

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

**BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**TÜRKİYE'DEKİ *DAREVSKIA PARVULA* (LANTZ VE CYRÉN, 1913) POPÜLASYONLARI  
ARASINDAKİ FİLOGENETİK İLİŞKİLERİN İNCELENMESİ**

**DOKTORA TEZİ**

**Muammer KURNAZ**

**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

Muammer KURNAZ Tarafından Hazırlanan

TÜRKİYE'DEKİ *DAREVKIA PARVULA* (LANTZ VE CYREN, 1913)  
POPÜLASYONLARI ARASINDAKİ FİLOGENETİK İLİŞKİLERİN İNCELENMESİ

başlıklı bu çalışma, Enstitü Yönetim Kurulunun 19 /02 /2019 gün ve 1792 sayılı  
kararıyla oluşturulan jüri tarafından yapılan sınavda  
DOKTORA TEZİ  
olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

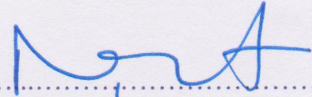
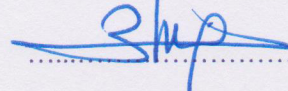
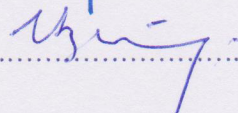
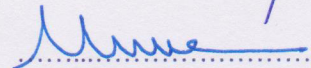
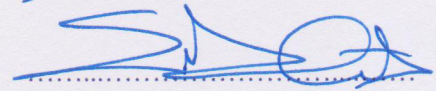
Başkan : Prof. Dr. Nurhayat ÖZDEMİR

Üye : Prof. Dr. Bilal KUTRUP

Üye : Prof. Dr. Ufuk BÜLBÜL

Üye : Prof. Dr. Murat TOSUNOĞLU

Üye : Doç. Dr. Serkan GÜL

  
.....  
  
.....  
  
.....  
  
.....  
  
.....

Prof. Dr. Asim KADIOĞLU  
Enstitü Müdürü

## ÖNSÖZ

“Türkiye’deki *Darevskia parvula* (Lantz ve Cyrén, 1913) popülasyonları arasındaki filogenetik ilişkilerin incelenmesi” adlı bu doktora tezi *Darevskia parvula* türünün Türkiye’de yayılış gösteren bütün popülasyonları filogenetik ve coğrafik yönden inceleyerek literatüre bu türün sistematigi hakkında önemli bilgiler sunmaktadır. Bu çalışma Karadeniz Teknik Üniversitesi Bilimsel Araştırma Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir (Proje numarası: FDK-2017- 6779).

Doktora eğitimim süresince danışmanlığımı üstlenerek çalışmaların yürütülmesi sırasında deneyim ve bilgilerini benimle paylaşan, yardım ve desteğini esirgemeyen sayın hocam Prof. Dr. Bilal KUTRUP’a sonsuz teşekkürü borç bilirim. Ayrıca tez çalışması sırasında örneklerin toplanması için arazi çalışmalarında yardımlarını esirgemeyen Prof. Dr. Ufuk BÜLBÜL’e de teşekkürü bir borç bilirim.

Tez çalışması süresince ve tezin hazırlanması sırasında deneyim ve bilgilerini benimle paylaşan değerli yardımlarını ve desteklerini hiçbir zaman eksik etmeyen değerli tez izleme jürisi hocalarım ve arazi çalışmaları ve deneysel çalışmalarda her türlü yardımını ve desteğini esirgemeyen arkadaşlarım Ali İhsan EROĞLU ve Çağrı BEKİRCAN’a teşekkür ederim.

Bu zorlu süreçte her zaman yanımda olan ve her türlü maddi manevi desteğini benden esirgemeyen aileme, özellikle de eşim Hümeysra KURNAZ’a teşekkürü bir borç bilirim

Muammer KURNAZ

Trabzon 2019

## TEZ ETİK BEYANNAMESİ

Doktora Tezi olarak sunduđum ‘‘Türkiye’deki *Darevskia parvula* (Lantz ve Cyrén, 1913) popülasyonları arasındaki filogenetik ilişkilerin incelenmesi’’ başlıklı bu çalışmayı baştan sona kadar danışmanım Prof. Dr. Bilal KUTRUP’un sorumluluğunda tamamladığımı, verileri/örnekleri kendim topladığımı, analizleri ilgili laboratuvarında yaptığımı, başka kaynaklardan aldığım bilgileri metinde ve kaynakçada eksiksiz olarak gösterdiğimi, çalışma sürecinde bilimsel araştırma ve etik kurallara uygun olarak davrandığımı ve aksinin ortaya çıkması durumunda her türlü yasal sonucu kabul ettiğimi beyan ederim. 15.03.2019

Muammer KURNAZ

## İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa No</u>
ÖNSÖZ.....	III
TEZ ETİK BEYANNAMESİ.....	IV
İÇİNDEKİLER.....	V
ÖZET.....	VII
SUMMARY .....	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	IX
TABLolar DİZİNİ.....	XII
KISALTMALAR VE SEMBOLLER DİZİNİ .....	XIII
1. GENEL BİLGİLER.....	1
1.1. Giriş.....	1
2. YAPILAN ÇALIŞMALAR.....	6
2.1. Materyalin Tanıtımı.....	6
2.1.1. <i>Darevskia parvula</i> (Lantz ve Cyrén, 1913).....	6
2.2. Arazi Çalışmaları.....	8
2.3. DNA İzolasyonu ve Filogenetik Analizler.....	10
2.3.1. Kertenkele Doku Örneklerinden DNA İzolasyonu .....	10
2.3.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile DNA'ların çoğaltılması .....	11
2.3.2.1. Mitokondriyal Genlere Ait Kısmı Baz Dizilerinin çoğaltılması .....	11
2.3.2.2. Nükleer <i>rag1</i> Genine Ait Kısmı Baz Dizilerinin çoğaltılması .....	12
2.3.2.3. DNA Dizin Analizi Sonucunda Evrimsel Ağaçların Oluşturulması .....	12
2.3.2.3.1. TCS Analizi ile Uygun Haplotiplerin Bulunması .....	13
2.3.2.3.2. Modeltest ile En Uygun Baz Değişim Modelinin Bulunması .....	13
2.3.2.3.3. Maksimum Likelihood (En Yüksek Olasılık) Analizi.....	14
2.3.2.3.4. Maksimum Parsimoni (En Yüksek Tutumluluk) Analizi.....	14
2.3.2.3.5. Neighbor-Joining ve Genetik Uzaklık Analizleri.....	14
2.3.2.3.6. Bayesiyen Analizi.....	14
2.4. <i>Darevskia parvula</i> 'nın Potansiyel Yayılışının ve Bu Yayılışa Etki Eden İklimsel ve Coğrafik Değişkenlerin Belirlenmesi.....	15
2.4.1. Türe Ait Coğrafik Koordinat Verilerinin Hazırlanması .....	15

2.4.2.	Türün Yayılışının ve Ekolojik Niş Farklılıklarının Belirlenmesi.....	17
3.	BULGULAR .....	19
3.1.	Filogenetik Bulgular .....	19
3.1.1.	TCS Analizi .....	19
3.1.2.	Modeltest Analizi .....	27
3.1.3.	Maksimum Likelihood (En Yüksek Olasılık) Analizi.....	27
3.1.4.	Maksimum Parsimoni (En Yüksek Tutumluluk) Analizi.....	31
3.1.5.	Neighbor-Joining Analizi .....	35
3.1.6.	Genetik Uzaklık Analizleri.....	39
3.1.7.	Bayesian Analizi.....	41
3.2.	<i>Darevkia parvula</i> 'nın Muhtemel Yayılışı ve Bu Yayılışı Etkileyen Biyo-iklimsel ve Coğrafik Etmenler .....	45
4.1.	TARTIŞMA.....	56
5.	SONUÇLAR.....	60
6.	ÖNERİLER .....	62
7.	KAYNAKLAR.....	63
	ÖZGEÇMİŞ	

Doktora Tezi

ÖZET

TÜRKİYE'DEKİ *DAREVSKIA PARVULA* (LANTZ VE CYRÉN, 1913)  
POPÜLASYONLARI ARASINDAKİ FİLOGENETİK İLİŞKİLERİN İNCELENMESİ

Muammer KURNAZ

Karadeniz Teknik Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof Dr. Bilal KUTRUP

2019, 67 Sayfa

*Darevskia parvula*, küçük Kafkasya'da dar bir dağılışa sahiptir. Bu grubun bazı türleri üzerinde birkaç taksonomik ve sistematik araştırma olmasına rağmen, filocoğrafik şekilleri ve bu grubun yayılış sınırları hala net değildir. Bu çalışmada, iki mitokondriyal gen dizisine (*cytb*, 512 bp ve 16S rRNA, 538 bp; yaklaşık 1052 bp kombine) ve bir protein kodlayan nükleer gen dizisine (baz, 822 bp) dayalı, Türkiye'deki kırmızı karınlı kertenkelelerin taksonomik ve filogenetik ilişkileri çözülmeye çalışılmıştır. Ayrıca, kırmızı karınlı kertenkele grupları arasındaki ekolojik niş farklılaşmaları da değerlendirilmiştir. Yapılan analizlerin sonucunda mitokondriyal DNA genlerinin bu grupta oldukça polimorfik olduğu bulunmuştur. Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Çıkarımına (BI) dayanan filogenetik ağaçlara göre, kırmızı karınlı kertenkelenin üç farklı tür grubuna ayrılacağı ortaya çıkmıştır; *D. parvula*, *D. adjarica* ve *adaj Darevskia sp.* Bu durum, mitokondriyal DNA gen fragmentlerinin ağaçlarındaki yüksek önyükleme ve arka olasılık değerleri ile desteklenmiştir. Bununla birlikte, nükleer gen (*rag1*) dizilimine göre hiçbir genetik çeşitlilik tespit edilmemiştir. Tür gruplarının ekolojik nişler bakımından hiçbir örtüşme olmadığından, ekolojik niş modelleme (ENM) sonuçları *D. parvula*, *D. adjarica* ve *Darevskia sp.*'nin farklı birer tür olabileceğini desteklemiştir. Ayrıca, kırmızı karınlı kertenkelenin haplotip grupları arasında coğrafi izolasyon bölgeleri olduğu için üç tür grubu arasında herhangi bir coğrafi örtüşme tespit edilmemiştir.

**Anahtar Kelimeler:** Lacertidae, *Darevskia parvula*, Ekolojik niş, Filocoğrafya, Türkiye



PhD. Thesis

SUMMARY

INVESTIGATION OF PHYLOGENETIC RELATIONSHIPS AMONG *DAREVSKIA*  
*PARVULA* (LANTZ VE CYRÉN, 1913) POPULATIONS IN TURKEY

Muammer KURNAZ

Karadeniz Technical University  
The Graduate of Natural and Applied Sciences  
Biology Graduate Program  
Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Bilal KUTRUP  
2019, 67 Pages

*Darevskia parvula* had a small distribution area in the lesser Caucasus. Although there were several taxonomic and systematic researches on some species of this group, the phylogeographical pattern and species disturbing boundaries of this group is still not clear. In the present study, we tried to resolve the taxonomic and phylogenetic relationships of the red-bellied lizards in Turkey, based on two combined mitochondrial gene fragments (*cytb*, 512 bp and 16S rRNA, 538 bp; about 1052 bp combined sequence) and one protein coding nuclear gene (*rag1*, 822 bp). Also, we evaluated ecological niches differentiations among red-bellied lizard groups. The mitochondrial DNA genes were found to be highly polymorphic in this group. According to phylogenetic trees based on the Maximum Likelihood (ML) and Bayesian Inference (BI), the red bellied lizard group could have three species groups; *D. parvula*, *D. adjarica* and candidate *Darevskia* sp. This situation was supported by high bootstrap and posterior probability values in the trees of mitochondrial DNA gene fragments. However, no genetic variation was detected according to nuclear gene (*rag1*) sequence. Because the species groups have no overlaps in terms of their ecological niches, ecological niche modeling (ENM) results revealed differences among the groups of *D. parvula*, *D. adjarica*, and unnamed *Darevskia* sp. Besides, we detected no geographical overlaps among three species groups, since there were geographical isolation zones among the species groups of red-bellied lizard.

**Key Words:** Lacertidae, *Darevskia parvula*, Ecological niche, Phylogeography, Turkey

## ŞEKİLLER DİZİNİ

### Sayfa No

- Şekil 1. *Darevskia parvula parvula* alttürünün genel görünümü (Kurnaz, 2014). .....7
- Şekil 2. *Darevskia parvula adjarica* alttürünün genel görünümü (Kurnaz, 2014). .....7
- Şekil 3. Filogenetik analizler için doku örneklerinin toplandığı lokaliteler ..... 10
- Şekil 4. TCS analizi sonucunda oluşan 16S rRNA genine ait haplotip ağı (sarı renk *D. p. adjarica*, mavi renk *D. p. parvula* ve kırmızı renk *Darevskia sp.*).. ..... 24
- Şekil 5. TCS analizi sonucunda oluşan *cty b* genine ait haplotip ağı (sarı renk *D. p. adjarica*, mavi renk *D. p. parvula* ve kırmızı renk *Darevskia sp.*).. ..... 25
- Şekil 6. TCS analizi sonucunda oluşan 16S rRNA ve *cyt b* genlerinin kombine edilmiş haline ait haplotip ağı (sarı renk *D. p. adjarica*, mavi renk *D. p. parvula* ve kırmızı renk *Darevskia sp.*)..... 25
- Şekil 7. TCS analizi sonucunda oluşan *rag1* genine ait haplotip ağı. .... 26
- Şekil 8. Mitokondriyal genlere ait haplotiplerin oluşturduğu coğrafi gruplaşma (Numaraların temsil ettiği lokaliteler Tablo 2’de verilmiştir).. ..... 26
- Şekil 9. 16S rRNA genine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.... ..28
- Şekil 10. *cyt b* genine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.. .... 29
- Şekil 11. 16S rRNA ve *cyt b* genlerinin kombinesine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir. ....30
- Şekil 12. *rag1* genine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir... .. 31
- Şekil 13. 16S rRNA genine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir. .... 32
- Şekil 14. *cyt b* genine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir... .. 33

Şekil 15.	16S rRNA ve <i>cyt b</i> genlerinin kombinesine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.....	34
Şekil 16.	<i>rag1</i> genine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.. ...	35
Şekil 17.	16S rRNA genine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir. ....	36
Şekil 18.	<i>cyt b</i> genine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.....	37
Şekil 19.	16S rRNA ve <i>cyt b</i> genlerinin kombinesine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir. ....	38
Şekil 20.	<i>rag1</i> genine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.....	39
Şekil 21.	16S rRNA genine ait Bayean analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir. ....	42
Şekil 22.	<i>cyt b</i> genine ait Bayean analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.....	43
Şekil 23.	16S rRNA ve <i>cyt b</i> genlerinin kombinesine ait Bayean analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir. ....	44
Şekil 24.	<i>rag1</i> genine ait Bayesian analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren <i>D. parvula</i> türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.....	45
Şekil 25.	İklimsel ve coğrafik değişkenler altında <i>Darevskia parvula</i> türünün beklenen potansiyel dağılışı.....	46
Şekil 26.	Yayılış modelinde kullanılan değişkenlerin önemliliklerinin jackknife testi sonuçları.....	47
Şekil 27.	İklimsel ve coğrafik değişkenler altında <i>Darevskia parvula</i> türünün genetik üç soyuna ait beklenen potansiyel dağılış şekilleri (Yukarıdan aşağıya doğru <i>D. p. parvula</i> , <i>D. p. adjarica</i> ve yeni genetik soy). ....	49

Şekil 28.	Yayılış modelinde kullanılan deęişkenlerin önemliliklerinin jackknife testi sonuçları (A: <i>D. d. parvula</i> , B: <i>D. d. adjarica</i> , C: yeni genetik soy). .....	51
Şekil 29.	<i>D. parvula</i> 'ya ait genetik soylara ait lokalitelerin XY düzleminde gösterimi .....	52
Şekil 30.	<i>D. parvula</i> 'ya ait genetik soylara ait lokalitelerin canonical ayırma düzleminde gösterimi .....	53
Şekil 31.	Mitokondriyal üç genetik soya yapılan Ekolojik niş modellemenin sonuçları.....	55



## TABLULAR DİZİNİ

### Sayfa No

Tablo 1.	Arazi çalışmalarında elde edilen doku örneklerinin lokaliteleri.....	9
Tablo 2.	Yayılış analizleri için kullanılan koordinat verileri (Mavi renk: <i>D. p. parvula</i> ; Sarı: <i>D. p. adjarica</i> ; Kırmızı: <i>Darevskia</i> sp. ....	15
Tablo 3.	Yayılış analizinde kullanılan biyo-iklimsel değişkenler.....	17
Tablo 4.	Gen bankası erişim numaraları. ....	19
Tablo 5.	Haplotip tablosu ve her bir haplotipi temsil eden örnekler.....	21
Tablo 6.	Modeltest sonucunda ortaya çıkan baz değişim modellerine ait parametreler. ....	27
Tablo 7.	Filogenetik ağaçlardaki soylar arasındaki genetik mesafeler. ....	41
Tablo 8.	<i>D. parvula</i> 'nın yayılışına etki eden değişkenler ve katkı oranları.....	47
Tablo 9.	<i>D. parvula</i> 'nın genetik soylarının yayılışına etki eden değişkenler ve katkı oranları. ....	50

## KISALTMALAR VE SEMBOLLER DİZİNİ

AIC	: Akaike'nin bilgi kriteri
AUC	: Eğri altındaki alan
BI	: Bayesian İnference
Bio 1	: Yıllık ortalama sıcaklık
Bio 2	: Ortalama günlük sıcaklık aralığı (aylık ortalama[max-min])
Bio 3	: Eş sıcaklık (Bio2 x Bio7 / 100)
Bio 4	: Mevsimsel sıcaklık (Standart sapma x 100)
Bio 5	: Daha soğuk ayların minimum sıcaklığı
Bio 6	: Daha sıcak ayların maximum sıcaklığı
Bio 7	: Sıcaklık aralığı (Bio 5-Bio 6)
Bio 8	: En yağışlı çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 9	: En kurak çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 10	: En sıcak çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 11	: En soğuk çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 12	: Yıllık yağış
Bio 13	: Mevsimsel yağmur (aylık yağışın standart sapması)
Bio 14	: En yağışlı ayda düşen yağmur
Bio 15	: En kurak ayda düşen yağmur
Bio 16	: En yağışlı çeyreğin ortalama yağışı
Bio 17	: En kurak çeyreğin ortalama yağışı
Bio 18	: En sıcak çeyreğin ortalama yağışı
Bio 19	: En soğuk çeyreğin ortalama yağışı
CSV	: Virgülle ayrılmı Excell dosyası
<i>cytb</i>	: Sitokrom B geni
D	: Schoener endeksi
DNA	: Deoksiribo Nükleik Asit
ENM	: Ekolojik Niş Modelleme
GPS	: Global Konumlandırma Sistemi (Global Positioning System)
GTR	: Genelleştirilmiş zaman tersinir baz değişim modeli
HKY	: Hasegawa, Kishino and Yano baz değişim modeli
I	: Hellinger endeksi

MaxEnt	: Maksimum Düzensizlik (Maksimum Entropy)
ML	: Maksimum Likelihood
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
<i>rag1</i>	: Rekombinant aktivatör geni 1
RNA	: Ribo Nükleik Asit
ROC	: Alıcı çalışma karakteristiği
rRNA	: Ribozomal RNA
SRTM	: Mekik Radar Topografya Görevi (Shuttle Radar Topography Mission)



# 1. GENEL BİLGİLER

## 1.1. Giriş

Filogenetik, bireylerin veya organizma gruplarının da dahil olduğu tür ya da popülasyonlar arasındaki evrimsel süreçleri ve bu süreçleri ilişkilendiren bütün olayları incelemektedir. Evrimsel biyoloji olarak da isimlendirilen filogenetik, bu süreçleri incelerken canlı ya da canlı gruplarına ait ekolojik, jeolojik, genetik, anatomik veya morfolojik verilerden de yararlanır. Tür içi ya da türler arası akrabalık ilişkilerini inceler ve türlerin birbirine ne kadar yakın veya ne kadar uzak olduğu hakkında bilgiler verir. Ayrıca, türlerin veya büyük canlı gruplarının muhtemel ayrılma zamanlarını ve bu ayrılmaya neden olabilecek coğrafi, jeolojik veya ekolojik olaylar hakkında bilgiler de vermektedir. Kısacası filogenetik bir türün dünyaya adım attığı andan itibaren günümüze kadar o türün başından geçen bütün değişimleri (genetik, morfolojik ve anatomik) ve bu değişimlere neden olabilecek faktör veya süreçleri bize anlatmaktadır (Lemey vd., 2009).

Darwin “Türlerin Kökeni Üzerine” (1859) adlı eserini yayımladığı günden bu yana evrimsel biyoloji en çok merak edilen konulardan biri olmuştur. Bunun sebebi evrimsel biyologların “Bir tür ya da türler nasıl meydana geldi?” sorusuna cevap aramalarından başka bir şey değildi. Bir türü diğer türlerden ayıran özelliklerin sadece genetik ve morfolojik farklılıklar olmadığı, bu farklılıklara neden olan bütün coğrafik, ekolojik ve jeolojik olayların da bu ayrıma ne derece etki ettiği evrimsel biyoloji açısından oldukça önemli konulardan biridir. Ayrıca, ortak atadan ayrılan ve farklı bir grup oluşturan bir türün çevredeki ortamlara uyum sağlaması, yeni nişleri kullanması ya da daha uygun yaşam alanlarına yayılıp türleşme süreçlerini ortaya çıkarması da evrimsel biyologlar için çok önemlidir (Lemey vd., 2009).

Hayvan türlerinin dağılışı durağan değildirler ve sürekli hareket etmektedirler. Bu hareketleri sürecinde birçoğu geniş yayılış alanlarına sahip olurken, birçoğu da lokal ya da dar bir alanda yayılış göstermektedirler. Dar yayılış alanına sahip olan türler, sadece belirli bir bölgede yayılış gösterdiği ve o bölgenin çevresel ve ekolojik şartlarına adaptasyon gösterdikleri için o bölgeye endemik (Kafkas endemiği, Karadeniz endemiği, Türkiye endemiği gibi...) olarak adlandırılırlar. Geniş alanlara yayılış gösteren türlerin her türlü



çevresel şartlara uyum yeteneği oldukça yüksektir ve bu türler de yaygın tür olarak isimlendirilmektedir. Bir türün dar veya geniş alanda yayılış göstermesi genetik çeşitlilik açısından da önemlidir. Bu yüzden dar alanda yayılış gösteren türler fazla genetik çeşitlilik göstermezken, geniş alanlara yayılış gösteren türlerde genetik çeşitlilik oldukça fazladır ve hatta bu durum bazen farklı bir türün oluşması ile de sonuçlanabilmektedir (Wallace, 1876).

Lacertidae (Opell, 1811) familyası dünyada çok geniş bir alanda yayılış göstermektedir. 42 cins ile temsil edilen Lacertidae familyasına ait olan yaklaşık 334 tür Avrupa, Afrika ve Asya kıtalarının nerede ise tamamında yayılış gösterirken, Kuzey Amerika kıtasında (Amerika ve Kanada'da) sınırlı olarak yayılış göstermektedir. Bu türlerden yaklaşık 42 tanesi Türkiye'de yayılış göstermektedir. Türkiye'de yayılış gösteren Lacertidae üyeleri 13 cins (*Acanthodactylus*, *Anatololacerta*, *Apathya*, *Darevskia*, *Eremias*, *Iranolacerta*, *Lacerta*, *Meseliana*, *Ophisops*, *Parvilacerta*, *Phoenicolacerta*, *Podarcis* ve *Timon*) ile temsil edilmektedir (URL-1).

*Darevskia* (Arribas, 1997) cinsi Türkiye'de en fazla türle temsil edilen cinstir ve bu cinse ait yaklaşık 15 tür ülkemizde yayılış göstermektedir. *Darevskia* cinsi çoğunlukla Karadeniz bölgesi olmak üzere Doğu Anadolu, İç Anadolu ve Marmara bölgesinde yayılış göstermektedir. Bu türlerden biri olan *Darevskia parvula*, ilk olarak Lantz ve Cyrén (1913) tarafından Artvin'den (Merkez, Ardanuç ve Borçka) toplanan örneklerin incelenmesi ile tavsif edilmiştir (Lantz ve Cyren, 1913). İlk olarak *Lacerta saxicola*'nın bir varyetesi olarak ele alınan *Lacerta parvula* (Nikolsky, 1913; Lantz ve Cyren, 1913), daha sonraları *Lacerta saxicola*'nın Türkiye'de yayılış gösteren 5 alttüründen biri olan *L. saxicola parvula* olarak kabul edilmiştir (Bodenheimer, 1944). Darevsky (1967) Türkiye'nin Kuzeydoğu Anadolu Bölgesi ve Gürcistan'ın Adjariya ve Abastumani bölgeleri civarından incelediği örneklerin morfometrik ölçüm ve folidosis özelliklerine göre Anadolu'nun kuzeydoğusundaki örneklerin folidosis özellikleri bakımından diğer iki popülasyondaki örneklerden önemli derecede farklı olduğunu belirtmiş ve bu farklılığın da kline durumu olabileceğini rapor etmiştir. O güne kadar alttür olarak ele alınan *L. s. parvula* Clark ve Clark (1973)'ün Artvin'in 15 km doğusundan incelediği iki örnek ile diğer kaya kertenkelelerinden çok farklı olduğunu belirterek *parvula* taksonunun tür seviyesinde ele alınması gerektiğini belirtmişlerdir. Darevsky ve Eiselt (1980) *L. parvula* türüne ait Gürcistan'daki Abastumani, Grusinien'den inceledikleri örneklerden birini holotip seçerek *L. p. adjarica* alttürünü tavsif etmişlerdir. Böylece *D. parvula* türünün, *D. p. parvula* ve *D. p. adjarica* adlı iki alttürü ile

temsil edildiği kabul edilmiştir. Darevsky ve Eiselt (1980)'e göre *D. p. adjarica* alttürünün nominat ırktan farkları; vücut şeklinin tıknaz olması, supratemporal plak sayısının az olması, 1. supratemporal plağın daha uzun olması, 6.submaksillar plağın şeklinin farklı olması, dorso-lateral kısmında koyu bir bant bulunması, dorsal renginin daha kahverengi-siyah renkli ve ventral kısmının ise erişkinlerde daha fazla kırmızımsı olmasıdır. Bunun yanı sıra, Darevsky ve Eiselt (1980) *L. p. adjarica* alttürünün, Batum ile Trabzon arasındaki Karadeniz sahil bölgesi ile sahile yakın dağlık bölgelerde, Borçka'nın aşağısındaki Çoruh Vadisi'nde, Gürcistan'ın Asharia ve Grusinia (Meria ve Borzomi arası) bölgeleri civarında yayılış gösterdiğini belirtmişlerdir. Daha sonraları Franzen (1990), Türkiye'deki kertenkeleler üzerine yaptığı çalışmada *D. parvula*'nın Kars (Sarıkamış) ve Trabzon'da da yayılış gösterdiğini rapor etmiştir. Bunu takiben, Baran vd., (1997) Çamlıhemşin (Rize)'den yakaladıkları örneklerin *L. p. adjarica* alttürüne ait olduğunu belirtmişlerdir. Arribas (1997)'in yaptığı revizyondan sonra *L. parvula* adı yerine, *D. parvula* adı kullanılmaya başlanmıştır. *D. parvula*'nın iki alttürünün Türkiye'deki popülasyonlarının yayılışı kapsamlı bir bilgi veren bir çalışmada Baran ve Atatür (1998) *D. p. parvula*'nın Türkiye sınırları içerisinde Artvin, Ardahan, Bayburt ve Erzurum illerinde yayılış gösterdiğini, *D. p. adjarica*'nın ise Artvin ve Rize illerinin sahil kesimlerinde bulunduğunu belirtmişlerdir. Franzen (1999)'da Türkiye'de yapmış olduğu bir çalışmada, *D. parvula*'nın Şenyuva (Rize) ve Cankurtaran Geçidi (Artvin)'nde de yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Aynı araştırmacı, Franzen (2000)'de başka bir çalışmada *D. parvula*'nın Trabzon ve Hopa (Artvin) arasında düzenli bir şekilde yayılış gösterdiğini rapor etmiştir. Kutrup (2001) tarafından Murgul ve çevresinden yakalanan *D. parvula* örneklerin dorsal pul sayısı, suprasiliyar granül sayısı ve yüksek vücut uzunluğu gibi verilere göre *D. p. parvula* alttürüne ait olduğu belirtilmiştir. Baran vd., (2004) *D. parvula*'nın Şavşat (Artvin)'in batısında bulunduğunu rapor etmiştir. Bugüne kadar Türkiye'deki *D. parvula* popülasyonlarının bireyleri üzerinde yapılan en kapsamlı morfolojik incelemelerden olan bir çalışmada Ilgaz (2009), *D. p. parvula* ve *D. p. adjarica*'ya ait olan toplam 10 popülasyondan incelediği örneklerin foliosis özellikleri, morfometrik ölçümleri, renk-desen özellikleri ve ekolojik ve biyolojik özellikleri hakkında bilgiler vermiştir.

Türe ait bu kadar çok morfolojik, ekolojik ve dağılış özelliklerini gösteren çalışmalar bulunmasına karşın, *D. parvula*'nın ne Gürcistan ne de Türkiye popülasyonlarının bireyleri arasındaki filogenetik ilişkileri inceleyen moleküler seviyedeki bir çalışma bulunmamaktadır. Halbuki *D. parvula*'nın dahil olduğu *Darevskia* cinsine ait diğer kaya

kertenkele türlerinin filogenisi üzerine yapılan çalışmalar bulunmaktadır (Murphy vd., 1996; Fu ve Murphy, 1997; Fu vd., 2000; Murphy vd., 2000; Ciobanu vd., 2002, 2003; Brown, 2004; Grechko vd., 2006). Bugüne kadar sadece Fu ve Murphy (1997) ve Fu vd. (2000)'nin yapmış olduğu çalışmalarda *Darevskia* genusuna ait türlerin filogenetik ilişkilerinin incelenmesi için Gürcistan'ın Akhaldaba Bölgesi'nden alınan tek bir *D. parvula* örneği kullanılmıştır. Ancak, *D. parvula* popülasyonları arasında herhangi bir filogenetik karşılaştırma yapılmamıştır.

Literatürden de anlaşıldığı gibi *D. parvula* ile ilgili Türkiye'de yapılan çalışmalarda sadece morfolojik ve folidosis verilere göre değerlendirmeler yapılmıştır. Bu sebeple, *D. parvula* türüne ait popülasyonların bireyleri arasındaki filogenetik ilişkilerin detaylı bir şekilde ortaya konulmasına, moleküler veriler (örneğin, mitokondriyal ve nükleer DNA baz dizilişleri) ile popülasyonlar arasındaki genetik mesafenin belirlenmesine, morfolojik özelliklere göre belirtilen iki alttürün geçerliliğinin moleküler belirteçler yardımıyla test edilmesine ve buna ilaveten Türkiye'de bu iki alttürden başka farklı filogenetik soy ya da soyların bulunup bulunmadığının araştırılması gerekmektedir.

Son zamanlarda *D. parvula* türünün morfoloji, osteoloji ve genetik yapısını inceleyen yeni bir çalışma yayınlanmıştır (Arribas vd., 2018). Bu çalışmada yazarlar morfolojik ve genetik olarak türün iki alttürünü *D. parvula* ve *D. adjarica* olarak iki farklı tür olduğunu ortaya koymuşlardır. Bu çalışma morfolojik olarak 10 lokaliteden 213 bireyle çalışılmış olmasına rağmen, genetik olarak 3 lokaliteden 11 birey kullanılmıştır. Yapılan bu çalışma morfolojik olarak yeterli olmasına rağmen filogenetik olarak ve türün genetik yapısını ortaya koyabilmesi açısından oldukça yetersizdir.

Çalışma konusu olan *D. parvula* türünün Türkiye'deki popülasyonlarındaki bireylere (daha fazla lokaliteden daha fazla bireyden) ait hem mitokondriyal DNA (16S rRNA ve *cyt b* genleri) hem de nükleer DNA (*rag1* geni)'ya ait kısmi baz dizilişlerini karşılaştırarak bu popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkileri ortaya çıkarmak, türün ve alttürlerinin yayılışına etki eden iklimsel faktörler hakkında bilgi vermek ve *D. parvula* türünün alttürlerine ait popülasyonlar arasındaki evrimsel ilişkileri ortaya koymaktır.

Bu amaçla:

- Daha önce morfolojik veriler kullanılarak tanımlanmış *D. parvula* alttürlerinin geçerli alttürler olup olmadığını moleküler belirteçler (mitokondriyal 16S rRNA ve *cyt b*

genleri ile nüklear *rag1* genine ait kısmi baz dizilişleri) kullanarak belirlemek ve buna göre göre türün sistematik durumunu yeniden değerlendirmek,

- Bu kertenkelelerin filogenetik ilişkilerinin şekillenmesine neden olan coğrafik durumların belirlenmesine katkıda bulunmak,

- Daha çok lokaliteden (33 lokalite) daha fazla örnek (86 birey) kullanarak daha detaylı bir şekilde türün filogenisini ortaya çıkarmak,

- Farklı yükselti, sıcaklık, nem gibi coğrafik ve ekolojik olarak değişik şartlara sahip ortamlarda yer alan popülasyonlara ait bireyler arasında genetik farklılığın bulunup bulunmadığını incelemek,

- Literatürde yer almayan ve arazi çalışmaları sırasında bulunabilecek yeni popülasyonlardaki bireylerin türün diğer popülasyonlarındaki bireylerle olan filogenetik ilişkileri hakkında bilgi edinmek,

- Ortaya çıkabilecek muhtemel yeni soy (lineage) ya da soyların tespitiyle Türkiye'nin biyolojik çeşitliliğinin belirlenmesinde bir katkı sağlamaktır.

## 2. YAPILAN ÇALIŞMALAR

### 2.1. Materyalin Tanıtımı

#### 2.1.1. *Darevskia parvula* (Lantz ve Cyren, 1913)

Vücut boyu yaklaşık 18 cm olan *D. parvula* ülkemizde yayılış gösteren orta boylu kaya kertenkelelerinden biridir. Türkiye'deki *Darevskia* cinsine ait olan kertenkeleler içinde en bariz şekilde tanımlanacağı özelliği karın kısmındaki turuncu-kırmızı renklenmelerdir. Türkiye'de sahil kesiminde Trabzon'dan Artvin'e kadar yayılış gösterirken, iç kesimlerde Ardahan, Kars ve Erzurum'da da yayılış göstermektedir. Tür *D. p. parvula* ve *D. p. adjarica* olmak üzere iki alttüre sahiptir ve bunların ikisi de Türkiye'de yayılış göstermektedir (Şekil 1-2). *D. p. adjarica* alttüre Karadeniz sahili boyunca ve biraz iç kesimlerdeki dağlık alanlara kadar yayılış gösterirken, *D. p. parvula* alttüre daha iç daha güneyde ve daha yüksek rakımlarda yayılış göstermektedir. Türün habitatını yol kenarlarındaki ve orman içlerindeki kayalık alanlar teşkil etmektedir (Baran and Atatür, 1998).

Kingdom	: Animalia
Subkingdom	: Eumetazoa
Superphylum	: Deuterostomia
Phylum	: Chordata
Subphylum	: Vertebrata
Superclassis	: Tetrapoda
Classis	: Reptilia
Ordo	: Squamata
Subordo	: Lacertilia
Familia	: Lacertidae
Genus	: <i>Darevskia</i>
Species	: <i>Darevskia parvula</i>
Subspecies	: <i>Darevskia parvula parvula</i> (Lantz and Cyrén, 1913) <i>Darevskia parvula adjarica</i> (Darevsky and Eiselt, 1980)



Şekil 1. *Darevskia parvula parvula* alttürünün genel görünümü (Kurnaz, 2014).



Şekil 2. *Darevskia parvula adjarica* alttürünün genel görünümü (Kurnaz, 2014).

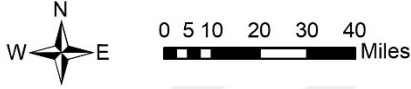
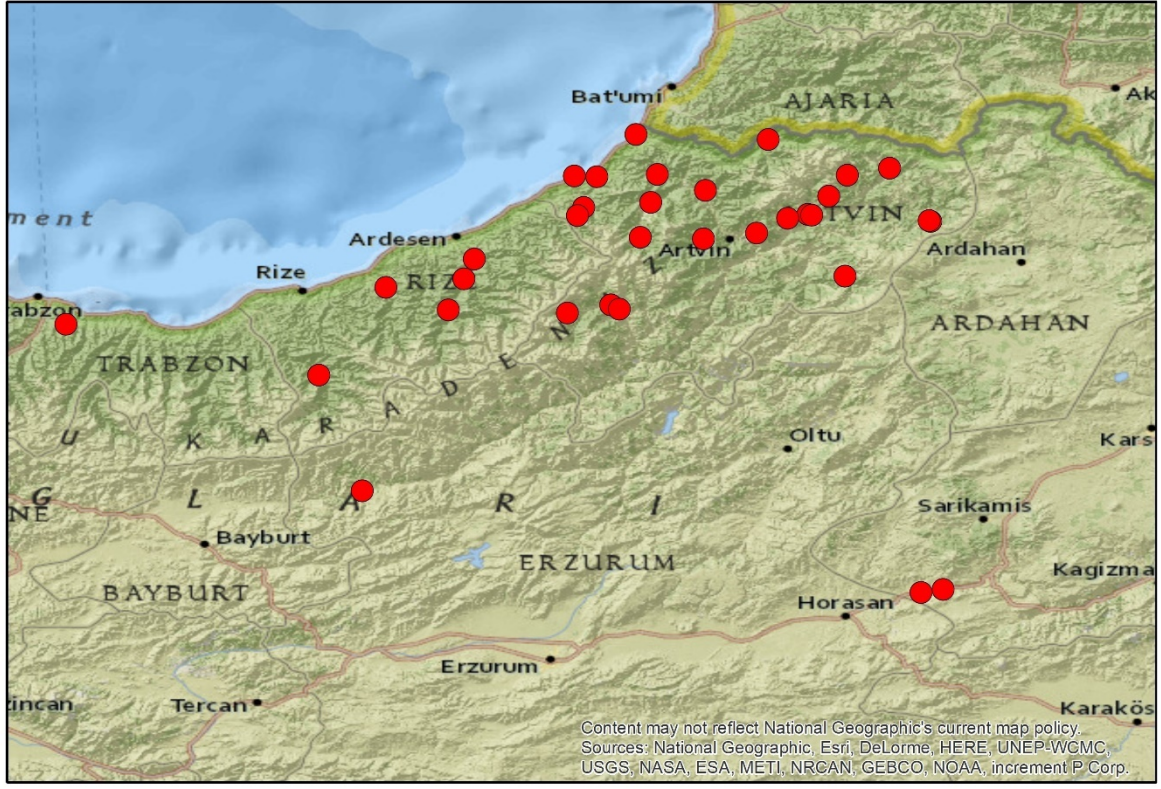
## 2.2.Arazi Çalışmaları

Bu tez çalışmasının meydana getirilmesi için, arazi çalışmaları 2014-2017 yılları arasında gerçekleştirilmiştir. Bu yılları takiben her yılın farklı dönemlerinde Nisan-Eylül ayları arasında (yoğun olarak Mayıs ve Haziran aylarında) arazi çalışmaları yapılmıştır. Arazi çalışmaları yapılırken türün yayılış göstereceği habitat özellikleri dikkate alınarak genellikle yol kenarlarındaki kayalık ve taşlık alanlarda arazi çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Arazi çalışmaları haricinde daha önceki yıllarda yakalanmış ve KTÜ Zooloji Laboratuvarında saklanan *Darevskia parvula* türüne ait doku örnekleri de çalışmaya dahil edilmiştir. Böylece hem arazi çalışmaları hem de önceden temin edilmiş örnekler olmak üzere bu çalışmada yapılan filogenetik analizler için toplamda 33 farklı lokaliteden 86 örnek kullanılmıştır (Tablo 1). Kertenkele örnekleri ile çalışmak için gerekli izinler Karadeniz Teknik Üniversitesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurul Başkanlığından (KTÜ. 53488718-704 2015/14) ve Orman ve Su İşleri Bakanlığı Milli Parklar Genel Müdürlüğünden (Hayvan yakalama izni: 72784983-488.04-1685) alınmıştır. Belirlenen lokalitelerden yakalanan kertenkele örnekleri eter ile bayıltılarak, arka ayak parmaklarının birinden veya kopan kuyruklarından DNA örneği elde edilmesi amacıyla hayvanın yaşamını devam ettirebilmesini zorlaştırmayacak kadar doku alındıktan sonra ependorf tüplerde %96'lık saf alkol içerisinde -20° C'deki soğutucuda saklanmıştır. Doku örnekleri alınan bölgeler antiseptik krem ile kapatıldıktan sonra aılan bireyler hiçbir özel koşul uygulanmadan yakalandıkları habitatlara geri bırakılmıştır. Arazi çalışmaları esnasında, örneklerin toplandığı bölgelerin yükseklikleri ve koordinatları GPS cihazı yardımıyla tespit edilmiştir. Örnekleme yapılan lokaliteler Şekil 1'de gösterilmiştir.

Tablo 1. Arazi çalışmalarında elde edilen doku örneklerinin lokaliteleri.

No	Lokalite Adı	Kısaltması	Örnek Sayısı
1	Yomra (Trabzon)	Par 1-2	2
2	İkizdere (Rize)	Par 3-5	3
3	Çamlıhemşin (Rize)	Par 6-8	3
4	Zilkale (Çamlıhemşin-Rize)	Par 9-11	3
5	Çifteköprü (Borçka-Artvin)	Par 12-14	3
6	İbrikli Köyü (Borçka-Artvin)	Par 15-17	3
7	Camili (Borçka-Artvin)	Par 18-19	2
8	Murgul (Artvin)	Par 20-21	2
9	Kabaca Köyü (Murgul-Artvin)	Par 22	1
10	Kemalpaşa (Hopa-Artvin)	Par 23-25	3
11	Arhavi (Artvin)	Par 26-28	3
12	Çiftekemer Köprü-Ortacalar (Arhavi-Artvin)	Par 29-31	3
13	Meydancık Erikli Köyü (Şavşat-Artvin)	Par 32-34	3
14	Sahara Milli Parkı (Şavşat-Artvin)	Par 35-37	3
15	İzzetkışla Mevkii (Şavşat-Artvin)	Par 38	1
16	Soğuksu Mevkii (Şavşat-Artvin)	Par 39	1
17	Maden Köyü (Şavşat-Artvin)	Par 40-42	3
18	Geçitli Köyü (Ardanuç-Artvin)	Par 43-45	3
19	Barhal Vadisi (Yusufeli-Artvin)	Par 46-48	3
20	Barhal Vadisi Altıparmak Dağları (Yusufeli-Artvin)	Par 49-51	3
21	Hatila Vadisi (Artvin)	Par 52-54	3
22	Pırnallı Köyü (Artvin)	Par 55-57	3
23	Ortaköy Köyü (Artvin)	Par 58-60	3
24	Yanıklı Köyü (Artvin)	Par 61-63	3
25	Pazaryolu (Erzurum)	Par 64-66	3
26	Horasan (Erzurum)	Par 67-69	3
27	Sarıkamış (Kars)	Par 70-72	3
28	Çayeli (Rize)	Par 73-75	3
29	Salkımlı Köyü (Artvin)	Par 76-78	3
30	Ardeşen-Çamlıhemşin arası 10. Km (Rize)	Par 79-81	3
31	Kamilet Vadisi (Arhavi-Artvin)	Par 82-84	3
32	Yeşilköy Köyü (Hopa-Artvin)	Par 85	1
33	Sarıgöl Köyü (Yusufeli-Artvin)	Par 86	1





Şekil 3. Filogenetik analizler için doku örneklerinin toplandığı lokaliteler.

## 2.3. DNA İzolasyonu ve Filogenetik Analizler

### 2.3.1. Kertenkele Doku Örneklerinden DNA İzolasyonu

Arazi çalışmalarında *Darevikia parvula* türüne ait elde edilen doku örneklerinden genomik DNA'ların izolasyonu için Nucleospin® adlı DNA izolasyon kiti kullanılmış ve üretici firmanın sağlamış olduğu protokole göre hareket edilmiştir. Bu protokole göre ilk olarak 25 mg'lık doku örnekleri hazırlanmış ve ependorf tüplere koyulmuştur. Ependorf tüplerin içindeki doku örneklerinin üzerine 25 µL proteinaz K ile 180 µL T1 tamponu eklenerek 1-2 saat aralıklarla vortekslenmiş ve böylece proteinaz K enziminin dokulara nüfuz edip onları daha iyi parçalamasına imkân sağlanmıştır. Dokuların daha iyi parçalanabilmesi için ependorf tüp içindeki dokular gece boyunca 56°C'de bekletilmiştir. Bir sonraki gün tekrar vortex edilen dokulara 200 µL B3 tamponu eklenmiş ve 10 dakika boyunca 70°C'de bekletilmiştir. Bu işlem sonucunda tüpler tekrar vortekslenerek üzerlerine

210 µL %96'lık etil alkol eklenmiş ve dokular sert bir şekilde vortekslenmiştir. Bir sonraki aşamada tüp içerisindeki çözünmüş dokular ve tüm solüsyon karışımları yükleme kolonlarına aktarılmıştır ve 11000g'de 1 dakika santrifüj edilmiştir. Bu işlem sonunda DNA'lar kolonun filtresine bağlandığı için, kolonun tüp kısmında kalan solüsyonlar dökülmüştür. Daha sonra filtrelere bağlanan DNA'ların yıkanması için sırasıyla 500 ve 600 µL BW ve B5 tamponları eklenip 11000g'de 1 dakika santrifüj edildikten sonra tekrar dökülmüştür. Son aşamada kuru bir santrifüj edildikten sonra kolonların tüp kısımları değiştirilmiştir ve filtreler boş tüplere eklenmiştir. Filtrelere bağlanan DNA'ların tüplere geçmesi için 100 µL BE tamponu filtrelerin üzerine eklenmiş ve 11000g'de 1 dakika santrifüj edilerek filtrelere bağlanan DNA'lar tüplere aktarılmıştır. DNA izolasyonunun son aşaması olarak kolonun tüp kısmındaki DNA'lar 1,5 mL'lik steril ependorf tüplere aktarılmış ve PCR işlemlerinde kullanılıncaya kadar +4 °C'de saklanmıştır.

### **2.3.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ile DNA'ların Çoğaltılması**

#### **2.3.2.1. Mitokondriyal Genlere Ait Kısmı Baz Dizilerinin Çoğaltılması**

Total genomik DNA içerisinde yer alan, mitokondriyal 16S rRNA geninin yaklaşık 538 bazlık kısmi baz dizini 16SarL (5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3') düz ve 16SbrH, (5'-CCGGTCGAAACTCAGATCACGT-3') ters primerleri (Palumbi vd., 1991) kullanılarak, *cyt b* geninin yaklaşık 512 bazlık kısmi baz dizini ise L15369 (5' CAT GAA ACT GGA TCA AAC AAC CC 3') düz ve H15915 (5' GTC TTC AGT TTT TGG TTT ACA AGA C 3') ters primerleri (Fu, 2000) kullanılarak polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ile çoğaltılmıştır. Reaksiyon karışımı; 25 µL 2x One Taq® PZR kiti, 1'er µL 1'e 10 oranında sulandırılmış düz ve ters primerler, 1,5 µL genomik DNA ve 21,5 µL ddH<sub>2</sub>O eklenerek 50 µL' ye tamamlanmış ve PZR işlemi, BIO-RAD termal döngü cihazıyla gerçekleştirilmiştir. PZR reaksiyonu; 16S rRNA geni için, ilk önce 94°C'de 3dakika başlangıç denatürasyonu ve devamında 35'er döngülü 94°C'de 30 saniye denatürasyon, 52°C'de 30 saniye birleştirme ve 72°C'de 1 dakika uzatma işlemi gerçekleştirilmiş ve 72°C'de 8 dakika son adım ile uygulama sonlandırılmıştır (Guo vd., 2011). *cytb* geni için; ilk önce 93°C'de 3 dakika başlangıç denatürasyonu ve devamında 30'ar döngülü 93°C'de 1 dakika denatürasyon, 53°C'de 1 dakika birleştirme ve 69°C'de 2 dakika uzatma işlemi gerçekleştirilecek ve

70°C’de 10 dakika son adım ile uygulama sonlandırılmıştır (Gabelaia vd., 2015). PZR işlemi sonunda ortaya çıkan ürün %1’lik agaroz jelde yürütülmüş ve bir BIO-RAD marka jel görüntüleme cihazında görüntülenmiştir. PCR işlemi başarı ile tamamlanan örneklerin DNA dizin analizleri Macrogen firmasında PZR örneklerinden saflaştırma işlemi yapılarak elde edilmiştir.

### 2.3.2.2. Nüklear *rag1* Genine Ait Kısmı Baz Dizilerinin Çoğaltılması

Total Genomik DNA içerisinde yer alan nüklear *rag1* geninin yaklaşık 822 bazlık kısmi baz dizini ise RAG-fo (5’- GAA AAG GGC TAC ATC CTG G- 3’) düz ve RAG-re (5’- CCA GTT ATT GCT TTT ACA GTT C- 3’) ters primerleri (Mayer ve Pavlicev, 2007) kullanılarak polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ile çoğaltılmıştır. Reaksiyon karışımı; 25 µL One Taq® PZR kiti, 1’er µL 1’e 10 oranında sulandırılmış düz ve ters primerler, 1,5 µL genomik DNA ve 21,5 µL ddH<sub>2</sub>O eklenerek 50 µL’ ye tamamlanmış ve PZR işlemi, BIO-RAD termal döngü cihazıyla gerçekleştirilmiştir. PZR reaksiyonu; *rag1* geni için, ilk önce 94°C’de 2 dakika başlangıç denatürasyonu ve devamında 35’er döngülü 95°C’de 10 saniye denatürasyon, 52°C’de 15 saniye birleştirme ve 72°C’de 50 uzatma işlemi gerçekleştirilmiş ve 72°C’de 7 dakika son adım ile uygulama sonlandırılmıştır (Mayer ve Pavlicev, 2007). PZR işlemi sonunda ortaya çıkacak ürün %1’lik agaroz jelde yürütülmüş ve bir jel görüntüleyicide görüntülenmiştir. PZR işlemi başarı ile tamamlanan örneklerin DNA dizin analizleri Macrogen firmasında PZR örneklerinden saflaştırma işlemi yapılarak elde edilmiştir.

### 2.3.2.3. DNA Dizini Analizi Sonucunda Evrimsel Ağaçların Oluşturulması

Filogeni tahmininde ilk adım, filogenetik olarak bilgi verici karakterlerin seçimi ve ölçülmesidir. Filogenetik çalışmalarda kullanılacak moleküler ve morfolojik karakterler, bağımsız, homolog ve çalışmadaki taksonlar arasında farklılık gösteren karakterler olmak zorundadır. Filogenetik çalışmalarda ikinci adım, eldeki verinin analizinde maksimum parsimoni (tutumluluk), maksimum likelihood (olasılık) ya da uzaklık metotlarından hangisinin en uygun olduğuna karar vermektedir (Özdemir, 2005).

Bu tez çalışmasında elde edilen baz dizileri çeşitli filogenetik metotlar kullanılarak analiz edilmiştir. Baz dizilişlerinin hizalanması için BioEdit 7.0.5.3 (Thompson vd., 1997) programı kullanılmıştır. Baz dizileri hizalandıktan sonra, TCS 1.21 (The Method of Templeton, Crandal and Sing) (Clement vd., 2000) programı kullanılarak önce 16S rRNA (538 baz) ve *cyt b* (511 baz) genlerinin baz dizilerine göre haplotipler ayrı ayrı belirlenmiş ve bu haplotipler arasındaki sekans ayırım dereceleri tespit edilmiş ve daha sonra kombine edilen (16S rRNA+*cyt b*) baz dizilerine (1050 baz) göre yeniden haplotipler belirlenmiştir. Bunun yanında nükleer DNA'ya ait *rag1* (822 baz) geninin de haplotipler belirlenecek ve bu haplotipleri belirlenmiş ve arasındaki sekans ayırım dereceleri tespit edilmiştir. Hem mitokondriyal hem de nükleer genlere ait kombine edilen baz dizilerine göre elde edilen haplotiplere en uygun baz modeli Modeltest ile seçilmiştir. Seçilen bu modele göre MEGA 7.0.26 (Kumar vd., 2016) paket programı kullanılarak hem mitokondriyal hem de nükleer genler için maksimum likelihood (en yüksek olasılık) analizi gerçekleştirilmiş ve yine bu modele göre MrBayes 3.0b4 (Huelsenbeck ve Ronquist, 2001) programı kullanılarak Bayesian analizi yapılmıştır. Ayrıca MEGA programı ile maksimumu parsimoni (en yüksek tutumluluk), neighbor-joining ve genetik uzaklık analizleri yapılmıştır. Bayesian analizi sonucunda oluşan ağaçları görüntülemek için TreeView X programı kullanılmıştır (Roderic, 1996).

#### **2.3.2.3.1. TCS Analizi ile Uygun Haplotiplerin Bulunması**

Öncelikle Phylip formatına dönüştürülen üç gene ait baz dizileri TCS 1.21 programı kullanılarak haplotipler bulunmuş ve tür içindeki genetik farklılığı gösteren haplotip ağı çizilmiştir (Clement vd., 2000).

#### **2.3.2.3.2. Modeltest ile En Uygun Baz Değişim Modelinin Bulunması**

Bu çalışmada en uygun baz değişim modelleri hem MrModeltest v. 2.3 (Nylander, 2004) hem de MEGA 7.0.26 paket programları kullanılarak bulunmuştur. Modeltestin en uygun baz değişim modeli en düşük AIC (Akaike's information criteria) değerine göre hesaplanmıştır (Akaike, 1974).

### **2.3.2.3.3. Maksimum Likelihood (En Yüksek Olasılık) Analizi**

Maksimum Likelihood analizi MEGA 7.0.26 programı kullanılarak yapılmıştır. Modeltest sonucunda bulunan en uygun baz değişim modeli uygulanarak, 1000 tekrarlı seç-bağla testi (bootstrapping) gerçekleştirilerek yapılmıştır.

### **2.3.2.3.4. Maksimum Parsimoni (En Yüksek Tutumluluk) Analizi**

Maksimum parsimoni analizi MEGA 7.0.26 programı kullanılarak yapılmıştır. 10000 rastgele ilave oluşturularak TBR (Tree-bisection-Reconnection) yöntemi ve 1000 tekrarlı seç-bağla testi (bootstrapping) gerçekleştirilerek yapılmıştır.

### **2.3.2.3.5. Neighbor-Joining ve Genetik Uzaklık Analizleri**

Neighbor-Joining analizi MEGA 7.0.26 programı kullanılarak 1000 tekrarlı seç-bağla testi ile her gen için modeltestte belirlenen baz değişim modeli kullanılarak yapılmıştır. Genetik uzaklık analizleri de modeltestte belirlenen baz değişim modeli kullanılarak yapılmıştır.

### **2.3.2.3.6. Bayesiyan Analizi**

Bayesiyan analizi MrBayes 3.2.6 programı kullanılarak yapılmıştır. Nexus formatına dönüştürülmüş gen bölgelerine ait kısmi baz dizileri modeltest ile belirlenen baz değişim modeli kullanılarak 4 Markov zinciri kullanılmıştır. Her bir zincirde 10 milyon nesil içerisinde 1000 ağaç kaydedilmiştir ve içinden en uygun olan ağaç seçilmiştir.

## 2.4. *Darevskia parvula*'nın Potansiyel Yayılışının ve Bu Yayılışa Etki Eden İklimsel ve Coğrafik Değişkenlerin Belirlenmesi

### 2.4.1. Türe Ait Coğrafik Koordinat Verilerinin Hazırlanması

Arazi çalışmaları kapsamında *D. parvula* türüne ait beş ilden (Trabzon, Rize, Artvin, Erzurum ve Kars) toplamda 48 lokaliteden koordinat verisi toplanmıştır. Buna ek olarak literatürden de yararlanılarak toplamda 33 lokaliteden koordinat verisine ulaşılmıştır (Clark ve Clark, 1973; Darevsky ve Eiselt, 1980; Franzen, 1990; Mulder, 1995; Franzen, 1999; Baran vd., 1997; Franzen, 2000; Baran vd., 2004; Ilgaz, 2009; Bülbül vd., 2016). Arazi çalışmaları ve literatürden toplamda 81 koordinat verisi toplanmış (Tablo 2) yayılış analizinde kullanılmıştır. Toplanan koordinat verilerinin hepsi ondalık veri sisteminde her lokalite için ayarlanmış ve virgülle ayrılmış (CSV) Excel dosyası olarak kaydedilmiştir.

Tablo 2. Yayılış analizleri için kullanılan koordinat verileri (Mavi renk: *D. p. parvula*; Sarı: *D. p. adjarica*; Kırmızı: *Darevskia* sp.)

Enlem ve Boyamlar	Lokalite	Literatür
41.377117, 41.597717	Çifteköprü (Borçka)	Bu çalışma
41.292383, 41.577283	Murgul Girişi	Bu çalışma
41.278217, 41.565167	Murgul (Merkez)	Bu çalışma
41.328100, 41.742783	İbrikli Köyü (Borçka)	Bu çalışma
40.968800, 41.482383	Yeşilköy Köyü (Hopa)	Bu çalışma
41.497411, 41.533212	Kemalpaşa Çıkışı (Hopa)	Bu çalışma
41.278217, 41.375980	Ortacalar (Arhavi)	Bu çalışma
41.372007, 41.345383	Arhavi (Merkez)	Bu çalışma
41.276933, 41.374400	Çiftekemer Köprü (Arhavi)	Bu çalışma
41.251667, 41.355050	Kamilet Vadisi (Arhavi)	Bu çalışma
41.408850, 41.816583	Borçka-Camili Arası 30.km	Bu çalışma
41.458400, 41.902700	Camili'ye 6 km kala	Bu çalışma
41.482817, 41.933700	Camili-Maral Şelalesi yolu üzeri	Bu çalışma
41.186000, 41.545533	Kabaca Köyü (Murgul)	Bu çalışma
41.147850, 41.147850	Ardeşen-Çamlıhemşin Arası 6.km	Bu çalışma
41.120067, 41.042450	Ardeşen-Çamlıhemşin Arası 10.km	Bu çalışma
41.050900, 41.002233	Çamlıhemşin	Bu çalışma
40.984200, 40.962583	Ülküköy (Çamlıhemşin)	Bu çalışma
40.768483, 40.570433	İkizdere çıkışı	Bu çalışma
40.721083, 40.603867	Dereköy (İkizdere)	Bu çalışma
41.059817, 41.01050	Çamlıhemşin'e 2 km kala	Bu çalışma
40.965783, 40.963167	Zilkale (Çamlıhemşin)	Bu çalışma
41.034233, 40.773800	Madenli-Buzpınar Köyleri arası (Çayeli)	Bu çalışma
40.923220, 39.803331	İkisu Köyü (Yomra)	Bu çalışma
41.408803, 41.834508	Bordnala Şelalesi (Borçka)	Bu çalışma
41.406748, 41.826330	Karagöl yolu üzeri (Borçka)	Bu çalışma
41.364719, 41.675806	Borçka	Lantz ve Cyren, 1913

Tablo 2'nin devamı

41.493422, 41.532751	Hopa'nın 15 km kuzeydoğusu	Eiselt ve Darevsky, 1980
41.261894, 41.473515	Hopa'nın 21 km güneybatısı	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.807407, 40.519047	İkizdere'nin 6 km kuzeyi	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.952161, 40.968158	Çamlıhemşin-Çat arası	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.864111, 40.935615	Çat Köyü (Çamlıhemşin)	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.980033, 39.812455	Trabzon'un 5 km doğusu	Eiselt ve Darevsky, 1980
41.380714, 41.577692	Borçka'nın 10 km doğusu	Ilgaz, 2009
41.189552, 41.116036	Ortacalar'ın 24 km batısı	Ilgaz, 2009
40.706832, 40.645798	İkizdere'nin 12 km güneydoğusu	Ilgaz, 2009
40.835073, 40.271549	Çaykara'nın 10 km kuzeyi	Ilgaz, 2009
40.998162, 40.975029	Şenyuva (Çamlıhemşin)	Franzen, 1999; Franzen, 2000
41.338079, 41.676349	Borçka	Mulder, 1995
41.413853, 41.438438	Hopa	Mulder, 1995
41.047299, 41.004016	Çamlıhemşin	Baran vd., 1997
41.102320, 41.045470	Duygulu Köyü (Çamlıhemşin)	Baran vd., 1997
41.278500, 42.248250	Çayağzı Köyü (Şavşat)	Bu çalışma
41.235933, 42.369767	Şavşat (Merkez) Çıkışı	Bu çalışma
41.234083, 42.426867	Sahara Laşet Mevkii	Bu çalışma
41.396100, 42.302417	Erikli Köyü-Meydancık (Şavşat)	Bu çalışma
41.068750, 42.166900	Ardanuç-Geçitli Arası	Bu çalışma
41.253795, 42.065879	Pırnallı Köyü (Artvin)	Bu çalışma
41.243217, 41.992633	Ortaköy Köyü (Artvin)	Bu çalışma
41.272850, 41.992033	Ortaköy Köyü (Artvin)	Bu çalışma
41.310833, 42.117400	Yanıklı Köyü (Artvin)	Bu çalışma
41.326000, 42.123883	Yanıklı Yaylası yolu üzeri	Bu çalışma
41.374333, 42.174300	Maden Köyü (Şavşat)	Bu çalışma
41.254983, 42.054200	Soğuksu Mevkii (Şavşat)	Bu çalışma
41.237217, 42.422050	İzzetkışla Mevkii (Şavşat)	Bu çalışma
41.059920, 42.419835	Ardahan	Eiselt ve Darevsky, 1980
41.260171, 42.174508	Şavşat'ın 15 km batısı	Ilgaz, 2009
41.069023, 42.426000	Ardahan'ın 19 km batısı	Ilgaz, 2009
41.377230, 42.337311	Çermik'in 10 km batısı	Ilgaz, 2009
41.272174, 42.206072	Şavşat'ın 13 km batısı	Baran vd., 2004
41.211168, 41.999464	Artvin'nin 15 km doğusu	Clark ve Clark, 1973
40.968800, 41.482383	Sarıgöl Köyü (Yusufeli)	Bu çalışma
40.981917, 41.455917	Barhal Köyü Girişi (Yusufeli)	Bu çalışma
40.956550, 41.324883	Barhal Vadisi (Yusufeli)	Bu çalışma
41.181767, 41.737333	Hatila Vadisi (Artvin-Merkez)	Bu çalışma
41.199467, 41.898433	Salkımlı Köyü (Merkez)	Bu çalışma
40.418533, 40.702833	Çatakbağçe (Pazaryolu)	Bu çalışma
40.109917, 42.397700	Horasan	Bu çalışma
40.119050, 42.464150	Sarikamiş	Bu çalışma
40.125267, 42.496000	Sarikamiş	Bu çalışma
39.923291, 41.319636	Erzurum	Eiselt ve Darevsky, 1980
39.857134, 41.969419	Horasan'ın 25 km güneybatısı	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.15470, 42.395857	Zandzak	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.321483, 42.551903	Sarikamiş	Eiselt ve Darevsky, 1980; Franzen, 1990
40.556951, 42.003561	Oltu	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.767636, 41.966721	Tausker	Eiselt ve Darevsky, 1980
41.177520, 41.876512	Artvin	Eiselt ve Darevsky, 1980
41.161768, 41.952873	Dolishane geçidi	Eiselt ve Darevsky, 1980
40.683614, 41.356517	Yusufeli'nin 30 km güneybatısı	Ilgaz, 2009
40.720692, 41.417346	Kılıçkaya-Karadağ arası	Ilgaz, 2009
41.185515, 41.738502	Hatila Vadisi	Ilgaz, 2009

### 2.4.2. Türün Yayılışının ve Ekolojik Niş Farklılıklarının Belirlenmesi

Türün yayılış modelini oluşturmak için, öncelikle 19 biyo-iklimsel değişken (Tablo 3) [www.worldclim.org](http://www.worldclim.org) internet sitesinden indirilmiştir (Hijmans vd., 2005). Buna ek olarak türün yayılışına etki edebilecek olan yükselti verisi (SRTM30) ile eğim verileri sırayla URL-2 ve URL-3 internet sitelerinden indirildi. Bu veriler dünya ölçeğinde olduklarından, verileri Türkiye ölçeğine uyarlamak için, ArcGIS 10.3 programından yararlanıldı. 19 biyo-iklimsel veri ve 2 tane topografik veri ArcGIS programında Türkiye ölçeğine maskelendi. Bu 21 veri ENMTools 1.4 programında Pearson korelasyon analizine tabi tutuldu ve  $r > 0,75$  olan veriler yayılışı negatif etkileyeceğinden dolayı analizden dışarı çıkarılmıştır (Warran vd., 2010).

Tablo 3. Yayılış analizinde kullanılan biyo-iklimsel değişkenler.

Bio 1	Yıllık ortalama sıcaklık
Bio 2	Ortalama günlük sıcaklık aralığı (aylık ortalama[max-min])
Bio 3	Eş sıcaklık (Bio2 x Bio7 / 100)
Bio 4	Mevsimsel sıcaklık (Standart sapma x 100)
Bio 5	Daha soğuk ayların minimum sıcaklığı
Bio 6	Daha sıcak ayların maximum sıcaklığı
Bio 7	Sıcaklık aralığı (Bio 5-Bio 6)
Bio 8	En yağışlı çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 9	En kurak çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 10	En sıcak çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 11	En soğuk çeyreğin ortalama sıcaklığı
Bio 12	Yıllık yağış
Bio 13	En yağışlı ayda düşen yağmur
Bio 14	En kurak ayda düşen yağmur
Bio 15	Mevsimsel yağmur (aylık yağışın standart sapması)
Bio 16	En yağışlı çeyreğin ortalama yağışı
Bio 17	En kurak çeyreğin ortalama yağışı
Bio 18	En sıcak çeyreğin ortalama yağışı
Bio 19	En soğuk çeyreğin ortalama yağışı

Türün yayılışını belirlemek için MaxEnt 3.3.3k (Philips vd., 2006) programından yararlanılmıştır. CSV formatına dönüştürülmüş koordinat verileri ile korelasyonu 0,75'ten düşük olan veriler analize tabii tutulmuştur. MaxEnt programı 0,00001 yakınsama eşiği, 500 en yüksek tekrarlar ve 0,5 düzenleme çarpanı ile çalıştırılmıştır. Ayrıca oluşum verilerinin %25'i test puanları olarak ayrılmıştır ve dağılımı belirlemek için 10.000 arka plan noktası kullanılmıştır. Son olarak da analizde 10 harita (10 tekrar) oluşturulmuş ve en uygun yayılış



haritası seçilmiştir. Verilerin yayılışa etki eden önemliliğini belirlemek için Jacknife testi yapılmıştır. Ayrıca AUC ve ROC verilerinden de yararlanılmıştır. Alıcı çalışma karakteristiği (ROC) eğrisinin sonucu, model duyarlılığı için önemlidir ve 1'e en yakın eğri altındaki alanın değeri (AUC) en iyi model performansını göstermektedir. 0.5'e yakın bir değer, türün yayılışının koordinat verileri ile uyumlu olmadığını, 0,5-0,8 arasındaki değerler türün yayılışının test dağılışı ile uygun olduğunu ve 0,8-1 arası veriler de bu uygunluğun çok yüksek derecede olduğunu göstermektedir (Raes ve ter Steege, 2007; Gallien vd., 2012).

Mitokondriyal gruplar arasındaki coğrafi ayrımı göstermek için koordinat verilerinden yararlanılmıştır. Ondalık sisteme çevrilmiş koordinat verileri hem XY düzleminde gösterilerek hem de bu verilere ayırım analizi yapılarak alttürler arasındaki coğrafi ayrımlar gösterilmiştir. Bu analizleri yapmak için SPSS 21 programından yararlanılmıştır.

Türe ait üç mitokondriyal soyun arasındaki ekolojik niş farklılığını tespit etmek için ENMTools programındaki Niş kimliği ve Niş örtüşme testleri kullanılmıştır. Kimlik testi, ENM paket programı tarafından üretilen önemli niş farklılıklarını değerlendirmek için üç mitokondriyal grup arasındaki habitat uygunluk puanlarını test etmede kullanılmıştır (Warren vd., 2010). ENMTools programında türler arasındaki niş farklılığını incelemek için niş örtüşme testi kullanılmıştır. Bu test Schoener'in D (Warren vd., 2008) ve Hellinger'in temelli I (Schoener 1968) niş kimliği için iki endekse sahiptir ve ENM'nin habitat uygunluğu karşılaştırmasına dayanarak hesaplanmıştır. Schoener'in D'si, türün belirli bölgelerdeki (hücrelerin) yerleşimi için olasılık dağılımlarına dayanan uygun aralığı hesaplar ve bu yerlerdeki türlerin bolluğuna dayanan niş örtüşmesini hesaplar. Hellinger'in temelli I, Schoener'in D varsayımları olmadan sadece olasılık dağılımlarına dayanmaktadır (Warren vd., 2010). Her iki endeks de 0 (tam sapma / örtüşme yok) ile 1 (yüksek benzerlik / tam örtüşme) arasında değişmektedir. Üç mitokondriyal grubun ekolojik nişlerinin, ihtiyaç duydukları çevresel koşullara bağlı olarak beklenen farklılıkların ötesinde birbirlerinden farklı olup olmadığını değerlendirmek için geçmiş testler yapılmıştır (Warren vd., 2008). Her bir tür için potansiyel habitatın niş modellerini, diğerlerinden elde edilen veriler kullanılarak üretilen bir dizi 100 kopya model ile karşılaştırılmıştır (Warren vd., 2008). Schoener'in D ve Hellinger'i esas alarak hesaplanan gerçek niş, 100 kopyadaki boş dağılımla karşılaştırılmıştır (Warren vd., 2008).

### 3. BULGULAR

#### 3.1. Filogenetik Bulgular

##### 3.1.1. TCS Analizi

Bu tez çalışması kapsamında filogenetik analizler için kullanılan 33 lokaliteye ait 86 bireyden 16S rRNA genine ait 538 bazlık DNA dizisi, *cyt b* genine ait 512 bazlık DNA dizisi ve *rag1* genine ait 822 bazlık DNA dizisi çoğaltılmıştır. Elde edilen DNA dizilerinden; 16S rRNA geni için 86 DNA dizisinden 30 haplotip, *cyt b* geni için 65 DNA dizisinden 20 haplotip (21 örneğin genomik DNA'sından *cyt b* genine ait kısmi baz dizileri elde edilememiştir), *rag1* geni için 86 DNA dizisinden 18 haplotip ve 16S rRNA ve *cyt b* genlerine ait kısmi baz dizilerinin birleştirilmesi sonucu elde edilen DNA dizisinden 40 haplotip elde edilmiştir. (Şekil 4-7). Haplotiplere ait Genbank erişim numaraları Tablo 4'te verilmiştir.

Tablo 4. Gen bankası erişim numaraları.

Haplotipler	Gen Bankası Erişim Numaraları		
	<i>cytb</i>	16S rRNA	<i>rag1</i>
Par 1	MK092669	MK092689	MK092651
Par 3	MK092670	MK092690	MK092652
Par 4	---	MK092691	MK092653
Par 5	---	MK092692	---
Par 6	MK092671	---	---
Par 9	---	---	MK092654
Par 12	MK092672	MK092693	MK092655
Par 13	---	MK092694	MK092656
Par 15	---	MK092695	---
Par 18	MK092673	MK092696	MK092657
Par 19	---	MK092697	---
Par 20	---	MK092698	MK092658
Par 23	MK092674	---	MK092659
Par 27	---	MK092699	---
Par 28	---	MK092700	---
Par 29	---	---	MK092660
Par 32	MK092675	MK092701	---
Par 35	MK092676	MK092702	---
Par 38	---	---	MK092661

Tablo 4'ün devamı

Par 39	MK092676	---	---
Par 41	---	MK092703	---
Par 43	MK092677	---	---
Par 45	---	---	MK092662
Par 46	MK092678	MK092704	---
Par 47	MK092679	MK092705	---
Par 48	---	MK092705	---
Par 50	---	MK092706	---
Par 52	MK092680	MK092707	MK092663
Par 55	MK092681	---	---
Par 57	---	MK092708	---
Par 58	---	---	MK092664
Par 59	---	MK092709	---
Par 62	---	---	MK092665
Par 64	MK092682	MK092710	---
Par 65	MK092683	MK092711	---
Par 66	----	MK092711	---
Par 67	MK092684	MK092712	MK092666
Par 70	MK092685	---	---
Par 71	---	MK092713	---
Par 73	MK092686	MK092714	---
Par 74	---	MK092715	---
Par 75	---	MK092716	---
Par 76	MK092687	MK092716	---
Par 77	---	MK092717	---
Par 79	---	---	MK092667
Par 80	MK092688	---	---
Par 81	MK092686	---	---
Par 82	---	---	MK092668
Par 85	---	MK092718	---

TCS analizi sonucunda oluşan haplotip grupları coğrafi olarak ayırım göstermiştir. Bu durum haplotip gruparı üzerinde sarı, mavi ve kırmızı olarak gösterilmiştir. Ayrıca bu durum filogenetik analizler için kullanılan 33 lokalite için de gösterilmiştir (Şekil 8).

Analiz sonucunda oluşan haplotipler Tablo 5'te verilmiştir.

Tablo 5. Haplotip tablosu ve her bir haplotipi temsil eden örnekler.

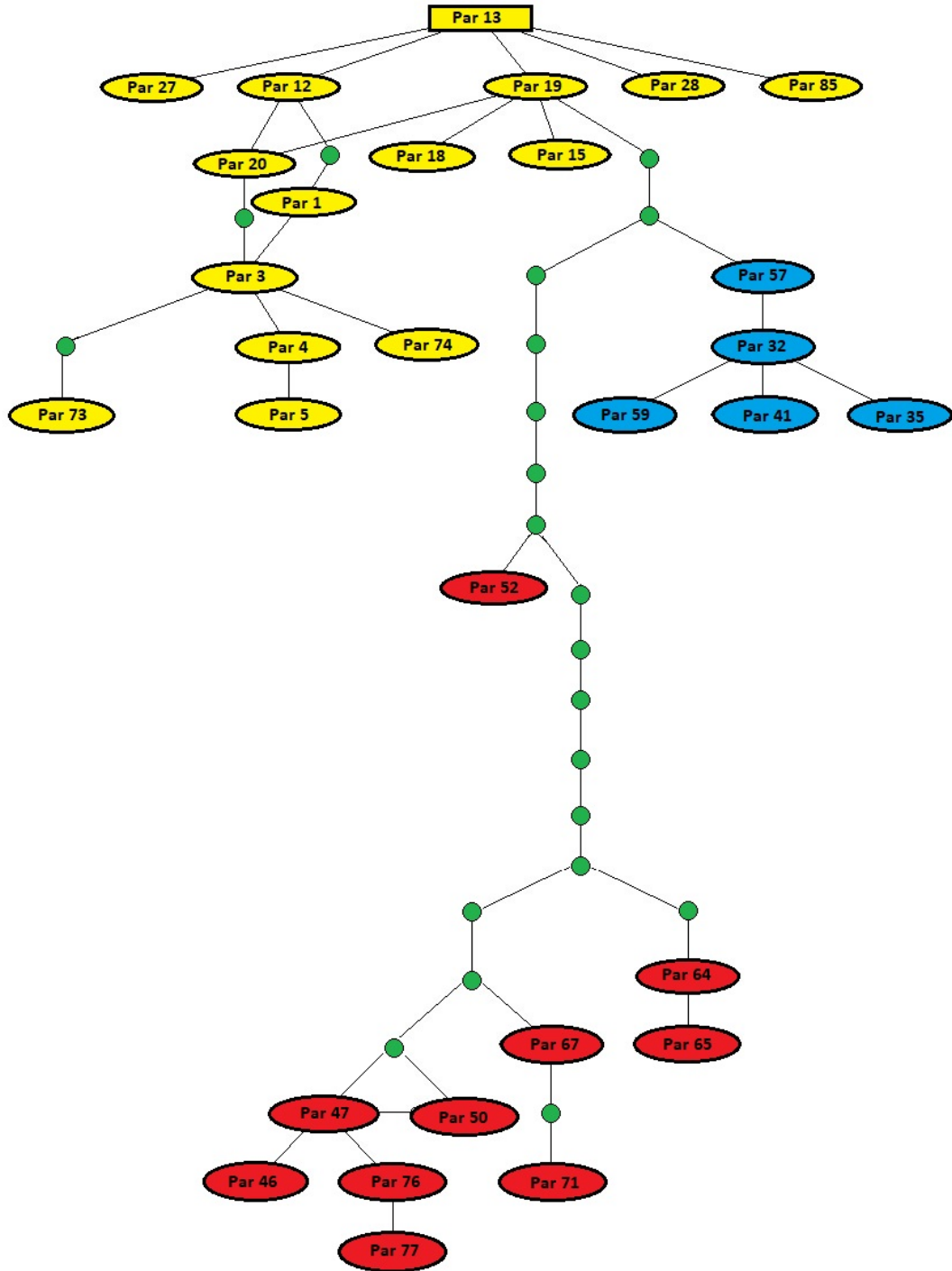
Gen Bölgesi	Haplotip	Haplotipin temsil ettiği örnekler
16S rRNA	Par 1	Par 2
	Par 3	Par 6, Par 7, Par 8, Par 9, Par 10, Par 11, Par 29, Par 30, Par 31, Par 79, Par 80, Par 82, Par 83, Par 84
	Par 4	Par 81
	Par 5	-
	Par 12	-
	Par 13	Par 14, Par 23, Par 24, Par 25, Par 26
	Par 15	-
	Par 18	-
	Par 19	Par 16, Par 17
	Par 20	Par 21, Par 22
	Par 27	-
	Par 28	-
	Par 32	Par 33, Par 34, Par 39, Par 40, Par 42, Par 43, Par 44, Par 45, Par 55, Par 56, Par 58, Par 61, Par 62, Par 63
	Par 35	Par 36, Par 37, Par 38
	Par 41	-
	Par 46	Par 48
	Par 47	Par 49, Par 51, Par 86
	Par 50	-
	Par 52	Par 53, Par 54
	Par 57	-
	Par 59	Par 60
	Par 64	Par 66
	Par 65	-
	Par 67	Par 68, Par 69, Par 70
	Par 71	Par 72
	Par 73	Par 75
	Par 74	-
	Par 76	Par 78
Par 77	-	
Par 85	-	
<i>cytb</i>	Par 1	-
	Par 3	Par 4, Par 5
	Par 6	Par 7, Par 8, Par 9, Par 10, Par 11, Par 29, Par 30, Par 31
	Par 12	Par 13, Par 15, Par 17, Par 26, Par 27, Par 28
	Par 18	Par 19
	Par 23	Par 24
	Par 32	Par 33
	Par 35	Par 36, Par 38, Par 39, Par 40, Par 41
	Par 43	-
Par 46	-	

Tablo 5'in devamı

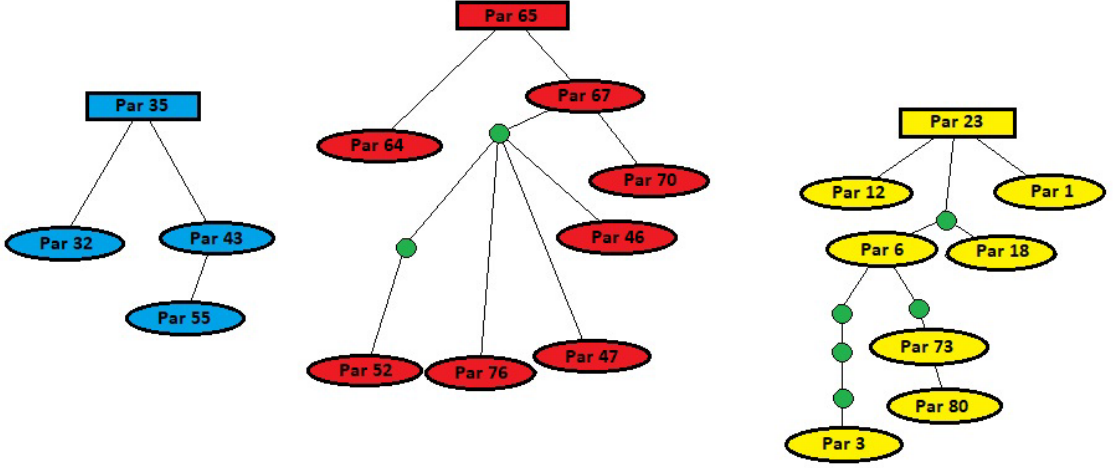
<i>cytb</i>	Par 47	Par 48, Par 49, Par 50, Par 51
	Par 52	Par 53, Par 54
	Par 55	Par 56, Par 57, Par 58, Par 59, Par 61, Par 62, Par 63
	Par 64	-
	Par 65	Par 66
	Par 67	Par 68
	Par 70	Par 71
	Par 73	Par 74, Par 75, Par 81, Par 82, Par 83, Par 85
	Par 76	Par 77, Par 78
	Par 80	-
16S rRNA+ <i>cytb</i>	Par 1	-
	Par 3	-
	Par 4	-
	Par 5	-
	Par 6	Par 7, Par 8, Par 9, Par 10, Par 11, Par 30, Par 31
	Par 12	-
	Par 13	Par 26, Par 38
	Par 15	Par 17
	Par 18	-
	Par 19	-
	Par 23	Par 24
	Par 27	-
	Par 28	-
	Par 32	-
	Par 35	Par 36, Par 38
	Par 39	-
	Par 41	-
	Par 43	-
	Par 46	-
	Par 47	Par 49, Par 51
	Par 48	-
	Par 50	-
	Par 52	Par 53, Par 54
	Par 55	Par 56, Par 61, Par 62
	Par 57	-
	Par 59	-
	Par 64	-
	Par 65	-
	Par 66	-
	Par 67	Par 68
	Par 70	-
	Par 71	-
Par 73	-	
Par 74	-	

Tablo 5'in devamı

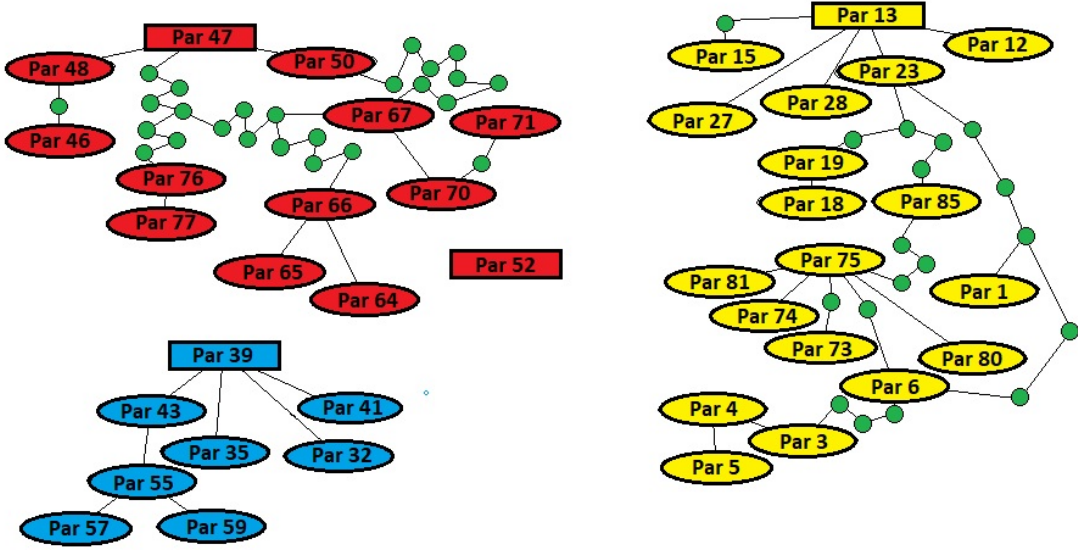
16S rRNA+ <i>cytb</i>	Par 75	Par 82, Par 83
	Par 76	Par 78
	Par 77	-
	Par 80	-
	Par 81	-
	Par 85	-
<i>ragl</i>	Par 1	Par 2
	Par 3	-
	Par 4	Par 5, Par 6, Par 7, Par 8, Par 10, Par 11, Par 31, Par 73, Par 74, Par 75, Par 84
	Par 12	Pa 14, Par 26, Par 27, Par 28
	Par 13	Par 15, Par 16, Par 17, Par 22, Par 32, Par 33, Par 34, Par 35, Par 36, Par 37, Par 39 Par ,40, Par 41, Par 42, Par 43
	Par 18	Par 19
	Par 20	Par 21
	Par 23	Par 24, Par 25, Par 46, Par 47, Par 48, Par 49, Par 50, Par 51, Par 64, Par 65, Par 66, Par 76, Par 77, Par 78, Par 85, Par 86
	Par 29	Par 30
	Par 38	Par 44, Par 55, Par 56, Par 57, Par 61
	Par 45	-
	Par 52	Par 53, Par 54
	Par 58	Par 59, Par 60
	Par 67	Par 68, Par 69, Par 70, Par 71, Par 72
	Par 79	Par 80, Par 81
	Par 82	Par 83



Şekil 4. TCS analizi sonucunda oluşan 16S rRNA genine ait haplotip ağı (sarı renk *D. p. adjarica*, mavi renk *D. p. parvula* ve kırmızı renk *Darevskia* sp.).

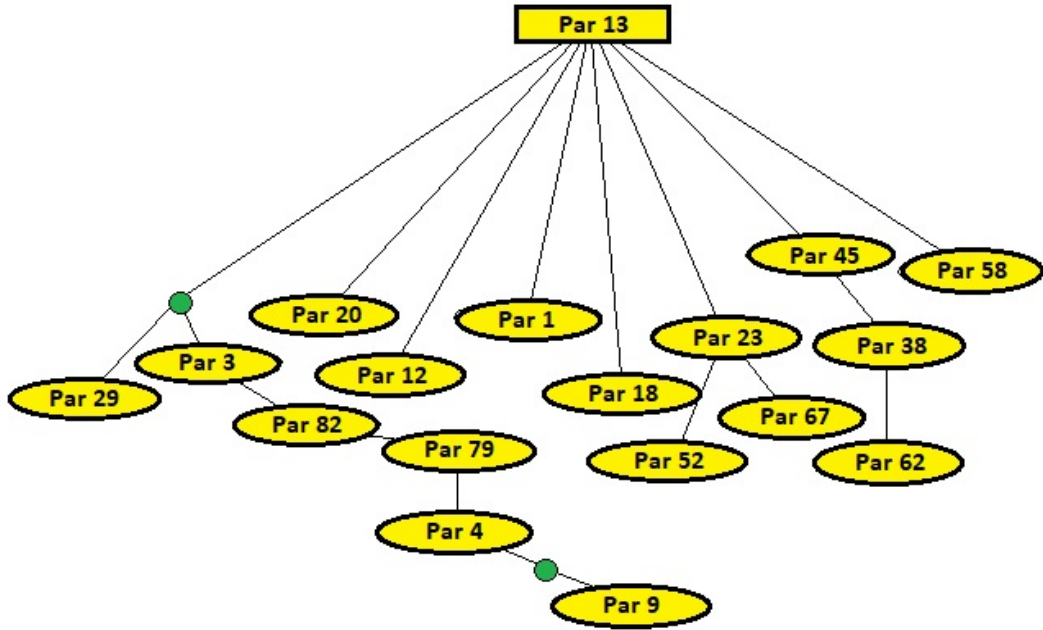


Şekil 5. TCS analizi sonucunda oluşan *cyt b* genine ait haplotip ağı (sarı renk *D. p. adjarica*, mavi renk *D. p. parvula* ve kırmızı renk *Darevskia* sp.).

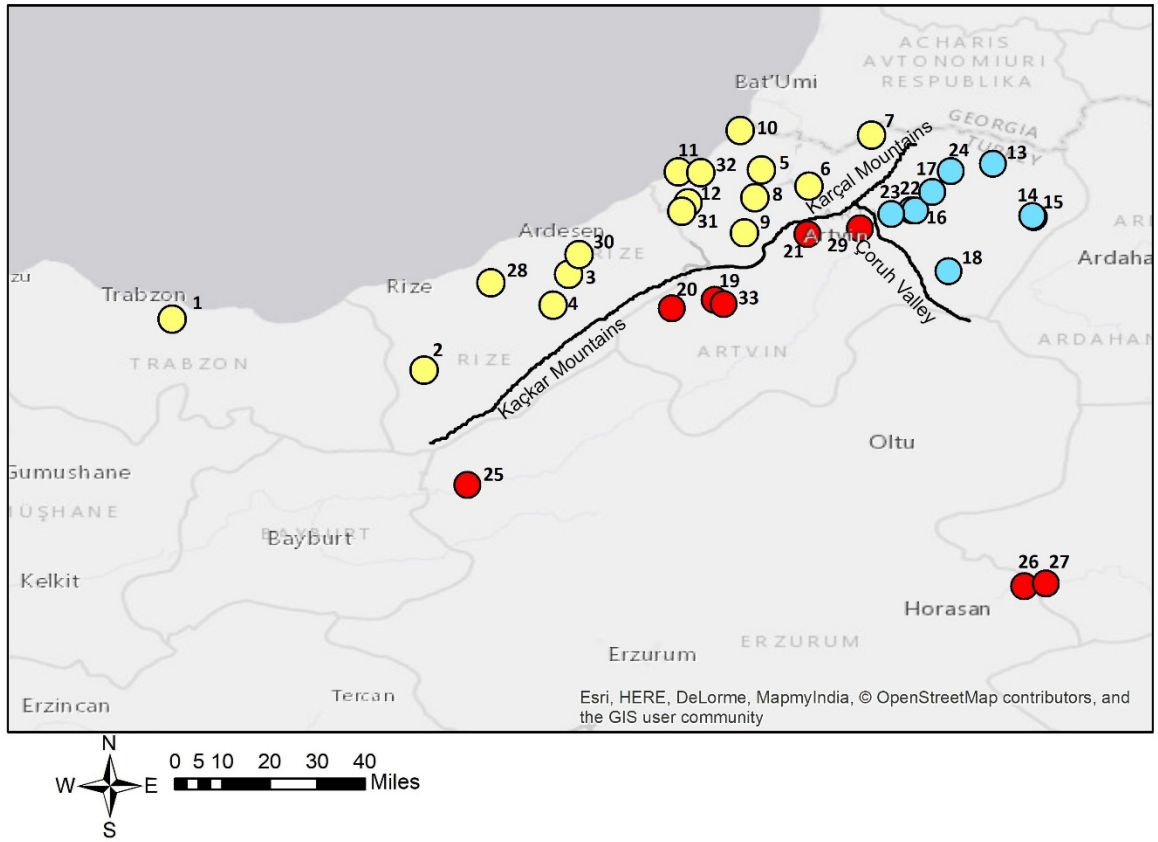


Şekil 6. TCS analizi sonucunda oluşan 16S rRNA ve *cyt b* genlerinin kombine edilmiş haline ait haplotip ağı (sarı renk *D. p. adjarica*, mavi renk *D. p. parvula* ve kırmızı renk *Darevskia* sp.).





Şekil 7. TCS analizi sonucunda oluşan *rag1* genine ait haplotip ağı.



Şekil 8. Mitokondriyal genlere ait haplotiplerin oluşturduğu coğrafi gruplaşma (Numaraların temsil ettiği lokaliteler Tablo 2’de verilmiştir).

### 3.1.2. Modeltest Analizi

Yapılan modeltest analizi sonucunda bütün baz deęişim modeli en düşük AIC deęerine göre seçilmiştir. En küçük AIC deęerine göre seçilen baz deęişim modelleri sırasıyla 16S rRNA geni için GTR + G + I (Rodríguez vd., 1990), *cyt b* geni için HKY + G + I (Hasegawa vd., 1985), 16S rRNA ve *cyt b* geninin birleştirilmiş hali için GTR + G + I (Rodríguez vd., 1990) ve *rag1* geni için HKY + G + I (Hasegawa vd., 1985) olarak bulunmuştur (Tablo 6).

Tablo 6. Modeltest sonucunda ortaya çıkan baz deęişim modellerine ait parametreler

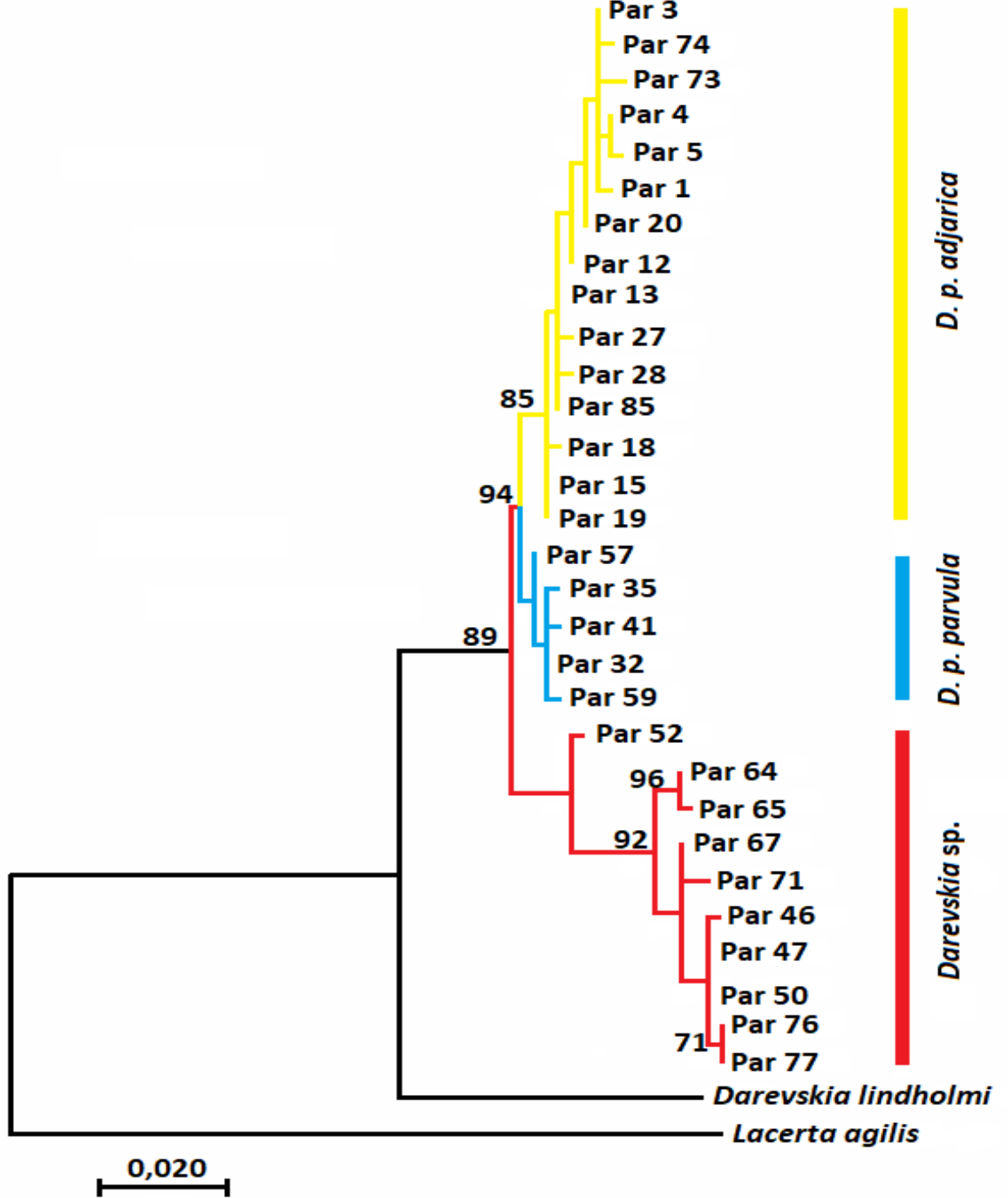
16S rRNA geni için		<i>cyt b</i> geni için	
Model	GTR + G + I	Model	HKY + G + I
lnL	-1327,582	lnL	-1632,735
Parametre	71	Parametre	47
AIC	2797,778	AIC	3359,874
Kombine DNA dizisi için		<i>rag1</i> gei için	
Model	GTR + G + I	Model	HKY + G + I
lnL	-3117,355	lnL	-1474,897
Parametre	91	Parametre	43
AIC	6417,098	AIC	3036,026

### 3.1.3. Maksimum Likelihood (En Yüksek Olasılık) Analizi

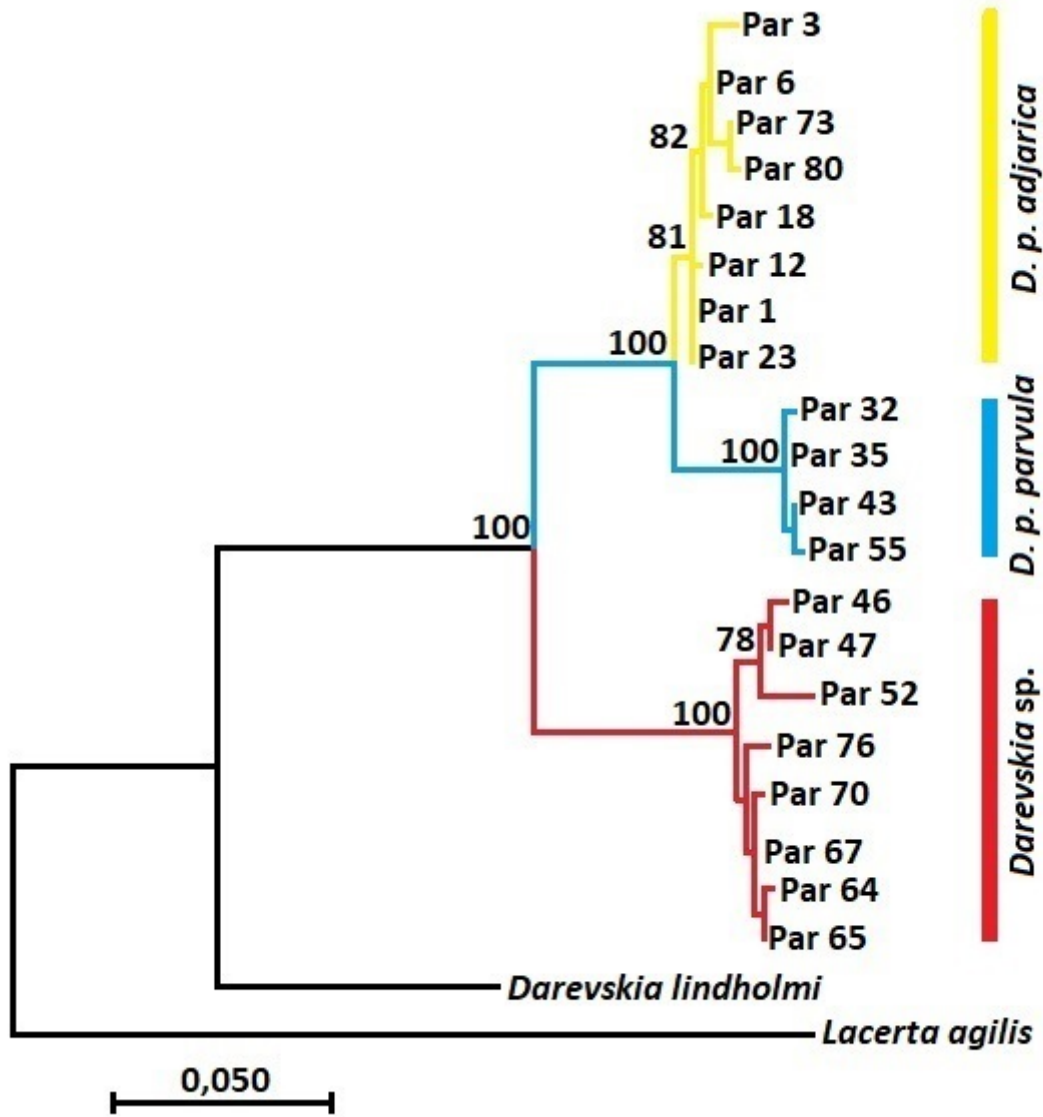
Maksimum likelihood analiz MEGA 7.0.26 programı kullanılarak yapılmıştır. Bu analizde mitokondriyal genler (16S rRNA ve *cyt b*) hem ayrı ayrı hem de birleştirilerek analize sokulmuştur. Nüklear gen ise ayrı bir şekilde analize sokulmuştur. Mitokondriyal genlerde 16S rRNA geni için DQ494823.1 *Lacerta agilis* (Wan vd., 2007) ve AF206182.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000) türleri, *cyt b* geni için AM087227.1 *Lacerta agilis* (Böhme vd., 2006) ve AF206177.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000), *rag1* geni için ise EF632236.1 *Parvilacerta parva* (Mayer ve Pavlicev, 2007) ve EF632212.1 *Darevskia valentini* (Mayer ve Pavlicev, 2007) dış grup olarak kullanılmıştır.

Analiz sonucunda oluşan filogenetik ağaçlarda mitokondriyal genler hem ayrı ayrı hem de birleştirilmiş şekilde iki büyük soya ayrılmıştır. Bu soylardan biri literatürde var olan *Darevskia parvula*'nın iki alttürünü temsil ederken diğer ise genetik olarak yeni bir soyu

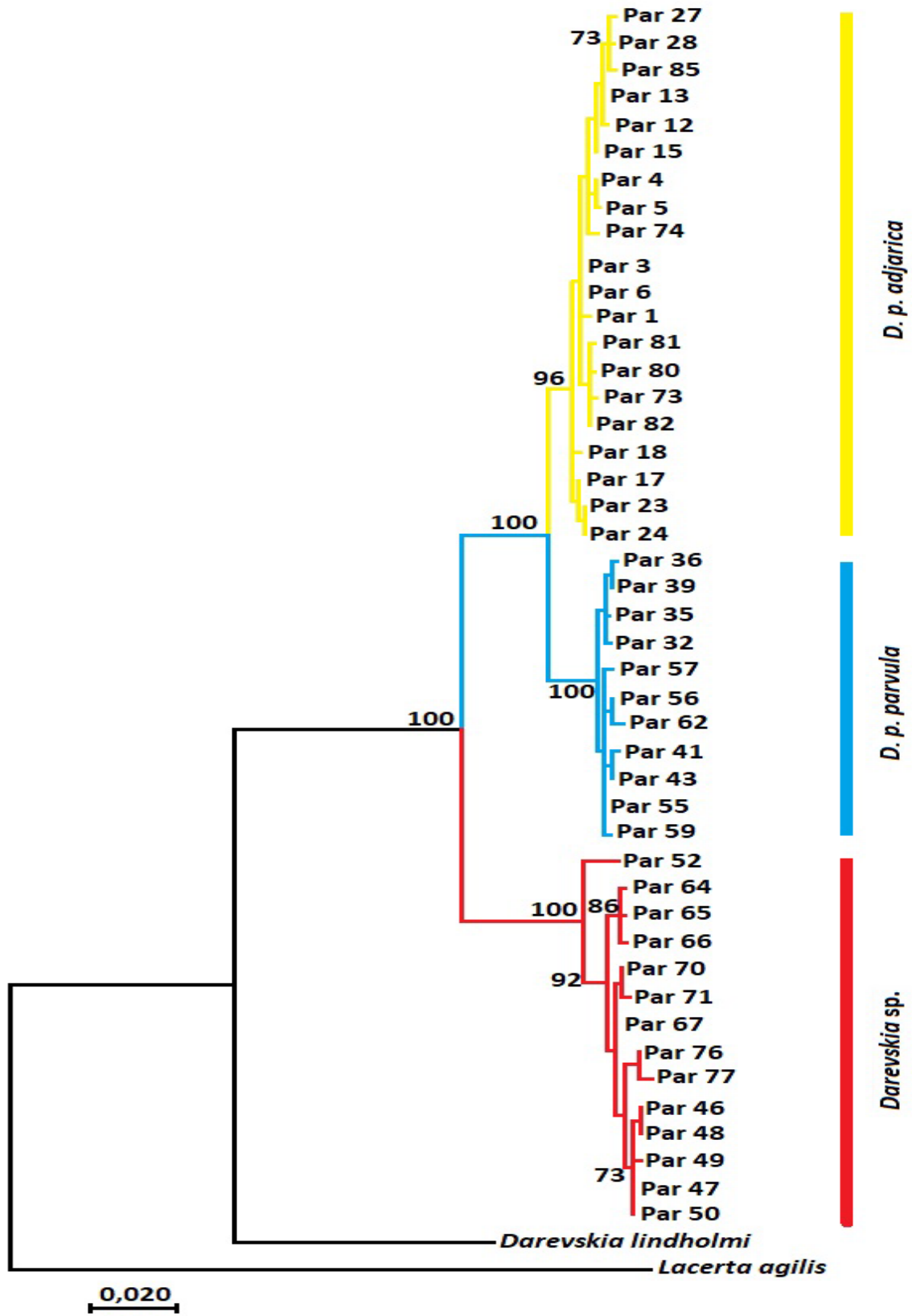
temsil etmektedir (Şekil 9-11). Nükleer gen olan *rag1* geni mitokondriyal genlerin oluşturduğu bu ayrımı göstermemiştir (Şekil 12).



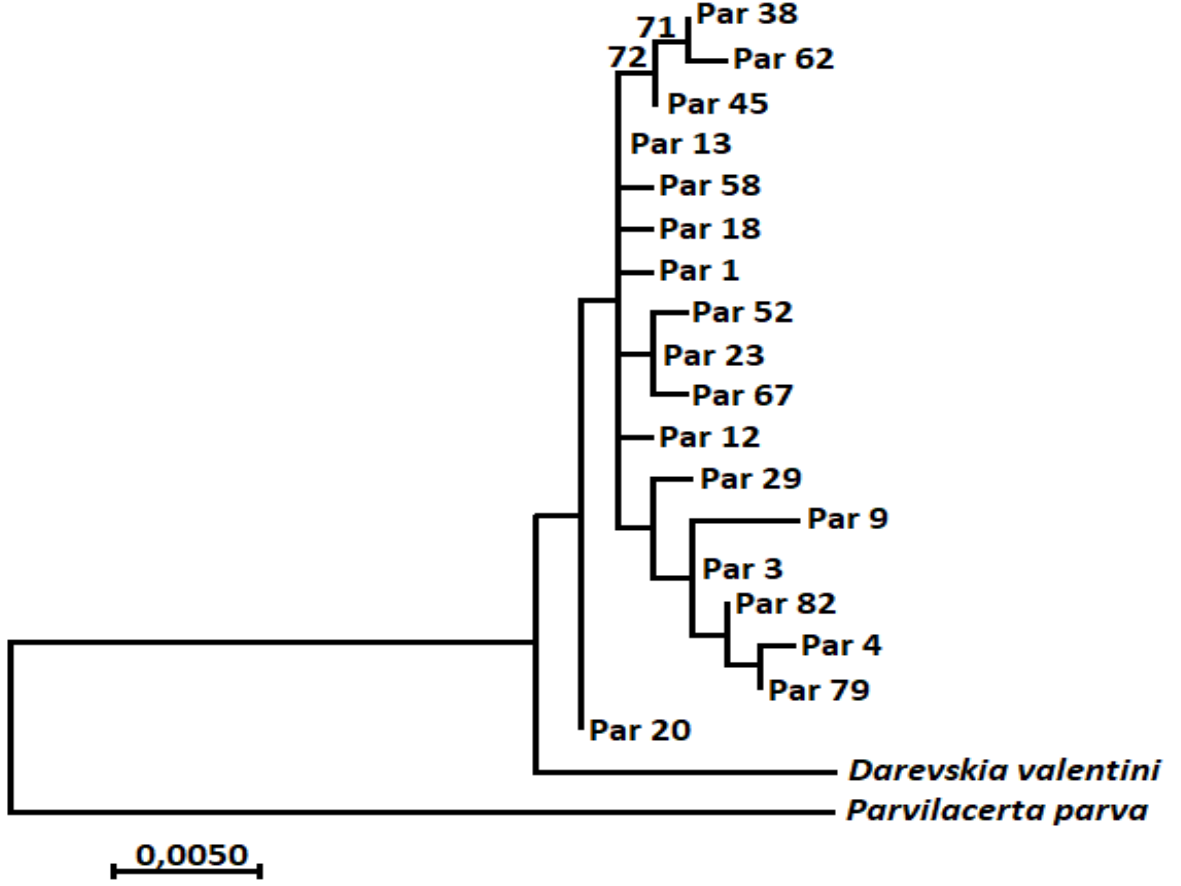
Şekil 9. 16S rRNA genine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



Şekil 10. *cyt b* genine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



Şekil 11. 16S rRNA ve *cyt b* genlerinin kombinesine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.

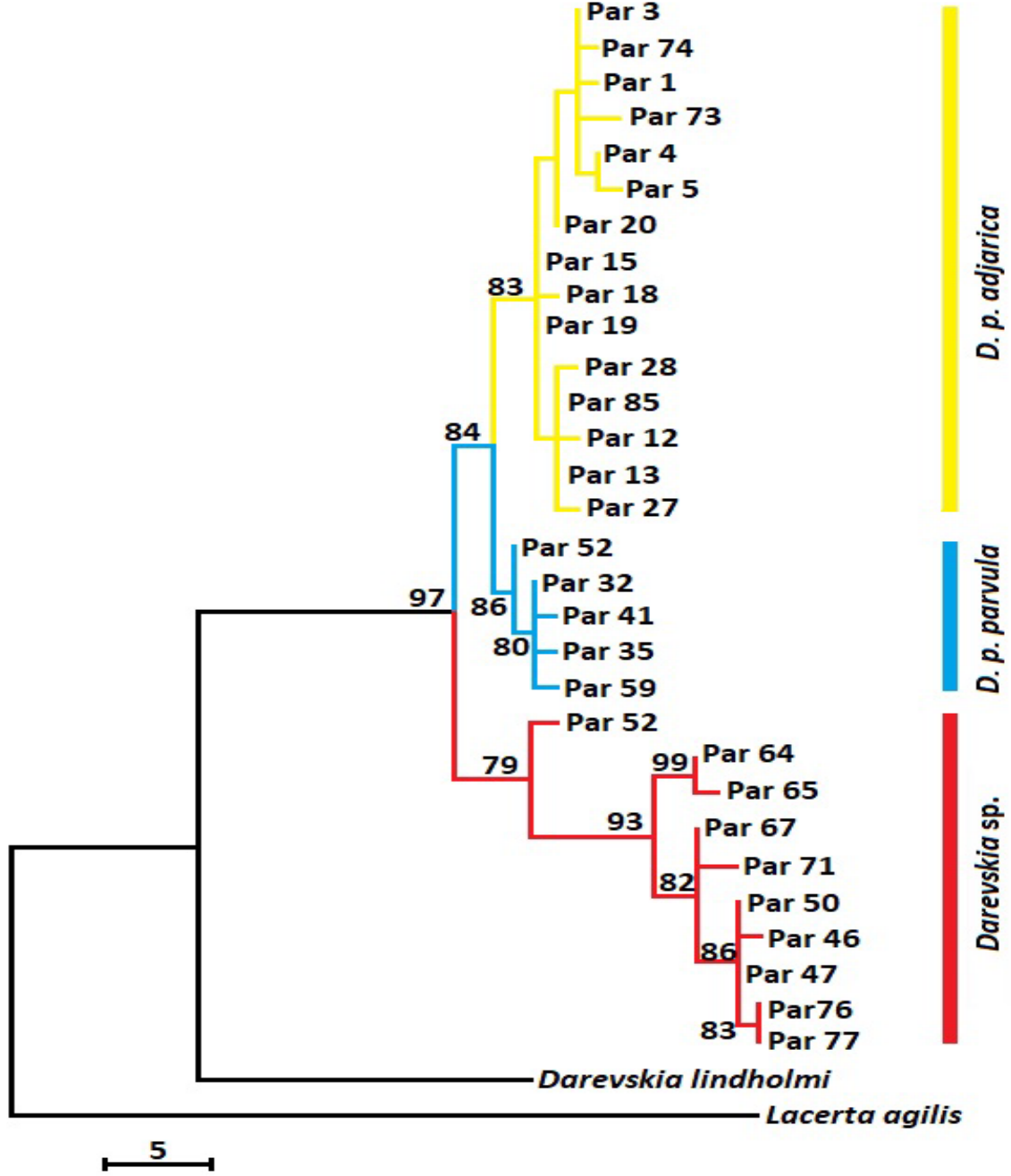


Şekil 12. *rag1* genine ait Maksimum olasılık analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum olasılık ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.

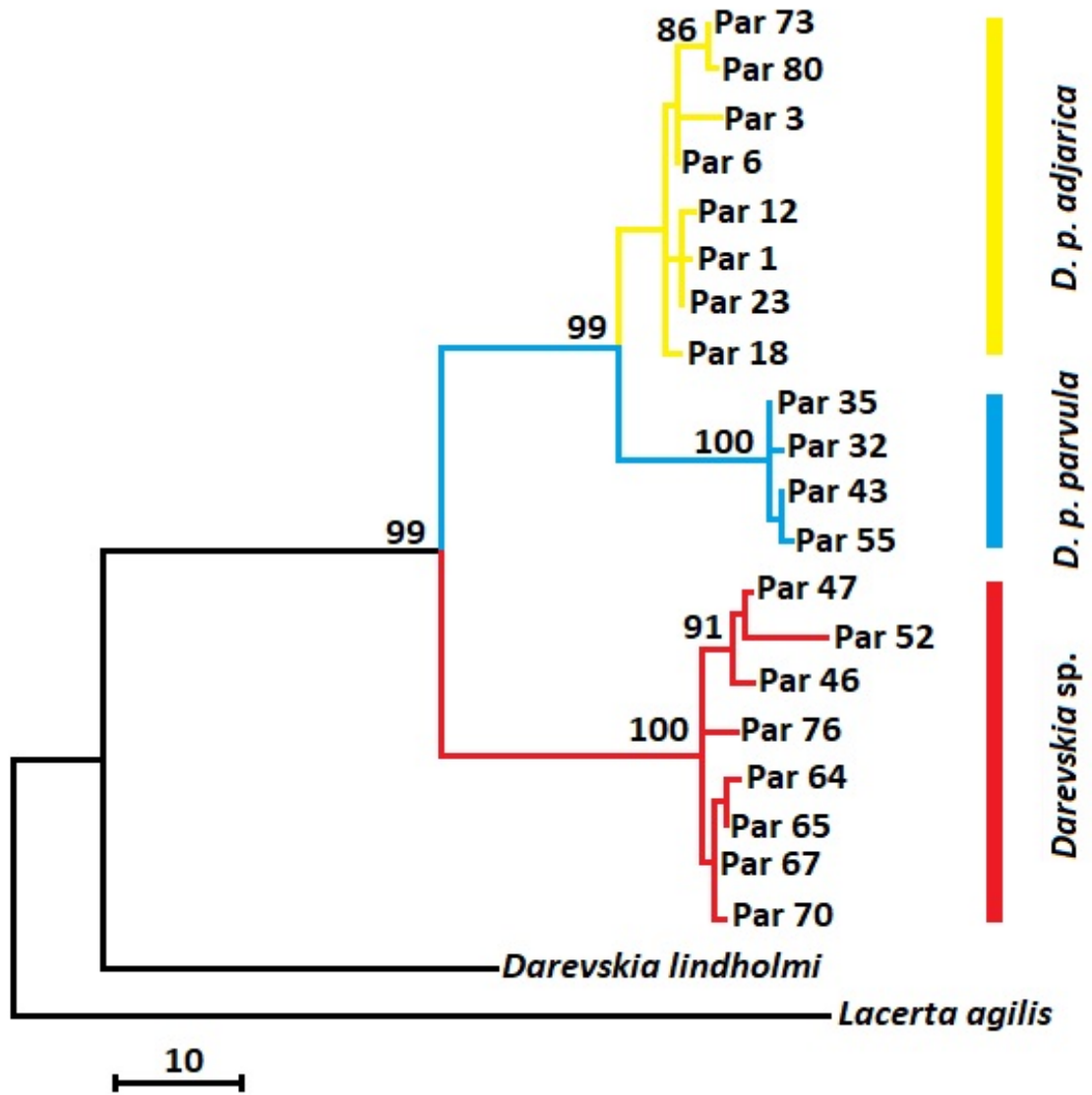
### 3.1.4. Maksimum Parsimoni (En Yüksek Tutumluluk) Analizi

Maksimum parsimoni analizi MEGA 7.0.26 programı kullanılarak yapılmıştır. Bu analizde mitokondriyal genler (16S rRNA ve *cyt b*) hem ayrı ayrı hem de birleştirilerek analize sokulmuştur. Nüklear gen ise ayrı bir şekilde analize sokulmuştur. Mitokondriyal genlerde 16S rRNA geni için DQ494823.1 *Lacerta agilis* (Wan vd., 2007) ve AF206182.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000) türleri, *cyt b* geni için AM087227.1 *Lacerta agilis* (Böhme vd., 2006) ve AF206177.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000), *rag1* geni için ise EF632236.1 *Parvilacerta parva* (Mayer ve Pavlicev, 2007) ve EF632212.1 *Darevskia valentini* (Mayer ve Pavlicev, 2007) dış grup olarak kullanılmıştır.

Analiz sonucunda oluşan filogenetik ağaçlarda mitokondriyal genler hem ayrı ayrı hem de birleştirilmiş şekilde iki büyük soya ayrılmıştır. Bu soylardan biri literatürde var olan *Darevskia parvula*'nın iki alttürünü temsil ederken diğer ise genetik olarak yeni bir soyu temsil etmektedir (Şekil 13-15). Nüklear gen olan *rag1* geni mitokondriyal genlerin oluşturduğu bu ayrımı göstermemiştir (Şekil 16).

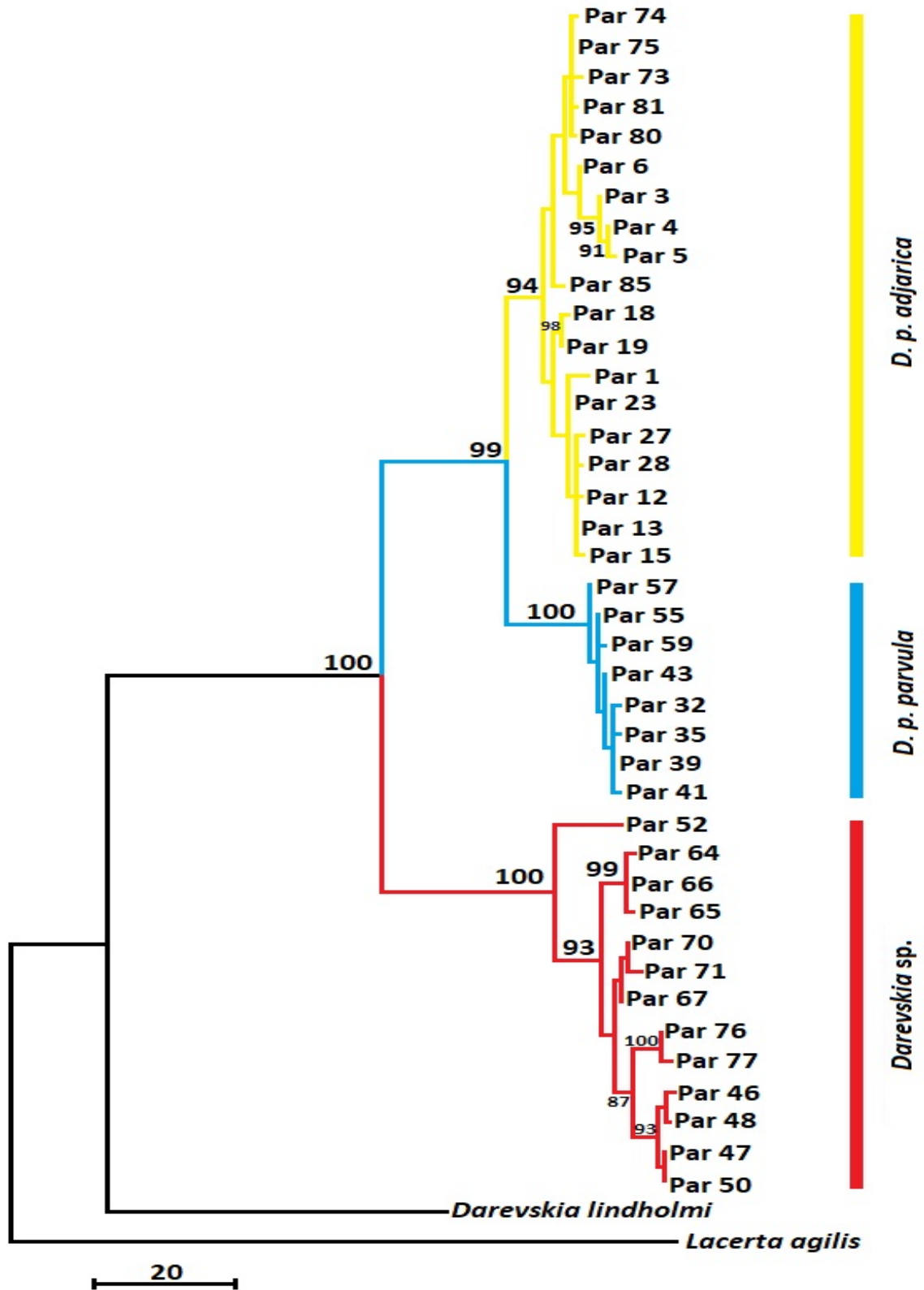


Şekil 13. 16S rRNA genine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.

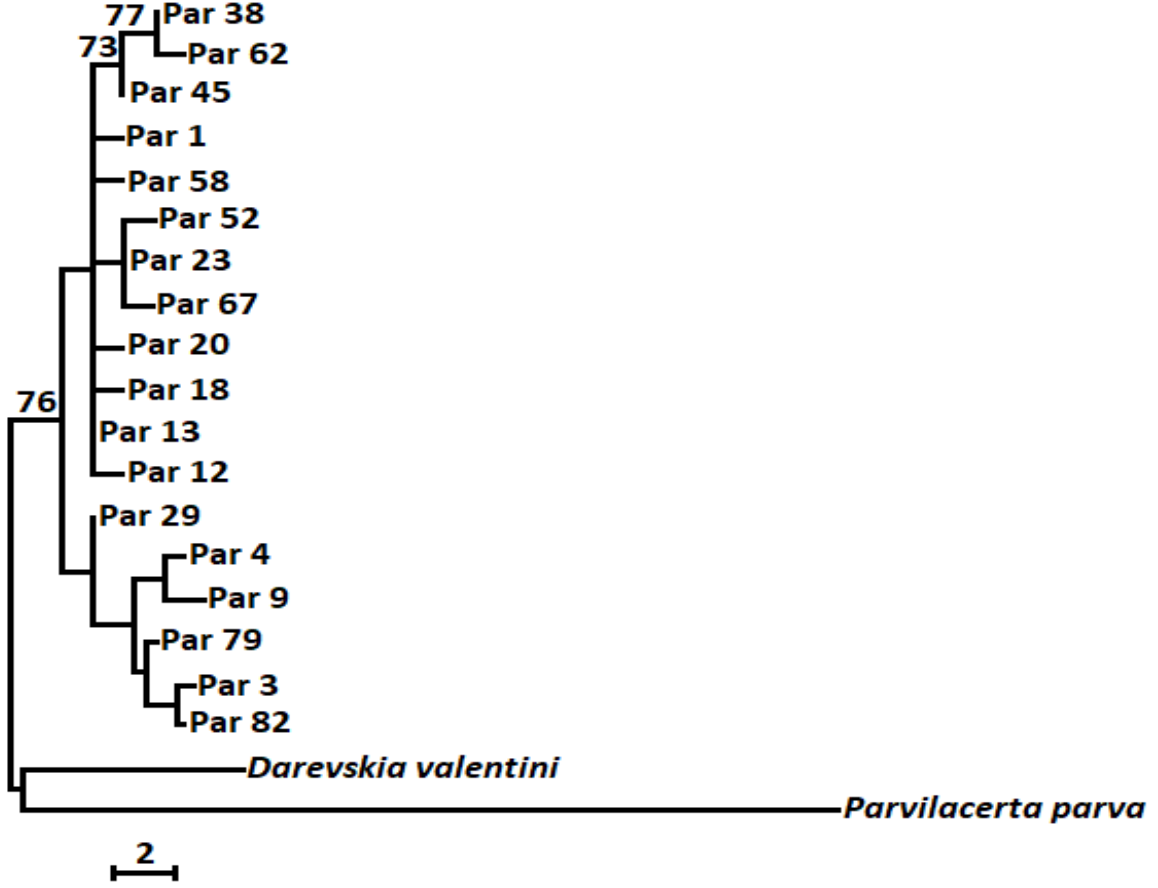


Şekil 14. *cyt b* genine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.





Şekil 15. 16S rRNA ve *cyt b* genlerinin kombinesine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



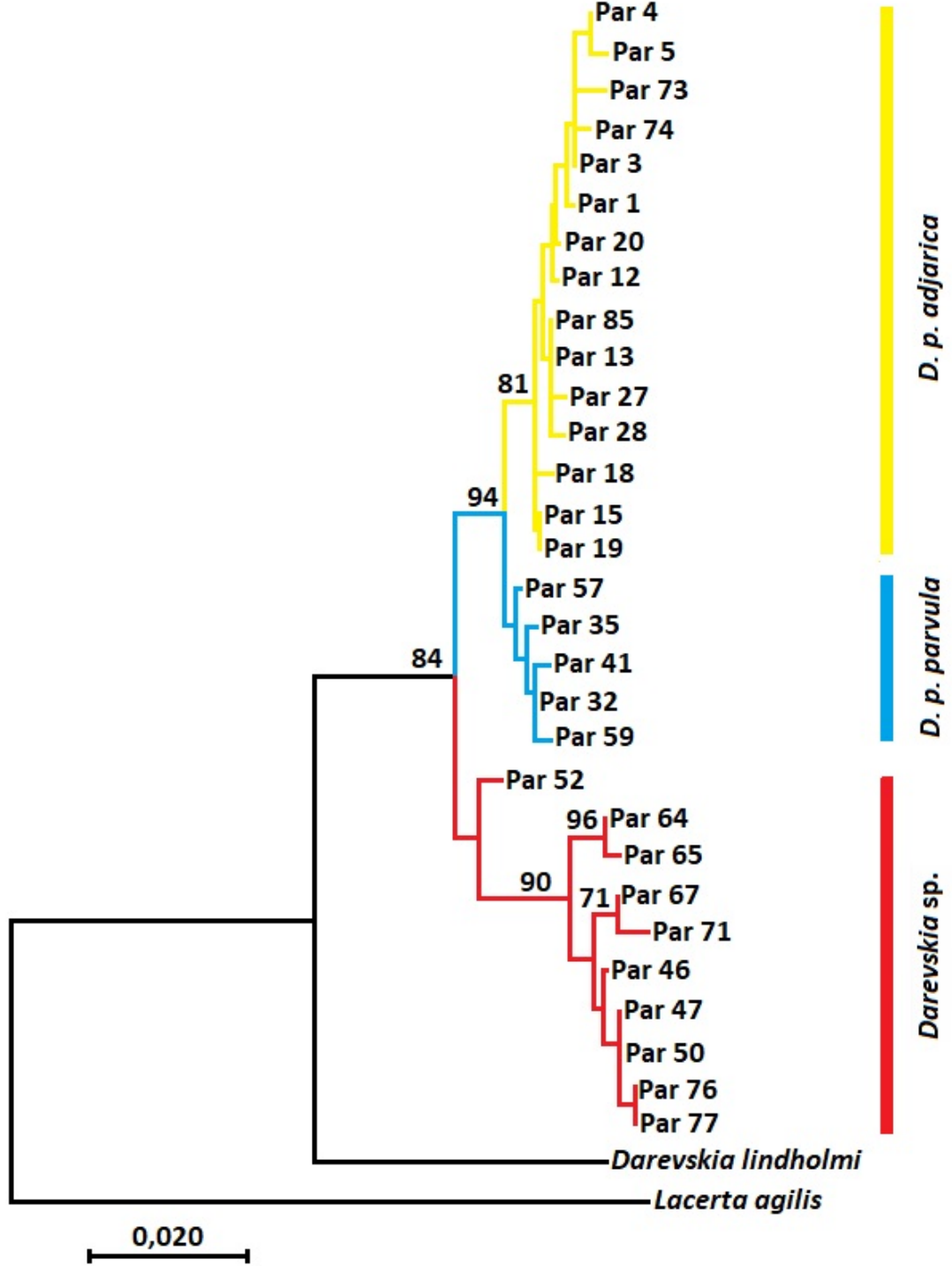
Şekil 16. *Rag1* genine ait Maksimum parsimoni analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Maksimum parsimoni ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.

### 3.1.5. Neighbor-Joining Analizi

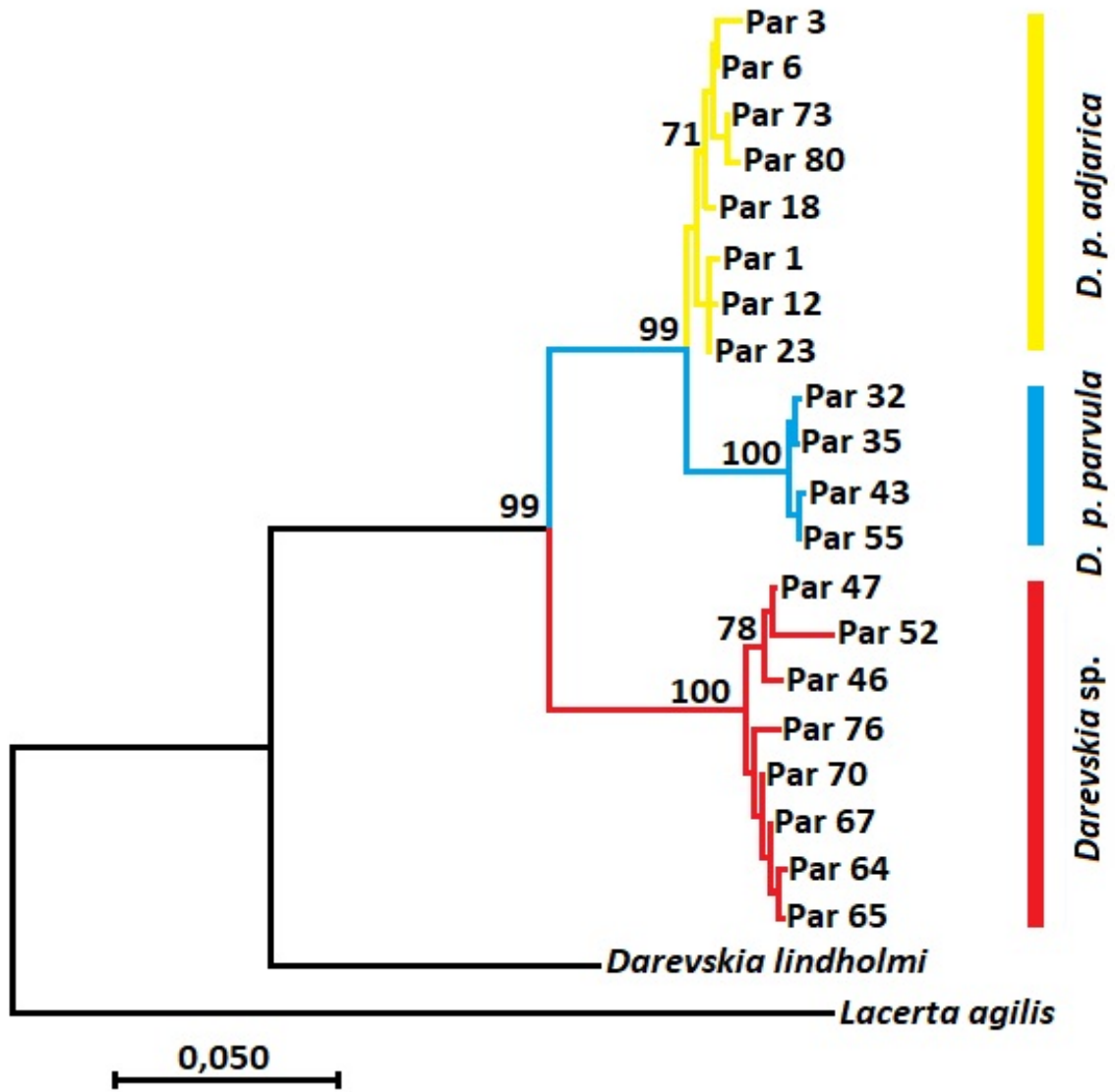
Neighbor-Joining analizi MEGA 7.0.26 programı kullanılarak yapılmıştır. Bu analizde mitokondriyal genler (16S rRNA ve *cyt b*) hem ayrı ayrı hem de birleştirilerek analize sokulmuştur. Nüklear gen ise ayrı bir şekilde analize sokulmuştur. Mitokondriyal genlerde 16S rRNA geni için DQ494823.1 *Lacerta agilis* (Wan vd., 2007) ve AF206182.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000) türleri, *cyt b* geni için AM087227.1 *Lacerta agilis* (Böhme vd., 2006) ve AF206177.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000), *rag1* geni için ise EF632236.1 *Parvilacerta parva* (Mayer ve Pavlicev, 2007) ve EF632212.1 *Darevskia valentini* (Mayer ve Pavlicev, 2007) dış grup olarak kullanılmıştır.

Analiz sonucunda oluşan filogenetik ağaçlarda mitokondriyal genler hem ayrı ayrı hem de birleştirilmiş şekilde iki büyük soya ayrılmıştır. Bu soylardan biri literatürde var olan *Darevskia parvula*’nın iki alttürünü temsil ederken diğer ise genetik olarak yeni bir soyu

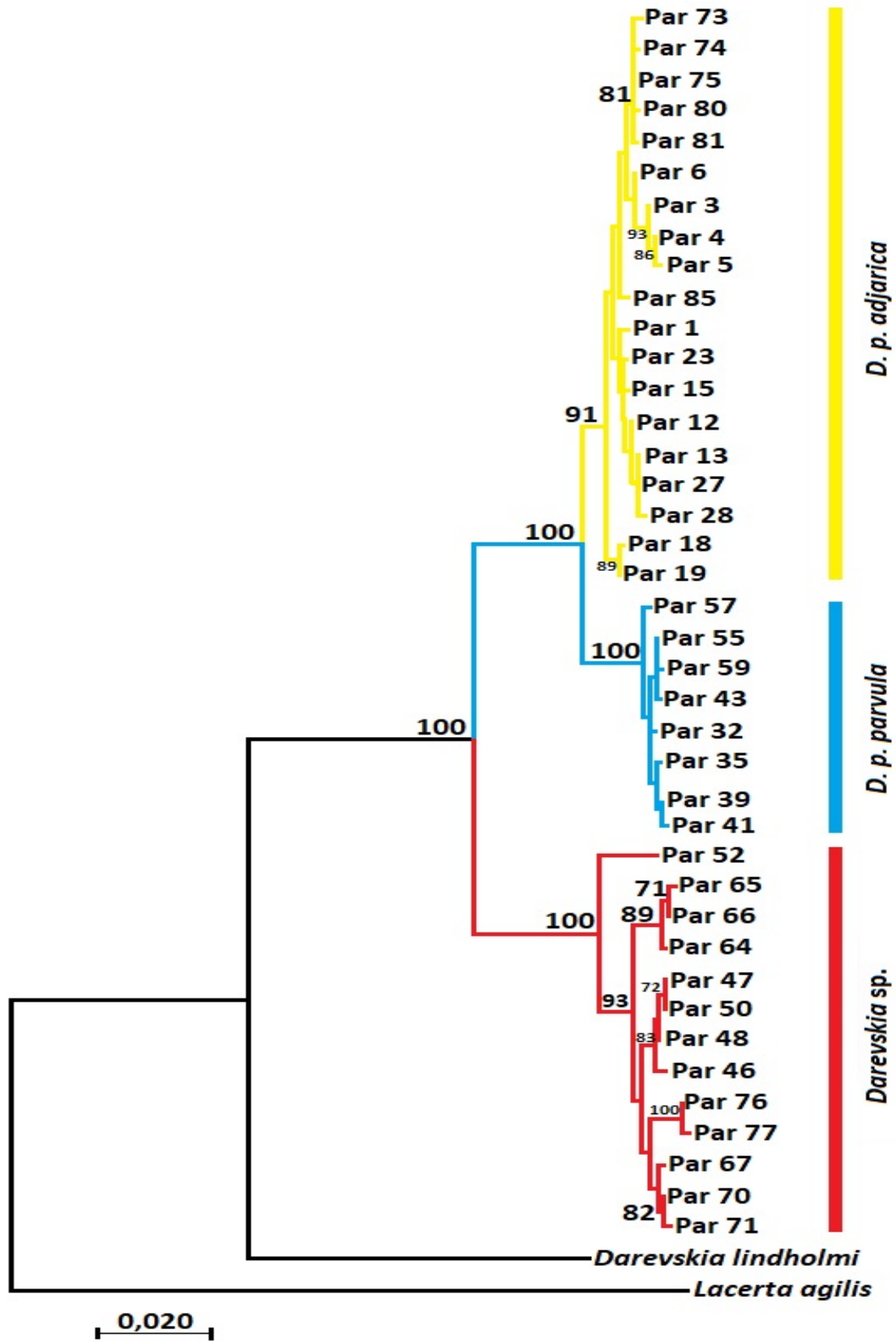
temsil etmektedir (Şekil 17-19). Nüklear gen olan *rag1* geni mitokondriyal genlerin oluşturduğu bu ayrımı göstermemiştir (Şekil 20).



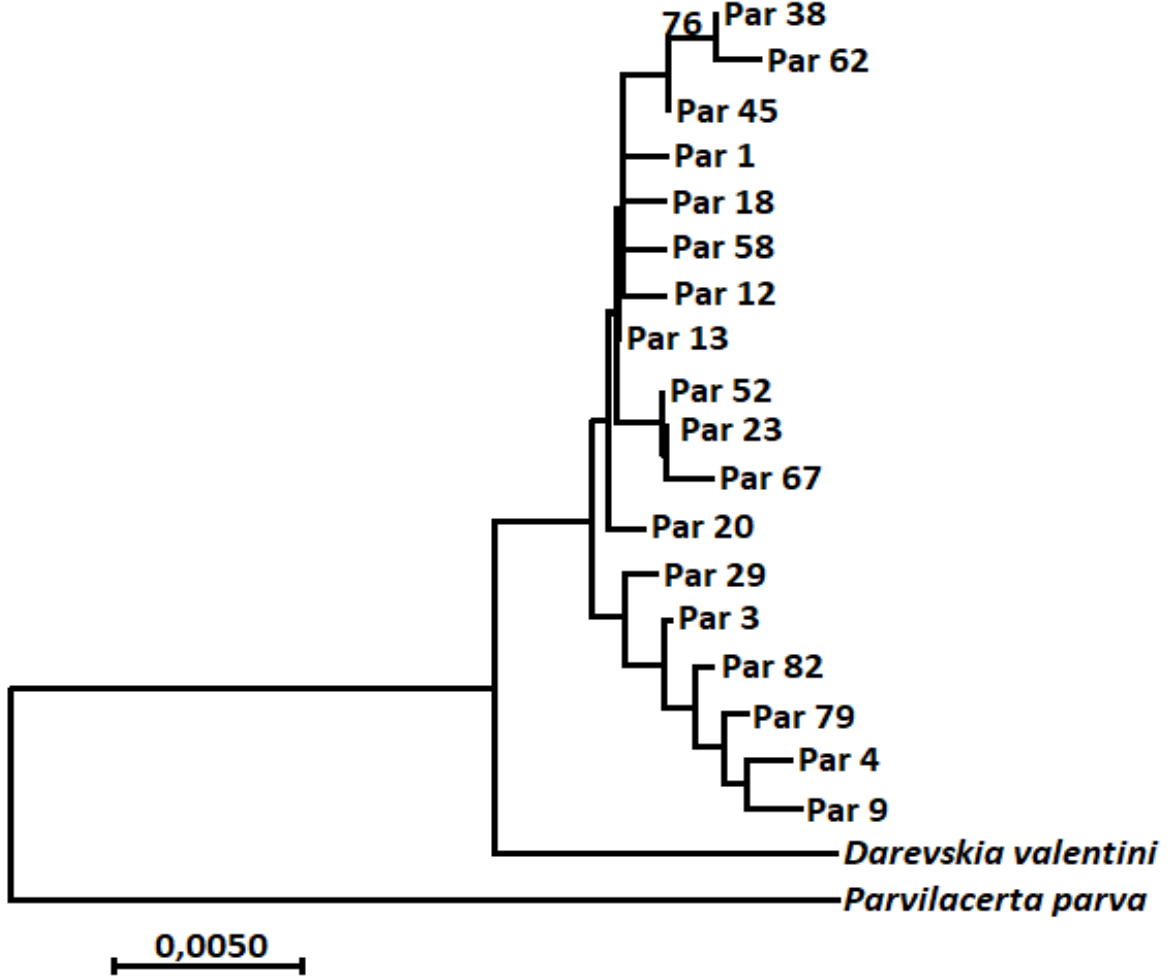
Şekil 17. 16S rRNA genine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



Şekil 18. *cyt b* genine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



Şekil 19. 16S rRNA ve *cyt b* genlerinin kombinesine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



Şekil 20. *rag1* genine ait Neighbor-Joining analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Neighbor-Joining ağacında bootstrap değeri 70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.

### 3.1.6. Genetik Uzaklık Analizleri

Genetik uzaklık analizleri MEGA 7.0.26 programı kullanılarak yapılmıştır. Hem mitokondriyel genler hem de nükleer gen için genetik mesafeler ayrı ayrı hesaplanmıştır. Ayrıca mitokondriyal gen birleştirilerek de haplotiplerin aralarındaki genetik mesafelere bakılmıştır.

16S rRNA geni için bulunan 30 haplotip arasında en yüksek genetik mesafe %4,3 iken en düşük %0,2’dir. Filogenetik ağaçlarda oluşan üç grup için ise *D. p. parvula* ile *D. p. adjarica* alttürleri arasındaki genetik uzaklık %0,8-1,8, *D. p. parvula* ile yeni soy arasındaki genetik uzaklık %1,5-3,6 ve *D. p. adjarica* ile yeni soy arasındaki genetik uzaklık %1,5-4,3

arasında deęişiklik göstermektedir. Ayrıca *D. p. parvula* grubu kendi içinde 16S rRNA geni için %0,2 ile %0,4 arasında genetik varyasyon gösterirken, *D. p. adjarica* grubu ise %0,2 ile %0,8 arasında varyasyon göstermektedir. Filogenetik ağaçlar sonucunda oluşan yeni genetik soy ise kendi içinde %0,2 ile %2,3 genetik varyasyon göstermektedir (Tablo 7).

*cyt b* geni için bulunan 20 haplotip arasında en yüksek genetik mesafe %12,5 iken en düşük %0,2'dir. Filogenetik ağaçlarda oluşan üç grup için ise *D. p. parvula* ile *D. p. adjarica* alttürleri arasındaki genetik uzaklık %2,9-4,2, *D. p. parvula* ile yeni soy arasındaki genetik uzaklık %10,3-12,5 ve *D. p. adjarica* ile yeni soy arasındaki genetik uzaklık %8,1-11,6 arasında deęişiklik göstermektedir. Ayrıca *D. p. parvula* grubu kendi içinde *cyt b* geni için %0,2 ile %0,6 arasında genetik varyasyon gösterirken, *D. p. adjarica* grubu ise %0,2 ile %1,2 arasında varyasyon göstermektedir. Filogenetik ağaçlar sonucunda oluşan yeni genetik soy için kendi içinde %0,2 ile %2,7 genetik varyasyon göstermektedir (Tablo 7).

16S rRNA ile *cyt b* geninin kombine edilmiş hali için bulunan 40 haplotip arasında en yüksek genetik mesafe %6,8 iken en düşük %0,1'dir. Filogenetik ağaçlarda oluşan üç grup için ise *D. p. parvula* ile *D. p. adjarica* alttürleri arasındaki genetik uzaklık %1,8-2,8, *D. p. parvula* ile yeni soy arasındaki genetik uzaklık %6,2-6,8 ve *D. p. adjarica* ile yeni soy arasındaki genetik uzaklık %5,4-6,8 arasında deęişiklik göstermektedir. Ayrıca *D. p. parvula* grubu kendi içinde kombine dizi için %0,1 ile %0,4 arasında genetik varyasyon gösterirken, *D. p. adjarica* grubu ise %0,1 ile %1,1 arasında varyasyon göstermektedir. Filogenetik ağaçlar sonucunda oluşan yeni genetik soy için kendi içinde %0,2 ile %2,6 genetik varyasyon göstermektedir (Tablo 7).

*rag1* geni için oluşan bulunan 18 haplotip arasında en yüksek genetik mesafe %1 iken en düşük genetik mesafe %0,1'dir. Filogenetik ağaçlarda *rag1* geni grup oluşturmadığı için, genetik mesafe bakımından herhangi bir grup karışlaştırması yapılmamıştır.

Tablo 7. Filogenetik ağaçlardaki soylar arasındaki genetik mesafeler.

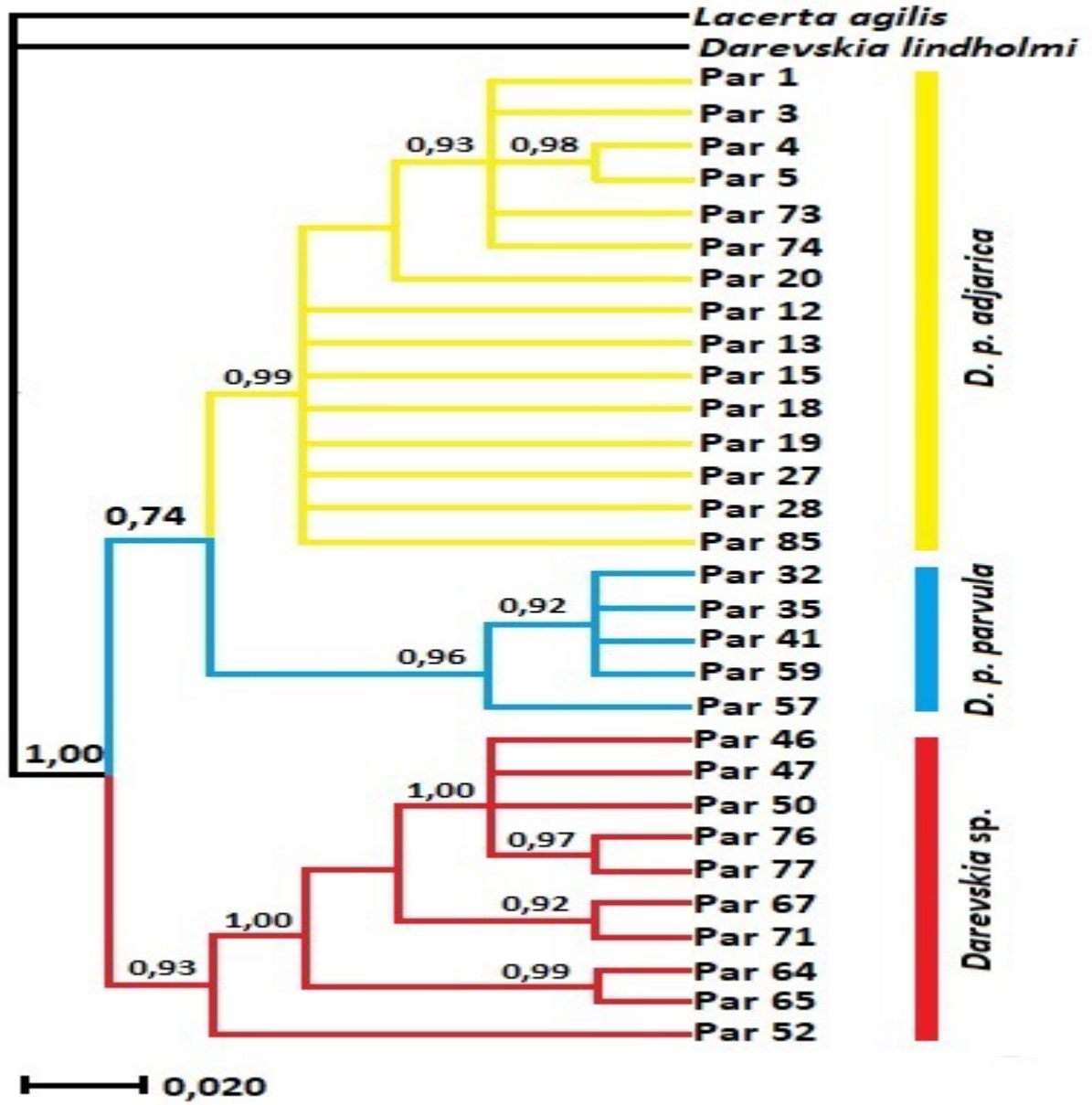
16S rRNA	<i>D. p. parvula</i>	<i>D. p. adjarica</i>	<i>D. p. ssp.</i>
1 <i>D. p. parvula</i>	-		
2 <i>D. p. adjarica</i>	%0,8-1,8	-	
3 <i>Darevskia</i> sp.	%1,5-3,6	%1,5-4,3	-
<i>cyt b</i>	1	2	3
1	-		
2	%2,8-4,2	-	
3	%10,3-12,5	%8,1-11,6	-
16S rRNA+ <i>cyt b</i>	1	2	3
1	-		
2	%1,8-2,8	-	
3	%6,2-6,8	%5,4-6,8	-

### 3.1.7. Bayesian Analizi

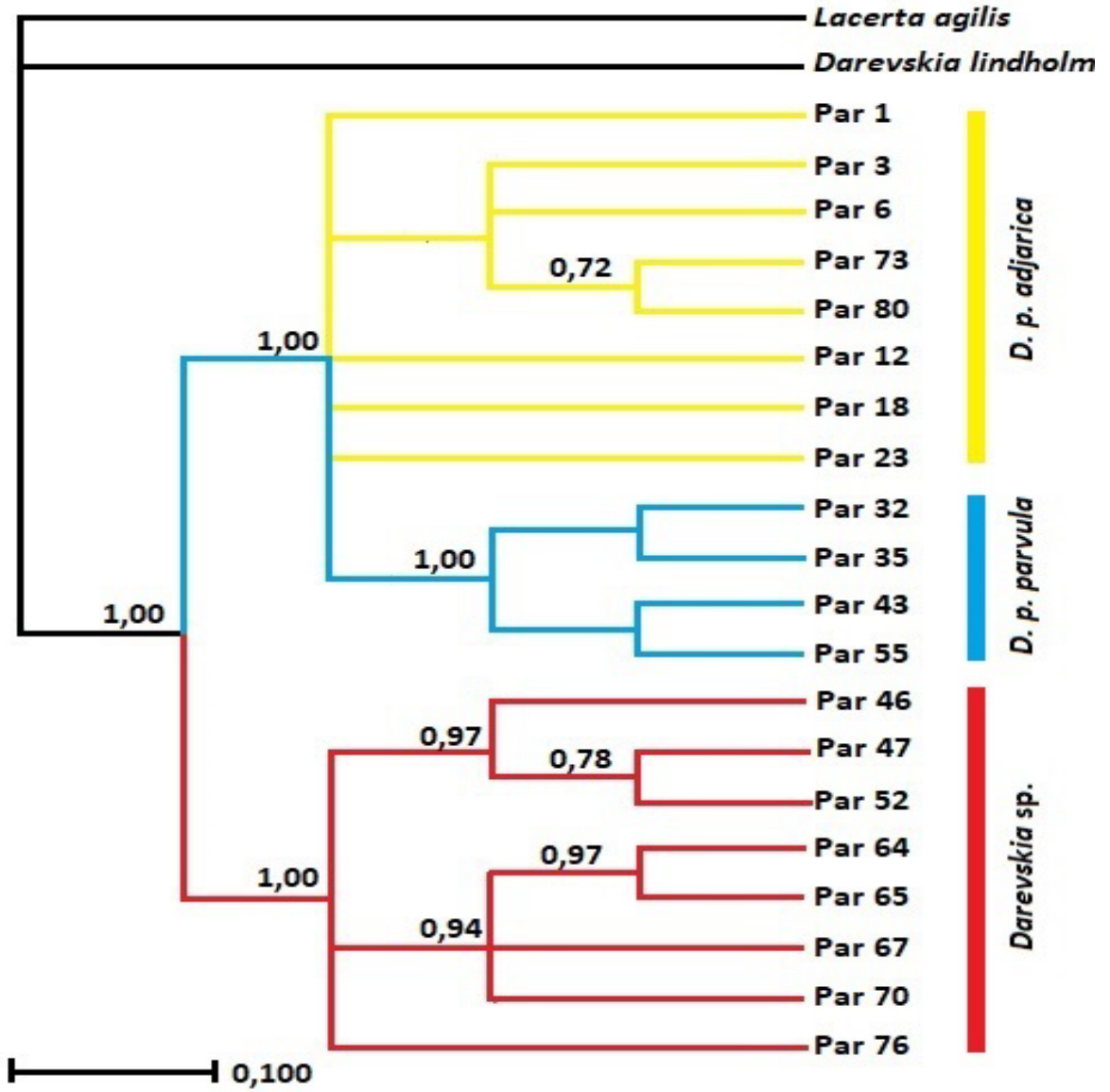
Bayesian analizi MrByes 3.2.6 programı kullanılarak yapılmıştır. Bu analizde mitokondriyal genler (16S rRNA ve *cyt b*) hem ayrı ayrı hem de birleştirilerek analize sokulmuştur. Nükleer gen ise ayrı bir şekilde analize sokulmuştur. Mitokondriyal genlerde 16S rRNA geni için DQ494823.1 *Lacerta agilis* (Wan vd., 2007) ve AF206182.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000) türleri, *cyt b* geni için AM087227.1 *Lacerta agilis* (Böhme vd., 2006) ve AF206177.1 *Darevskia lindholmi* (Fu, 2000), *rag1* geni için ise EF632236.1 *Parvilacerta parva* (Mayer ve Pavlicev, 2007) ve EF632212.1 *Darevskia valentini* (Mayer ve Pavlicev, 2007) dış grup olarak kullanılmıştır.

Analiz sonucunda oluşan filogenetik ağaçlarda mitokondriyal genler hem ayrı ayrı hem de birleştirilmiş şekilde iki büyük soya ayrılmıştır. Bu soylardan biri literatürde var olan *Darevskia parvula*'nın iki alttürünü temsil ederken diğer ise genetik olarak yeni bir soyu temsil etmektedir (Şekil 21-23). Nükleer gen olan *rag1* geni mitokondriyal genlerin oluşturduğu bu ayrımı göstermemiştir (Şekil 24).

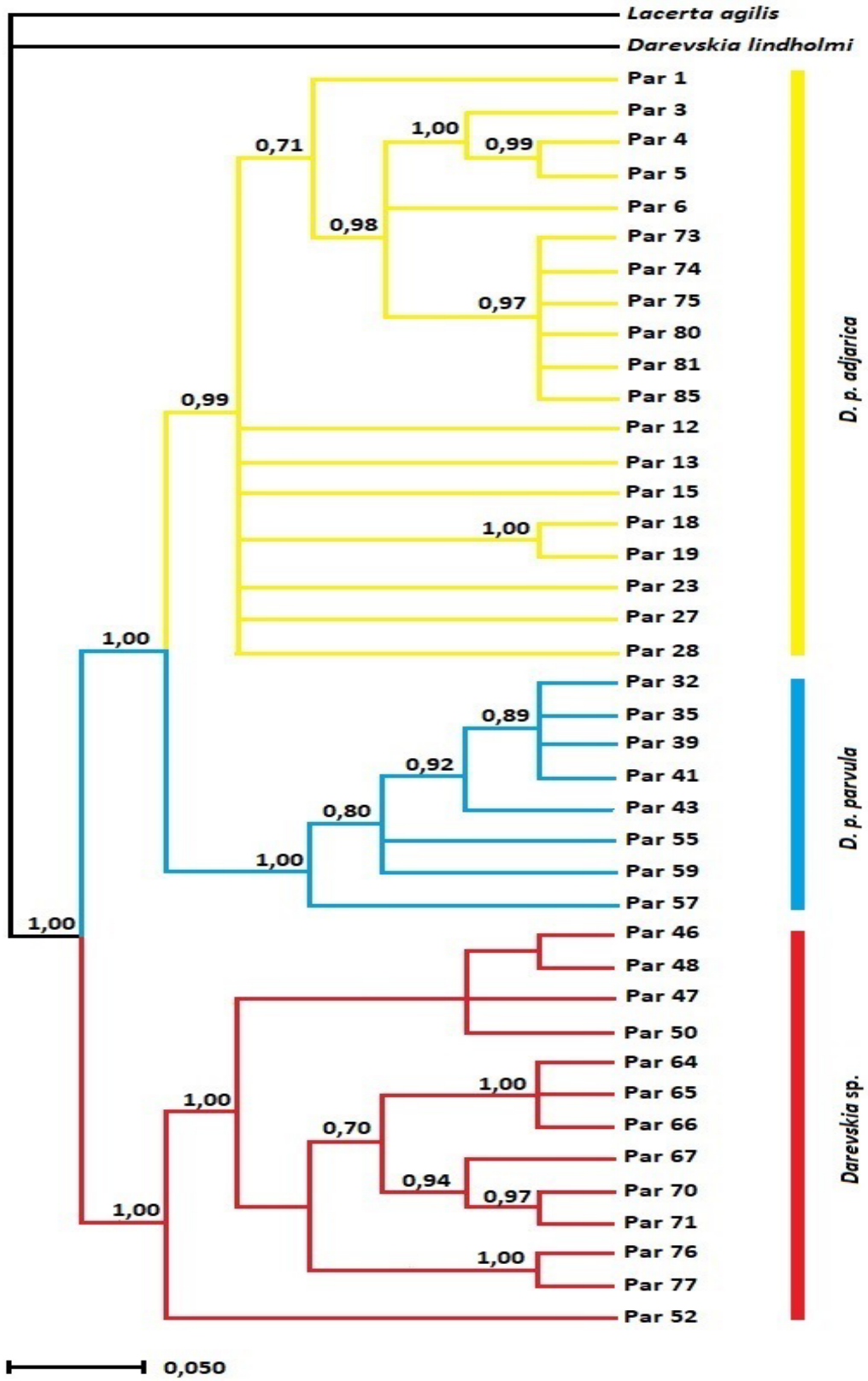




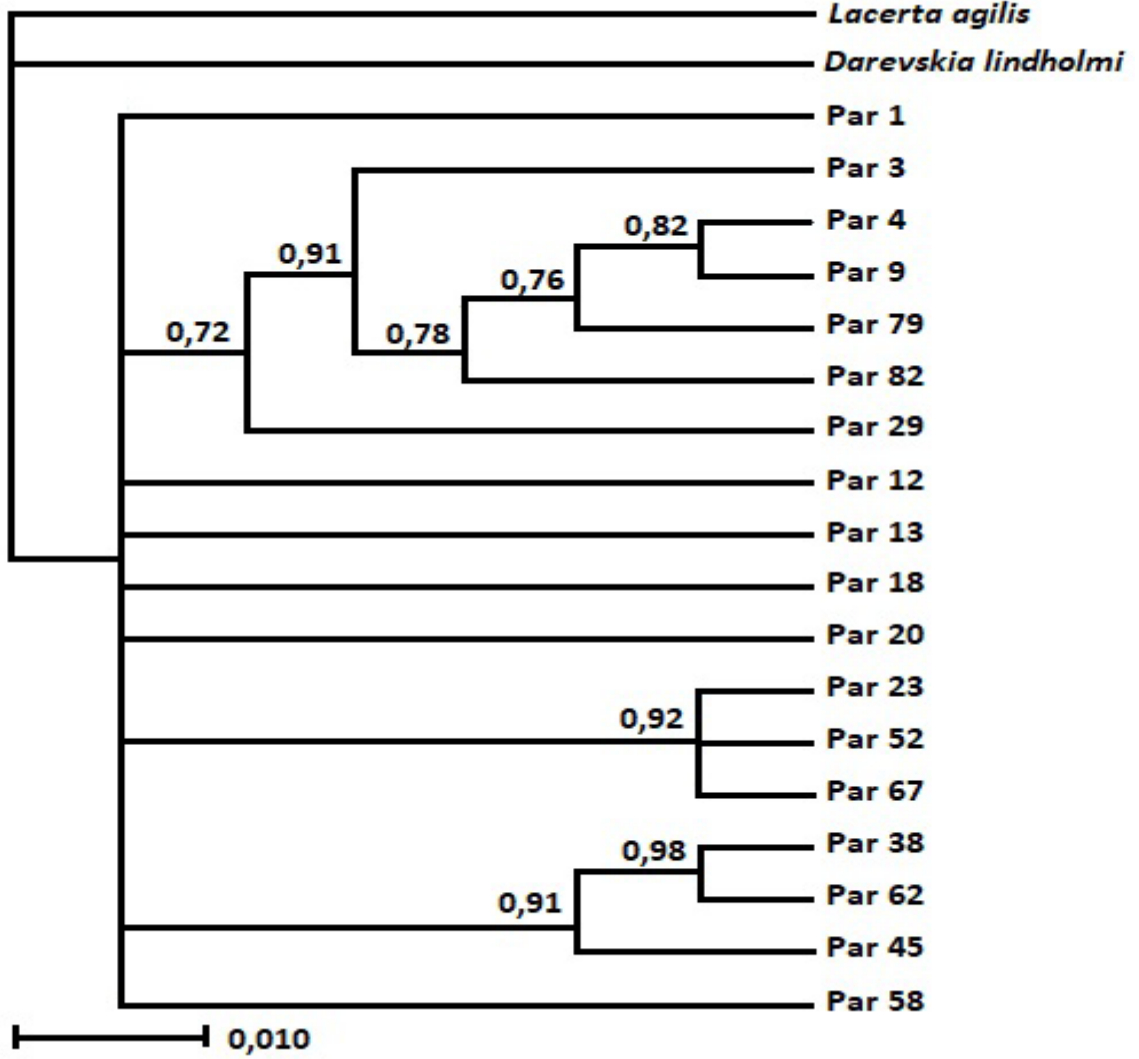
Şekil 21. 16S rRNA genine ait Bayeian analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



Şekil 22. *cyt b* genine ait Bayesian analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



Şekil 23. 16S rRNA ve *cyt b* genlerinin kombinesine ait Bayeian analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.



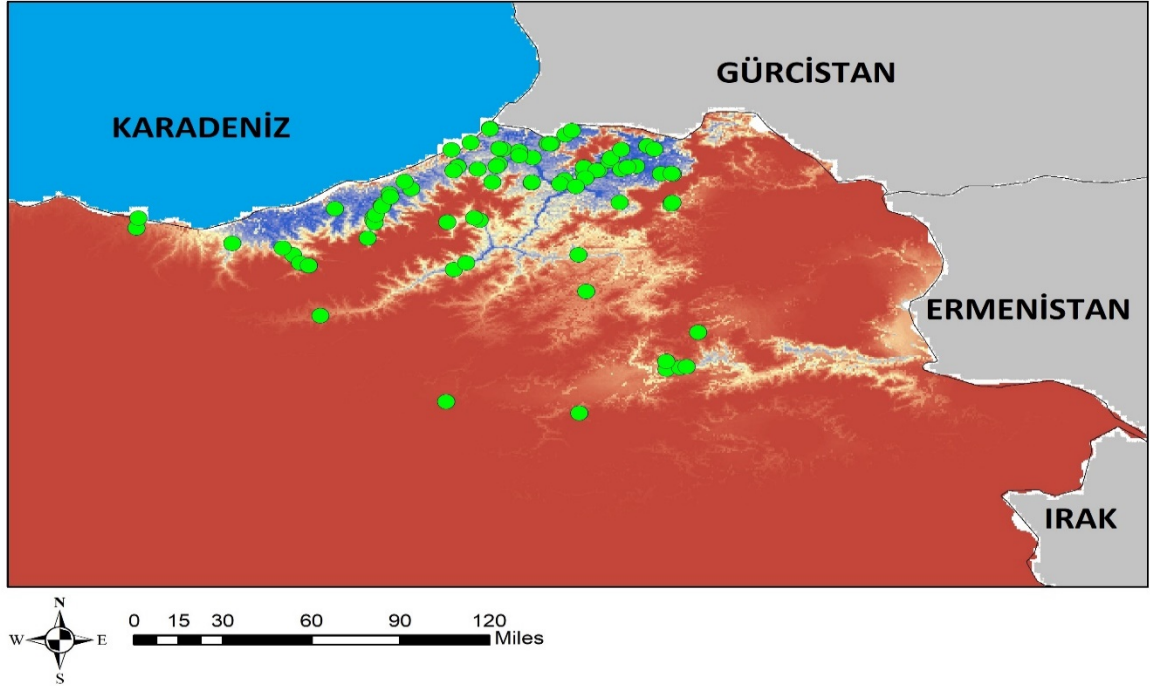
Şekil 24. *rag1* genine ait Bayesian analizi dikkate alınarak Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün filogenisi. Bayesian ağacında posterior olasılık değeri 0,70’den küçük olanlar ağaçta gösterilmemiştir.

### 3.2. *Darevskia parvula*’nın Muhtemel Yayılışı ve Bu Yayılışı Etkileyen Biyo-iklimsel ve Coğrafik Etmenler

Türün muhtemel yayılışı MaxEnt 3.3.3.k programı ile belirlenmiştir. Türün yayılışına etki eden biyo-iklimsel ve topografik değişkenler ENMTools 1.4.4 programı ile belirlenmiştir.

Günümüz iklimsel koşulları altında *D. parvula* türü için yapılan yayılış analizinde türün yayılışının habitat gereksinimleri ile uygun olduğu ortaya çıkmıştır (Şekil 25). Bu analizler sonucunda 19 biyo-iklimsel değişkenlerden 6 tanesi (Bio-4, Bio-6, Bio-14, Bio-15,

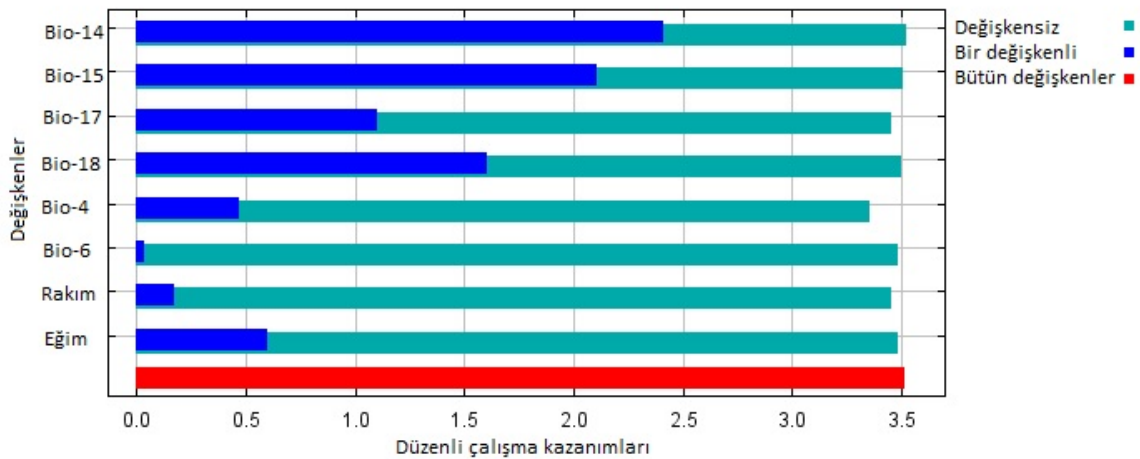
Bio-17 ve Bio-18) ile eğim ve yükselti değişkenleri türün yayılışına büyük ölçüde etki etmektedir. Bu değişkenlerden Bio-14 ve Bio-15 türün yayılışına en çok etki eden biyo-iklimsel değişkenleridir. Bu durum yayılış içerisinde yaklaşık %65'lik bir dilimi oluşturmaktadır (Tablo 8). Bu iki değişkenin özellikle bu türün yayılışını belirlemesinin nedeni, türün hem kurak hem de nemli ortamları sevmesi ile uygun düşmüştür. Bu şekilde tür uygun habitatları seçerken, türün bu seçiminde yani türün yayılışında kurak aylarda düşen yağmur (Bio-14) ile mevsimsel yağmurlar özellikle büyük rol oynamaktadır. Yayılış için yapılan jackknife analizinde Bio-14 biyo-iklimsel değişkeninin türün yayılışı için en kullanışlı değişken olduğu ve tek başına kullanıldığı zaman türün yayılışını belirleyebileceği ortaya çıkmıştır (Şekil 26). Yapılan analiz sonucunda bulunan alıcı çalışma karakteristiği (ROC) eğrisinin sonucu, model duyarlılığı ile uyumlu bulunmuştur ve eğri altındaki alanın değeri (AUC)  $0,987 \pm 0,009$  olarak bulunmuştur. Bu değer 1'e çok yakın olması türün coğrafi yayılışının yapılan analiz ile tutumlu olduğu göstermektedir. Ayrıca günümüzdeki biyo-iklimsel değişkenlerin ve coğrafi değişkenlerin türün yayılışına en uygun biçimde etki ettiğini göstermektedir. Standart sapmanın sıfıra çok yakın olması ise yapılan analizin hata payının çok düşük olduğunu ve türün habitat seçiminin bu değişkenlerle uyumluluğunu göstermektedir.



Şekil 25. İklimsel ve coğrafi değişkenler altında *Darevskia parvula* türünün beklenen potansiyel dağılışı.

Tablo 8. *D. parvula*'nın yayılışına etki eden değişkenler ve katkı oranları.

No	Değişkenler	Katkı Oranı (%)
1	Bio-14	48,6
2	Bio-15	16
3	Bio-4	11,6
4	Bio-18	10
5	Eğim	4,7
6	Bio-17	4,5
7	Rakım	3,6
8	Bio-6	0,9

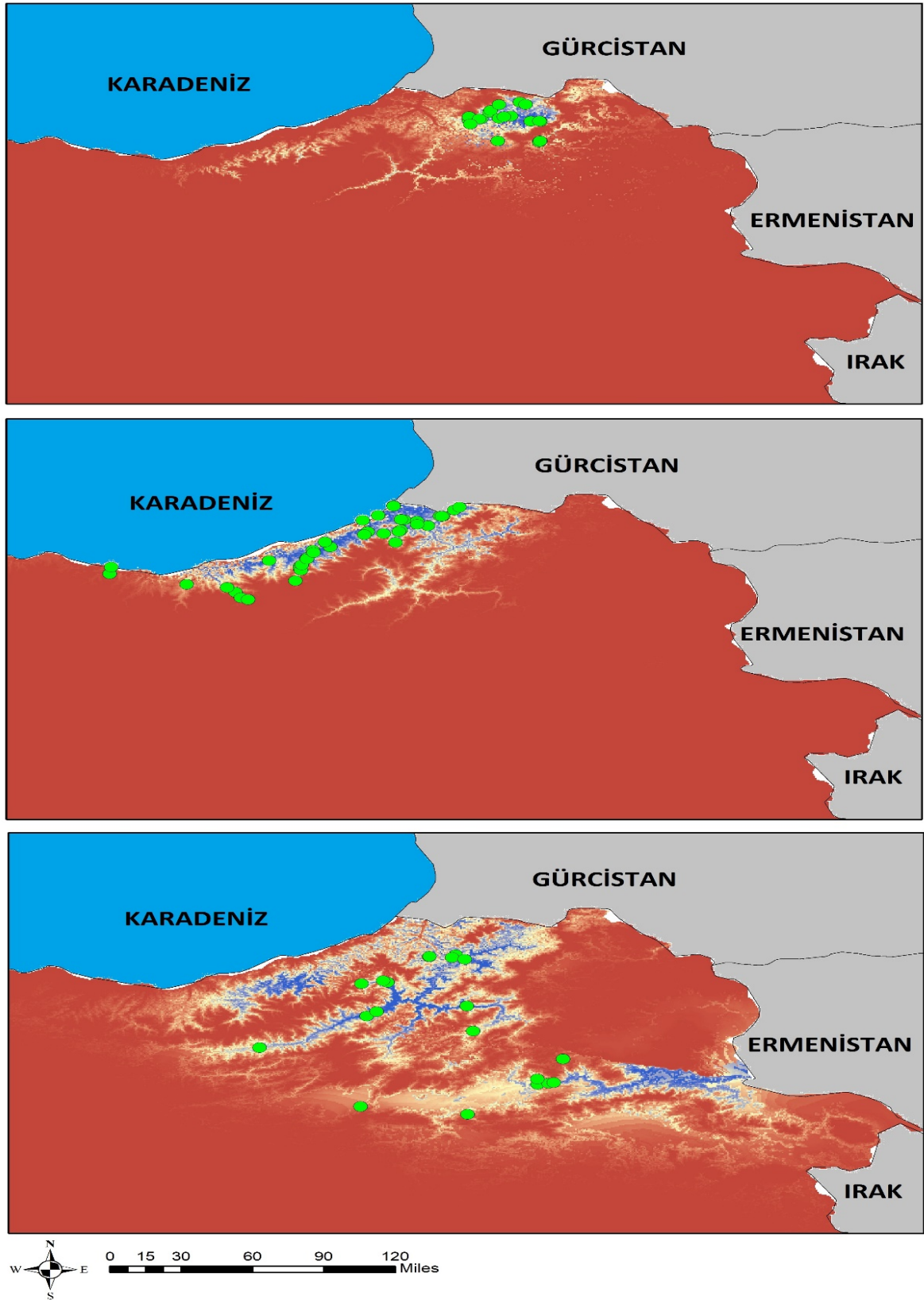


Şekil 26. Yayılış modelinde kullanılan değişkenlerin önemliliklerinin jackknife testi sonuçları.

Türün genel yayılışının haricinde mitokondriyal gen tabanlı filogenetik ağaçlarda oluşan üç soya da ayrı ayrı yayılış analizleri yapılmıştır.

Bu analizler sonucunda bu üç soy için yapılan yayılış analizinde türün yayılışının habitat gereksinimleri ile uygun olduğu ortaya çıkmıştır (Şekil 27). Bu analizler sonucunda 19 biyo-iklimsel değişkenlerden *D. p. parvula* soyu için 4 tanesi (Bio-4, Bio-9, Bio-15 ve Bio-18) ile eğim ve yükselti değişkenleri, *D. p. adjarica* soyu için 4 tanesi (Bio-5, Bio-6, Bio-14 ve Bio-1) ile eğim ve yükselti değişkenleri ve yeni genetik soy için ise 5 tanesi (Bio-7, Bio-9, Bio-14, Bio-15 ve Bio-19) ile eğim ve yükselti değişkenleri bu üç genetik soyun

yayıllışının belirlenmesinde önemli ölçüde etki etmektedir. Bu değişkenlerden Bio-15 ve Bio-18 *D. p. parvula*'nın yayılışına, Bio-14 ve Bio-15 *D. p. adjarica*'nın yayılışına ve Bio-14, Bio-15 ve Bio-7 ise oluşan yeni genetik soyun yayılışına en çok etki eden biyo-iklimsel değişkenlerdir. Bu durum yayılış içerisinde *D. p. parvula* için yaklaşık %70'lik bir dilimi, *D. p. adjarica* için %95'lik bir dilimi ve oluşan yeni soy için ise %80'lik bir dilimi oluşturmaktadır (Tablo 9). Bu değişkenlerin özellikle bu alttürler ve yeni genetik soyun yayılışını belirlemesinin nedeni, bu soyların da dahil oldukları tür gibi hem kurak hem de nemli ortamları sevmesi ile uygun düşmüştür. Bu şekilde *D. parvula* türü gibi genetik soyları da uygun habitatları seçerken, soyların bu yayılışında yine kurak aylarda düşen yağmur (Bio-14) ile mevsimsel yağmurlar özellikle büyük rol oynamaktadır. Yayılış için yapılan jackknife analizinde Bio-14 biyo-iklimsel değişkeninin hem *D. p. adjarica* hemde yeni genetik soyun yayılışına için Bio-15 ise *D. p. parvula* için en kullanışlı değişken olduğu ve tek başına kullanıldığı zaman türün yayılışını belirleyebileceği ortaya çıkmıştır (Şekil 28). Yapılan analiz sonucunda bulunan alıcı çalışma karakteristiği (ROC) eğrisinin sonucu, model duyarlılığı ile uyumlu bulunmuştur ve eğri altındaki alanın değeri (AUC) *D. p. parvula* için  $0,998\pm 0,001$ , *D. p. adjarica* için  $0,992\pm 0,006$  ve yeni genetik soy için ise  $0,986\pm 0,012$  olarak bulunmuştur. Bu değerlerin 1'e çok yakın olması tür gibi genetik soylarının coğrafi yayılışının da yapılan analiz ile tutumlu olduğu göstermektedir. Ayrıca günümüzdeki biyo-iklimsel değişkenlerin ve coğrafi değişkenlerin türün yayılışına en uygun biçimde etki ettiğini göstermektedir. Standart sapmanın sıfıra çok yakın olması ise yapılan analizin hata payının çok düşük olduğunu ve bu genetik soyların habitat seçiminin bu değişkenlerle uyumluluğunu göstermektedir.

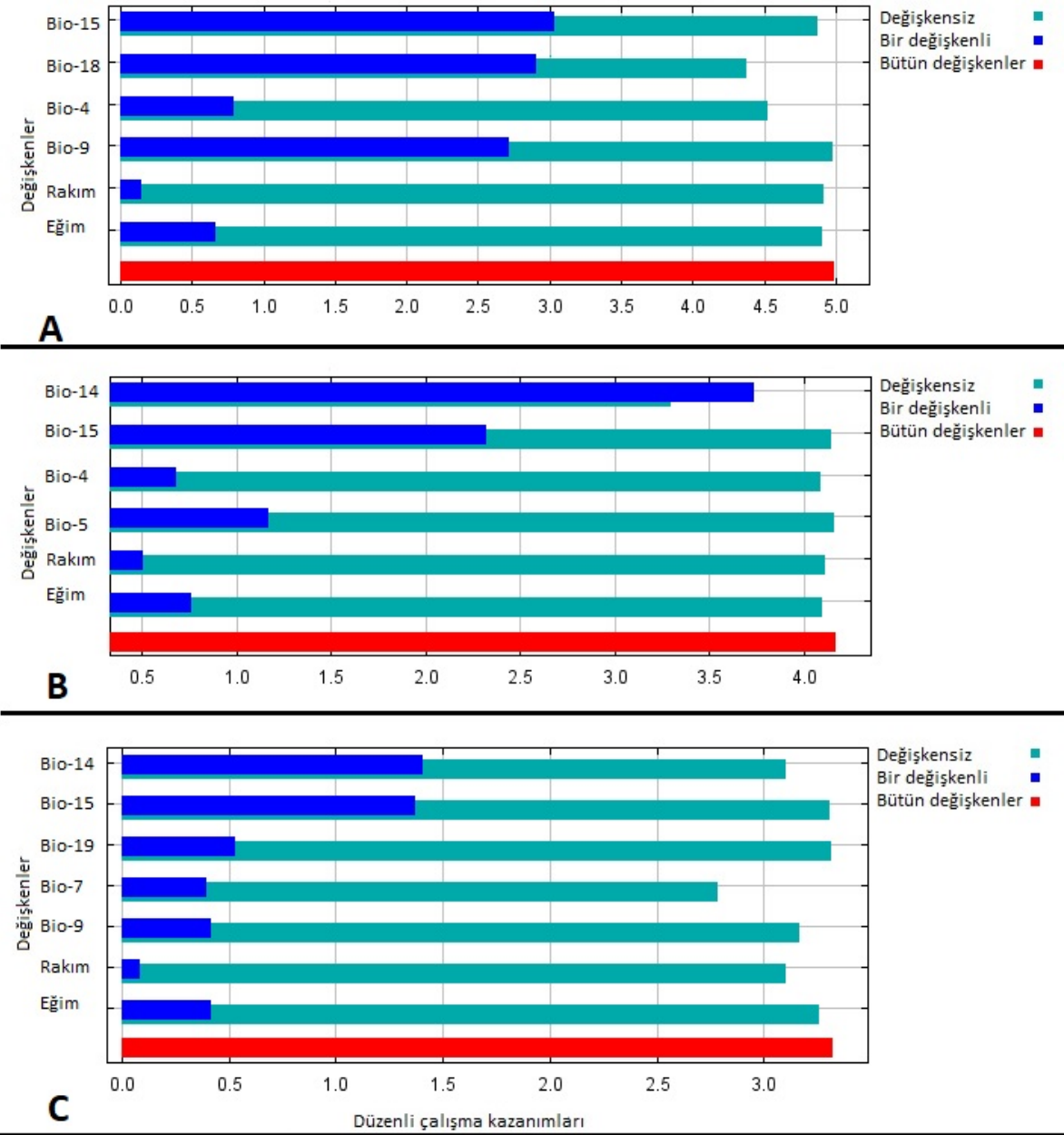


Şekil 27. İklimsel ve coğrafik değişkenler altında *Darevskia parvula* türünün genetik üç soyuna ait beklenen potansiyel dağılış şekilleri (Yukarıdan aşağıya doğru *D. p. parvula*, *D. p. adjarica* ve yeni genetik soy).



Tablo 9. *D. parvula*'nın genetik soylarının yayılışına etki eden değişkenler ve katkı oranları.

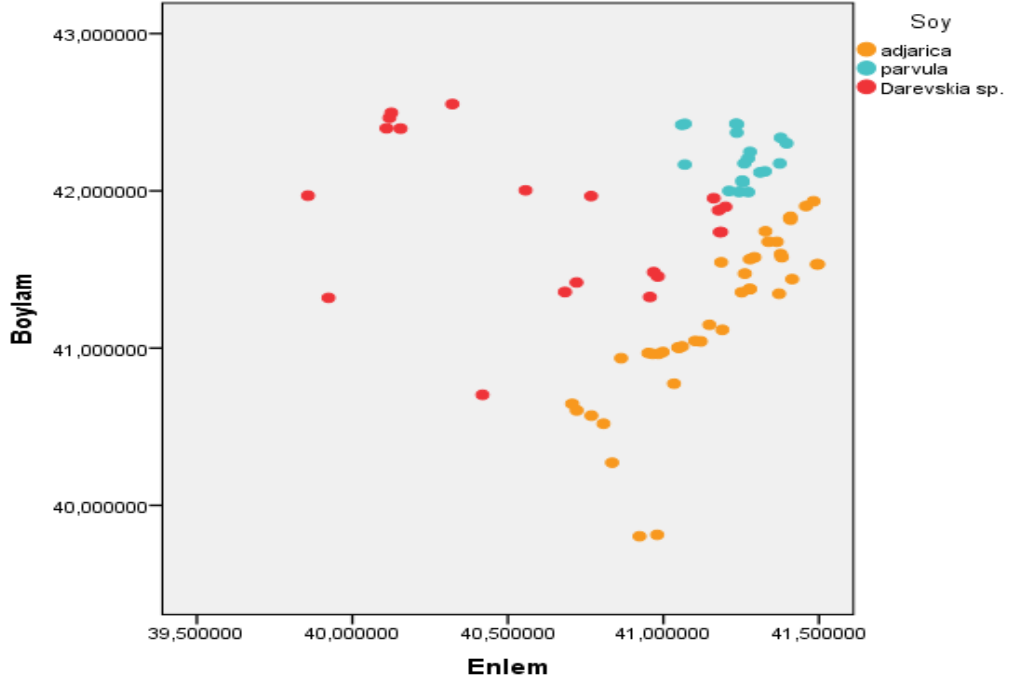
No	Değişkenler	<i>D. p. parvula</i>	<i>D. p. adjarica</i>	<i>D. p. ssp.</i>
		Katkı Oranı (%)	Katkı Oranı (%)	Katkı Oranı (%)
1	Bio-15	34,9	6,1	25,3
2	Bio-18	32,4	-	-
3	Bio-4	14,9	1,2	-
4	Bio-9	10,6	-	3,8
5	Bio-14	-	87,7	35,8
6	Bio-5	-	1,4	-
7	Bio-7	-	-	18,9
8	Bio-19	-	--	6,3
9	Rakım	4,4	1,3	3,6
10	Eğim	2,9	2,4	6,4



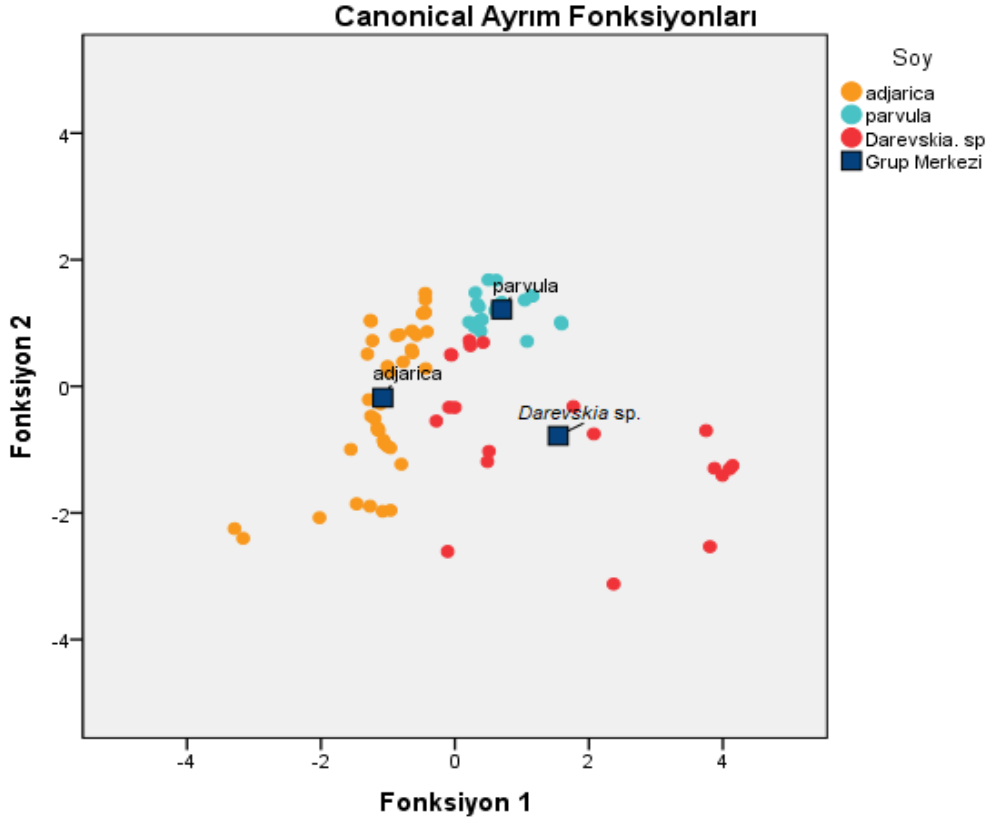
Şekil 28. Yayılış modelinde kullanılan değişkenlerin önemliliklerinin jackknife testi sonuçları (A: *D. d. parvula*, B: *D. d. adjarica*, C: yeni genetik soy).

Türün alttürleri ve oluşan yeni genetik soy arasındaki coğrafi ayrımı göstermek için koordinat verilerinden yararlanılmış ve ondalık sisteme çevrilmiş koordinat verileri hem XY düzleminde gösterilmiş hem de bu verilere ayırım analizi yapılarak alttürler arasındaki coğrafi ayrımlar gösterilmiştir.

Bu analizler sonucunda *D. parvula* türünün sahip olduğu üç genetik soynun coğrafi olarak da gruplaşma yaptığı ortaya çıkmıştır (Şekil 29-30). Bu durum gruplaşmalara neden olan önemli coğrafi izolasyon bölgelerinin mevcut olduğu göstermiştir. Örneğin *D. p. adjarica* alttürü diğer iki soydan batıda Kaçkar Dağları, doğu da ise Karçal Dağları ile ayrılmaktadır. Bu iki dağ silsilesinin arasında kalan bölgede rakım azaldığı ve izolasyon yapan dağ oluşumları indirgendiği (Çoruh nehrinin geçtiği vadi) için bu soylar arasında genetik alışverişin devam etme olasılığının düşünülmesine sebebiyet vermektedir. Ancak bu durumu izolasyon bölgelerinin dışına farklı genetik soyların geçmeyişi ortadan kaldırmaktadır. Bunun yanında oluşan yeni genetik soyla *D. p. parvula* alttürü arasında bu gruplaşmaya neden olacak coğrafi ayırımın Çoruh nehrinin Ardanuç Kolu olduğu düşünülmektedir. Çünkü Çoruh nehrinin Ardanuç ve Şavşat tarafına ayırım yaptığı yer bu çalışmada örnekleme yapılan lokaliteler için bir genetik ayırım göstermiştir. Bu bölgenin Artvin tarafında kalan merkeze bağlı Salkımlı Köyü ve Hatıla Vadisi yeni genetik soyn içerisinde kalırken, Şavşat tarafına kalan merkeze bağlı Ortaköy Bucağı ve Pırnallı Köyü gibi lokaliteler *D. p. parvula* alttürü içerisinde kalmıştır. Fakat bu durumların hiçbiri nükleer gen için gösterilememiştir.



Şekil 29. *D. parvula*'ya ait genetik soylara ait lokalitelerin XY düzleminde gösterimi.

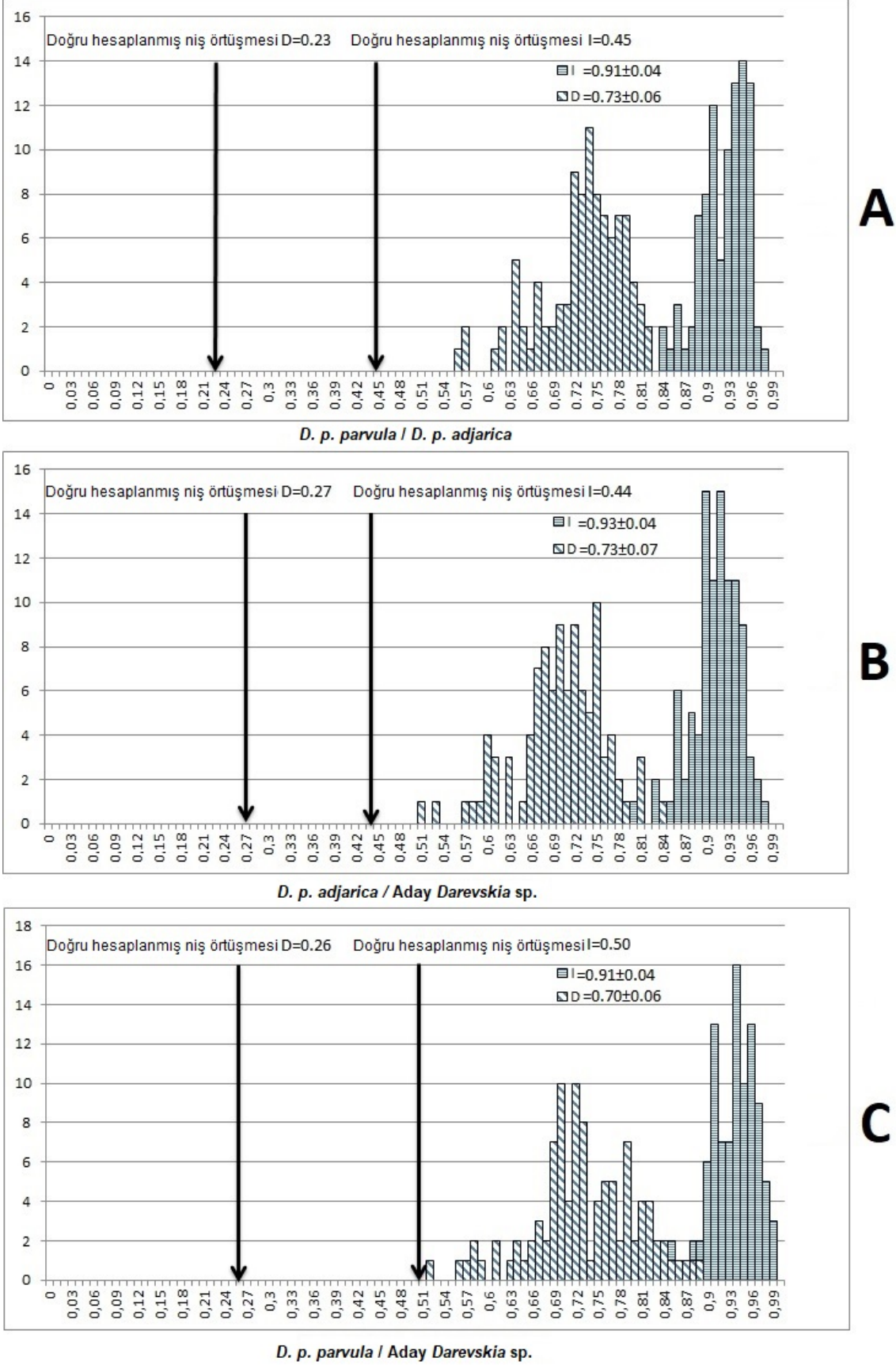


Şekil 30. *D. parvula*'ya ait genetik soylara ait lokalitelerin canonical ayırma düzleminde gösterimi.

Mitokondriyal DNA bakımından oluşan üç yeni soya ekolojik niş analizleri yapılmış ve hem mitokondriyal gen bakımından hem de coğrafî bakımdan ayrılan bu soyların ekolojik niş bakımından da birbirlerinden farklı oldukları ortaya çıkmıştır. Ayrıca bu analiz bu üç soyun ekolojik niş bakımından da farklı türler olabileceklerini ortaya koymuştur (Şekil 31). Ekolojik niş modelleme sonuçları, üç mitokondriyal genom grubu arasında niş çakışma olmadığını göstermiştir (*D. p. parvula*/*D. p. adjarica* için Hellinger's-tabanlı  $I = 0,45$  ve Schoener's  $D = 0,23$ , *D. p. adjarica* /yeni genetik soy için  $I = 0,44$  and  $D = 0,27$  and *D. p. parvula* / yeni genetik soy için için  $I = 0,50$  and  $D = 0,26$ ). Kimlik testi, üç mitokondriyal tür grubu arasındaki  $H_0$  hipotezimizin reddedildiğini ve üç mitokondriyal grubu arasındaki örtüşmenin anlamlı derecede farklı olduğunu göstermiştir (t-test,  $df = 99$ ,  $P < 0,05$ ). Analiz ile tahmin edilen model, *D. p. parvula* ile *D. p. adjarica* ( $D_{H_0} = 0,70 \pm 0,06$  vs.  $D_{H_1} = 0,23$  and  $I_{H_0} = 0,91 \pm 0,04$  vs.  $I_{H_1} = 0,45$ ), *D. p. adjarica* ile yeni genetik soy ( $D_{H_0} = 0,73 \pm 0,06$  vs.  $D_{H_1} = 0,27$  and  $I_{H_0} = 0,91 \pm 0,04$  vs.  $I_{H_1} = 0,44$ ) and *D. p. parvula* ile yeni genetik soyun ( $D_{H_0} = 0,73 \pm 0,07$  vs.  $D_{H_1} = 0,26$  and  $I_{H_0} = 0,93 \pm 0,04$  vs.  $I_{H_1} = 0,50$ ) tamamen birbirinden

ayrı olduğunu ve bu ayrımın önemli derecede tür düzeyinde farklılık gösterdiğini ortaya koymuştur. Üç grup arasında ekolojik niş bakımından bir çakışma olmadığını belirten kimlik testi gruplar arasında anlamlı derecede farklılık göstermiştir. Model, üç mitokondriyal grup için tahmini niş modellerinin tamamen ayrıldığını ve önemli ölçüde belirgin olduğunu göstermiştir (Şekil 31). Bu sonuçlar üç mitokondriyal grubun farklı ekolojik nişlere sahip olması nedeniyle, bu üç grubun ayrı türler olabileceğini söylemektedir.

Sonuç olarak bu çalışmada Türkiye’de yayılış gösteren *D. parvula* türünün popülasyonları arasındaki filogenetik ilişkiler incelenmiştir. Oluşan filogenetik ağaçlar doğrultusunda mitokondriyal genler çok yüksek genetik varyasyon göstererek hem ayrı ayrı hem de birleştirilerek Türkiye’de *D. p. parvula* ve *D. p. adjarica* haricinde yeni bir genetik soyun daha varlığını ortaya çıkarmıştır. Fakat nükleer gen olan *rag1* geni bu durumu desteklememiştir. Tür ve soyları için yapılan yayılış analizleri türün yayılışının habitatları ile uygunluk gösterdiğini ortaya koymuş, biyo-iklimsel ve topografik değişkenlerin bu yayılışla uyumlu olduğunu göstermiştir. Genetik soylar için koordinatlar kullanılarak yapılan coğrafi ayırım analizlerinde üç soyun farklı gruplar oluşturduğu fakat az da olsa yine temas halinde olabilecekleri görülmektedir. Ancak coğrafi izolasyonlar bu durumun aksini göstermektedir. Mitokondriyal DNA sadece anneden yavrulara geçer ve en küçük değişimleri popülasyonu kısa zamanda etkileyeceği için bu etkiler uzun süre popülasyon içerisinde görülmektedir. Nükleer genler anne babadan ortak kalıtıldığı için popülasyonlar arasındaki gen alışverişinin ne derece yavaş veya hızlı olduğunu da göstermektedir. Bu duruma göre zaman içerisinde mitokondriyal gen bakımından birbirinden ayrılan soylar, aynı zaman dilimi içerisinde oluşan coğrafi olaylar nedeni ile de birbirinden ayrılmıştır. Bu durum bu soylar arasında coğrafi izolasyonun yanı sıra genetik bir bariyerde sağlamıştır. Mitokondriyal genin soylar arasında farklı çıkmasının ana sebeplerinden biri de budur. Yani atasal anne bakımında bu üç soy birbirinden farklı olduğu için bu coğrafi gruplar birbirinden farklılık göstermiştir. Ekolojik niş ayrımı sonuçları da bu durumu desteklemiş, bu üç soyun farklı nişlere gereksinim duyduğu için farklı türler olabileceğini ortaya koymuştur. Bu tez çalışması sonuç olarak daha önceden *D. parvula* olarak bilinen türün aslında *D. parvula*, *D. adjarica* ve yeni *Darevkia* türü olarak üç farklı türe ayrılabilceğini ortaya koymakta ve literatüre bu yönde katkı sağlamaktadır.



Şekil 31. Mitokondriyal üç genetik soya yapılan Ekolojik niş modellemenin sonuçları.

#### 4. TARTIŞMA

Mevcut tez çalışmasında da *Darevskia* grubundan olan Gürcü kertenkelesinin (*Darevskia parvula*) filogenisi üzerine sistematik bir çalışma yapılmıştır. Buna ilaveten, türün filogenisine etki eden coğrafik ve biyoiklimsel değişkenler kullanılarak türün sistematigi üzerine odaklanılmıştır. Filogenetik çalışmalar için toplamda 33 lokaliteden 86 birey, biyocoğrafik ve biyoiklimsel çalışmalar için ise toplamda 81 lokalite verisinden faydalanılmıştır.

Yapılan çalışmalar sonucunda mitokondriyal DNA'ya ait genlerin kısmi baz dizileri ile oluşturulan filogenetik ağaçların topolojileri ve bu genlerin popülasyonlar arasındaki varyasyonları kırmızı karınlı kertenkelenin Türkiye'deki popülasyonlarının 3 farklı tür ile temsil edilebileceğini ortaya koymuştur. Bu türlerden ikisi türün var olan iki alttürünü (*D. p. parvula* ve *D. p. adjarica*) temsil ederken, filogenetik ağaçlarda oluşan diğer tür kümesi daha önce isimlendirilmemiş olan saklı (kriptik) bir *Darevskia* türünü temsil etmektedir. Arribas vd., (2018)'nin morfoloji, osteoloji ve moleküler üzerine yaptığı bir çalışmaya göre, bu çalışmada da bulunduğu gibi *D. parvula* ve *D. adjarica*'nın farklı birer türler olduğunu rapor etmişlerdir. Ancak, yazarlar yaptıkları bu çalışmada Gürcü kertenkelesinin popülasyonları içerisinde bir kriptik durum olduğundan bahsetmemiş olup, sadece *D. p. adjarica* alttürünün *D. p. parvula* alttüründen tür seviyesinde farklı olduğundan bahsetmişlerdir. Ayrıca onların çalışmalarındaki *cytb* geninin kısmi baz dizilerini kullanarak oluşturdukları filogenetik ağaçlar bu türler arasında açık bir ayrım göstermemiştir. Dahası onların filogenetik sonuçlarına göre, ağaç topolojileri iki büyük soya ayrılmıştır. Ancak, her iki soyun içerisinde de Arhavi popülasyonu yer aldığı için, onların çalışması filogenetik olarak net bir ayrım göstermemiştir.

Arribas vd. (2018) yaptıkları çalışmada *D. parvula* ile *D. adjarica* arasındaki genetik mesafeyi 306 baz çiftlik *cytb* geni için %14,4 olarak bulmuşlardır. Bu çalışmanın aksine, bu tez çalışmasında *cytb* geni (511-513 baz çiftlik) için *D. parvula* ve *D. adjarica* arasındaki genetik mesafe %2,8-4,2 olarak bulunmuştur. Bunun sebebi Arribas vd. (2018)'in çalışmalarında kullandıkları *cytb* genine ait baz çifti sayısı, bu tez çalışmasında kullanılan baz çifti sayısının yaklaşık yarısı kadar olmasıdır. Bu nedenle daha yüksek genetik mesafe bulunmuş olabilirler. Ayrıca, sunulan bu tez çalışmasında birleştirilmiş mitokondriyal gen dizisi

(1048-1052 baz çiftlik) için genetik mesafe *D. parvula* ve *D. adjarica* arasında %1,8-2,8, *D. parvula* ve aday *Darevka* türü arasında %6,2-6,8 ve *D. adjarica* ve aday *Darevka* türü arasında ise %5,4-6,8 olarak bulunmuştur. Tarkhnishvili (2012) yaptığı çalışmada *Darevka* grubu kertenkeleler arasında 1051 baz çiftlik *cytb* geni dizisi için genetik mesafenin %2-15 olduğundan bahsetmiştir. Tarkhnishvili (2012)'nin sonuçlarına göre, bu tez çalışmasındaki genetik mesafeler filogenetik ağaçların gösterdiği üç mitokondriyal soy (*D. parvula*, *D. adjarica* ve aday *Daravskia* sp.) farklı türler olması için yeterli olabileceğini göstermektedir.

Nüklear DNA'ya ait olan *ragl* geni kırmızı karınlı kertenkele popülasyonlarında filogenetik olarak bir ayırım göstermemiştir. Bu nedenle de nüklear DNA'sı mitokondri DNA'sı ile uyumsuzluk göstermiştir. Filogenetik ilişkileri belirlemek için kullanılan bu uyumsuzluk son on yıl içerisinde hayvanlar arasında sıkça rastlanmaktadır (Funk ve Omland 2003; Toews ve Brelfold 2012). Bu tez çalışmasındaki sonuçlara göre, mitokondriyal genlerin, kırmızı karınlı kertenkele grubundaki nüklear geni bölgelerine göre çok daha fazla değişkenlik gösterdiğini göstermiştir. Mitokondri DNA'sındaki bu denli büyük çeşitlilikler, popülasyonların daha hızlı genişledikleri sırada etkinliklerini dört kat daha düşük olması ile nüklear DNA'sındaki varyasyonları azaltabilir ve bu nedenle de aynı türe ait popülasyonlar arasındaki nüklear ve mitokondri DNA çeşitlilikleri birbirinden farklı olabilir ve bu da iki DNA grubu arasında çakışma göstermiş olabilmektedir (Meiklejohn vd., 2007; Galtier vd., 2009). Buna ek olarak bu durumu anlatan birçok açıklama daha vardır: Örneğin, hibritleşen gruplar arasındaki yayılış, boyut ve bolluk oranındaki dişi yönlü dağılım veya eşitsizlikler nüklear DNA'sına uygun bir hareketi ortaya koymadığı için mitokondriyal DNA'nın yayılmasının ve çeşitlenmesini arttırabilir (Funk ve Omland 2003). Bunun anlamı, mitokondriyal DNA'nın, ataların polimorfizmlerinin (yani iki veya daha fazla farklı fenotipin aynı tür popülasyonunda bulunması) zaman içinde kaybedildiği, bu oranın etkili popülasyon büyüklüğü ile ters orantılı olduğundan nüklear DNA'sından daha hızlı olan soy sıralama işlemini tamamlayacağı anlamına gelir (Funk ve Omland 2003). Bizim sonuçlarımız bu açıklamalar ile uyumluluk göstermiştir. Bununla birlikte, Arribas vd. (2018), bu çalışmada kullanılan *ragl* geninin aksine, kendi çalışmalarında kullandıkları *mclr* (melano-kortin 1 reseptörü) geninin *D. parvula* ve *D. adjarica* arasında iki farklı mutasyon gösterdiğini rapor etmişlerdir.

Filogenetik analizler sonucunda oluşan kırmızı karınlı kertenkeleye ait üç farklı mitokondriyal tür grubu, genetik ayırımın haricinde coğrafik bir izolasyon da göstermişlerdir.



*D. adjarica* türüne ait haplotip grubu *D. parvula* ve aday *Darevskia* türlerinden Kaçkar ve Karçal dağ silsileleri ile ayrılmıştır. *D. parvula* türüne ait haplotip grubu ise aday *Darevskia* türünden Ardanuç ve Şavşat sapağındaki Çoruh Vadisi ile ayrılmıştır. Tür grupları arasındaki bu coğrafi oluşumlar hem izolasyon bölgesi göstermiştir hem de tür gruplarının mitokondriyal DNA geni bakımından ayrılmasında önemli rol oynamıştır. Yani, sonuçlarımız *D. adjarica* türünün yalnızca Karadeniz kıyılarına ve Doğu Karadeniz'deki sahil kıyılarına yakın bölgelere yayılmış olduğunu göstermiştir. Bu tez çalışmasındaki sunulan bu sonuçlar Eiselt ve Baran (1980)'in çalışmalarında verdikleri sonuçlar ile uyumlu olduğu görülmektedir. Bu tez çalışmasının aksine, Ilgaz (2009), Doğu Karadeniz'den çok daha iç bölgede olan Ardahan popülasyonunun morfolojik olarak *D. p. adjarica* alt türü (mevcut *D. parvula* türü) olduğunu rapor etmiştir. Ilgaz (2009)'in çalışması ile uyumlu olarak, Arribas vd. (2018), Ardahan ve Çermik (Şavşat) popülasyonlarının (iç taraf) *D. adjarica* ile temsil ettiği sonucuna varmıştır. Ancak, bu durum sunulan tez çalışmasındaki coğrafi verilerle uyumlu değildir. Bu çalışma sonuçlarına göre *D. parvula* türüne ait haplotip grubu sadece Artvin il merkezinin doğusu ile Ardanuç ve Şavşat ilçelerinde yayılış göstermektedir. Ayrıca, bu çalışmada *D. parvula* türüne ait haplotip grubu içerisinde yer alan Geçitli köyünün, Arribas vd. (2018)'nin yaptıkları çalışmada *D. adjarica* olarak temsil edilen Ardahan popülasyonuna yaklaşık 10 km uzaklıktadır. Ancak, yazarlar bu çalışmada Ardahan popülasyonunun örneklerini filogenetik analizlerinde kullanmamışlardır. Dahası hem filogenetik hem de coğrafi ilişkileri çözemeyen çok az popülasyondan örnekler kullanmışlardır ve iç kısımlardaki örnekleri sadece morfolojik ayırım için kullanmışlardır. Bu tez çalışmasındaki filogenetik sonuçlar Hatila Vadisi, Salkımlı köyü, Yusufeli, Horosan, Sarıkamış ve Pazaryolu popülasyonlarının aday *Darevskia* türü ile temsil edildiğini göstermiştir. Bu tez çalışmasına göre aday *Darevskia* türü Aras nehrinin kuzeyinden Kaçkar dağlarının güneyine kadar yayılış göstermektedir. Bunun aksine, Arribas vd. (2018)'nin morfolojik sonuçlarına göre, Hatila vadisi, Yusufeli ve Şavşat popülasyonlarında yayılış gösteren kertenkelelerin *D. parvula* türü olarak temsil edildiği rapor edilmiştir. Ancak, bu popülasyonların bazıları, bu çalışmadaki aday tür olarak gösterilen *Darevskia* türünün bazı popülasyonları ile çakıştığı gözlenmiştir. Aslında, bu durum daha kapsamlı karşılaştırmalı morfolojik ve filogenetik çalışmaların gerekliliğini göstermektedir.

Ekolojik niş modellemesi, yakın türler arasında taksonomik ayrımı ve niş farklılaşmasını çözmek için önemli bilgiler sağlayabilmektedir (Nakazato vd., 2010; Yousefkani vd., 2016). Ayrıca niş ayrımı çok önemlidir ve ekolojik bilgiye göre, her tür

farklı ekolojik niş gereksinimlerine ihtiyaç duymaktadır. Bu durum türlerin habitatlarında farklı gereksinimlere ihtiyaç duyduklarını göstermektedir. Bu çalışma, Türkiye'deki kırmızı karınlı kertenkelenin mitokondriyal haplotip grupları arasındaki ekolojik niş ayrımını değerlendirmek için ilk kez yapılmıştır. Niş farklılığı sonuçlarına göre, kırmızı karınlı kertenkelenin üç farklı mitokondriyal haplotip grubu arasında hem ekolojik niş bakımından hem de coğrafi bakımdan bir örtüşme olmadığı görülmüştür. Bu durum bu çalışmadaki mitokondriyal genomun filogenetik sonuçları ile uyumludur. Türleşme faktörlerinden biri olan ekolojik niş farklılaşması, niş kimlik testi ile doğrulanır, çünkü test bu çalışmada mitokondriyal haplotip grupları arasında anlamlı ekolojik niş ayrışmasını desteklemiştir. *D. parvula* ve *D. adjarica* arasındaki tür düzeyindeki farklılaşma daha önce mitokondriyal DNA ve morfolojik verilerle açıklanmıştır (Arribas vd., 2018). Ancak onların çalışmalarında hem yeni bir mitokondriyal soy olan aday *Darevskia* türü hem de kırmızı karınlı kertenkele tür grupları arasındaki ekolojik niş farklılığı hakkında herhangi bir analiz yapılmamıştır.

Sonuç olarak, bu tez çalışmasında elde edilen bulgular, mitokondriyal DNA gen bölgeleri bakımından kırmızı karınlı kertenkelenin üç farklı tür ile temsil edilebileceğini göstermiştir: *D. parvula*, *D. adjarica* ve aday *Darevskia* türü. Ayrıca ekolojik niş modelleme sonuçları, bu çalışmada verilen mitokondriyal filogeniyi desteklemiştir. Bu üç mitokondriyal grup arasındaki coğrafi izolasyon bölgeleri bu durumu daha da güçlendirmiştir. Bu çalışmadaki mitokondriyal filogeni sonuçları, Arribas vd. (2018)'in çalışmasındaki *D. parvula* ve *D. adjarica* için verilen tür düzeyindeki sonuçlar ile uyumluluk göstermiştir. Ayrıca bu çalışmada filogenetik, coğrafi ve ekolojik niş bulguları, Arribas vd. (2018)'in çalışmasında rapor edilen *D. parvula* ve *D. adjarica*'nın iki ayrı tür olduğunu gösteren bulguları desteklemiştir. Öte yandan, literatürde kırmızı karınlı kertenkelenin hiçbir *rag1* gen karşılaştırması yoktur ve nükleer genlere göre, kırmızı karınlı kertenkelenin bu gen bakımından hiçbir çeşitliliğinin olmadığı görülmüştür. *Darevskia* grubu kertenkeleler araştırmacılar için yaşadıkları bölge açısından oldukça ilgi çekicidir. Bu kertenkele grubu Kafkasya gibi küçük bir alanda çok büyük bir çeşitliliği sahiptir. Buna uygun olarak da kırmızı karınlı kertenkelenin dünyadaki dağılım alanı yaklaşık 2,5 milyon hektarlık (Küçük Kafkasya) çok küçük bir bölge ile sınırlıdır. Kertenkele grupları, Türkiye'nin bu bölgesinde yüksek genetik çeşitliliğe sahiptir. Ek olarak, mevcut filocoğrafik çalışmanın sonuçları gelecekte bu alandaki diğer çalışmalara ışık tutacaktır. Ayrıca, kırmızı karınlı kertenkele grubu ile yapılacak olan diğer çalışmalar, bu çalışmadaki *Darevskia* sp. kertenkele türünün isimlendirilmesine olanak sağlayacaktır.

## 5. SONUÇLAR

Bu çalışmada filogenetik çalışmalar için 33 lokaliteden 86 bireyden ve ekolojik çalışmalar için *Darevskia parvula* türüne ait 81 lokalitenin verilerinden yararlanılmıştır.

Bu tez çalışmasında elde edilen sonuçlar aşağıda sıralanmıştır:

1- PCR işlemlerinden sonra Macrogen firmasına gönderilen DNA örneklerinden 16S rRNA genine ait 538 baz çiftlik dizi, *ctyb* genine ait 512 baz çiftlik dizi ve *rag1* genine ait 822 baz çiftlik dizi elde edilmiştir.

2- 16S rRNA genine ait 86 örnekten toplamda 30 haplotip, *ctyb* genine ait 65 örnekten toplamda 20 haplotip ve *rag1* genine ait 86 örnekten toplamda 18 haplotip elde edilmiştir. Birleştirilen mitokondrial DNA'lardan toplamda 40 haplotip elde edilmiştir.

3- Genlere ait elde edilen bu haplotipleri filogenetik analizlere sokmak için yapılan modeltest analizinde 16S rRNA geni için GTR + G + I baz değişim modeli, *ctyb* geni için HKY + G + I baz değişim modeli ve *rag 1* geni için HKY + G + I baz değişim modeli kullanılmıştır. Ayrıca birleştirilen mitokondriyal genler için ise GTR + G + I baz değişim modeli kullanılmıştır.

4- Bu baz değişim modelleri ile oluşturulan filogenetik ağaçlar ile *Darevskia parvula* türü mitokondriyal DNA (hem ayrı ayrı hem de 16S rRNA ve *ctyb* geni birleştirilmiş) bakımından 3 farklı türe ayrılmıştır, ancak nükleer DNA'sı mitokondriyal DNA ile aynı sonucu vermemiştir.

5- Yapılan yayılış analizleri ve ekolojik niş modelleme analizleri sonucunda mitokondriyal grupların tür seviyesinde bir ayrım gösterdiğini ve habitat gereksinimleri için kullandıkları ekolojik nişlerin bu üç mitokondriyal grup arasında örtüşmediğini ve farklılık gösterdiğini ortaya çıkarmıştır.

6- Ayrıca bu üç mitokondriyal soyun arasında gen akışını engelleyecek coğrafik bariyerlerin olduğu saptanmıştır. Bu bariyerler üç soy arasında bir coğrafik izolasyon oluşumu gösterdiği için, bu üç soyun ekolojik niş gereksinimlerinin de farklılaşmasına da olanak sağlamıştır.

7- Sonuç olarak yapılan tüm analizler Türkiye'deki *Darevskia parvula* türünün üç türe ayrıldığını ortaya çıkarmıştır. Bu türlerden biri olan *D. parvula* sadece Artvin ilinin merkezinin doğusu ile Şavşat ve Ardanuç ilçelerinde yayılış göstermektedir. Diğer tür olan

*D. adjarica* Trabzon ile Artvin arasında yayılış göstermektedir. Bu yayılışın güney sınırını Kaçkar ve Karçal dağ silsilesi belirlemektedir. Son olarak üçüncü tür olan henüz isimlendirilmemiş *Darevskia* sp. Kaçkar ve Karçal dağlarının güneyinde, Ardanuç'tan geçen Çoruh vadisinin de batısında yayılış göstermektedir.



## 6- ÖNERİLER

Yapılan bu tez çalışması filogenetik, ekolojik ve coğrafi açıdan türün Türkiye'deki bütün yayılış alanını içerse de analizler sonucunda oluşan yeni türü isimlendirmek için herhangi bir morfolojik veri içermemektedir. Bu çalışmadan elde edilen veriler doğrultusunda gerekli lokalitelerden yeterince birey toplanıp filogenetik ağaçlar sonucunda oluşan yeni türün morfolojik yönden de ayrı bir tür olduğunun tespiti gereklilik arz etmektedir.



## 7. KAYNAKLAR

- Akaike, H., 1974. A new look at the statistical model identification. EEE Transactions on Automatic Control, 19, 716-723.
- Arribas, O.J., 1997. Morfología, filogenia y biogeografía de las lagartijas de alta montaña de los Pirineos. PhD Thesis. Cerdanyola del Vallès: Universitat Autònoma de Barcelona. 353 p.
- Arribas, O., Ilgaz, Ç. ve Kumlutaş Y., 2018. Reevaluation of the intraspecific variability in *Darevskia parvula* (Lantz and Cyren, 1913): an integrated approach using morphology, osteology and genetics (Squamata: Lacertidae). Zootaxa, 4472, 1, 071–099.
- Baran, İ., Tosunoğlu, M., Kaya, U. ve Kumlutaş, Y., 1997. Çamlıhemşin (Rize) civarının herpetofaunası hakkında. Turkish Journal of Zoology, 21, 409-416.
- Baran, İ. ve Atatür, M., 1998. Türkiye Herpetofaunası (Kurbağa ve Sürüngenler) (1.Basım) Ankara.
- Baran, I., Kumlutaş, Y., Tok, C.V., Ilgaz, Ç., Kaska, Y., Olgun, K., Türkozan, O. ve İret F., 2004. On two herpetological collections made in East Anatolia (Turkey). Herpetozoa, 16, 3-4, 99–114.
- Bodenheimer, F.S., 1944. Introduction into the knowledge of the Amphibia and Reptilia of Turkey. Revue de la Faculté des Sciences de l'Université d'Istanbul, Series B, 9, 1–78.
- Böhme, M.U., Schneeweiss, N., Fritz, U., Moravec, J., Majlath, I., Majlathova, V. ve Berendonk, T.U., 2006. Genetic differentiation and diversity of *Lacerta viridis viridis* (Laurenti, 1768) within the northern part of its species range: An investigation using mitochondrial haplotypes. Salamandra, 42, 29-40.
- Brown, R., 2004. Large Subunit Mitochondrial rRNA Secondary Structures and Site Specific Rate Variation in Two Lizard Lineages. Journal of Molecular Evolution, 60, 45-56.
- Bülbül, U., Kurnaz, M., Eroğlu, A.I., Koç, H. ve Kutrup, B., 2016. Age and growth of the red-bellied lizard, *Darevskia parvula*. Animal Biology, 66, 1, 81-95.
- Ciobanu, D., Roudykh, I.A., Ryanbinina, 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.
- Ciobanu, D.G., Grechko, V.V. ve Darevsky, I.S., 2003. Molecular Evolution of Satellite DNA CLsat in Lizards from the Genus *Darevskia* (Sauria: Lacertidae): Correlation with Species Diversity. Russian Journal of Genetics, 39, 11, 1527-1541.

- Clark, R.J. ve Clark, E.D., 1973. Collection of Amphibians and Reptiles from Turkey. Occasional papers of the California Academy of Sciences, 104, 1–62.
- Clement, M., Posada, D. ve Crandall, K.A., 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. Molecular Ecology, 9, 1657–1659.
- Darevsky, I.S., 1967. Rock lizards of the Caucasus (Systematics, Ecology and Phylogenesis of the polymorphic groups of Rock lizards of the Subgenus *Archaeolacerta*). Nauka press, Leningrad; 1-276.
- Darevsky, I.S. ve Eiselt J., 1980. Neue Felseneidechsen (Reptilia: Lacertidae) aus dem Kaukasus und aus der Türkei. Amphibia-Reptilia, 1, 1, 29–40.
- Franzen, M., 1990. Die Eidechsenfauna (Lacertidae) der Türkei. Die Eidechse, 1, 3–9.
- Franzen, M., 1999. Verbreitung und Ökologie von *Pelodytes caucasicus* Boulenger, 1896 in der Türkei. Salamandra, 35, 1, 1-18.
- Franzen, M., 2000. Winteraktivität von *Darevskia*-Arten in der Nordost-Türkei. Die Eidechse, 11, 77-81.
- Fu, J., Murphy ve R.W., 1997. Toward the phylogeny of caucasian rock lizards: implications from mitochondrial DNA gene. Zoological journal of Linnean Society, 121, 463-477.
- Fu, J., 2000. Toward the phylogeny of the family Lacertidae. Why 4708 base pair of mtDNA sequences cannot draw the picture. Biological Journal of Linnean Society, 71, 203–217.
- Fu, J., Murphy, R.W. 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, 2, 432-440.
- Funk, D.J. ve Omland, K.E., 2003. Species-level paraphyly and poly phyly: Frequency, causes, and consequences, with insights from animal mitochondrial DNA. The Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 34, 397-423.
- Gabelaia, M., Tarkhishvili, D. ve Murtskhvaladze, M., 2015. Phylogeography and morphological variation in a narrowly distributed Caucasian rock lizard, *Darevskia mixta*. Amphibia-Reptilia, 36, 45-54.
- Gallien, L., Douzet, Pratte, S., Zimmermann, N.E. ve Thuiller, W., 2012. Invasive species distribution models - how violating the equilibrium assumption can create new insights. Global Ecology and Biogeography, 21, 1126 – 1136.
- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S. ve Hurst, G.D.D., 2009. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. Molecular Ecology, 18, 4541- 4550.
- Grechko, V.V., Ciobanu, D.G., Darevsky, I.S., Kosushkin, S.A. ve Kramerov, D.A., 2006. Molecular evolution of satellite DNA repeats and speciation of lizards of genus *Darevskia* (Sauria: Lacertidae). Genome, 49, 1297-1307.
- Guo, X., Dai, X., Chen, D., Papenfuss, T.J., Ananjeva, N.J., Melnikov, D.A. ve Wang, Y., 2011. Phylogeny and divergence times of some racerunner lizards (Lacertidae: *Eremias*) inferred from mitochondrial 16S rRNA gene segments. Molecular Phylogenetics and Evolution, 61, 400–412.

- Hasegawa, M., Iida, Y., Yano, T., Takaiwa, F. ve Iwabuchi, M., 1985. Phylogenetic relationships among eukaryotic kingdoms inferred by ribosomal RNA sequences. Journal of Molecular Evolution, 22, 1, 32–38.
- Hijmans, R.J., Cameron, S.E., Parra, J.L., Jones, P.G. ve Jarvis, A., 2005. Very high-resolution interpolated climate surfaces for global land areas. International Journal of Climatology, 25, 1965–1978.
- Huelsenbeck, J.P. ve Hillis, D.M., 1993. Success of phylogenetic methods in the four-taxon case. Systematic Biology, 42, 247–264.
- Huelsenbeck, J.P., Ronquist, F., 2001. MRBAYES: Bayesian Inference of Phylogenetic Trees. Bioinformatics, 17, 754–755.
- Ilgaz, Ç., 2009. Comparative morphology of *Darevskia parvula* (Lantz-Cyren 1936) (Sauria: Lacertidae) subspecies in Northeastern Anatolia, Turkey. North-West Journal of Zoology, 5, 2, 263–280.
- Kumar, S., Stecher, G. ve Tamura, K., 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution, 33, 1870–1874.
- Kutrup, B., 2001. On the Amphibia and Reptilia Species of Murgul (Artvin). Pakistan Journal of Biological Science, 4, 9, 1160–1164.
- Lantz, L.A. ve Cyrén, O., 1913. Eine neue Varietät der Felseneidechse *Lacerta saxicola* Eversmann *parvula* nov. var. Mitteilungen Kaukasus Museum, 7, 2, 163–168.
- Lemey, P., Salemi, M. ve Vandamme, A.N., 2009. The Phylogenetic Handbook (2. Basım). Cambridge.
- Mayer, W. ve Pavlicev, M., 2007. The phylogeny of the family Lacertidae (Reptilia) based on nuclear DNA sequences: Convergent adaptations to arid habitats within the subfamily Eremiainae. Molecular Phylogenetics and Evolution, 44, 1155–1163.
- Meiklejohn, C.D., Montooth, K.L. ve Rand, D.M., 2007. Positive and negative selection on the mitochondrial genome. Trends Genetics, 23, 259–263.
- Mulder, J., 1995. Herpetological observations in Turkey. Deinsea, 2, 51–66.
- Murphy, R.W., Darevsky, I.S., MacCulloch, R.D., Fu, J. ve Kupriyanova, L.A., 1996. Evolution of the bisexual species of the Caucasian rock lizards: A phylogenetic evaluation of allozyme data. Russian Journal of Herpetology, 3, 1, 18–31.
- 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 Linnean Society, 130, 527–549.
- Nakazato, T., Warren, D.L. ve Moyle L.C., 2010. Ecological and geographic modes of species divergence in wild tomatoes. American Journal of Botany, 97, 680–693.
- Nikolskii, A.M., 1913. *Presmykayushchiesya i Zemnovodnye Kavkaza* (Reptiles and Amphibians of the Caucasus), Tiflis.



- Nylander, J.A.A., 2004. MrModeltest v2. Computer program and documentation distributed by the author. Uppsala, Sweden: Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, website <http://www.abc.se/~nylander/>.
- Özdemir, N. 2005. Siğilli kurbağa (*Bufo bufo*)'nın morfolojik ve moleküler açıdan incelenmesi. Doktora Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Trabzon.
- 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. Honolulu, Hawaii, HI: University of Hawaii, Department of Zoology.
- Phillips, S.J., Anderson, R.P. ve Schapire, R.E., 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. Ecological Modelling, 190, 231–259.
- Raes, N. ve Ter Steege, H., 2007. A null-model for significance testing of presence only species distribution models. Ecography, 30, 727–736.
- Roderic, D.M., 1996. TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers. Computer applications in the biosciences. CABIOS, 12, 4, 357–358.
- Rodriguez, E., Oliver, J.F., Marin, A. ve Medina, J.R., 1990. The General Stochastic Model of Nucleotide Substitution. Journal of Theoretical Biology, 142, 485–501.
- Schoener, T.W., 1968. The *Anolis* lizards of Bimini: Resource partitioning in a complex fauna. Ecology, 49, 704–726.
- Tarkhnishvili, D.N., 2012. Evolutionary history, habitats, diversification, and speciation in Caucasian rock lizards. Advances in Zoology Research, 2, 79-120.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin ve Higgins, D.G., 1997. The Clustal X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acids Research, 24, 4876–4882.
- Toews, D.P.L. ve Brelsford, A., 2012. The biogeography of mitochondrial and nuclear discordance in animals. Mol Ecol. 21, 3907–3930.
- URL-1. <http://www.lacerta.de/AS/Home.php> 16.03.2019
- URL-2. <http://srtm.csi.cgiar.org/> 12.03.2018
- URL-3. <http://webarchive.iiasa.ac.at/Research/LUC/Products-Datasets/global-terrain-slope.html> 12.03.2018
- Wallace, A.R., 1876. The Geographical Distribution of Animals (1. Basım). New York DC.
- Wan, L., Sun, S., Jin, Y., Yan, Y. ve Liu, N., 2007. Molecular phylogeography of the Chinese lacertids of the genus *Eremias* (Lacertidae) based on 16S rRNA mitochondrial DNA sequences. Amphibia-Reptilia, 28, 33-41.
- Warren, D.L., Glor, R.E. ve Turelli, M., 2008. Environmental niche equivalency versus conservatism: Quantitative approaches to niche evolution. Evolution, 62, 2868–2883.

- Warren, D.L., Glor, R.E. ve Turelli, M., 2010. ENMTools: A toolbox for comparative studies of environmental niche models. Ecography, 33, 607–611.
- Yousefkhani, S.S.H, Rastegar-Pouyani, E. ve Aliabadian, M., 2016. Ecological niche differentiation and taxonomic distinction between *Eremias strauchi strauchi* and *Eremias strauchi kopetdaghica* (Squamata: Lacertidae) on the Iranian Plateau based on ecological niche modeling. Italian Journal of Zoology, 83, 3, 408-416



## ÖZGEÇMİŞ

1986 yılında Trabzon ilinin Arsin ilçesinin Dilek Köyü'nde dünyaya geldi. İlköğrenimini Dilek İlköğretim Okulu'nda 5. Sınıfa kadar sürdürdükten sonra 6. 7. ve 8. sınıfları Arsin Işıklı Köyü Şehit Fahrettin Sarı İlköğretim Okulu'nda tamamladı. Liseyi Trabzon Atatürk Lisesi'nde bitirdikten sonra 2007 yılında Karadeniz Teknik Üniversitesi Biyoloji Bölümü'nde eğitime başlamaya hak kazandı. 2013 yılının ilk yarısında lisans eğitimini tamamladıktan sonra, aynı yıl içerisinde Karadeniz Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı'nda lisansüstü eğitimine başlamıştır. Yüksek lisans eğitimini 2015 yılında tamamlayıp yine aynı yıl içerisinde doktora eğitimine başlamıştır. Lisansüstü eğitimi süresince uluslararası indekslerde taranan dergilerde kabul edilen ve yayınlanan 22 makalesi mevcuttur. Ayrıca uluslararası bi adet yayımlanmış ve bir adette kabul edilen kitap bölümleri de mevcuttur. Yabancı dili İngilizce'dir. Evli ve bir kız çocuğu babasıdır.