

**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**TÜRKİYEDEKİ *Darevskia rudis* (BEDRIAGA, 1886) VE *Darevskia bithynica*  
(MÉHELY, 1909) TÜRLERİNİN SİSTEMATİĞİNİN BAZI MİKROSATELLİT VE  
MİTOKONDRIYAL DNA BÖLGELERİNİN SEKANSLARI ÜZERİNE  
BİR ARAŞTIRMA**

**DOKTORA TEZİ**

**Halime KOÇ**

**MART 2019**

**TRABZON**



**KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**



**Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünce**

**Unvanı Verilmesi İçin Kabul Edilen Tezdir.**

**Tezin Enstitüye Verildiği Tarih : / /**

**Tezin Savunma Tarihi : / /**

**Tez Danışmanı :**

**Trabzon**

KARADENİZ TEKNİK ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Biyoloji Anabilim Dalında

Halime KOÇ Tarafından Hazırlanan

TÜRKİYE'DEKİ *Darevskia rudis* (BEDRIAGA, 1886) VE *Darevskia bithynica* (MÉHELY,  
1909) TÜRLERİNİN SİSTEMATİĞİNİN BAZI MİKROSATELLİT VE  
MİTOKONDRIYAL DNA BÖLGELERİNİN SEKANSLARI ÜZERİNE BİR  
ARAŞTIRMA

başlıklı bu çalışma, Enstitü Yönetim Kurulunun 15 /03/2019 gün ve 1792 sayılı  
kararıyla oluşturulan jüri tarafından yapılan sınavda  
DOKTORA TEZİ  
olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

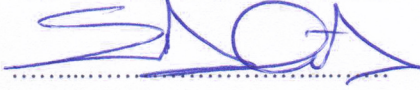
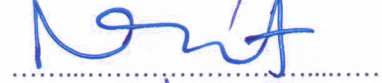
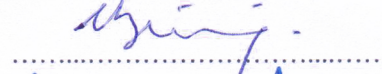
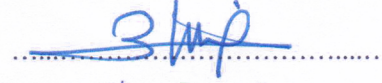
Başkan : Prof. Dr. Murat TOSUNOĞLU

Üye : Prof. Dr. Bilal KUTRUP

Üye : Prof. Dr. Ufuk BÜLBÜL

Üye : Prof. Dr. Nurhayat ÖZDEMİR

Üye : Doç. Dr. Serkan GÜL



Prof. Dr. Asim KADIOĞLU

Enstitü Müdürü

## ÖNSÖZ

“Türkiyedeki *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886) ve *Darevskia bithynica* (Méhely, 1909) Türlerinin Sistematığının Bazı Mikrosatellit ve Mitokondriyal DNA Bölgelerinin Sekansları Üzerine Bir Araştırma” adlı bu Doktora Tezi Türkiye’de yayılış gösteren *rudis* ve *bithynica* taksonlarına ait tüm popülasyonlarının filogenetik ilişkileri hakkında önemli bilgiler sunmaktadır. Bu çalışma Karadeniz Teknik Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir (Proje numarası: FDK-2017-6794).

2008 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi, Biyoloji Bölümü’nü kazanmamla başlayan üniversite öğrenciliğim ve akademik yaşamım boyunca destekleri, engin bilgi, deneyimleriyle daima yanımda olan, bana ve eğitim öğretim hayatıma bıraktığı kıymetli izleri için danışman hocam Sayın Prof. Dr. Bilal KUTRUP’a teşekkürü borç bilirim.

Karadeniz Teknik Üniversitesi’nde bulunduğum süre zarfında araştırmalarım ve bana kattığı tüm değerli bilgi, tecrübe ve yardımları için; ayrıca lisansüstü tüm araştırmalarımızda meşakkatli bir süreç olan arazi çalışmalarımızdaki özverisi için Sayın Prof. Dr. Ufuk BÜLBÜL’e teşekkürü borç bilirim.

Doktora savunmamda yer alan değerli tez jürisi hocalarıma; moleküler tabanlı metotları öğrenme aşamasında bana laboratuvarının kapılarını açan ve deneyimlerini benimle paylaşan kıymetli büyüğüm Sayın Oğuzhan EROĞLU ve ekibine; aynı laboratuvarı paylaştığım Muammer KURNAZ ve Dr. Ali İhsan EROĞLU’na arazi çalışmalarındaki yardımlarından dolayı teşekkürlerimi sunuyorum.

Eğitimime başladığım ilk günden beri maddi ve manevi her koşulda yanımda olan sevgili aileme, fotoğrafçılık hayatımda yollarımızın kesiştiği yol arkadaşım sevgili Cemalettin GÜR’e bana ve çalışmalarım olan tüm desteklerinden dolayı teşekkürü borç bilirim.

Halime KOÇ

Trabzon 2019

## TEZ ETİK BEYANNAMESİ

Doktora Tezi olarak sunduđum ‘‘Türkiyedeki *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886) ve *Darevskia bithynica* (Méhely, 1909) Türlerinin Sistematığının Bazı Mikrosatellit ve Mitokondriyal DNA Bölgelerinin Sekansları Üzerine Bir Araştırma’’ başlıklı bu çalışmayı baştan sona kadar danışmanım Prof. Dr. Bilal KUTRUP’un sorumluluğunda tamamladıđımı, verileri/örnekleri kendim topladıđımı, deneyleri/analizleri ilgili laboratuarlarda yaptıđımı/yaptırdıđımı, başka kaynaklardan aldıđım bilgileri metinde ve kaynakçada eksiksiz olarak gösterdiđimi, çalışma sürecinde bilimsel araştırma ve etik kurallara uygun olarak davrandıđımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul ettiđimi beyan ederim. 15/03/2019

Halime KOÇ

## İÇİNDEKİLER

### Sayfa No

ÖNSÖZ.....	III
TEZ ETİK BEYANNAMESİ.....	IV
İÇİNDEKİLER.....	V
ÖZET .....	VII
SUMMARY .....	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	IX
TABLolar DİZİNİ.....	X
KISALTMALAR VE SEMBOLLER DİZİNİ .....	XI
1. GENEL BİLGİLER .....	1
1.1. Giriş .....	1
1.2. <i>Darevskia rudis</i> (Bedriaga, 1886) ve <i>Darevskia bithynica</i> (Méhely, 1909) Türlerinin Sistematik Durumu Hakkında Genel Bilgiler.....	5
1.3. DNA Belirteç Sistemleri ve Bu Tez Çalışmasında Kullanılan Moleküler Belirteçler .....	10
1.3.1. Mikrosatellit DNA .....	11
1.3.2. Mitokondriyal DNA.....	12
2. YAPILAN ÇALIŞMALAR.....	15
2.1. Arazi Çalışmaları .....	15
2.2. <i>Darevskia rudis</i> (Bedriaga, 1886) ve <i>Darevskia bithynica</i> (Méhely, 1909) Türlerinin Genel Özellikleri.....	15
2.3. Mikrosatellit Lokuslara Ait Deneysel Çalışmalar .....	20
2.3.1. Sekans Dizilimlerine Ait Varyansların Belirlenmesi ve Varyansların Popülasyonlar ile İlişkisinin Değerlendirilmesi.....	23
2.4. Mitokondriyal DNA'ya Ait Deneysel Çalışmalar .....	25
2.4.1. Mitokondriyal DNA'ya Ait Sekans Dizilimleri ve Filogenetik Analizler.....	27
3. BULGULAR.....	31
3.1. Mikrosatellit DNA Çalışmalarına Ait Bulgular.....	31
3.2. Mitokondriyal DNA Çalışmalarına Ait Bulgular .....	37
3.2.1. Filogenetik Analizler ve Sekans Varyansları .....	37
4. TARTIŞMA .....	47

5.	SONUÇLAR.....	58
6.	ÖNERİLER.....	59
7.	KAYNAKLAR.....	60

ÖZGEÇMİŞ



Doktora Tezi

ÖZET

TÜRKİYE'DEKİ *Darevskia rudis* (BEDRIAGA, 1886) VE *Darevskia bithynica* (MÉHELY, 1909) TÜRLERİNİN SİSTEMATİĞİNİN BAZI MİKROSATELLİT VE MİTOKONDRIYAL DNA BÖLGELERİNİN SEKANSLARI ÜZERİNE BİR ARAŞTIRMA

Halime KOÇ

Karadeniz Teknik Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Biyoloji Anabilim Dalı  
Danışman: Prof. Dr. Bilal KUTRUP  
2019, 70 Sayfa

Bir dizi taksonomik revizyondan geçen Trabzon Kertenkelesi (*Darevskia rudis*), Türkiye'nin en yaygın kertenkele türlerinden biridir. Morfolojik ve osteolojik veriler esas alınarak yapılan bir çalışmada *Darevskia bithynica*, iki alt türü ile birlikte *D. b. bithynica* ve *D. b. tristis*, tür seviyesine çıkarılmış olsa da moleküler düzeydeki bazı çalışmalar *Darevskia rudis* ve *Darevskia bithynica* popülasyonları arasında yüksek bir fark olmadığını göstermiştir. Bu çalışmada, *D. rudis* ve *D. bithynica*'nın taksonomik durumunu değerlendirmek üzere farklı popülasyonlardan temin edilen yeni örneklerle birlikte Türkiye'de bulunan tüm alt türlere ait bireylerden 3 mikrosatellit lokus (Du215, Du281 ve Du323) ve 2 mitokondriyal gen bölgesinin (16S rRNA ve cytb) sekansları çoğaltılmıştır. Elde edilen sonuçlar, mikrosatellit lokuslarında tespit edilen genetik varyasyonların popülasyonlara özgü olmadığını ve bu durumun bazı farklılıklarla birlikte tüm *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarını kapsadığını göstermiştir. İlave olarak, mitokondriyal gen bölgeleri için yapılan filogenetik analizler (NJ, ML, MP ve BI) *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarını birbirinden ayırmamış ve ağaç topolojileri her iki gen için de benzer soy ağaçları üretmiştir. Sonuç olarak bu tez çalışmasında elde edilen veriler, Anadolu'da yayılış gösteren *bithynica* ve *rudis* popülasyonlarının birbirinden tür düzeyinde ayrılmadığına ve tür içi farklılaşmaların başlamasıyla birlikte *D. rudis* türü için politominin devam ettiğine işaret etmektedir.

**Anahtar Kelimeler:** Lacertidae, politomi, *Darevskia bithynica*, *Darevskia rudis*, genetik çeşitlilik



PhD. Thesis

SUMMARY

A RESEARCH BASED ON THE SEQUENCE OF THE SOME MICROSATELLITE AND MITOCHONDRIAL DNA REGIONS FOR THE SYSTEMATIC OF *Darevskia rudis* (BEDRIAGA, 1886) AND *Darevskia bithynica* (MÉHELY, 1909) SPECIES IN TURKEY

Halime KOÇ

Karadeniz Technical University  
The Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Biology Graduate Program  
Supervisor: Prof. Dr. Bilal KUTRUP  
2019, 70 Pages

Trabzon lizard (*Darevskia rudis*) which has a number of taxonomic revisions is one of the most common lizard species in Turkey. Although *Darevskia bithynica* was raised to species rank, with two subspecies *D. b. bithynica* and *D. b. tristis* based on a study which contained morphological and osteological data, some studies based on the molecular level have shown that there is no high difference among the populations of *Darevskia rudis* and *Darevskia bithynica*. In this study, sequence data derived from three microsatellite loci (Du215, Du281 and Du323) and two mitochondrial (16S rRNA and cyt b) genes were used to evaluate the taxonomic status of *D. rudis* and *D. bithynica* with adding new samples from different populations for all subspecies in Turkey. The obtained results indicated that the genetic variations of microsatellite loci were not specific to populations and this situation included all populations of *D. rudis* and *D. bithynica* with some differences. Furthermore, our phylogenetic analyses (NJ, ML, MP and BI) did not separate the populations and produced topologically identical trees of *D. rudis* and *D. bithynica*. Finally, the data obtained in this thesis indicated that *bithynica* and *rudis* populations which distributed in Anatolia are not separated from each other at the species level and the polytomy for the *D. rudis* is still continuing with the begin of intra-species differentiation in *rudis* populations.

**Key Words:** Lacertidae, polytomy, *Darevskia bithynica*, *Darevskia rudis*, genetic diversity

## ŞEKİLLER DİZİNİ

### Sayfa No

- Şekil 1. Arribas vd. (2013)'ın bildirdiği *D. rudis* popülasyonlarının Dünya ve Türkiye üzerindeki dağılışı (URL-1, 2019). ..... 2
- Şekil 2. A-E. Trabzon-Akçaabat lokalitesinden dişi bir *Darevskia rudis* bireyinin doğal habitatından görünümü (A), başın dorsalden görünümü (B), başın sağ yandan görünümü (C), dorsal ve ventralin sağ yandan görünümü (D) ve tibiaların yakın görünümü (E), (Fotoğraf: Halime Koç)..... 3
- Şekil 3. Arribas vd. (2013)'ın bildirdiği *D. bithynica* popülasyonlarının Türkiye üzerindeki dağılışı (URL-2, 2019). ..... 4
- Şekil 4. A-E. Zonguldak-Alaplı lokalitesinden bir *Darevskia bithynica tristis* bireyi (A), başın üstten görünümü (B), başın sağ yandan görünümü (C), dorsal ve ventralin sağ yandan görünümü (D) ve tibiaların yakın görünümü (E), (Fotoğraf: Halime Koç)..... 5
- Şekil 5. Mikrosatellit DNA çalışması için *Darevskia rudis* ve *Darevskia bithynica* türlerine ait kertenkele örneklerinin Türkiye'de yakalandığı lokaliteler. Numaralandırılan lokalitelere ait bilgiler Tablo 1'de açıklanmıştır. .... 17
- Şekil 6. Mitokondriyal DNA çalışması için *Darevskia rudis* ve *Darevskia bithynica* türlerine ait kertenkele örneklerinin Türkiye'de yakalandığı lokaliteler. Numaralandırılan lokalitelere ait bilgiler Tablo 2'de açıklanmıştır. .... 17
- Şekil 7. Türkiye'de yayılış gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının 16S rRNA dizisine ait haplotiplerinin oluşturduğu ağaç topolojileri. Ağaç dallarının üst kısmındaki değerler sırasıyla NJ/ML/MP (1000 bootstrap) analizlerine aittir, ağaç dallarının alt kısmında kalan değerler ise Bayesian analizinin sonuçlarına aittir. .... 40
- Şekil 8. Türkiye'de yayılış gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının *cytb* dizisine ait haplotiplerinin oluşturduğu ağaç topolojileri. Ağaç dallarının üst kısmındaki değerler sırasıyla NJ/ML/MP (1000 bootstrap) analizlerine aittir, ağaç dallarının alt kısmında kalan değerler ise Bayesian analizinin sonuçlarına aittir. .... 41
- Şekil 9. Türkiye ve Gürcistan'da dağılış gösteren *D. rudis* bireylerinin mitokondriyal DNA yönünden (*cytb*) birlikte incelenmesi. .... 56

## TABLolar DİZİNİ

### Sayfa No

Tablo 1. Du215, Du281 ve Du323 lokusunun sekans çalışmaları tamamlanan <i>rudis</i> ve <i>bithynica</i> popülasyonlarının isimleri ve buldukları lokaliteler.....	18
Tablo 2. 16S rRNA ve cytb gen bölgelerinin sekans çalışmaları tamamlanan <i>D. rudis</i> ve <i>D. bithynica</i> popülasyonlarının isimleri ve buldukları lokaliteler.....	19
Tablo 3. Bu tez çalışmasında kullanılan mikrosatellit lokusların adları, primerler (5'-3') <sup>a</sup> ve primerlerin optimize edildiği sıcaklık dereceleri. ....	22
Tablo 4. Mikrosatellit lokusları için belirlenen PCR kondisyonu. ....	22
Tablo 5. Mikrosatellit lokuslara (Du215, Du281 ve Du323) ait Genbank kayıt numaraları. ....	24
Tablo 6. Bu çalışmada kullanılan mitokondriyal gen bölgelerinin adları, primerler (5'-3') <sup>a</sup> ve primerlerin optimize edildiği sıcaklık dereceleri. ....	25
Tablo 7. 16S rRNA geni için belirlenen PCR kondisyonu.....	26
Tablo 8. Cytb geni için belirlenen PCR kondisyonu. ....	26
Tablo 9. Mitokondriyal DNA gen bölgelerine ait haplotip, alttür, lokalite ve (16S rRNA ve cytb) Genbank kayıt numaraları. ....	29
Tablo 10. <i>rudis</i> ve <i>bithynica</i> popülasyonlarında Du215, Du281 ve Du323 mikrosatellit lokuslarının allel varyasyonları, lokuslara ait incelenen sekansların uzunlukları (bp), mikrosatellit tekrar kümelerinin yapısal farklılıkları, alttür isimleri, haplotipleri ve nükleotid varyasyonları. ....	34
Tablo 11. 16S rRNA ve cytb genlerine ait haplotipler. ....	38
Tablo 12. <i>rudis</i> ve <i>bithynica</i> popülasyonlarında 16S rRNA ve cytb gen bölgelerine ait genetik mesafe değerleri (%). ....	43

## KISALTMALAR VE SEMBOLLER DİZİNİ

MYÖ	: Milyon Yıl Önce
rRNA	: Ribozomal Ribonükleik Asit
cytb	: Sitokrom b
Du215	: <i>Darevskia unisexualis</i> 215 lokusu
Du281	: <i>Darevskia unisexualis</i> 281 lokusu
Du323	: <i>Darevskia unisexualis</i> 323 lokusu
Du418	: <i>Darevskia unisexualis</i> 418 lokusu
Du47	: <i>Darevskia unisexualis</i> 47 lokusu
NJ	: Neighbor Joining
ML	: Maksimum Likelihood
MP	: Maksimum Parsimoni
BI	: Bayesian Inference
$\mu$ l	: Mikrolitre
PCR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
$^{\circ}$ C	: Santigrat Derece
dk	: Dakika
sn	: Saniye
mg	: Miligram
TBE	: Tris-Borat-EDTA

# 1. GENEL BİLGİLER

## 1.1. Giriş

Anadolu, dünyadaki en büyük biyolojik çeşitlilik bölgelerinden birisi olarak kabul edilmektedir (Myers vd., 2000; Mittermeier vd., 2004). Anadolu'nun biyoçeşitlilik açısından zengin olmasında en önemli faktörlerden birisi, farklı habitat ve farklı iklim koşullarının oluşumuna sebep olan çok sayıdaki dağlık bölgeleri kapsayan ve izolasyon oluşturan etkenlerdir (Şekercioğlu vd., 2011). Jeopolitik konumu sebebiyle uzun yıllar boyunca Asya, Avrupa ve Etiyopya bölgesi (kuzeydoğu Afrika) ile Orta Doğu arasında hayvan türlerinin yayılması için hem bir köprü hem de bir engel görevi görmüştür (Tchernov, 1992).

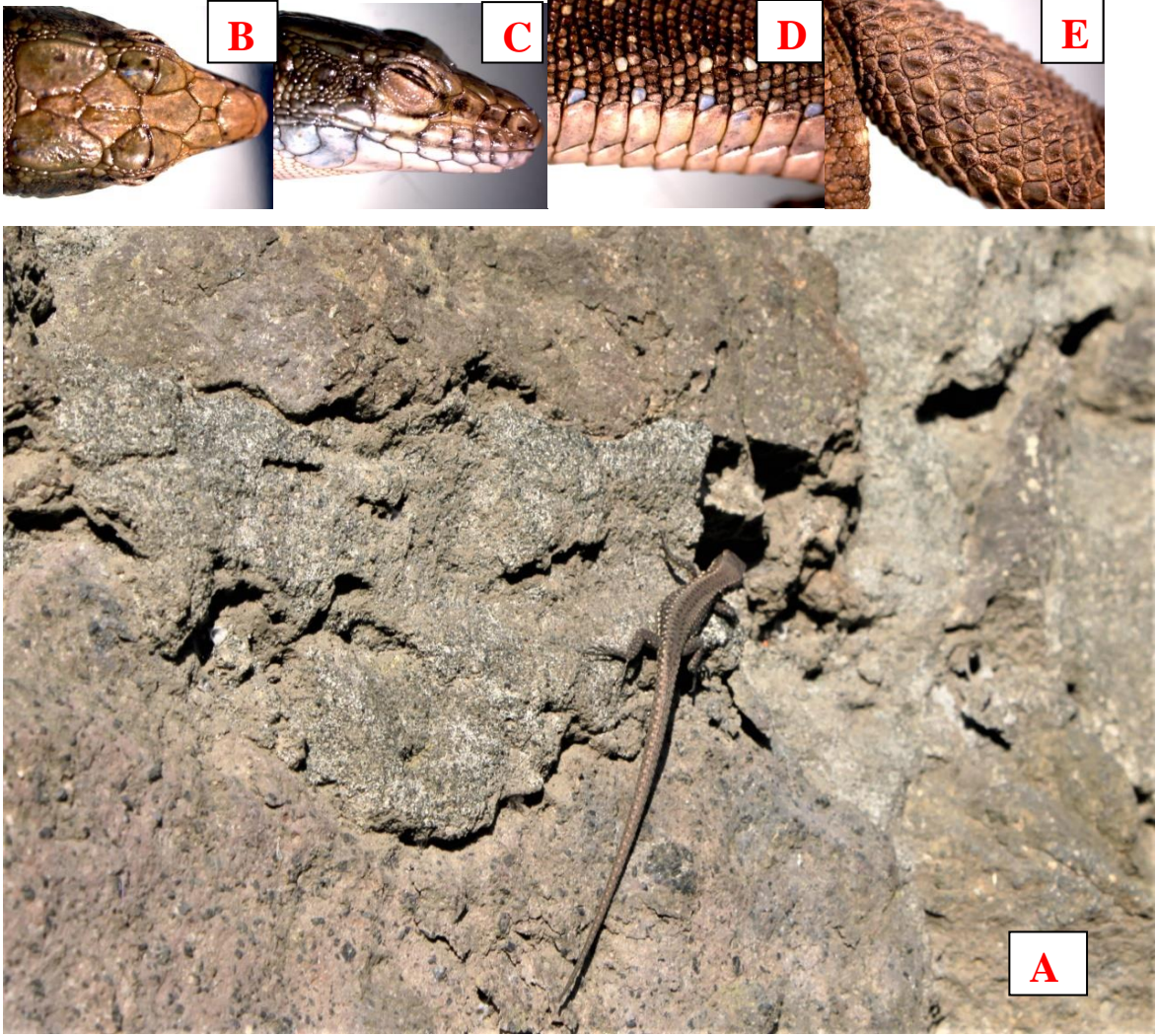
*D. rudis* türünün bugüne kadar morfolojik (Bedriaga, 1886; Werner, 1902; Boulenger, 1904; Mehely, 1909; Lantz ve Cyrén, 1936; Bodenheimer, 1944; Terentijev ve Chernov, 1949; Darevsky, 1967; Başoğlu ve Baran, 1977; Böhme ve Budak, 1977; Budak ve Böhme, 1978; Böhme ve Bischoff, 1984; Milto, 2010; Gabelaia vd., 2018; Çavaş vd., 2018) osteolojik (Arribas vd., 2013), ekolojik (Koç vd., 2018; Afsar vd., 2018), yaş yapısı (Gül vd., 2015) ve sistematığının kısmen moleküler tabanlı incelendiği çalışmalar (Mayer ve Lutz, 1989; Ryabinina vd., 2003; Grechko vd., 2007; Koç vd., 2017) olmasına rağmen türün Anadolu'da tüm dağılış alanlarının ele alınarak incelendiği moleküler tabanlı bir çalışma bulunmamaktadır. *D. rudis* türü, 2013 yılına kadar *Darevskia rudis bithynica*, *Darevskia rudis tristis*, *Darevskia rudis rudis*, *Darevskia rudis macromaculata*, *Darevskia rudis obscura*, *Darevskia rudis bischoffi*, *Darevskia rudis svanetica* ve *Darevskia rudis chechenica* olmak üzere 8 alttür ayrılmaktaydı ve Türkiye'de bu alttürlerin 6 tanesinin (*Darevskia rudis bithynica*, *Darevskia rudis tristis*, *Darevskia rudis rudis*, *Darevskia rudis macromaculata*, *Darevskia rudis obscura* ve *Darevskia rudis bischoffi*) varlığı bilinmekteydi (İlgaz, 2004; Çavaş et al., 2018; Birlik et al., 2018). Morfolojik ve osteolojik verilere dayanılarak gerçekleştirilen bir çalışmada (Arribas vd., 2013), Türkiye'de *D. r. rudis*, *D. r. macromaculata*, *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi*, *D. r. mirabilis* ve *D. r. bolcardaghica* olmak üzere 6 adet alttürü olduğu bildirilmiş, *rudis* popülasyonlarından Uludağ'da yayılış gösteren *D. r. bithynica* alttürü *Darevskia bithynica* türüne çıkarılmış ve Batı Karadeniz ile İç Anadolu'nun bir kısmında yayılış gösteren *D. r. tristis* popülasyonları *Darevskia bithynica tristis* adını almıştır. Daha sonra, moleküler veriler kullanılarak

gerçekleştirilen bir çalışmada (Koç vd., 2017) ise *D. rudis* kompleksinin devam ettiği ve Türkiye’de *D. r. bithynica*, *D. r. tristis*, *D. r. rudis*, *D. r. macromaculata*, *D. r. obscura*, *D. r. bischoffi*, *D. r. mirabilis* ve *D. r. bolcardaghica* adlı 8 alttürün hiçbirinin tür seviyesinde olmadığı ve diğer taksonlardan genetik olarak ayrılmadığı rapor edilmiştir.



Şekil 1. Arribas vd. (2013)’in bildirdiği *D. rudis* popülasyonlarının Dünya ve Türkiye üzerindeki dağılışı (URL-1, 2019).

*D. rudis*’in Türkiye’deki yayılışı Doğu Karadeniz Bölgesi’nden Ardahan iline kadar uzanmakta ve buna ilaveten İç Anadolu Bölgesi’nde Niğde ilini de içine almaktadır (Arribas vd., 2013) (Şekil 1). Türün dağılış alanlarında yer alan popülasyonlarda ergin birey sayıları sabit olup IUCN’e ait kırmızı liste sınıflandırmasında “asgari endişeli” [Least Concern (LC)] tür sınıfında yer almaktadır. Ortalama olarak bir kilometrekarelik toprak parçasında *D. rudis* türüne ait 17-23 birey bulunmaktadır. Yaşam alanları çoğunlukla büyük kaya parçaları olmasına rağmen türün büyük popülasyonlarına bazen büyük orman içlerinde bazen de antropojenik etkiler sonucu ortaya çıkan beton yapılar gibi yapay alanlarda rastlanılmaktadır (Şekil 2A). Düşük rakımlarda, çalılık ve otlak arazilerde de dağılış alanlarında yaşayabilen *D. rudis* bireyleri bazen de yüksek dağ zirveleri gibi sınırlı alanlarda yaşamaktadır.



Şekil 2. A-E. Trabzon-Akçaabat lokalitesinden dişi bir *Darevskia rudis* bireyinin doğal habitatından görünümü (A), başın dorsalden görünümü (B), başın sağ yandan görünümü (C), dorsal ve ventralın sağ yandan görünümü (D) ve tibiaların yakın görünümü (E), (Fotoğraf: Halime Koç).

*D. bithynica* popülasyonları ise Türkiye’de Batı Karadeniz sahil kıyısı boyunca uzanan iller ile Marmara Bölgesi’nin güneyinde yer alan Bursa ve İç Anadolu’da yer alan Ankara illerinde dağılış göstermektedir (Şekil 3). Anadolu’da yayılış gösteren *rudis* ve *bithynica* (Şekil 4A) popülasyonlarının zoocoğrafik kökenleri: Buzul sonrası Karadeniz ve Kafkaslar’dır (Demirsoy, 2006).



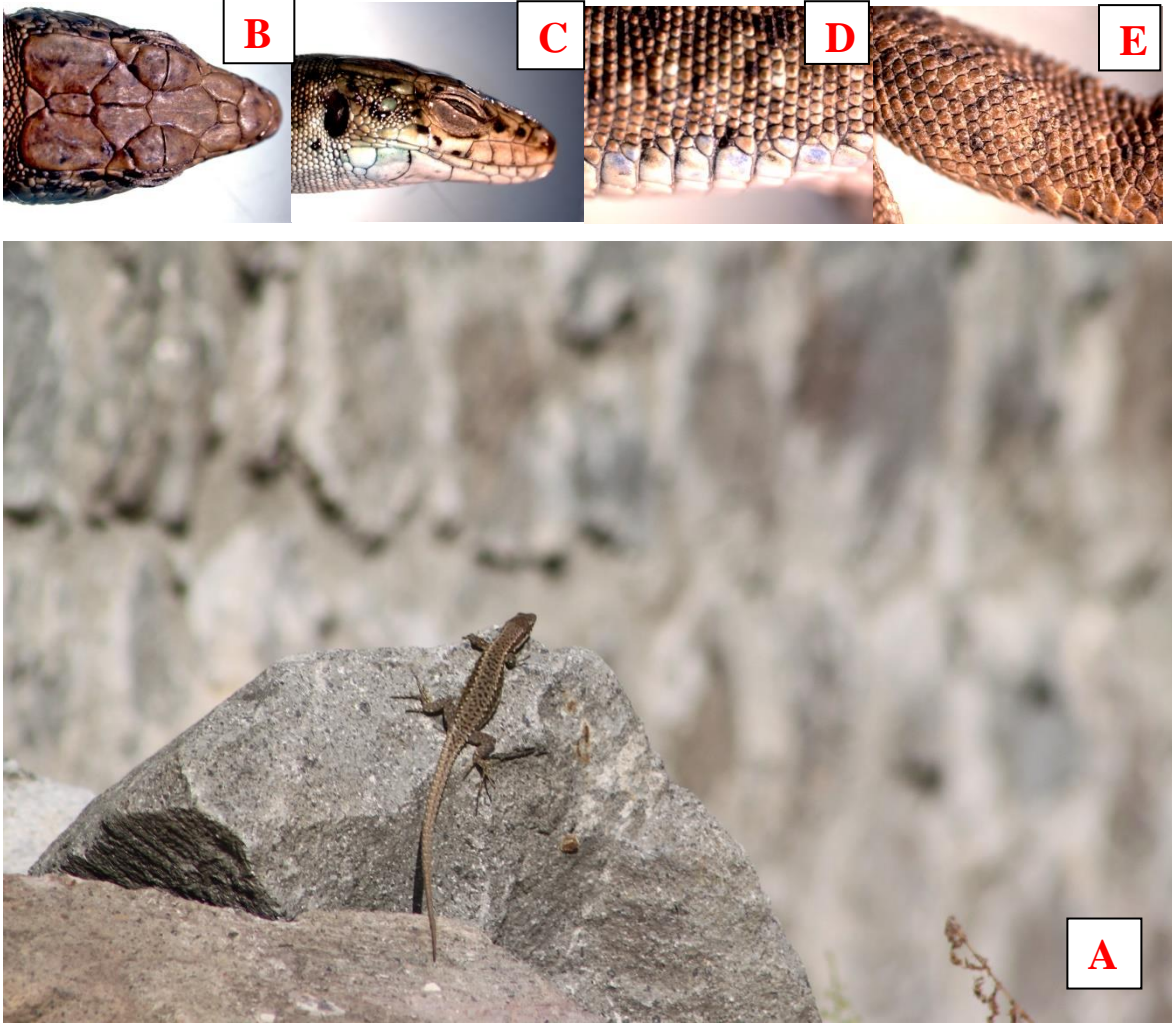
Şekil 3. Arribas vd. (2013)'ın bildirdiği *D. bithynica* popülasyonlarının Türkiye üzerindeki dağılışı (URL-2, 2019).

*D. rudis* türüne ait bireyler dağılış alanlarında çoğunlukla taşlık yerlerde yaşarlar ve 2000 metre rakıma kadar çıkabilirler. Ekim-Mart arasında özellikle taşlıkların dibinde ve yarıklarda kış uykusuna yatarlar. Besinleri, böcekler, kırkayak, salyangoz ve solucanlardır. Baş yassı, vücut yuvarlak ve dışbükey olup üzerinde hafif kabarıklıklar ile karinalı pullarla örtülüdür ve özellikle kuyruğun kaide kısmı dikenli pulludur. Parmak altındaki lameller kabarık ve düz; alt göz kapağında siyah kenarlı pullardan yapılmış saydam bir disk yoktur. Postnasale tek, femoral delik sayısı 13-25'tir ve diz eklemine kadar devam eder. Gövde çevresindeki pul sayısı 38-59 arasındadır. Parietal plakların dış kenarı ön kısmında hafifçe içeriye çökük, yukarıdan bakıldığında birinci supratemporale belirgin olarak görülür; rostrale burun deliğine değmez, tibianın üstündeki pullar çok büyük ve belirgin olarak karinalıdır. Sırtı gri, grimsi kahverengi ya da kahverengi zemin üzerinde özellikle ergenliğe ulaşıldığında ortada (mediyanda) belirgin olan boyuna, beyaz, sarı ve yeşilimsi bir şerit vardır. Bu şerit üzerinde koyu benekler de bulunabilir. Yanlarda küçük, mavi ve parlak benekler vardır. Karnın yanları yeşilimsi beyaz ya da mavimsidir, ortasındaki pullar beyazımsı sarıdır. Haziran ve Temmuz aylarında 16 mm çapında 4-8 arasında değişen sayıda yumurta bırakırlar ve yavrular Ağustos-Eylül aylarında yumurtadan çıkarlar (Demirsoy, 2006).

Arribas vd. (2013) rapor ettiği gibi *D. r. bithynica* ve *D. r. tristis* örnekleri birlikte değerlendirilirse postfrontal ve postorbiter uzunluklarının yaklaşık olarak eşit olmaları ve



postorbiterin, skuamozal kemik uzunluğunun yaklaşık yarısıyla örtüşmesi yönünden *D. rudis*'ten ayrılmıştır. Ayrıca, söz konusu çalışmada *rudis* ve *bithynica* popülasyonları arasındaki folidosis özellikler ile renk ve desenlenmedeki benzerlik ve farklılıklarına değinilmiştir.



Şekil 4. A-E. Zonguldak-Alaplı lokalitesinden bir *Darevskia bithynica tristis* bireyi (A), başın üstten görünümü (B), başın sağ yandan görünümü (C), dorsal ve ventralin sağ yandan görünümü (D) ve tibiaların yakın görünümü (E), (Fotoğraf: Halime Koç).

## 1.2. *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886) ve *Darevskia bithynica* (Méhely, 1909) Türlerinin Sistematik Durumu Hakkında Genel Bilgiler

Bedriaga tarafından 1886 yılında Batum popülasyonlarından toplanan *Darevskia rudis* türüne ait örnekler ilk olarak *Lacerta depressa* var. *rudis* olarak tanımlanmıştır. Boettger (1892), Bedriaga'nın 1886 yılında Batum popülasyonlarından topladığı örnekler ile Dr. Jean

Valentin tarafından Batum ve Tiflis popülasyonlarından toplanan örnekleri kıyaslamak, benzerlik ve farklılıklarını belirtmek üzere bir revizyon çalışması hazırlamıştır. Bu çalışma sonunda Boettger (1892), *Lacerta depressa* olarak bilinen türün aslında *Lacerta muralis*'in bir varyetesi olduğunu bildirmiş ve Batum ile Tiflis popülasyonlarından toplanan örnekleri *Lacerta muralis* var. *depressa* f. *modesta* olarak tayin etmiştir. Boulenger, 1904 yılında yaptığı bir çalışma ile *L. muralis*'in tür tanımını tamamıyla desteklemiş olmasına rağmen, söz konusu örneklerin *Lacerta muralis* var. *depressa* ismini alması gerektiğini bildirmiştir. Méhely tarafından 1909 yılında yapılan oldukça kapsamlı bir araştırmada ise *Lacerta depressa* türünün sinonimi olduğu düşünülen *Lacerta saxicola* ismini taşıyan bir türün daha varlığına işaret edilmiştir. Aynı çalışmada Méhely, *L. saxicola* ile *L. muralis* türlerinin birbirinden farklı olduğunu açıkça ortaya koymuştur. *L. saxicola* türünün politipik bir tür olduğuna dikkat çekerek Bedriaga tarafından Batum'dan toplanan *rudis* örneklerini *Lacerta saxicola rudis* şeklinde isimlendirmiştir. Bu çalışmanın yayınlanmasının ardından, *Lacerta saxicola rudis* olarak belirlenen isimlendirme kabul edilmiştir (Nikolskii, 1916; Lantz ve Cyren, 1936; Terentijev ve Chernov, 1949). Darevsky (1967), *Lacerta saxicola* türüne ait popülasyonlardan topladığı tüm bireyleri incelemiş ve *Lacerta saxicola* türü için geniş çapta bir revizyon çalışması yapmıştır. Bu revizyon çalışmasının sonuçlarına göre, *Lacerta saxicola rudis* olarak isimlendirilen alttürün, *L. saxicola* türünden farklı olduğu ve farklı bir isim alması gerektiğini vurgulamıştır. Böylelikle, *Lacerta saxicola rudis* olarak bilinen alttür, *saxicola*'dan ayrılarak *Lacerta rudis* olarak tür düzeyine çıkarılmıştır. Ayrıca 1936 yılında Lantz ve Cyren tarafından tavsif edilen *Lacerta saxicola obscura* alttürü de *saxicola*'dan ayrılarak *L. rudis*'in bir alttürü olarak kabul edilmiştir. Yine aynı çalışmada, *L. rudis*'in bir alttürü olan *Lacerta rudis macromaculata* da Darevsky tarafından 1967 yılında tavsif edilmiştir. 1977 yılına gelindiğinde, Böhme ve Budak, *Lacerta rudis* türünün dağılım alanlarını kapsayan bir revizyon çalışması hazırlamışlardır. Bu çalışma kapsamında, Rize ve civarından topladıkları örneklerin türün diğer popülasyonlarından farklı olduğunu bildirmişlerdir. Budak ve Böhme (1978), Rize ve doğusundaki popülasyonların türün diğer popülasyonlarından farklı olduğu gerekçesiyle bu popülasyonlardan toplanan örnekleri *Lacerta rudis bischoffi* adıyla yeni bir alttür olarak rapor etmişlerdir. Aynı çalışmada, Lantz ve Cyren'in 1936 yılında belirttiği gibi türün ilk defa Bedriaga tarafından 1886 yılında Batum'dan toplanmadığını aslında Camerano tarafından 1878 yılında Trabzon'dan yakalandıklarını belirtmişlerdir.

Türün bir başka alttürü olan *tristis*'in literatüre kazandırılması Lantz ve Cyren tarafından 1936 yılında Adapazarı popülasyonlarından temin ettiği örnekleri *Lacerta saxicola tristis* olarak tavsif etmesiyle gerçekleşmiştir. Terentijev ve Chernov (1949), Bodenheimer (1944), Mertens (1952), Darevsky (1967), Darevsky ve Eiselt (1967) ile Başoğlu ve Baran (1977) *tristis*'in *L. saxicola*'nın bir alttürü olduğunu kabul etmişlerdir. Lantz ve Cyren (1936), *mehelyi* ve *obscura* taksonlarının da tavsifini yapmış ve bu taksonların filogenetik olarak *Lacerta saxicola*'ya yakın olduklarını bildirmişlerdir. *L. saxicola tristis* için yapılan bir başka çalışma, 1952 yılında Mertens tarafından yapılmıştır. Bu çalışmada Mertens, *tristis* popülasyonlarının Bolu ili civarında da dağılışı gösterdiğini ve bu popülasyonlara ait bireylerin bazı morfolojik özelliklerinin *tristis*'e ait diğer popülasyonlardaki bireylerden farklılık gösterdiğini rapor etmiştir.

Darevsky ve Eiselt (1967), Lantz ve Cyren tarafından tavsif edilen *mehelyi* alttürüne ait bireyleri yayılış alanlarından temin ederek tekrar incelemiş ve Adapazarı ile Sinop arasında dağılışı gösteren *mehelyi* formunun esasında *tristis* alttürüne ait olduğunu bildirmişlerdir. Aynı çalışmada, Sinop'un doğusunda yer alan popülasyonların farklı ve yeni bir alttürüne ait olabileceğine işaret edilmiştir.

Darevsky ve Lukina (1977), Clark ve Clark (1973) tarafından toplanan örnekleri inceleyerek *tristis* popülasyonlarının *obscura* popülasyonları ile olan benzerliğine vurgu yapmışlar ve en az tür düzeyi bakımından bu iki taksonun konspesifik olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca *tristis* popülasyonları ile *obscura* popülasyonlarının benzerliğine Lantz ve Cyren (1936) tarafından da değinilmiştir. Bu benzerlik Darevsky (1967)'nin ele aldığı revizyon çalışmasında açıkça izah edilmektedir. Buna göre *obscura*'nın, *Lacerta rudis*'in alttürü olarak değerlendirilmesinin kaçınılmaz bir sonucu olarak *tristis*'in de *L. saxicola rudis*'in bir alttürü olarak kabul edilmesi gerektiği sonucuna ulaşılmıştır.

Böhme ve Budak (1977), Anadolu'nun çeşitli yerlerinden topladıkları *rudis* popülasyonlarına ait bireyleri incelemişler ve Kızılırmak Nehri'nin *rudis* popülasyonları arasında bir coğrafik sınır teşkil ettiğini bildirmişlerdir. Bu coğrafik sınırın alttür düzeyinde bir ayrıma vesile olduğunu ve *tristis*'in Kızılırmak'ın diğer yakasında kalan *Lacerta rudis*'e ait bir alttür olduğunu rapor etmişlerdir.

2013 yılına kadar *D. rudis*'in bir alttürü olarak kabul edilen *bithynica* taksonuna ait bireyler, ilk kez 1902 yılında Werner tarafından Uludağ'dan toplanmıştır. Aynı çalışmada, *bithynica* popülasyonlarının ilk olarak *Lacerta depressa* türüne ait olduğu bildirilmiştir. Bir yandan da Uludağ popülasyonundan toplanan bireylerin, 1886 yılında Bedriaga tarafından

Tiflis ve Batum'dan toplanan ve *Lacerta depressa* var. *rudis* olarak isimlendirilen örnekler ile arasındaki kuvvetli morfolojik benzerliğe dikkat çekilmiştir. Oysa Boulenger (1904 ve 1913), Boettger (1892)'in de bildirdiği gibi *Lacerta depressa* olarak bilinen türün esasında *Lacerta muralis*' in bir varyetesi olduğunu rapor etmiş ve bu bilginin bir sonucu olarak Uludağ popülasyonlarından toplanan örnekleri *Lacerta muralis* var. *chalybea* olarak tavsif etmiştir.

Méhely (1909), Amasya ve Uludağ örneklerini *Lacerta saxicola bithynica* alttürü olarak tavsif etmiştir. Nikolskii (1916) topladığı örnekleri incelediğinde *chalybea* alttürünün *Lacerta saxicola*'ya dâhil edilmesi gerektiğini savunarak Méhely (1909)'e ait çalışmayı destekleyici sonuca ulaşmıştır. Lantz ve Cyren (1936), kaya kertenkeleleri ile yaptığı geniş kapsamlı bir çalışmada Méhely (1909)'i desteklemiş ve Uludağ popülasyonlarına ait örneklerini *Lacerta saxicola bithynica* olarak tayin etmişlerdir. *L. s. bithynica* alttürünün varlığı Bodeheimer (1944), Terentijev ve Chernov (1949), Darevsky (1967) ve Başoğlu ve Baran (1977) tarafından da doğrulanmıştır. Bu çalışmalarını takiben, Böhme ve Bischoff (1984) *bithynica*'nın *Lacerta rudis* ile olan morfolojik benzerliğine dikkat çekerek *bithynica* alttürünün *Lacerta rudis* türüne dâhil etmişlerdir.

Böhme ve Budak (1977), Amasya ve Uludağ örneklerinin incelendiği bir çalışmada Amasya popülasyonlarından toplanan örnekleri *Lacerta rudis rudis* olarak değerlendirmişlerdir. Bu çalışmanın sonuçlarına göre, *bithynica* türünün dağılış alanının yalnızca Uludağ ile sınırlı kaldığı görülmüştür. Kızılırmak Nehri'nin *tristis* ve *rudis* alttürleri arasında coğrafi bir bariyer vazifesi gördüğü Böhme ve Budak (1978) tarafından bildirilmiştir.

*Lacerta rudis* türüne ait yeni alttürlerin tanımlandığı ve türün kapsamlı revizyonunun yapıldığı çalışmalarda *bithynica* ve *tristis* örneklerinin değerlendirilmediği, Darevsky ve Eiselt (1980) ve Eiselt ve Darevsky (1991) tarafından bildirilmiştir. 1999 yılına kadar *Lacerta rudis* olarak bilinen tür, Arribas (1999) tarafından yapılan morfolojik, osteolojik ve karyolojik çalışma sonrasında diğer kaya kertenkeleleri ile birlikte cins ismi değiştirilerek *Darevskia* cinsine dâhil edilmiştir. Yalnızca *bithynica* ve *tristis* popülasyonlarına ait örneklerin ele alındığı bir çalışma, Tayhan (2008) tarafından morfolojik karakterler esas alınarak yapılmıştır ve *Darevskia rudis bithynica* ve *Darevskia rudis tristis* popülasyonları arasında en azından alttür seviyesinde morfolojik farklılıklar olduğu bildirilmiştir.

Milto (2010), *tristis* alttürünün önceleri *L. saxicola*'nın bir alt türü (*L. s. tristis*) olarak yer aldığını, sonradan *D. rudis* türünün bir alttürü (*Darevskia rudis tristis*) olduğunu rapor

etmiştir. Aynı çalışmada Milto (2010), morfolojik ve ekolojik kıstaslara göre *tristis*'in ayrı bir kaya kertenkelesi türü olduğunu bildirmiş ve bu taksonu *Darevskia tristis* şeklinde isimlendirmiştir.

Bu çalışmaları takiben, (Arribas vd., 2013), *D. rudis*'in Türkiye'deki tüm alttürlerine (*Darevskia rudis rudis*, *Darevskia rudis bithynica*, *Darevskia rudis tristis*, *Darevskia rudis bischoffi*, *Darevskia rudis macromaculata*, *Darevskia rudis obscura*) ait bazı bireyleri morfolojik ve osteolojik özelliklerine göre incelenmiş ve *bithynica*'nın *rudis*'ten ayrı olarak tür düzeyine çıkarılmasını önermiştir. Bunun neticesinde, *D. bithynica bithynica* nominant alttür olurken, *D. bithynica tristis* ise bu türün alttürü olmuştur. Aynı çalışmada *D. rudis*'in 2 yeni alttürü daha tanımlanmıştır. Bu alttürlerin ilki, *D. r. bolcardaghica*'dır ve tip lokalitesi Karagöl, Ulukışla-Niğde'dir. Söz konusu alttür, dorsal renginin oldukça açık tonlarda olması, rostral ve frontonasal plaklarının ayrı olması, suprasiliyar granül serilerinin genellikle tam ve kesintisiz olması, masetterik plağın timpanik plak kadar yahut daha küçük olması, masetterik ile timpanik plak arasındaki pul sayılarının 2 ila 4 arasında olması, plakların genellikle sert ve karinalı olması, dorsal pul sayısı ve baş üzerinde bulunan plakların sayısının benzerliği, femoral por, lamella sayısı, arka bacak uzunluğu, anal çevreleyen plak sayısı ve anal plak ölçümlerindeki düşük değerler, üst çenede bulunan diş sayısı ve dişlerin büyüklüklerindeki benzerlik, sternal frontanelin farklı oluşu, postfrontal ve postorbitalinin neredeyse eşit olması ile postorbitalin, skuamoz uzunluğunun yarısına yakın bir kısmı ile örtüşmesi özellikleriyle *D. rudis*'in yeni bir alttürü olarak kabul edimiştir. İkinci alttür ise, *D. r. mirabilis*'tir ve tip lokalitesi Ovit Geçiti'dir. Söz konusu alttür, rostral ve frontonasal plakların ya temas halinde ya da tamamen ayrı olması (örneklerin yarısında temas halinde olduğu kaydedilmiştir), suprasiliyar granüllerin neredeyse her örnekte kesintili olması, masetterik plağın timpanik plaktan daha büyük olması ve bu iki plağın arasında yalnızca bir adet pulun sınır teşkil etmesi, tibial plakların kısmen karinalı olması, dorsaldeki pul sayısının, anali çeviren plak sayılarının ve anal plak ölçümlerindeki yüksel değerler, femoral por sayısının ve arka bacak uzunluğunun neredeyse baş kadar kısa olması, postfrontal ve postorbitalinin neredeyse eşit olması ve köprücük kemiklerinin birbirlerine bakan kısımları içe doğru kavisli değil haç biçiminde olması gibi özellikleriyle *D. rudis*'in yeni bir alttürü olarak kabul edilmiştir (Arribas vd., 2013).

Koç vd. (2017), mitokondriyal DNA ve mikrosatellit fragment analizlerini esas alarak, Arribas vd. (2013)'ün çalışmasının sonuçları dikkate alınarak sistematik ayrımı yapılan *D. bithynica* türüne ait alttürler (*D. b. bithynica* ve *D. b. tristis*) ile *D. rudis* türüne ait alttürlerin

(*D. r. rudis*, *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata*, *D. r. obscura*, *D. r. mirabilis* ve *D. r. bolcardaghica*) filogenetik karşılaştırmasını yapmış ve tüm bu alttürler arasında gen alışverişinin hala devam ettiğini ve *D. rudis* ve *D. bithynica*'nın aralarında tür seviyesinde bir genetik farklılığın olmadığını yani *D. rudis* kompleksinde politominin devam ettiğini rapor etmişlerdir.

*D. rudis*'in yayılışı Türkiye'yi kapsamayan 2 alttürü daha vardır. Bunlardan biri *D. r. svanetica* olup Eiselt ve Darevsky (1980) tarafından kuzey Gürcistan ve kuzeybatı Abhazy'a'nın merkez bölgelerinin güney yamaçlarında *D. rudis*'ten morfolojik olarak farklılıklar gösterdiği gerekçesiyle ayrı bir alttür olarak tanımlanmıştır. Bir diğeri, *D. r. chechenica* olup, Eiselt ve Darevsky (1991) tarafından Çeçenistan'tan toplanan örneklerin, türün diğer alttürlerinden morfolojik olarak gözlenen farklılıklarından dolayı ayrı bir alttür olarak tanımlanmıştır.

Bu tez çalışmasında, Arribas vd. (2013)'in çalışmasının sonuçları dikkate alınarak sistematik ayrımı yapılan *Darevskia bithynica bithynica*, *Darevskia bithynica tristis*, *Darevskia rudis rudis*, *Darevskia rudis mirabilis*, *Darevskia rudis macromaculata*, *Darevskia rudis obscura*, *Darevskia rudis bischoffi* ve *Darevskia rudis bolcardaghica* popülasyonlarına ait örnekler incelenmiştir. Moleküler düzeyde hazırlanan bu tez çalışması kapsamında Koç vd. (2017)'nin yapmış olduğu çalışmadan farklı olarak; bazı mikrosatellit lokuslarına ait baz dizilişleri ve mitokondriyal DNA (16S rRNA ve cytb genleri)'ya ait kısmi baz dizilişleri esas alınarak ilk kez *D. rudis* ve *D. bithynica*'nın Türkiye'deki tüm alttürlerine ait bazı popülasyonlardaki bireyler arasında filogenetik ilişki irdelenmiştir.

### **1.3. DNA Belirteç Sistemleri ve Bu Tez Çalışmasında Kullanılan Moleküler Belirteçler**

Son zamanlarda moleküler çalışmalarda kullanılan yöntem ve tekniklerin hızla gelişmesi canlıların genetik çeşitliliklerinin açığa çıkarılmasında önemli bir unsur olmuştur. Moleküler çalışmalarda kullanılan ve hızla gelişen yöntem ve teknikler, genetik çeşitliliğin belirlenmesi çalışmalarına da ivme kazandırmıştır (Ağaoğlu ve Ertuğrul, 2010). Son yıllarda moleküler düzeyde yapılan çalışmalar göz önüne alındığında tercih edilen metotlardan bazılarının double digestion RAD (ddRAD), Restriksiyon Enzimleri Uzunluk Polimorfizm Tekniği (Restriction Fragment Length Polymorphism; RFLP), mikrosatellit (Short Tandem Repeats, STR) Tek Nükleotid Polimorfizm Tekniği (Single Nucleotid Polymorphism, SNP)

ile mitokondriyal DNA metotları olduğu göze çarpmaktadır (Thorpe vd., 2008; Shields ve Olson, 2003; Maroso vd., 2018). Geliştirilen ve yenilenen moleküler metotlarla elde edilen sonuçların değerlendirildiği ve karşılaştırmaların yapılabildiği yeni istatistik yazılımlar da geliştirilmektedir (Doğan ve Uluman, 2016).

Bu çalışma kapsamında kullanılan moleküler belirteçler son yıllarda sistematik çalışmalarında sıklıkla kullanılan mikrosatellit ve mitokondriyal DNA belirteçleridir.

### 1.3.1. Mikrosatellit DNA

Mikrosatellitler ökaryotik genoma geniş bir şekilde yayılmış genetik materyallerdir. 1-5 nükleotitten meydana gelmiş 2-40 defa tekrarlanan dizilerden oluşan ve kodlanmayan DNA dizileridir. Mikrosatellitlerde bulunan tekrar dizileri iki, üç, dört veya beş nükleotitten oluşurlar, polimorfik özellik gösterirler ve kısa DNA dizilerinin farklı sayılarda art arda tekrarlanmasından oluşurlar. Bu tekrarlar çoğunlukla dinükleotit (GT)<sub>n</sub>, trinükleotit (ACC)<sub>n</sub> veya tetranükleotit (TAGA)<sub>n</sub> şeklinde ifade edilir ve buradaki kullanılan “n” ifadesi ardışık tekrarın kaç kez gerçekleştiğini ifade eder. Omurgalılarda mikrosatellitlerin büyük çoğunluğu (%30-%67) dinükleotit halde bulunmaktadır (Toth vd., 2000). Omurgalılarda mikrosatellitlerin daha az bir kısmı, uzun tekrar dizilerine sahip olmasına rağmen uzun tekrar dizilerine sahip olan mikrosatellitlerin kısa tekrar dizilerini içerenlere nazaran daha hızlı evrimleştikleri bilinmektedir (Chambers ve MacAvoy, 2000). Hızlı evrimleşebilme kapasiteleri sebebiyle popülasyonların genetik yapılarını ve popülasyonlar arasında gen akışlarının gerçekleşip gerçekleşmediğini belirlemek için kullanılan önemli genetik belirteçlerdir (Queller vd., 1993; Zardoya vd., 1996; Hancock, 1999).

Mikrosatellit dizileri aynı popülasyonu paylaşan bireyler arasında dahi yüksek oranda mutasyon, heterozigotluk ve çeşitlilik gösterebilirler (Zardoya vd., 1996; Goldstein ve Pollock, 1997; Hancock, 1999; FitzSimmons vd., 2000). Mikrosatellitlerde bulunan yüksek miktardaki mutasyonları açıklayabilen iki farklı model bulunmaktadır. Bu modellerden ilki, kromozomlar arasında meydana gelen ve eşit olmayan rekombinasyonlardır (Hancock, 1999; Chambers ve MacAvoy, 2000). İkincisi ise, replikasyon kaymalarıdır (Levinson ve Gutman, 1987; Valdes vd., 1993; Eisen, 1999; Estoup ve Cornuet, 1999; Feldman vd., 1999). Tekrar bölgelerinin her iki tarafında yer alan bölgeler ‘flanking’ bölgesi olarak isimlendirilirler ve bu bölgeler primerlerin bağlandıkları yerdir. Flanking bölgelerinde

oluşan mutasyonlar oldukça önemlidir. Burada oluşan mutasyonlar (nükleotit eklenmeleri veya çıkmaları) primerlerin bağlanmasını engelleyebilir. Bu yüzden, bu lokusların çoğaltılması söz konusu olamaz (Abblet vd., 2006).

Mutasyon, canlı neslinin devamı için zorunlu olan genetik çeşitliliğin en önemli kaynaklarından biridir. Sınırlı ve dar coğrafik bölgelerde yaşayan populasyonlar arasında ve populasyonlara ait bireyler arasındaki farklılaşmalar rahatlıkla görülebilmektedir. Aynı zamanda mikrosatellitlerin kodominant belirteçler olması hem anneden hem babadan kalıtım yapılmasına izin vermektedir ve bu durum heterozigotlarda bir lokusta iki farklı allelin tespit edilmesini sağlar (Wan vd., 2004).

Mikrosatellit DNA'nın belirteç olarak kullanıldığı varyasyon çalışmaları tekrarlanan nükleotit sayısı ile nükleotitlerin dizilim boyu arasındaki ilişkilerin açığa çıkarılması, değerlendirilmesi ve gerekli durumlarda kıyaslanmalarının yapılması şeklinde uygulanmaktadır. Mikrosatellitler, çalışılması hedeflenen populasyonlar (özellikle türler ve alttürler) arasında veya populasyonların içerisindeki genetik yapının açığa çıkarılması amacıyla kullanılabilir (Moritz, 1994; Taylor vd., 1997). Smith ve Wayne (1996) tarafından yapılan bir çalışmada, mikrosatellit belirteçlerin populasyonların arasındaki ilişkiyi anlamadaki önemli yöntemlerden biri olduğu bildirilmiştir. Ayrıca, mikrosatellitlerin özellikle kritik populasyonlar için koruma stratejilerinin geliştirilmesinde önemli araçlar olarak kullanılabileceği FitzSimmons vd. (2000) tarafından rapor edilmiştir. Bu çalışmalara ilaveten mikrosatellitler özellikle son zamanlarda kriminolojik çalışmalarda, bireylerin akrabalık seviyelerinin belirlenmesinde, ana-baba belirlenmesinde, epidemiyoloji ve patoloji taramalarında, genlerin haritalanmasında, genomdaki genlerin haritalarının çıkarılmasında, populasyonların gen akışı gibi genetik parametrelerinin tahmini ve populasyon farklılıklarının belirlenmesi gibi çalışmalarda da yoğun olarak kullanılmaktadır (Bruford ve Wayne, 1993). Mikrosatellitlerin bu denli yaygın olarak kullanılmasının temel sebepleri arasında, hiç kuşkusuz mikrosatellitlerin genomda yoğun bir şekilde dağılmış olmaları ve işlemlerinin kolay bir şekilde yapıyor olması yer almaktadır.

### **1.3.2. Mitokondriyal DNA**

Mitokondriyal DNA, gen bölgelerinin içerikleri ve bu gen bölgelerinin içerik düzenleri açısından evrim çalışmaları için oldukça önemli bir yere sahiptir. Mitokondriyal DNA protein kodlayan 13 adet gene, protein kodlamayan 2 adet rRNA genine (12S ve 16S), 22



adet tRNA geni ile protein kodlamayan ve bünyesinde yalnızca replikasyon orijin bölgeleri içeren bazı gen bölgelerine (örneğin: kontrol bölgesi, D-loop) sahiptir. D-loop bölgesinde kodlama işlemi yoktur. Bu bölge içerisinde promotör bölgeleri ve replikasyon orijini vardır (Russell, 2002).

Protein kodlayan genler alt birimlerinin sayısı göz önünde bulundurularak NADH dehidrojenaz (ND1, 2, 3, 4, 4, 5 ve 6)'ın 7 alt birimi, cytb oksidazın 3 alt birimi (cytc I, II ve III) ve ATP sentetaz'ın 2 alt birimi (ATPaz 6 ve 8) ve cytb olarak sıralanırlar. Protein kodlayan genler içerisinde en fazla korunan genler cyt oksidaz ve cytb'yi kodlayan genlerdir. Genetik düzenleri yüksek seviyede farklılık gösteren genler ise NADH dehidrojenaz ve ATPaz genleridir.

Mitokondriyal DNA'nın bir kısmı, yapısı gereği hızlı evrimleşen genlerin karışımından oluşmuştur ve birbirlerinden yakın zamanda ayrılan popülasyonların (tür içi veya türler arasında) soy hatlarını açığa çıkarmak için yapılan çalışmalarda kullanılmaları uygundur (Brown vd., 1979). Bunun yanında, daha yavaş evrimleşen genler çok daha eski zamanlarda birbirlerinden kopmuş popülasyonlar (cins veya familyalar arasında) arasındaki evrimsel ilişkileri açıklamaya ve soy hatlarını belirlemeye daha elverişlidir. Mitokondriyal DNA içerisinde yer alan, daha yavaş evrimleşen ve protein kodlamayan 12S ve 16S gen bölgeleri omurgalılarda bulunur ve sırasıyla yaklaşık olarak 900 ve 1600 baz çiftinden oluşur.

Filogenetik çalışmalarda en doğru bilgiye ulaşmak için çoğunlukla yavaş olarak evrimleşen rRNA genleri ile rRNA gen çeşitlerine nispeten daha kısa sürede evrimleşen cytb gen bölgeleri kullanılır (Shaffer vd., 1997; Spinks vd., 2004). cytb, ND4 ve diğer protein kodlayan genler, birbirlerine yakın türler arasındaki akrabalık ilişkilerini inceleyen çalışmalarda (Engstrom vd., 2002; Feldman ve Parham, 2002) ve/veya tür içi filogenetik değerlendirmelerin yapılması için bilinen en kullanışlı moleküler belirteçlerdir (Starkey vd., 2003; Spinks ve Shaffer, 2005). Bu sebeple, bu tez çalışmasının mitokondriyal DNA kısmında kullanılan gen bölgeleri, yavaş evrimleşme özelliği olan 16S rRNA geni ile hızlı evrimleşme özelliği olan cytb gen bölgesi olarak seçilmiştir.

Meyer ve Wilson (1990) ve Irwin vd. (1991), cytb geninin günümüzden yaklaşık 80 MYÖ'ne kadar meydana gelen filogenetik ilişkiler hakkında geniş bilgiler verdiğini ortaya koymuştur. Öte yandan, Zardoya ve Meyer (1996) omurgalılar arasında evrimsel akrabalığı en iyi ortaya koyan mitokondriyal protein kodlayan genlerin COI (sitokrom oksidaz alt ünite-1), cytb ve ND2 olduğunu bildirmişlerdir. Bunlara ilaveten, Mindell ve Honeycutt

(1990) evrimsel deęişikliğe nispeten karşı koyan ve protein sentezinde aktif rol oynayan rRNA'nın 12S ve 16S genlerinin günümüzden yaklaşık 150 MYÖ'sinin tür çeşitliliğine ışık tuttuğunu bildirmişlerdir.

Populasyon genetięi ve sistematik ile ilgilenen bilim adamlarının çalışmalarında aęırlıklı olarak mitokondriyal DNA tercih etmelerindeki en önemli sebepler;

- intronların yer almaması,
- önemli oranda rekombinasyon bulunmaması,

-her hücrede bulunan çoklu kopyalardaki gen dizilişleri ve gen içeriklerinin yüksek seviyede korunması (Avisé, 1994; 2004) ve

- yalnızca anadan kalıtılan bir genetik materyal olmasıdır (Moritz vd., 1987).

Bir dięer önemli sebep ise, mitokondriyal DNA yapısının kendisinden daha karmaşık bir yapıya sahip olan çekirdek genomu ile kıyaslandığında daha kolay ve anlaşılır olmasıdır. Mitokondriyal DNA'daki nükleotit yer deęiştirmelerinin oranı çekirdek genomunda gerçekleşen nükleotit yer deęiştirmelerinin oranından çok daha hızlıdır. Bu hız, genomun farklılık gösteren karakterlerce çok daha zengin olmasını sağlar (Brown vd., 1979; Meyer, 1993). Bunun nedeni, nokta ve parça mutasyonların mitokondriyal DNA'da oldukça fazla sayıda gerçekleşmesidir. mtDNA'nın bu mutasyonlar üzerinde aktif ve etkili bir tamir mekanizması yoktur (Brown vd., 1979; Brown vd., 1982). Söz konusu aktif ve etkin tamir mekanizmasının olmamasından dolayı mtDNA, mitokondrinin iç zarında meydana gelen oksidatif fosforilasyon sonucu ortaya çıkan oksijen radikalleriyle doğrudan ilişki içerisinde ve bu durum mutasyonların tetikleyicisidir. Ayrıca, mtDNA çekirdek DNA gibi kodlanmayan gen bölgeleri (intron bölgeleri) içermediğinden, farklı türler arasında mtDNA genomu bakımından karşılaştırma yapılması daha kolaydır (Brown, 1985). Brown vd. (1982) ve Meyer (1993)'in çalışmalarında mitokondriyal tRNA genlerinin nükleer tRNA genlerine oranla 100 kez daha hızlı evrimleştięi rapor edilmiştir. Yine aynı çalışmalarda, tRNA gen bölgelerinin korunmuş yapılarından dolayı primer dizaynı gibi çalışmalar için oldukça kullanışlı oldukları fakat uzunluklarının yeterli seviyede olmadıklarından dolayı filogenetik çalışmalarda tercih edilmedikleri bildirilmiştir.

## 2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

### 2.1. Arazi Çalışmaları

Bu tez çalışmasının mikrosatellit DNA lokuslarının sekanslarının hazırlanması kapsamında incelenen örnekler, KTÜ Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü Zooloji Araştırma Laboratuvarı personelleri (Bilal KUTRUP, Ufuk Bülbül, Muammer KURNAZ, Halime KOÇ ve Ali İhsan EROĞLU) tarafından farklı yılların (2010-2017) yaz aylarını kapsayan periyotlarında yakalanmış, diyagnostik özellikleri belirlenmiş ve fotoğrafları çekilmiştir. Türkiye’de dağılışı gösteren alttürleri ile birlikte *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerinin mümkün olduğunca birbirinden farklı lokalitelerinden toplanan bireylerden 40 tanesinden alınan doku örnekleri (kertenkelelerin sağ arka üyelerinin en uzun parmakları) 3 farklı mikrosatellit lokusunun (Du215, Du281 ve Du323) sekanslarının hazırlanması ve 72 tanesinden alınan doku örnekleri 2 farklı mitokondriyal kısmi gen bölgesinin (16S r RNA ve cytb) sekanslarının hazırlanması amacıyla kullanılmıştır. Bu tez çalışması kapsamında Du215, Du281 ve Du323 lokuslarının sekans çalışmaları için toplamda 24 ayrı lokaliteden 40 birey (Şekil 5) ve mitokondriyal gen bölgelerinin (16S rRNA ve cytb) sekans çalışmaları için 37 ayrı lokaliteden 72 birey incelenmiştir (Şekil 6).

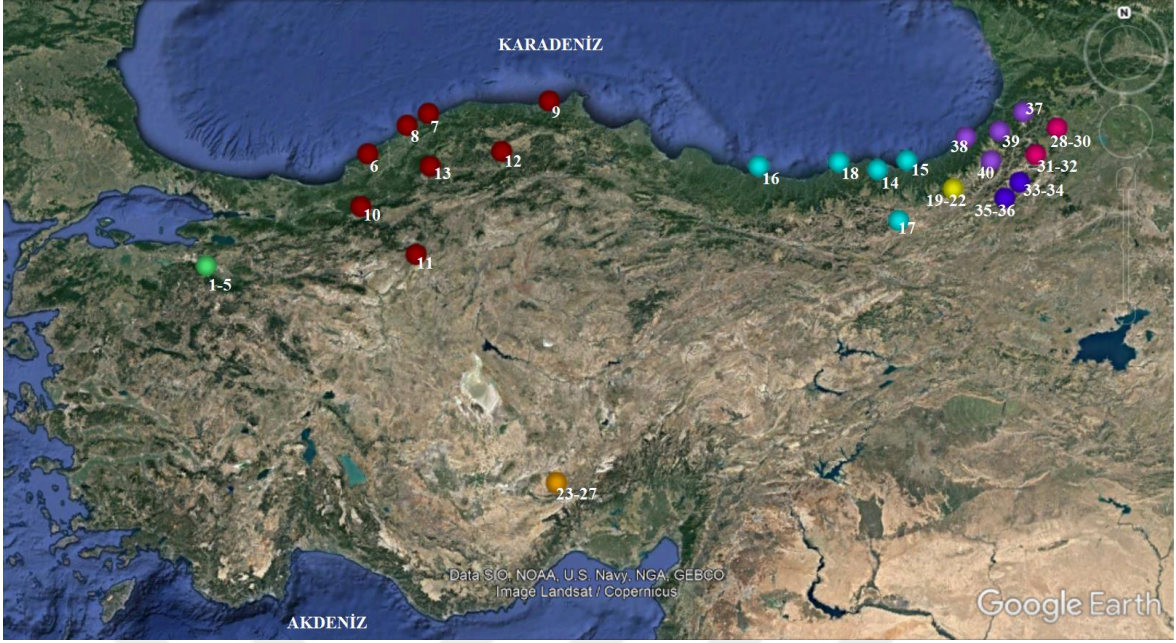
### 2.2. *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886) ve *Darevskia bithynica* (Méhely, 1909) Türlerinin Genel Özellikleri

Lacertidae familyasının üyeleri tipik bir kertenkelenin vücut yapısına sahip olup boyları nadiren 230 cm’den fazladır. Madagaskar ve Avustralya dışındaki tüm eski dünyaya geniş olarak yayılmışlardır. Baş yapıları oransal olarak küçüktür ve büyük simetrik boynuzumsu plakalar ile örtülüdür. Pulların altında ise kemik plakalar bulunmamaktadır. Gözkapakları hareketli olup, gözbebekleri yuvarlaktır. Bazen alt göz kapağında saydam bir kısım bulunur. Kulak açıklığı her zaman bulunur. Dilleri uzun ve çatalıdır. Dişleri homodont (hepsi aynı yapıda) ve çenelerin iç kenarlarına dizilmiş durumdadırlar. Her zaman 4 bacaklıdırlar ve bacaklar iyi gelişmiştir. Her ayakta 5 parmak vardır. Çok hızlı koşar ve hemen saklanabilirler. Renkleri çok değişkendir. Kurak yerlerde yaşayanlar daha çok kahverengi olmalarına karşın sıcak ve yeşil yerlerde yaşayanların çoğunluğu yeşildir.

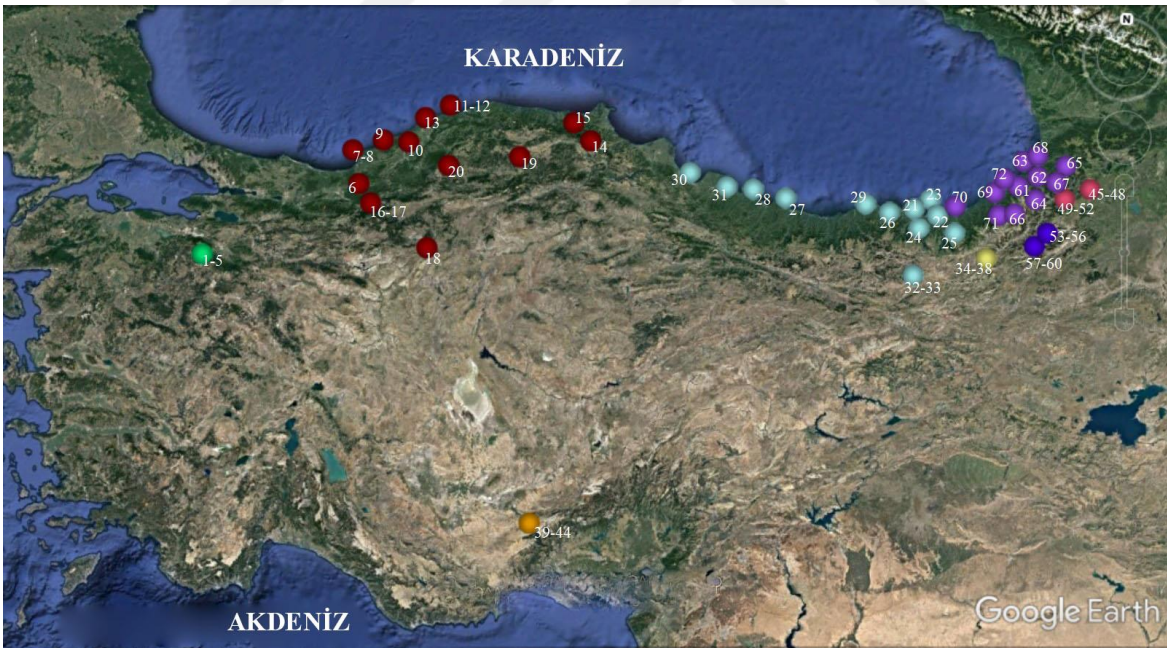
Birçoğu, boyutları ve şekli popülasyonlara göre değişen boyuna şeritler ve benekler taşır. Kumlu, taşlı ve kısa otlu arazilerde bulunurlar. Nadiren ağaçlara tırmanırlar. Ancak pek azı ormanda bulunur. Gündüz aktiftirler, genellikle güneşli ve yarı kurak yerleri tercih ederler. Nemli yerleri sevenlerin sayısı ise çok azdır. Hemen hepsi küçük omurgasızlarla, özellikle böceklerle beslenirler. Bazı türlerin bazı meyveleri yedikleri de bilinmektedir. Bazı küçük adalarda yaşayanları sadece bitki yerler. Kuyruğun kopma noktası 6. kuyruk omurunu 7. omura bağlayan kıkırdağımsı bir yerdir. Kuyruk her zaman uzundur ve kolayca kopabilir. Kopan kuyruk kendi kendine bir süre hareket eder. Buradaki kasların ani kasılmasıyla kuyruk kopar. Yenilenen kuyrukta ise omur yapısı yoktur. Özellikle erkek bireylerin arka femur bölgelerinde bulunan porlardan çıkan bazı salgılar, çiftleşme döneminde diğer erkek bireylere territoryumu bildirir. Tamamına yakını ovipardır. Yalnızca *Lacerta*, *Eremias* ve yüksek dağlarda yaşayan bazı cinslerin bazı türlerinde ovovivipar durumu görülür. *Lacertidae* familyasına ait alt türlerin birçoğu, lokal popülasyonlarda birçok değişiklikler gösterdiğinden; bu lokal popülasyonların da bir alttür olma olasılığını her zaman göz önünde tutmak gerekir (Demirsoy, 2006).

Vücut boyu genellikle 26 santimetredir, sırt pulları yuvarlak olmasının yanında hafif karinalıdır. Arka bacaklar üzerinde yer alan pullar ise büyük ve karinalıdır. Sırt tarafı yeşilden griye veya kahverengiye kadar değişir ve bu zemin üzerinde küçük ve koyu lekeler vardır. Bu lekeler enine dizilidir veya iki boyuna sıra teşkil eder. Koyu gövde yanları üzerinde küçük yuvarlak ve beyaz lekeler bulunur. Karın tarafı sarımsı veya yeşilimsi beyaz yahut mavimsidir. Üreme zamanı erkeklerin karın yanlarındaki plakları parlak mavi veya menekşe rengi olur.

Orman içi sarp yamaç ve kuru nehir yataklarında, kayalık ve taşlık kısımlarda yaşar. Taş duvarlarda görülür ve ağaçlara tırmanabilir. Besinlerini böcek ve yumuşakça türleri teşkil eder. Bazen diğer kertenkele yavrularını da yer. Bir dişi 4-8 yumurta bırakır. Türkiye’de batıda Bursa civarından doğuya doğru Anadolu’nun kuzey tarafları (Baran vd., 2005) ile Niğde ilinde (Arribas vd., 2013) yayılış gösterir. Deniz seviyesinden itibaren 2400 metre yüksekliğe kadar görülebilir (Baran vd., 2005). *D. bithynica* türü *D. rudis* ile benzer morfolojik özelliklere sahip olmasına rağmen baş üzerinde yer alan plaklarda bulunan bazı farklılıklar, vücut boyu ve bazı osteolojik esaslara göre *D. rudis* türünden ayrılmıştır (Arribas vd., 2013).



Şekil 5. Mikrosatellit DNA çalışması için *Darevskia rudis* ve *Darevskia bithynica* türlerine ait kertenkele örneklerinin Türkiye’de yakalandığı lokaliteler. Numaralandırılan lokalitelere ait bilgiler Tablo 1’de açıklanmıştır.



Şekil 6. Mitokondriyal DNA çalışması için *Darevskia rudis* ve *Darevskia bithynica* türlerine ait kertenkele örneklerinin Türkiye’de yakalandığı lokaliteler. Numaralandırılan lokalitelere ait bilgiler Tablo 2’de açıklanmıştır.

Tablo 1. Du215, Du281 ve Du323 lokusunun sekans çalışmaları tamamlanan *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının isimleri ve buldukları lokaliteler.

Mikrosatellit DNA			
No	Alttür	Lokalite	Örneklerin Yakalandığı Yıl
1-5	<i>D. b. bithynica</i>	Bursa-Uludağ	2012
6	<i>D. b. tristis</i>	Zonguldak-Kozlu	2013
7	<i>D. b. tristis</i>	Bartın-Kurucaşile	2016
8	<i>D. b. tristis</i>	Bartın-Amasra	2016
9	<i>D. b. tristis</i>	Sinop-Ayancık	2017
10	<i>D. b. tristis</i>	Bolu-Merkez	2017
11	<i>D. b. tristis</i>	Bolu-Ankara	2017
12	<i>D. b. tristis</i>	Kastamonu	2017
13	<i>D. b. tristis</i>	Karabük	2017
14	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon-Derecik	2011
15	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon-KTÜ	2010
16	<i>D. r. rudis</i>	Ordu-Perşembe	2011
17	<i>D. r. rudis</i>	Gümüşhane-Köse	2013
18	<i>D. r. rudis</i>	Giresun-Görece	2011
19-22	<i>D. r. mirabilis</i>	Rize-Ovit Geçiti	2014
23-27	<i>D. r. bolcardaghica</i>	Niğde-Ulukışla	2017
28-30	<i>D. r. macromaculata</i>	Artvin-Çamgeçiti	2014
31-32	<i>D. r. macromaculata</i>	Artvin-Hocaköy	2014
33-34	<i>D. r. obscura</i>	Ardanuç-Bilbilan	2014
35-36	<i>D. r. obscura</i>	Ardanuç-Bilbilan (aşağı kısım)	2014
37	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Lekoban	2014
38	<i>D. r. bischoffi</i>	Rize-Ardeşen	2014
39	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Murgul	2014
40	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Beşpare	2014

Tablo 2. 16S rRNA ve cytb gen bölgelerinin sekans çalışmaları tamamlanan *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarının isimleri ve buldukları lokaliteler.

Mitokondriyal DNA							
No	Alttür	Lokalite	Örneklerin Yakalandığı Yıl	No	Alttür	Lokalite	Örneklerin Yakalandığı Yıl
1-5	<i>D. b. bithynica</i>	Bursa-Uludağ	2012	31	<i>D. r. rudis</i>	Samsun-Terme	2013
6	<i>D. b. tristis</i>	Düzce-Yığılca	2012	32-33	<i>D. r. rudis</i>	Gümüşhane-Köse	2013
7-8	<i>D. b. tristis</i>	Zonguldak-Alaplı	2013	34-38	<i>D. r. mirabilis</i>	Rize-Ovit Geçiti	2014
9	<i>D. b. tristis</i>	Zonguldak-Kozlu	2013	39-44	<i>D. r. bolkardaghica</i>	Niğde-Ulukışla	2017
10	<i>D. b. tristis</i>	Zonguldak-Çaycuma	2016	45-48	<i>D. r. macromaculata</i>	Artvin-Çamgeçiti	2014
11-12	<i>D. b. tristis</i>	Bartın-Kurucaşile	2016	49-52	<i>D. r. macromaculata</i>	Artvin-Hocaköy	2014
13	<i>D. b. tristis</i>	Bartın-Amasra	2016	53-56	<i>D. r. obscura</i>	Ardanuç-Bilbilan	2014
14	<i>D. b. tristis</i>	Sinop-Merkez	2016	57-60	<i>D. r. obscura</i>	Ardanuç-Bilbilan	2014
15	<i>D. b. tristis</i>	Sinop-Ayancık	2017			(aşağı kısım)	
16-17	<i>D. b. tristis</i>	Bolu	2017	61	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Yeşilköy	2014
18	<i>D. b. tristis</i>	Bolu-Ankara	2017	62	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Murgul	2014
19	<i>D. b. tristis</i>	Kastamonu	2017	63	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Esenkiyı	2014
20	<i>D. b. tristis</i>	Karabük	2017	64	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Hatila Vadisi	2014
21	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon- Çağlayan	2010	65	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Yanıklı	2014
22	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon-Yıldızlı	2010	66	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Beşpare	2014
23	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon-Arsin	2010	67	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Lekoban	2014
24	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon-KTÜ	2010	68	<i>D. r. bischoffi</i>	Artvin-Kemalpaşa	2014
25	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon-Sürmene	2011	69	<i>D. r. bischoffi</i>	Rize-Ardeşen	2014
26	<i>D. r. rudis</i>	Trabzon-Derecik	2011	70	<i>D. r. bischoffi</i>	Rize-İyidere	2014
27-28	<i>D. r. rudis</i>	Ordu-Perşembe	2011	71	<i>D. r. bischoffi</i>	Rize-Ayder	2014
29	<i>D. r. rudis</i>	Giresun-Görele	2011	72	<i>D. r. bischoffi</i>	Rize-Fındıklı	2014
30	<i>D. r. rudis</i>	Samsun-Merkez	2011				

*D. r. rudis* örnekleri 2010-2013 yıllarının yaz aylarında; *D. r. mirabilis*, *D. r. macromaculata*, *D. r. obscura* ve *D. r. bischoffi* örnekleri 2014 yılının Temmuz-Ağustos aylarında; *D. r. bolcardaghica* örnekleri ise 2017 yılının Temmuz ayında yapılan arazi çalışmalarıyla toplanmıştır. Bu çalışmada kullanılan *D. bithynica* türüne ait örneklerin nominant alttürünü kapsayan *D. b. bithynica* örnekleri 2012 yılının yaz aylarında yapılan arazi çalışmalarında toplanırken *D. b. tristis* alttürüne ait bireyler ise 2012-2017 yıllarının yaz aylarında toplanmıştır. (Türkiye Cumhuriyeti, Tarım ve Orman Bakanlığı, örnek yakalama izin numarası: 72784983-488.04-70542).

### 2.3. Mikrosatellit Lokuslara Ait Deneysel Çalışmalar

Söz konusu türlerin Türkiye'deki dağılış alanlarının çok büyük bir kısmından elle yakalanan kertenkele örnekleri Karadeniz Teknik Üniversitesi, Zooloji Araştırma Laboratuvarı'na getirilmiştir. MS 222 ile bayıltılan kertenkele örneklerine ait morfolojik veriler foliodosis sayımları ile sayısal olarak ve dorsal, ventral ve lateralden çekilen fotoğrafları ile görsel olarak kayıt altına alınmıştır. Her bireye ait genomik DNA örneklerinin elde edilebilmesi için kertenkele örneklerinin arka üyelerindeki en uzun parmağın ucundan doku örnekleri alınmıştır. Alınan doku örnekleri deneysel çalışmalar başlayıncaya kadar -20 C°'de ve %96'lık alkolün içerisinde saklanmıştır. Anadolu'da oldukça farklı dağılış alanlarından temin edilen kertenkele örnekleri doku örnekleri alındıktan sonra Karadeniz Teknik Üniversitesi, Zooloji Lab.-1'de daha sonraki çalışmalarda kullanılması amacıyla %70'lik alkol içerisinde saklanmıştır. (Karadeniz Teknik Üniversitesi, 53488718-566/2015/38).

Genomik DNA'nın elde edilmesi aşamasında doku örnekleri Nucleospin DNA izolasyon kitleri ile üretici firmanın sağlamış olduğu protokol esas alınarak ve manuel olarak gerçekleştirilmiştir. Daha sonra bu karışım, sıcaklığı 56 C° olan etüvde ve 2µl'lik eppendorfların içerisinde bir gece bekletilmiştir. Etüvden çıkarılan doku örnekleri DNA izolasyonları başlatılmadan önce yavaştan orta hıza yükselen değerlerde vortekse tabi tutulmuşlardır. Doku örneklerinin elle (manuel) yapılan izolasyonu 4 gün içerisinde tamamlanmıştır. DNA izolasyonları başarılı bir şekilde gerçekleştirilen doku örnekleri etiketlenerek +4 C°'de saklanmıştır.



Mikrosatellit lokuslara ait kullanılacak primerlerin belirlenmesi aşamasına gelindiğinde, literatür titizlikle taranmıştır. Literatür taramaları sonucunda Beaumont ve Bruford (1999)'un yaptıkları bir araştırmada mikrosatellit bölgesi ile “flanking” dizisinin korunmuş olup olmamasına bağlı olarak; bir türde veya cinsten geliştirilen mikrosatellit primerlerinin yakın başka bir tür veya cinsten kullanılmak üzere adapte edilebileceği bilgisine erişilmiştir. Mikrosatellit lokuslara ait kullanılacak primerlerin seçilmesi aşamasında benzer bir bilgi Chambers ve MacAvoy (2000) tarafından da rapor edilmiştir.

Bu tez çalışmasında, daha önce *Darevskia unisexualis* için geliştirilmiş olan primerler (Korchagin vd., 2007) kullanılmıştır. Bu primerler ayrıca Girnyk vd. (2017) tarafından *Darevskia armeniaca* türüne ait 4 mikrosatellit lokusunun allelik varyantlarının genetik karakterizasyonlarının belirlenmesinde de kullanılmıştır. Korchagin vd. (2007) tarafından *D. unisexualis* türü için tasarlanan 5 mikrosatellit primerinden 3'ü başarılı bir şekilde bu tez çalışmasında uygulanmıştır.

*Darevskia* cinsi için kullanılan 5 primerden 3 tanesi (Du215, Du281 ve Du323) başarılı bir şekilde *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerine ait bireylerde kullanılmıştır. Du281 ve Du323 lokuslarına ait primerler benzer reaksiyon şartlarında optimize edilirken Du215 lokusuna ait primerler daha yüksek reaksiyon şartlarında optimize edilmiştir. Her bir lokus için optimize edilen primer bağlanma sıcaklıkları Tablo 3'te verilmiştir. PCR reaksiyonu toplam 40 µl hacimde gerçekleştirilmiştir. Reaksiyon karışımı her bir 3 µl'lik DNA örneği için; 20 µl 2X multiplex mix, 1 µl ileri yönlü primer, 1 µl geri yönlü primer ve 15 µl ddH<sub>2</sub>O olacak şekilde hazırlanmıştır. Reaksiyonlar PCR cihazı Applied Biosystems (Veriti, Well 96) ile her bir primer için başlangıç denatürasyonu; 95 C° 15 dk, denaturasyon; 95 C° 20 sn, primer bağlanma sıcaklıkları 54 C° her bir lokus için 1 dk, uzama; 72 C° 2 dk ve son uzama; 72 C° 10 dk olarak ayarlanarak 30 döngü şeklinde gerçekleştirilmiştir (Tablo 4). Du47 lokusu tüm PCR deneme çalışmalarına rağmen *D. rudis* ve *D. bithynica* bireylerinde çalıştırılmamıştır. Du418 lokusuna ait ileri ve geri yönlü primerler ise çok sayıda dejeneratif GATA tekrarları içermesi sebebiyle *D. rudis* ve *D. bithynica* bireylerinde başarılı bir şekilde kullanılmamıştır. *Darevskia* cinsine ait mikrosatellit çalışmalarında Du418 ve Du47 lokusları; Du215, Du281 ve Du323 lokuslarına oranla daha az çalışılmıştır.

Tablo 3. Bu tez çalışmasında kullanılan mikrosatellit lokusların adları, primerler (5'-3')<sup>a</sup> ve primerlerin optimize edildiği sıcaklık dereceleri.

Lokus Adı	Primer (5'-3') <sup>a</sup>	T <sub>a</sub> (C°)
Du215	F: CAACTAGCAGTAGCTCTCCAGA	54
	R: CCAGACAGGCCCAACTT	
Du281	F: TTGCTAATCTGAATAACTG	48
	R: TCCTGCTGAGAAAGACCA	
Du323	F: AAGCAGACTGTACAAAATCCCTA	48
	R: ACTGATCTAAAGACAAGGTAAAAT	
Du418	F: AATGCAACAGGTGGATAATACTT	-
	R: TCTCTAATACAGCTTGCCATAAA	
Du47	F: ATACAACCGCAATACACAATA	-
	R: TGAAGTGGAGCAGAGCACTAAATA	

Tablo 4. Mikrosatellit lokusları için belirlenen PCR kondisyonu.

PCR Kondisyonu	Mikrosatellit Bölgeleri		
	Du215, Du281, Du323 ve Du418 Lokusları		
	Sıcaklık (C°)	Süre	Tekrar Miktarı (Döngü)
Birinci Denatürasyon	95	15 dk	1
Denatürasyon	95	20 sn	30
Bağlanma	54	1 dk	
Yeni Zincir Sentezi	72	2 dk	
Final Zincir Sentezi	72	10 dk	1

PCR işlemlerine ait tüm basamaklar başarılı bir şekilde gerçekleştirildikten sonra örnekler, etidyum bromid yoğunluğu 0,01 mg (1mg/100µl) olacak şekilde hazırlanan %8'lik poliakrilamid jele, 5µl PCR ürünü ile 1 µl 6X yükleme boyası (loading dye) ve 5µl, 100 bp'lik DNA boy belirteci (markır) yüklenmiş ve 1X TBE tampon sistemi içerisinde yürütülmüştür. Jellerin yürütülme süresi, örneklerin yürüme hızı ve DNA boy belirtecinin açılmasına bağlı olarak 40 dakika, 100V/cm'e ayarlanmıştır. Etidyum bromid ile boyanan DNA parçaları UV illüminatörle görüntülenmiştir.

Kayıt altına alınan görüntüler üzerinden PCR çoğaltmasının etkin olup olmadığı, etkinse PCR ürün boyunun beklenen ürün boyu ile benzerlik gösterip göstermediği kontrol

edilmiştir. PCR çoğalması etkin olmayan tüm örnekler tekrar PCR çalışmasına tabi tutulmuş ve hedeflenen tüm örnekler çalışmaya dâhil edilmiştir. Söz konusu gen bölgelerinin (Du215, Du281, Du323 ve Du418) çoğaltılan ürünlerine ait boyları yaklaşık olarak 200-300 baz çifti arasındadır. Kuvvetli bantlaşmalar göstererek PCR çalışması başarılı şekilde tekrarlanan tüm örnekler 4 C° de bekletilmiştir. Daha ileri vakitlerde -ihtiyaç halinde- kullanılması planlanan PCR ürünleri ise derin dondurucuya (-20 C°) konulmuştur.

Seçilen gen bölgelerinden çoğaltılan DNA örnekleri, pürifikasyonlarının yapılması ve çift yönlü okutulması için Macrogen, (Avrupa) Şirketi'ne gönderilmiştir.

### **2.3.1. Sekans Dizilimlerine Ait Varyansların Belirlenmesi ve Varyansların Popülasyonlar ile İlişkisinin Değerlendirilmesi**

Bu çalışma kapsamında *D. rudis* kompleksine ait popülasyonlardan toplanan örneklerde incelenen lokusların (Du215, Du281 ve Du323) her birine ait varyanslar belirlenmiştir. Lokuslara ait varyanslar belirlenirken PCR yardımıyla çoğaltılan bölgelerde yer alan mikrosatellit kümelerindeki nükleotit dizilimleri ile flanking bölgelerde yer alan nükleotit değişimleri esas alınmıştır. Bir başka deyişle her bir gen bölgesi için incelenen tüm örneklerin büyük bir çoğunluğunun birbirinin aynısı tekrarlar içeren mikrosatellit kümelerine sahipken, bir kısmının bu benzerlikten ayrı olarak nükleotit farklılık/farklılıklarından dolayı değişik sayılarda mikrosatellit tekrarlara sahip olduğu belirlenmiştir. Ayrıca incelenen lokuslarda bazı örneklere ait sekansların farklı sayılarda içerdiği mikrosatellit tekrarların oluşturduğu farklılıklar ile flanking bölgelerde yer alan nükleotit değişimlerinin popülasyonlar arasındaki dağılımları hakkında bilgi verilmiştir.

Du215, Du281 ve Du323 lokuslarına ait allellerin uzunlukları 190 bp ile 428 bp arasında değişmektedir. Du215, Du281 ve Du323 lokuslarına ait tüm sekanslar Primer3 (Koressaar ve Remm, 2007; Untergasser vd., 2012) programında doğrulanmış ve hizalanmıştır. Hizalanan dizilerde ikili, üçlü ya da dördü mikrosatellit tekrarlarının belirlenmesi de Primer3 programında yapılmıştır. Dördü mikrosatellit tekrarları (GATA)<sub>n</sub> Du215, Du281 ve Du323 lokuslarında gözlenmiş olup Du323 lokusunda ilaveten ikili mikrosatellit tekrarları (AC)<sub>n</sub> tespit edilmiştir. Mikrosatellit tekrarlar her bir bireyde ve her bir lokus için tespit edildikten sonra popülasyonlar arası ilişkilerin irdelenmesi için CLC DNA Workbench 5 (CLC bio, Aarhus, Denmark) programında korunan ve değişen bölgeler belirlenmiştir.

*Darevskia* cinsine ait mikrosatellit lokusların allelik varyasyonu hakkında literatürde sınırlı sayıda çalışma vardır ve bu çalışmalar çoğunlukla partenogenetik türlerde klonal çeşitlilik ile klon oluşumunu incelemek için geliştirilen genotip çalışmalarını içermektedir. Du215, Du281, Du323, Du418 ve Du47 lokuslarına ait primerler ilk kez Koç vd. (2017) tarafından *Darevskia* cinsinin biseksüel türlerinde (*D. rudis* ve *D. bithynica*) kullanılmış ve söz konusu lokusların 4 tanesinde fragment analizleri çalışılmıştır. Bu çalışma kapsamında ise belirtilen lokusların sekansları ortaya çıkarılmıştır. Her bir haplotip sekansı için Genbank kayıt numaraları Tablo 5’ te verilmiştir.

Tablo 5. Mikrosatellit lokuslara (Du215, Du281 ve Du323) ait Genbank kayıt numaraları.

Allel varyantları	Mikrosatellit Küme Yapısı	Genbank Kayıt Numarası
Du215(rud) <sub>1</sub>	GAT(GATA) <sub>11</sub> GCAA	MK496246
Du215(rud) <sub>2</sub>	GAT(GATA) <sub>11</sub> GCAA	MK496247
Du215(rud) <sub>3</sub>	GAT(GATA) <sub>7</sub> GCAA	MK496248
Du215(rud) <sub>4</sub>	GAT(GATA) <sub>10</sub> GCAA	MK496249
Du215(rud) <sub>5</sub>	GAT(GATA) <sub>9</sub> GCAA	MK496250
Du215(rud) <sub>6</sub>	GAT(GATA) <sub>5</sub> GCAA	MK496251
Du215(rud) <sub>7</sub>	GAT(GATA) <sub>5</sub> GCAA	MK496252
Du281(rud) <sub>1</sub>	(GATA) <sub>5</sub> (GAT) <sub>2</sub>	MK496253
Du281(rud) <sub>2</sub>	(GATA) <sub>5</sub> (GAT) <sub>2</sub>	MK496254
Du281(rud) <sub>3</sub>	(GATA) <sub>6</sub> GAT	MK496255
Du281(rud) <sub>4</sub>	(GATA) <sub>7</sub> (GAT) <sub>2</sub>	MK496256
Du281(rud) <sub>5</sub>	(GATA) <sub>7</sub> (GAT) <sub>2</sub>	MK496257
Du281(rud) <sub>6</sub>	(GATA) <sub>8</sub> (GAT) <sub>2</sub>	MK496258
Du281(rud) <sub>7</sub>	(GATA) <sub>9</sub>	MK496259
Du281(rud) <sub>8</sub>	(GATA) <sub>10</sub>	MK496260
Du323(rud) <sub>1</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>13</sub> GATATAT(GA) <sub>4</sub>	MK496261
Du323(rud) <sub>2</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>13</sub> GATATAT(GA) <sub>4</sub>	MK496262
Du323(rud) <sub>3</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>13</sub> GATATAT(GA) <sub>4</sub>	MK496263
Du323(rud) <sub>4</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>4</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub>	MK496264
Du323(rud) <sub>5</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>4</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub>	MK496265
Du323(rud) <sub>6</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>10</sub> GAT(GA) <sub>4</sub>	MK496266
Du323(rud) <sub>7</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>6</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub>	MK496267
Du323(rud) <sub>8</sub>	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>6</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub>	MK496268

## 2.4. Mitokondriyal DNA'ya Ait Deneysel Çalışmalar

Doku izolasyonları literatür esas alınarak yukarıda belirtildiği şekilde yapılan ve +4° C'de bekletilen DNA örneklerinin mitokondriyal gen bölgeleri için 16S rRNA (Palumbi vd., 1991) ve cytb (Palumbi, 1996) primerleri seçilmiştir.

Söz konusu primerler *Darevskia* cinsinin farklı birçok türünde yıllardır başarılı bir şekilde kullanılmaktadır [16S rRNA için: *Darevskia derjugini* (Fu, 1999), *Darevskia clarkorum* (Fu, 1999), *Darevskia daghestanica* (Fu, 1999), *Darevskia praticola* (Fu, 1999) ve *Darevskia brauneri* (Fu, 1999); cytb için: *Darevskia praticola* (Saber-Pirooz vd., 2018); *Darevskia parvula* (Arribas vd., 2018) ve *Darevskia valentini* (Candan vd., 2017)].

16S rRNA gen bölgesi için seçilen ileri ve geri yönlü primerler uygun reaksiyon şartları altında 48 - 54 C° sıcaklıkları arasında optimize olurken; bu değer cytb gen bölgesi için seçilen ileri ve geri yönlü primerler uygun reaksiyon şartları altında 50-55 C° olarak belirlenmiştir.

Her bir mitokondriyal gen bölgesi için optimize edilen primer bağlanma sıcaklıkları Tablo 6'da verilmiştir. PCR reaksiyonu toplam 50 µl hacimde gerçekleştirilmiştir. Reaksiyon karışımı her bir 2 µl'lik DNA örneği için; 25 µl 2X multiplex mix, 1,25 µl ileri yönlü primer, 1,25 µl geri yönlü primer ve 20,5 µl ddH2O olacak şekilde hazırlanmıştır. Reaksiyonlar PCR cihazı Applied Biosystems (Veriti, Well 96) ile her bir primer için başlangıç denatürasyonu; 94 C° 3 dk, denaturasyon; 94 C° 30 sn, primer bağlanma sıcaklıkları 48-54 C° her bir lokus için 30 sn, uzama; 72 C° 1 dk ve son uzama; 72 C° 8 dk olarak ayarlanarak 34 döngü şeklinde gerçekleştirilmiştir (Tablo 7).

Tablo 6. Bu çalışmada kullanılan mitokondriyal gen bölgelerinin adları, primerler (5'-3')a ve primerlerin optimize edildiği sıcaklık dereceleri.

Lokus Adı	Primer (5'-3') <sup>a</sup>	T <sub>a</sub> (C°)
16S rRNA	F: CGCCTGTTTATCAAAAACAT	48-54
	R: CCGGTCGAAACTCAGATCACGT	
cytb	F: TGACTIONGAARAACAYCGTTG	50-55
	R: CCCTCAGAATGATATTTGTCCTCA	

Tablo 7. 16S rRNA geni için belirlenen PCR kondisyonu.

PCR Kondisyonu	16S rRNA		
	Sıcaklık (C°)	Süre	Tekrar Miktarı (Döngü)
Birinci Denatürasyon	94	3 dk	1
Denatürasyon	94	30 sn	34
Bağlanma	48-54	30 sn	
Yeni Zincir Sentezi	72	1 dk	
Final Zincir Sentezi	72	8 dk	1

Cytb geni için PCR reaksiyonu toplam 50 µl hacimde gerçekleştirilmiştir. Reaksiyon karışımı her bir 1 µl'lik DNA örneği için; 25 µl 2X multiplex mix, 1,25 µl ileri yönlü primer, 1,25 µl geri yönlü primer ve 21,5 µl ddH<sub>2</sub>O olacak şekilde hazırlanmıştır. Reaksiyonlar PCR cihazı Applied Biosystems (Veriti, Well 96) ile her bir primer için başlangıç denatürasyonu; 94 C° 5 dk, denaturasyon; 94 C° 60 sn, primer bağlanma sıcaklıkları 50-55 C° her bir lokus için 60 sn, uzama; 72 C° 1 dk ve son uzama; 72 C° 70 sn olarak ayarlanarak 35 döngü şeklinde gerçekleştirilmiştir (Tablo 8).

Tablo 8. Cytb geni için belirlenen PCR kondisyonu.

PCR Kondisyonu	cytb		
	Sıcaklık (C°)	Süre	Tekrar Miktarı (Döngü)
Birinci Denatürasyon	94	5 dk	1
Denatürasyon	94	60 sn	35
Bağlanma	50-55	60 sn	
Yeni Zincir Sentezi	72	1 dk	
Final Zincir Sentezi	72	70 sn	1

PCR işlemlerine ait tüm basamaklar başarılı bir şekilde gerçekleştirildikten sonra örnekler etidyum bromid yoğunluğu 0,01 mg (1mg/100µl) olacak şekilde hazırlanan %1'lik agaroz jele, 7µl PCR ürünü yüklenmiş ve 1X TBE tampon sistemi içerisinde yürütülmüştür. Jellerin yürütülme süresi, örneklerin yürüme hızına bağlı olarak 45 dakika, 100V/cm'e

ayarlanmıştır. Etidyum bromid ile boyanan DNA parçaları UV illüminatörle görüntülenmiştir.

Kayıt altına alınan görüntüler üzerinden PCR çoğaltmasının etkin olup olmadığı, etkinse PCR ürün boyunun beklenen ürün boyu ile benzerlik gösterip göstermediği kontrol edilmiştir. PCR çoğaltması etkin olmayan tüm örnekler tekrar PCR çalışmasına tabii tutulmuş ve hedeflenen tüm örnekler çalışmaya dâhil edilmiştir. Söz konusu gen bölgelerinin (16S rRNA ve cytb) çoğaltılan ürünlerine ait boyları yaklaşık olarak 150-250 baz çifti arasındadır. Kuvvetli bantlaşmalar göstererek PCR çalışması başarılı şekilde tekrarlanan tüm örnekler 4 C°'de bekletilmiştir. Daha ileri vakitlerde -ihtiyaç halinde- kullanılması planlanan PCR ürünleri ise derin dondurucuya (-20 C°) konulmuştur.

Seçilen gen bölgeleri çoğaltılan DNA örnekleri pürifikasyonlarının yapılması ve çift yönlü okutulması için Macrogen, Avrupa Şirketi'ne gönderilmiştir.

#### **2.4.1. Mitokondriyal DNA'ya Ait Sekans Dizilimleri ve Filogenetik Analizler**

*D. rudis* ve *D. bithynica* türleri ve alttürlerine ait mitokondriyal gen bölgelerinin (16S rRNA ve cytb) sekansları Bioedit ver. 7.0.5.3 (Thompson vd., 1997) programı kullanılarak düzenlenmiştir. DNA baz dizilişleri Nexus formatına dönüştürülüp, TCS (Clement vd., 2000) programı kullanılarak her bir gen bölgesi için haplotipler belirlenmiş ve tür içi varyasyonu gösteren bir ağ oluşturulmuştur (Bülbül, 2013). Her bir haplotip sekansı için Genbank kayıt numaraları Tablo 9'da verilmiştir.

DNA dizin analizi sonucunda evrimsel ağaçların oluşturulması için PAUP\* 4.0b10 (Phylogenetic Analysis Using Parsimony; Swofford, 2000) paket programı kullanılmış; neighborjoining analizi, maksimum parsimony (en yüksek tutumluluk) ve maksimum likelihood (en yüksek olasılık ve genetik uzaklık) analizleri kullanılarak *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerinin birbirleriyle olan evrimsel ilişkileri ile türler ve alttürler içi varyasyonlar ortaya konulmuştur. Ayrıca MrBayes 3.0b4 (Ronquist ve Huelsenbeck, 2003) programı kullanılarak Bayesian Analizi yapılmıştır.

Neighbor-Joining Analizi ile en yüksek olasılık ve genetik uzaklık analizi olan Maksimum Olasılık Analizi (Maximum Likelihood Analyses) buluşsal (höristik) metoda göre Modeltest programında bulunan baz değişim modeli dikkate alınarak, 10.000 rastgele ilave kopya, TBR (Tree-bisection-reconnection) yöntemi ve 1000 tekrarlı seç-bağla testi ile yapılmıştır.

En yüksek tutumluluk analizi olan Maksimum Parsimoni Analizi buluşsal (höristik) (heuristik search) inceleme metoduna göre Modeltest programında bulunmuş baz değişim modellerini dikkate alarak, 10.000 rastgele ilave kopya, TBR (Tree-bisection-reconnection) ve MulTree yöntemleri kullanılarak yapılmıştır. Seç-bağla testi (Boot-straping) ise 1000 tekrar ile gerçekleştirilmiştir.

Bayesian Analizi, nexus formatına dönüştürülen DNA baz dizilerini içeren veri dosyası ile MrBayes programında (Ronquist ve Huelsenbeck, 2003) yapılmıştır. Bu analiz yapılırken jModeltest (Darriba vd., 2012) programının baz değişim modelleri arasından model seçilmiştir. Analizde dört Markov zinciri (MCMC) kullanılmış ve her bir zincirde yer alan her 100. örnek kaydedilmiştir. Bayesian analizinde Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) jenerasyon sayısı = 20 milyon; örnekleme sıklığı = 100; burn-in =%25 ayarları kullanılmıştır. Yakılacak miktarın belirlenmesi MrBayes 3.2.3 (Ronquist ve Huelsenbeck, 2003) programı ile  $-\log$  likelihood ( $-\ln L$ ) yakınsama kontrolörü ile belirlenmiştir. NJ, ML and MP soy ağaçları 1000 bootstrap analizi içeren opsiyonlarda çalışılmış ve elde edilen BI ağaçlarının istatistiksel sonuçları Bayesian posterior olasılık (BPP) değerleri temel alınarak belirlenmiştir.

NJ, ML, MP ve BI analizleri için en uygun evrimsel baz değişim modeli Modeltest 3.7 (Posada ve Crandall, 1998) programı kullanılarak, hRLT (Hierarchial Likelihood Ratio Tests) bilgilerine göre AICc (corrected Akaike's information criteria) değerleri esas alınarak tespit edilmiştir.



Tablo 9. Mitokondriyal DNA gen bölgelerine ait haplotip, alttür, lokalite ve (16S rRNA ve cytb) Genbank kayıt numaraları.

No	Haplotip	Alttür	Lokalite	Genbank Kayıt Numarası	
				16S rRNA	cytb
1	ulu1	<i>bithynica</i>	Bursa-Uludağ-1	MK496223	MK503099
2	ulu2	<i>bithynica</i>	Bursa-Uludağ-2	MK496224	MK503100
3	ulu3	<i>bithynica</i>	Bursa-Uludağ-3	-	MK503101
4	yig	<i>tristis</i>	Düzce-Yığılca	MK496229	MK503106
5	ala1	<i>tristis</i>	Zonguldak-Alaplı-1	-	MK503107
6	ala2	<i>tristis</i>	Zonguldak-Alaplı-2	-	MK503108
7	koz	<i>tristis</i>	Zonguldak-Kozlu	-	MK503104
8	kur1	<i>tristis</i>	Bartın-Kurucaşile-1	MK496225	MK503109
9	kur2	<i>tristis</i>	Bartın-Kurucaşile-2	-	MK503110
10	amas1	<i>tristis</i>	Bartın-Amasra	MK496230	MK503102
11	bolu1	<i>tristis</i>	Bolu-Merkez-1	MK496226	-
12	bolu2	<i>tristis</i>	Bolu-Merkez-2	MK496227	-
13	sin1	<i>tristis</i>	Sinop-Merkez	MK496228	MK503111
14	sin2	<i>tristis</i>	Sinop-Ayancık	MK496232	MK503112
15	ank	<i>tristis</i>	Bolu-Ankara	-	MK503103
16	kast	<i>tristis</i>	Kastamonu	MK496231	MK503105
17	cag	<i>rudis</i>	Trabzon- Çağlayan	-	MK503120
18	yil	<i>rudis</i>	Trabzon-Yıldızlı	-	MK503121
19	ars	<i>rudis</i>	Trabzon-Arsin	MK496238	MK503122
20	der	<i>rudis</i>	Trabzon-Derecik	MK496239	MK503118
21	pers1	<i>rudis</i>	Ordu-Perşembe-1	MK496235	MK503115
22	pers2	<i>rudis</i>	Ordu-Perşembe-2	-	MK503116
23	gir	<i>rudis</i>	Giresun-Görece	MK496236	MK503117
24	sam	<i>rudis</i>	Samsun-Terme	MK496237	MK503119
25	ov1	<i>mirabilis</i>	Rize-Ovit Geçiti-1	MK496240	MK503123
26	ov5	<i>bolcardaghica</i>	Rize-Ovit Geçiti-5	-	MK503124
27	nig1	<i>bolcardaghica</i>	Niğde-Ulukışla-1	MK496233	MK503113
28	nig2	<i>bolcardaghica</i>	Niğde-Ulukışla-2	MK496234	-
29	nig3	<i>bolcardaghica</i>	Niğde-Ulukışla-3	-	MK503114
30	cam1	<i>macromaculata</i>	Artvin-Çamgeçiti-1	-	MK503127
31	cam2	<i>macromaculata</i>	Artvin-Çamgeçiti-2	-	MK503128
32	hoc3	<i>macromaculata</i>	Artvin-Hocaköy-3	MK496242	-
33	gec1	<i>obscura</i>	Arduç-Bilbilan Platosu-1	MK496241	MK503125
34	gec2	<i>obscura</i>	Arduç-Bilbilan Platosu-2	-	MK503126
35	yes	<i>bischoffi</i>	Artvin-Yeşilköy	MK496243	MK503130
36	yan	<i>bischoffi</i>	Artvin-Yanıklı	MK496244	MK503131
37	kem	<i>bischoffi</i>	Artvin-Kemalpaşa	MK496245	MK503129

Bayesian analizine ait soy ağacı hazırlanmasında soy ağacı nodları % 85 ve daha fazla olan Bayesian posterior olasılık (BPP) değerleri esas alınarak hazırlanmıştır.

Her bir gen için doğrulanmamış çift yönlü dizi sapmaları (uncorrected pairwise sequence divergences) MEGA 6.0 v (Tamura vd. 2013) programı kullanılarak

hesaplanmıştır. 16S rRNA geni için literatürden seçilen sekans örnekleri [*Phoenicolacerta laevis* Gen-Bank kayıt numarası: JN673190.1; (Pavlicev vd. 2011) ve *Darevskia parvula* (Gen-Bank kayıt numarası: AF206195.1 (Fu, 1999)] dış grup olarak kullanılmıştır. *cytb* geni için ise literatürden sekans örnekleri [*Phoenicolacerta laevis* (Gen-Bank kayıt numarası: DQ461762.2; Pavlicev ve Mayer, 2006) ile *Darevskia parvula* (Gen-Bank kayıt numarası: U88609.3 (Fu vd., 2000)] dış grup olarak kullanılmıştır.

Bu tez çalışması kapsamında kullanılan tüm kertenkele örnekleri literatürdeki sistematik sınıflandırma göz önünde bulundurularak 8 gruba (*bithynica* grubu, *tristis* grubu, *rudis* grubu, *mirabilis* grubu, *macromaculata* grubu, *obscura* grubu, *bischoffi* grubu ve *bolcardaghica* grubu) ayrılmıştır.



### 3. BULGULAR

#### 3.1. Mikrosatellit DNA Çalışmalarına Ait Bulgular

Tez çalışması kapsamında Du215, Du281 ve Du323 lokuslarına ait sekansların elde edilmesinde 40 kertenkeleden alınan doku örnekleri kullanılırken Du418 ve Du47 lokusları için kullanılan doku örneklerinden başarılı sonuçlar alınamamıştır. Her bir lokus için özel koşullarda hazırlanan PCR çalışmalarının sonuçları 3 mikrosatellit lokusunun (Du215, Du281 ve Du323) *D. rudis* ve *D. bithynica* türleri için polimorfik olduğunu ortaya koymuştur. Anadolu'nun çeşitli popülasyonlarından toplanan 40 bireyde çalışılan lokusların allel yapıları *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarındaki genotipik çeşitliliği belirlemek amacıyla yapılmıştır. Buna göre Du215 lokusu için 7, Du281 ve Du323 lokusları için 8 haplotip ortaya çıkarılmıştır.

Du215 lokusu için benzer sekans yapılarını paylaşan bireyler mikrosatellit tekrarların uzunluklarına, mikrosatellit tekrarların sıralamasına ve flanking bölgelerde tespit edilen nükleotit değişimlerine göre farklı soylar oluşturmuşlardır. Du215 lokusu, 40 bireye ait incelenen sekanslarda 7 farklı soya [Du215(rud)<sub>1</sub> - Du215(rud)<sub>7</sub>] sahiptir. *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerinde en yaygın olarak tespit edilen soylar Du215(rud)<sub>1</sub> ve Du215(rud)<sub>3</sub> soylarıdır. Du215(rud)<sub>1</sub> soyu GAT(GATA)<sub>11</sub>GCAA sekans yapısına sahip olup 10 farklı bireyi temsil ederken Du215(rud)<sub>3</sub> soyu ise GAT(GATA)<sub>7</sub>GCAA sekans yapısına sahip olup 11 farklı bireyi temsil etmektedir. Du215 lokusuna ait Du215(rud)<sub>1</sub> sekans yapısı *D. r. macromaculata* (cam1, cam2 ve cam3), *D. r. obscura* (gec1, gec2 ve gec3) ve *D. r. bischoffi* (lek, ard, mur ve bes) popülasyonlarında görülürken Du215(rud)<sub>3</sub> sekans yapısı ise *D. b. tristis* (ayan, amas ve koz), *D. r. rudis* (per, ktu, gir, kos ve der) ve *D. r. bolkardaghica* (nig1, nig 3 ve nig4) popülasyonlarında tespit edilmiştir. Du215(rud)<sub>4</sub> ve Du215(rud)<sub>5</sub> soylarının ise görülme oranı *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarında Du215(rud)<sub>1</sub> ve Du215(rud)<sub>3</sub> soyları kadar yaygın değildir. Du215(rud)<sub>4</sub> soyu GAT(GATA)<sub>10</sub>GCAA sekans yapısına sahip olup popülasyonlarda 7 bireyi temsil ederken Du215(rud)<sub>5</sub> soyu GAT(GATA)<sub>9</sub>GCAA sekans yapısına sahip olup popülasyonlarda 6 bireyi temsil etmektedir. Du215 lokusunun Du215(rud)<sub>4</sub> soyu *D. b. tristis* (ank, kar, bolu ve kast), *D. r. mirabilis* (ovi3), *D. r. macromaculata* (hoc1) ve *D. r. obscura* (gec4) popülasyonlarında bulunmaktadır. Du215 lokusunun Du215(rud)<sub>5</sub> soyu ise *D. r. bolkardaghica* (nig2 ve nig5), *D. r. macromaculata*

(hoc2) ve *D. r. mirabilis* (ovi1, ovi2 ve ovi4) popülasyonlarında tespit edilmiştir. Du215 lokusunun *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarında incelenen bireylerinde görülme sıklığı en düşük olan soyları Du215(rud)<sub>2</sub>, Du215(rud)<sub>6</sub> ve Du215(rud)<sub>7</sub> soylarıdır. Du215(rud)<sub>2</sub> soyu GAT(GATA)<sub>11</sub>GCAA sekans yapısına sahip olup, yalnızca *D. b. tristis* (kur) ve *D. b. bithynica* (ulu2) popülasyonlarında tespit edilmiştir. Du215(rud)<sub>6</sub> soyu ise *D. b. bithynica* popülasyonunun ulu1, ulu4 ve ulu5 haplotiplerinde tespit edilirken Du215(rud)<sub>7</sub> soyu ise *D. b. bithynica* popülasyonunun yalnızca ulu3 haplotipinde tespit edilmiştir.

Du215 lokusuna ait soyların bulunduğu popülasyonların ayrı ayrı incelenmesi sonucunda *D. r. macromaculata* (cam1, cam2 ve cam3), *D. r. obscura* (gec1, gec2 ve gec3) *D. r. bischoffi* (lek, ard, mur ve bes) popülasyonlarında tespit edilen Du215(rud)<sub>1</sub> soyu ile *D. b. tristis* (kur) ve *D. b. bithynica* (ulu2) popülasyonlarında tespit edilen Du215(rud)<sub>2</sub> soyunun benzer mikrosatellit tekrar sayısına [(GATA)<sub>11</sub>] ve yapısına [GAT(GATA)<sub>11</sub>GCAA] sahip oldukları belirlenmiştir.

*D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarında bulunan Du215 lokusunda (GATA)<sub>n</sub> tekrar sayıları 5 ile 11 arasında değişmekte olup flanking bölgelerde tespit edilen nükleotit değişimleri *D. b. bithynica* ve *D. b. tristis* popülasyonlarında rapor edilmiştir. *D. b. bithynica* popülasyonuna ait ulu1, ulu3, ulu4 ve ulu5 haplotipleri GAT(GATA)<sub>5</sub>GCAA sekans yapısına sahipken; ulu2 haplotipi GAT(GATA)<sub>11</sub>GCAA sekans yapısına sahiptir. *D. b. bithynica* popülasyonunun ulu2 ve ulu3 haplotipleri ile *D. b. tristis* alt türünün Bartın-Kurucaşile popülasyonuna ait kur haplotipinin (-)19. nükleotit bölgesinde bir nükleotit değişimi tespit edilmiştir (Tablo 10).

Du281 lokusu için benzer sekans yapılarını paylaşan bireyler Du215 lokusunda olduğu gibi mikrosatellit tekrarların uzunluklarına, mikrosatellit tekrarların sıralamasına ve flanking bölgelerde tespit edilen nükleotit değişimlerine göre farklı soylar oluşturmuşlardır. Du281 lokusu, 40 bireye ait incelenen sekanslarda 8 farklı soya [Du281(rud)<sub>1</sub> - Du281(rud)<sub>8</sub>] sahiptir. *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerinde en yaygın olarak tespit edilen soylar Du281(rud)<sub>2</sub> ve Du281(rud)<sub>3</sub> soylarıdır. Du281(rud)<sub>2</sub> soyu (GATA)<sub>5</sub>(GAT)<sub>2</sub> sekans yapısına sahip olup 13 farklı bireyi temsil ederken Du281(rud)<sub>3</sub> soyu ise (GATA)<sub>6</sub>GAT sekans yapısına sahip olup 15 farklı bireyi temsil etmektedir. Du281 lokusuna ait Du281(rud)<sub>2</sub> soyu *D. b. tristis* (ayan, kar, bolu, kast, kur, ank, koz ve amas), *D. r. rudis* (ktu ve kose), *D. r. macromaculata* (cam2) ve *D. r. bolcardaghica* (nig3 ve nig4) popülasyonlarında görülürken Du281(rud)<sub>3</sub> soyu ise *D. r. macromaculata* (hoc1 ve hoc2), *D. r. obscura* (gec1, gec2, gec3 ve gec4), *D. r. bolcardaghica* (nig1, nig2 ve nig5), *D. r. mirabilis* (ovi1 ve ovi4) ve *D. r. bischoffi* (lek,

mur, ard ve bes) popülasyonlarında tespit edilmiştir. Du281(rud)<sub>5</sub> soyu (GATA)<sub>7</sub>(GAT)<sub>2</sub> tekrarlarına sahip olup *D. r. rudis* (pers) ve *D. b. bithynica* (ulu3, ulu4 ve ulu5) türlerinde ortak soy olarak tespit edilmiştir. Du281(rud)<sub>6</sub> soyu (GATA)<sub>8</sub>(GAT)<sub>2</sub> sekans yapısına sahip olup *D. b. bithynica* popülasyonunda yalnızca ulu2 haplotipinde görülmüştür. Du281(rud)<sub>7</sub> soyu (GATA)<sub>9</sub> sekans yapısına sahip olup *D. r. mirabilis* (ovi2 ve ovi3) popülasyonunu temsil etmektedir. Du281(rud)<sub>8</sub> soyu ise (GATA)<sub>10</sub> mikrosatellit sekans yapısına sahiptir ve *D. r. macromaculata* (cam1 ve cam3) popülasyonlarında tespit edilmiştir. Du281(rud)<sub>1</sub> ve Du281(rud)<sub>4</sub> soyları ise *D. r. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarında sıklığı en düşük olan sekans yapısına sahiptir. Du281(rud)<sub>1</sub> soyu (GATA)<sub>5</sub>(GAT)<sub>2</sub> tekrarlarına sahiptir ve *D. r. rudis* popülasyonlarından yalnızca Trabzon-Derecik (der) popülasyonunda tespit edilmiştir. Du281 lokusunda görülme sıklığı düşük olan soylardan bir diğeri ise (GATA)<sub>7</sub>(GAT)<sub>2</sub> tekrarlarını içeren sekans yapısına sahip olan Du281(rud)<sub>4</sub> soyudur ve *D. r. rudis* popülasyonlarından yalnızca Giresun-Görece (gir) popülasyonunda tespit edilmiştir.

Du281 lokusuna ait soyların bulunduğu popülasyonlara ait sekans yapılarının ayrı ayrı incelenmesi sonucunda *D. r. rudis* (der) popülasyonunda tespit edilen Du281(rud)<sub>1</sub> soyu ile *D. b. tristis* (ayan, kar, bolu, kast, kur, ank, koz ve amas), *D. r. rudis* (ktu ve kose), *D. r. macromaculata* (cam2) ve *D. r. bolkardaghica* (nig3 ve nig4) popülasyonlarında tespit edilen Du281(rud)<sub>2</sub> soyunun benzer mikrosatellit tekrar sayısına [(GATA)<sub>5</sub> ve (GAT)<sub>2</sub>] ve yapısına [(GATA)<sub>5</sub>(GAT)<sub>2</sub>] sahip oldukları belirlenmiştir.

Tablo 10. *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında Du215, Du281 ve Du323 mikrosatellit lokuslarının allel varyasyonları, lokuslara ait incelenen sekansların uzunlukları (bp), mikrosatellit tekrar kümelerinin yapısal farklılıkları, alttür isimleri, haplotipleri ve nükleotid varyasyonları.

Allelik Varyasyonlar	Uzunluk (bp)	Mikrosatellit Tekrar Kümeleri, Alttür İsimleri ve Haplotipleri	Nükleotit Varyasyonlar
Du215(rud) <sub>1</sub>	226	GAT(GATA) <sub>11</sub> GCAA <i>macromaculata</i> (cam1,2 ve 3), <i>obscura</i> (gec1,2 ve 3), <i>bischoffi</i> (lek, ard, mur ve bes)	C (-19)
Du215(rud) <sub>2</sub>	214	GAT(GATA) <sub>11</sub> GCAA <i>tristis</i> (kur), <i>bithynica</i> (ulu2)	T (-19)
Du215(rud) <sub>3</sub>	221	GAT(GATA) <sub>7</sub> GCAA <i>tristis</i> (ayan, amas ve koz), <i>rudis</i> (per, ktu, gir, kos ve der), <i>bolcardaghica</i> (nig1, 3 ve 4)	C (-19)
Du215(rud) <sub>4</sub>	212	GAT(GATA) <sub>10</sub> GCAA <i>tristis</i> (ank, kar, bolu ve kast), <i>mirabilis</i> (ovi3), <i>macromaculata</i> (hoc1), <i>obscura</i> (gec4)	C (-19)
Du215(rud) <sub>5</sub>	220	GAT(GATA) <sub>9</sub> GCAA <i>bolcardaghica</i> (nig2 ve nig5), <i>macromaculata</i> (hoc2), <i>mirabilis</i> (ovi1,2 ve 4)	C (-19)
Du215(rud) <sub>6</sub>	213	GAT(GATA) <sub>5</sub> GCAA <i>bithynica</i> (ulu1,4 ve 5)	C (-19)
Du215(rud) <sub>7</sub>	211	GAT(GATA) <sub>5</sub> GCAA <i>bithynica</i> (ulu3)	T (-19)
Du281(rud) <sub>1</sub>	184	(GATA) <sub>5</sub> (GAT) <sub>2</sub> <i>rudis</i> (der)	C (-13), C (-31)
Du281(rud) <sub>2</sub>	178	(GATA) <sub>5</sub> (GAT) <sub>2</sub> <i>tristis</i> (ayan, kar, bolu, kast, kur, ank, koz ve amas), <i>rudis</i> (ktu ve kose), <i>macromaculata</i> (cam2), <i>bolcardaghica</i> (nig3 ve 4)	G (-13), C (-31)
Du281(rud) <sub>3</sub>	185	(GATA) <sub>6</sub> GAT <i>macromaculata</i> (hoc1 ve 2), <i>obscura</i> (gec1,2,3 ve 4), <i>bolcardaghica</i> (nig1,2 ve 5), <i>mirabilis</i> (ovi1 ve 4)	G (-13), C (-31)
Du281(rud) <sub>4</sub>	189	(GATA) <sub>7</sub> (GAT) <sub>2</sub> <i>rudis</i> (gir)	G (-13), T (-31)
Du281(rud) <sub>5</sub>	181	(GATA) <sub>7</sub> (GAT) <sub>2</sub> <i>rudis</i> (pers), <i>bithynica</i> (ulu3,4 ve 5)	G (-13), C (-31)
Du281(rud) <sub>6</sub>	178	(GATA) <sub>8</sub> (GAT) <sub>2</sub> <i>bithynica</i> (ulu2)	G (-13), C (-31)
Du281(rud) <sub>7</sub>	181	(GATA) <sub>9</sub> <i>mirabilis</i> (ovi2 ve 3)	G (-13), C (-31)
Du281(rud) <sub>8</sub>	190	(GATA) <sub>10</sub> <i>macromaculata</i> (cam1 ve 3)	G (-13), C (-31)
Du323(rud) <sub>1</sub>	191	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>13</sub> GATATAT(GA) <sub>4</sub> <i>bischoffi</i> (mur ve ard), <i>macromaculata</i> (cam2 ve 3), <i>obscura</i> (gec1,2,3 ve 4)	A (-23), T (+39)
Du323(rud) <sub>2</sub>	186	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>13</sub> GATATAT(GA) <sub>4</sub> <i>macromaculata</i> (hoc2)	C (-23), T (+39)
Du323(rud) <sub>3</sub>	179	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>13</sub> GATATAT(GA) <sub>4</sub> <i>bischoffi</i> (bes ve lek), <i>macromaculata</i> (hoc1 ve cam1)	A (-23), C (+39)
Du323(rud) <sub>4</sub>	162	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>4</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub> <i>tristis</i> (koz, ank, amas ve kast), <i>rudis</i> (der, kos, per ve ktu), <i>bolcardaghica</i> (nig1,2 ve 3)	A (-23), T (+39)
Du323(rud) <sub>5</sub>	160	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>4</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub> <i>rudis</i> (gir)	C (-23), T (+39)
Du323(rud) <sub>6</sub>	176	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>10</sub> GAT(GA) <sub>4</sub> <i>bithynica</i> (ulu1,2,3,4 ve ulu5), <i>tristis</i> (bolu, kar, kur ve ayan), <i>bolcardaghica</i> (nig4 ve 5)	C (-23), T (+39)
Du323(rud) <sub>7</sub>	175	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>6</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub> <i>mirabilis</i> (ovi1,2 ve 3)	A (-23), T (+39)
Du323(rud) <sub>8</sub>	173	(AC) <sub>7</sub> ...(GATA) <sub>6</sub> GAT(GATA) <sub>2</sub> GATAGAT(GA) <sub>4</sub> <i>mirabilis</i> (ovi4)	C (-23), T (+39)

*D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarında bulunan Du281 lokusunda (GATA)<sub>n</sub> tekrar sayıları 5 ile 10 arasında değişmekte olup flanking bölgelerde tespit edilen nükleotit değişimler *D. r. rudis* popülasyonlarından Trabzon-Derecik popülasyonunda görülmüştür. *D. r. rudis* popülasyonlarında yer alan haplotiplerde (-)13. nükleotit bölgesinde G nükleotiti görülürken Derecik popülasyonunun (-)13. nükleotit bölgesinde C nükleotiti tespit edilmiştir. Du281 lokusunda görülen bir başka nükleotit değişimi ise *D. r. rudis* popülasyonlarından Giresun-Görece popülasyonunda (gir) tespit edilmiştir. *D. r. rudis* popülasyonlarında yer alan haplotiplerde (-)31. nükleotit bölgesinde C nükleotiti görülürken Derecik popülasyonunun (-)31. nükleotit bölgesinde T nükleotiti tespit edilmiştir (Tablo 10).

Du323 lokusu için benzer sekans yapılarını paylaşan bireyler Du215 ve Du281 lokuslarında olduğu gibi mikrosatellit tekrarların uzunluklarına, mikrosatellit tekrarların sıralamasına ve flanking bölgelerde tespit edilen nükleotit değişimlerine göre farklı soylar oluşturmuşlardır. Du323 lokusu, 40 bireye ait incelenen sekanslarda 8 farklı soya [Du323(rud)<sub>1</sub> – Du323(rud)<sub>8</sub>] sahiptir. *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerinde en yaygın olarak tespit edilen soylar Du323(rud)<sub>4</sub> ve Du323(rud)<sub>6</sub> soylarıdır. Du323(rud)<sub>4</sub> soyu (AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>4</sub>GAT(GATA)<sub>2</sub>GATAGAT(GA)<sub>4</sub> sekans yapısına sahip olup 11 farklı bireyi temsil ederken Du323(rud)<sub>6</sub> soyu ise (AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>10</sub>GAT(GA)<sub>4</sub> sekans yapısına sahip olup farklı 11 bireyi temsil etmektedir. Du323 lokusuna ait Du323(rud)<sub>4</sub> sekans yapısı *D. b. tristis* (koz, ank, amas ve kast), *D. r. rudis* (der, kos, per ve ktu) ve *D. r. bolcardaghica* (nig1, nig2 ve nig3) popülasyonlarında görülürken Du323(rud)<sub>6</sub> sekans yapısı ise *D. b. bithynica* (ulu1, ulu2, ulu3, ulu4 ve ulu5), *D. b. tristis* (bolu, kar, kur ve ayan) ve *D. r. bolcardaghica* (nig4 ve nig5) popülasyonlarında tespit edilmiştir. Du323(rud)<sub>1</sub> soyunun ise Du323(rud)<sub>4</sub> ve Du323(rud)<sub>6</sub> soyları kadar görülme sıklığı olmasa da 8 farklı bireyi temsil etmektedir. Du323(rud)<sub>1</sub> soyunun sekans yapısı (AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>13</sub>GATATAT(GA)<sub>4</sub> olup *D. r. bischoffi* (mur ve ard), *D. r. macromaculata* (cam2 ve cam3) ve *D. r. obscura* (gec1, gec2, gec3 ve gec4) popülasyonlarında tespit edilmiştir. Du323(rud)<sub>3</sub> soyu (AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>13</sub>GATATAT(GA)<sub>4</sub> mikrosatellit tekrarlarından oluşan sekans yapısına sahip olup *D. r. bischoffi* (bes ve lek) ve *D. r. macromaculata* (hoc1 ve cam1) popülasyonlarını temsil etmektedir. Du323(rud)<sub>7</sub> soyu (AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>6</sub>GAT(GATA)<sub>2</sub>GATAGAT(GA)<sub>4</sub> mikrosatellit tekrarlarından oluşan sekans yapısına sahip olup *D. r. mirabilis* popülasyonunun 3 haplotipinde (ovi1, ovi2 ve ovi3) görülmüştür. Du323(rud)<sub>2</sub>, Du323(rud)<sub>5</sub> ve Du323(rud)<sub>8</sub> soyları ise *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarında görülme sıklığı az olan soylardandır. Du323(rud)<sub>2</sub> soyu

(AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>13</sub>GATATAT(GA)<sub>4</sub> mikrosatellit tekrarlarından oluşan sekans yapısına sahip olup *D. r. macromaculata* popülasyonlarının Artvin-Hocaköy (hoc2) popülasyonunda kayıt altına alınmıştır. Du323(rud)<sub>5</sub> soyu (AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>4</sub>GAT(GATA)<sub>2</sub>GATAGAT(GA)<sub>4</sub> mikrosatellit tekrarlarından oluşan sekans yapısına sahip olup *D. r. rudis* popülasyonlarının Giresun-Görece popülasyonunda tespit edilmiştir. Du323(rud)<sub>8</sub> soyu ise (AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>6</sub>GAT(GATA)<sub>2</sub>GATAGAT(GA)<sub>4</sub> mikrosatellit tekrarlarından oluşan sekans yapısına sahip olup *D. r. mirabilis* popülasyonunun Rize- Ovit Geçiti'nde yer alan bir bireyinde (ovi4) tespit edilmiştir.

Du323 lokusuna ait soyların bulunduğu popülasyonların ayrı ayrı incelenmesi sonucunda *D. r. bischoffi* (mur ve ard), *D. r. macromaculata* (cam2 ve cam3) ve *D. r. obscura* (gec1, gec2, gec3 ve gec4) popülasyonlarında tespit edilen Du323(rud)<sub>1</sub> soyu, *D. r. macromaculata* (hoc2) ve *D. r. bischoffi* (bes ve lek) ve *D. r. macromaculata* (hoc1 ve cam1) popülasyonlarında tespit edilen Du323(rud)<sub>3</sub> soylarının benzer mikrosatellit tekrar sayısına [(AC)<sub>7</sub>, (GATA)<sub>13</sub> ve (GA)<sub>4</sub>] ve yapısına [(AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>13</sub>GATATAT(GA)<sub>4</sub>] sahip oldukları belirlenmiştir. Du323(rud)<sub>4</sub> ve Du323(rud)<sub>5</sub> soyları ise benzer mikrosatellit sayısına [(AC)<sub>7</sub>, (GATA)<sub>4</sub>, (GATA)<sub>2</sub> ve (GA)<sub>4</sub>] ve yapısına [(AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>4</sub>GAT(GATA)<sub>2</sub>GATAGAT(GA)<sub>4</sub>] sahip olan soylardandır. Du323(rud)<sub>7</sub> ve Du323(rud)<sub>8</sub> soyları da benzer mikrosatellit sayısına [(AC)<sub>7</sub>, (GATA)<sub>4</sub>, (GATA)<sub>2</sub> ve (GA)<sub>4</sub>] ve yapısına [(AC)<sub>7</sub>...(GATA)<sub>6</sub>GAT(GATA)<sub>2</sub>GATAGAT(GA)<sub>4</sub>] sahip olan diğer soylardır.

*D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarında bulunan Du323 lokusunda (GATA)<sub>n</sub> tekrar sayıları 4 ile 13 arasında değişmekte olup flanking bölgelerde tespit edilen nükleotit gruplaşması ve nükleotit değişimi vardır. Buna göre (-)23. nükleotit bölgesinde bir nükleotit gruplaşmasına göre *D. r. bischoffi* (mur ve ard), *D. r. macromaculata* (cam2 ve cam3) ve *D. r. obscura* (gec1, gec2, gec3 ve gec4) popülasyonlarını içeren Du323(rud)<sub>1</sub>, *D. r. bischoffi* (bes ve lek) ve *D. r. macromaculata* (hoc1 ve cam1) popülasyonlarını içeren Du323(rud)<sub>3</sub>, *D. b. tristis* (koz, ank, amas ve kast), *D. r. rudis* (der, kos, per ve ktu) ve *D. r. bolcardaghica* (nig1, nig2 ve nig3) popülasyonlarını içeren Du323(rud)<sub>4</sub> ile *D. r. mirabilis* (ovi1, ovi2 ve ovi3) popülasyonunu içeren Du323(rud)<sub>7</sub> soyları (-)23. nükleotit bölgesinde A nükleotitini taşıırken *D. r. macromaculata* (hoc2) popülasyonunu içeren Du323(rud)<sub>2</sub>, *D. r. rudis* (gir) popülasyonunu içeren Du323(rud)<sub>5</sub>, *D. b. bithynica* (ulu1, ulu2, ulu3, ulu4 ve ulu5), *D. b. tristis* (bolu, kar, kur ve ayan) ve *D. r. bolcardaghica* (nig4 ve nig5) popülasyonlarını içeren Du323(rud)<sub>6</sub> ile *D. r. mirabilis* (ovi4) popülasyonunu içeren Du323(rud)<sub>8</sub> soyları (-)23.



nükleotit bölgesinde C nükleotitini taşımaktadır. Du323 lokusunda *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonları için tüm popülasyonlar (+)39. nükleotit bölgesinde T nükleotitini taşıırken *D. r. bischoffi* (bes ve lek) ve *D. r. macromaculata* (hoc1 ve cam1) popülasyonlarını içeren Du323(rud)<sub>3</sub> soyu (+)39. nükleotit bölgesinde C nükleotitini taşımaktadır (Tablo 10).

*D. rudis* ve *D. bithynica* türleri için söz konusu lokuslardaki yapısal farklılıklar Tablo 10'da verilmiştir. Lokuslar arasındaki farklılıkların lokuslarda yer alan allellerdeki kendine özgü yapılar ile sınır (flanking) DNA bölgelerindeki tek nükleotit varyasyonları ile ilişkili olduğu açıkça görülebilmektedir. DNA yapısındaki bu alelik varyasyonlar çalışılan türlere ait genomların heterozigotluk durumlarını da yansıtmaktadır.

Bu tez çalışmasında ayrıca mikrosatellit sekansları incelenen lokuslarda GAT, GATAGAT, GATATAT gibi bazı kusurlu ekler de tespit edilmiştir (Du215, Du281 ve Du323 lokusları için: GAT eki tespit edilirken Du323 lokusunda ayrıca GATAGAT ve GATATAT ekleri de tespit edilmiştir).

### 3.2. Mitokondriyal DNA Çalışmalarına Ait Bulgular

#### 3.2.1. Filogenetik Analizler ve Sekans Varyansları

Literatürdeki sistematik sınıflandırma göz önünde bulundurularak 8 gruba (*bithynica*, *tristis*, *rudis*, *mirabilis*, *macromaculata*, *obscura*, *bischoffi* ve *bolcardaghica* grupları) ayrılan 72 adet kertenkele örneği 16S rRNA ve cytb gen bölgesinin sekanslarının incelenmesi için kullanılmıştır. 16S rRNA gen bölgesine ait sekans baz çifti uzunlukları 561 baz çiftidir ve bu değer cytb geni için 479 baz çiftidir. 16S rRNA geni için, Bartın – Kurucaşile (*D. b. tristis*), Sinop - Ayancık (*D. b. tristis*) ve Niğde - Ulukışla (*D. r. bolcardaghica*) popülasyonlarına ait tüm bireylerde 1 baz çifti; Bursa-Uludağ (*D. b. bithynica*) ve Rize-Ovit Geçidi (*D. r. mirabilis*) popülasyonlarına ait tüm bireylerde 2 baz çifti insersiyon tespit edilmiştir. cytb geni için ise herhangi bir insersiyon veya delesyon tespit edilmemiştir. Toplamda 23 haplotip (ulu1, ulu2, yig, kur1, ayan, sin, kast, amas, bolu1, bolu2, pers, gir, der, ars, sam, nig1, nig2, ovi1, gec1, hoca3, kem, yes ve yan) 16S rRNA geni için ve 33 haplotip (ulu1, ulu2, ulu3, koz, yig, ala1, ala2, amas1, kur1, kur2, nig1, nig3, kast, sin1, sin2, ank, pers1, pers2, gir, der, cag, ars, yil, sam, ovi1, ovi5, gec1, gec2, cam1, cam2, kem, yes ve yan) cytb geni için tespit edilmiştir (Tablo 11). NJ, ML ve MP

analizlerinde kullanılmak üzere analizlere en uygun modeller Modeltest 3.7 (Posada ve Crandall, 1998) programında seçilmiştir. Buna göre 16S rRNA ve cytb genleri için AIC ve AICc değerleri esas alınarak belirlenen en uygun model GTR + G (Tavaré, 1986) iken GTR + I + G (Tavaré, 1986) modeli cytb geni için en uygun model olarak belirlenmiştir. Bu tez çalışması kapsamında verilere homojenite testi uygulanmış olup; iki farklı mitokondriyal gen bölgesi için belirlenen en uygun modeller birbirinden farklı olduğu için aynı örneklerin farklı gen bölgelerine ait sekanslarının uc uca eklenerek kombinlenmesi işlemi yapılmamıştır. Parsimoni analizinin sonuçlarına göre 16S rRNA geni için bilgi verici karakterlerin sayısı 214 olarak belirlerken 61 adet değişken karakter belirlemiştir. Bu değerler cytb geni için sırasıyla 187 ve 72 olarak belirlenmiştir. 16S rRNA ve cytb genleri için, Bayesian analizinde kullanılmak üzere seçilen en uygun model seçimi jModelTest (Darriba vd., 2012) ve Bayesian programında yapılmıştır. Buna göre 16S rRNA ve cytb genleri için AIC ve AICc değerleri esas alınarak belirlenen en uygun model F81 (Felsenstein, 1981) iken HKY+G (Nei ve Kumar, 2000) modeli cytb geni için en uygun model olarak belirlenmiştir. Bayesian analizleri yapılırken % 85 ve üzeri BPP değerleri ile ayrılan soylar değerlendirmeye alınmıştır. Bayesian analizleri için farklı genlerde tespit edilen uygun modeller birbirleriyle eş olmadıkları için farklı gen bölgelerine ait sekansların uc uca eklenerek kombine çalışması yapılmamıştır.

Tablo 11. 16S rRNA ve cytb genlerine ait haplotipler.

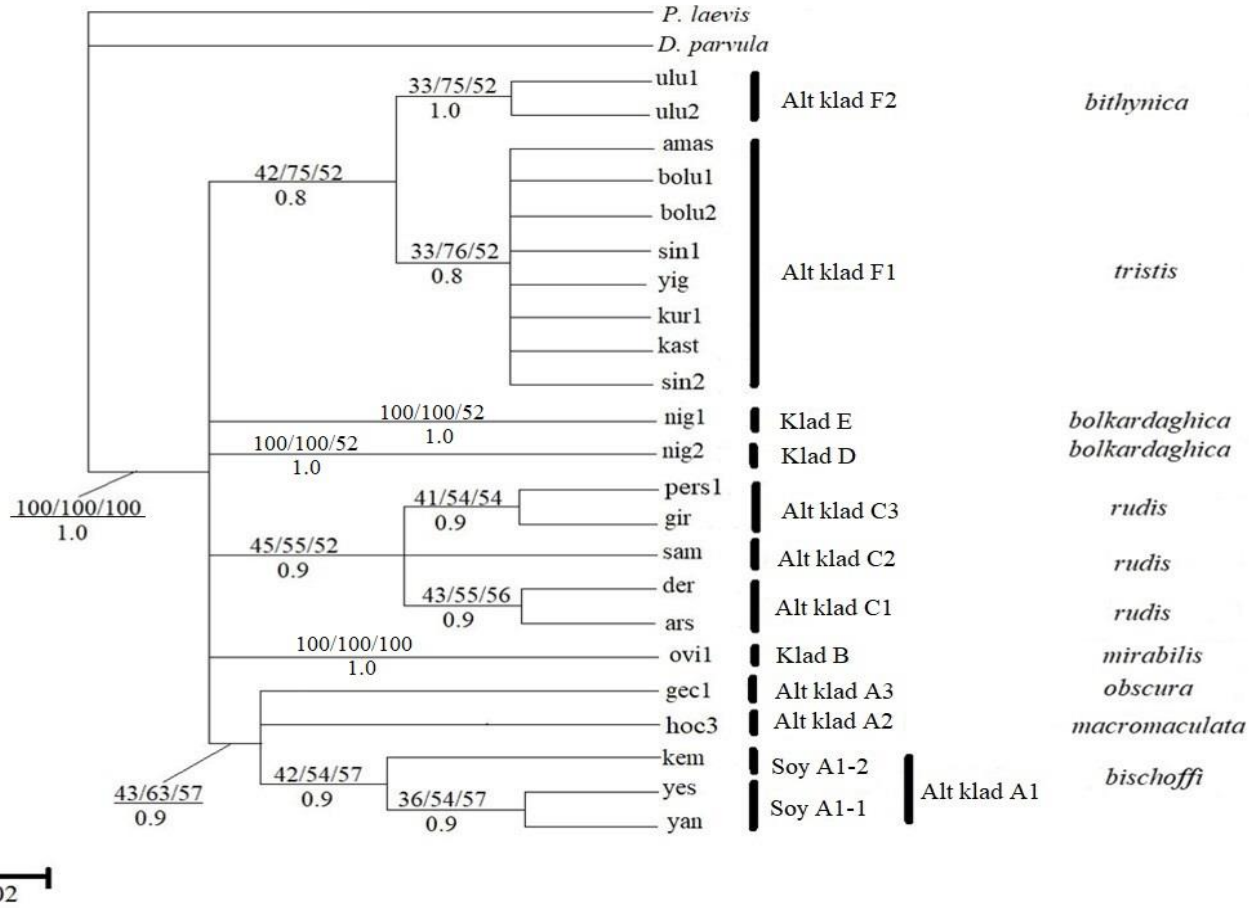
Haplotipler					
16S r RNA			cytb		
ulu1	kast	der	ulu1	kur1	pers1
ulu2	amas	ars	ulu2	kur2	pers2
yig	bolu1	sam	ulu3	nig1	gir
kur1	bolu2	nig1	koz	nig3	der
ayan	pers	nig2	yig	kast	cag
sin	gir	ovi1	ala1	sin1	ars
gec1	hoca3	kem	ala2	sin2	yil
yes	yan		amas1	ank	sam
			ovi1	ovi5	gec1
			gec2	cam1	cam2
			kem	yes	yan

### 3.2.2. Filogenetik İlişkiler

İki farklı mitokondriyal gen bölgesine (16S rRNA ve cytb) ait NJ, ML, MP ve BI analizlerinin tamamlanmasının ardından 16S rRNA ve cytb geninin soy ağaçları ayrı ayrı incelenmiştir. 16S rRNA genine ait NJ, ML, MP ve BI analiz sonuçlarından elde edilen soy ağaçları kendi içlerinde benzer topolojilere sahip olduğu için bu çalışma kapsamında yalnızca BI analizine ait soyağacı Şekil 7’de verilmiştir. Benzer şekilde cytb genine ait analiz sonuçlarından elde edilen soy ağaçları da kendi içlerinde benzer topolojilere sahip olduğu için bu çalışma kapsamında yalnızca BI analizine ait soyağacı Şekil 8’de verilmiştir.

Türkiye’nin çeşitli lokalitelerinden toplanan 72 kertenkele örneğine ait 23 haplotipin (ulu1, ulu2, yig, kur1, ayan, sin, kast, amas, bolu1, bolu2, pers, gir, der, ars, sam, nig1, nig2, ovi1, gec1, hoca3, kem, yes ve yan) 16S rRNA gen bölgesi ile ilgili yapılan 4 farklı analize (NJ, ML, MP ve BI) ait sonuçlarda *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerine ait grupların 6 kümeye (Klad A - Klad F) ayrıldığı görülmektedir (Şekil 7):

- (1) 16S rRNA ağaç topolojilerinde A kladı üç alt klada ayrılmıştır [Alt klad A1 (*D. r. bischoffi*), Alt klad A2 (*D. r. macromaculata*) ve Alt klad A3 (*D. r. obscura*)] (NJ, ML ve MP BS= 43, 63 ve 57 ve BPP = 0,9). Alt klad A1 iki soya sahiptir (Soy A1 ve Soy A2). Soy A1 Artvin ilinden yakalanan *D. r. bischoffi* bireylerine ait iki haplotipten oluşmaktadır (yes ve yan3) (NJ, ML ve MP BS= 42, 54 ve 57 ve BPP = 0,9). Soy A2 ise Artvin ilinden yakalanan *D. r. bischoffi* bireylerine ait yalnızca bir haplotipten (kem) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 38, 63 ve 57 ve BPP = 0,9). Alt klad A2 ve Alt klad A3 ise Artvin ilinden yakalanan *D. r. macromaculata* bireylerine ait birer adet haplotipten oluşmaktadır (hoc3 ve cam1), (NJ, ML ve MP BS= 45, - ve BPP = 0,9).
- (2) Klad B, Rize ilinden yakalanan *D. r. mirabilis* bireylerine ait bir haplotipten (ovi1) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 100, 100 ve 100 ve BPP = 1,0).
- (3) Klad C, *D. r. rudis* popülasyonlarını temsil eden üç alt klada ayrılmaktadır (Alt klad C1, Alt klad C2 ve Alt klad C3); (NJ, ML ve MP BS= 45, 55 ve 52 ve BPP = 0,9). Alt klad C1, Trabzon ilinden yakalanan *D. r. rudis* bireylerine ait iki haplotipten (der ve ars) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 43, 55 ve 56 ve BPP = 0,9). Alt klad C2, Samsun ilinden yakalanan *D. r. rudis* bireylerine ait yalnızca bir haplotipten (sam) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 44, - ve 52 ve BPP = 0,9). Alt klad C3 ise Ordu ve Giresun illerinden yakalanan bireylerin iki haplotipinden (per1 ve gir) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 41, 54 ve 54 ve BPP = 0,9).



Şekil 7. Türkiye’de yayılış gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının 16S rRNA dizisine ait haplotiplerinin oluşturduğu ağaç topolojileri. Ağaç dallarının üst kısmındaki değerler sırasıyla NJ/ML/MP (1000 bootstrap) analizlerine aittir, ağaç dallarının alt kısmında kalan değerler ise Bayesian analizinin sonuçlarına aittir.



- (4) Klada D, Niğde ilinden yakalanan *D. r. bolkardaghica* bireylerine ait yalnızca bir haplotipten (nig1) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 100, 100 ve 52 ve BPP= 1,0)
- (5) Klada E, Niğde ilinden yakalanan *D. r. bolkardaghica* bireylerine ait bir diğer haplotipten (nig2) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 100, 100 ve 52 ve BPP= 1,0).
- (6) Klada F, *D. b. tristis* ve *D. b. bithynica* popülasyonlarını temsil eden iki alt klada ayrılmaktadır (Alt klada F1 ve Alt klada F2); (NJ, ML ve MP BS= 42, 75 ve 52 ve BPP = 0,8). Alt klada F1, Bartın, Bolu, Düzce, Kastamonu ve Sinop illerinden yakalanan *D. b. tristis* bireylerine ait sekiz haplotipten (amas1, bolu1, bolu2, sin, yig, kur1, kast ve ayan) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 33, 76 ve 52 ve BPP = 0,8). Alt klada F2 ise Bursa ilinden yakalanan *D. b. bithynica* bireylerine ait iki haplotipten (ulu1 ve ulu2) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 33, 75 ve 52 ve BPP = 1,0).

16S rRNA geni için hesaplanan genetik mesafe (p-distance) değerleri 16S rRNA geni için hazırlanan filogenetik ağaç topolojilerini desteklemektedir (Tablo 12): Soy A1-1'i oluşturan ve *D. r. bischoffi* popülasyonlarını temsil eden haplotipler (yes ve yan) ile Soy A1-2'yi oluşturan ve *D. r. bischoffi* popülasyonunu temsil eden bir haplotip (kem) arasındaki genetik mesafe değeri % 0,3'tür. Soy A1-1 ile *D. r. macromaculata* popülasyonlarını temsil eden haplotipin (hoc3) yer aldığı Alt klada A2 alt kümesi arasındaki genetik mesafe değeri % 0,7 iken bu değer Soy A1-2 ve Alt klada A2 arasında % 0,4'tür. Soy A1-1 ile *D. r. obscura* bireylerini temsil eden haplotipin (gec1) yer aldığı Alt klada A3 alt kümesi arasındaki genetik mesafe değeri % 0,5'tir. Soy A1-2 ile Alt klada A3 arasındaki genetik mesafe değeri ise % 0,2'dir. Alt klada C1 alt kümesini oluşturan ve *D. r. rudis* bireylerini temsil eden haplotipler (der ve ars) ile Alt klada C2'yi oluşturan ve *D. r. rudis* bireylerini temsil eden haplotip (sam) arasındaki genetik mesafe değeri % 0,5 iken Alt klada C1 ve Alt klada C3'ü oluşturan ve *D. r. rudis* bireylerini temsil eden haplotipler (pers1 ve gir) arasındaki genetik mesafe değeri % 0,6'dır. Alt klada C2 ve Alt klada C3 arasında genetik mesafe değeri ise % 0,5'tir. *D. b. tristis* bireylerini temsil eden haplotiplerin (amas1, bolu1, bolu2, sin, yig, kur1, kast ve ayan) yer aldığı Alt klada F1 ile *D. b. bithynica* popülasyonlarını temsil eden haplotiplerin (ulu1 ve ulu2) yer aldığı Alt klada F2 arasındaki genetik mesafe değeri % 1,1'dir.

Tablo 12. *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında 16S rRNA ve *cytb* gen bölgelerine ait genetik mesafe değerleri (%).

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
No	16S rRNA											
1	Soy A1-1	-										
2	Soy A1-2	0,3	-									
3	Alt klad A2	0,7	0,4	-								
4	Alt klad A3	0,5	0,2	0,2	-							
5	Klad B	0,7	0,4	0,4	0,2	-						
6	Alt klad C1	1,0	0,9	0,9	0,7	0,5	-					
7	Alt klad C2	1,1	0,8	0,4	0,6	0,4	0,5	-				
8	Alt klad C3	1,3	0,9	0,9	0,7	0,5	0,6	0,5	-			
9	Klad D	0,7	0,4	0,4	0,2	0,0	0,5	0,4	0,5	-		
10	Klad E	0,7	0,4	0,4	0,2	0,0	0,5	0,4	0,5	0,0	-	
11	Alt klad F1	1,1	0,8	0,8	0,6	0,4	0,9	0,8	0,7	0,4	0,4	-
12	Alt klad F2	1,9	1,6	1,6	1,4	1,1	1,7	1,6	1,5	1,1	1,1	1,1

		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
No	<i>cytb</i>										
1	Alt klad A1	-									
2	Alt klad A2	0,5	-								
3	Alt klad A3	1,7	1,7	-							
4	Alt klad B1	3,2	3,2	4,0	-						
5	Soy B2-1	3,0	3,0	3,3	3,1	-					
6	Soy B2-2	3,3	3,3	3,6	3,5	2,7	-				
7	Alt klad C1	2,9	2,9	3,8	3,8	3,5	3,8	-			
8	Soy C2-1	3,8	3,8	4,4	3,8	5,0	4,6	2,5	-		
9	Soy C2-2	3,3	3,3	3,9	4,6	4,2	4,3	2,4	2,5	-	
10	Soy C3-1	4,4	4,4	4,6	4,9	4,4	4,7	2,5	3,9	3,1	-
11	Soy C3-2	3,9	3,9	4,1	4,2	4,2	4,3	2,2	3,1	2,9	2,8

Anadolu'nun çeşitli lokalitelerinden toplanan 72 kertenkele örneğine ait 33 haplotipin (ulu1, ulu2, ulu3, koz, yig, ala1, ala2, kur1, kur2, sin1, sin2, ank, kast, amas1, pers1, pers2, gir, der, cag, ars, yil, sam, nig1, nig3, ovi1, ovi5, gec1, gec2, cam1, cam2, kem, yes ve yan) cytb gen bölgesi ile ilgili yapılan 4 farklı analize (NJ, ML, MP ve BI) ait sonuçlarda *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerine ait grupların 3 klada (Klad A – Klad C) ayrıldığı görülmektedir (Şekil 8):

- (1) Klad A, *D. r. bischoffi*, *D. r. obscura* ve *D. r. macromaculata* popülasyonlarını temsil eden üç alt klada ayrılmaktadır (Alt klad A1, Alt klad A2 ve Alt klad A3); (NJ, ML ve MP BS= 61, 100 ve 61 ve BPP = 0,6). Alt klad A1, Artvin ilinden yakalanan *D. r. bischoffi* bireyelerine ait yalnızca bir haplotipten (yan) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 61, 100 ve 61 ve BPP = 0,6). Alt klad A2, Artvin ilinden yakalanan *D. r. bischoffi* bireyelerine ait iki haplotipten (kem ve yes) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 61, 100 ve 61 ve BPP = 0,6). Alt klad A3 ise *D. r. obscura* (gec1 ve gec2) ve *D. r. macromaculata* (cam1 ve cam2) bireyelerini temsil eden dört haplotipten oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 61, 100 ve 61 ve BPP = 6,0).
- (2) Klad B, Rize ilinden yakalanan *D. r. mirabilis* bireyelerini temsil eden iki klada ayrılmaktadır (Alt klad B1 ve Alt klad B2). Alt klad B1, Rize ilinden yakalanan *D. r. mirabilis* bireyelerine ait iki haplotipten (ovi1 ve ovi2) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 66, 100 ve 99 ve BPP = 6,0). Alt klad B2, tamamı *D. r. rudis* popülasyonlarını kapsayan iki soydan oluşmaktadır (Soy B2-1 ve Soy B2-2). Soy B2-1, Trabzon ve Samsun illerinden yakalanan *D. r. rudis* bireyelerine ait beş haplotipten (der, cag, ars, yil ve sam) oluşmaktadır. Diğer yandan Soy B2-2, Ordu ve Giresun illerinden yakalanan *D. r. rudis* bireyelerine ait üç haplotipten (per1, per2 ve gir) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 57, 67 ve 67 ve BPP = 0,8).



(3) Klad C, *D. b. tristis*, *D. b. bithynica* ve *D. r. bolcardaghica* popülasyonlarını temsil eden üç alt klada (Alt klad C1, Alt klad C2 ve Alt klad C3) ayrılmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 50, - ve - ve BPP = 7,0). Alt klad C1, Ankara ilinden yakalanan *D. b. tristis* bireyelerine ait yalnızca bir haplotipten (ank) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 100, 100 ve 100 ve BPP = 7,0). Alt klad C2, *D. b. tristis* ve *D. r. bolcardaghica* bireyelerini temsil eden iki soya ayrılmaktadır (Soy C2-1 ve Soy C2-2). Soy C2-1, Kastamonu ve Sinop illerinden yakalanan *D. b. tristis* bireyelerine ait üç haplotipten (kast, sin1 ve sin2) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 49, 78 ve 93 ve BPP = 8,0). Soy C2-2, Bartın ve Niğde illerinden yakalanan *D. b. tristis* ve *D. r. bolcardaghica* bireyelerine ait beş haplotipten (amas1, kur1, kur2, nig1 ve nig3) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 50, 56 ve 90 ve BPP = 8,0). Alt klad C3 ise *D. b. tristis* ve *D. b. bithynica* popülasyonlarını temsil eden iki soya ayrılmaktadır (Soy C3-1 ve Soy C3-2). Soy C3-1, Zonguldak ve Düzce illerinden yakalanan *D. b. tristis* bireyelerine ait dört haplotipten (koz, yig, ala1 ve ala2) oluşurken Soy C3-2, Bursa ilinden yakalanan *D. b. bithynica* bireyelerine ait üç haplotipten (ulu1, ulu2 ve ulu3) oluşmaktadır (NJ, ML ve MP BS= 41, 69 ve 90 ve BPP = 8,0).

cytb geni için hesaplanan genetik mesafe değerleri cytb geni için hazırlanan filogenetik ağaç topolojilerini desteklemektedir (Tablo 12):

Alt klad A1'i oluşturan ve *D. r. bischoffi* bireyelerini temsil eden haplotip (yan) ile Alt klad A2'yi oluşturan ve *D. r. bischoffi* bireyelerini temsil eden haplotiplerin (kem ve yes) arasındaki genetik mesafe değeri % 0,5'tir. Alt klad A1 ve *D. r. obscura* ve *D. r. macromaculata* bireyelerini temsil eden haplotiplerin (gec1 ve gec2 ile cam1 ve cam2) yer aldığı Alt klad A3 arasındaki genetik mesafe değeri % 1,7'dir. Klad B1'i oluşturan ve *D. r. mirabilis* bireyelerini temsil eden haplotipler (ovi1 ve ovi2) ile Soy B2-1'i oluşturan ve *D. r. rudis* bireyelerini temsil eden haplotiplerin (der, cag, ars, yil ve sam) arasındaki genetik mesafe değeri % 3,1 iken bu değer Klad B1 ile *D. r. rudis* bireyelerini temsil eden haplotiplerin (per1, per2 ve gir) yer aldığı Soy B2-2 alt soyları arasındaki genetik mesafe değeri de % 3,5'tir. *D. r. rudis* bireyelerini temsil eden haplotiplerin yer aldığı Soy B2-1 ve Soy B2-2 alt soyları arasındaki genetik mesafe değeri % 2,7'dir.

Alt klad C1 alt kümesini oluşturan ve *D. b. tristis* bireyelerini temsil eden haplotip (ank) ile Soy C2-1 alt soyunu oluşturan ve *D. b. tristis* bireyelerini temsil eden haplotiplerin (kast, sin1 ve sin2) arasındaki genetik mesafe değeri % 2,5'tir. Alt klad C1'i oluşturan haplotipler ile Soy C2-2'yi oluşturan ve *D. b. tristis* ve *D. r. bolcardaghica* bireyelerini temsil eden

haplotipler (amas1, kur1 ve kur2; nig1 ve nig3) arasındaki genetik mesafe değeri % 2,4'tür. *D. b. tristis* (Soy C2-1) ile *D. r. bolkardaghica* (Soy C2-2) haplotipleri arasındaki genetik mesafe değeri % 2,5'tir. Alt klad C1 ile Soy C3-1'i oluşturan ve *D. b. tristis* bireylerini temsil eden haplotipler (koz, yig, ala1 ve ala2) arasındaki genetik mesafe değeri % 2,5 iken bu değer Alt klad C1 ile Soy C3-2'yi oluşturan ve *D. b. bithynica* bireylerini temsil eden haplotipler (ulu1, ulu2 ve ulu3) arasındaki genetik mesafe değeri % 2,2'dir. *D. b. tristis* (Soy C3-1) ile *D. b. bithynica* (Soy C3-2) bireyelerine ait haplotipler arasındaki genetik mesafe değeri % 2,8'dir.

Türkiyedeki dağılış alanlarından temin edilen *D. rudis* ve *D. bithynica* popülasyonlarının mitokondriyal gen bölgelerine (16S rRNA ve cytb) ait sekanslar bu tez çalışmasının "mitokondriyal DNA" kısmında incelenmiş ve irdelenmiştir. *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında NJ, ML, MP ve BI analizlerinden elde edilen filogenetik ağaç topolojileri ile filogenetik ağaç topolojilerini destekleyen genetik mesafe değerleri belirlenmiştir. Mitokondriyal gen verilerine göre (16S rRNA ve cytb) *D. rudis* için politominin devam ettiği ve söz konusu taksonlardan hiçbirinin diğerinden tür düzeyinde ayrılmadığı tespit edilmiştir.

#### 4. TARTIŞMA

Mikrosatellit belirteçler popülasyon yapısı, genetik haritalama ve evrimsel süreçleri inceleyen ve moleküler metotlar kullanılarak hazırlanan çalışmalarda sıklıkla tercih edilmektedir (Kofler vd., 2007; Ryskov ve Vergun, 2017). Mikrosatellit belirteçlerin keşfedilmesi ve bu belirteçlere ait işlevlerinin zaman içerisinde anlaşılmasıyla birlikte bu belirteçler pek çok hayvan türünün özellikle popülasyon yapılarının belirlenmesi çalışmalarında sıkça kullanılmaktadır (Hansen vd., 2001; Schlötterer ve Agis, 2012; Costa vd., 2014).

Mikrosatellit belirteçler, birçok organizmada yüksek orandaki varyasyonları tespit edebilmeleri sebebiyle en etkili moleküler belirteçlerden birisi olarak kabul edilmektedir (Girnyk vd., 2017). Mikrosatellitlerin moleküler tabanlı araştırmalarda belirteç olarak tercih edilmesinin diğer bir önemli sebebi ise tür içinde polimorf bir yapıya sahip olmaları ve temelde benzer olmasına rağmen bireyler arasında küçük farklılıkları ortaya çıkarabilmeleridir (Ün vd., 2000). Sürüngen popülasyonlarını ele alan moleküler çalışmalarda da son zamanlarda sıklıkla kullanılmaktadır [*Lacerta agilis* (Grechko vd., 2006), Avusturalya Gekoları (Hoehn, 2007), *Darevskia armeniaca* (Girnyk vd., 2017) ve *Darevskia unisexualis* (Korchagin vd., 2007)].

Sürüngenler ile ilgili gerçekleştirilen sistematik çalışmalar içerisinde *Darevskia* cinsinin ayrı ve özel bir önemi vardır (Darevsky vd., 1985). *Darevskia* cinsine ait türler, birçok ekolojik ve biyocoğrafik çalışmaların konusu olmuş ve detaylı bir şekilde araştırılmıştır. Karşılaştırmalı anatomi, kromozom sitolojisi, biyokimyasal araştırmalar, moleküler ve ekolojik çalışmalar bu cinsin bazı türleri için detaylı olarak ele alınmıştır (Darevsky, 1993; Moritz vd., 1993). Özellikle son yıllarda *Darevskia* cinsine ait partenogenetik kertenkele türlerinin hibrit genomlarının açığa çıkarılmasında ve bu bilgiler eşliğinde popülasyon yapılarının belirlenmesi çalışmalarında mikrosatellit belirteçler tercih edilmektedir [*Darevskia unisexualis* (Korchagin vd., 2007), *Darevskia armeniaca* (Malysheva vd., 2007; Girnyk vd., 2017), *Darevskia dahli* (Vergun vd., 2014) ve *Darevskia rostombekowi* (Osipov vd., 2016)]. Söz konusu türler, ebeveyn türleri ile birlikte heterozigotluk oranları esas alınarak incelenmiştir ve popülasyonların heterozigotluk oranları buldukları coğrafya hakkında bilgi vericidir. Bu sebeplerle partenogenetik türlerde genetik ve klonal çeşitliliğin açığa çıkarılması için mikrosatellit motifler

incelenmekte ve bu motiflerde yer alan tekrarların uzunluğu ve sıklığı gibi bilgiler kayıt altına alınmaktadır. Diğer yandan, *Darevskia* cinsinin partenogenetik türleri hibrit bir kökene (orjine) sahipken (Murphy vd., 2000; Ciobanu vd., 2002) bazı biseksüel kertenkele türlerinin Kafkasya’da serbestçe melezlendiği bilinmektedir (Orlova, 1978; Darevsky, 1967). Biseksüel kertenkele türlerinin partenogenetik türlere oranla gen çeşitliliğinin daha yüksek oranda olduğu ise bilinen bir gerçektir. Bunun sebebi biseksüel kertenkele türlerinin gen çeşitliliği daha fazla olan bireylerle eşleşmesi olabilir (Orlova, 1978; Darevsky, 1967). Mikrosatellit tekrar kümelerinin taksonlara olan spesifikliğı canlı organizmaların evrimine yansiyabileceğı (Elder ve Turner, 1995; Grechko vd., 2006) ve gen havuzlarındaki çeşitliliklerin popülasyonları hangi oranda temsil ettiğinin tespit edilmesi sebebiyle biseksüel kertenkelelerden olan *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında mikrosatellit tekrar kümelerinin taksonlara özgü olup olmadığı bu tez çalışması ile araştırılmıştır.

*Darevskia* cinsine ait türlerde mikrosatellit gen bölgelerinin çalışılmasıyla ilgili önemli araştırmalardan biri Martirosyan vd. (2002)’in Ermenistan’ın kuzeyinden temin ettikleri *Darevskia rostombekowii* türünde minisatellit ve mikrosatellit belirteçleri kullanarak hazırladığı çalışmadır. Sözü geçen çalışmada M13, (GATA)<sub>4</sub> ve (TCC)<sub>50</sub> tekrarları esas alınarak *D. rostombekowii* türünde mini ve mikrosatellit belirteçler ile türün popülasyonları arasındaki varyanslar başarılı bir şekilde açığa çıkarılmış fakat sekans dizilimleri detaylı bir şekilde ele alınmamıştır. Bu tez çalışmasında ise *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarına ait sekanslar, *D. rostombekowii* türü ile ortak olan (GATA)<sub>n</sub> tekrarlarının yapı ve uzunlukları detaylı olarak incelenmiş ve benzerlik ile farklılıkları açığa çıkarılmaya çalışılmıştır. Buna göre *Darevskia* cinsinin partenogenetik bir türü olan *D. rostombekowii* ile biseksüel popülasyonlarında (*rudis* ve *bithynica*) dörtlü bir tekrar yapısının [(GATA)<sub>n</sub>] ortak olduğu açıkça görülmektedir.

Korchagin vd. (2007), Ermenistan’ın batısı ile merkez bölgesinden temin ettikleri *Darevskia unisexualis* türünde (GATA)<sub>n</sub> mikrosatellit lokusunu çoğaltması ve sekans dizilimlerini açığa çıkarmasıyla mikrosatellit belirteçlerin *Darevskia* cinsinin farklı türlerinde kullanımı aktif olarak başlamıştır. Korchagin ve çalışma arkadaşları, söz konusu çalışmalarında (GATA)<sub>n</sub> tekrarlarını esas alarak beş farklı primerle beş farklı mikrosatellit lokusu (Du215, Du281, Du323, Du418 ve Du47) üzerinde çalışmışlardır. Korchagin ve arkadaşlarının (2007) gerçekleştirdikleri çalışmada çoğalttıkları ve sekans dizilimlerini belirledikleri *D. unisexualis* türüne ait lokuslardan iki tanesi (Du215 ve Du281) polimorfik iken bu tez çalışmasında *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarından başarılı bir şekilde çoğaltılan

üç lokusun (Du215, Du281 ve Du323) üçü de polimorfiktir ve bu durum Koç vd. (2017)'nin çalışmasının sonuçları ile uyumludur. Ayrıca, *Darevskia* cinsinin partenogenetik bir türü olan *D. unisexualis* ile biseksüel popülasyonlarında (*rudis* ve *bithynica*) dörtlü bir mikrosatellit tekrar yapısının [(GATA)<sub>n</sub>] ortak olduğu da görülmektedir.

Mikrosatellit motiflerinin korunmuş olup olmamasına bağlı olarak bir türde veya cinsten geliştirilen mikrosatellit primerleri türe veya cinse yakın başka bir tür veya cinsten kullanılmak üzere adapte edilebilmektedir (Chambers ve MacAvoy, 2000). *D. unisexualis* türü ile konjenerik olması sebebiyle; Vergun vd. (2014) Ermenistan'dan temin ettikleri *Darevskia dahli* bireylerini, Korchagin (2007)'in *unisexualis* için dizeyn ettikleri primerleri esas alarak incelemişlerdir. Aynı çalışmada, Du215, Du281 ve Du323 lokusları incelenmiş ve *Darevskia dahli* kertenkele türünde çalışılan tüm mikrosatellit lokusların; bu tez çalışmasında yer alan *rudis* ve *bithynica* popülasyonları ile uyumlu olacak şekilde polimorfik olduğu rapor edilmiştir. İlâveten, *Darevskia* cinsinin partenogenetik bir türü olan *D. dahli* ile biseksüel popülasyonlarında (*rudis* ve *bithynica*) dörtlü bir tekrar yapısının [(GATA)<sub>n</sub>] ortak olduğu da görülmektedir.

Girnyk vd., (2017) *Darevskia armeniaca* türünde Du215, Du281, Du323 ve Du47G lokuslarını inceledikleri çalışmada Du215, Du281 ve Du323 lokuslarının bu çalışmada yer alan *rudis* ve *bithynica* popülasyonları ile uyumlu olacak şekilde heterozigot oldukları rapor edilmiştir ve *D. armeniaca* ile *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında (GATA)<sub>n</sub> tekrarlarının ortak olduğu tespit edilmiştir.

Koç vd. (2017), *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerinde Du215, Du281, Du323 ve Du418 lokuslarının her bir popülasyona ait allel frekansları ile allel uzunluklarını inceledikleri çalışmada ise lokusların tamamının bu tez çalışmasının sonuçları ile paralel olacak şekilde polimorfik olduğu bildirilmiştir. Koç vd. (2017), *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerine ait popülasyonlardan temin ettikleri bireyleri belirlenen allellerin popülasyonlarda bulunma frekansları ile allel uzunlukları yönünden araştırmış ancak Du215, Du281, Du323 ve Du418 lokuslarına ait sekans incelemesi yapmamışlardır. Ayrıca, Koç vd. (2017)'un mikrosatellit lokusları esas alarak hazırladıkları çalışmada 2013 yılında *D. rudis*'in bir alttürü olarak tanımlanan ve Niğde'de dağılım gösteren *Darevskia rudis bolcardaghica* popülasyonuna ait bireyler bulunmamakla birlikte ve *rudis* ve *bithynica* örneklerinin temin edildiği lokaliteler az sayıdadır.

Sekans dizilimlerindeki benzerlik ve farklılıklar tür içerisinde yapısal allel varyasyonlarını oluşturmaktadır. *Darevskia* cinsinin mikrosatellit lokuslarından Du215 ile

ilgili yapılan çalışmalarda *Darevskia portschinskii* türünde 21 farklı yapısal allel varyasyon (Osipov vd., 2015), *Darevskia raddei* türünde 19 farklı yapısal allel varyasyon (Omelchenko vd., 2016) ve *Darevskia rostombekovi* türünde 5 farklı yapısal allel varyasyon (Malysheva vd., 2010) tespit edilmiştir. Bu tez çalışmasında ise *D. rudis* kompleksinde Du215 lokusunda 7 farklı yapısal allel varyasyon [Du215(rud)<sub>1</sub> - Du215(rud)<sub>7</sub>] tespit edilmiştir. Benzer şekilde, *Darevskia* cinsinin mikrosatellit lokuslarından Du281 ile ilgili yapılan çalışmalarda; *D. raddei* türünde 16 farklı yapısal allel varyasyon (Osipov vd., 2015), *D. portschinskii* türünde 9 farklı yapısal allel varyasyon (Omelchenko vd., 2016), *D. rostombekovi* türünde 4 farklı yapısal allel varyasyon, (Malysheva vd., 2010) ve *D. armeniaca* türünde yine 4 farklı yapısal allel varyasyonu (Vergun vd., 2017) tespit edilmiştir. Bu tez çalışmasında ise, *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında Du281 lokusunda 8 farklı yapısal allel varyasyon tespit edilmiştir [Du281(rud)<sub>1</sub> - Du281(rud)<sub>8</sub>]. Diğer yandan, *Darevskia* cinsinin mikrosatellit lokuslarından Du323 ile ilgili yapılan çalışmalarda Du323 lokusunda *D. portschinskii* türünde 8 farklı yapısal allel varyasyon (Osipov vd., 2015), *D. rostombekovi* ve *D. raddei* türlerinde 2 farklı yapısal allel varyasyon (Omelchenko vd., 2016) ve *D. armeniaca* türünde 3 farklı yapısal allel varyasyon (Vergun vd., 2017) tespit edilmiştir. Bu tez çalışmasında ise *D. rudis* kompleksinde Du323 lokusunda 8 farklı yapısal allel varyasyon tespit edilmiştir [Du323(rud)<sub>1</sub> - Du323(rud)<sub>8</sub>]. Tür ve/veya türlerde tespit edilen yapısal allel varyasyonları söz konusu tür ve/veya türler için haplotipleri oluşturmaktadır (Girnyk vd., 2017). Biseksüel türlerde çalışılan lokuslarda beklenen yapısal allel varyasyon sayısı, uniseksüel (partenogenetik) türlerde çalışılan lokuslarda beklenen yapısal allel varyasyon sayısından daha fazladır. Buna rağmen, Du215, Du281 ve Du323 lokusları için *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında bazı partenogenetik türlere oranla daha az sayıda farklı yapısal allel varyasyonu belirlenirken bazı partenogenetik türlere oranla daha fazla yapısal farklılık tespit edilmiştir. Bu durum karşılaştırmaları yapılan türlerde incelenen kertenkele örneklerinin sayılarıyla ilişkili olabilir. Biseksüel türlerden *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının yapısal allel varyasyonlarının Du215, Du281 ve Du323 lokuslarında bazı partenogenetik türlere nazaran daha fazla olmasının bir diğer sebebi de partenogenetik popülasyonlarda rekombinasyonun azalması veya neredeyse yok olması sebebiyle biseksüel formlardan daha yavaş evrimleşmesi (Parker ve Selandedr, 1976) olabilir.

Bu tez çalışmasında incelenen kertenkele örneklerinin temin edildiği popülasyonlarda, mikrosatellit lokuslara ait gözlenen yapısal allel varyasyonlarının belirli lokalite/lokalitelerdeki popülasyon/popülasyonlara özgü olmadığı tespit edilmiştir. Du215

lokusu için yalnızca *D. b. bithynica* popülasyonunda görülen yapısal allel varyasyonları Du215(rud)<sub>6</sub> ve Du215(rud)<sub>7</sub> haplotiplerinde bulunmaktadır. Du215(rud)<sub>6</sub> haplotipi GAT(GATA)<sub>5</sub>GCAA mikrosatellit tekrar yapısına sahip olup -19. nükleotitlerinde C bazı yer alırken Du215(rud)<sub>7</sub> haplotipi GAT(GATA)<sub>5</sub>GCAA mikrosatellit tekrar yapısına sahip olup -19. nükleotitinde T bazı yer almaktadır. Du215 lokusunun 2 farklı yapısal allel varyasyonunu içeren Du215(rud)<sub>6</sub> ve Du215(rud)<sub>7</sub> haplotiplerinin yalnızca Bursa, Uludağ popülasyonunda tespit edilmesi; *bithynica* popülasyonunun *rudis* popülasyonlarından farklılaşma gösterebilme ihtimalini akla getirmektedir. Aynı zamanda bu iki haplotipte görülen nükleotit değişimleri Uludağ popülasyonlarının farklılaşmaya başladığını işaret ediyor olabilir. Diğer yandan Du215(rud)<sub>3</sub> ve Du215(rud)<sub>4</sub> haplotiplerinin, literatürde *D. bithynica* türünün bir alt türü olarak kabul edilen *D. b. tristis* ve *rudis* popülasyonlarında aynı esnada tespit edilmesi Du215 lokusunda ortak tekrar kümelerine sahip olduğuna işaret etmektedir. Bunun yanında yalnızca *rudis* popülasyonlarında görülen haplotipler de mevcuttur [Du215(rud)<sub>1</sub> ve Du215(rud)<sub>5</sub>]. Du215(rud)<sub>1</sub> haplotipinin *bischoffi*, *osbcura* ve *macromaculata* popülasyonlarında görülürken Du215(rud)<sub>5</sub> genotipinin ise *mirabilis*, *bolkardaghica* ve *macromaculata* popülasyonlarında görülmesi ve bu haplotiplerde herhangi bir nükleotit değişimine sahip olmamaları, söz konusu popülasyonlar arasında bazı benzerliklerin devam ettiğini bildiriyor olabilir.

Du281 lokusu için *D. b. bithynica* popülasyonlarında görülen haplotipler Du281(rud)<sub>5</sub> ve Du281(rud)<sub>6</sub> haplotipleridir. Du281(rud)<sub>6</sub> haplotipi yalnızca Bursa ilinde yer alan *bithynica* popülasyonunda görülmesine rağmen Du281(rud)<sub>5</sub> genotipinin *D. r. rudis* bireylerinde de görülüyor olması *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının Du281 lokusunda ortak bir mikrosatellit sekans yapısına sahip olduğunu işaret ediyor olabilir. Burada dikkat çekici husus ise Du281 lokusunun flanking bölgelerde yer alan nükleotit değişimlerinin Trabzon [C, (-13)] ve Giresun [T, (-31)] illerinde dağılışı gösteren *D. r. rudis* popülasyonlarında olmasıdır. Bu durum, Arribas vd., (2013)'ün bildirdiği gibi *rudis* popülasyonlarının da kendi içerisinde çeşitlenmeye başladığını işaret ediyor olabilir.

Du323 lokusu için *bithynica* ve *tristis* popülasyonlarında yer alan haplotiplerin [Du323(rud)<sub>4</sub> ve Du323(rud)<sub>6</sub>] aynı zamanda *rudis* popülasyonlarında yer alması *bithynica* ve *rudis* popülasyonlarının benzer sayıda ve yapıda mikrosatellit tekrarlarını taşıdıklarını göstermektedir. Flanking bölgede yer alan nükleotit değişiminin [C, (+39)] Du323 lokusu için *bischoffi* ve *macromaculata* popülasyonlarında tespit edilmesi yalnızca *bithynica* ve

*rudis* popülasyonlarının değil; *rudis* içerisinde yer alan alt popülasyonlar arasında da varyasyonların başladığının bir göstergesi olabilir.

Koç vd. (2017)'un *D. rudis* ve *D. bithynica* türlerinin Anadolu'da dağılışı gösteren (*D. r. bolkardaghica* alt türü ve diğer alt türlere ait bazı lokaliteler hariç) alt türlerini ele aldığı ve 4 farklı mikrosatellit gen bölgesinin (Du215, Du281, Du323 ve Du418) allel çeşitliliğinin incelediği çalışmada beklenen heterozigotluk değerlerinin gözlenen heterozigotluk değerlerinden yüksek olduğu rapor edilmiştir. Popülasyonlarda gözlenen heterozigotluk değerlerinin beklenen heterozigotluk değerlerinden düşük olması, popülasyonlardaki heterozigot frekanslarının da düşük olduğu anlamına gelir. Yine aynı çalışmada yapılan PCoA analizinin sonuçlarına göre *D. b. tristis*, *D. r. rudis*, *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata* ve *D. r. obscura* popülasyonları bir ana grup oluşturmuş; *D. b. bithynica* ile *D. r. mirabilis* alt türlerinin ise PCoA haritasında ana gruptan daha uzak kaldığı bildirilmiştir. Bu tez çalışmasında incelenen lokuslardaki varyasyonlar ele alındığında, Bursa-Uludağ'da dağılışı gösteren *D. b. bithynica* popülasyonu hem mikrosatellit kümelerinin sayısı ve yapılarına göre farklılık gösterirken hem de Du215 lokusu için flanking bölgelerde nükleotit değişimine sahipken; Rize-Ovit Geçiti'nde dağılışı gösteren *D. r. mirabilis* popülasyonu için yalnızca mikrosatellit kümelerinin sayısı ve yapılarında bir farklılaşma söz konusudur. PCoA haritasındaki bu gruplaşmaya rağmen popülasyonlar arasındaki Nei, Nei-unbiased, Fst ve Linear Fst genetik mesafelerinin oldukça düşük olması sebebiyle *D. b. bithynica* ve *D. r. mirabilis* popülasyonları ana grubun bir parçası olarak kabul edilmiştir (Koç vd., 2017).

*Darevskia* cinsi için belirlenen ve primer dizaynı tamamlanan mikrosatellit DNA gen bölgelerinden 4 tanesine (Du215, Du281, Du323 ve Du418) ait yapılan bir allel çeşitliliği çalışmasında (Koç vd., 2017), *D. bithynica*'nın *D. b. tristis* alt türüyle birlikte halen *D. rudis*'in alt türleri olabileceği rapor edilirken, mikrosatellit gen bölgelerinin sekans dizilimlerinin belirlendiği ve mikrosatellit tekrarlarının detaylı bir şekilde incelendiği bu tez çalışmasında ise yapısal allel varyasyonlarının (mikrosatellit kümelerinin sayısı ve yapılarındaki beklenen değişimler ve flanking bölgelerde yer alan nükleotit değişimler) tamamının herhangi bir popülasyonun tüm haplotiplerinde gözlenmediği ortaya konmuştur.

Anadolu'da dağılışı gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonları ile ilgili bir başka moleküler tabanlı çalışma ise Mayer ve Lutz (1989) tarafından albümin yapıları incelenerek yapılmıştır. Söz konusu çalışmada Mayer ve Lutz (1989), içerisinde Ordu (Yalıköy) ve Gümüşhane'den (Zigana Geçiti) temin ettiği *Lacerta rudis rudis* ve Bursa ilinden (Uludağ)



temin ettiği *Lacerta rudis bithynica* ve Kastamonu'dan (Merkez) temin ettiği *Lacerta rudis tristis* kertenkele örnekleri ile *Lacerta* cinsine ait toplamda 31 tür ve alttüre ait bireyleri immünolojik bir teknik ile (Mikro-Complement Fixation) laktat dehidrogenaz (LDH-2), malat dehidrogenaz (MDH), kas proteini (MP-1) ve fosfoglukomutaz (PGM-1) enzimatik gen lokuslarını karşılaştırmıştır. Mayer ve Lutz (1989), *L. r. rudis*, *L. r. bithynica* ve *L. r. tristis* kertenkele örneklerine ait proteinlerde *rudis* örnekleri ile *bithynica* örnekleri arasında herhangi bir farklılık olmadığını ve LDH-2, MDH, MP-1 ve PGM-1 proteinlerinin elektroforetik mobilitesinin Bursa, Kastamonu, Ordu ve Gümüşhane örnekleri için özdeş olduğunu bildirmişlerdir. İlâveten, *Lacerta* cinsine ait tür ve alttürlerin enzimlerinin araştırıldığı bir çalışmada, *Lacerta* türleri arasındaki tanımlayıcı (ID) - değerlerinin 4(5) ile 7 arasında değişirken, bu değerlerin *L. rudis* türüne ait Bursa, Kastamonu, Ordu ve Gümüşhane popülasyonlarında 0 ile 1 arasında kaldığı rapor edilmiştir (Mayer ve Lutz, 1989). Aynı çalışmada, Gürcistan'dan alınan *Lacerta rudis obscura* (Pasanuri) ve *Lacerta rudis bischoffi* (Batumi) örnekleri de incelenmiş ve Türkiye'de dağılışı gösteren *rudis* popülasyonları ile özdeş LDH-2, MDH, MP-1 ve PGM-1 proteinlerine sahip olduğunu rapor etmişlerdir (Mayer ve Lutz, 1989). Benzer şekilde, Gürcistan'da dağılışı gösteren *rudis* popülasyonuna ait kertenkele örnekleri Genbank'tan alınarak bu tez çalışması kapsamında tespit edilen 16S rRNA ve cytb genlerinin haplotipleri ile karşılaştırılmış ve Anadolu'da dağılışı gösteren *rudis* popülasyonlarına benzer ağaç topolojilerine ulaşılmıştır.

Grechko vd. (2007), SINE-PCR metoduyla *Darevskia raddei* türünün genetik çeşitliliğini belirledikleri bir çalışmada, *tristis* popülasyonlarına ait Adapazarı örnekleri ile *rudis* popülasyonlarına ait Borjomi, Gürcistan örneklerini Nei genetik mesafelerine göre karşılaştırmıştır. Bahsi geçen bu çalışmanın sonuçlarına göre, *D. rudis*'e ait olan *tristis* ve *obscura* popülasyonları *D. raddei*'nin alttürlerinden uzaktır (*Darevskia raddei nairensis* ile *tristis* popülasyonları arasında tespit edilen Nei genetik mesafe değeri 0,60-0,65 ve *Darevskia raddei nairensis* ve *obscura* popülasyonları arasında tespit edilen Nei genetik mesafe değeri 0,72-0,78'dir. *D. raddei* türünün bir başka alt türü olan *Darevskia raddei raddei* ile *tristis* popülasyonları arasında tespit edilen Nei genetik mesafe değeri 0,65-0,70 ve *Darevskia raddei raddei* ve *obscura* popülasyonları arasında tespit edilen Nei genetik mesafe değeri 0,65-0,72'dir. *D. raddei*'nin iki alttürü arasındaki Nei genetik mesafe değeri düşükken (0,30-0,45) *tristis* ve *rudis* popülasyonları için bu değer yüksek değildir (0,43-0,51). Grechko vd. (2007) *tristis* örneklerinin *D. raddei* yerine *D. rudis*'e ait olduklarını ve literatürde önerildiği gibi *rudis*'in bir alt türü olduğunu bildirmiştir.

*D. rudis* ve *bithynica* popülasyonlarına ait moleküler baz sıralarının incelendiği bu tez çalışmasında, diğer moleküler belirteçler mitokondriyal DNA gen bölgesinden seçilmiştir (16S rRNA ve cytb). Türkiye’de dağılım gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının 16S rRNA ve cytb genleri ile ilgili yapılan moleküler bir çalışmada, Koç vd. (2017) 16S rRNA geni için 12 ve cytb geni için 19 haplotip belirlemiştir ve bu haplotiplerin sekans uzunlukları bu tez çalışmasının haplotip sekans uzunluklarından daha kısa bir bölgeyi temsil etmektedir. Ayrıca Koç vd. (2017)’nin mitokondriyal gen bölgeleri için çalışılan lokalite sayıları sınırlı olup, *rudis* popülasyonlarının tüm popülasyonları temsil edilmemiştir. Bu tez çalışmasında, ilave edilen lokalitelerden temin edilen örneklerle birlikte haplotip çeşitliliği artmıştır (16S rRNA geni için 23 haplotip; cytb geni için 33 haplotip).

Yavaş evrimleşen 16S rRNA geni için hesaplanan genetik mesafe değerleri (p-distance) filogenetik ağaç topolojilerini desteklemektedir. Buna göre, 3 alt soya (Alt klad A1, Alt klad A2 ve Alt klad A3) ayrılan ve *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata* ve *D. r. obscura* popülasyonlarını temsil eden A soyunda (Klad A) hesaplanan genetik mesafeler beklenen şekilde düşüktür (Tablo 12). Dağılımı yalnızca Ovit Geçiti’nde olduğu belirlenen *D. r. mirabilis* popülasyonu ise 16S rRNA geni için hazırlanan ağaç topolojisinde *rudis* popülasyonlarının bulunduğu ağaç dallarına yakındır ve diğer popülasyonlarla olan genetik mesafesi düşüktür (Tablo 12). Kendi içerisinde 3 alt soya ayrılan C soyu ise (Alt klad C1, Alt klad C2 ve Alt klad C3) Türkiye’de dağılım gösteren *D. r. rudis* popülasyonlarını temsil etmektedir ve tüm alt soylar arasındaki genetik mesafeler düşüktür (Tablo 12). Benzer şekilde, D ve E soylarını (Klad D ve Klad E) temsil eden Niğde ilinin Karagöl popülasyonuna ait haplotiplerin 16S rRNA geni için genetik uzaklıklarının düşük olduğu hesaplanmıştır (Tablo 12). Diğer yandan, Arribas vd. (2013)’nin morfolojik ve osteolojik kriterleri esas olarak gerçekleştirdikleri çalışmada, *D. b. bithynica* ve *D. b. tristis* alttürleri ile birlikte tür seviyesine çıkarılan *D. bithynica*’nın, bu tez çalışmasında ayrı bir tür denecek kadar farklılık göstermediği, 16S rRNA geni için hazırlanan ağaç topolojilerinde *rudis* popülasyonları ile iç içe olduğu ve *bithynica* popülasyonlarının *rudis* popülasyonları ile olan genetik uzaklık değerlerinin de 16S rRNA geni için düşük olduğu görülmüştür (Tablo 12).

16S rRNA geni için tüm popülasyonlara ait genetik uzaklık verileri genel olarak değerlendirildiğinde bu değerlerin oldukça düşük olduğu tespit edilmiştir (% 0,0- % 1,9). Buna bağlı olarak söz konusu popülasyonlar arasında gen akışının halen devam ettiği tahmin edilmektedir. Bu durum, Arribas vd., (2013)’in morfolojik ve osteolojik verilere dayanarak belirttikleri gibi, *D. r. rudis* nominant alt türünün *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata*, *D. r.*

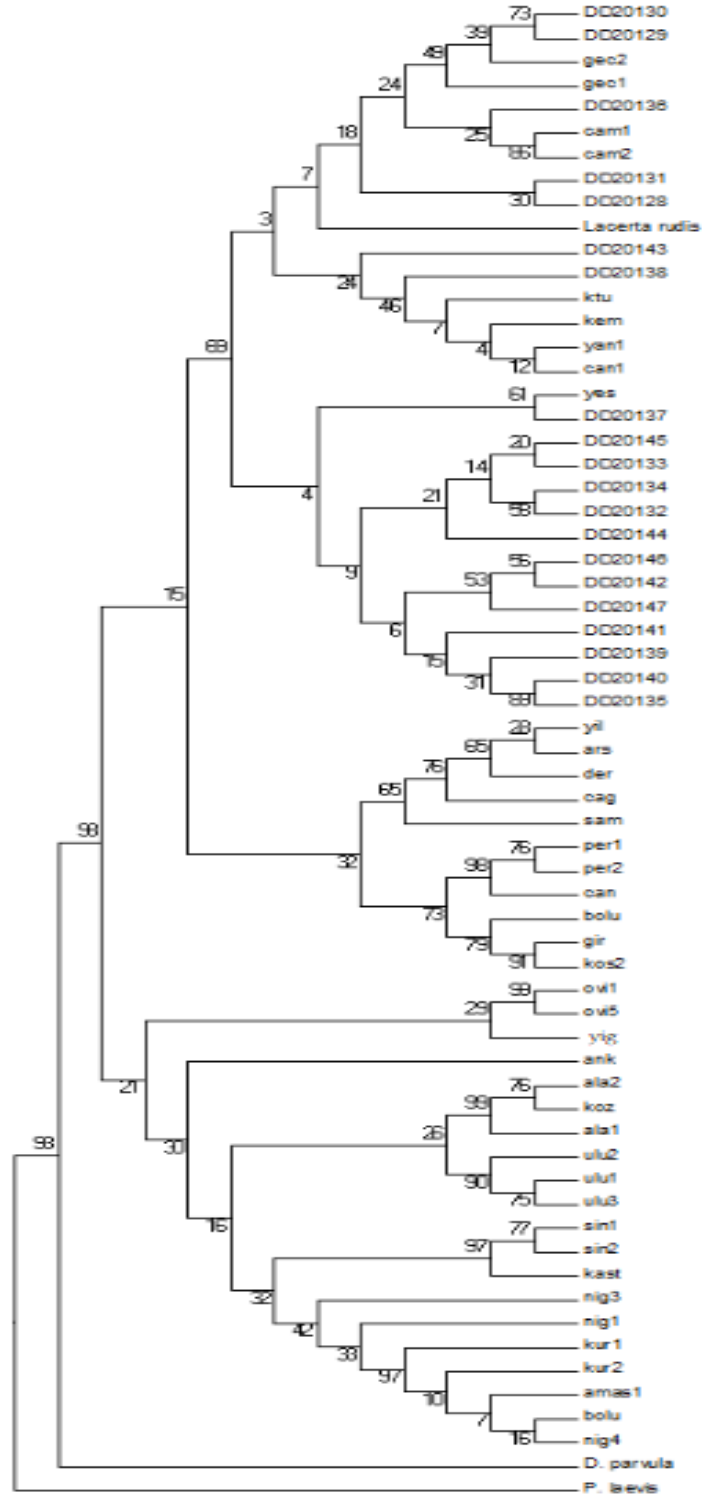
*obscura*, *D. r. mirabilis* ve *D. r. bolcardaghica* alt türleri ile birlikte bir grup oluşturduğu ve Marmara, Batı Karadeniz ile İç Anadolu Bölgesinde bulunan alt türlerinden (*D. b. bithynica* ve *D. b. tristis*) ayrıldığı bilgisi ile örtüşmemektedir.

Hızlı evrimleşen *cytb* geni için hesaplanan genetik mesafe değerleri de *cytb* geni için filogenetik ağaç topolojilerini desteklemektedir. Buna göre, 3 alt soya (Alt klad A1, Alt klad A2 ve Alt klad A3) ayrılan ve *D. r. bischoffi*, *D. r. macromaculata* ve *D. r. obscura* popülasyonlarını temsil eden A soyunda (Klad A) hesaplanan genetik mesafeler *cytb* geni için düşük bulunmuştur (Tablo 12). Dağılışı yalnızca Ovit Geçiti'nde olduğu belirlenen *D. r. mirabilis* popülasyonu ise *cytb* geni için hazırlanan ağaç topolojisinde beklenen şekilde *rudis* popülasyonları ile aynı ağaç dalında yer almış ve diğer popülasyonlarla olan genetik mesafesi düşük bulunmuştur (Tablo 12). Ayrıca, Türkiye'de dağılışı olan tüm *D. r. rudis* popülasyonları *cytb* geni için hem ağaç topolojisi hem de genetik mesafe olarak yakınlık göstermektedir (Tablo 12). Diğer yandan, kendi içerisinde 3 alt soya ayrılan C soyu ise (Alt klad C1, Alt klad C2 ve Alt klad C3) Türkiye'de dağılışı gösteren *D. bithynica* popülasyonlarını temsil etmektedir ve tüm alt soylar arasındaki genetik mesafeler düşüktür (Tablo 12).

Bu çalışmada *D. rudis* kompleksinde yer alan tüm popülasyonlara ait genetik uzaklık verileri değerlendirildiğinde gen akışının popülasyonlar arasında *cytb* geni için de devam ettiği anlaşılmaktadır.

*D. rudis* kompleksinin sistematığına ilişkin yapılan bir başka morfolojik çalışmada ise *Darevskia* cinsinin birbirine yakın üç türü üzerinde çalışılmış (*Darevskia portschinskii*, *Darevskia valentini* ve *D. rudis*) ve söz konusu çalışmaya *D. rudis* popülasyonlarından yalnızca *D. r. rudis* alt türü ile *D. r. obscura* alt türü dahil edilmiştir (Gabelaila vd., 2018). Aynı çalışmada, *D. r. obscura* bireylerinin *D. r. rudis* bireylerinden daha küçük ebatlarda olduğu, *D. r. obscura* bireylerinin *D. r. rudis* bireylerinden farklı olarak daha düz ve geniş çene eklem bölgesine sahip olduğu ile *D. r. obscura* bireylerinin *D. r. rudis* bireylerinden daha büyük bir intraparietal plağa sahip olduğu rapor edilmiştir. Ayrıca *D. r. obscura* alt türüne ait bireylerin baş yapısının *D. r. rudis* alt türündeki bireyleri ile *D. portschinskii* ve *D. valentini* bireyelerine ait baş yapılarından farklı olduğu bildirilmiş ve *D. r. obscura* alt türünün *Darevskia obscura* olarak tür seviyesine yükseltilmesi gerektiği rapor edilmiştir (Gabelaila vd., 2018). Gürcistan'da yayılışı gösteren bireylere ait sekans yapıları Genbank'tan temin edilerek Anadolu'da yayılışı gösteren *D. rudis* bireyleri ile mitokondriyal DNA (*cyt b*) yönünden karşılaştırılmış ve Türkiye ile Gürcistan'da yayılışı gösteren *D.*

*rudis*'e ait alt türler arasında tür düzeyinde bir ayrım olmadığı bu tez çalışması ile ortaya konmuştur (Şekil 9).



Şekil 9. Türkiye ve Gürcistan'da dağılış gösteren *D. rudis* bireylerinin mitokondriyal DNA yönünden (cytb) birlikte incelenmesi.

*D. rudis*'in Anadolu'daki tüm alttürlerine ait bazı popülasyonlardaki bireyleri moleküler olarak ele alınan bu tez çalışmasında, popülasyonlar arasında bir genetik ayırım gözlenmediği gibi Gabelaila vd. (2018)'nin sonuçlarının aksine, *D. r. obscura* popülasyonlarının *D. r. macromaculata* popülasyonları ile genetik yakınlığı dikkat çekmektedir.

Böhme ve Bischoff (1984), Uludağ'da bulunan *bithynica* popülasyonlarının *tristis* popülasyonlarından farklılık göstermesi halinde *bithynica*'nın bir ada yapısı popülasyonu gösterebileceğini bildirmiştir. Koç vd. (2017) *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarına ait 4 mikrosatellit lokusun (Du215, Du281, Du323 ve Du418), *D. b. bithynica*'nın Uludağ popülasyonu ile *D. r. mirabilis*'in Ovit Geçiti popülasyonundan temin ettikleri kertenkele örneklerindeki düşük heterozigosisite özelliklerinden dolayı birer ada yapısı özelliği gösterebileceğini rapor etmişlerdir. Ayrıca Tarkhnishvili vd. (2013) dağlık alanların türler için hem mekansal izolasyonda hem de türlerin farklılaşmasında önemli faktörler olduğunu bildirmiştir. Bu tez çalışması kapsamında, *bithynica* popülasyonunun 16S rRNA ve cytb genlerine ait filogenetik ağaç topolojilerinde *rudis* popülasyonlarından ayrılmadığı; 16S rRNA geninin genetik mesafe değerlerine göre *D. b. bithynica* popülasyonunun en uzak olduğu *rudis* popülasyonunun % 1,9 ile *D. r. bischoffi*'nin Artvin iline bağlı Yeşilköy ve Yanıklı popülasyonları olduğu ve cytb geninin genetik mesafe değerlerine göre *D. b. bithynica* popülasyonunun en uzak olduğu *rudis* popülasyonunun % 4,3 ile *D. r. rudis*'in Ordu (pers1 ve pers2 haplotipleri) ve Giresun (gir haplotipi) popülasyonları olduğu belirlenmiştir. Her iki gen için de, literatüre göre morfolojik ve osteolojik kriterler esas alınarak ayrı bir tür olduğu bildirilen *bithynica* popülasyonlarının *rudis* popülasyonlarından ayrı bir tür özelliği gösterecek kadar ayrılmadığı ancak Arribas vd. (2013) bildirdiği üzere *D. rudis* popülasyonları içerisinde, tür içi varyasyonların başladığı tespit edilmiştir.

Bu tez çalışması kapsamında elde edilen mikrosatellit ve mitokondriyal DNA verileri, Anadolu'da yayılış gösteren *bithynica*, *tristis*, *rudis*, *mirabilis*, *bolcardaghica*, *macromaculata*, *obscura* ve *bischoffi* popülasyonlarının tamamının *D. rudis* türüne ait olduğuna işaret etmekte, tür içi farklılaşmaların başlamasıyla birlikte *D. rudis* türünde politominin devam ettiğini ve söz konusu farklılaşmaların henüz tür seviyesinde olmadığını ortaya çıkarmıştır.

## 5. SONUÇLAR

Bu tez çalışmasında, Anadolu’da dağılışı gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarının filogenetik ilişkileri 3 adet mikrosatellit lokus (Du215, Du281 ve Du323) ve 2 adet mitokondriyal gen bölgesi (16S rRNA ve cytb) ile incelenmiş ve söz konusu popülasyonların sistematik durumuna katkıda bulunulmuştur. Bu tez çalışması kapsamında incelenen tüm bireyler Türkiye’deki tüm *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarından alınmış; mikrosatellit lokuslara ait sekansların incelenmesinde her lokus için 40 birey ve mitokondriyal genlere ait sekansların incelenmesinde her gen için 72 birey çalışılmıştır. Bu tez çalışmasında elde edilen sonuçlar aşağıda belirtilmiştir:

1. Mikrosatellit lokuslara ait sekans yapılarından elde edilen verilere göre Anadolu’da yayılışı gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonları Du215, Du281 ve Du323 lokusları için sırasıyla 7, 8 ve 8 haplotipe sahiptir.
2. Mikrosatellit lokuslara ait haplotipler mikrosatellit tekrar yapıları, mikrosatellit tekrar sayıları ve flanking bölgelerde yer alan nükleotit değişimlerine göre belirlenmiş olup Du215 lokusundaki yapısal varyasyonlar esas alındığında *bithynica* ve *tristis* popülasyonlarında farklılaşmaların olduğu gözle çarpılmaktadır. Du281 lokusundaki yapısal varyasyonlar *D. r. rudis* nominal alttüründe varyasyonların arttığına işaret etmektedir. Du323 lokusundaki yapısal varyasyonlar ise *D. r. bischoffi* ve *D. r. macromaculata* popülasyonlarındaki varyasyonları ortaya çıkarmıştır.
3. Mikrosatellit lokuslarda tespit edilen varyasyonların hiç birisinin belirli bir popülasyonun tüm bireylerini temsil etmemesi sebebiyle bunların tür içi varyasyonlar olduğu değerlendirilmiştir.
4. Anadolu’da yayılışı gösteren *rudis* ve *bithynica* popülasyonlarında NJ, ML, MP ve BI analizlerinden elde edilen filogenetik ağaç topolojileri ile filogenetik ağaç topolojilerini destekleyen genetik mesafe değerleri düşük olarak belirlenmiştir. Mitokondriyal DNA verilerine göre (16S rRNA ve cytb) *D. rudis* için politominin devam ettiği ve söz konusu taksonlardan hiçbirinin Arribas vd. (2013) ve Gabelaila vd. (2018)’nin bildirdiği gibi diğerlerinden tür düzeyinde ayrılmadığı tespit edilmiştir.

## 6. ÖNERİLER

Bu tez çalışmasında, *Darevski rudis* ve *Darevskia bithynica* türlerine ait 40 bireyin 5 mikrosatellit lokusunun (Du215, Du281, Du323, Du418 ve Du47) sekansları hazırlanarak ve 72 bireyin 2 mitokondriyal gen bölgesinin (16S rRNA ve cytb) sekansları hazırlanarak popülasyonların filogenetik ilişkileri hakkında önemli bilgiler elde edilmiştir. Bu çalışma kapsamında, araştırma konusu olan kertenkeleleri temsil eden tüm alttürler için ait popülasyonlardan bireyler çalışmaya dâhil edilerek, popülasyonların tür içi ve -olası- türler arası filogenetik ilişkileri irdelenmiştir. *Darevskia rudis balkardaghica* popülasyonuna ait bazı bilgiler ilk defa belirlendiğinden ve diğer alttürler için ait daha fazla sayıda popülasyonlardaki bireylerle çalışıldığından, ortaya çıkan bu bilgiler bundan sonra yapılacak olan diğer çalışmalara da ışık tutacaktır.

## 7. KAYNAKLAR

- Ablett, G., Hill, H. ve Henry, R.J., 2006. Sequence Polymorphism Discovery in Wheat Microsatellite Flanking Regions using Pyrophosphate Sequencing, Molecular Breeding, 17, 3, 281-289.
- Afsar, M., Şahin, M.K., Afsar, B., Çiçek, K. ve Tok, C.V., 2018. Data on Nocturnal Activity of *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886) (Sauria: Lacertidae) in Central Black Sea Region, Turkey, Ecologica Montenegrina, 19, 125-129.
- Ağaoğlu, Ö.K. ve Ertuğrul, O., 2010. Mikrosatellitlerin Önemi ve Kullanım Alanları, Veteriner Hekim Dergisi, 81, 1, 39-43.
- Arribas, O., 1999. Phylogeny and relationships of the Mountain lizards of Europe and Near East (*Archaeolacerta* Mertens, 1921 sensu lato) and their relationships among the Eurasian lacertid radiation, Russian Journal of Herpetology, 1-22.
- Arribas, O., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Durmuş, S. H., Avcı, A. ve Üzüm N., 2013. External Morphology and Osteology of *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886), with A Taxonomic Revision of the Pontic and Small-Caucasus Populations (Squamata: Lacertidae), Zootaxa, 3626, 4, 401-428.
- Arribas, O., Ilgaz, Ç. ve Kumlutaş, Y., 2018. Reevaluation of the intraspecific variability in *Darevskia parvula* (Lantz Cyren, 1913): an integrated approach using morphology, osteology and genetics (Squamata: Lacertidae), Zootaxa, 4472, 1, 71-99.
- Avise, J.C., 1994. Molecular markers, natural history and evolution, Chapman and Hall, New York.
- Avise, J.C., 2004. Molecular Markers, Natural History, and Evolution, Sinauer Associates, Sunderland.
- Baran, İ., Ilgaz, Ç., Avcı, A., Kumlutaş, Y. ve Olgun, K., 2005. Türkiye Amfibi ve Sürüngenleri, 204, TÜBİTAK Popüler Bilim Kitapları, Ankara.
- Başoğlu, M. ve Baran, İ., 1977. Türkiye Sürüngenleri-Kaplumbağa ve Kertenkeleler, 272, İlker Matbaası, İzmir.
- Beaumont, M.A. ve Bruford, M.W., 1999. Microsatellites in conservation genetics. Microsatellites: Evolution and applications, 165-180, Oxford University Press, Oxford.
- Bedriaga, J. V., 1886. Beiträge zur Kenntnis der Lacertiden-Familie. (*Lacerta*, *Algiroides*, *Tropidosaura*, *Zerzumia* und *Bettaia*), Abhandlungen der senckenbergischen naturforschenden Gesellschaft, Frankfurt/Main, 14, 17-443.
- Birlik, S., Yıldırımhan, H.S., Ilgaz, Ç. ve Kumlutaş, Y., 2018. Helminth fauna of Spiny Tailed Lizard, *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886) (Sauria: Lacertidae) from Turkey, Helminthologia, 55, 1, 45-51.



- Bodenheimer, F. S., 1944. Introduction into the Knowledge of the Amphibia and Reptilia of Turkey, 78, Rev Fac Sci Univ Istanbul, Ser B, 9.
- Boettger, O., 1892. Wissenschaftliche Ergebnisse der Reise Dr. Jean Valentins im Sommer 1890. I. Kriechtiere der Kaukasusländer, gesammelt durch die Radde-Valentin'sche Expedition nach dem Karabagh und durch die Herren Dr. J. Valentin und P. Reibisch, Berichte der senckenbergischen naturforschenden Gesellschaft, Frankfurt/Main, 131-150.
- Boulenger, G.A., 1904. On the *Lacerta depressa* of Camerano, Proceedings of the Zoological Society, 2, 22, 332-339.
- Boulenger, G.A., 1913. Second contribution to our knowledge of the varieties of Wall Lizard (*Lacerta muralis*), Transactions of the Zoological Society of London, 20, 3, 135-216.
- Böhme, W. ve Budak A., 1977. Über die rudis-Gruppe des *Lacerta saxicola* Komplexes in der Türkei, I (Reptilia: Sauria: Lacertidae), Salamandra, 13, 3-4, 141-149.
- Böhme, W. ve Bischoff, W., 1984. *Lacerta rudis* Bedriaga 1886 - Kielschwanz-Felseidechse. - In: Böhme, W. (Hrsg.): Handbuch der Reptilien und Amphibien Europas. Band 2/I Echsen II (Lacerta).
- Budak, A. ve Böhme W., 1978. Über die rudis-Gruppe des *Lacerta saaeicola*-Komplexes in der Türkei, I (Reptilia: Sauria: Lacertidae), Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien, 81, 273-281.
- Bülbül, U. ve Kutrup, B., 2013. Morphological and genetic variation of Ommatotriton in Turkey, Animal Biology, 63, 3, 297-312.
- Brown, W.M., George, M.Jr. ve Wilson, A.C., 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 76, 1967-1971.
- Brown, W.M., Prager E., Wang A. ve Wilson A.C., 1982. Mitochondrial DNA sequences of primers: tempo and mode of evolution, Journal of Molecular Evolution, 18, 225-239.
- Brown, W.M., 1985. The mitochondrial genome of animals. In: Molecular Evolutionary Genetics, 95-130. Plenum, New York.
- Bruford, M.W. ve Wayne, R.K., 1993. Microsatellites and their application to population genetic studies, Current Opinion in Genetics and Development, 3, 939-943.
- Camerano, 1878. Descrizione di una nuova specie del genere podarcis, Wagl Atti Academ, 13, 538-541.
- Candan, K., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Ayaz, D. ve Yıldırım, E., 2017. Phylogenetic assessment of the Valentin's Lizard, *Darevskia valentini*, (Boettger, 1892) in Turkey, 19th European Congress of Herpetology, September, Salzburg, Austria.

- Chambers, G.K. ve MacAvoy, E.S., 2000. Microsatellites: Consensus and controversy, Comparative Biochemistry and Physiology, 126, 455-476.
- Chiobanu, D., Roudykh, I.A., Ryabinina, N.L., Grechko, V.V., Kramerov, D.A., ve Darevsky, I.S., 2002. Reticulate Evolution of Parthenospecies of the Lacertidae Rock Lizards: Inheritance of CLsat Tandem Repeats and Anonymous RAPD Markers, Molecular Biology, 36, 2, 223-231.
- Clark, R. J. ve Clark, E. D., 1973. Report on a Collection of Amphibians and Reptiles from Turkey, California Academy of Sciences in San Francisco, 104, 1-62.
- Clement, M., Posada, D. ve Crandall, K.A., 2000. TCS, a computer program to estimate gene genealogies, Molecular Ecology, 9, 10, 1657-1659.
- Costa, M.C., Camargo, C., Laganaro, N.M., Oliveira Jr. P.R.R., Davanço, P.V., Azeredo R.M.A., Simpson J.G.P., Silveira, L.F. ve Francisco, M.R., 2014. A suite of microsatellite markers for genetic management of captive cracids (Aves, Galliformes), Genetics and Molecular Research, 13, 4, 9867-9873.
- Çavaş, Ç.K., Kumlutaş, Y., Candan, K. ve Ilgaz, Ç., 2018. Sexual Dimorphism Prediction of *Darevskia bithynica* (Méhely, 1909) from Northwestern Anatolia, Turkey by Using Artificial Neural Network, Hacettepe Journal of Biology and Chemistry, 46, 4, 473-480.
- Darevsky, I. S. ve Eiselt J., 1967. Ein neuer Name für *Lacerta saxicola mehelyi*, Lantz und Cyrén, 1936, Annalen des Naturhistorischen Museum Wien, 70, 107.
- Darevsky, I. S., 1967. Rock lizards of the Caucasus, (Systematic, ecology and phylogeneis of the polymorphic groups of rock lizards of the subgenus *Archaeolacerta*), 276, Nauka Press, Leningrad.
- Darevsky, I. S. ve Lukina, G. P., 1977. Rock lizards of the *Lacerta saxicola* Eversmann group (Sauria, Lacertidae) collected in Turkey by Richard and Erica Clark (in Russian), Proceedings of the Zoological Institute of the Academy of Sciences, 74, 60.
- Darevsky, I. S. ve Eiselt, J., 1980. Neue Felseneidechsen (Reptilia: Lacertidae) aus dem Kaukasus und aus der Türkei, Amphibia-Reptilia, 1, 29-40.
- Darevsky, I.S., Kupriyanova, L.A. ve Uzzell, T., 1985. Parthenogenesis in Reptiles, In Gans, C., Billett, D.F., (Eds.), *Biology of Reptilia*, 413-526. John Wiley and Sons, New York.
- Darevsky, I.S., 1993. Evolution and ecology of parthenogenesis in reptiles. In: *Current Research in Biology of Amphibians and Reptiles*, 209-257. Oxford, Ohio.
- Darriba, D., Taboada, G.L., Doallo, R. ve Posada, D., 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing, Nature Methods, 9, 8, 772.

- Demirsoy, A., 2006. Türkiye Omurgalıları-Türkiye Omurgalı Faunasının Sistematik ve Biyolojik Özelliklerinin Araştırılması ve Koruma Önlemlerinin Saptanması-Sürüngeçenler, 2. Baskı, 242, Meteksan A.Ş. Baskı Tesisleri, Ankara.
- Doğan, C. D. ve Uluman, M., 2016. R Software and Its Use in Statistical Data Analysis, Elementary Education Online, 15, 2, 615-634.
- Eiselt, V.J. ve Darevsky, I.S., 1991. *Lacerta rudis checkenica* ssp. n. aus dem Kaukasus (Reptilia: Lacertidae), Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien, 92 B, 15-29.
- Eisen, J.A., 2000. Mechanistic basis for microsatellite instability In: *Microsatellites Evolution and Applications*, 34-36, Oxford University Press, Newyork.
- Elder Jr JF ve Turner BJ., 1995. Concerted evolution of repetitive DNA sequences in eukaryotes, The Quarterly Review of Biology, 70, 3, 297-320.
- Engstrom, T.N., Shaffer, H.B. ve McCord, W.P., 2002. Phylogenetic diversity of endangered and critically endangered southeast Asian softshell turtles (Trionychidae: Chitra), Biological Conservation, 104, 173-179.
- Estoup, A. ve Cornuet, J.M., 1999. Microsatellite evolution: Inferences from population data. *Microsatellites: Evolution and applications*, 49-64, Oxford University Press, Oxford.
- Feldman, M.W., Kumm, J. ve Pritchard, J., 1999. Mutation and migration in models of microsatellite evolution, *Microsatellites: Evolution and applications*, 98-114, Oxford University Press, Oxford.
- Feldman, C.R. ve Parham, J.F., 2002. A molecular phylogeny for emydine turtles: taxonomic revision and the evolution of shell kinesis, Molecular Phylogenetics and Evolution, 22, 3, 388-398.
- Felsenstein, J., 1981. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach, Journal of Molecular Evolution, 17, 368-376.
- FitzSimmons, N.N., Tanksley, S., Forstner, R.J., Louis, E.E., Daghli, R., Gratten, J. ve Davis, S., 2000. Microsatellite markers for *Crocodylus*: New genetic tools for population genetics, mating system studies and forensics, *Crocodylian biology and evolution*, 51-57. Surrey Beatty and Sons, Chipping Norton.
- Fu J., 1999. Direct submission.
- Fu, J., Murphy, R.V. ve Darevsky, I.S., 2000. Divergence of the cytochrome b gene in the *Lacerta raddei* complex and its parthenogenetic daughter species: Evidence for recent multiple origins, Copeia, 2000, 2, 432-440.

- Gabelaia M., Tarkhnishvili, D. ve Adriaens, D., 2018. Use of three-dimensional geometric morphometrics for the identification of closely related species of Caucasian rock lizards (Lacertidae: Darevskia), Biological Journal of the Linnean Society, XX, 1-9.
- Girnyk, A.E., Vergun, A.A., Semyenova S.K., Guliaev, A.S., Arakelyan, M.S., Danielyan, F.D., Martirosyan, I.A., Murphy, R.W. ve Ryskov A.P., 2017. Multiple interspecific hybridization and microsatellite mutations provide clonal diversity in the parthenogenetic rock lizard *Darevskia armeniaca*, BMC Genomics, 19, 979.
- Goldstein, D.B. ve Pollock, D.D., 1997. Launching Microsatellites: A Review of Mutation Processes and Methods of Phylogenetic Inference, Journal of Heredity, 88, 335-342.
- Grechko, V.V., Fedorova, L.V., Ryabinin, D.M., Ryabinina, N.L., Ciobanu, D.G., Kosushkin, S.A. ve Darevsky, I.S., 2006. The Use of Nuclear DNA Molecular Markers for Studying Speciation and Systematics as Exemplified by the “*Lacerta agilis* complex” (Sauria: Lacertidae), Molecular Biology, 40, 1, 51-56.
- Grechko, V.V., Bannikova, A.A., Kosushkin, S.A., Ryabinina, N.L., Milto, K.D., Darevsky, I.S. ve Kramerov, D.A., 2007. Molecular genetic diversification of the lizard complex *Darevskia raddei* (Sauria: Lacertidae): Early stages of speciation. Molecular Biology, 41, 5, 764-775.
- Gül, S., Özdemir, N., Kumlutaş, Y., Durmuş, S. H. ve Ilgaz, Ç., 2015. Age Structure and Body Size Variation in Populations of *Darevskia bithynica* (Méhely, 1909) (Reptilia: Lacertidae) from Different Altitudes in North-western Turkey, Acta Zoologica Bulgarica, 67, 487-491.
- Hancock, J.M., 1999. Microsatellites and other simple sequences: Genomic context and mutational mechanisms. Microsatellites: Evolution and applications, Oxford University Press, Oxford.
- Hansen, M.M., Kenchington, E. ve Nielsen, E.E., 2001. Assigning individual fish to populations using microsatellite DNA markers, Fish and Fisheries, 2, 2, 93 -112.
- Hoehn, M., Sarre, S.D. ve Henle K., 2007. The tales of two geckos: does dispersal prevent extinction in recently fragmented populations? Molecular Ecology, 16, 3299-3312.
- Ilgaz, Ç., 2004. Doğu Karadeniz Bölgesi’ndeki (Trabzon, Rize, Artvin ve Ardahan) Kaya Kertenkelelerinin Sistematik Durumu, Yayılışı ve Ekolojisi Üzerine Araştırmalar (Sauria: Lacertidae), Doktora Tezi, E. Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir.
- Irwin, D.M., Kocher, T.D. ve Wilson, A.C., 1991. Evolution of the cytochrome b gene of mammals, Journal of Molecular Evolution, 32, 128-144.
- Koç, H., Kutrup, B., Eroğlu, O., Bülbül, U., Kurnaz, M., Afan, F. ve Eroğlu, A.İ., 2017. Phylogenetic relationships of *D. rudis* (Bedriaga, 1886) and *D. bithynica* (Méhely, 1909) based on microsatellite and mitochondrial DNA in Turkey, Mitochondrial DNA, 28, 6, 814-821.

- Koç, H., Bülbül, U. ve Kutrup, B., 2018. Is the Spiny-tailed Lizard *Darevskia rudis* (Bedriaga, 1886) Active All Year? *Ecologia Balkanica*, 10, 47-51.
- Kofler, R., Schlotterer, C. ve Lelley, T., 2007. SciRoKo: A new tool for whole genome microsatellite search and investigation, *Bioinformatics*, 23, 1683-1685
- Korchagin, V. I., Badaeva, T. N., Tokarskaya, O. N., Martirosyan, I. A., Darevsky, I. S. ve Ryskov, A. P., 2007. Molecular characterization of allelic variants of (GATA)<sub>n</sub> microsatellite loci in parthenogenetic lizards *Darevskia unisexualis* (Lacertidae), *Gene*, 392, 126-133.
- Koressaar, T. ve Remm, M., 2007. Enhancements and modifications of primer design program Primer3, *Bioinformatics*, 23, 10, 1289-1291.
- Lantz, L. A. ve Cyrén O., 1936. Contribution à la connaissance de *Lacerta saxicola* Eversmann, *Bulletin de la Société Zoologique de France*, Paris, 61, 159-181.
- Levinson, G. ve Gutman, G.A., 1987. Slipped-strand mispairing: A major mechanism for DNA sequence evolution, *Molecular Biology and Evolution*, 4, 3, 203-221.
- Malysheva, D.N., Vergun, A.A., Tokarskaya, O.N., Sevast'yanova, G.A., Darevsky, I.S. ve Ryskov A.P., 2007. Nucleotide sequences of the microsatellite locus Du215 (arm) allelic variants in the parthenospecies *Darevskia armeniaca* (Lacertidae), *Russian Journal of Genetics*, 43, 116-120.
- Maroso, F., Hillen, J.E.J., Pardo, B.G., Gkagkavouzis, K., Coscia, I., Hermida, M., Franch, R., Hellemans, B., Van Houdt, J., Simionati, B., Taggart, J.B., Nielsen, E.E., Maes, G., Ciavaglia, S.A., Webster, L.M.I., Volckaert, F.A.M., Martinez, P., Bargelloni, L. ve Ogden, R., 2018. Performance and precision of double digestion RAD (ddRAD) genotyping in large multiplexed datasets of marinefish species, *Marine Genomics*, 39, 64-72.
- Martirosyan, I.A., Ryskov, A.P., Petrosyan, V.G., Arakelyan, M.S., Aslanyan, A.V., Danielyan, F.D., Darevsky, I.S. ve Tokarskaya, O.N., 2002. Variation of mini- and microsatellite DNA markers in populations of parthenogenetic rock lizard *Darevskia rostombekovi*, *Russian Journal of Genetics*, 38, 691-698.
- Mayer, W. ve Lutz, D., 1989. Chemosystematische Untersuchungen zur Phylogese der Sammelgattung *Lacerta* (Reptilia: Sauria: Lacertidae), *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 27, 4, 338-349.
- Méhely, L.V., 1909. Materialien zu einer Systematik und Phylogenie der muralis-ähnlichen Lacerten. *Annales Historico-Naturales Musei Nationales Hungarici*, Budapest, 3, 409-621.
- Mertens, R., 1952. Amphibien und Reptilien aus der Türkei, *Rev Fac Sci Univ Istanbul, Ser B*, 17, 41-75.

- Meyer, A. ve Wilson, C., 1990. Origin of tetrapods inferred from their mitochondrial DNA affiliation to lungfish, Journal of Molecular Evolution, 31, 359-364.
- Meyer, A., 1993. Evolution of mitochondrial DNA of fishes. Biochemistry and molecular biology of fishes, Elsevier Press, Amsterdam.
- Milto, K.D., 2010. Status of the rare rock lizard, *Darevskia tristis* from pontic mountains, 7<sup>th</sup> Symposium on the lacertids of the Mediterranean Basin Mallorca, Spain, 52.
- Mindell, D.P. ve Honeycutt R.L., 1990. Ribosomal RNA in vertebrates: Evolution and phylogenetic applications, Annual Review of Ecology and Systematics, 21, 541-566.
- Mittermeier, R.A., Robles-Gil, P., Hoffman, M., Pilgrim, J., Brooks, T., Mittermeier, C.G., Lamoreux, J. ve da Fonseca, G.A.B., 2004. Hotspots Revisited, 390, CEMEX, Mexico City.
- Moritz, C., Dowling, T. E. ve Brown, W.M., 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA: Relevance for population biology and systematics, Annual Review of Ecology and Systematics, 18, 269-292.
- Moritz, C., Case, T.J., Bolger, D.T. ve Donnellan, S., 1993. Genetic diversity and the history of Pacific island house geckos (*Hemidactylus* and *Lepidodactylus*), Biological Journal of the Linnean Society, 48, 113-133.
- Moritz, C., 1994. Defining "evolutionarily significant units" for conservation, Trends in Ecology and Evolution, 9, 10, 373-375.
- Murphy, R.W., Fu, J., MacCulloch, R.D., Darevsky, I.S. ve Kupriyanova, L.A., 2000. A fine line between sex and unisexuality: the phylogenetic constraints on parthenogenesis in lacertid lizards, Zoological Journal of the Linnean Society, 130, 527-549.
- Myers, N., Mittermeier, R.A., Mittermeier, C.G., da Fonseca, G.A.B. ve Kent, J., 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities, Nature, 403, 6772, 853-858.
- Nei, M. ve Kumar, S., 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics, Oxford University Press, New York.
- Nikolskii, A. M., 1916. Fauna of Russia: Reptiles. Petrograd (Israel Programme of Translations, Jerusalem), 349.
- Omelchenko, A.V., Girnyk, A.E., Osipov, F.A., Vergun, A.A., Petrosyana, V.G., Danielyan, F.D., Arakelyan, M.S. ve Ryskov, A.P., 2016. Genetic Differentiation among Natural Populations of the Lizard Complex *Darevskia raddei* as Inferred from Genome Microsatellite Marking, Russian Journal of Genetics, 52, 2, 231-235.
- Orlova, V.F., 1978. Geographical distribution and intra-specific variability of meadow lizard (*Lacerta praticola* Eversm.) in Caucasus, In Birds and Reptiles [in Russian], Izd. MGU, Moscow, 204-215.

- Osipov, F.A., Vergun, A.A., Girnyk, A.E., Kutuzov, N.M. ve Ryskov, A.P., 2016. Molecular genetic characteristics of the allelic variants of microsatellite loci Du281, Du215, and Du323 in parthenogenetic lizards *Darevskia rostombekovi* (Fam. Lacertidae), Molecular Genetics Microbiology and Virology, 31, 69-74.
- Palumbi, S.R., Martin, A., Romano, S., McMillan, W.O., Stice, L. ve Grabowski, G., 1991. The simple fool's guide to PCR version 2.0, privately published document compiled by S. Palumbi, University of Hawaii, Department of Zoology, Honolulu, Hawaii, HI.
- Palumbi S.R., 1996. Nucleic acids II: the polymerase chain reaction, Molecular Systematics, Sinauer, 205-248, Sunderland.
- Parker, E.D. ve Selander, R.K., 1976. The organization of genetic diversity in the parthenogenetic lizard *Cnemidophorus tesselatus*, Genetics, 84, 791-805.
- Pavlicev, M. ve Mayer, W., 2006. Multiple copies of coding as well as pseudogene c-mos sequence exist in three lacertid species, Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution, 306B, 539-550.
- Pavlicev, M., Pinsker, W. ve Mayer, W., 2011. Phylogenetic relationships among four lizard species of the genus *Phoenicolacerta* (Squamata: Lacertidae) from the Middle East, Direct Submission.
- Posada, D. ve Crandall, K.A., 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution, Bioinformatics, 14, 9, 817-818.
- Queller, D. C., Strassmann, J. E. ve Hughes, C. R., 1993. Microsatellites and kinship, Trends in Ecology and Evolution, 8,8, 285-288.
- Ronquist, A. ve Huelsenbeck, J.P., 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models, Bioinformatics, 19, 12, 1572-1574.
- Russell, P. J., 2002. IGenetics. Benjamin Cummings, San Francisco.
- Ryabinina, N. L., Bannikova, A. A., Kosushkin, S. A., Ciobanu, D. G., Milto, K. D., Tuniyev, B. S., Orlova, V. F., Grechko, V. V ve Darevsky I. S., 2002. Estimation of the Subspecific Level of Differentiation in Caucasian Lizards of the Genus *Darevskia* (SYN. "*Lacerta saxicola* complex," Lacertidae, Sauria) Using Genome DNA Markers, Russian Journal of Herpetology, 9,3, 185-194.
- Ryskov, A.P. ve Vergun, A.A., 2017. The New Approach for Genotyping of Parthenogenetic Lizard Populations of the Genus *Darevskia* Based on Microsatellite-Containing Loci, Microsatellites: Innovations in Biomarker Research, 40.
- Saberi-Pirooz R., Ahmadzadeh, F., Ataei, S., Taati, M., Qashqaei, A.T. ve Carretero, M.A., 2018. A phylogenetic assessment of the meadow lizard *Darevskia praticola* (Eversmann, 1834) from Iran, Zootaxa, 4441, 1, 46-58.

- Schlötterer, C. ve Agis, M., 2012. Microsatellite Analysis of *Drosophila melanogaster* Populations Along a Microclimatic Contrast at Lower Nahel Oren Canyon, Mount Carmel, Israel, Molecular Biology and Evolution, 19, 4, 563–568.
- Shaffer H.B., Meylan, P. ve McKnight, M.L., 1997. Tests of turtle phylogeny: molecular, morphological, and paleontological approaches, Systematic Biology, 46, 2, 235-268.
- Shields, J.M. ve Olson, B.H., 2003. PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism Method for Detection of *Cyclospora cayentanensis* in Environmental Waters without Microscopic Confirmation, Applied and Environmental Microbiology, 69, 8, 4662-4669.
- Smith, T.B. ve Wayne, R.K., 1996. Molecular genetic approaches in conservation, Oxford University Press, Oxford.
- Spinks, P.Q., Shaffer, H.B., Iverson, J.B. ve McCord, W.P., 2004. Phylogenetic hypotheses for the turtle family Geoemydidae, Molecular Phylogenetics and Evolution, 32, 1, 164-182.
- Spinks P.Q. ve Shaffer, H.B., 2005. Range-wide molecular analysis of the western pond turtle (*Emys marmorata*): cryptic variation, isolation by distance, and their conservation implications, Molecular Ecology, 14, 2047-2064.
- Starkey D.E., Shaffer, H.B., Burke, R.L., Forstner, M.R.J., Iverson, J.B. ve Jansen, F.J., 2003. Molecular systematics, phylogeography, and the effects of Pleistocene glaciation in the painted turtle (*Chrysemys picta*) complex, Evolution, 57, 119-128.
- Swofford, D.L., 2000. PAUP\* Phylogenetic Analysis Using Parsimony (\*and Other Methods), Version 4. Sinauer Assoc, Sunderland, Massachusetts.
- Şekerciöğlü, Ç.H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö.E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Soyumert, A., Yokeş, M.B., İpekdağ, K., Sağlam, İ.K., Yücel, M. ve Dalfes, N., 2011. Turkey's globally important biodiversity in crisis, Biological Conservation, 144, 2752-2769.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. ve Kumar S., 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0, Molecular Biology and Evolution, 30, 12, 2725-2729.
- Tavaré, S., 1986. Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences, in *Some Mathematical Questions in Biology-DNA Sequence Analysis*, Miura R. M., (Ed.), Providence, RI: Amer Math Soc.
- Tayhan, Y., 2008. *Darevskia rudis bithynica* (Méhely, 1909) ile *Darevskia rudis tristis* (Lantz et Cyren, 1936) (Reptilia: Sauria: Lacertidae) Alttürlerinin Taksonomik Durumlarının İncelenmesi, Yüksek Lisans Tezi, E. Ü., Fen Bilimleri Enstitüsü, İzmir.



- Taylor, A.C., Horsup, A., Johnson, C.N., Sunnucks, P. ve Sherwin, B., 1997. Relatedness structure detected by microsatellite analysis and attempted pedigree reconstruction in an endangered marsupial, the northern hairy-nose wombat *Lasiorninus krefftii*, Molecular Ecology, 6, 9-19.
- Tchernov, E., 1992. The Afro-Arabian component in the Levantine mammalian fauna - a short biogeographical review, Israel Journal of Zoology, 38, 3-4, 155-192.
- Terentijev, P.V. ve Chernov. S. A., 1949. Key to the amphibians and reptiles, Isreal Programme of Translations, 3. Baskı, 1-315, Jerusalem.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. ve Higgins, D.G., 1997. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools, Nucleic Acids Research, 25, 24, 4876-4882.
- Thorpe, R.S., Mcgregora, D. ve Cumming, M., 2008. Population evolution of western Canary Island lizards (*Gallotia galloti*): 4-base endonuclease restriction fragment length polymorphisms of mitochondrial DNA, Biological Journal of the Linnean Society, 49, 3, 219-227.
- Toth, G., Gaspari, Z. ve Jurka, J., 2000. Microsatellites in Different Eukaryotic Genomes: Survey and Analysis, Genome Research, 10, 967-981.
- Untergasser, A., Cutcutache, I., Koressaar, T., Ye, J., Faircloth, B.C., Remm, M. ve Rozen, S.G., 2012. Primer3-new capabilities and interfaces, Nucleic Acids Research, 40, 15, e115.
- URL-1;<http://www.lacerta.de/AS/Taxon.php?Genus=33&Species=136> *Darevskia rudis* türünün dağılış alanları. 3 Ocak 2019.
- URL-2;<http://www.lacerta.de/AS/Taxon.php?Genus=33&Species=3393> *Darevskia bithynica* türünün dağılış alanları, 3 Ocak 2019.
- Ün, C., Wimmers K., Ponsuksili, S., Schmol F. ve Schellander K., 2000. Mikrosatellitler ve Kullanım Alanları, Hayvansal Üretim, 41, 9-14.
- Valdes, A.M., Slatkin, M. ve Freimer, N.B., 1993. Allele frequencies at microsatellite loci: The stepwise mutation model revisited, Genetics, 133, 737- 749.
- Vergun, A.A., Martirosyan, I.A., Semyenova, S.K., Omelchenko, A.V. ve Petrosyan, V.G., 2014. Clonal diversity and clone formation in the parthenogenetic Caucasian rock lizard *Darevskia dahli*, PLoS ONE, 9, 91674.
- Wan, Q.H., Wu, H., Fujihara, T. ve Fang, S.G., 2004. Which genetic marker for which conservation genetics issue?, Electrophoresis, 25, 2165-2176.
- Werner, F., 1902. Die Reptilien und Amphibienfauna von Kleinasien, SB Akad Wiss Wien, Math Nat KL, 111, 1, 1057-1121.

Zardoya, R. ve Meyer, A., 1996. Phylogenetic performance of mitochondrial protein-coding genes in resolving relationships among vertebrates, Molecular Biology and Evolution, 13, 933-942.

Zardoya, R., Vollmer, D.M., Craddock, C., Streelman, J.T., Karl, S. ve Meyer, A., 1996. Evolutionary conservation of microsatellite flanking regions and their use in resolving the phylogeny of cichlid fishes (Pisces: Perciformes), Proceedings of the Royal Society of London B, 263, 1589-1598.



## ÖZGEÇMİŞ

1990 yılında İstanbul'un Kartal ilçesinde doğdu. İlköğrenimini Öğretmen İbrahim Öztürk İlköğretim Okulu'nda, liseyi Pendik Süper Lisesi'nde tamamlamıştır. 2008 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü'nde lisans öğrenimine başlamış ve bu öğrenimini 2013 yılının Haziran ayında bitirmiştir. Aynı yılın Eylül ayında başladığı Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Zooloji Anabilim Dalı'ndaki yüksek lisans eğitimini, 2015 yılında tamamlamıştır. 2015 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Zooloji Anabilim Dalı'nda başladığı Doktora eğitimine halen devam etmektedir. Herpetoloji alanında moleküler sistematik çalışmalarını devam ettirmektedir. Doğa, kurgu ve makro fotoğrafçılıkla ilgilenmektedir. Yabancı dili İngilizce'dir.