişlikte olması, aynı yer ve aynı zamanda bulunmayacak şekilde coğrafik yapılanma göstermeleri iki tür arasındaki asimetrik bir durumu ve yakın zamanda ortaya çıkmış "sekonder temas zonu" işaret etmektedir.

Yakın zaman temas zon oluşumu değerlendirmesi intogresyon sonucunda *E. concolor* 'dan *E. roumanicus* 'a sızmış *E. concolor* tip haplotiplerin (Eco10, Eco11, Eco23, Eco41, Eco116 ve Eco142) hepsinin *E. concolor* için oluşturulan filogenetik ağaçta aynı soyhattında (Soyhattı 1) bulunmaları ve aralarındaki genetik uzaklığın %0,1-%0,7 arasında değişmesi bulgusuyla da uyumaktadır. Muhtemelen *E. roumanicus* Balkanlar'da yaklaşık Pleistosen'de 3. buzul (Riss, günümüzden 347-248 bin yıl önce) döneminin sonlarına doğru tahminen 265 bin yıl evvel popülasyon büyümesi geçirmiş, atasal popülasyonun bir kolu (Soyhattı 1) da ikinci bir popülasyon büyümesi geçirerek Würm/Riss ılıman periyodu içerisinde yaklaşık 189 bin yıl önce bir popülasyon büyümesi yaşadıkdan sonra bununda bir alt soyhattının yaklaşık 131 bin yıl evvel Kuzey-Batı Anadolu'ya geçtiğini bu geçişin de büyük bir ihtimalle İstanbul Boğazı aracılığıyla olduğu söylenebilir. Çanakkale ve İstanbul Boğaz'ları buzul dönemi yaşadığı Pleistosen'e denk geldiği diğer tektonik etkilerin yanında deniz seviyelerindeki değişmelere bağlı olarak son Çanakkale suyolunun 150 bin yıl ve İstanbul Boğazı'nın ise 5 bin yıl önce oluştuğu göz önüne alındığında (Çağatay vd, 2006) bu geçişin İstanbul Boğazı aracılığıyla olma olasılığı yüksektir. Bugün Kuzey-Batı Anadolu'da *E. roumanicus* ve *E. concolor* arasında varolan sekonder hibrit zon

aynı ortak atadan gelip yıllar boyunca ‘*ayrı kalan fakat aynı kalmayan*’ iki kardeş türün yeniden buluşma alanı gibi görünmektedir.



5. SONUÇ VE ÖNERİLER

5.1. Sonuç

Kirpiler üzerine yapılan çalışmalar, Batı Palearktık bölge içerisinde *E. europaeus* ve *E. concolor* olarak adlandırılan iki türün parapatrik olarak yayılış gösterdiğini ifade edilmektedir (Corbet, 1988; Reeve, 1994; Filippucci ve Simson, 1996; Santucci ve vd, 1998; Seddon ve vd, 2001, Seddon vd, 2002; Berggen vd, 2005). Buna ilaveten, iki tür içerisinde de farklı soy hatları tanımlanmış olup bu soy hatlarının özellikle Pleistosen dönemindeki buzullaşmaların etkisiyle ortaya çıktığı düşünülmektedir. Son yıllarda birçok araştırmacı tarafından *E. concolor* içerisinde alttür olarak ele alınan ve Doğu Avrupa, İtalya, Rusya, Balkanlar ve Trakya'da yayılış gösteren popülasyonlar, Filippucci ve Simson (1996)'un önerdiği gibi *E. roumanicus* adıyla yeni bir tür olarak değerlendirilmektedir. Dolayısıyla günümüzde Türkiye'de iki farklı kirpi türünün yayılış gösterdiği bilinmektedir. Yapılan çalışmalarda, İstanbul Boğazı'nın güneyinde *E. concolor*, batısında ise *E. roumanicus* 'un varlığı tespit edilmiştir (Tiryaki, 2009). Araştırmacılar bu bulgulardan yola çıkarak İstanbul Boğazı'nın bu iki takson için bir coğrafi bariyer olabileceğini ifade etmişlerdir (Santucci vd, 1998; Seddon vd, 2001; Seddon vd, 2002). Filippucci ve Simson (1996) yaptıkları allozim çalışmasında Türkiye'de iki soyhattının bulunduğunu ifade ederek, Zonguldak'ta bulunan bir örneğin genetik olarak *E. roumanicus* taksonu içerisine dahil olduğunu belirtmiş ve Anadolu'nun *E. concolor* ve *E. roumanicus* taksonu açısından önemini vurgulamıştır. Ancak daha sonraki yıllarda yapılan çalışmalarda bu bölge ile ilgili herhangi bir moleküler veriye rastlanmamaktadır. Sadece, Kryštufek (2002) yaptığı morfolojik çalışmada, bu bölgedeki bireylerin *E. roumanicus* morfotipinde olduğunu ifade ederek Anadolu'da iki farklı taksonun da bulunabileceğini ifade etmiştir. Geniş bir örnekleme ve çoklu lokus yaklaşımı temel alınarak yürütülen bu tez çalışması Türkiye'de biri yerli (*E. concolor*) diğeri de işgalci (*E. roumanicus*) iki kirpi türünün varlığını net bir biçimde ortaya koymuştur. Çalışılan genetik belirteçlerin coğrafik dağılımı ve analizleri iki türün doğada karşı karşıya geldikleri ve aralarında gen alışverişinin olduğu bir sekonder hibrit zonun varlığını ortaya koymuştur. Bu zonun coğrafik konumu yaklaşık olarak Kuzey Batı Anadolu'da kuzeyde Bartın'dan başlayıp güneyde

Ankara-Beyazıt'a kadar uzanan yaklaşık 160 km'lik bir kuzey-güney hattının sağ ve solunda olup tahminen 15.500 km²'lik bir alana denk gelmektedir. Bu alanda iki türün parapatrik olarak beraber bulunduğu lokalitelerde belirgin bir ekolojik ya da tercih (örneğin bir türün yüksek yaşam alanlarını diğerinin ise alçak yaşam alanlarını tercih etmesi) farklılığının gözlenmemiş olması bir ekolojik karakter değişiminin (ecological character displacement) olmadığını göstermekte olup, türleşme sürecinin allopatri ile başlatılıp türlerin sekonder teması ile tamamlanma sürecinde olduğunu ifade etmektedir. Hibrit zon içinde belirlenen hibrit bireylerin çoğunun geri çapraz sonucu meydana gelmiş bireyler olduğu bulgusu zigot sonrası izolasyonun tam tamamlanmış olmasa bile iki türe ait genetik bütünlüğün büyük oranda korunduğu, üreme karakter değişimi (reproductive character displacement) veya soya yönelimin (reinforcement) türler arası hibridizasyonu sınırlamada önemli faktörler olduğunu göstermektedir (Dobzhansky, 1940; Rice ve Hostert, 1993; Rudle ve Schluter, 1998; Hoskin vd, 2005; Silvertown vd, 2005).

Özetle, *E. concolor* mtDNA'sının *E. roumanicus*'a asimetric introgresyonu nispeten geniş bir coğrafi aralığı içermesi, geniş bir karışım alanında hem otozomal hem de mtDNA belirteçlerinin introgressionu, türler arasında seçici olarak nötral hibridizasyona işaret ederken, çok dar bir hibridizasyon alanı, belirteç klinlerindeki kaymalar ve Y-kromozom introgresyonunun neredeyse yokluğu, hareketli bir hibrit bölgeyi destekler ve türler arasındaki erkek melezlere karşı tek yönlü seçilimin varlığına işaret etmektedir.

5.2. Öneriler

Pleistosen dönemi buzul ve buzullar arası iklimsel dalgalanmalar türleri dağılım alanlarını defalarca genişletmeye ve daraltmaya itmiştir (Hewitt, 2000). Yakın akraba türlerin dağılım alanlarındaki buzullar sonrası düzenlemeler sonucu ortaya çıkan sekonder temas bölgeleri genomlar arası introgression itici gücü olmuştur. *E. concolor* ve *E. roumanicus* arasında bir introgression varlığının ilk bulguları hibrit zon hattı boyunca nükleer (örneğin Y kromozomu DNA'sı) genetik belirteçler ile *E. roumanicus* tip oldukları doğrulanan bazı bireylerin *E. concolor* tip mtDNA'ya sahip olduklarının belirlenmesi olmuştur. *E. roumanicus* tip bireylerde tespit edilen *E. concolor* tip mtDNA haplotipleri ile *E. concolor* tip bireylerde gözlenen *E. concolor* tip mtDNA haplotiplerinin büyük benzerlik göstermesi ve oluşturulan filogenetik

ağaçlarda aynı soyhattında gruplanmaları mtDNA transferinin yakın zamanda meydana geldiğini önermektedir. Yakın zamanda temas zon oluşumu çıkarsamasını destekleyen diğer bir durum populasyon büyüklüğü ve doğal seçilime maruz kalma derecesi farklı üç genetik belirteç (mtDNA, Y kromozomu ve *bfiibr* intron 7) klinlerinin farklı genişlikte olması ve aynı yer ve aynı zamanda bulunmayacak şekilde coğrafik yapılanma göstermeleridir. Bu iki tür arasındaki asimetrik bir durumu işaret eder. Muhtemelen sekonder temas *E. roumanicus*' un Balkanlar'da yaklaşık Pleistosen' de 3. buzul (Riss, günümüzden 347-248 bin yıl önce) döneminin sonlarına doğru (yaklaşık 253.592 bin yıl önce) bir dizi populasyon büyümesi geçiren atasal populasyonun bir kolunun daha sonra Würm/Riss ılıman periyodu içinde (yaklaşık 195.306 yıl önce) tekrar bir populasyon büyümesi geçirip bununda bir kolunun İstanbul Boğazı aracılığıyla Kuzey-Batı Anadolu'ya geçip burada yerli *E. concolor* türü ile temas etmesi ile meydana gelmiştir. Bu gün kuzey-batı Anadolu'da sınırlı bir alanda sıkışmış olarak yaşayan *E. roumanicus* soyhattının Doğu Avrupa, özellikle de Balkanlardaki diğer soy hatları ile olan evrimsel ilişkisinin ortaya çıkarılması Anadolu soyhattına köken veren kaynak sığınak populasyonların coğrafik konumu hakkında bilgi verici olacak olup bu ayrı ve önemli bir araştırma konusudur. Her ne kadar son yıllarda *E. roumanicus*' da farklı soy hatlarını tanımlayan moleküler çalışmalar yapılmış ise (Stefanović vd, 2016; Djan vd, 2017) bu çalışmalarda kullanılan genetik belirtecin çok kısa (mtDNA, kısa kontrol bölgesi) olması nedeniyle bizim verilerimizle birlikte analizi mümkün olmamıştır.

Bugün *E. roumanicus* populasyonları bir taraftan boğazlar ve Karadeniz diğer taraftan ise yerli ve baskın *E. concolor* türü tarafından küçük bir alana sıkıştırılmış olup kaçacak yeri yok gibidir. Tez kapsamında yaptığımız arazi çalışmaları sırasındaki gözlemlerimiz ise kirpiler üzerindeki antropolojik ve çevresel etkilerin gün geçtikçe arttığını göstermektedir. Özellikle son yıllarda yapılan geniş otoyollar bireylerin hareket alanını engellemekte ve hatta ortadan kaldırmaktadır. Kirpilerin, özellikle bölünmüş ana yollarda arabalar tarafından ezilme oranlarının oldukça yüksek olduğu gözlenmiştir. Tarım alanlarının sayısının her geçen gün azalması, yapılaşmanın hızla artması, tarım ilaçlarının aşırı ve bilinçsiz tüketimi gibi nedenler kirpi populasyonlarını tehdit eden diğer faktörler arasında olup, bu tehditlerin çeşidi ve boyutu *E. roumanicus*'un Anadolu dağılışı alanın büyük bir kısmını oluşturan İstanbul, Kocaeli ve Sakarya gibi sanayileşmenin ve taşımacılığın çok daha yoğun olduğu kuzey-batı

Anadolu'da çok daha fazladır. Dolayısı ile *E. roumanicus* Anadolu popülasyonlarının varlıklarını sürdürmelerine yardımcı olmak için geliştirilecek koruma biyolojisi stratejilerine gereksinim duyulduğu açıktır. Bu tez çalışması *E. concolor* türünün yayılış alanının en geniş kısmı olan Anadolu'yu yeni lokaliteler eklenecek şekilde örneklemiş olup, yapılan filogenetik analizler (mtDNA) biri çok geniş (Soyhattı 1) diğeri ise çok dar (Soyhattı 2) olan ve yaklaşık 52000 yıl önce ortak atayı paylaşmış olan iki soyhattının varlığını ortaya koymuştur. Soyhattı 2'nin dağılımı daha önce yapılan çalışma (Seddon vd, 2002) bulguları ile örtüşmekte olup, Kuzeydoğu Anadolu (Kars, Iğdır, Ardahan, Artvin) ve ilaveten Azerbaycan'da tespit edilen haplotipleri içeren bu soyhattı Kafkaslar'ın sığınak alanlardan biri olabileceğini göstermektedir. Ancak bu durumun netlik kazanması için bu alanlar ve yakın coğrafik bölgeler, özellikle de Gürcistan ve Ermenistan'dan elde edilecek örneklerin moleküler olarak çalışılması gerekmektedir. Eğer bu lokalitelerde yüksek genetik çeşitlilik parametreleri elde edilir ve buralardan kaydedilecek haplotiplerin atasal (filogenetik ve network analizlerinde bunların konumlanmasına bakılabilir) olanları içerdikleri belirlenebilirse, Kafkas kökenli soyhattı(ları) hipotezi desteklenebilir. İlaveten, özellikle Artvin ve Ardahan'da hem Soyhattı 1 hem de Soyhattı 2 içine dahil olan haplotiplerin çalışmamızda tespit edilmiş olması bu alanlarda farklı sığınak popülasyonlardan kaynak alan ama genetik olarak yeterince farklılaşmamış popülasyonların parapatric olarak dağılış gösterdiklerini ortaya koymuş olup, *E. concolor*'un filocoğrafyasının daha iyi anlaşılması açısından bu alanların daha yoğun bir şekilde çalışılması gerektiğini de göstermektedir.

KAYNAKLAR

- Aasen, E., J.F., Medrano. 1990. Amplification of the ZFY and ZFX genes for sex identification in humans, cattle, sheep and goats. *Biotechnology*. 8: 1279-1281
- Anderson, E., Hubricht, L. 1938. Hybridization in *Tradescantia*. III. The evidence for introgressive hybridization. *American Journal of Botany* 25: 396–402.
- Anderson, S., Bankier, A.T., Barrell, B.G., De Bruijn, M.H.L., Coulson, A.R., Drouin, J., Eperon, I.C., Nierlich, D.P., Roe, B.A., Sanger, F., Schreier, P.H., Smith, A.J., Staden R., Young, I.G. 1981. Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290, 457-465.
- Aquadro, C.F., Greenberg, B.D. 1983. Human mitochondrial variation and evolution: analysis of nucleotide sequence from seven individuals. *Genetics*, 103, 287-312.
- Arnold, M.L. 1997. *Natural Hybridization and Evolution*. Oxford University Press, New York, USA.
- Arslan, A., Zima J., Özparlak H., 2008. C-heterochromatin variation in the karyotype reflects species level distinction between *Erinaceus roumanicus* and *E. concolor* (Eulipotyphla: Erinaceidae) in Turkey. *Zootaxa*, 1-10.
- Arslan, A., Zima, J., Özparlak, H., 2008. C-heterochromatin variation in the karyotype reflects species level distinction between *Erinaceus roumanicus* and *E. concolor* (Eulipotyphla: Erinaceidae) in Turkey. *Zootaxa*, 1961, 1-10.
- Attardi, G., 1985. Animal mitochondrial DNA: an extreme of genetic economy. *In genome evolution in procaryotes and eucaryotes* (Editörler: D.C: Reamey), 93s, Int. Rev. Cytol.
- Avise, J.C. 1989. Gene and organismal histories: A phylogenetic approach to population biology. *Evolution*. 43: 1192-1208.
- Avise, J.C. 1994. *Molecular markers, natural history and evolution*. Newyork. Chapman & Hall.
- Bailey, G.N., Carter, P.L., Gamble, C.S., Higgs, H.P., 1983. Asprochaliko and Kastritsa: further investigations of Palaeolithic settlement and economy in Epirus (North-West Greece). *Proc. Prehist. Soc.*, 49, 15–42
- Baker, R.C., Porter C.A., Van Den Bussuche R.A. 2000. Systematic of bats of the family phyllosomide based on Rag2 DNA sequences. *Occasional Papers, Museum of Texas Tech University* 202:1-16.
- Ballard, J.W.O., Whitlock, M.C. 2004. The incomplete natural history of mitochondria, *Mol Ecol*, 13(4):729–744.
- Bannikova, A. A., Lebedev, V. S., Abramov, A. V. and Rozhnov, V. V. 2014. Contrasting evolutionary history of hedgehogs and gymnures (Mammalia: Erinaceomorpha) as inferred from a multigene study, *Biol J Linn Soc Lond*, 112: 499–519.

- Bannikova, A.A., Kramerov, D.A., Vasilenko, V.N., Dzuev, R.I., Dolgov, V.A., 2003. DNA polymorphism of *Erinaceus* hedgehogs and *E. concolor* taxon (Insectivora, Erinaceidae). *Zoologicheskii Zhurnal*, 82, 70–80
- Barton, N.H. 2001. The role of hybridization in evolution. *Molecular Ecology* 10: 551–568.
- Barton, N.H., Halliday, R.B., Hewitt, G.M. 1983. Rare electrophoretic variants in a hybrid zone. *Heredity* 50:139–146.
- Barton, N.H., Hewitt, G. M. 1985. Analysis of hybrid zones. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 16: 113-148.
- Barton, N.H., Hewitt, G.M. 1981. A chromosomal cline in the grasshopper *Podisma pedestris*. *Evolution* 35: 1008–1018.
- Bercovitch, F.B. 1991. Mate selection, consortship formation, and reproductive tactics in adult female savanna baboons. *Primates* 32: 437–452.
- Berggren, K.T., Ellegren, H., Hewitt, G.M., Seddon, J.M., 2005. Understanding the phylogeographic patterns of European Hedgehogs, *Erinaceus concolor* and *Erinaceus europaeus* using the MHC. *Heredity*, 95, 84-90.
- Bergman, T.J., Beehner, J.C. 2003. Hybrid zones and sexual selection: insights from the Awash baboon hybrid zone. In: Jones C (ed.) *Sexual Selection and Primates: New Insights and Directions*, 500–537. American Society of Primatologists, Norman, Oklahoma, USA.
- Bibb, M.J., Van Etten, R.A., Wright, C.T., Walberg, M.W., Clayton, D.A., 1981. Sequence and gene organization of Mouse mitochondrial DNA. *Cell*, 26, 167-180.
- Bogdanov, A.S., Bannikova, A.A., Pirusskii, Y.M., Formozov, N.A., 2009. The first genetic evidence of hybridization between West European and Northern whitebreasted hedgehogs (*Erinaceus europaeus* and *E. roumanicus*) in Moscow region. *Biology Bulletin*, 36 (6), 647-651.
- Boursot, P., Auffray, J.C., Britton-Davidian, J., Bonhomme, F. 1993. The evolution of house mice. *Annual Review of Ecology and Systematics* 24: 119–152.
- Britton-Davidian, J., Fel-Clair, F., Lopez, J., Alibert, P., Boursot, P. 2005. Postzygotic isolation between the two European subspecies of the house mouse: estimates from fertility patterns in wild and laboratory-bred hybrids. *Biological Journal of the Linnean Society* 84: 379–393.
- Brown, R.E. 1979. Mammalian social odors: a critical review. *Advances in the Study of Behavior* 10: 103–162.
- Brown, W.H., 1985. The Mitochondrial genome of animals. In *Monographs in Evolutionary Biology: Molecular Evolutionary Genetics* (Editörler: R.J. MacIntyre), 95-130s, Plenum, New York.
- Burgoyne, P.S. 1998. The mammalian Y chromosome: a new perspective. *Bioassays*. 20(5): 363-366.
- Butler, J.M. 2003. Recent developments in Y-short tandem repeat and Y-single nucleotide polymorphism analysis. *Forensic Science Review* 15:92-111.

- Butler, P. M. 1988. Phylogeny of the Insectivores. Pp. 117-141, in *The phylogeny and classification of the tetrapods: Volume 2.* (M. J. Benton, ed.). Clarendon Press, Oxford, 329 pp.
- Butler, P. M. 1998. Fossil history of shrews in Africa. Pp. 121-132, in *Evolution of shrews* (J. M. Wójcik and M. Wolsan, eds.). Mammal Research Institute, Polish Academy of Sciences, Białowieża, 458 pp.
- Butlin, R.K., Neems, R.M. 1994. Hybrid zones and sexual selection. *Science* 265: 122–123
- Cantatore, P., Roberti M., Rainaldi, G., Gadaleta, M. N. and Saccone, C. 1989. The complete nucleotide sequence, gene organization, and genetic code of the mitochondrial genome of *Paracentrotus lividus*. *J. B I O I. Chem.* Vol: 264; pp. 10965-10975.
- Cantatorre, P., and Saccone, C., 1987. Organisation, structure and evolution of mammalian mitochondrial genes. *Int. Rev. Cytol.* 108, 149-208.
- Capanna, E., Civitelli, M.V., Cristaldi, M. 1977. Chromosomal rearrangement, reproductive isolation, and speciation in mammals. The case of *Mus musculus*. *Bollettino di Zoologia* 44: 213–246.
- Carvaldo, C.M.B., F.R. Santos. 2005. Human Y-chromosome variation and male dysfunction. *J. Mol. Gen. Medicine.* 1(2): 63-75.
- Cassens, I., Mardulyn, P., Milinkovitch, M. 2005. ‘Evaluating intraspecific ‘network’ construction methods using simulated sequence data: Do existing algorithms outperform the global maximum parsimony approach?’, *Systematic Biology*, 54, 363-372.
- Černa Bolfíková, B., Eliášová, K., Loudová, M., Kryštufek, B., Lymberakis, P., Sándor, A. D., Hulva, P. 2017. Glacial allopatry vs. postglacial parapatry and peripatry: the case of hedgehogs. *PeerJ*, 5, e3163.
<http://doi.org/10.7717/peerj.3163>
- Černá, B., Barbora-Hulva, P. 2012. Microevolution of sympatry: Landscape genetics of hedgehogs *Erinaceus europaeus* and *E. roumanicus* in Central Europe. *Heredity.* 108. 248-55. 10.1038/hdy.2011.67.
- Chomyn, A., Mariottinim, P., Cleeterc, W.J., Racana, C.I., Matsuno-Yagi, A., Hatefi, Y., Doolittle, R.F., Atardi, G.A., 1985. Six Unidentified Reading Frames of Human Mitochondrial DNA Encode Components Of The Respiratory-Chain NADH Dehydrogenase. *Nature*, 314, 592-597.
- Christophe, N., Baudoin, C. 1998. Olfactory preferences in two strains of wild mice, *Mus musculus musculus* and *Mus musculus domesticus*, and their hybrids. *Animal Behaviour* 56: 365–369
- Clayton, D.A., 1982. Replication of animal mitochondrial DNA. *Cell*, 28, 693-705.
- Corbet, G. B. 1988. The family Erinaceidae: A synthesis of its taxonomy, phylogeny, ecology and zoogeography. *Mammal Review*, 18:117-172.
- Cortés-Ortiz, L., Duda, T.F., Canales-Espinosa, D., García-Orduña, F., Rodríguez-Luna, E., Bermingham, E. 2007. Hybridization in large-bodied new world primates. *Genetics* 176: 2421–2425.

- Cowan, I.M., 1962. Hybridization between the black-tail deer and the white-tail deer. *Journal of Mammalogy* 43: 539–541.
- Coyne, J.A., Orr, H.A. 1989. Two rules of speciation. In: Otte D, Endler J (eds) *Speciation and Its Consequences*, 180–207. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, USA.
- Coyne, J.A., Orr, H.A. 2004. Speciation. Sinauer, Sunderland, Massachusetts
- Crandall, K.A., Templeton, A.R. 1993. Empirical tests of some predictions from coalescent theory with applications to intraspecific phylogeny reconstruction, *Genetics*, 134, 959-969.
- Creer, S., Malhotra, A., Thrope, R.S. 2003. Assessing the phylogenetic utility of four mitochondrial genes and a nuclear intron in the Asian Pit Viper genus, *Trimeresurus*: separate, simultaneously and conditional data combination analyses. *Mol. Bio. Evol.* 20: 1240-1251.
- Currat, M., Ruedi, M., Petit, R.J., Excoffier, L. 2008. The hidden side of invasions: Massive introgression by local genes, *Evolution*, 62(8):1908–1920.
- Darwin, C. 1871. *The Descent of Man and Selection in Relation to Sex*. Murray, London, UK.
- DeMarais, B.D., Dowling, T.E., Douglas, M.E., Minckley, W.L., Marsh, P.C. 1992. Origin of *Gila seminuda* (Teleostei: Cyprinidae) through introgressive hybridization: implications for evolution and conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 89: 2747–2751.
- Djan, M., Stefanovic, M., Veličković, N., Cosic, N., Ćirović, D. 2017. Mitochondrial genetic diversity and structuring of northernwhite-breasted hedgehogs from the Central Balkans. *TURKISH JOURNAL OF ZOOLOGY*. 41. 774-782. 10.3906/zoo-1603-23.
- Dobzhansky, T. 1940. Speciation as a stage in evolutionary divergence. *American Naturalist* 74: 312–321.
- Dod, B., Jermiin, L.S., Boursot, P., Chapman, V.M., Nielsen, J.T., Bonhomme, F. 1993. Countersélection on sex chromosomes in the *Mus musculus* European hybrid zone. *Journal of Evolutionary Biology* 6: 529–546.
- Dod, B., Smadja, C., Karn, R.C., Boursot, P. 2005. Testing for selection on the androgen-binding protein in the Danish mouse hybrid zone. *Biological Journal of the Linnean Society* 84: 447– 459.
- Dowling, T.E., Secor, C.L. 1997 The role of hybridization and introgression in the diversification of animals. *Annual Review of Ecology and Systematics* 28: 593–619.
- Endler, J.A. 1977. *Geographic Variation, Speciation, and Clines*. Princeton University Press, Princeton, New Jersey, USA.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap, *Evolution*, 39 (4), 783-791.
- Felsenstein, J., 1981. Evolutionary Trees from DNA Sequences: A Maximum Likelihood Approach, *J. Mol. Evol.*, 17: 368-376.

- Filippucci, M.G., Simson, S., 1996. Allozyme Variation and Divergence in Erinaceidae (Mammalia, Insectivora). *Israel Journal of Zoology*, 42, 335-345
- Fisher, R.A. 1937. The wave of advance of an advantageous gene. *Annals of Eugenics* 7: 355– 369.
- Fitch, W.M., 1971. Toward defining the course of evolution: Minimum change for specified tree topology, *Systematic Zoology*, 20, 406-416.
- Giese, K, J., Pagel, R. 1994. Distinct DNA-binding properties of the high mobility group domain of murine and human SRY sex-determining factors. *Proc Natl Acad Sci. USA* 91:3368–3374
- Giagia, E.B., Ondrias, Y.C. 1980. Karyological Analysis of Eastern European Hedgehog *Erinaceus concolor* (Mammalia: Insectivora) in Greece. *Mammalia*, 44 (1), 59-71.
- Gill, T. 1872. Arrangement of the families of mammals with analytical tables. *Smithsonian Miscellaneous Collections*, 11:1-98.
- Godinho, R., Crespo, E.G., Ferrand, N., Harris, D.J. 2005. Phylogeny and evolution of the green lizards, *Lacerta* spp. (Squamata: Lacertidae) based on mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Amphibia- Reptilia*. 26: 271-286.
- Good, J.M., Demboski, J.R., Nagorsen, D.W., Sullivan, J. 2003. Phylogeography and introgressive hybridization: chipmunks (Genus *Tamias*) in the northern rocky mountains. *Evolution* 57: 1900–1916.
- Good, J.M., Handel, M.A., Nachman, M.W. 2008. Asymmetry and polymorphism of hybrid male sterility during the early stages of speciation in house mice. *Evolution* 62: 50–65.
- Graves, J.A.M. 2002. The rise and fall of the SRY. *Trends in Genetics*. 18, 259–64
- Guindon, S., Gascuel, O. 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood, *Systematic Biology*, 52, 696-704.
- Gureev, A. A. 1979. Fauna SSSR, Mlekopitayutskie, tom. 4, vyp. 2. Nasekomoyadnye...[Fauna of the USSR, Mammals, vol. 4, pt. 2. Insectivores (Mammalia, Insectivora)]. Nauka, Leningrad, 501 pp. (in Russian).
- Gündüz, İ., Dođramacı, S., 1993. Türkiye *Erinaceus concolor* (Mammalia: Insectivora) Türünün Taksonomisi ve Yayılışı. *Dođa-Tr. 1. of Zoology*, 17, 267-288
- Haldane, J.B.S. 1922. Sex ratio and unisexual sterility in hybrid animals, *J Genet*, 12(2):101–109.
- Harrison, R. G. 1989. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends Ecol & Evol*. Vol: 4; pp. 6– 11.
- He, K., Chen, J.H., Gould, G.C., Yamaguchi, N., Ai, H.S., Wang, Y.X., Zhang, Y.P., Jiang, X.L., 2012. An Estimation of Erinaceidae Phylogeny: A Combined *Analysis Approach*. *PLoS ONE*, 7(6), doi:10.1371/journal.pone.0039304
- Herter, K. 1965. Hedgehogs, a comprehensive study, Phoenix house
- Hewitt, G.M. 1999 Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of the Linnean Society* 68:87-112

- Howard, D.J., 1993. Reinforcement: origin, dynamics, and fate of an evolutionary hypothesis. In: Harrison RG (ed.) *Hybrid Zones and the Evolutionary Process*, 46–69. Oxford University Press, New York, USA.
- Howell, A.H. 1921. A biological survey of Alabama. *North American Fauna* 45: 1–88
- Hubbs, C.L. 1955. Hybridization between fish species in nature. *Systematic Zoology* 4: 1–20
- Huck UW, Banks EM, Wang S-C (1981) Olfactory discrimination of social status in the brown lemming. *Behavioral and Neural Biology* 33: 364–371.
- Huelsenbeck, J.P., Ronquist, F. 2001. MrBayes: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics*, 17, 754-755.
- Hunt, W.G., Selander, R.K. 1973. Biochemical genetics of hybridization in European house mice. *Heredity* 31: 11–33.
- Hutterer, R., 2005. Order Insectivora. *Mammal Species of the World*. (Editors: Wilson, D.E., Reeder, D.M.) s: 212-311. Third Edition. Smithsonian Institution Press, Washington and London.
- Ingles, L.G., Biglione, N.J. 1952. The contiguity of the ranges of two subspecies of pocket gophers. *Evolution* 6: 204–207.
- Irwin, D. M., Kocher, D., Wilson, A. C. 1991. Evolution of the cytochrome b gene of mammals. *Journal of Molecular Ecology*. Vol: 32; pp. 128– 144.
- Jonhson, K.P., Clayton, D.H. 2000. Nuclear and mitochondrial genes contain similar phlogenetic signal for pigeons and doves (Aves: Columbiformes): *Mol. Phylogenet. Evol.* 14: 141-151.
- Karataş, A., Gharkheloo, M.M., Kankılıç, T., 2007. Cranial features and karyotypes of two hedgehogs (Insectivora: Erinaceidae) from Iran. *Anat. Histol. Embryol*, 36, 419-423.
- Kavaliers, M., Fudge, M.A., Colwell, D.D., Choleris, E. 2003. Aversive and avoidance responses of female mice to the odors of males infected with an ectoparasite and the effects of prior familiarity. *Behavioral Ecology and Sociobiology* 54: 423–430
- Kimura, M. 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences, *Journal of Molecular Evolution*, 16, 111-120.
- Koumouzelis, M., Ginter, B., Kolzowski, J.K., Pawlikowski, M., Bar-Yosef, O., Albert, R.M., Litynska-Zajac, M., Stworzewicz, E., Wojtal, P., Lipecki, G., Tomek, T., Bochenski, Z.M. 2001. The early upper palaeolithic in Greece: the excavations in Klisoura cave. *J. Archaeol. Sci.*, 28, 515–539.
- Kratochvil, J., 1966. Zur frage der Verbreitung des Igels (*Erinaceus*) in der CSSR, *Zool. Listy.*, 15 (4), 291-304.
- Krettek, A., Gullberg, A., Arnason, U. 1995. Sequence analysis of the complete mitochondrial DNA molecule of the hedgehog, *Erinaceus europaeus*, and the phylogenetic position of the Lipotyphla, *J. Mol. Evol.*, 41 (6), 952-957.
- Kryštufek, B., 1983. The Distrubition of Hedgehog (*Erinaceus* L., 1758. Insectivora, Mammalia) in Western Yugoslavia. *Biosistematika.*, 9 (1), 71-79.

- Kryštufek, B., 2002. Cranial variability in the Eastern hedgehog *Erinaceus concolor* (Mammalia: Insectivora). *Journal of Zoology London*, 258, 365–373.
- Kumazawa, Y. and Nishida, M. 1999. Complete mitochondrial DNA sequences of the green turtle and blue-tailed mole skink: statistical evidence for archosaurian affinity of turtles. *Mol. Biol. Evol.* Vol: 16; pp. 784–792.
- Lagouge, M., Larsson, N.G. 2013. The role of mitochondrial DNA mutations and free radicals in disease and aging. *Journal of internal medicine*. 273. 10.1111/joim.12055.
- Lahn, B.T., D.C. Page. 1999. Four evolutionary strata on the human X chromosome. *Science*. 286: 964–967
- Lancaster, M.L, Bradshaw, C.J.A., Goldsworthy, S.D., Sunnucks, P. 2007. Lower reproductive success in hybrid fur seal males indicates fitness costs to hybridization. *Molecular Ecology* 16: 3187–3197.
- Librado, P., Rozas, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data, *Bioinformatics*, 25, 1451-1452.
- Lotsy, J.P. 1916. *Evolution by Means of Hybridization*. Martinus Nijhoff, the Hague, the Netherlands.
- Lönnberg, E. 1905. On hybrids between *Lepus timidus* L. and *Lepus europeus* Pall. From southern Sweden. *Proceedings of the Zoological Society of London* 1: 278–287.
- Lydeard, C., Roe, K. J. 1997. The phylogenetic utility of the mitochondrial cytochrome b gene for inferring relationships among Actinopterygian fishes. In: Kocher TD, Stepien CA, eds. *Molecular systematics of fishes*. New York: Academic Press: pp. 285–303.
- MacPhee, R.D.E., Novacek, M.J., 1993. Definition and relationships of Lipotyphla. *Mammal Phylogeny: placentals*. (Editörler: F.S. Szalay, M.J. Novacek ve M.C. McKenna), Springer-Verlag, 13-31s, New York.
- Maddison, D.R., Maddison, W.P., 2000. *MacClade 4: Analysis of phylogeny and character evolution*, Version 4.0. Sinauer, Sunderland, MA.
- Manceau, V., Despres, L., Bouvet, J., Taberlet, P., 1999. Systematics of the genus *Capra* inferred from mitochondrial DNA sequence data. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 13, 504–510.
- Martin, W., 1838. Description of a new Hedgehog (*Erinaceus concolor*). From Trebizond. *Proc. Soc. London.*, 57, 102-103.
- Masembe, C., Muwanika, V.B., Nyakaana, S., Arctander, P., Siegismund, H.R. 2006. Three genetically divergent lineages of the Oryx in eastern Africa: evidence for an ancient introgressive hybridization. *Conservation Genetics* 7: 551–562
- Mavárez, J., Salazar, C.A., Bermingham, E., Salcedo, C., Jiggins, C.D., Linares, M. 2006. Speciation by hybridization in *Heliconius* butterflies. *Nature* 441: 868–871
- Mayr, E. 1942. *Systematics and the Origin of Species*. Columbia University Press, New York, USA.

- Mayr, E. 1963. *Animal Species and Evolution*. The Belknap Press of Harvard University Press, Cambridge, Massachusetts, USA.
- McCarley, W.H. 1954. Natural hybridization in the *Peromyscus leucopus* species group of mice. *Evolution* 8: 314–323.
- McDevitt, A.D., Mariani, S., Hebblewhite, M., Decesare, J.J., Morgantini, L., Seip, D., Weckworth, B.V., Musiani, M. 2009. Survival in the Rockies of an endangered hybrid swarm from diverged caribou (*Rangifer tarandus*) lineages. *Molecular Ecology* 18: 665–679.
- Melo-Ferreira, J., Boursot, P., Suchentrunk, F., Ferrand, N., Alves, P.C. 2005. Invasion from the cold past: extensive introgression of mountain hare (*Lepus timidus*) mitochondrial DNA into three other hare species in northern Iberia. *Molecular Ecology* 14: 2459–2464.
- Meyer, A., Wilson, A.C. 1990. Origin of tetrapods inferred from their mitochondrial DNA affiliation to lungfish. *J Mol Evol.* Vol: 31; pp. 359– 364
- Meyer, A., Zardoya, R. 2003. Recent advances in the (molecular) phylogeny of vertebrates. *Annu. Rev. Eco. Evol. Syst.* 34: 311-338
- Mitchell-Jones, A.J., Amori, G., Bogdanowicz, W., Kryštufek, B., Reijnders, P.J.H., Spitzenberger, F., Stubbe, M., Thissen, J.B.M., Vohralík, V., Zima, J., 1999. *Atlas of European mammals*. Poyser Natural History - Academic Press, 496s, London.
- Moore, W.S. 1995. Inferring phylogenies from mtDNA variatioion: Mitochondrial gene trees versus nuclear gene trees. *Evolution* 49:718-726.
- Moritz, C., Dowlingi T.E. ve Brown, W.H., 1987. Evolution of animal mitochondria: relevance for population biology and systematics. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 18, 209-292.
- Murie, O.J. 1966. Reproduction and hybridization. In: Banwell DB (ed.) *Wapiti of New Zealand: The Story of the Fiordland Herd*, 151–154. AH & AW Reed, Wellington, New Zealand.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Newyork, Columbia University Press.
- Nevo, E., Bar, H. 1976. ‘‘Hybridisation and speciation in fossorial mole rats’’, *Evolution* 30: 831-840.
- Noor, M.A.F., Feder, J.L. 2006. Speciation genetics: evolving approaches. *Nature Reviews Genetics* 7: 851–861.
- Normark, B. B., McCune, A. R., Harrison, R. G. 1991. Phylogenetic relationships of Neopterygian fishes, inferred from mitochondrial DNA sequences. *Mol. Biol. Evol.* Vol: 8; pp. 814- 834.
- Pamilo . P., Nei, M. 1988. Relationship between gene trees and species trees. *Mol. Bio. Evol.* 5: 568-583.
- Patton, J.L. 1993. Hybridization and hybrid zones in pocket gophers (Rodentia, Geomyidae).In: Harrison RG (ed.) *Hybrid Zones and the Evolutionary Process*, 290–308. Oxford University Press, New York, USA.

- Patton, J.L., Smith, M.F. 1993. Molecular evidence for mating asymmetry and female choice in a pocket gopher (*Thomomys*) hybrid zone. *Molecular Ecology* 2: 3–8.
- Payseur, B.A., Krenz, J.G., Nachman, M.W. 2004. Differential patterns of introgression across the X chromosome in a hybrid zone between two species of house mice. *Evolution* 58: 2064–2078.
- Payseur, B.A., Nachman, M.W. 2005. The genomics of speciation: investigating the molecular correlates of X chromosome introgression across the hybrid zone between *Mus domesticus* and *Mus musculus*. *Biological Journal of the Linnean Society* 84: 523–534
- Pembleton, E.F., Baker, R.J. 1978. Studies of a contact zone between chromosomally characterized populations of *Geomys bursarius*. *Journal of Mammalogy* 59: 233–242.
- Pitra, C., Hansen, A.J., Lieckfeldt, D., Arctander, P. 2002. An exceptional case of historical outbreeding in African sable antelope populations. *Molecular Ecology* 11: 1197–1208.
- Pontiggia, A.R., Rimini, V.R., Harley, P.N., Goodfellow, R. Lovellbadge, M.E., 1994. Sex-reversing mutations affect the architecture of SRY-DNA complexes. *EMBO J.* 13:6115–6124
- Posada, D., Crandall, K.A. 2001. Intraspecific phylogenetics: Trees grafting into networks, *Trends in Ecology and Evolution*, 16, 37-45.
- Presgraves, D.C. 2010. The molecular evolutionary basis of species formation, *Nature Reviews Genetics*, 11, 175–180.
- Prychitko, T.M., Moore, W.S. 2000. Comparative evolution of the mitochondrial cytochrome b gene and nuclear fibrinogen intron 7 in woodpeckers. *Molecular Biology and Evolution* 17: 1101-1111.
- Ramos-Onsins, S., Rozas, J. 2002. Statistical properties of new neutrality tests against population growth, *Molecular Biology and Evolution*, 19:2092–2100.
- Reeve, N., Morris, P.A. 1986. Mating strategy in the hedgehog (*Erinaceus europaeus*), *Journal of Zoology of London*. (A), 210, 613-644.
- Ricankova, V., Sumera, R., Sedlacek, F. 2007. Familiarity and partner preferences in female common voles, *Microtus arvalis*. *Journal of Ethology* 25: 95–98.
- Rieseberg, L.H. 2001. Chromosomal rearrangements and speciation. *Trends in Ecology and Evolution* 16: 351–358.
- Ritchie, M.G. 2007. Sexual selection and speciation. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 38: 79–102.
- Roderick, D.M.P., Holmes E.C. 2006. *Molecular ecology: A phylogenetic approach*, John Wiley and Sons. Blackwell Science Oxford
- Rogers, A. R., Harpending, H. 1992. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences, *Molecular Biology and Evolution*, 9, 552–569.
- Rudd, R.L. 1955. Population variation and hybridization in some Californian shrews. *Systematic Zoology* 4: 21–34.
- Sage, R.D., Selander, R.K. 1979 Hybridization between species of the *Rana pipiens* complex in central Texas. *Evolution* 33: 1069–1088

- Saitou, N., Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees, *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425.
- Santucci, F., Emerson, B.C., Hewitt, G.M., 1998. Mitochondrial DNA phylogeography of European hedgehogs. *Molecular Ecology*, 7, 1163-1172.
- Scavetta, R.J., Tautz, D. 2010. Copy number changes of CNV regions in intersubspecific crosses of the house mouse. *Molecular Biology and Evolution* 27: 1845–1856.
- Schilthuizen, M., Hoekstra, R.F., Gittenberger, E. 1999 Selective increase of a rare haplotype in a land snail hybrid zone. *Proceedings of the Royal Society Series B, Biological Sciences* 266: 2181– 2185.
- Schneider, S., Excoffier, L. 1999. ‘Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites: application to human mitochondrial DNA, *Genetics*, 152, 1079–1089
- Schwenk, K., Brede, N., Streit, B. 2008. Introduction. Extent, processes and evolutionary impact of interspecific hybridization in animals. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences* 363: 2805–2811.
- Searle, J.B. 1993. Chromosomal hybrid zones in eutherian mammals. In: Harrison RG (ed.) *Hybrid Zones and the Evolutionary Process*, 309–353. Oxford University Press, New York, USA.
- Seddon, J.M., Baverstock, P.R. 1999. Variation on islands: major histocompatibility complex (MHC) polymorphism in populations of the Australian bush rat. *Molecular Ecology* 8:2071-2079
- Seddon, J.M., Santucci, F., Reeve, N.J., Hewitt G.M., 2002. Caucasus Mountains divide postulated postglacial colonization routes in the white-breasted hedgehog, *Erinaceus concolor*. *J. Evol. Biol.*, 15, 463-467.
- Seddon, J.M., Santucci, F., Reeve, N.J., Hewitt, G.M., 2001. DNA footprints of European hedgehogs, *Erinaceus europaeus* and *Erinaceus concolor* : Pleistocenerefugia, postglacial expansion and colonization routes. *Molecular Ecology*, 10, 2187-2198
- Seehausen, O. 2004 Hybridization and adaptive radiation. *Trends in Ecology and Evolution* 19: 198–207.
- Shchipanov, N.A., Pavlova, S.V. 2007. Hybridization of the common shrew (*Sorex araneus* L.) chromosomal races Moscow and Seliger: the probability of crossing and survival of hybrids. *Doklady Biological Sciences* 417: 487–489
- Shurtliff, Q. 2013. ‘Mammalian hybrid zones: A review’, *Mammal Review* 43 1–21
- Slade, R.W., Mortiz, C., Heidman, A., Hale, P.T. 1994. multiple nuclear gene phylogenies: application to pinipeds and comparison with mitochondrial DNA gene phylogeny. *Molecular Ecology*.11: 341-356.
- Slatkin, M. 1973. Gene flow and selection in a cline. *Genetics* 75: 733–756.

- Slatkin, M., Hudson, R.R. 1991. Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations, *Genetics*, 129, 555-562.
- Smadja, C., Catalan, J., Ganem, G. 2004 Strong premating divergence in a unimodal hybrid zone between two subspecies of the house mouse. *Journal of Evolutionary Biology* 17: 165–176.
- Smadja, C., Ganem, G. 2002. Subspecies recognition in the house mouse: a study of two populations from the border of a hybrid zone. *Behavioral Ecology* 13: 312–320.
- Smith, M.F. 1979. Geographic variation in genic and morphological characters in *Peromyscus californicus*. *Journal of Mammalogy* 60: 705–722
- Sokolov, I. I. 1973. Napravleniya evolyutsii i estestvennaya klassifikatsiya podsemeistva vydrovykh (Lutrinae, Mustelidae, Fissipedia) [Evolutionary trends and the classification of the subfamily Lutrinae (Mustelidae, Fissipedia)]. *Byulleten' Moskovskovo Obshchestva Ispytatelei Prirody, Otdel Biologicheskii*, 78(6):45-52 (in Russian).
- Sommer, R.S., 2007. When east met west: the sub-fossil footprints of the west European hedgehog and the northern white-breasted hedgehog during the Late Quaternary in Europe. *Journal of Zoology*, 273, 82-89.
- Strobeck, C. 1987. Average number of nucleotide difference in a sample from a single sublation: A test for lation subdivision, *Genetics*, 117, 149-153.
- Suchentrunk, F., Haiden, A., Hartl, G.B., 1998. On Biochemical Genetic Variability and Divergence of the two Hedgehog Species *Erinaceus europeus* and *Erinaceus concolor* in central Europe. *Z. Saugetierkunde*, 63, 257-265.
- Szymura, J.M. 1993 Analysis of hybrid zones with *Bombina*. In: Harrison RG (ed.) *Hybrid Zones and the Evolutionary Process*, 46–69. Oxford University Press, New York, USA.
- Talley, H.M., Laukaitis, C.M., Karn, R.C. 2001. Female preference for male saliva: implication for sexual isolation of *Mus musculus* subspecies. *Evolution* 55: 631–634.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., Kumar, S. 2011. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods, *Molecular Biology and Evolution*, 28, 2731-2739.
- Thaeler, C.S. 1968 An analysis of three hybrid populations of pocket gophers (genus *Thomomys*). *Evolution* 22: 543–555.
- Tiryaki, D., 2009. Türkiye *Erinaceus* (*Erinaceomorpha*: Mammalia) cinsinin moleküler filogenisi: Mitokondrial DNA (mtDNA) analizi. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Samsun, 66 s.
- Tucker, P.K., Sage, R.D., Warner, J., Wilson, A.C., Eicher, E.M. 1992. Abrupt cline for sex chromosomes in a hybrid zone between two species of mice. *Evolution* 46: 1146–1163.
- Turelli, M., Orr, H.A. 2000. Dominance, epistasis and the genetics of postzygotic isolation. *Genetics*, 154, 1663–1679.

- Ursin, E. 1952. Occurrence of voles, mice, and rats (Muridae) in Denmark, with a special note on a zone of intergradation between two subspecies of the house mouse (*Mus musculus* L.). *Videnskabelige Meddelelser fra Dansk Naturhistorisk Forening* 114: 217–244.
- Van Valen, L. 1967. New Paleocene insectivores and insectivore classification. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 135:217-284
- Watterson, G. A. 1975. On the number of segregating sites in genetical models without recombination, *Theoretical lation Biology*, 7 (2), 256-276.
- Welshons, W.J., L.B. Rusell. 1959. The Ychromosome as the bearer of male determining factors in the mouse. *Proc. Natl Acad. Sci. USA*. 45: 560-566
- White, T. J., Arnheim, N. and Erlich, H. A. 1989. The polymerase chain reaction. *Trends Genet. Vol: 5*; pp. 185– 189.
- Wilson, A. C., Cann, R. L., Carr, S. M., George, M., Gyllensten, U. B., HelmBychowski, K. M., Higuchi, R. G., Palumbi, S. R., Prager, E. M., Sage, R. D., Stoneking, M. 1985. Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biol. J. Linn. Soc. Vol: 26*; pp. 375– 400.
- Wirtz, P. 1999. Mother species–father species: unidirectional hybridization in animals with female choice. *Animal Behaviour* 58: 1–12.
- Woolley, S., Posada, D., Crandall, K. A. 2008. A comparison of phylogenetic network methods using computer simulation, *PLoS ONE*, 3 (4), DOI:10.1371/journal.pone. 0001913.
- Wyner, Y.M., Johnson, S.E., Stumpf, R.M., Desalle, R. 2002. Genetic assessment of a white-collared x red-fronted lemur hybrid zone at Andringitra, Madagascar. *American Journal of Primatology* 67: 51–66
- Yamagata, T., Namikawa, T., 1999. Sequence variation and evolution of the mitochondrial DNA control region in the musk shrew, *Suncus murinus*. *Genes. Genet. Syst.*, 74, 257-266.
- Yonekawa, H., Moriwaki, K., Osamu, G., Miyashita, N., Matsushima, Y., Shi, L., Cho, W.S., Zhen, X.L., Tagashira, Y. 1988. Hybrid origin of Japanese mice ‘*Mus musculus molossinus*’: evidence from restriction analysis of mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution* 5: 63–78.
- Yu, L., Zhang, Y.P. 2005. Phylogenetic studies of the pantherine cats (felidae) based on multiple genes, with novel application of nuclear fibrinogen intron 7 to carnivores. *Mol. Phylogenet. Evol.* 35: 483-495.
- Zaitsev, M. V. 1984. A contribution to the taxonomy and diagnostics of the subgenus *Erinaceus* (Mammalia, Erinaceinae) of the fauna of the USSR. *Zoologicheskii Zhurnal*, 63:720-730.

EKLER

EK 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri

EK 2 *E. roumanicus* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi



EK1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri

Sitokrom-b & D loop					
Lokalite No		Lokalite	Eşey	Tür ID	Haplotip ID
EDİRNE					
2	TK_EDR_13	Karahisar, Keşan	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_12
3	TK_EDR_14	Çamlıca, Keşan	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_13
1	TK_EDR_15	Yenikarpuzlu, İpsala	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_6
4	TK_EDR_16	Çakmak, Uzunköprü	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_14
5	TK_EDR_17	Orhaniye	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_15
KIRKLARELİ					
6	TK_KRL_7	İnece çıkışı	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_16
7	TK_KRL_8	Kızılcıkdere	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_4
	TK_KRL_9	Kızılcıkdere	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_9
8	TK_KRL_10	Üsküpdere	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_4
10	TK_KRL_11	Pınarhisar	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_4
	TK_KRL_12	Pınarhisar	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_6
9	TK_KRL_13	İslambeyli, Pınarhisar	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_17
11	TK_KRL_14	Yenice, Pınarhisar	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_18
12	TK_KRL_15	Sarıcalı, Lüleburgaz	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_19
TEKİRDAĞ					
15	TK_TEK_2	Yeniköy, Şarköy	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_4
13	TK_TEK_3	Lahana, Hayrabolu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_20
	TK_TEK_4	Lahana, Hayrabolu	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_21
	TK_TEK_5	Lahana, Hayrabolu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_4
14	TK_TEK_6	Yenice, Malkara	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_9
17	TK_TEK_7	Çerkezköy	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_6
16	TK_TEK_8	Saray	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_22
İSTANBUL					
19	TK_IST_5	Ubeyli, Ağva	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
18	TK_IST_6	Tayakadın	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_23
20	TK_IST_7	İsaköy, Ağva	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_2
KOCAELİ					
23	TK_KOC_1	Kızderbent, Karamürsel	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_11
33	TK_KOC_3	Balcı, Kandıra	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_2
32	TK_KOC_4	Hediyeli, Kandıra	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_24
24	TK_KOC_5	Bayındır, Karamürsel	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_3
22	TK_KOC_6	Mollafenari, Gebze	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_3
21	TK_KOC_7	Orhanlı, Gebze	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
34	TK_KOC_8	Kurtyeri, Kandıra	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_2
37	TK_KOC_9	Kefken, Kandıra	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_2
36	TK_KOC_10	Duraklı, Kandıra	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_10
35	TK_KOC_11	Kandıra	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_25
38	TK_KOC_12	Uzuntarla, Kartepe	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_3
SAKARYA					
39	TK_SAK_5	İhsaniye, Karasu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
40	TK_SAK_6	Büyükyanık, Kaynarca	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
42	TK_SAK_7	Ferizli	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_5
	TK_SAK_8	Ferizli	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_5
49	TK_SAK_9	Hacıosmanlar, Geyve	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_3
41	TK_SAK_10	Kayacık, Kaynarca	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
43	TK_SAK_11	Hendek	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
44	TK_SAK_12	Akça, Sapanca	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_2
45	TK_SAK_13	Bekirpaşa	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_26
46	TK_SAK_14	Altındere, Akyazı	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_27
47	TK_SAK_15	Çamlıca, Akyazı	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
48	TK_SAK_16	Merkez, Taraklı	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_21

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

50	TK_SAK_17	Geyve	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_3
	TK_SAK_18	Geyve	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_5
		DÜZCE			
51	TK_DUZ_1	Hacıbekir	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_28
55	TK_DUZ_2	Melenağzı, Akçakoca	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_5
56	TK_DUZ_3	Konuralp	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
59	TK_DUZ_4	Bolu Dağı, Kaynaşlı	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_7
52	TK_DUZ_5	Esentepe, Gümüşova	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_2
53	TK_DUZ_6	Çukurhan, Gümüşova	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
54	TK_DUZ_7	Aksu, Yığılca	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_1
57	TK_DUZ_8	Dadalı, Akçakoca	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_10
58	TK_DUZ_9	Kepenç, Akçakoca	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_29
		BOLU			
64	TK_BOL_3	Belkaraağaç	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_2
63	TK_BOL_4	Mudurnu	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_4
62	TK_BOL_5	Yenişeyhler, Mudurnu	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_22
65	TK_BOL_6	Yumrukaya	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_30
61	TK_BOL_7	Göynük	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_23
60	TK_BOL_8	Safranlar, Göynük	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_24
69	TK_BOL_9	Merkez	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_25
		ZONGULDAK			
71	TK_ZON_2	Perşembe, Çaycuma	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_31
70	TK_ZON_3	Merkez	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_26
72	TK_ZON_4	Gökçebey	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_2
75	TK_ZON_5	Devrek	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_7
73	TK_ZON_6	Özbağı, Devrek	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_10
74	TK_ZON_7	Çaydeğirmeni, Devrek		<i>E. roumanicus</i>	Ero_3
68	TK_ZON_8	Kızılcapınar, Ereğli	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_27
66	TK_ZON_9	Kurtlar, Alaplı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_28
67	TK_ZON_10	Ereğli	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_32
		BARTIN			
77	BAR_1	Kozcağız	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_11
76	BAR_2	Bedil	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_2
83	TK_BAR_3	İmpiri, Amasra	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_2
84	TK_BAR_4	Bugurlar, Ulus	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_33
	TK_BAR_5	Bugurlar, Ulus	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_3
78	TK_BAR_6	Nebioğlu	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_10
81	TK_BAR_7	Gürgenpınarı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_29
	TK_BAR_8	Gürgenpınarı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_2
80	TK_BAR_9	İnkumu	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_30
86	TK_BAR_10	Aşağıemirce, Ulus	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_31
82	TK_BAR_11	Budakdüzü	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_34
79	TK_BAR_12	Dırazlar, Kozcağız	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_11
		KARABÜK			
91	TK_KRB_2	Bostancı, Eflani	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_12
88	TK_KRB_3	Kadıköy, Yenice	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_2
89	TK_KRB_4	Merkez	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_13
90	TK_KRB_5	Eflani	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_13
87	TK_KRB_6	Dorukhan, Yenice	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_7
		ÇANKIRI			
92	TK_CNR_2	Çerkeş	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_32
92	TK_CNR_3	Kurtçimeni, Çerkeş	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_33
		KASTAMONU			
95	KAS_2	Küre	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_12
96	TK_KAS_5	Ersizler, Küre	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_81
94	TK_KAS_6	Bereketli, Ağın	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_82
		ÇORUM			
99	TK_COR_1	Kuşsaray	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_79

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

97	TK_COR_2	Sapa	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_80
98	TK_COR_3	Osmancık	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_83
ERZURUM					
163	TK_ERZM_3	Topalca, Aşkale	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_34
164	TK_ERZM_4	Dadaşkent	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_14
165	TK_ERZM_5	Karadağ, Narman	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_35
ARTVİN					
168	TK_ART_7	Merkez	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_36
167	TK_ART_8	Murgul	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_37
166	TK_ART_9	Borçka	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_38
ARDAHAN					
172	TK_ARD_2	Çıldır	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_39
173	TK_ARD_3	Meyremköy, Çıldır	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_5
171	TK_ARD_4	Çamlıçatak	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_40
170	TK_ARD_5	Merkez	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_5
169	TK_ARD_6	Çatalköprü	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_5
KARS					
174	TK_KRS_5	Kağızman	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_41
ÇANAKKALE					
100	TK_CNK_8	Lazkoyu, Gökçeada	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_8
100	TK_CNK_9	Şahinkaya, Gökçeada	Dişi	<i>E. roumanicus</i>	Ero_8
100	TK_CNK_10	Dereköy, Gökçeada	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_8
105	TK_CNK_11	Kayatepe, Yenice	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_42
104	TK_CNK_12	Yuvalar, Çan	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_43
103	TK_CNK_13	Şevketiye, Lapseki	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_1
102	TK_CNK_14	Kirazlı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_44
101	TK_CNK_15	Saraycık	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_1
BALIKESİR					
106	TK_BAL_3	Altınova, Ayvalık	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_1
107	TK_BAL_4	Soğucak, Savaştepe	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_45
109	TK_BAL_5	Hotaşlar, Kepsut	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_15
108	TK_BAL_6	Hotaşlar, Kepsut	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_46
110	TK_BAL_7	Akçaova, Manyas	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_1
BURSA					
28	TK_BRS_4	Keramet, Orhangazi	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_3
27	TK_BRS_5	Orhangazi	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_47
112	TK_BRS_6	Kadirçeşme, Mustafakemalpaşa	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_1
31	TK_BRS_7	İznik	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	Ero_11
30	TK_BRS_8	Gemlik	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_16
29	TK_BRS_9	Büyükkumla, Gemlik	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_16
111	TK_BRS_10	Boğazköy, Mustafakemalpaşa	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_1
113	TK_BRS_11	Kurşunlu, İnegöl	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_48
115	TK_BRS_12	Papatya, Yenişehir	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_49
114	TK_BRS_13	Süprütlü, İnegöl	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_50
YALOVA					
26	TK_YAL_1	Çınarcık	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_51
26	TK_YAL_2	Çınarcık	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_3
25	TK_YAL_3	Şenköy, Çınarcık	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_17
26	TK_YAL_4	Çınarcık	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_17
BİLECİK					
116	TK_BIL_2	Pazaryeri	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_32
116	TK_BIL_3	Pazaryeri	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_4
117	TK_BIL_4	Küçüksusuz, Gölpazarı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_53
118	TK_BIL_5	Çiftlik, Gölpazarı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_3
ESKİŞEHİR					
119	TK_ESK_2	Kertek, Sivrihisar	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_54

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

119	TK_ESK_3	Kertek, Sivrihisar ANKARA	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_55
120	TK_ANK_2	Başören, Beypazarı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_18
121	TK_ANK_3	Dereli, Beypazarı	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_56
122	TK_ANK_4	Kışlacık, Çubuk ERZİNCAN	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_57
160	TK_ERZC_4	Bozyazı	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_58
162	TK_ERZC_5	Tercan	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_14
161	TK_ERZC_6	Sazlıpınar İZMİR	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_59
125	TK_IZM_2	Derebaşı, Ödemiş	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_60
124	TK_IZM_3	Yeniçiftlik, Torbalı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_6
126	TK_IZM_4	Çamlık, Beydağı	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_15
127	TK_IZM_5	İğdeli, Kiraz	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_6
123	TK_IZM_6	Gümüşsuyu, Menderes AYDIN	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_61
129	TK_AYD_2	Kuruçay, Çine	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_62
132	TK_AYD_3	Gencelli, Buharkent	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_6
131	TK_AYD_4	Hamzalı, Kuyucak	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_63
128	TK_AYD_5	Didim	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_7
130	TK_AYD_6	Alamut, Yenipazar	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_64
130	TK_AYD_7	Alamut, Yenipazar NEVŞEHİR	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_19
144	TK_NEV_1	Avanos	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_85
143	TK_NEV_1	Ürgüp	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_86
142	TK_NEV_1	Derinkuyu KAHRAMANMARAŞ	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_84
148	TK_KAH_1	Salyan, Göksun MUĞLA	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_18
136	TK_MUG_3	Çaltılar, Fethiye	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_19
134	TK_MUG_4	Portakallı, Ula	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_7
133	TK_MUG_5	Eskihisar, Yatağan	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_7
135	TK_MUG_6	Ortaca, Muğla MERSİN	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_65
137	TK_MER_5	Mut	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_4
138	TK_MER_6	Kemenli, Mut	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_66
141	TK_MER_7	Karahasanlı, Erdemli	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_67
140	TK_MER_8	Aydınlar, Güzeloluk, Erdemli	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_8
139	TK_MER_9	Dalyan, Silifke ADANA	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_68
146	TK_ADA_2	Mustafabeyli, Ceyhan	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_69
147	TK_ADA_3	Mercimek, Ceyhan	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_8
147	TK_ADA_4	Mercimek, Ceyhan	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_70
145	TK_ADA_5	Çavuşlar, Tuzla HATAY	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_8
150	TK_HAT_3	Akbes, Hassa	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_71
149	TK_HAT_4	Hüyükü, Arsus GAZİANTEP	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_72
151	TK_GAZ_1	Bedirkent	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_73
152	TK_GAZ_2	Güngürge	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_20
153	TK_GAZ_3	Araban ADIYAMAN	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_74
154	TK_ADI_2	Köseceli, Besni	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_20
155	TK_ADI_3	Kavak ŞANLIURFA	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_9
157	TK_SAN_1	Gölgen, Hilvan	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_75

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

156	TK_SAN_2	Sancak, Hilvan DİYARBAKIR	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_76
159	TK_DIY_2	Çermik	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_9
158	TK_DIY_3	Balıksırtı, Çermik AZERBAJYCAN	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_9
175	TK_AZ_1	Nahçıvan YUNANİSTAN	Dişi	<i>E. concolor</i>	Eco_77
176	TK_GR_1	Filia, Midilli	Erkek	<i>E. concolor</i>	Eco_78



Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no		Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma
EDİRNE						
2	TK_EDR_13	Karahisar, Keşan	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
3	TK_EDR_14	Çamlıca, Keşan	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
1	TK_EDR_15	Yenikarpuzlu, İpsala	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
4	TK_EDR_16	Çakmak, Uzunköprü	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
5	TK_EDR_17	Orhaniye	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
KIRKLARELİ						
6	TK_KRL_7	İnece çıkışı	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
7	TK_KRL_8	Kızılcıkdere	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
	TK_KRL_9	Kızılcıkdere	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
8	TK_KRL_10	Üsküpdere	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
10	TK_KRL_11	Pınarhisar	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
	TK_KRL_12	Pınarhisar	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
9	TK_KRL_13	İslambeyli, Pınarhisar	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
11	TK_KRL_14	Yenice, Pınarhisar	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
12	TK_KRL_15	Sarıcalı, Lüleburgaz	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
TEKİRDAĞ						
15	TK_TEK_2	Yeniköy, Şarköy	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
13	TK_TEK_3	Lahana, Hayrabolu	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no	Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma	
	TK_TEK_4	Lahana, Hayrabolu	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
	TK_TEK_5	Lahana, Hayrabolu	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
14	TK_TEK_6	Yenice, Malkara	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
17	TK_TEK_7	Çerzekköy	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
16	TK_TEK_8	Saray İSTANBUL	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
19	TK_IST_5	Ubeyli, Ağva	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
18	TK_IST_6	Tayakadın	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
20	TK_IST_7	İsaköy, Ağva KOCAELİ	Dişi	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
23	TK_KOC_1	Kızderbent, Karamürsel	Erkek	HİBRİT	E.rou_FGB_TR2- E.con_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR2-E.con_FGB_TR1 [AF379852]
33	TK_KOC_3	Balcı, Kandıra	Erkek	HİBRİT	E.rou_FGB_TR2- E.con_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR2-E.con_FGB_TR2 [AF379853]
32	TK_KOC_4	Hediyeli, Kandıra	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
24	TK_KOC_5	Bayındır, Karamürsel	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
22	TK_KOC_6	Mollafenari, Gebze	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
21	TK_KOC_7	Orhanlı, Gebze	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
34	TK_KOC_8	Kurtyeri, Kandıra	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
37	TK_KOC_9	Kefken, Kandıra	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
36	TK_KOC_10	Duraklı, Kandıra	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
35	TK_KOC_11	Kandıra	Dişi	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no		Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma
38	TK_KOC_12	Uzuntarla, Kartepe SAKARYA	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
39	TK_SAK_5	İhsaniye, Karasu	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
40	TK_SAK_6	Büyükyanık, Kaynarca	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
42	TK_SAK_7	Ferizli	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
	TK_SAK_8	Ferizli	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
49	TK_SAK_9	Hacıosmanlar, Geyve	Erkek	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.con_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR1 [AF379852]
41	TK_SAK_10	Kayacık, Kaynarca	Dişi	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
43	TK_SAK_11	Hendek	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
44	TK_SAK_12	Akça, Sapanca	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
45	TK_SAK_13	Bekirpaşa	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
46	TK_SAK_14	Altındere, Akyazı	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
47	TK_SAK_15	Çamlıca, Akyazı	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
48	TK_SAK_16	Merkez, Taraklı	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
50	TK_SAK_17	Geyve	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
	TK_SAK_18	Geyve DÜZCE	Dişi	ÇIKMADI		
51	TK_DUZ_1	Hacıbekir	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
55	TK_DUZ_2	Melenağzı, Akçakoca	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
56	TK_DUZ_3	Konuralp	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
59	TK_DUZ_4	Bolu Dağı, Kaynaşlı	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
52	TK_DUZ_5	Esentepe, Gümüşova	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
53	TK_DUZ_6	Çukurhan, Gümüşova	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no		Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma
54	TK_DUZ_7	Aksu, Yığılca	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
57	TK_DUZ_8	Dadalı, Akçakoca	Dişi	HİBRİT	E.rou_FGB_TR2- E.con_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR2-E.con_FGB_TR2 [AF379853]
58	TK_DUZ_9	Kepenç, Akçakoca BOLU	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
64	TK_BOL_3	Belkaraağaç	Dişi	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR3
63	TK_BOL_4	Mudurnu	Erkek	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.con_FGB_TR4	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR4
62	TK_BOL_5	Yenişeyhler, Mudurnu	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
65	TK_BOL_6	Yumrukaya	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
61	TK_BOL_7	Göynük	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
60	TK_BOL_8	Safranlar, Göynük	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
69	TK_BOL_9	Merkez ZONGULDAK	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
71	TK_ZON_2	Perşembe, Çaycuma	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
70	TK_ZON_3	Merkez	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
72	TK_ZON_4	Gökçebey	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
75	TK_ZON_5	Devrek	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
73	TK_ZON_6	Özbağı, Devrek	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
74	TK_ZON_7	Çaydeğirmeni, Devrek		ÇIKMADI		
68	TK_ZON_8	Kızılcapınar, Ereğli	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
66	TK_ZON_9	Kurtlar, Alaplı	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR2
67	TK_ZON_10	Ereğli	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no	Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma	
BARTIN						
77	BAR_1	Kozcağız	Dişi	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
76	BAR_2	Bedil	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
83	TK_BAR_3	İmpiri, Amasra	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
84	TK_BAR_4	Bugurlar, Ulus	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
	TK_BAR_5	Bugurlar, Ulus	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
78	TK_BAR_6	Nebioğlu	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
81	TK_BAR_7	Gürgenpınarı	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
	TK_BAR_8	Gürgenpınarı	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
80	TK_BAR_9	İnkumu	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
86	TK_BAR_10	Aşağıemirce, Ulus	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
82	TK_BAR_11	Budakdüzü	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
79	TK_BAR_12	Dırazlar, Kozcağız	Dişi	ÇIKMADI		
KARABÜK						
91	TK_KRB_2	Bostancı, Eflani	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
88	TK_KRB_3	Kadıköy, Yenice	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1- E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.rou_FGB_TR2
89	TK_KRB_4	Merkez	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
90	TK_KRB_5	Eflani	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
87	TK_KRB_6	Dorukhan, Yenice	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no	Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma	
	ÇANKIRI					
92	TK_CNR_2	Çerkeş	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
92	TK_CNR_3	Kurtçimeni, Çerkeş	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
	KASTAMONU					
95	KAS_2	Küre	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
96	TK_KAS_5	Ersizler, Küre	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
94	TK_KAS_6	Bereketli, Ağın	Erkek	ÇIKMADI		
	ÇORUM					
99	TK_COR_1	Kuşsaray	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
97	TK_COR_2	Sapa	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
98	TK_COR_3	Osmancık	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
	ERZURUM					
163	TK_ERZM_3	Topalca, Aşkale	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
164	TK_ERZM_4	Dadaşkent	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
165	TK_ERZM_5	Karadağ, Narman	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
	ARTVİN					
168	TK_ART_7	Merkez	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
167	TK_ART_8	Murgul	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
166	TK_ART_9	Borçka	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no	Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma	
ARDAHAN						
172	TK_ARD_2	Çıldır	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
173	TK_ARD_3	Meyremköy, Çıldır	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
171	TK_ARD_4	Çamlıçatak	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
170	TK_ARD_5	Merkez	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
169	TK_ARD_6	Çatalköprü	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
KARS						
174	TK_KRS_5	Kağızman	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
ÇANAKKALE						
100	TK_CNK_8	Lazkoyu, Gökçeada	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR2
100	TK_CNK_9	Şahinkaya, Gökçeada	Dişi	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR2
100	TK_CNK_10	Dereköy, Gökçeada	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR2
105	TK_CNK_11	Kayatepe, Yenice	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
104	TK_CNK_12	Yuvalar, Çan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
103	TK_CNK_13	Şevketiye, Lapseki	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
102	TK_CNK_14	Kirazlı	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
101	TK_CNK_15	Saraycık	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no	Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma	
BALIKESİR						
106	TK_BAL_3	Altınova, Ayvalık	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
107	TK_BAL_4	Soğucak, Savaştepe	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
109	TK_BAL_5	Hotaşlar, Kepsut	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
108	TK_BAL_6	Hotaşlar, Kepsut	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
110	TK_BAL_7	Akçaova, Manyas	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
BURSA						
28	TK_BRS_4	Keramet, Orhangazi	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
27	TK_BRS_5	Orhangazi	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
112	TK_BRS_6	Kadirçeşme, Mustafakemalpaşa	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
31	TK_BRS_7	İznik	Erkek	E. roumanicus	E.rou_FGB_TR1	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]
30	TK_BRS_8	Gemlik	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
29	TK_BRS_9	Büyükkuşla, Gemlik	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
111	TK_BRS_10	Boğazköy, Mustafakemalpaşa	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
113	TK_BRS_11	Kurşunlu, İnegöl	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
115	TK_BRS_12	Papatya, Yenişehir	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
114	TK_BRS_13	Süpürtü, İnegöl	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
YALOVA						
26	TK_YAL_1	Çınarcık	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no		Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma
26	TK_YAL_2	Çınarcık	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
25	TK_YAL_3	Şenköy, Çınarcık	Erkek	ÇIKMADI		
26	TK_YAL_4	Çınarcık	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
BİLECİK						
116	TK_BIL_2	Pazaryeri	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
116	TK_BIL_3	Pazaryeri	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
117	TK_BIL_4	Küçüksusuz, Gölpazarı	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
118	TK_BIL_5	Çiftlik, Gölpazarı	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
ESKİŞEHİR						
119	TK_ESK_2	Kertek, Sivrihisar	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
119	TK_ESK_3	Kertek, Sivrihisar	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
ANKARA						
120	TK_ANK_2	Başören, Beypazarı	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
121	TK_ANK_3	Dereli, Beypazarı	Erkek	HİBRİT	E.rou_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.rou_FGB_TR1 [AF379849/50/51]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
122	TK_ANK_4	Kışlacık, Çubuk	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
ERZİNCAN						
160	TK_ERZC_4	Bozyazı	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR3- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR3-E.con_FGB_TR2 [AF379853]
162	TK_ERZC_5	Tercan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
161	TK_ERZC_6	Sazlıpınar	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no	Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma	
İZMİR						
125	TK_IZM_2	Derebaşı, Ödemiş	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
124	TK_IZM_3	Yeniçiftlik, Torbalı	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
126	TK_IZM_4	Çamlık, Beydağı	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
127	TK_IZM_5	İğdeli, Kiraz	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
123	TK_IZM_6	Gümüşsuyu, Menderes	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
AYDIN						
129	TK_AYD_2	Kuruçay, Çine	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
132	TK_AYD_3	Gencelli, Buharkent	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
131	TK_AYD_4	Hamzalı, Kuyucak	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
128	TK_AYD_5	Didim	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3
130	TK_AYD_6	Alamut, Yenipazar	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
130	TK_AYD_7	Alamut, Yenipazar	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
NEVŞEHİR						
144	TK_NEV_1	Avanos	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
143	TK_NEV_1	Ürgüp	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
142	TK_NEV_1	Derinkuyu	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no		Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma
		KAHRAMANMARAŞ				
148	TK_KAH_1	Salyan, Göksun	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
		MUĞLA				
136	TK_MUG_3	Çaltılar, Fethiye	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
134	TK_MUG_4	Portakallı, Ula	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
133	TK_MUG_5	Eskihisar, Yatağan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
135	TK_MUG_6	Ortaca, Muğla	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
		MERSİN				
137	TK_MER_5	Mut	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
138	TK_MER_6	Kemenli, Mut	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
141	TK_MER_7	Karahasanlı, Erdemli	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
140	TK_MER_8	Aydınlı, Güzeloluk, Erdemli	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
139	TK_MER_9	Dalyan, Silifke	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
		ADANA				
146	TK_ADA_2	Mustafabeyli, Ceyhan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
147	TK_ADA_3	Mercimek, Ceyhan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
147	TK_ADA_4	Mercimek, Ceyhan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
145	TK_ADA_5	Çavuşlar, Tuzla	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Beta Fibrinojen 7 intron						
Lokalite no		Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID	Genbankası ID /Bu çalışma
HATAY						
150	TK_HAT_3	Akbes, Hassa	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
149	TK_HAT_4	Hüyükü, Arsus	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
GAZİANTEP						
151	TK_GAZ_1	Bedirkent	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
152	TK_GAZ_2	Güngürge	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
153	TK_GAZ_3	Araban	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR2 [AF379853]
ADİYAMAN						
154	TK_ADI_2	Köseceli, Besni	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
155	TK_ADI_3	Kavak	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR2 [AF379853]
ŞANLIURFA						
157	TK_SAN_1	Gölgen, Hilvan	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
156	TK_SAN_2	Sancak, Hilvan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
DİYARBAKIR						
159	TK_DIY_2	Çermik	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
158	TK_DIY_3	Balıksırtı, Çermik	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR1	E.con_FGB_TR1 [AF379852]
AZERBAJYCAN						
175	TK_AZ_1	Nahçıvan	Dişi	E. concolor	E.con_FGB_TR3- E.con_FGB_TR2	E.con_FGB_TR3-E.con_FGB_TR2 [AF379853]
YUNANİSTAN						
176	TK_GR_1	Filia, Midilli	Erkek	E. concolor	E.con_FGB_TR1- E.con_FGB_TR3	E.con_FGB_TR1 [AF379852]- E.con_FGB_TR3

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

Y kromozom DNA (DBY4 intron)					
Lokalite no		Lokalite	Eşey	Species ID	Haplotip ID
EDİRNE					
2	TK_EDR_13	Karahisar, Keşan	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
3	TK_EDR_14	Çamlıca, Keşan	Dişi		
1	TK_EDR_15	Yenikarpuzlu, İpsala	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
4	TK_EDR_16	Çakmak, Uzunköprü	Dişi		
5	TK_EDR_17	Orhaniye	Dişi		
KIRKLARELİ					
6	TK_KRL_7	İnce çıkışı	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
7	TK_KRL_8	Kızılıçkdere	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
	TK_KRL_9	Kızılıçkdere	Dişi		
8	TK_KRL_10	Üsküpdere	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
10	TK_KRL_11	Pınarhisar	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
	TK_KRL_12	Pınarhisar	Dişi		
9	TK_KRL_13	İslambeyli, Pınarhisar	Dişi		
11	TK_KRL_14	Yenice, Pınarhisar	Dişi		
12	TK_KRL_15	Sarıcalı, Lüleburgaz	Dişi		
TEKİRDAĞ					
15	TK_TEK_2	Yeniköy, Şarköy	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
13	TK_TEK_3	Lahana, Hayrabolu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
	TK_TEK_4	Lahana, Hayrabolu	Dişi		
	TK_TEK_5	Lahana, Hayrabolu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
14	TK_TEK_6	Yenice, Malkara	Dişi		
17	TK_TEK_7	Çerkezköy	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
16	TK_TEK_8	Saray	Dişi		
İSTANBUL					
19	TK_IST_5	Ubeyli, Ağva	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
18	TK_IST_6	Tayakadın	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
20	TK_IST_7	İsaköy, Ağva	Dişi		
KOCAELİ					
23	TK_KOC_1	Kızderbent, Karamürsel	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
33	TK_KOC_3	Balcı, Kandıra	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
32	TK_KOC_4	Hediyeli, Kandıra	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
24	TK_KOC_5	Bayındır, Karamürsel	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
22	TK_KOC_6	Mollafenari, Gebze	Dişi		
21	TK_KOC_7	Orhanlı, Gebze	Dişi		
34	TK_KOC_8	Kurtyeri, Kandıra	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
37	TK_KOC_9	Kefken, Kandıra	Dişi		
36	TK_KOC_10	Duraklı, Kandıra	Dişi		
35	TK_KOC_11	Kandıra	Dişi		
38	TK_KOC_12	Uzuntarla, Kartepe	Dişi		
SAKARYA					
39	TK_SAK_5	İhsaniye, Karasu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
40	TK_SAK_6	Büyükyanık, Kaynarca	Dişi		
42	TK_SAK_7	Ferizli	Dişi		
	TK_SAK_8	Ferizli	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
49	TK_SAK_9	Hacıosmanlar, Geyve	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
41	TK_SAK_10	Kayacık, Kaynarca	Dişi		
43	TK_SAK_11	Hendek	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
44	TK_SAK_12	Akça, Sapanca	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
45	TK_SAK_13	Bekirpaşa	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
46	TK_SAK_14	Altındere, Akyazı	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
47	TK_SAK_15	Çamlıca, Akyazı	Dişi		
48	TK_SAK_16	Merkez, Taraklı	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
50	TK_SAK_17	Geyve	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

	TK_SAK_18	Geyve	Dişi		
		DÜZCE			
51	TK_DUZ_1	Hacıbekir	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
55	TK_DUZ_2	Melenağzı, Akçakoca	Dişi		
56	TK_DUZ_3	Konuralp	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
59	TK_DUZ_4	Bolu Dağı, Kaynaşlı	Dişi		
52	TK_DUZ_5	Esentepe, Gümüşova	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
53	TK_DUZ_6	Çukurhan, Gümüşova	Dişi		
54	TK_DUZ_7	Aksu, Yığılca	Dişi		
57	TK_DUZ_8	Dadalı, Akçakoca	Dişi		
58	TK_DUZ_9	Kepenç, Akçakoca	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
		BOLU			
64	TK_BOL_3	Belkaraağaç	Dişi		
63	TK_BOL_4	Mudurnu	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
62	TK_BOL_5	Yenişeyhler, Mudurnu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
65	TK_BOL_6	Yumrukaya	Dişi		
61	TK_BOL_7	Göynük	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
60	TK_BOL_8	Safranlar, Göynük	Dişi		
69	TK_BOL_9	Merkez	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
		ZONGULDAK			
71	TK_ZON_2	Perşembe, Çaycuma	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
70	TK_ZON_3	Merkez	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
72	TK_ZON_4	Gökçebey	Dişi		
75	TK_ZON_5	Devrek	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
73	TK_ZON_6	Özbağı, Devrek	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
74	TK_ZON_7	Çaydeğirmeni, Devrek			
68	TK_ZON_8	Kızılcapınar, Ereğli	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
66	TK_ZON_9	Kurtlar, Alaplı	Dişi		
67	TK_ZON_10	Ereğli	Dişi		
		BARTIN			
77	BAR_1	Kozcağız	Dişi		
76	BAR_2	Bedil	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
83	TK_BAR_3	İmpiri, Amasra	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
84	TK_BAR_4	Bugurlar, Ulus	Dişi		
	TK_BAR_5	Bugurlar, Ulus	Dişi		
78	TK_BAR_6	Nebioğlu	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
81	TK_BAR_7	Gürgenpınarı	Dişi		
	TK_BAR_8	Gürgenpınarı	Dişi		
80	TK_BAR_9	İnkumu	Dişi		
86	TK_BAR_10	Aşağıemirce, Ulus	Dişi		
82	TK_BAR_11	Budakdüzü	Dişi		
79	TK_BAR_12	Dırazlar, Kozcağız	Dişi		
		KARABÜK			
91	TK_KRB_2	Bostancı, Eflani	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
88	TK_KRB_3	Kadıköy, Yenice	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
89	TK_KRB_4	Merkez	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
90	TK_KRB_5	Eflani	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
87	TK_KRB_6	Dorukhan, Yenice	Dişi		
		ÇANKIRI			
92	TK_CNR_2	Çerkeş	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
92	TK_CNR_3	Kurtçimeni, Çerkeş	Dişi		
		KASTAMONU			
95	KAS_2	Küre	Dişi		
96	TK_KAS_5	Ersizler, Küre	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
94	TK_KAS_6	Bereketli, Ağın	Erkek	ÇIKMADI	
		ÇORUM			
99	TK_COR_1	Kuşsaray	Dişi		
97	TK_COR_2	Sapa	Dişi		

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

98	TK_COR_3	Osmancık ERZURUM	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
163	TK_ERZM_3	Topalca, Aşkale	Dişi		
164	TK_ERZM_4	Dadaşkent	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
165	TK_ERZM_5	Karadağ, Narman ARTVİN	Dişi		
168	TK_ART_7	Merkez	Dişi		
167	TK_ART_8	Murgul	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
166	TK_ART_9	Borçka ARDAHAN	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
172	TK_ARD_2	Çıldır	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
173	TK_ARD_3	Meyremköy, Çıldır	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
171	TK_ARD_4	Çamlıçatak	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
170	TK_ARD_5	Merkez	Dişi		
169	TK_ARD_6	Çatalköprü KARS	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
174	TK_KRS_5	Kağızman ÇANAKKALE	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
100	TK_CNK_8	Lazkoyu, Gökçeada	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
100	TK_CNK_9	Şahinkaya, Gökçeada	Dişi		
100	TK_CNK_10	Dereköy, Gökçeada	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
105	TK_CNK_11	Kayatepe, Yenice	Dişi		
104	TK_CNK_12	Yuvalar, Çan	Dişi		
103	TK_CNK_13	Şevketiye, Lapseki	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
102	TK_CNK_14	Kirazlı	Dişi		
101	TK_CNK_15	Saraycık BALIKESİR	Dişi		
106	TK_BAL_3	Altınova, Ayvalık	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
107	TK_BAL_4	Soğucak, Savaştepe	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
109	TK_BAL_5	Hotaşlar, Kepsut	Dişi		
108	TK_BAL_6	Hotaşlar, Kepsut	Dişi		
110	TK_BAL_7	Akçaova, Manyas BURSA	Dişi		
28	TK_BRS_4	Keramet, Orhangazi	Dişi		
27	TK_BRS_5	Orhangazi	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
112	TK_BRS_6	Kadirçeşme, Mustafakemalpaşa	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
31	TK_BRS_7	İznik	Erkek	<i>E. roumanicus</i>	E. rou_Y1
30	TK_BRS_8	Gemlik	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
29	TK_BRS_9	Büyükumla, Gemlik Boğazköy,	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
111	TK_BRS_10	Mustafakemalpaşa	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
113	TK_BRS_11	Kurşunlu, İnegöl	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
115	TK_BRS_12	Papatya, Yenişehir	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
114	TK_BRS_13	Süpürtü, İnegöl YALOVA	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
26	TK_YAL_1	Çınarcık	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
26	TK_YAL_2	Çınarcık	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
25	TK_YAL_3	Şenköy, Çınarcık	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
26	TK_YAL_4	Çınarcık BİLECİK	Dişi		
116	TK_BIL_2	Pazaryeri	Dişi		
116	TK_BIL_3	Pazaryeri	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
117	TK_BIL_4	Küçüksusuz, Gölpazarı	Dişi		
118	TK_BIL_5	Çiftlik, Gölpazarı ESKİŞEHİR	Dişi		
119	TK_ESK_2	Kertek, Sivrihisar	Dişi		
119	TK_ESK_3	Kertek, Sivrihisar	Dişi		

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

		ANKARA			
120	TK_ANK_2	Başören, Beypazarı	Dişi		
121	TK_ANK_3	Dereli, Beypazarı	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
122	TK_ANK_4	Kışlacık, Çubuk	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
		ERZİNCAN			
160	TK_ERZC_4	Bozyazı	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
162	TK_ERZC_5	Tercan	Dişi		
161	TK_ERZC_6	Sazlıpınar	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
		İZMİR			
125	TK_IZM_2	Derebaşı, Ödemiş	Dişi		
124	TK_IZM_3	Yeniçiftlik, Torbalı	Dişi		
126	TK_IZM_4	Çamlık, Beydağı	Dişi		
127	TK_IZM_5	İğdeli, Kiraz	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
123	TK_IZM_6	Gümüşsuyu, Menderes	Dişi		
		AYDIN			
129	TK_AYD_2	Kuruçay, Çine	Dişi		
132	TK_AYD_3	Gencelli, Buharkent	Dişi		
131	TK_AYD_4	Hamzalı, Kuyucak	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
128	TK_AYD_5	Didim	Dişi		
130	TK_AYD_6	Alamut, Yenipazar	Dişi		
130	TK_AYD_7	Alamut, Yenipazar	Dişi		
		NEVŞEHİR			
144	TK_NEV_1	Avanos	Dişi		
143	TK_NEV_1	Ürgüp	Dişi		
142	TK_NEV_1	Derinkuyu	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
		KAHRAMANMARAŞ			
148	TK_KAH_1	Salyan, Göksun	Dişi		
		MUĞLA			
136	TK_MUG_3	Çaltılar, Fethiye	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
134	TK_MUG_4	Portakallı, Ula	Dişi		
133	TK_MUG_5	Eskihisar, Yatağan	Dişi		
135	TK_MUG_6	Ortaca, Muğla	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
		MERSİN			
137	TK_MER_5	Mut	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
138	TK_MER_6	Kemenli, Mut	Dişi		
141	TK_MER_7	Karahasanlı, Erdemli	Dişi		
140	TK_MER_8	Aydınlı, Güzeloluk, Erdemli	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
139	TK_MER_9	Dalyan, Silifke	Dişi		
		ADANA			
146	TK_ADA_2	Mustafabeyli, Ceyhan	Dişi		
147	TK_ADA_3	Mercimek, Ceyhan	Dişi		
147	TK_ADA_4	Mercimek, Ceyhan	Dişi		
145	TK_ADA_5	Çavuşlar, Tuzla	Dişi		
		HATAY			
150	TK_HAT_3	Akbes, Hassa	Dişi		
149	TK_HAT_4	Hüyükülü, Arsus	Dişi		
		GAZİANTEP			
151	TK_GAZ_1	Bedirkent	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
152	TK_GAZ_2	Güngürge	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
153	TK_GAZ_3	Araban	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
		ADİYAMAN			
154	TK_ADI_2	Köseceli, Besni	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
155	TK_ADI_3	Kavak	Dişi		
		ŞANLIURFA			
157	TK_SAN_1	Gölgen, Hilvan	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
156	TK_SAN_2	Sancak, Hilvan	Dişi		

Ek 1 Tez Kapsamında Çalışılan Gen Bölgeleri ve Örnek Lokaliteleri (devam)

159	TK_DIY_2	DİYARBAKIR Çermik	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1
158	TK_DIY_3	Balıksırtı, Çermik	Dişi		
175	TK_AZ_1	AZERBAYCAN Nahçıvan	Dişi		
176	TK_GR_1	YUNANİSTAN Filia, Midilli	Erkek	<i>E. concolor</i>	E. con_Y1

EK2 *E. roumanicus* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi

Haplotip	Ero_1	Ero_2	Ero_3	Ero_4	Ero_5	Ero_6	Ero_7	Ero_8	Ero_9	Ero_10	Ero_11	Ero_12	Ero_13	Ero_14	Ero_15	Ero_16	Ero_17
Ero_1																	
Ero_2	0,4																
Ero_3	0,4	0															
Ero_4	0,5	0,4	0,4														
Ero_5	0	0,4	0,4	0,5													
Ero_6	0,5	0,4	0,4	0,3	0,5												
Ero_7	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4											
Ero_8	0,8	0,5	0,5	0,6	0,8	0,4	0,6										
Ero_9	0,6	0,5	0,5	0,1	0,6	0,4	0,5	0,7									
Ero_10	0,2	0,4	0,4	0,5	0,2	0,5	0,4	0,8	0,6								
Ero_11	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4	0,1	0,6	0,5	0,4							
Ero_12	0,8	0,5	0,5	0,6	0,8	0,5	0,6	0,6	0,7	0,8	0,6						
Ero_13	0,7	0,5	0,5	0,2	0,7	0,4	0,6	0,7	0,3	0,7	0,6	0,7					
Ero_14	0,5	0,4	0,4	0,1	0,5	0,2	0,4	0,5	0,1	0,5	0,4	0,5	0,2				
Ero_15	0,5	0,4	0,4	0,1	0,5	0,2	0,4	0,5	0,1	0,5	0,4	0,5	0,3	0,1			
Ero_16	0,6	0,5	0,5	0,1	0,6	0,4	0,5	0,7	0,1	0,6	0,5	0,7	0,3	0,1	0,1		
Ero_17	0,8	0,6	0,6	0,7	0,8	0,6	0,7	0,7	0,7	0,8	0,7	0,1	0,8	0,6	0,6	0,7	
Ero_18	0,5	0,4	0,4	0,3	0,5	0,1	0,4	0,5	0,4	0,5	0,4	0,5	0,4	0,2	0,2	0,4	0,6
Ero_19	0,5	0,4	0,4	0,4	0,5	0,1	0,5	0,5	0,4	0,5	0,5	0,6	0,5	0,3	0,3	0,4	0,7
Ero_20	0,6	0,5	0,5	0,1	0,6	0,4	0,5	0,7	0,1	0,6	0,5	0,7	0,3	0,1	0,1	0,1	0,7
Ero_21	0,7	0,5	0,5	0,1	0,7	0,4	0,6	0,7	0,2	0,7	0,6	0,7	0,4	0,2	0,2	0,2	0,8
Ero_22	0,7	0,6	0,6	0,3	0,7	0,5	0,7	0,8	0,4	0,7	0,7	0,8	0,1	0,2	0,4	0,4	0,8
Ero_23	0,8	0,5	0,5	0,6	0,8	0,5	0,6	0,6	0,7	0,8	0,6	0	0,7	0,5	0,5	0,7	0,1

EK 2 *E. roumanicus* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (**devam**)

Haplotip	Ero_1	Ero_2	Ero_3	Ero_4	Ero_5	Ero_6	Ero_7	Ero_8	Ero_9	Ero_10	Ero_11	Ero_12	Ero_13	Ero_14	Ero_15	Ero_16	Ero_17
Ero_24	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4	0,1	0,6	0,5	0,4	0,1	0,5	0,6	0,4	0,4	0,5	0,5
Ero_25	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4	0,1	0,6	0,5	0,4	0,1	0,6	0,6	0,4	0,4	0,5	0,7
Ero_26	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4	0,1	0,5	0,5	0,4	0,1	0,6	0,6	0,4	0,4	0,5	0,7
Ero_27	0,1	0,4	0,4	0,6	0,1	0,5	0,5	0,8	0,7	0,3	0,4	0,8	0,7	0,5	0,5	0,7	0,9
Ero_28	0,5	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,1	0,7	0,6	0,5	0,2	0,7	0,7	0,5	0,5	0,6	0,7
Ero_29	0,5	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,1	0,7	0,6	0,5	0,2	0,7	0,7	0,5	0,5	0,6	0,7
Ero_30	0,5	0,1	0,1	0,5	0,5	0,5	0,1	0,7	0,6	0,5	0,2	0,5	0,7	0,5	0,5	0,6	0,6
Ero_31	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4	0,1	0,6	0,5	0,4	0,1	0,6	0,6	0,4	0,4	0,5	0,7
Ero_32	0,3	0,4	0,4	0,6	0,3	0,5	0,5	0,8	0,7	0,1	0,5	0,8	0,7	0,5	0,5	0,7	0,9
Ero_33	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,3	0,2	0,6	0,4	0,2	0,2	0,6	0,5	0,3	0,3	0,4	0,7
Ero_34	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,3	0,2	0,6	0,4	0,2	0,2	0,6	0,5	0,3	0,3	0,4	0,7

EK 2 *E. roumanicus* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (**devam**)

Haplotip	Ero_18	Ero_19	Ero_20	Ero_21	Ero_22	Ero_23	Ero_24	Ero_25	Ero_26	Ero_27	Ero_28	Ero_29	Ero_30	Ero_31	Ero_32	Ero_33
Ero_18																
Ero_19	0,4															
Ero_20	0,4	0														
Ero_21	0,5	0,4	0,4													
Ero_22	0	0,4	0,4	0,5												
Ero_23	0,5	0,4	0,4	0,3	0,5											
Ero_24	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4										
Ero_25	0,8	0,5	0,5	0,6	0,8	0,4	0,6									
Ero_26	0,6	0,5	0,5	0,1	0,6	0,4	0,5	0,7								
Ero_27	0,2	0,4	0,4	0,5	0,2	0,5	0,4	0,8	0,6							
Ero_28	0,4	0,1	0,1	0,5	0,4	0,4	0,1	0,6	0,5	0,4						
Ero_29	0,8	0,5	0,5	0,6	0,8	0,5	0,6	0,6	0,7	0,8	0,6					
Ero_30	0,7	0,5	0,5	0,2	0,7	0,4	0,6	0,7	0,3	0,7	0,6	0,7				
Ero_31	0,5	0,4	0,4	0,1	0,5	0,2	0,4	0,5	0,1	0,5	0,4	0,5	0,2			
Ero_32	0,5	0,4	0,4	0,1	0,5	0,2	0,4	0,5	0,1	0,5	0,4	0,5	0,3	0,1		
Ero_33	0,6	0,5	0,5	0,1	0,6	0,4	0,5	0,7	0,1	0,6	0,5	0,7	0,3	0,1	0,1	
Ero_34	0,8	0,6	0,6	0,7	0,8	0,6	0,7	0,7	0,7	0,8	0,7	0,1	0,8	0,6	0,6	0,7

EK3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi

Haplotip	Eco_1	Eco_2	Eco_3	Eco_4	Eco_5	Eco_6	Eco_7	Eco_8	Eco_9	Eco_10	Eco_11	Eco_12	Eco_13	Eco_14	Eco_15	Eco_16	Eco_17
Eco_1																	
Eco_2	0,3																
Eco_3	0,1	0,2															
Eco_4	0,5	0,5	0,4														
Eco_5	0,2	0,2	0,1	0,4													
Eco_6	0,3	0,5	0,2	0,7	0,4												
Eco_7	0,4	0,3	0,3	0,6	0,3	0,5											
Eco_8	0,4	0,4	0,3	0,4	0,3	0,5	0,5										
Eco_9	0,7	0,8	0,7	0,7	0,7	1	0,9	0,7									
Eco_10	0,4	0,1	0,3	0,6	0,3	0,5	0,4	0,5	0,9								
Eco_11	0,2	0,2	0,1	0,4	0,1	0,4	0,3	0,3	0,7	0,3							
Eco_12	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,3	0,2						
Eco_13	0,4	0,3	0,3	0,6	0,3	0,5	0,4	0,5	0,9	0,4	0,3	0,3					
Eco_14	0,2	0,2	0,1	0,3	0,1	0,4	0,3	0,2	0,6	0,3	0,1	0,2	0,3				
Eco_15	0	0,3	0,1	0,5	0,2	0,3	0,4	0,4	0,7	0,4	0,2	0,3	0,4	0,2			
Eco_16	0,3	0,4	0,2	0,5	0,2	0,5	0,4	0,4	0,8	0,4	0,2	0,2	0,4	0,2	0,3		
Eco_17	0,4	0,3	0,3	0,6	0,3	0,5	0,4	0,5	0,9	0,4	0,3	0,2	0,4	0,3	0,4	0,1	
Eco_18	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,4	0,2	0,4	0,8	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2
Eco_19	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_20	0,4	0,5	0,4	0,4	0,4	0,6	0,5	0,1	0,7	0,5	0,4	0,5	0,5	0,2	0,4	0,5	0,5
Eco_21	0,5	0,4	0,4	0,7	0,4	0,5	0,5	0,6	1	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4	0,5	0,5	0,5
Eco_22	0,6	0,7	0,5	0,1	0,5	0,8	0,7	0,5	0,8	0,7	0,5	0,7	0,7	0,4	0,6	0,7	0,7
Eco_23	0,5	0,6	0,5	0,1	0,5	0,7	0,7	0,4	0,7	0,7	0,5	0,6	0,7	0,4	0,5	0,6	0,7
Eco_24	0,5	0,6	0,5	0,1	0,5	0,7	0,7	0,4	0,7	0,7	0,5	0,6	0,7	0,4	0,5	0,6	0,7

EK 3 E. concolor mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_1	Eco_2	Eco_3	Eco_4	Eco_5	Eco_6	Eco_7	Eco_8	Eco_9	Eco_10	Eco_11	Eco_12	Eco_13	Eco_14	Eco_15	Eco_16	Eco_17
Eco_25	0,4	0,3	0,3	0,6	0,3	0,5	0,4	0,5	0,9	0,4	0,3	0,3	0,1	0,3	0,4	0,4	0,4
Eco_26	0,3	0	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,1	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_27	0,1	0,2	0,1	0,4	0,1	0,3	0,2	0,2	0,7	0,2	0,1	0,2	0,2	0,1	0,1	0,2	0,2
Eco_28	0,2	0,2	0,1	0,4	0,1	0,4	0,3	0,3	0,7	0,3	0,1	0,2	0,3	0,1	0,2	0,2	0,3
Eco_29	0,4	0,1	0,3	0,6	0,3	0,5	0,4	0,5	0,9	0	0,3	0,3	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4
Eco_30	0,3	0	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,1	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_31	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,4	0,2	0,4	0,8	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2
Eco_32	0,4	0,4	0,4	0,7	0,2	0,6	0,4	0,5	1	0,4	0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_33	0,2	0,3	0,2	0,4	0,2	0,4	0,4	0,2	0,7	0,4	0,2	0,3	0,4	0,2	0,2	0,3	0,4
Eco_34	0,3	0,4	0,2	0,4	0,2	0,5	0,4	0,3	0,7	0,4	0,2	0,4	0,4	0,1	0,3	0,4	0,4
Eco_35	0,4	0,4	0,3	0,5	0,3	0,5	0,5	0,4	0,8	0,5	0,3	0,4	0,5	0,2	0,4	0,4	0,5
Eco_36	0,2	0,3	0,2	0,4	0,2	0,3	0,4	0,2	0,7	0,4	0,2	0,3	0,4	0,1	0,2	0,3	0,4
Eco_37	0,2	0,2	0,1	0,4	0	0,4	0,3	0,3	0,7	0,3	0,1	0,2	0,3	0,1	0,2	0,2	0,3
Eco_38	1	1,2	1	1,4	1,1	1,2	1,3	1,3	1,7	1,3	1,1	1,2	1,3	1,1	1	1,2	1,3
Eco_39	0,2	0,3	0,2	0,5	0,1	0,3	0,4	0,4	0,8	0,4	0,2	0,3	0,4	0,2	0,2	0,3	0,4
Eco_40	1,5	1,6	1,4	1,8	1,4	1,5	1,7	1,7	2	1,7	1,5	1,6	1,7	1,5	1,5	1,6	1,7
Eco_41	1,5	1,6	1,4	1,8	1,4	1,5	1,7	1,7	2	1,7	1,5	1,6	1,7	1,5	1,5	1,6	1,7
Eco_42	0,4	0,4	0,4	0,7	0,4	0,6	0,4	0,5	1	0,4	0,4	0,2	0,4	0,4	0,4	0,1	0,1
Eco_43	0,4	0,4	0,3	0,6	0,3	0,5	0,5	0,5	0,9	0,5	0,3	0,3	0,5	0,3	0,4	0,3	0,4
Eco_44	0,1	0,4	0,2	0,6	0,3	0,4	0,5	0,5	0,8	0,5	0,3	0,4	0,5	0,3	0,1	0,4	0,5
Eco_45	0,1	0,4	0,1	0,5	0,2	0,4	0,4	0,4	0,7	0,4	0,2	0,4	0,4	0,2	0,1	0,4	0,4
Eco_46	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,4	0,2	0,4	0,8	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2
Eco_47	0,1	0,2	0	0,4	0,1	0,2	0,3	0,3	0,7	0,3	0,1	0,2	0,3	0,1	0,1	0,2	0,3
Eco_48	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,4	0,2	0,4	0,8	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_1	Eco_2	Eco_3	Eco_4	Eco_5	Eco_6	Eco_7	Eco_8	Eco_9	Eco_10	Eco_11	Eco_12	Eco_13	Eco_14	Eco_15	Eco_16	Eco_17
Eco_49	0,4	0,4	0,4	0,7	0,4	0,6	0,4	0,5	1	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_50	0,4	0,3	0,3	0,6	0,3	0,5	0,4	0,5	0,9	0,4	0,3	0,3	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4
Eco_51	0,1	0,2	0	0,4	0,1	0,2	0,3	0,3	0,7	0,3	0,1	0,2	0,3	0,1	0,1	0,2	0,3
Eco_52	0,5	0,6	0,5	0,1	0,5	0,7	0,7	0,4	0,7	0,7	0,5	0,6	0,7	0,4	0,5	0,6	0,7
Eco_53	0,5	0,6	0,5	0,1	0,5	0,7	0,7	0,4	0,7	0,7	0,5	0,6	0,7	0,4	0,5	0,6	0,7
Eco_54	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,4	0,2	0,4	0,8	0,2	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,3	0,2
Eco_55	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,3	0,2	0,2	0,1	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_56	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_57	0,2	0,2	0,1	0,4	0,1	0,4	0,3	0,3	0,7	0,3	0,1	0,2	0,3	0,1	0,2	0,2	0,3
Eco_58	0,2	0,2	0,1	0,3	0,1	0,4	0,3	0,2	0,6	0,3	0,1	0,2	0,3	0	0,2	0,2	0,3
Eco_59	0,2	0,2	0,1	0,3	0,1	0,4	0,3	0,2	0,6	0,3	0,1	0,2	0,3	0	0,2	0,2	0,3
Eco_60	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,1	0,4	0,8	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_61	0,1	0,4	0,1	0,5	0,2	0,4	0,4	0,4	0,7	0,4	0,2	0,4	0,4	0,2	0,1	0,4	0,4
Eco_62	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,4	0,2	0,4	0,8	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,2	0,1
Eco_63	0,2	0,4	0,2	0,6	0,3	0,4	0,5	0,5	0,9	0,4	0,3	0,4	0,5	0,3	0,2	0,4	0,5
Eco_64	0,4	0,4	0,4	0,7	0,4	0,6	0,1	0,5	1	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_65	0,4	0,4	0,3	0,6	0,3	0,5	0,5	0,5	0,9	0,5	0,3	0,3	0,5	0,3	0,4	0,3	0,4
Eco_66	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_67	0,2	0,1	0,1	0,4	0,1	0,4	0,2	0,3	0,7	0,2	0,1	0,1	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2
Eco_68	0,3	0,4	0,2	0,5	0,2	0,5	0,4	0,4	0,8	0,4	0,2	0,4	0,4	0,2	0,3	0,4	0,4
Eco_69	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,3	0,2	0,2	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_70	0,4	0,3	0,3	0,6	0,2	0,5	0,4	0,5	0,9	0,4	0,3	0,3	0,2	0,3	0,4	0,4	0,4
Eco_71	0,4	0,5	0,4	0,5	0,4	0,6	0,5	0,4	0,8	0,5	0,4	0,5	0,5	0,2	0,4	0,5	0,5
Eco_72	0,4	0,4	0,3	0,4	0,3	0,5	0,5	0	0,7	0,5	0,3	0,4	0,5	0,2	0,4	0,4	0,5

EK 3 E. concolor mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (**devam**)

Haplotip	Eco_1	Eco_2	Eco_3	Eco_4	Eco_5	Eco_6	Eco_7	Eco_8	Eco_9	Eco_10	Eco_11	Eco_12	Eco_13	Eco_14	Eco_15	Eco_16	Eco_17
Eco_73	0,4	0,4	0,3	0,5	0,3	0,5	0,5	0,5	0,9	0,5	0,3	0,4	0,5	0,3	0,4	0,4	0,5
Eco_74	0,4	0,4	0,4	0,7	0,2	0,6	0,4	0,5	1	0,4	0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_75	0,2	0,3	0,2	0,4	0,2	0,3	0,4	0,2	0,7	0,4	0,2	0,3	0,4	0,1	0,2	0,3	0,4
Eco_76	0,4	0,5	0,4	0,4	0,4	0,6	0,5	0,4	0,8	0,5	0,4	0,5	0,5	0,4	0,4	0,5	0,5
Eco_77	1,2	1,4	1,2	1,6	1,3	1,3	1,5	1,5	1,8	1,5	1,3	1,3	1,5	1,3	1,2	1,4	1,5
Eco_78	0,2	0,3	0,2	0,5	0,2	0,2	0,4	0,4	0,8	0,4	0,2	0,3	0,4	0,2	0,2	0,3	0,4
Eco_79	0,6	0,7	0,5	0,1	0,5	0,8	0,7	0,5	0,8	0,7	0,5	0,7	0,7	0,4	0,6	0,7	0,7
Eco_80	0,6	0,7	0,5	0,1	0,5	0,8	0,7	0,5	0,8	0,7	0,5	0,7	0,7	0,4	0,6	0,7	0,7
Eco_81	0,6	0,8	0,7	0,7	0,7	0,9	0,8	0,7	0,3	0,8	0,7	0,8	0,8	0,5	0,6	0,8	0,8
Eco_82	0,2	0,2	0,2	0,5	0,2	0,4	0,2	0,4	0,8	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2
Eco_83	0,4	0,3	0,3	0,6	0,3	0,5	0,4	0,5	0,9	0,4	0,3	0,3	0,1	0,3	0,4	0,4	0,4
Eco_84	0,3	0,2	0,2	0,5	0,2	0,5	0,3	0,4	0,8	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,4	0,3
Eco_85	0,5	0,6	0,5	0,1	0,5	0,7	0,7	0,4	0,7	0,7	0,5	0,6	0,7	0,4	0,5	0,6	0,7
Eco_86	0,2	0,1	0,1	0,4	0,1	0,4	0,2	0,3	0,7	0,2	0,1	0,1	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_18	Eco_19	Eco_20	Eco_21	Eco_22	Eco_23	Eco_24	Eco_25	Eco_26	Eco_27	Eco_28	Eco_29	Eco_30	Eco_31	Eco_32	Eco_33
Eco_18																
Eco_19	0,1															
Eco_20	0,4	0,4														
Eco_21	0,2	0,3	0,7													
Eco_22	0,6	0,7	0,5	0,8												
Eco_23	0,5	0,6	0,5	0,8	0,2											
Eco_24	0,5	0,6	0,5	0,8	0,2	0										
Eco_25	0,2	0,3	0,5	0,5	0,7	0,7	0,7									
Eco_26	0,2	0,2	0,5	0,4	0,7	0,6	0,6	0,3								
Eco_27	0,1	0,2	0,3	0,4	0,5	0,4	0,4	0,2	0,2							
Eco_28	0,2	0,2	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,3	0,2	0,1						
Eco_29	0,2	0,3	0,5	0,5	0,7	0,7	0,7	0,4	0,1	0,2	0,3					
Eco_30	0,2	0,2	0,5	0,4	0,7	0,6	0,6	0,3	0	0,2	0,2	0,1				
Eco_31	0	0,1	0,4	0,2	0,6	0,5	0,5	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2			
Eco_32	0,3	0,4	0,6	0,5	0,8	0,7	0,7	0,3	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,3		
Eco_33	0,2	0,3	0,3	0,5	0,5	0,4	0,4	0,4	0,3	0,1	0,2	0,4	0,3	0,2	0,4	
Eco_34	0,3	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,5	0,4	0,4	0,2	0,2	0,4	0,4	0,3	0,5	0,3
Eco_35	0,4	0,4	0,4	0,6	0,6	0,5	0,5	0,5	0,4	0,2	0,3	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_36	0,2	0,3	0,3	0,4	0,5	0,4	0,4	0,4	0,3	0,1	0,2	0,4	0,3	0,2	0,4	0,2
Eco_37	0,2	0,2	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3	0,2	0,2	0,2	0,2
Eco_38	1,2	1,2	1,3	1,4	1,5	1,3	1,3	1,3	1,2	1	1,1	1,3	1,2	1,2	1,3	1,2
Eco_39	0,2	0,3	0,4	0,4	0,6	0,5	0,5	0,4	0,3	0,1	0,2	0,4	0,3	0,2	0,3	0,2
Eco_40	1,6	1,6	1,8	1,7	2	1,8	1,8	1,7	1,6	1,5	1,5	1,7	1,6	1,6	1,6	1,6
Eco_41	1,6	1,6	1,8	1,7	2	1,8	1,8	1,7	1,6	1,5	1,5	1,7	1,6	1,6	1,6	1,6

EK 3 E. concolor mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_18	Eco_19	Eco_20	Eco_21	Eco_22	Eco_23	Eco_24	Eco_25	Eco_26	Eco_27	Eco_28	Eco_29	Eco_30	Eco_31	Eco_32	Eco_33
Eco_42	0,3	0,4	0,6	0,5	0,8	0,7	0,7	0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,3	0,5	0,4
Eco_43	0,4	0,4	0,5	0,6	0,7	0,7	0,7	0,5	0,4	0,2	0,3	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_44	0,4	0,4	0,5	0,6	0,7	0,7	0,7	0,5	0,4	0,2	0,3	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_45	0,3	0,4	0,5	0,5	0,7	0,6	0,6	0,4	0,4	0,2	0,2	0,4	0,4	0,3	0,5	0,3
Eco_46	0	0,1	0,4	0,2	0,6	0,5	0,5	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0	0,3	0,2
Eco_47	0,2	0,2	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3	0,2	0,2	0,4	0,2
Eco_48	0,1	0,2	0,4	0,4	0,6	0,5	0,5	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,3	0,2
Eco_49	0,2	0,2	0,6	0,4	0,8	0,7	0,7	0,4	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,2	0,5	0,4
Eco_50	0,1	0,2	0,5	0,4	0,7	0,7	0,7	0,4	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3	0,1	0,4	0,4
Eco_51	0,2	0,2	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3	0,2	0,2	0,4	0,2
Eco_52	0,5	0,6	0,5	0,8	0,2	0	0	0,7	0,6	0,4	0,5	0,7	0,6	0,5	0,7	0,4
Eco_53	0,5	0,6	0,5	0,8	0,2	0,1	0,1	0,7	0,6	0,4	0,5	0,7	0,6	0,5	0,7	0,4
Eco_54	0,1	0,2	0,4	0,4	0,6	0,5	0,5	0,1	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2
Eco_55	0,2	0,2	0,5	0,4	0,7	0,6	0,6	0,1	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3
Eco_56	0,1	0,1	0,5	0,3	0,7	0,6	0,6	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,1	0,4	0,3
Eco_57	0,2	0,2	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3	0,2	0,2	0,4	0,2
Eco_58	0,2	0,2	0,2	0,4	0,4	0,4	0,4	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3	0,2	0,2	0,4	0,2
Eco_59	0,2	0,2	0,2	0,4	0,4	0,4	0,4	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3	0,2	0,2	0,4	0,2
Eco_60	0,2	0,2	0,5	0,4	0,7	0,6	0,6	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,4	0,3
Eco_61	0,3	0,4	0,5	0,5	0,7	0,6	0,6	0,4	0,4	0,2	0,2	0,4	0,4	0,3	0,5	0,3
Eco_62	0,1	0,2	0,4	0,4	0,6	0,5	0,5	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,3	0,2
Eco_63	0,4	0,4	0,5	0,6	0,7	0,7	0,7	0,5	0,4	0,2	0,3	0,4	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_64	0,3	0,4	0,6	0,5	0,8	0,7	0,7	0,3	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,3	0,5	0,4
Eco_65	0,4	0,4	0,5	0,6	0,7	0,7	0,7	0,5	0,4	0,2	0,3	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4

EK 3 E. concolor mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_18	Eco_19	Eco_20	Eco_21	Eco_22	Eco_23	Eco_24	Eco_25	Eco_26	Eco_27	Eco_28	Eco_29	Eco_30	Eco_31	Eco_32	Eco_33
Eco_66	0,2	0,2	0,5	0,4	0,7	0,6	0,6	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3
Eco_67	0,1	0,1	0,4	0,3	0,5	0,5	0,5	0,2	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1	0,1	0,2	0,2
Eco_68	0,2	0,2	0,5	0,4	0,7	0,6	0,6	0,4	0,4	0,2	0,2	0,4	0,4	0,2	0,5	0,3
Eco_69	0,1	0,1	0,5	0,3	0,7	0,6	0,6	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,1	0,4	0,3
Eco_70	0,2	0,3	0,5	0,5	0,7	0,7	0,7	0,2	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3	0,2	0,1	0,4
Eco_71	0,4	0,5	0,5	0,7	0,7	0,6	0,6	0,5	0,5	0,3	0,4	0,5	0,5	0,4	0,6	0,4
Eco_72	0,4	0,4	0,1	0,6	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4	0,2	0,3	0,5	0,4	0,4	0,5	0,2
Eco_73	0,4	0,4	0,5	0,6	0,6	0,5	0,5	0,5	0,4	0,2	0,3	0,5	0,4	0,4	0,5	0,4
Eco_74	0,3	0,4	0,6	0,5	0,8	0,7	0,7	0,3	0,4	0,3	0,4	0,4	0,4	0,3	0,1	0,4
Eco_75	0,2	0,3	0,3	0,4	0,5	0,4	0,4	0,4	0,3	0,1	0,2	0,4	0,3	0,2	0,4	0,2
Eco_76	0,4	0,5	0,5	0,7	0,5	0,5	0,5	0,5	0,5	0,3	0,4	0,5	0,5	0,4	0,6	0,3
Eco_77	1,3	1,4	1,5	1,5	1,7	1,5	1,5	1,5	1,4	1,2	1,3	1,5	1,4	1,3	1,5	1,3
Eco_78	0,2	0,3	0,4	0,5	0,6	0,5	0,5	0,4	0,3	0,1	0,2	0,4	0,3	0,2	0,4	0,2
Eco_79	0,6	0,7	0,5	0,8	0,1	0,2	0,2	0,7	0,7	0,5	0,5	0,7	0,7	0,6	0,8	0,5
Eco_80	0,6	0,7	0,5	0,8	0,1	0,2	0,2	0,7	0,7	0,5	0,5	0,7	0,7	0,6	0,8	0,5
Eco_81	0,7	0,8	0,8	1	0,8	0,8	0,8	0,8	0,8	0,6	0,7	0,8	0,8	0,7	0,9	0,7
Eco_82	0,1	0,2	0,4	0,4	0,6	0,5	0,5	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,1	0,3	0,2
Eco_83	0,2	0,3	0,5	0,5	0,7	0,7	0,7	0,1	0,3	0,2	0,3	0,4	0,3	0,2	0,3	0,4
Eco_84	0,2	0,2	0,5	0,4	0,7	0,6	0,6	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3
Eco_85	0,5	0,6	0,5	0,8	0,1	0,1	0,1	0,7	0,6	0,4	0,5	0,7	0,6	0,5	0,7	0,4
Eco_86	0,1	0,1	0,4	0,3	0,5	0,5	0,5	0,2	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1	0,1	0,2	0,2

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_34	Eco_35	Eco_36	Eco_37	Eco_38	Eco_39	Eco_40	Eco_41	Eco_42	Eco_43	Eco_44	Eco_45	Eco_46	Eco_47	Eco_48	Eco_49
Eco_34																
Eco_35	0,1															
Eco_36	0,2	0,2														
Eco_37	0,2	0,3	0,2													
Eco_38	1,1	1,2	1,2	1,1												
Eco_39	0,3	0,4	0,1	0,1	1,2											
Eco_40	1,5	1,6	1,5	1,4	0,7	1,3										
Eco_41	1,5	1,6	1,5	1,4	0,7	1,3	0									
Eco_42	0,5	0,5	0,4	0,4	1,3	0,4	1,8	1,8								
Eco_43	0,3	0,4	0,4	0,3	1,2	0,4	1,6	1,6	0,4							
Eco_44	0,4	0,5	0,4	0,3	1,2	0,4	1,6	1,6	0,5	0,5						
Eco_45	0,4	0,4	0,3	0,2	1,1	0,3	1,5	1,5	0,5	0,4	0,2					
Eco_46	0,3	0,4	0,2	0,2	1,2	0,2	1,6	1,6	0,3	0,4	0,4	0,3				
Eco_47	0,2	0,3	0,2	0,1	1	0,2	1,4	1,4	0,4	0,3	0,2	0,1	0,2			
Eco_48	0,3	0,4	0,2	0,2	1,2	0,2	1,6	1,6	0,3	0,4	0,4	0,3	0,1	0,2		
Eco_49	0,5	0,5	0,4	0,4	1,3	0,4	1,8	1,8	0,5	0,5	0,5	0,5	0,2	0,4	0,3	
Eco_50	0,4	0,5	0,4	0,3	1,3	0,4	1,7	1,7	0,4	0,5	0,5	0,4	0,1	0,3	0,2	0,1
Eco_51	0,2	0,3	0,2	0,1	1	0,2	1,4	1,4	0,4	0,3	0,2	0,1	0,2	0	0,2	0,4
Eco_52	0,5	0,5	0,4	0,5	1,3	0,5	1,8	1,8	0,7	0,7	0,7	0,6	0,5	0,5	0,5	0,7
Eco_53	0,5	0,5	0,4	0,5	1,5	0,5	1,9	1,9	0,7	0,7	0,7	0,6	0,5	0,5	0,5	0,7
Eco_54	0,3	0,4	0,2	0,2	1,2	0,2	1,6	1,6	0,3	0,4	0,4	0,3	0,1	0,2	0,1	0,3
Eco_55	0,4	0,4	0,3	0,2	1,2	0,3	1,6	1,6	0,4	0,4	0,4	0,4	0,2	0,2	0,2	0,4
Eco_56	0,4	0,4	0,3	0,2	1,2	0,3	1,6	1,6	0,4	0,4	0,4	0,4	0,1	0,2	0,2	0,2
Eco_57	0,2	0,3	0,2	0,1	1,1	0,2	1,5	1,5	0,4	0,3	0,3	0,2	0,2	0,1	0,2	0,4

EK 3 E. concolor mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_34	Eco_35	Eco_36	Eco_37	Eco_38	Eco_39	Eco_40	Eco_41	Eco_42	Eco_43	Eco_44	Eco_45	Eco_46	Eco_47	Eco_48	Eco_49
Eco_58	0,1	0,2	0,1	0,1	1,1	0,2	1,5	1,5	0,4	0,3	0,3	0,2	0,2	0,1	0,2	0,4
Eco_59	0,1	0,2	0,1	0,1	1,1	0,2	1,5	1,5	0,4	0,3	0,3	0,2	0,2	0,1	0,2	0,4
Eco_60	0,4	0,4	0,3	0,2	1,2	0,3	1,6	1,6	0,4	0,4	0,4	0,4	0,2	0,2	0,2	0,4
Eco_61	0,4	0,4	0,3	0,2	1,1	0,3	1,5	1,5	0,5	0,4	0,2	0,1	0,3	0,1	0,3	0,5
Eco_62	0,3	0,4	0,2	0,2	1,2	0,2	1,6	1,6	0,2	0,2	0,4	0,3	0,1	0,2	0,1	0,3
Eco_63	0,4	0,5	0,4	0,3	1,2	0,4	1,6	1,6	0,5	0,5	0,4	0,3	0,4	0,2	0,4	0,5
Eco_64	0,5	0,5	0,4	0,4	1,3	0,4	1,8	1,8	0,5	0,5	0,5	0,5	0,3	0,4	0,3	0,5
Eco_65	0,3	0,4	0,4	0,3	1,2	0,4	1,6	1,6	0,4	0,1	0,5	0,4	0,4	0,3	0,4	0,5
Eco_66	0,2	0,3	0,3	0,2	1,1	0,3	1,5	1,5	0,4	0,3	0,4	0,4	0,2	0,2	0,2	0,4
Eco_67	0,2	0,3	0,2	0,1	1,1	0,2	1,5	1,5	0,2	0,3	0,3	0,2	0,1	0,1	0,1	0,2
Eco_68	0,4	0,4	0,3	0,2	1,2	0,3	1,5	1,5	0,5	0,4	0,4	0,4	0,2	0,2	0,3	0,4
Eco_69	0,4	0,4	0,3	0,2	1,2	0,3	1,6	1,6	0,4	0,4	0,4	0,4	0,1	0,2	0,2	0,2
Eco_70	0,4	0,5	0,4	0,2	1,3	0,2	1,6	1,6	0,4	0,5	0,5	0,4	0,2	0,3	0,2	0,4
Eco_71	0,4	0,4	0,3	0,4	1,2	0,4	1,5	1,5	0,6	0,5	0,5	0,5	0,4	0,4	0,4	0,6
Eco_72	0,3	0,4	0,2	0,3	1,3	0,4	1,7	1,7	0,5	0,5	0,5	0,4	0,4	0,3	0,4	0,5
Eco_73	0,4	0,5	0,4	0,3	1,3	0,4	1,6	1,6	0,5	0,5	0,5	0,4	0,4	0,3	0,4	0,5
Eco_74	0,5	0,5	0,4	0,2	1,3	0,3	1,6	1,6	0,5	0,5	0,5	0,5	0,3	0,4	0,3	0,5
Eco_75	0,2	0,2	0	0,2	1,2	0,1	1,5	1,5	0,4	0,4	0,4	0,3	0,2	0,2	0,2	0,4
Eco_76	0,5	0,5	0,4	0,4	1,3	0,4	1,6	1,6	0,6	0,5	0,5	0,5	0,4	0,4	0,4	0,6
Eco_77	1,3	1,3	1,2	1,3	0,4	1,2	0,5	0,5	1,5	1,3	1,3	1,3	1,3	1,2	1,3	1,4
Eco_78	0,3	0,4	0,2	0,2	1,2	0,2	1,6	1,6	0,4	0,4	0,4	0,3	0,2	0,2	0,2	0,4
Eco_79	0,5	0,6	0,5	0,5	1,5	0,6	2	2	0,8	0,7	0,7	0,7	0,6	0,5	0,6	0,8
Eco_80	0,5	0,6	0,5	0,5	1,5	0,6	2	2	0,8	0,7	0,7	0,7	0,6	0,5	0,6	0,8
Eco_81	0,7	0,7	0,6	0,7	1,6	0,7	2,1	2,1	0,9	0,8	0,7	0,7	0,7	0,7	0,7	0,9

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (**devam**)

Haplotip	Eco_34	Eco_35	Eco_36	Eco_37	Eco_38	Eco_39	Eco_40	Eco_41	Eco_42	Eco_43	Eco_44	Eco_45	Eco_46	Eco_47	Eco_48	Eco_49
Eco_82	0,3	0,4	0,2	0,2	1,2	0,2	1,6	1,6	0,3	0,4	0,4	0,3	0,1	0,2	0,1	0,3
Eco_83	0,4	0,5	0,4	0,3	1,3	0,4	1,7	1,7	0,4	0,5	0,5	0,4	0,2	0,3	0,2	0,4
Eco_84	0,4	0,4	0,3	0,2	1,2	0,3	1,6	1,6	0,4	0,4	0,4	0,4	0,2	0,2	0,2	0,4
Eco_85	0,5	0,5	0,4	0,5	1,5	0,5	1,9	1,9	0,7	0,7	0,7	0,6	0,5	0,5	0,5	0,7
Eco_86	0,2	0,3	0,2	0,1	1,1	0,2	1,5	1,5	0,2	0,3	0,3	0,2	0,1	0,1	0,1	0,2

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_50	Eco_51	Eco_52	Eco_53	Eco_54	Eco_55	Eco_56	Eco_57	Eco_58	Eco_59	Eco_60	Eco_61	Eco_62	Eco_63	Eco_64	Eco_65
Eco_50																
Eco_51	0,3															
Eco_52	0,7	0,5														
Eco_53	0,7	0,5	0,1													
Eco_54	0,2	0,2	0,5	0,5												
Eco_55	0,3	0,2	0,6	0,6	0,1											
Eco_56	0,2	0,2	0,6	0,6	0,2	0,2										
Eco_57	0,3	0,1	0,5	0,5	0,2	0,2	0,2									
Eco_58	0,3	0,1	0,4	0,4	0,2	0,2	0,2	0,1								
Eco_59	0,3	0,1	0,4	0,4	0,2	0,2	0,2	0,1	0							
Eco_60	0,3	0,2	0,6	0,6	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2						
Eco_61	0,4	0,1	0,6	0,6	0,3	0,4	0,4	0,2	0,2	0,2	0,4					
Eco_62	0,2	0,2	0,5	0,5	0,1	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3				
Eco_63	0,5	0,2	0,7	0,7	0,4	0,4	0,4	0,3	0,3	0,3	0,4	0,3	0,4			
Eco_64	0,4	0,4	0,7	0,7	0,3	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,1	0,5	0,3	0,5		
Eco_65	0,5	0,3	0,7	0,7	0,4	0,4	0,4	0,3	0,3	0,3	0,4	0,4	0,2	0,5	0,5	
Eco_66	0,3	0,2	0,6	0,6	0,1	0,1	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,4	0,4	0,3
Eco_67	0,2	0,1	0,5	0,5	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1	0,3	0,2	0,3
Eco_68	0,3	0,2	0,6	0,6	0,3	0,4	0,2	0,2	0,2	0,2	0,4	0,4	0,3	0,4	0,5	0,4
Eco_69	0,2	0,2	0,6	0,6	0,2	0,2	0,1	0,2	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,4	0,4	0,4
Eco_70	0,4	0,3	0,7	0,7	0,1	0,2	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,4	0,2	0,5	0,4	0,5
Eco_71	0,5	0,4	0,6	0,6	0,4	0,5	0,5	0,4	0,2	0,2	0,5	0,5	0,4	0,5	0,6	0,5
Eco_72	0,5	0,3	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,3	0,2	0,2	0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5
Eco_73	0,5	0,3	0,5	0,5	0,4	0,4	0,4	0,3	0,3	0,3	0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (**devam**)

Haplotip	Eco_50	Eco_51	Eco_52	Eco_53	Eco_54	Eco_55	Eco_56	Eco_57	Eco_58	Eco_59	Eco_60	Eco_61	Eco_62	Eco_63	Eco_64	Eco_65
Eco_74	0,4	0,4	0,7	0,7	0,2	0,2	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,5	0,3	0,5	0,5	0,5
Eco_75	0,4	0,2	0,4	0,4	0,2	0,3	0,3	0,2	0,1	0,1	0,3	0,3	0,2	0,4	0,4	0,4
Eco_76	0,5	0,4	0,5	0,5	0,4	0,5	0,5	0,4	0,4	0,4	0,5	0,5	0,4	0,5	0,6	0,5
Eco_77	1,5	1,2	1,5	1,6	1,3	1,4	1,4	1,3	1,3	1,3	1,4	1,3	1,3	1,3	1,5	1,3
Eco_78	0,4	0,2	0,5	0,5	0,2	0,3	0,3	0,2	0,2	0,2	0,3	0,3	0,2	0,4	0,4	0,4
Eco_79	0,7	0,5	0,2	0,2	0,6	0,7	0,7	0,5	0,4	0,4	0,7	0,7	0,6	0,7	0,8	0,7
Eco_80	0,7	0,5	0,2	0,2	0,6	0,7	0,7	0,5	0,4	0,4	0,7	0,7	0,6	0,7	0,8	0,7
Eco_81	0,8	0,7	0,8	0,8	0,7	0,8	0,8	0,7	0,5	0,5	0,8	0,7	0,7	0,8	0,9	0,8
Eco_82	0,2	0,2	0,5	0,5	0,1	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,3	0,1	0,4	0,3	0,4
Eco_83	0,4	0,3	0,7	0,7	0,1	0,1	0,3	0,3	0,3	0,3	0,3	0,4	0,2	0,5	0,4	0,5
Eco_84	0,3	0,2	0,6	0,5	0,1	0,1	0,2	0,2	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,4	0,4	0,4
Eco_85	0,7	0,5	0,1	0,1	0,5	0,6	0,6	0,5	0,4	0,4	0,6	0,6	0,5	0,7	0,7	0,7
Eco_86	0,2	0,1	0,5	0,5	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,2	0,1	0,3	0,2	0,3

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (devam)

Haplotip	Eco_66	Eco_67	Eco_68	Eco_69	Eco_70	Eco_71	Eco_72	Eco_73	Eco_74	Eco_75	Eco_76	Eco_77	Eco_78	Eco_79	Eco_80	Eco_81
Eco_66																
Eco_67	0,1															
Eco_68	0,4	0,2														
Eco_69	0,2	0,1	0,2													
Eco_70	0,2	0,2	0,4	0,3												
Eco_71	0,5	0,4	0,4	0,5	0,5											
Eco_72	0,4	0,3	0,4	0,4	0,5	0,4										
Eco_73	0,4	0,3	0,4	0,4	0,5	0,5	0,5									
Eco_74	0,2	0,2	0,5	0,4	0,1	0,6	0,5	0,5								
Eco_75	0,3	0,2	0,3	0,3	0,4	0,3	0,2	0,4	0,4							
Eco_76	0,5	0,4	0,5	0,5	0,5	0,6	0,4	0,1	0,6	0,4						
Eco_77	1,3	1,3	1,4	1,4	1,5	1,4	1,5	1,3	1,5	1,2	1,4					
Eco_78	0,3	0,2	0,3	0,3	0,4	0,4	0,4	0,4	0,4	0,2	0,4	1,3				
Eco_79	0,7	0,5	0,7	0,7	0,7	0,7	0,5	0,6	0,8	0,5	0,5	1,7	0,6			
Eco_80	0,7	0,5	0,7	0,7	0,7	0,7	0,5	0,6	0,8	0,5	0,5	1,7	0,6	0,1		
Eco_81	0,8	0,7	0,8	0,8	0,8	0,8	0,7	0,8	0,9	0,6	0,9	1,8	0,7	0,8	0,8	
Eco_82	0,2	0,1	0,3	0,2	0,2	0,4	0,4	0,4	0,3	0,2	0,4	1,2	0,2	0,6	0,6	0,7
Eco_83	0,2	0,2	0,4	0,3	0,2	0,5	0,5	0,5	0,3	0,4	0,5	1,5	0,4	0,7	0,7	0,8
Eco_84	0,1	0,1	0,4	0,2	0,2	0,5	0,4	0,4	0,2	0,3	0,5	1,4	0,3	0,7	0,7	0,8
Eco_85	0,6	0,5	0,6	0,6	0,7	0,6	0,4	0,5	0,7	0,4	0,5	1,6	0,5	0,1	0,1	0,8
Eco_86	0,1	0	0,2	0,1	0,2	0,4	0,3	0,3	0,2	0,2	0,4	1,3	0,2	0,5	0,5	0,7

EK 3 *E. concolor* mtDNA Haplotipleri Arasında Kimura 2 Parametre Tabanlı Genetik Uzaklık (%) Matrisi (**devam**)

Haplotip	Eco_82	Eco_83	Eco_84	Eco_85	Eco_86
Eco_82					
Eco_83	0,2				
Eco_84	0,2	0,2			
Eco_85	0,5	0,7	0,6		
Eco_86	0,1	0,2	0,1	0,5	-

ÖZGEÇMİŞ

Adı ve Soyadı : Metin SİLSÜPÜR
Doğum Yeri : Keskin/KIRIKKALE
Doğum Tarihi : 15/09/1990
Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu

Lise : Kırıkkale Lisesi (2008)
Lisans : Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi,
Biyoloji Bölümü (2014)
Yüksek Lisans : Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü,
Biyoloji Bölümü, Zooloji Ana Bilim Dalı (09/2014-06/2018)

Yayınlar

Demirtaş, S., Dener D., **Silsüpür, M.**, Özgen, A., Jaarola, M., Gündüz, İ. 2016. Hibrit Bölge, Koruma ve Filocoğrafya bağlamında Türkiye'deki iki kirpi türünün (*Erinaceus roumanicus* ve *Erinaceus concolor*) evrimsel genetiği: Batı Doğu ile karşılaşılıyor. Ulusal Biyoloji Kongresi, 5-9Sept.2016, p.473, Gaziantep/Turkey