

ANKARA ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

**TÜRKİYE'DEKİ *Spalax leucodon cilicicus* MEHELY, 1909 ve *Spalax leucodon
anatolicus* MEHELY, 1909 ALTTÜRLERİ ARASINDA GENETİK
FARKLILIKLARIN BELİRLENMESİ**

Teoman KANKILIÇ

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

ANKARA

2010

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Teoman KANKILIÇ tarafından hazırlanan “**Türkiye’deki *Spalax leucodon cilicicus* Mehely, 1909 ve *Spalax leucodon anatolicus* Mehely, 1909 Alttürleri Arasında Genetik Farklılıkların Belirlenmesi**” adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile 12.02.2010 tarihinde Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı’nda doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK
(Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü)

Başkan : Prof. Dr. Nuri YİĞİT
(Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü)

Juri Üyesi : Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK
(Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü)

Juri Üyesi : Prof. Dr. Selim Sualp ÇAĞLAR
(Hacettepe Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü)

Juri Üyesi : Doç. Dr. Ahmet KARATAŞ
(Niğde Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü)

Juri Üyesi : Doç. Dr. İrfan KANDEMİR
(Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü)

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Prof. Dr.Orhan ATAKOL

Enstitü Müdürü

ÖZET

TÜRKİYE'DEKİ *Spalax leucodon cilicicus* MEHELY, 1909 ve *Spalax leucodon anaticus* MEHELY, 1909 ALTTÜRLERİ ARASINDA GENETİK FARKLILIKLARIN BELİRLENMESİ

Teoman KANKILIÇ

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

Türkiye'de *Spalax* cinsinin taksonomisi türler arasında gözlenen morfolojik benzerlikten dolayı halen karmaşıklığını korumaktadır. Bu çalışmada, allozim, RAPD-Pcr, sitogenetik ve morfometrik analizler kullanılarak, *S. l. anaticus* ve *S. l. cilicicus* alttürlerine ait 15 kromozomal formda genetik farklılıkların seviyesi belirlendi. Anadolu'da yayılış gösteren *S. l. anaticus* (17 populasyon) ve *S. l. cilicicus* (70 populasyon) alttürlerine ait 403 körfare örneği değerlendirildi. Bu örneklerde 28 gen lokusunda allozim çeşitliliği çalışıldı. *S. l. anaticus* için iki $2n=36$, 38 ve *S. l. cilicicus* için sekiz $2n=40$, 52G, 52K, 54, 56G, 56B, 58, 60 farklı diploid kromozom değeri tanımlandı. Allozim analizi temel alınarak elde edilen genetik çeşitliliğin ortalama değerleri her iki alttürde de oldukça yüksek bulundu. Ortalama allel sayısı $N_a=1,230$; % 5 önem düzeyinde polimorfik lokus oranı $P\%5=18,75$; Heteroziotluk $H=0,054$; Shannon'un genetik çeşitlilik indeksi $I=0,088$ değerlerini gösterdi. Heterozigotluk değeri 0,003 ($2n=36$) ile 0,099 ($2n=60$ NF=82) arasında değişiklik gösterdi. Nei'nin genetik mesafe değeri, $D=0,0053$ ve 0,3434 arasında değişen değerler gösterdi. Ortalama Fiksasyon indeksi ($F_{IS}=0,706$), populasyon seviyesinde heterozigotlukta önemli eksilme olduğunu gösterdi. Farklı kromozomal formlarda, farklı lokusların allel frekanslarının Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirlendi. Kromozomal formlar arasındaki allelik farklılaşmayı belirlemek için uygulanan Exact test sonucunda kromozomal formlar arasında allel frekanslarında önemli farklılıklar bulundu. Çalışılan 11 RAPD primerinde 160 polimorfik lokus belirlendi. Bu analiz sonucunda bütün kromozomal formlarda polimorfik lokusların oranı oldukça yüksek değer gösterdi (% 98,75). RAPD analizi sonucu elde edilen genetik farklılaşma değerleri allozim ve sitogenetik analizlerle elde edilen sonuçlara benzer bulundu. Bu çalışmada yapılan filogenetik analizlerin sonuçları, Batı Anadolu'da yayılış gösteren kromozomal formların, Anadolu'da yayılış gösteren diğer kromozomal formlardan farklı olduğunu gösterdi. Batı Anadolu'ya özgü kromozomal formlar ile diğer kromozomal formlar arasında genetik mesafe değerleri oldukça yüksek bulundu.

Şubat 2010, 184 sayfa

Anahtar Kelimeler: *Spalax leucodon anaticus*, *Spalax leucodon cilicicus*, Kromozomal Form, Allozim, RAPD-PCR.

ABSTRACT

Ph. D. Thesis

DETERMINING of GENETIC DIVERSITIES BETWEEN *Spalax leucodon cilicicus* MEHELY, 1909 and *Spalax leucodon anatolicus* MEHELY, 1909 IN TURKEY

Teoman KANKILIÇ

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

Supervisor: Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

At present, the taxonomy of the genus *Spalax* in Turkey is still complicated due to morphological similarity between species. In the present study, the level of genetic polymorphism in the fifteen chromosomal form of *S. l. cilicicus* and *S. l. anatolicus* were determined using allozyme analysis, random amplified polymorphic DNA (RAPDs) analysis, cytogenetic and morphometric analysis. 403 mole rat samples belonging to two subspecies *S. l. anatolicus* (17 populations) and *S. l. cilicicus* (70 populations) distributed in Anatolia. Allozyme diversity at 28 gene loci were studied for all samples. Remarkable variations of diploid chromosome numbers were identified; two for *S. l. anatolicus* ($2n=36$ and 38), eight for *S. l. cilicicus* ($2n=40$, $52G$, $52K$, 54 , $56G$, $56B$, 58 and 60). Mean values of genetic diversity based on allozyme were high in both two subspecies. Number of mean allele ($N_a=1,230$), polymorphism ($P\%5=18,75$), heterozygosity ($H=0,054$) and Shannon's genetic diversity index ($I=0,088$) have the values showing in paranthesis respectively. Heterozygosity ranged from $0,003$ in $2n=36$ to $H=0,099$ in $2n=60$ $NF=82$. Nei's genetic distances (D) ranges from $0,0053$ to $0,3434$. The overall fixation index ($F_{IS}=0,706$) indicates that there is significant deficiency of heterozygotes at the population level. Allelic frequency deviation from Hardy-Weinberg equilibrium was found for different loci in different chromosomal forms. An exact test for population differentiation also indicates that allelic frequencies among chromosomal forms are significantly different. Eleven RAPD-PCR primer generated 160 polymorphic locus. The mean proportion of polymorphic loci was $98,75\%$ for all chromosomal forms implying high levels of genetic variability in *S. leucodon*. The estimates of genetic difference based on RAPD analysis conformed to the results based on cytogenetic and allozyme data. In our phylogenetic reconstruction show that the chromosome forms of Western Anatolia is different from all other chromosome forms of Anatolia. Genetic distance is found high between western and other chromosome forms.

February 2010, 184 pages

Key Words: *Spalax leucodon anatolicus*, *Spalax leucodon cilicicus*, Chromosome Forms, Allozyme, RAPD-PCR

TEŞEKKÜR

Çalışmalarımı yönlendiren, araştırmalarımın her aşamasında bilgi, öneri ve yardımlarını esirgemeyerek akademik ortamda olduğu kadar beşeri ilişkilerde de engin fikirleriyle yetişme ve gelişme katkıda bulunan danışman hocam Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK'a ve değerli hocam Prof. Dr. Nuri YİĞİT'e (Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı), tez çalışmasının devam ettiği 2004-2010 yılları arasında her çeşit bilgi ve desteği ile teşviklerini esirgemeyen ve daha önce Türkiye'den toplamış olduğu 62 *Spalax* örneğini çalışmama izin veren sayın hocam Prof. Dr. Mustafa SÖZEN'e (Karaelmas Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı), dönemlik tez toplantılarında bilimsel yönlendirmeleri ile tezin ilerleyişine önemli katkıları olan değerli hocam Prof. Dr. Selim Sualp ÇAĞLAR'a (Hacettepe Üniversitesi Anabilim Dalı), çalışmalarım süresince maddi manevi desteklerini esirgemeyen değerli hocalarım Doç. Dr. İrfan KANDEMİR ve Doç. Dr. Reyhan ÇOLAK'a (Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı), bilimsel çalışmaların yanı sıra her aşamada pratik çözümleriyle bir hoca bir arkadaş olarak destek veren abim Yrd. Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ'a (Aksaray Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı), laboratuarda birlikte çalıştığım ve her konuda yardımlarını esirgemeyen arkadaşlarım Arş. Gr. Gül OLGUN'a, Arş. Gr. Perinçek Seçkin Ozan ŞEKER'e, Arş. Gr. Zeycan CEYHAN'a, Doktora öğrencisi Munir UÇAK'a, Yüksek Lisans öğrencisi Engin SELVİ'ye ve Dilek BETEŞ'e (Ankara Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı), çalışmalarım süresince birçok fedakarlıklar göstererek beni destekleyen eşim Özgür KANKILIÇ ve oğlum Çınar KANKILIÇ'a en derin duygularla teşekkür ederim.

Bu tez çalışması, Ankara Üniversitesi Bilim İnsanı Yetiştirme Projesi (BİYEP, Nr: 2005K120140-6) tarafından desteklenmiştir.

Teoman KANKILIÇ
Ankara, Şubat 2010

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ	vii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xi
1.GİRİŞ.....	1
2. KURAMSAL TEMELLER.....	11
2.1 Ordo: Rodentia (Mammalia)	11
2.2 Familya: Spalacidae Gray, 1821	12
2.3 Cins: <i>Spalax</i> Güldenstaedt, 1970.	13
2.4 Allozim Elektroforez Tekniğinin Prensipleri	17
2.5 RAPD-pcr Tekniğinin Prensipleri	20
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	22
3.1 Karyotip Preparasyon Tekniği	30
3.2 Morfolojik Çalışmalar	31
3.2.1 Nonmetrik morfolojik çalışmalar	31
3.2.2 Metrik morfolojik karakterler	34
3.3 Allozim Çalışmaları	38
3.3.1 Nişasta jel elektroforezi çalışmasında kullanılan tampon sistemleri	39
3.3.2 Boyama	43
3.3.2.1 Boya tamponu.....	43
3.3.2.2 Enzim sistemlerine özgü spesifik boyalar	44
3.4 RAPD-pcr Analizi	51
3.4.1 DNA izolasyonu	52
3.4.2 RAPD-pcr amplifikasyonu	53
3.4.3 Agaroz jel elektroforezi	54
3.4.4 Jellerin yorumlanması	54
3.5 Verilerin Analizleri	54
3.5.1 Morfolojik verilerin analizleri	54
3.5.2 Allozim ve RAPD verilerinin analizleri.....	55
3.5.2.1 Hardy-Weinberg dengesi.....	56
3.5.2.2 Allel frekansları.....	56
3.5.2.3 Allel sayısı	56
3.5.2.4 Etkin allel sayısı.....	57

3.5.2.5 Shannon sabiti	57
3.5.2.6 Heterozigotluk	57
3.5.2.7 Polimorfik lokus oranı	57
3.5.2.8 F istatistiği.....	58
3.5.2.9 Genetik mesafe	59
3.5.2.10 Kümeleme analizi.....	60
3.5.2.11 Konsensus (Ortak) ağacı	60
3.5.2.12 Temel Koordinat Analizi (PCoA)	60
3.5.2.13 AMOVA (Moleküler Varyans Analizi).....	60
4. BULGULAR	62
4.1 Karyolojik Bulgular	62
4.1.1 <i>Spalax leucodon anatolicus</i> populasyonlarında karyolojik bulgular.....	62
4.1.2 <i>Spalax leucodon cilicicus</i> populasyonlarında karyolojik bulgular	64
4.2 Morfolojik Bulgular	72
4.2.1 Nonmetrik karakterler	72
4.2.2 Metrik karakterler	72
4.2.2.1 Varyans analizi (Tek Yönlü ANOVA-MANOVA).....	73
4.2.2.2 Kanonikal vektör analizi (CVA).....	76
4.2.2.3 Ayırışım fonksiyon analizi (DFA)	79
4.2.2.4 Kümeleme analizi (Cluster).....	81
4.3 Allozim Elektroforezi.....	84
4.3.1 İzositrat dehidrojenaz (E.C.1.1.1.42).....	87
4.3.2 Malik enzim (E.C.1.1.1.40)	88
4.3.3 Fosfoglukomutaz (E.C.2.5.7.1).....	89
4.3.4 Laktat dehidrojenaz (E.C.1.1.1.37)	90
4.3.5 Mannoz fosfat izomeraz (E.C.5.3.1.8)	91
4.3.6 Karbonik Anhidraz (E.C.4.2.1.1).....	92
4.3.7 Fumaraz (E.C.4.2.1.2)	93
4.3.8 Glukoz fosfat izomeraz (E.C.5.3.1.9).....	94
4.3.9 6-Fosfoglukoz Dehidrojenaz (E.C.1.1.1.43)	95
4.3.10 α -Gliserofosfat dehidrojenaz (E.C.1.1.1.8).....	96
4.3.11 Aldolaz (E.C.1.1.1.8)	97
4.3.12 Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz (E.C.1.1.1.49)	97
4.3.13 Malat dehidrojenaz (E.C.1.1.1.37).....	98
4.3.14 Aconitaz (E.C.4.2.1.3)	99
4.3.15 Adenilat kinaz (E.C.2.7.4.3).....	100

4.3.16 Creatin kinaz (E.C.2.7.3.2)	101
4.3.17 Gliseraldehid-3-fosfat dehidrojenaz (E.C.1.2.1.12).....	102
4.3.18 Aspartat amino transferaz (E.C.2.6.1.1)	102
4.3.19 Hekzokinaz (E.C.2.7.1.1)	104
4.3.20 Süperoksit dizmutaz (E.C.1.15.1.1)	104
4.4 Allozim Elektroforezi Sonuçları	105
4.4.1 Hardy-Weinberg dengesi testi.....	105
4.4.2 Populasyonların allozime dayalı genetik yapısı.....	107
4.4.3 Populasyonlarda allozime dayalı genetik farklılaşma ve gen akışı	109
4.4.4 Allozim verilerine dayalı Temel Koordinat Analizi.....	112
4.4.5 Populasyonlarda allozime dayalı genetik mesafe değerleri.....	114
4.4.6 Allozim verilerinde AMOVA (Moleküler Varyans Analizi).....	116
4.5 RAPD Analiz Sonuçları	118
4.5.1 RAPD verilerinde AMOVA (Moleküler Varyans Analizi)	124
4.5.2 RAPD verilerinde genetik mesafe analizi	125
4.5.3 Temel Koordinat Analizi (PCoA: Principal Coordinate Analysis)	128
4.5.4 Konsensus (Ortak) Ağaç.....	130
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	132
5.1 Karyotip	132
5.2 Morfoloji	136
5.3 Allozim	138
5.4 RAPD.....	141
5.5 Sonuçlar ve Öneriler	142
KAYNAKLAR	146
EKLER.....	156
EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu	157
EK 2 Çalışılan kromozomal formlara ait erkek ve dişi bireylerin kafatasından alınan 31 iç ve 3 dış karaktere ait ortalama değerler ve standart sapmalar.....	163
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları	167
ÖZGEÇMİŞ.....	182

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1 Türkiye’de <i>Spalax</i> cinsine ait kromozomal formların dağılışını gösteren harita	4
Şekil 1.2 İsrail’de bulunan dört körfare türünün değişik belirteçler kullanılarak güneye doğru gidildikçe artan heterozigotluğu	9
Şekil 2.1 Dokuz aminoasitten oluşan bir polipeptit zinciri	18
Şekil 2.2 Polipeptit zincirinde mutasyon sonucu oluşan 4 yeni polipeptidin elektroforetik mobiliteleri.....	19
Şekil 2.3 Monomerik, Dimerik ve Tetramerik enzimlerin elektroforetik bant modelleri.....	20
Şekil 3.1 <i>S. leucodon</i> örneklerinin toplandığı bölgelerin harita üzerinde gösterimi.....	30
Şekil 3.2 Kafataslarında gözlenen nonmetrik karakterlerin bazıları.....	33
Şekil 3.3 Bazı iç karakter ölçülerinin kafatasından alınış şekilleri	37
Şekil 4.1 Aydın popülasyonundan bir erkek örneğin (6251 ♂) karyotipi.....	63
Şekil 4.2 İzmir-Foça popülasyonundan bir erkek örneğin (6138 ♂) karyotipi.....	63
Şekil 4.3 Isparta-Yenişarbademli popülasyonundan bir erkek örneğin (6269 ♂) karyotipi.....	64
Şekil 4.4 Bolu-Gerede popülasyonundan bir erkek örneğin (4832 ♂) karyotipi.....	65
Şekil 4.5 Kırıkkale-Keskin popülasyonundan bir erkek örneğin (4913 ♂) karyotipi.....	65
Şekil 4.6 Manisa-Kula popülasyonundan bir erkek örneğin (6135 ♂) karyotipi.....	66
Şekil 4.7 Niğde-Pozantı popülasyonundan bir erkek örneğin (57 ♂) karyotipi.....	67
Şekil 4.8 Manisa-Selendi popülasyonundan bir dişi örneğin (6143♀) karyotipi.....	68
Şekil 4.9 Bilecik-Söğüt popülasyonundan bir dişi örneğin (6149♀) karyotipi.....	69
Şekil 4.10 Isparta-Gönen popülasyonundan bir erkek örneğin (6144♂) karyotipi.....	69
Şekil 4.11 Ankara-Gölbaşı popülasyonundan bir erkek örneğin (6114♂) karyotipi.....	70
Şekil 4.12 Afyon-Çay popülasyonundan bir erkek örneğin (27♂) karyotipi.....	71
Şekil 4.13 Denizli-Acıpayam popülasyonundan bir erkek örneğin (6198♂) karyotipi.....	71
Şekil 4.14 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren farklı kromozomal formların erkek bireylerinde morfolojik karakterlerin kanonikal vektör analizi ile iki boyutta kümelenmesi	78
Şekil 4.15 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren farklı kromozomal formların dişi bireylerinde morfolojik karakterlerin kanonikal vektör analizi ile iki boyutta kümelenmesi	78
Şekil 4.16 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılışa sahip farklı kromozomal formların morfolojik karakterlere bağlı olarak ayrışım fonksiyon analizi ile iki boyutta kümelenmesi.....	81
Şekil 4.17 Sekiz kromozomal formda erkek bireylerde morfolojik farklılığı	

gösteren mahalanobis mesafe matrisi ve bu matrisi temel alınarak oluşturulan UPGMA kümelemesi	83
Şekil 4.18 Sekiz kromozomal formda dişi bireylerde morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi ve bu matris temel alınarak oluşturulan UPGMA kümelemesi	84
Şekil 4.19 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Idh</i> fenotipleri, 6-7: 2n=36 (Aydın); 1-5: 2n=52 (Bolu); 8: 2n=36 (İzmir)	87
Şekil 4.20 <i>Idh</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	88
Şekil 4.21 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Me</i> fenotipleri, 3-6: 2n=40 (Yeşildağ, Yenişarbademli); 12-15: <i>S. ehrenbergi</i> ; 3-6: 2n=40 (Yeşildağ, Yenişarbademli); 9-11: 2n=60 (Ankara)	89
Şekil 4.22 <i>Me</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	89
Şekil 4.23 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Pgm</i> fenotipleri, 3-13: <i>S.ehrenbergi</i> ; 5-6: 2n=60 NF=78 (Ankara-Çeltikli); 4-14: 2n=40 (Yeşildağ)	90
Şekil 4.24 <i>Pgm</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	90
Şekil 4.25 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Ldh</i> fenotipleri, 2, 6, 11 ve 13: 2n=54 (Kırıkkale)	91
Şekil 4.26 <i>Ldh</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	91
Şekil 4.27 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Mpi</i> fenotipleri, 2,11: 2n=52 (Mersin); 10,13,14: 2n=60 (Ankara)	92
Şekil 4.28 <i>Mpi</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	92
Şekil 4.29 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Ca</i> fenotipleri, 1-3 ve 8-11: 2n=40 (Yeşildağ-Yenişarbademli); 4-7: 2n=38 (İzmir); 12: <i>S. ehrenbergi</i>	93
Şekil 4.30 <i>Ca</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı	93
Şekil 4.31 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Fum</i> fenotipleri, 4-6: 2n=52 (Bolu); 7-13 2n=58 (Niğde); 14-16: 2n=60 NF=80 (Ankara).....	94
Şekil 4.32 <i>Fum</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	94
Şekil 4.33 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Gpi</i> fenotipleri, 1-5, 9-10: 2n=58 (Niğde); 6-8: 2n=38 (İzmir).....	95
Şekil 4.34 <i>Gpi</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı	95
Şekil 4.35 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Pgd</i> fenotipleri, 1,6-14: 2n=40 (Yeşildağ); 2-5: 2n=38 (İzmir)	96
Şekil 4.36 <i>Pgd</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	96
Şekil 4.37 Nişasta jel elektroforezi ile görülen α - <i>Gpdh</i> fenotipleri, 1-12: 2n=52 (Bolu); 13: 2n=38 (İzmir).....	97
Şekil 4.38 α - <i>Gpdh</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı	97
Şekil 4.39 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Ald</i> fenotipleri.....	98
Şekil 4.40 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>G₆pdh</i> fenotipleri	98

Şekil 4.41 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Mdh</i> fenotipleri, 1-2, 4-9: 2n=38 (İzmir).....	98
Şekil 4.42 <i>Mdh</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	99
Şekil 4.43 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Aco</i> fenotipleri, 4-5: 2n=38 (İzmir).....	99
Şekil 4.44 <i>Aco</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	100
Şekil 4.45 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Adk</i> fenotipleri, 5-6: 2n=38 (İzmir)....	100
Şekil 4.46 <i>Adk</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	100
Şekil 4.47 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Ck</i> fenotipleri, 3, 6-8: 2n=38 (İzmir).....	101
Şekil 4.48 <i>Ck</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	101
Şekil 4.49 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>G₃pdh</i> fenotipleri, 1-13: 2n=52 (Bolu).....	102
Şekil 4.50 <i>G₃pdh</i> enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	102
Şekil 4.51 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Got</i> fenotipleri, 1-10: 2n=60 NF=76 (Beyşehir).....	103
Şekil 4.52 <i>Got-1</i> lokusunda görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı.....	103
Şekil 4.53 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Hk</i> fenotipleri, 1-9: 2n=52 (Bolu).....	104
Şekil 4.54 Nişasta jel elektroforezi ile görülen <i>Sod</i> fenotipleri.....	104
Şekil 4.55 Çalışılan populasyonlarda gözlenen genetik parametrelerin değişimi gösteren grafik.....	109
Şekil 4.56 PCoA ile allozim verilerinin iki boyutlu kümelenmesi.....	113
Şekil 4.57 İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren 16 kromozomal formda, 28 allozim lokusundan hesaplanan genetik mesafe matrisi temel alınarak oluşturulan UPGMA dendrogram.....	115
Şekil 4.58 İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren 16 kromozomal formda, 28 allozim lokusundan hesaplanan genetik mesafe matrisi temel alınarak oluşturulan Span ağacı.....	115
Şekil 4.59 F istatistiği (F_{ST} , F_{IS} , F_{IT}) permütasyon temelli mesafe matrisi kullanılarak oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları. Serbestlik derecesi (df), Yüzde toplam varyasyon (%).....	116
Şekil 4.60 Kodominant genotip permutasyon temelli mesafe matrisi kullanarak oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları. Serbestlik derecesi (df), Yüzde toplam varyasyon (%).....	117
Şekil 4.61 2n=56, 2n=58, 2n=60 kromozomal formları ve <i>S. ehrenbergi</i> , <i>Arvicola terrestris</i> 'te BC 461 primerine göre sağlanan bant paternleri.....	118
Şekil 4.62 Populasyonlarda görülen genetik çeşitlilik I: Shannon indeksi, H_e : Heterozigotluk.....	120
Şekil 4.63 Bant sayıları ve ortalama heterozigotluk değerinin populasyonlara göre değişimi.....	123
Şekil 4.64 Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları.....	125

Şekil 4.65 Nei (1978) tarafsız genetik mesafe değerlerine göre oluşturulan UPGMA ağacı	126
Şekil 4.66 Nei (1978) tarafsız genetik mesafe değerlerine göre oluşturulan N.J ağacı.....	127
Şekil 4.67 Nei (1978) tarafsız genetik mesafe değerlerine göre oluşturulan köksüz ağaç.....	128
Şekil 4.68 RAPD verilerininin 16 kromozomal formda Temel Koordinat Analiz sonuçlarının grafik üzerinde gösterimi.....	129
Şekil 4.69 RAPD ve Allozim analizleri sonucu hesaplanan Nei (1978) genetik mesafe matrisleri kullanılarak oluşturulan N. J. konsensus (ortak) ağacı	131

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1 Türkiye’de <i>Spalax leucodon</i> üzerine yapılan karyolojik çalışmalar.....	3
Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan <i>Spalax leucodon</i> örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M= Morfoloji, A= Allozim, R= RAPD.....	23
Çizelge 3.2 Çalışılan enzim sistemlerinin elektroforez koşulları.....	44
Çizelge 4.1 Kafataslarında gözlenen non-metrik karakterlerin frekansları	72
Çizelge 4.2 Sekiz farklı kromozomal formda erkek örneklerde morfometrik karakterlerin varyans analizi (ANOVA) sonuçları.....	74
Çizelge 4.3 Sekiz farklı kromozomal formda dişi örneklerde morfometrik karakterlerin varyans analizi (ANOVA) sonuçları.....	75
Çizelge 4.4 Sekiz farklı kromozomal formda erkek örneklerde morfometrik karakterlerin çoklu varyans (MANOVA) analizi sonuçları	75
Çizelge 4.5 Kanonikal vektör analizde erkek ve dişide morfometrik değişkenlerin ilk üç kanonik vektöre katkısı	77
Çizelge 4.6 Ayırışım fonksiyonu analizine göre ilk 7 konikal ayırışım fonksiyonunun eigen değerleri	79
Çizelge 4.7 Ayırışım fonksiyonu analizine göre sekiz kromozomal forma ait bireylerin sınıflandırılması	80
Çizelge 4.8 Çapraz-doğrulama testi ile sekiz kromozomal forma ait bireylerin sınıflandırılması.....	80
Çizelge 4.9 Sekiz kromozomal formda erkek bireylerde morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi.....	82
Çizelge 4.10 Sekiz kromozomal formda dişi bireylerde morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi.....	83
Çizelge 4.11 <i>S. l. cilicicus</i> ve <i>S. l. anatolicus</i> popülasyonlarına ait kromozomal formlarda çalışılan 28 lokustan sağlanan allel frekansları	85
Çizelge 4.12 <i>S. leucodon</i> türüne ait kromozomal formlarda polimorfik lokuslarda Hardy-Weinberg dengesi sonuçları.....	106
Çizelge 4.13 Bütün popülasyonlarda polimorfik 28 lokus temel alınarak oluşturulan genetik varyasyon seviyeleri	108
Çizelge 4.14 Çalışılan popülasyonlarda polimorfik enzimlerde Wright’ın F istatistiği sonucu elde edilen genetik farklılık değerleri.....	111
Çizelge 4.15 Çalışılan popülasyonlar arasında Wright (1951) F istatistiği ile hesaplanan F_{ST} matrisi.....	112
Çizelge 4.16 Temel öğeler analizinde altı ögenin popülasyonlardaki eigen değerleri.....	113
Çizelge 4.17 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da <i>S. leucodon</i> ’a ait kromozom formlarda Nei (1978)’nin genetik benzerlik ve genetik mesafe matrisi.....	117

Çizelge 4.18 Populasyonlar için lokuslarda gözlenen ortalama allel sayısı (N_a), efektif allellerin ortalama sayısı (N_e), polimorfik lokus sayısı (P_n), polimorfik lokus yüzdesi (% P), beklenen heterozigotluk (H_e), unbiased beklenen heterozigotluk (U_{H_e}), Shannon indeksi (I) değerleri ile standart sapmalar (SS)	121
Çizelge 4.19 RAPD analizinde 160 lokusa ait gözlenen band sayılarının populasyonlara göre dağılımı	122
Çizelge 4.20 RAPD verisine dayanarak hesaplanan kromozomal formlar arasındaki genetik farklılık ve gen akışı değerleri	124
Çizelge 4.21 Kromozomal formlar arasındaki Nei (1978) genetik mesafe (alt diyagonal) ve benzerlik değerleri (üst diyagonal).....	127
Çizelge 4.22 İlk 3 Aksis tarafından açıklanan varyasyon yüzdeleri	129
Çizelge 4.23 Aksis ve Örnek Vektörlerinden elde edilen Eigen değerleri	130

1. GİRİŞ

Kemiriciler içinde toprak altı ekolojik nişini kullanan ekstrem örneklerden olan Spalacidae familyasının en eski temsilcileri, Anadolu'da yaklaşık 20 milyon yıl önce erken Miyosen devrinden tanımlanmıştır (*Debruijnia arpati*, Unay 1996). Bu erken Miyosen *Debruijnia* cinsinin yerini, erken Miyosen zamanından Pliyosen zamanına kadar Anadolu'da ve orta Miyosenden erken Pleistosene Avrupa'da, *Pliospalax* cinsi temsilcileri almıştır (Kowalski 2001, Unay 1996). Unay (1999) elde ettiği fosil kayıtlarına dayanarak körfarelerin Anadolu'da bir bölgeden köken aldığını ve buradan Balkanlar, Rusya stepleri, Orta Asya ve Kuzey Afrika'ya kadar farklı zamanlarda yayılış gösterdiğini belirtmektedir. Günümüzde Spalacidae temsilcileri Güneydoğu Avrupa, Anadolu, Kafkasya, Transkafkasya, Ukrayna, Ermenistan, Suriye, Filistin, İsrail, Irak, Ürdün ve Kuzey Afrika'da yayılış göstermektedir (Wilson and Reeder 2005).

Yakın geçmişte *Spalax* Güldenstaedt, 1770 cinsi tanımlanmış ve daha sonra Spalacidae Gray, 1821 familyası oluşturulmuştur. Familyanın kuruluşundan bu yana Spalacidae, familya, cins ve türlerinin sistematigi ve filogenisi problemlidir ve araştırmacılar arasında henüz fikir birliği sağlanamamıştır (Savic and Nevo 1990). Bu sistematik belirsizlik Spalacidae temsilcilerinin anavatanı olan Anadolu'da daha karmaşık bir boyut almıştır.

Bu zamana kadar Türkiye sınırları içerisinde ilk *Spalax* kaydı Nordmann (1840) tarafından İzmir'den verilmiştir (*Spalax typhlus xanthodon*). Daha sonra Satunin (1898) Kars-Gaziler-Kaskoparan Köyü'nden *S. nehringi* adı ile bir tür, Nehring (1898) İskenderun-Çengel Köyü'nden *S. intermedius* adı ile bir tür tanımlamıştır. Matschie (1919) Eskişehir'in Porsuk Nehri civarından *S. labaumei* adıyla yeni bir tür kaydı vermiştir. Ayrıca Mehely (1909), *S. monticola armeniacus*, *S. monticola cilicicus*, *S. monticola anatolicus* ve *S. monticola turcicus* adları ile dört alttür, Hinton (1920) *S. monticola corybantium* ve *S. monticola captorum* olmak üzere iki alttür tanımlamıştır. Mursaloğlu (1979) yaptığı çalışmada Türkiye'de sadece iki *Spalax* türü bulunduğunu belirtmiştir (*S. leucodon* ve *S. ehrenbergi*).

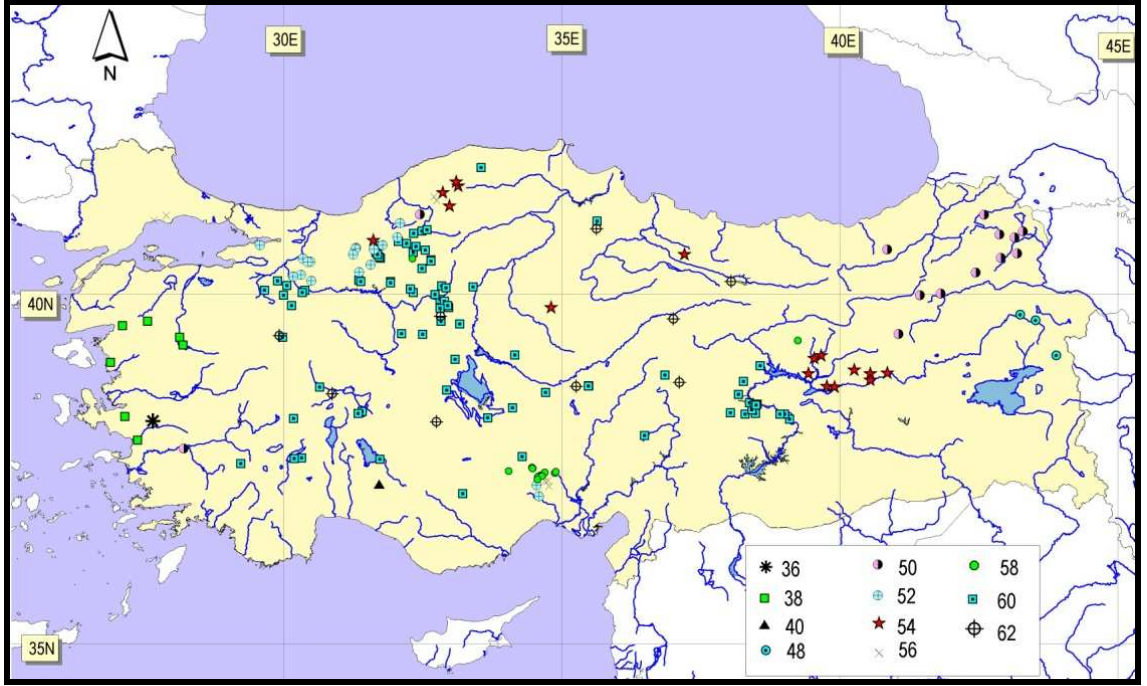
Kıvanç (1988), Türkiye'nin değişik yerlerinden toplanan 1100 örneği değerlendirerek *Spalax* cinsine ait *S. leucodon* ve *S. ehrenbergi* türleri ile bu türlere ait *S. l. nehringi*, *S. l. armeniacus*, *S. l. cilicicus*, *S. l. anatolicus*, *S. l. turcicus*, *S. e. intermedius* ve *S. e. kirgisorum* alttürlerinin Türkiye'de yayılış gösterdiğini bildirmiştir. Bu türlerden *S. leucodon*'un Türkiye'nin Doğu Anadolu, İç Anadolu, Karadeniz, Marmara, Ege ve Akdeniz bölgelerinde yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Bu türün alt türlerinden *S. l. nehringi*'nin Doğu Karadeniz'de, Doğu Anadolu'da, Munzur ve devamı olan dağlar boyunca Anamur'a doğru; *S. l. armeniacus*'un Artvin, Ardahan yörelerinde; *S. l. cilicicus*'un İç Anadolu'da ve Orta Karadeniz'de; *S. l. anatolicus*'un Ege ve Akdeniz bölgelerinde; *S. l. turcicus*'un Trakya ve Bolu, İzmit yörelerinde yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Ayrıca *S. ehrenbergi* türünün ise Doğu Anadolu bölgesinin güneyinde ve Güneydoğu Anadolu bölgesinde yayılış gösterdiğini, bu türün alttürlerinden *S. e. kirgisorum*'un Urfa bölgesinde, *S. e. intermedius*'un Urfa civarı hariç Doğu Anadolu bölgesinin güneyinde ve Güneydoğu Anadolu bölgesinde yayılış gösterdiğini belirtmiştir.

Coşkun (1996a) Gömemiş (Tunceli)'ten *S. nehringi tuncelicus*, Coşkun (1996b) Sarıgüllük (Gaziantep)'ten *S. nehringi nevoi* alttürlerini, Coşkun (2004) *Nannospalax munzuri* ve Gömemiş (Tunceli)'ten *Nannospalax tuncelicus* türlerini tanımlamış ve Coşkun et al. (2009) Adana'nın 50 km doğusunda *Nannospalax ceyhanus* (Szunyoghy 1941) türünün yayılış gösterdiğini belirtmişlerdir.

Yukarıda verilen çalışmalar genellikle yayılış kayıtları ile birlikte morfolojik özelliklere dayalı çalışmalardır. Son yıllarda hız kazanan karyolojik çalışmalar Spalacidae mensuplarının taksonomisine ayrı bir bakış açısı getirmiştir. Türkiye'deki *Spalax* cinsi türlerinden *S. leucodon* üzerine yapılan karyolojik çalışmalar incelendiğinde diploid (2n) kromozom sayısına göre 11 farklı kromozomal formun bulunduğu (2n=36, 38, 40, 48, 50, 52, 54, 56, 58, 60, 62), temel kromozom kol sayısının *S. leucodon* için NF=68-84 aralığında, otozomal kromozom kol sayısının ise NFa=64-78 aralığında değiştiği anlaşılmaktadır. Ayrıca, aynı diploid kromozom sayısına sahip olduğu halde farklı NF değerlerine sahip populasyonlar da dikkate alındığında, Türkiye'deki farklı kromozomal formların sayısı 20'ye ulaşmaktadır (Çizelge 1.1, Şekil 1.1).

Çizelge 1.1 Türkiye’de *S. leucodon* üzerine yapılan karyolojik çalışmalar

Lokalite	2n	NF	X	Y	Referans
İzmir-Bayındır	36	70	-	-	Sözen <i>et al.</i> 1999
İzmir-Havran-Selçuk	38	74	st	a	Savic and Soldatovic 1979, Giagia <i>et al.</i> 1982
Balkesir ve İzmir	38	74	sm	a	Nevo <i>et al.</i> 1995
İzmir-Dikili-Bigadiç	38	74	sm	a	Tez <i>et al.</i> 2002
Konya-Yeşildağ	40	72	m	a	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b, Nevo <i>et al.</i> 1995
Agri ve Van	48	68	sm	a	Coşkun 2003
Gümüşhane	48	71	sm	-	Sözen <i>et al.</i> 2006b
Aydın	50	-	-	-	Nevo <i>et al.</i> 1995
Erzurum-Sarıkamış	50	70	sm	-	Nevo <i>et al.</i> 1995
Erzurum ve Kars	50	70	sm	a	Coşkun 2003
Kars 10 km batı, Susuz ve Selim	50	70	m	a	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Ardahan-Göle	50	70	sm	-	Kankılıç <i>et al.</i> 2007a
Erzurum	50	72	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2000a
Giresun, Rize, Bayburt, Erzincan	50	72	m	a	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Karabük-Keltepe	50	70	sm	a	Sözen 2004
Kahyalar	50	70	sm	a	Sözen 2004
Başköy-Ovit geçidi	50	72	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Mersin-Sebil yaylası, Mersin-Çamlıyayla	52	72	sm	a	Sözen and Kıvanç 1998b, Sözen <i>et al.</i> 2000b
Bolu (Abant, Mudurnu, Kartalkaya, Yeniçağa)	52	70	sm	a	Sözen 2004
Bilecik ve Adapazarı	52	70	sm	a	Matur and Sözen 2005
Bolu (Merkez, Seben, Gerede)	52	70	m	-	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Eflani, Pınarbaşı, Araç	54	72	sm	a	Sözen 2004, Sözen <i>et al.</i> 2006b
Kırıkkale (merkez, Keskin)	54	74	sm	-	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Yozgat	54	74	sm	st	Yüksel and Gülkaç 2001
Bingöl, Elazığ, Tunceli	54	74	sm	a	Coşkun 2004
Bolu	54	-	sm	-	Nevo <i>et al.</i> 1995
Bingöl	54	-	-	-	Nevo <i>et al.</i> 1995
Erbaa	54	75	sm	-	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Kırıkkale	54	74	sm	a	Aşan and Yağcı 2008
Mersin-Gülek	56	72	m	a	Sözen and Kıvanç 1998a
Adana-Tekir	56	72	m	a	Sözen <i>et al.</i> 2000b
Safranbolu	56	74	sm	a	Sözen 2004
Daday, Kastamonu, Tosya	56	72	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2006b, Sözen 2004
Isparta-Aksu-Yılanlı	56	72	m	a	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Gaziantep	56	82	sm	a	Ivanitskaya <i>et al.</i> 1997
Çorlu-Karaevli	56	78	sm	a	Soldatovic and Savic 1978
Koyunbaba, Hayranbolu, Sofular, Vize, Akalan	56	78	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Yeniçiftlik, Tayakadın, Halkalı	56	78	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Tunceli-Ovacık	58	68	sm	a	Coşkun 2004
Niğde-Ulukışla, Niğde-Madenköy	58	72	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2000b, Sözen and Kıvanç 1998a
Ereğli, Ulukışla, Pozantı	58	72	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2006b
Sarıkavak	58	78	sm	a	Sözen 2004
Taşköprü	58	74	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Ulukışla 30 km Batı	60	72	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2000b
Azdavay, Küre, Ağlı	60	74	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2006b
Aksaray	60	74	sm	a	Sözen <i>et al.</i> 2000b
Antalya-Akseki, Gökşun	60	74	sm	st	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Karaali, Samsun-Havza	60	77	sm	st	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Aksaray 35 km Batı	60	76	sm	st	Sözen <i>et al.</i> 2000b
Konya (Beşehir, Akşehir)	60	76	sm	st	Kankılıç <i>et al.</i> 2005
Kütahya	60	76	sm	st	Sözen <i>et al.</i> 2006a
Malatya, Pınarbaşı	60	78	sm	a	Nevo <i>et al.</i> 1995
Kayseri, Gürün	60	78	sm	-	Tez <i>et al.</i> 2001
Bolu (Bakırlı, Kartalkaya, Dörtdivan, Samat)	60	78	sm	st	Sözen 2004, Sözen <i>et al.</i> 2006b
Bolu (Cankurtaran, Bağören, Gerede)	60	78	sm	st	Sözen 2004, Sözen <i>et al.</i> 2006b
Bolu (Ayman), Isparta (Yalvaç, Gelendost)	60	78	sm	a	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Samsun (Kavak), Ankara (Çeltikli)	60	78	sm	a	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Bilecik (İnhisar, Bozüyük, Kepirler)	60	78	sm	a	Matur and Sözen 2005
Eskişehir (İnönü), Bursa (İnegöl)	60	78	sm	a	Matur and Sözen 2005
Yozgat-Saraykent, Sivas (İmranlı, Yıldızeli)	60	80	sm	st	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b ve Kankılıç 2007a
Erzincan (Tercan, Gemecik, Refahiye)	60	80	sm	st	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b
Ankara (Batıkent, Sarayköy, Elmadağ, Kalecik, Beypazarı, Kızılcahamam, Ayaş, Nallıhan, Güdül, Haymana, Gölbaşı, Polatlı, Bala)	60	80	sm	st	Kankılıç <i>et al.</i> 2007b, Kankılıç <i>et al.</i> 2005



Şekil 1.1 Türkiye’de *Spalax* cinsine ait kromozomal formların dağılışını gösteren harita.

Türkiye’nin *S. leucodon* örnekleri üzerine tek kromozom bantlama çalışması Ivanitskaya *et al.* (2008) tarafından yapılmıştır. Bu çalışmada Anadolu’nun merkezinde yayılış gösteren $2n=60W$ ve Kuzey Anadolu’da yayılış gösteren $2n=60R$ olarak adlandırdığı sitotipleri G, C, AgNOR, Fluorokrom bantlama teknikleri kullanılarak karşılaştırılmıştır. Sonuç olarak iki sitotip arasında yüksek kromozomal farklılaşma belirlenmiştir. Bu iki sitotip arasında ve içinde meydana gelen temel kromozom kol sayısındaki farklılıkların, beş kromozomda meydana gelen delesyonlardan kaynaklandığı ve kör farelerdeki kromozomal varyasyonun ortaya çıkmasının ana sebebinin kromozomlarda meydana gelen Robertsonian mutasyonları olduğu belirtilmiştir. Ayrıca bu çalışmada Ivanitskaya *et al.* (2008), Nevo *et al.* (1994, 1995) tarafından Türkiye’den tanımlanan $2n=62$ kromozomal formunun Türkiye *S. leucodon* sitotip listesinden çıkarılması gerektiğini belirtmektedir.

Her ne kadar Mursaloğlu (1979) ve Kıvanç (1988) morfolojik çalışmalarıyla bu cinsin Türkiye’deki taksonomik durumu hakkında bazı sonuçlara varmışlarsa da son yıllarda hız kazanan karyolojik çalışmalar sonucu, belirlenen kromozomal formların nasıl sınıflandırılacağı tartışma konusu olmuştur. Zira İsrail’de yayılış gösteren *S.*

ehrenbergi'ye ait dört farklı kromozomal form ($2n=52, 54, 58$ ve 60), ayrı birer tür olarak tanımlanmış (*S. galili, S.golani, S. carmeli, S. judaei*) ve memeli hayvanlar üzerine yapılan son revizyon çalışmalarında kabul görmüştür (Nevo *et al.* 2001, Wilson and Reeder 2005). İsrail'deki bu durum, evrimsel olarak birbirlerinden daha önce ayrılmış atasal formların bulunduğu Türkiye örneklerine uygulandığında, Anadolu'da 20'den fazla türün bulunduğu ve bu sayının karyolojik çalışmalar ile zamanla artacağı kabul edilmesi gerekir (Nevo *et al.* 1995). Türkiye'de yayılış gösteren körfare örnekleri birbirlerine çok yakın lokaliteler de bile (10-20 km), farklı kromozom değerleri göstermektedir (Kankılıç *et al.* 2005, 2006). Ayrıca mevcut kromozomal formlar pek çok bölgede sürekli bir yayılışa sahip değildir. Bu nedenle coğrafik ve ekolojik açıdan farklı lokalitelerde kromozom sayısı bakımından aynı, fakat kromozom morfolojisi bakımından birbirlerinden oldukça farklı formlarında olduğunu ($2n=56$ Trakya, $2n=56$ Isparta ve $2n=56$ Gaziantep) hesaba katarsak, kromozoma dayalı tür sayısı 40'ı bulacaktır (Kankılıç *et al.* 2005). Bu nedenle, Türkiye'de küçük bir alanı kapsayan karyolojik çalışmalarla çok fazla karyolojik farklılıkların elde edilmesi, bu konuda daha birçok yeni çalışmanın gerekliliğini ortaya koymaktadır. Özellikle Nevo *et al.* (1995), Türkiye'deki körfareleri karyolojik ve elektroforetik olarak inceleyerek Türkiye'de morfolojik çalışmalara göre yapılan taksonomik durumun bu cinsin taksonomisini gerçekçi bir şekilde yansıtmadığını ve bu yüzden Türkiye'deki Spalacidae taksonomisinin morfolojinin yanı sıra karyolojik ve elektroforetik olarak yeniden değerlendirilmesi gerektiğini vurgulamıştır.

Nevo *et al.* (1995), Türkiye'den *S. leucodon*'a ait 24 lokaliteden elde ettiği 69 örnek üzerine yaptığı allozim çalışmasında ortaya çıkan heterozigotluk (*H*) ve karyolojik çalışmalar sonucundaki diploid kromozom değerlerinin ($2n$), Anadolu ve İsrail'de ekolojik olarak sert ve kurak bölgelere gidildikçe bir artış eğiliminde olduğunu vurgulamaktadır. Fakat bu çalışmada birbirinden çok uzak lokalitelerden elde edilen popülasyonlardan, popülasyon genetiği çalışmaları için gerekli olan ve popülasyonları istatistiksel olarak temsil edebilecek yeterli örnek çalışılmamıştır (Lowe *et al.* 2004). Nevo *et al.* (1995), çalışmasında sadece 69 örnek değerlendirmiş ve çalışılan 13 popülasyonda sadece 1-2 örnek, geriye kalan popülasyonlarda da ortalama 3 örnek üzerine çalışmıştır. Bu yetersiz örnek sayısı ile nadir allellerin görünmeme ve allel

çeşitliğindeki hesaplamaların eksik olabilme ihtimali çok yüksektir. Bu durumda yeniden bütün Türkiye'yi içine alacak şekilde kapsamlı örnek serileri toplamak ve bu örneklerin allozim analizlerinin tekrardan yapılmasının gerekliliği ortaya çıkmaktadır.

Kankılıç *et al.* (2005), Ankara-Beyşehir hattında yayılış gösteren *S. leucodon*'un üç popülasyonuna ait 81 örneği elektroforetik olarak incelemişlerdir. İzositrat dehidrojenaz (*Idh*), esteraz (*Est*) ve α -gliserofosfat dehidrojenaz (*α -Gpdh*) olmak üzere 3 enzim sistemi horizontal nişasta jel elektroforezi kullanılarak analiz edilmiş ve 5 enzimatik gen lokusu belirlenmiştir. Çalışılan enzimatik gen lokusun üç tanesi (*Idh-1*, *Est-1*, *Est-3*) polimorfik ve iki lokus (*Idh-2*, *α -Gpdh*) monomorfik bulunmuştur. Bu çalışmada Nevo *et al.* (1995) tarafından belirtildiği gibi allozim çeşitliliğinden elde edilen heterozigotluk değerinin ve diploid kromozom sayısının, bütün yönlerden ekolojik olarak sert ve kurak olan Anadolu'nun merkezine doğru artış eğiliminde olmadığı ve bu değerlerin çalışılan bütün alanlarda çok kısa mesafelerde bile değişiklik gösterdiği belirlenmiştir.

İstatistiksel olarak daha anlamlı bir örnekleme düzeni kullanılarak Auffray *et al.* (1999) tarafından benzer bir çalışma yayınlanmıştır. *S. ehrenbergi* süper türünde gerçekleştirilen çalışmada, İsrail ve Mısır'da 15 lokaliteden farklı kromozom formlarda 340 körfare örneği allozim, diş morfolojisi ve çevre parametreleri bakımından incelenmiştir. Bu türün artan kuraklıkla birlikte farklı uyum stratejileri gösterdiği ve bu uyumsal açılımın, artan allozim heterozigotluğu ile ilişkisi olduğu belirtilmiştir. Kuraklık stresinin tek başına en önemli seçici güç olmasına rağmen, en önemli stres faktörü olarak düşünülmemeyeceği belirtilmiştir. Özellikle çevresel stres şartlarında etkili olan gelişimsel durağanlık (development stability) parametreleri artan kuraklıkla değişmemiştir. İsrail ve Mısır popülasyonlarının her ikisi birden değerlendirildiğinde, çevre ve genetik değişkenler arasında istatistiksel bir ilişki bulunmazken, analizlerden Mısır popülasyonları çıkarılıp veriler tekrar değerlendirildiğinde, sadece İsrail popülasyonları arasında kuraklıkla bağlantılı bir ilişki bulunmuştur. Bunun sebebi, daha kurak olan Mısır popülasyonunda heterozigotluğun düşük olmasına bağlanmıştır.

Spalax cinsi bireyleri üzerine yapılan DNA çalışmaları ilk olarak İsrail'de 1989 yılında, *S. ehrenbergi*'nin kromozomal formları arasında DNA-DNA hibridizasyon çalışmaları

ile başlamıştır (Catzefflis *et al.* 1989). Bunu takiben yine İsrail’de Haptoglobin (Nevo *et al.* 1989) ve Aldolase (Nevo *et al.* 1990) DNA polimorfizm çalışmaları ile devam etmiştir. Son iki çalışmada elde edilen DNA, farklı restriksiyon enzimleri ile kesilerek RFLP tekniği ile varyasyonlar araştırılmış ve bu türde çok fazla varyasyonun olduğu tespit edilmiştir. Polimeraz zincir reaksiyonunun kullanıma girmesinden sonra çalışmalar farklı metotlar ile devam etmiştir.

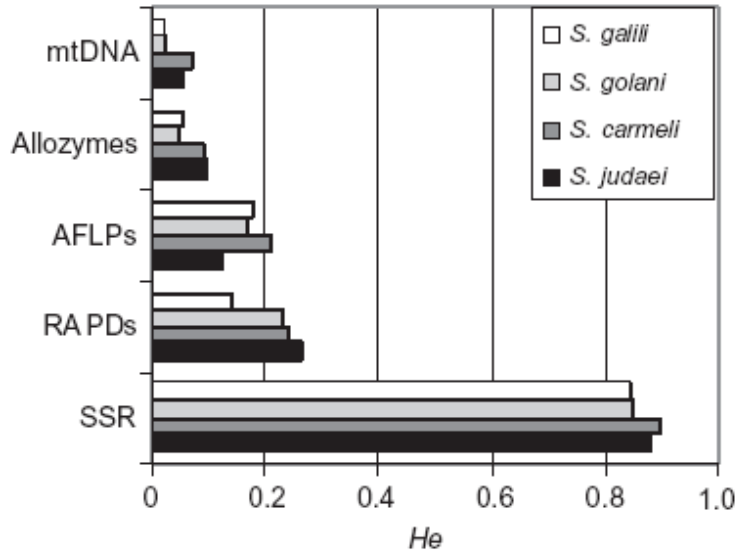
Bu çalışmalardan ilki İsrail körfareleri üzerine yapılan RAPD analizleridir (Ben-Shlomo *et al.* 1996). Bu çalışmada İsrail’de yayılış gösteren 4 kromozomal formda, çalışılan beş RAPD primerinde yüksek polimorfizm belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan primerlerde en yüksek polimorfizm $2n=60$ kromozomal forma ait bireylerde, en düşük polimorfizm ise $2n=52$ kromozomal forma ait bireylerde gözlenmiştir. Ayrıca bu çalışmada RAPD çalışmasından elde edilen bu genetik çeşitliliğin İsrail’de ekolojik olarak sert ve kurak olan güney popülasyonlarına doğru gidildikçe arttığı belirtilmiştir.

Diğer bir çalışmada, Suzuki *et al.* (1996) Türkiye’den *S. leucodon* örneklerine ait 10 lokaliteden üç kromozomal form ($2n=38, 54, 62$), Türkiye’den *S. ehrenbergi* için iki lokaliteden iki kromozomal form ($2n=52$ ve 58), İsrail’den bir kromozomal form ($2n=54$) ve Mısır’dan bir kromozomal form ($2n=60$) olmak üzere toplam 14 farklı lokaliteden alınan örneklerin genom DNA özütü 10 restriksiyon enzimi kesimi yapılarak ribozomal DNA (rDNA) ve mitokondriyal DNA farklılıklarını, kromozomal formların popülasyon yapılarını ve evrimsel ilişkilerini ortaya çıkarmak amacıyla çalışmışlardır. Çalışılan *S. leucodon* ve *S. ehrenbergi* türleri arasında rDNA bakımından ortalama % 8, her bir tür içinde ortalama % 4 farklılık bulunmuştur. Tür içerisindeki farklılıkların özellikle diploit kromozom sayısı ile ilişkili olduğu belirtilmiştir. Bununla birlikte aynı diploid kromozom sayısına sahip örnekler arasında yaklaşık olarak % 1,5 farklılık belirlenmiştir. *S. ehrenbergi* örnekleri arasında mtDNA bakımından % 10 ve *S. leucodon* örnekleri arasında % 12 gibi daha yüksek bir farklılık değeri bulunmuştur. Buna zıt olarak türler arasındaki karşılaştırmada % 7,4-12 arasında değişen bir farklılık belirlenmiştir. Bu yüksek oranda farklılığın sebebinin, tür içindeki atasal mtDNA polimorfizminin korunmuş olmasıyla açıklanmıştır.

Nevo *et al.* (1999) İsrail’de yayılış gösteren *S. ehrenbergi*’nin farklı kromozom sayısına sahip 12 örneğin mtDNA sitokrom b dizilerini karşılaştırmışlardır. Diziler arasında toplam 41 geçişken (transitional) farklılık gözlenmiştir. Bu farklılıklar güneye doğru artmaktadır. Yapılan filogenetik analizde iki monofiletik soy bulunmuştur. Birinci soy hattı $2n=52$ ve $2n=54$, diğer soy hattı ise $2n=58$ ve $2n=60$ kromozom formlarını içermektedir. MtDNA sitokrom b farklılığı iklimsel faktörler (yağış miktarı) ve biyotik faktörler (vucut büyüklüğü ve allozim) ile belirgin bir ilişkisi saptanmıştır. $2n=52$ ve $2n=54$ kromozom formları daha yumuşak, orta derecede nemli bir habitata sahipken, diğer kromozom formlar daha sert toprağa ve kurak bir iklime uyum sağladığı belirtilmiştir.

Reyes *et al.* (2003) tarafından İsrail’de yayılış gösteren *S. ehrenbergi* süper türünün farklı kromozom sayısına sahip dört türünde mtDNA kontrol bölgesindeki dizi farklılıkları ve filogenisi çalışılmıştır. Türler iki farklı soy hattına ayrılmıştır. Birinci soy hattı *S. galili* ($2n=52$) ve *S. golani* ($2n=54$), türleşme olayı daha yakın bir zamanda olan diğer soy hattı ise *S. carmeli* ($2n=58$) ve *S. judaei* ($2n=60$) türlerini içermektedir. Türlerde güneye doğru gidildikçe mtDNA dizi farklılıklarında bir artma gözlenmiştir. Bunun sebebinin kuraklık ve sıcaklık stresi gibi ekolojik faktörlere türlerin uyumunun bir sonucu olduğu belirtilmiştir.

Karanth *et al.* (2004), İsrail türlerinde kodominant bir yapı gösteren 19 mikrosatellit lokusu ve Polyakov *et al.* (2004) dominant olan AFLP DNA yöntemiyle 429 lokus çalışmışlardır. Her iki çalışmada, Nevo *et al.* (1995) tarafından sunulan, kuraklık stresi gibi çevresel faktörlere bağlı olarak gerçekleşen uyumsal evrim hipotezi desteklemektedir. İsrail türlerinde gerçekleştirilen bu çalışmalarda kullanılan belirteçlere göre hesaplanan heterozigotluk değerleri Şekil 1,2’de gösterilmiştir. Çeşitlilik değeri veren heterozigotluğun en büyük değeri diğer belirteçlere göre daha fazla varyasyon gösteren mikrosatellitlerde, en küçük değeri ise daha fazla korunan ve daha az varyasyona sahip olan mtDNA’da bulunmuştur.



Şekil 1.2 İsrail’de bulunan dört körfare türünün değişik belirteçler kullanılarak güneye doğru gidildikçe artan heterozigotluğu (Karanth *et al.* 2004)

Spalax cinsi üzerine bugüne kadar yapılan çalışmalar özellikle İsrail körfareleri üzerine yoğunlaşmıştır. Populasyon genetiği ve filogeni çalışmalarında kullanılan çoğu belirteçler, İsrail körfarelerinde araştırılmış ve yeni tanımlanan türlerin filogenetik yapıları ve evrimsel açılımları detaylı olarak verilmiştir (Nevo *et al.* 2001). Türkiye bu cinsin gen merkezi (Nevo *et al.* 1994) olmasına rağmen bugüne kadar çalışmalar kromozom ve morfoloji üzerinde yoğunlaşmış, populasyon genetiği, taksonomisi ve filogenileri üzerine moleküler temelli çalışmalar eksik kalmıştır. Populasyonların sahip olduğu tür ve alttür düzeyleri, kromozomal formların belirli belirteçlere göre gösterdiği farklılıklar, çevresel etmenlerle ilişkileri ve evrimsel gelişimleri hakkında çalışmaların yapılması gerekmektedir. Evrimsel olayları açıklamada model bir organizma olmasına karşın, Türkiye *Spalax* populasyonları bu açıdan şimdiye kadar çok az çalışılmıştır.

Ayrıca körfarelerin gerek tür ismi gerekse tür isimlerinin kullanılmasında da tartışmalar yaşanmaktadır. Bazı bilim adamları *Nannospalax* bazıları da *Spalax* cins ismini kullanmaktadırlar. Körfarelerde görülen bu belirsizlikten dolayı karışıklıktan kaçınmak için bu çalışmada cins ismi olarak sadece *Spalax* kullanılmıştır.

Yukarıda verilen kaynak özetinden Türkiye’de yayılış gösteren *Spalax* cinsine ait iki türün; *S. leucodon* ve *S. ehrenbergi* bulunduğu ve bu türlere ait kromozomal formların taksonomik statüleri hakkında kesin karara varmada mevcut bilgilerin yeterli olmadığı, bunun için

kromozomal formların geniş örnekleme ile allozim varyasyon analizlerinin daha detaylı yapılması, bugüne kadar bu türler üzerinde Türkiye’de hiç uygulanmayan RAPD-pcr ve diğer moleküler analizlerin gerçekleştirilmesi ve her bir kromozomal formun genetik karakterlerinin ortaya konmasının gerekli olduğu anlaşılmaktadır. Bu nedenle bu çalışmada, İç Anadolu’da yaygın yayılışa sahip olan *S. l. cilicicus* ve Ege Bölgesi’nde yayılışa sahip olan *S. l. anaticus*’a ait kromozomal formlar arasında ve içinde allozim ve RAPD teknikleri ile genetik varyasyonun belirlenmesi ve her bir kromozomal formun taksonomik durumlarının (tür ya da alttür) belirlenmesine katkı sağlamak bu tez çalışmasının amacını oluşturmaktadır.

2. KURAMSAL TEMELLER

2.1 Ordo: Rodentia (Mammalia)

Rodentia ordosu 29 familya, 400'den fazla cins ve 2800'ün üzerinde türüyle memeli sınıfının en büyük takımıdır. Antartika ve Kutuplar, Yeni Zelanda ve birkaç okyanus takımadası hariç bütün karalara yayılmışlardır. Bu hayvanlar kara, ağaç, toprak altı ve yarı sucul olmak üzere çok farklı habitatlarda yayılış gösterirler. Diğer takımlardan kolayca ayrılabilen kemiricilerin kendi içlerinde filogenetik durumları birçok yönden kesin değildir. Çiğneme kasları ve kafatası yapıları kemiricileri sınıflandırmak için önemli morfolojik özelliklerdir. Her bir grup kafatası yapısı, çenenin kafatası ile yapmış olduğu bağlantıyla birbirinden ayrılır. Rodentia ordosu, çiğneme kaslarının konumuna göre bazı kaynaklarda 4, bazılarında 5 alttakıma ayrılmaktadır (Ognev 1947).

Rodentia takımını diğerlerinden ayıran en önemli ayırıcı karakterler, köpek dişleri ve ön azı dişlerinin kaybolması ile oluşan diastema boşluğudur. Diastema boşluğu üst kesici dişlerle birinci azı (molar) diş arasında bulunan ve besinleri toplamak için kullanılan bir boşluktur. Her iki çenenin önünde bulunan ikişer adet kesici diş tüm kemiricilerin ortak özelliği olup bu dişler köksüzdür ve devamlı büyürler. Kesici dişlerin kırılması halinde yerine yeni diş çıkmayacağından dolayı kırılan dişin karşısındaki diş devamlı büyüyerek hayvanın ölümüne neden olabilir (Ognev 1947). Azı molar dişlerin en önemli özelliği çiğneme yüzeylerinde mine katlanmalarının bulunmasıdır. Bu dişler kemirmede kullanılmaz ve büyümezler. Kemiricilerin genel diş formülü $1/1 \ 0/0 \ 0/0 \ 3/3 = 16$ 'dır. Bazı kemirici türlerinde ön azı (premolar) dişlerde bulunur. Bunların sayısı hiçbir zaman iki çiftten fazla olmaz. Kemiriciler en fazla 22 dişe sahiptirler (Harrison and Bates 1991).

Bazı türlerde besinin toplanmasına yarayan yanak keseleri vardır. Mideleri basit, körbağırsakları uzundur. Kuyrukları çoğunlukla uzun, bazı türlerde pullarla örtülüdür. Toprak altında tüneller kazarak yaşayanlarda tırnaklar gelişmiştir. Gözler yaşam biçimine bağlı olarak farklı büyüklükte olabilir. Toprak altında yaşayanlarda gözler küçülmüş hatta bazı türlerde körelerek deri altında kalmıştır. Gececi olanlarda ise

oldukça büyüktür. Gözler başın yan taraflarında yer aldıklarından hem önü hem de arkayı aynı anda görebilirler. Suda yaşayanlarda gözler başın üst kısmındadır. Kulaklar da yaşam biçimine göre değişik şekiller gösterir. Örneğin, toprak altında ve suda yaşayanlarda oldukça küçülmüştür. Kemiriciler genellikle herbivor ya da omnivordurlar. Üreme kapasiteleri çok yüksektir. Gebelik süreleri 14-170 gün arasında değişir. Çoğunlukla yılda birkaç defa doğururlar ve her doğumda 1-18 yavru yaparlar. Bazı türleri insanlar için hastalık taşıyıcıları nedeniyle ya da ekonomik yönden zararlıdır (Buckie and Smith 1994).

2.2 Familya: Spalacidae Gray, 1821

Körfareler yüksek derecede toprak altı hayata uyum göstermiş hayvanlardır. Neredeyse tamamen toprak altında yaşarlar ve kökler, rizomlar ve soğanlarla beslenirler. Bir dış açıklığı bulunmayan gözler küçülmüş ve görevini yitirmiştir. Dış kulak gerilemiştir ve kuyruk bulunmaz. Ayaklar kazmak için adapte olmamıştır, bu fonksiyon başın buldozer etkisi ile dişlerle yerine getirilmektedir. Pençeler özellikle genişlememiştir. Kafatası fossorial (kazıcı) hayat için oldukça farklılaşmıştır ve yetişkinlerde kuvvetli şekilde eğimli bir yapı kazanmıştır. Supraoccipital bölge posterior zygomatik köklerin seviyesine ulaşarak öne doğru meyilleşmiştir. Böylece kafatasının toplam uzunluğunun 1/3 veya daha fazlasını kapsar. Zygomatik plate'ler nispeten dardır; infraorbital foramina geniştir. Foramina incisiva çok küçüktür ve dar bir yarık şeklindedir. Pterygoid fossa dorsal olarak kapanmamıştır ve böylece geniş bir foramen gibi görülür. Kesici dişler oldukça geniştir, alt kesiciler mandibul üzerinde kondillerin gerisinde güçlü çıkıntılar (process) oluşturur. Çiğneme dişleri köklüdür; genç hayvanların dişlerinin iç ve dış girintili kıvrımları kısa sürede taç yüzeyinde izole olmuş adacıklar haline gelir (Harrison and Bates 1991). Baş ve vücut uzunluğu 130-310 mm arasında sıralanmaktadır. Ortalama vücut ağırlığı 100-570 gr arasında değişmektedir. Vücut büyüklüğü iklim, toprak tipi ve habitat verimliliğine bağlı olarak coğrafik olarak değişmektedir. Kürk rengi koyu kahverenginden sarımsı gri rengine kısmen toprak yapısına bağlı olarak değişmektedir. Kürk oldukça yumuşak, yoğun ve esnektir (Nevo 1991).

2.3 Cins: *Spalax* **Güldenstaedt, 1970. Nova Comm. Acad. Sci. Pet., ser. 14, 1: 410.**

Tip Türü: *Spalax microphthalmus* Guldenstaedt, 1770.

Sinonimler: *Anotis* Rafinesque, 1815; *Aspalax* Desmarest, 1804; *Glis* Erxleben, 1777; *Macrospalax* Mehély, 1909; *Mesospalax*, Mehély, 1909; *Microspalax* Mehély, 1909; *Myospalax* Hermann, 1783; *Nannospalax* Palmer, 1903; *Ommatostergus* Nordmann, 1840; *Talpoides* Lacepede, 1799; *Ujhelylana* Strand, 1922.

Spalax cinsi bireyleri hayatlarının neredeyse tamamını toprak altında dişleriyle kazdığı galerilerde geçirmekte ve bu galerileri açarken rastladıkları bitkilerin toprak altı organları ve bitkiyi kökünden tutup toprak altına komple çekerek yaprak kısımları ile beslenmektedir. Kış uykusuna yatmazlar. Soğuk kış ve çok sıcak yaz dönemlerinde aktivitesini azaltarak uygun mevsimlerde depoladığı besinleri yiyerek yaşamaktadır. Körfareler tarım alanlarında da yaygın bir şekilde bulunmaktadır ve özellikle soğan, havuç, patates gibi yumrulu bitkileri yuvasına taşıyarak depolar ve bu yüzden ürün kaybına sebep olurlar. Bir *Spalax* yuvasında 20 kg kadar patates bulunduğu belirlenmiştir (Harrison and Bates 1991). Vücut renkleri mevsimsel farklılıklar göstermekle birlikte, genel vücut rengi gövdenin üst tarafı ile yanlarda sarımsı olup çok sık ve yumuşak kıllarla kaplıdır. Kulak bölgesi ile gövdenin alt kısmı koyu, başın ön tarafı ise açık gri renktedir. Alt çeneden karına doğru uzanan kısım seyrek tüylerle kaplıdır (Kıral ve Benli 1979). Gövde silindir şeklinde olup, baş gövde kalınlığına yakındır. Boyun kısa ve gövde kalınlığı kadardır. Ağız küt, gözler körelmiş olup, büyükçe olan ve orta kulağa açılan kulak açıklığı tüyler arasında görülebilmektedir. Kuyruk mevcut olmayıp, bu kısımda çok küçük, çıplak bir çıkıntı vardır (Kıral ve Benli 1979).

Diş formülü: i 1/1, c 0/0, pm 0/0, m 3/3 = 16.

Ognev (1947) yaptığı monograf çalışmasında Spalacidae familyasını Spalacinae, Rhyzominae ve Myospalacinae olmak üzere üç altfamilyaya bölmüş ve körfareleri Spalacinae altfamilyası içerisine almıştır. Ognev (1947) çalışmasında, Ellerman (1941)'in altcins olarak kabul ettiği *Mesospalax* ve *Nannospalax* altcinslerini birleştirmiş ve bu cinsleri *Microspalax* cinsi adı altında kullanarak, Spalacinae

altfamilyasının tek cinsi olan *Spalax* cinsini *Microspalax* ve *Spalax* olmak üzere iki altcins şeklinde ayırmıştır.

Ellerman and Marrison-Scott (1966) yaptıkları geniş çaplı revizyon çalışmasında, körfareleri Spalacidae familyası altında tek bir cins (*Spalax*) altında inceleyerek, *Spalax* cinsini 3 türe (*S. leucodon*, *S. ehrenbergi*, *S. microphthalmus*) ayırmışlardır. Bu türlerden *S. leucodon*'un Macaristan, Bulgaristan, Romanya, Yugoslavya, Yunanistan, Türkiye, Batı Ukrayna ve Trans-Kafkasya'da yayılışa sahip olduğunu belirtmektedir. Bu çalışmada Ellerman and Marrison-Scott (1966), diğer bir tür olan *S. ehrenbergi*'nin yayılış alanına Türkiye'yi dahil etmemiş ve bu türün Suriye, Filistin, Mısır ve Libya'da yayılış gösterdiğini belirtmiştir.

Topachevskii (1969) revizyon çalışmasında günümüzde yaşayan körfareleri *Microspalax* ve *Spalax* olmak üzere iki ayrı cinse bölmüştür. Topachevskii (1969)'nin sınıflandırmasında *Microspalax* cinsine dahil olan *M. nehringi*, *M. leucodon*, *M. ehrenbergi* olmak üzere üç türün Türkiye'de yayılış gösterdiğini belirtmektedir. Bu türlerden *M. ehrenbergi*'nin Türkiye'nin güney kesimlerinde, *M. nehringi*'nin Anadolu'da ve *M. leucodon*'un ise Trakya'da yayılış gösterdiğini belirtmektedir.

Corbet (1978) sınıflandırmasında *Spalax* cinsini Spalacidae familyasının tek cinsi olarak vermiştir. Corbet (1978) çalışmasında *Spalax* cinsini üç türe (*S. microphthalmus*, *S. giganteus*, *S. leucodon*) bölmüştür. Bu türlerden *S. leucodon*'un Yunanistan, Güney Ukrayna, Kafkasya, Anadolu, Kuzey Irak, Suriye, İsrail, Mısır ve Libya'da yayılış gösterdiğini belirtmiştir.

Mursaloğlu (1979) Türkiye'den elde edilen 791 örneği inceleyerek Türkiye Spalacidae familyasını cins, altcins ve tür seviyesinde ele alarak Ognev (1947)'in verdiği cins ve altcinslerin Türkiye örnekleri içinde geçerli olduğunu belirtmiştir. Mursaloğlu (1979) tek cins olarak kabul ettiği *Spalax* cinsine ait yalnızca iki türün *S. leucodon* ve *S. ehrenbergi* Türkiye'de bulunduğunu belirtmiştir. Bu türlerden *S. ehrenbergi*'nin

Torosların güneyi ve Güneydoğu Anadolu bölgesinde, diğer türün ise bu bölge ve Türkiye'nin kıyı şeridi hariç bütün bölgelerde yayılış gösterdiğini belirtmiştir.

Gromov and Baranova (1981) yaptıkları sınıflandırmada Spalacidae familyasını iki cinse (*Spalax* ve *Nannospalax*) ayırmışlardır. Bu araştırmacılar *Nannospalax* cinsini üç türe (*N. leucodon*, *N. nehringi* ve *N. ehrenbergi*) *Spalax* cinsini beş türe (*S. giganteus*, *S. arenarius*, *S. microphthalmus*, *S. polonicus*, *S. graecus*) bölmüşlerdir. Bu türlerden *N. leucodon* türünün Yugoslavya, Yunanistan, Trakya (Türkiye), Moldovya ve USSR'nin Odesa bölgesine kadar, *N. nehringi*'nin Anadolu'da ve *N. ehrenbergi*'nin Güneydoğu Anadolu'da yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Ayrıca bu araştırmacılar, *Microspalax* Nehring 1898 cinsinin daha önce *Microspalax* Megnin ve Trouessart, 1884 şeklinde bir Acari için kullanıldığını belirterek, bu yüzden körfarelerde *Microspalax* yerine *Nannospalax* Palmer, 1903 şeklinde cins isminin kullanılması gerektiğini vurgulamıştır.

Corbet and Hill (1991) körfareleri Muridae familyası altında Spalacinae altfamilyası altında sınıflandırmıştır. Bu çalışmada körfareleri iki cins (*Spalax* ve *Nannospalax*) altında incelemiştir. Araştırmacılar bu cinslerden *Nannospalax*'ı üç tür (*N. ehrenbergi*, *N. leucodon*, *N. nehringi*) ve *Spalax*'ı beş tür (*S. arenarius*, *S. giganteus*, *S. graecus*, *S. microphthalmus* ve *S. polonicus*) halinde sınıflandırmışlardır. Bu türlerden *N. leucodon*'un Yugoslavya, Yunanistan ve Ukrayna'da, *N. nehringi*'nin Anadolu'da ve *N. ehrenbergi*'nin Suriye ve Libya'da yayılış gösterdiğini belirtmiştir.

Ronald and John (1983) çalışmasında *Spalax* cinsini kendine ait bir familya içine yerleştirmek yerine, bu cinsi Muridae familyası altındaki Spalacidae altfamilyası altına yerleştirmiştir. Bu çalışmada altfamilyanın tek cinsi olan *Spalax* içinde Corbet (1978)'e uygun olarak üç tür tanımlamıştır.

Wilson and Reeder (2005) geniş çaplı revizyon çalışmasında, körfareleri Spalacidae familyası ve Spalacinae altfamilyası içinde tek cins (*Spalax*) altında sınıflandırmışlardır. Araştırmacılar *Spalax* cinsini 13 türe (*S. arenarius*, *S. carmeli*, *S. galili*, *S. giganteus*, *S. golani*, *S. graecus*, *S. judaei*, *S. microphthalmus*, *S. uralensis*, *S. zemni*, *S. nehringi*, *S.*

leucodon, *S. ehrenbergi*) bölerek sınıflandırmışlardır. Araştırmacılar bu türlerden, *S. nehringi*'nin Gökçeada, Bozcaada, Trakya ve Güneydoğu Anadolu hariç bütün Türkiye'de, *S. leucodon*'un Balkanlar, Yunanistan, Romanya, Bulgaristan, Türkiye-Trakya ve Ukrayna'da, *S. ehrenbergi*'nin ise Güneydoğu Anadolu, Irak, Suriye, Lübnan, Ürdün, İsrail, Güney Afrika, Libya ve Mısır'da yayılışa sahip olduğunu belirtmektedir.

Yukarıdaki çalışmaların özetlerinden de anlaşılacağı gibi Spalacidae familyası hem familya düzeyinde hem de cins ve tür seviyesinde oldukça problemlidir. Bazı araştırmacılar Spalacidae familyasını Muridae familyası içinde bir altfamilya olarak (Ronald and John 1983, Carleton and Musser 1984, Corbet and Hill 1991), bazı araştırmacılar bağımsız bir familya olarak (Ognev 1947, Topachevskii 1969, Mursaloğlu 1979, Harrison and Bates 1991, Wilson and Reeder, 2005) değerlendirmektedir. Diğer taraftan cins seviyesinde, pek çok araştırmacı körfareleri iki cins altında (Topachevskii 1969, Gromov and Baranova 1981), bazı araştırmacılar tek cins altında (Ellerman and Morrison-Scott 1966, Corbet 1978, Ronald and John 1983, Corbet and Hill 1991, Wilson and Reeder 2005) ve bazıları ise alt cinslere bölerek (Ognev 1947, Mursaloğlu 1979) sınıflandırmışlardır. Bu karmaşıklığın sebebi, morfolojik açıdan aşırı benzerlik gösteren körfareler üzerine yapılan revizyon çalışmalarının sadece morfolojik temellere dayanıyor olmasından kaynaklanmaktadır. Bu nedenle Spalacidae taksonomisinin morfolojik verilerin yanında fizyoloji, sitogenetik ve moleküler genetik verilerine dayanan modern bir revizyona ihtiyacı vardır (Savic and Nevo 1990).

***Spalax leucodon* Nordmann, 1840. Demidoff Voy., 3:34**

Tip yeri: Odessa yakını, Ukrayna.

Sinonimleri:

1840. *Spalax typhlus leucodon* Nordmann. *Observations sur le faune Pontique*, 3: 34. Odessa yakını, Rusya.
1898. *Spalax ehrenbergi* Nehring, *Schriften berl. Ges. Naturf. Fr. Berlin*, (for December 1897): 178, pl. 2. Jaffa, Filistin.
1898. *Spalax kirgisorum* Nehring, *Schriften berl. Ges. Naturf. Fr. Berlin*: 176, pl. 4 Kuzey Suriye.

1903. *Spalax berytensis* Miller, *Proceedings biol. Soc. Wash.*, 16 : 162. Beyrut, Suriye.
1938. *Spalax leucodon*, Migulin A. A., *Mammals of the Ukranian SSR*, S. 345.

***Spalax ehrenbergi* (Nehring, 1898) Sitzb. Ges. Naturf. Fr. Berlin (Aralık, 1897),
178, pl. 2.**

Tip yeri: Yafa, İsrail.

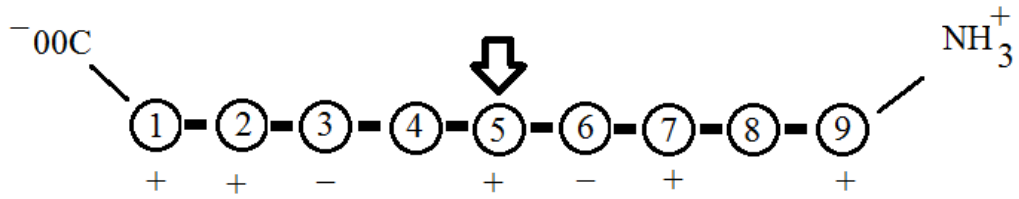
Sinonimleri: *aegyptiacus* Nehring, 1898; *berytensis* Miller, 1903; *fritschi* Nehring, 1902; *intermedius* Nehring, 1898; *kirgisorum* Nehring, 1898; *nevoi* Coşkun, 1996; *tuncelicus* Coşkun, 1996, *ceyhanus*, Coşkun, 2009.

2.4 Allozim Elektroforez Tekniğinin Prensipleri

Hunter and Markert (1957) tarafından bulunan, histokimyasal metotlarla enzimlerin varlığını ortaya çıkartan ve enzimlerin katalitik özelliklerini kullanan protein elektroforezi fikri günümüze kadar genetikçiler tarafından yaygın olarak kullanılmıştır. Böylece izozimler olarak bilinen ve aynı katalitik özelliklere sahip olan pek çok molekülü tanımlamak mümkün olmuştur. Her bir organizmada katalitik aktivite gösteren izozimlerin sayısı genellikle azdır ve jel üzerinde sadece birkaç bant şeklinde gözlenebilir. Jeller üzerinde gözlenen her bir bant, bir-iki veya daha fazla gen tarafından sentezlenen farklı bir proteini simgelemektedir. Bu proteinleri kodlayan genlerin iki önemli özelliği vardır. Bunlar bu genlerin kodominant olmaları ve büyük bir bölümünün polimorfik olmasıdır (Pasteur *et al.* 1988). Proteinleri kodlayan genlerin bu özellikleri ilk defa Lewontin and Hubby (1966) tarafından *Drosophila*'da keşfedilmiştir. Protein elektroforezi bir bireydeki çok sayıda genin eş zamanlı olarak hızlı bir şekilde çalışmasına ve 100 den fazla bireyin eş zamanlı olarak test edilmesine olanak sağlamaktadır (Pasteur *et al.* 1988).

Elektroforetik olarak analiz edilen proteinlerin çoğu temel metabolik yollardaki basamakları katalizleyen çözünebilir (soluble) enzimlerdir. Lifli yapılı proteinler fiziksel olarak dirençli olduklarından ve su ya da zayıf bazik çözeltilerde çözünmediklerinden dolayı elektroforetik olarak analiz edilemezler. Çözünebilir enzimler zar yapılarına bağlanmak yerine sitoplazmada çözülmüş oldukları için, hücre membranı veya hücre duvarının parçalanması, onların çalışma çözeltilerinde serbest kalmasını sağlamaktadır.

Proteinleri oluşturan aminoasitler farklı yüklere sahiptirler. Bu nedenle proteinler, üç boyutlu molekül yapısındaki aminoasitlerin düzenine bağlı olarak genellikle net bir yüke sahiptirler. Protein moleküllerinin sahip oldukları bu elektrik yükü, onların bir elektrik alanda zıt yüklü terminale doğru göçüne neden olmaktadır. Bir molekülün göç hızı, doğrudan sahip olduğu yükün miktarına bağlıdır. Ayrıca az derecede etkisi olmasına rağmen, göç hızı bir proteinin molekül büyüklüğü ve şekline de bağlıdır. Aynı lokustaki farklı alleller tarafından kodlanan bir enzimin farklı yapıları allozimler olarak adlandırılır. Eğer bir lokustaki iki allelin protein ürünleri farklı yüklere veya önemli derecede farklı şekillere sahipse, onların göç hızları da farklı olacaktır. Bunlar, boyandıkları zaman jel üzerinde ayrı bantlar şeklinde görüleceklerdir. Bunu bir örnek ile açıklayabiliriz. Dokuz aminoasit içeren bir polipeptitten oluşmuş bir proteini örnek olarak alalım (Şekil 2.1).



Şekil 2.1 Dokuz aminoasitten oluşan bir polipeptit zinciri

Bu proteinde 1, 2, 5, 7 ve 9 numaralı aminoasitlerin radikal gruplarının pozitif, 3, 6'nın negatif ve 4 ve 8'in nötr yüklü olduklarını varsayalım. Protein molekülüne genel olarak baktığımızda polipeptidin net yükü $+1+1-1+0+1-1+1+0+1= +3$ olmaktadır. Bu polipeptit zincirinde 5 numaralı aminoasitin lizin (TTC) olduğunu kabul edelim. Lizin aminoasitini kodlayan gende nokta mutasyonları meydana geldiğini varsayarsak;

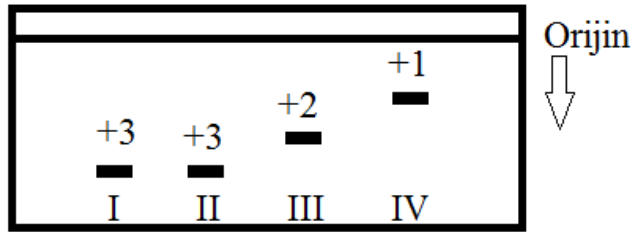
Eğer kodon TTC, TCC şeklinde nokta mutasyona uğrarsa, 5 numaralı pozisyonundaki lizin amino asiti arjinin olacak ve gen yeni bir allozimi kodlayan yeni bir allele sahip olacaktır. Oluşacak bu yeni polipeptit II, lizin ve arjinin aminoasitinin aynı yüküne sahip olmasından dolayı yine +3 değerli olacaktır.

Eğer kodon TTC, TGC şeklinde nokta mutasyona uğrarsa, yeni allozim III 5 numaralı pozisyonunda lizin yerine treonin aminoasitine sahip olacaktır. Treonin nötr değerli olduğundan yeni polipeptidin toplam yükü +2 olacaktır.

Eğer kodon TTC, CTC şeklinde nokta mutasyona uğrarsa, Yeni polipeptit IV'in 5 numaralı aminositi lizin yerine arjinin olacaktır. Arjinin negatif değerli olduğu için yeni polipeptidin toplam yükü +1 olacaktır.

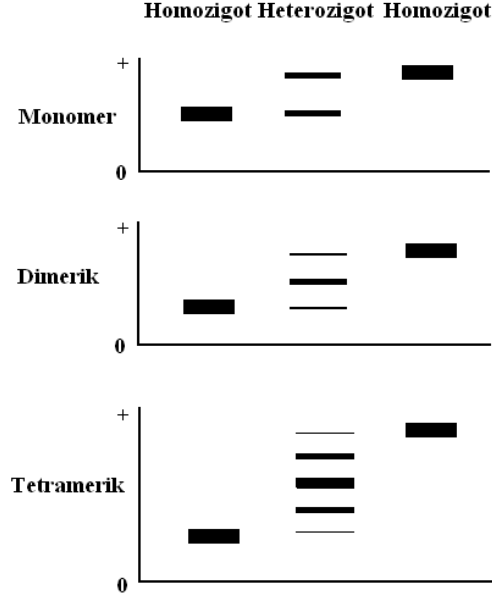
Son olarak, eğer kodon TTC, TTT şeklinde nokta mutasyona uğrarsa, yeni polipeptit V'de 5 numaralı aminoasit yine lizini kodlayacak ve yük değişmeyecektir.

Oluşan bu beş farklı allozimleri jel üzerinde koşturduğumuzda, bu allozimlerin farklı mobilitelere sahip olduklarını görebiliriz (Şekil 2.2).



Şekil 2.2 Polipeptit zincirinde mutasyon sonucu oluşan 4 yeni polipeptidin elektroforetik mobiliteleri

Elektroforezde incelenen proteinlerin çoğu özel biyokimyasal reaksiyonları katalizleyen enzimlerdir. Bu enzimlerin bazıları peptit zincirinin veya gen ürünlerinin birden fazla kopyasından meydana gelir. Enzim, eğer tek polipeptit zinciri aktif olan protein ise bir monomerdir, eğer her biri tek bir polipeptit zincirinden oluşan iki alt ünitelerden meydana gelmişse dimerdir. Eğer aktif protein oluşturmak için dört alt ünite gerekliyse tetramerdir. Monomer, dimer ve tetramer enzimlerde görülecek bant kalıpları Şekil 2.3'te gösterilmiştir.



Şekil 2.3 Monomerik, Dimerik ve Tetramerik enzimlerin elektroforetik bant modelleri (Harris and Hopkinson 1976)

2.5 RAPD-pcr Tekniğinin Prensipleri

RAPD yönteminin temel prensibi, ilgili olan türe ait genomik DNA üzerinde rastgele seçilmiş, tek bir 9-10 bp oligonükleotidin, düşük bağlanma sıcaklığında tesadüfi olarak bağlanarak PCR ile çoğaltma yapmasıdır. Tekniğin devamında elde edilen çoğaltma ürünü radyoaktif olmayan standart jel elektroforezinde yürütülür ve çoğaltma ürünleri bantlar halinde gözlemlenerek incelenir. Bunların varlığı veya yokluğuyla sonuçlar değerlendirilmektedir (Williams *et al.* 1990, Welsh and McClelland 1990).

Moleküler sistematikte kullanılan DNA temeline dayalı diğer teknikler ile karşılaştırıldığında, RAPD tekniğinin en büyük avantajı, ilgilenilen taksonun genleriyle ilgili herhangi bir ön bilgi gerektirmemesidir (Williams *et al.* 1990). Çoğaltmada tüm organizmalar için aynı oligonükleotid primer seti kullanılabilir ve bu oligonükleotit özgün bölgelere rastgele bağlanarak çoğaltma yapmaktadır (Williams *et al.* 1990). Bir primerlerle, farklı hayvanların genomik DNA'ları farklı olacağından, oluşacak RAPD belirteçler de farklı olacaktır. Bu farklılık organizmaların karşılaştırılmasını sağlayacaktır (Glick and Pasternak 1998). Ayrıca radyoaktiviteye, Southern transferlere veya DNA hibridizasyonuna gerek duyulmamaktadır. RAPD karakterlerinin sayısı, ihtimal olarak sınırsızdır. Kullanılan primer sayısı arttıkça elde

edilen bant sayısı da artacaktır. Bu açıdan yakın türleri ayırmada izozimden daha duyarlıdır (Mathieu-Daude *et al.* 1996). Farklı arařtırıcılar tarafından kodominant veriler gerektirmeyen sistematik problemlerin çözümünde RAPD belirteçlerin kullanımı güçlü bir şekilde savunulmaktadır (Welsh *et al.* 1991). Bununla beraber metodun sınırlılıkları da vardır. RAPD kullanım açısından kolay olmasına karşılık, belirteçleri dominanttır ve heterozigotları teşhis etmek zordur (Mathieu-Daude *et al.* 1996). Çalışmalar sonucunda elde edilen verilerin tekrarlanabilirliği, reaksiyona giren tüm değişkenlere bağılı olduğundan düşüktür. Bunun için yöntemin optimize edilip tekrarlanabilirliğinin test edilmesi gerekmektedir.

Populasyonun genetik parametrelerini ve filogenilerini analiz etmek için RAPD belirteçleri kullanıldığı zaman farklılığın varlığı ya da yokluğu, çoğaltılmış ürünlere veya araştırma yöntemlerinin yanlışığına bağılı olabilir. Bazı yazarlar, RAPD belirteçlerinin filogenetik bilginin belirli bir miktarını içerdiğini fakat filogenilerin bu belirteçlerle çıkarılmasının kolay olmadığını ve elde edilen sonuçların yorumlanmasının genellikle zor olduğunu öne sürmüşlerdir (Lowe *et al.* 2004). Ayrıca Heun and Helentjaris (1993), RAPD belirteçlerindeki gözlenen belirli farklılıkların sebebinin, tanıma bölgesindeki nokta mutasyonlarında olmayabileceğine, bunun yerine PCR ürünleri ve primerler arasındaki rekabetten kaynaklandığına dikkat çekerler (Landry and Lapointe 1996). Bu tip farklılıklar, akrabalık ilişkilerinin ölçümlerini allak bullak edebilmektedir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Bu çalışma hem arazi hem de laboratuvar olmak üzere iki aşamalı yürütülmüştür. Arazi çalışmalarının yapıldığı ve örneklerin alındığı lokaliteler Şekil 3.1’de harita üzerinde gösterilmiştir. Araziden toplanan örnekler kabanlar ile canlı olarak laboratuvara getirilmiş, hayvan bakım odasında bir süre bekletildikten sonra Hayvan Deneyleri Etik Kurulu yönetmeliğine uygun olarak deneylere tabi tutulan örneklerin standart dış ölçüleri (tüm boy, ardayak) ve ağırlıkları (gr) alınmıştır. Ford and Hamerton (1956)’a göre “Colchicinehypotonic citrate” tekniği kullanılarak karyotip analizleri yapılmıştır. Hazırlanan karyotip preparatlarından x100’lük immersiyon objektif ile her örneğin yaklaşık 30 metafaz hücresi incelenerek, diploid kromozom sayısı (2n), temel kromozom kol sayısı (NF) ve otozomal kromozomların kol sayısı (NFa) saptanmıştır ve iyi görünen metafaz plaklarının fotoğrafları çekilerek karyotipleri hazırlanmıştır. Her bir örneğin baş iskeletleri % 15’lik amonyak içinde 80 °C’deki su banyosunda 1-2 saat tutulduktan sonra ince uçlu bir pens ile temizlenerek 35 °C’deki etüvde kurumaya bırakılmıştır. Ayrıca araziden toplanan canlı örneklerden elektroforetik ve RAPD çalışmalarında daha sonra kullanmak üzere kan ve doku örnekleri alınmış ve -70 °C derin dondurucuda muhafaza edilmiştir.

Özellikle morfolojik çalışmalarda karakterlerin yaşa bağlı varyasyonlarını mümkün olduğu kadar bertaraf etmek amacıyla, bütün örneklerin Kıvanç (1988)’e göre yaş tayini yapılarak ergin ve ergin olmayan örnekler saptanmış ve morfolojik değerlendirmelerde sadece ergin örneklerin ölçüleri kullanılmıştır. Daha önceki çalışmalarda (Kıvanç 1988, Kankılıç *et al.* 2006) körfarelerde, erkekler ve dişiler arasında eşeyssel dimorfizm belirlendiğinden dolayı, morfolojik karşılaştırmalarda erkek ve dişi örnekler ayrı değerlendirilmiştir. Örneklerin teşhisi Kıvanç (1988)’e göre yapılmıştır.

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *S. leucodon* örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M=Morfoloji, A=Allozim, R=RAPD

Lok	Kayıt Numarası	Lokalite	2n, NF	Rakım	Enlem	Boylam	M	A	R
1	6256♀	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı Köyü	2n=36 NF=68	35 m	37°44'N	27°34'E	•	•	•
2	6222♀	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı Köyü	2n=36 NF=68	35 m	37°44'N	27°34'E	•	•	•
3	6250♀	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı Köyü	2n=36 NF=68	35 m	37°44'N	27°34'E	•	•	•
4	6215♀	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı Köyü	2n=36 NF=68	35 m	37°44'N	27°34'E	•	•	•
5	6251♂	Aydın-Koçarlı-Haydarlı Köyü	2n=36 NF=68	26 m	37°44'N	27°33'E	•	•	•
6	6207♀	Aydın-Koçarlı-Haydarlı Köyü	2n=36 NF=68	26 m	37°44'N	27°33'E	•	•	•
7	6209♂	Aydın-Koçarlı-Haydarlı Köyü	2n=36 NF=68	26 m	37°44'N	27°33'E	•	•	•
8	6197♀	Aydın-Koçarlı-Bıyıklı Köyü	2n=36 NF=68	41 m	37°45'N	27°34'E	•	•	•
9	6232♂	Aydın-Magnesia -Ortaklar	2n=36 NF=68	128 m	37°44'N	28°06'E	•	•	•
10	6218♀	Aydın-Magnesia -Ortaklar	2n=36 NF=68	128 m	37°44'N	28°06'E	•	•	•
11	5258♀	Aydın-Kemer Mezarlığı	2n=36 NF=68	64 m	37°34'N	27°25'E	•	•	•
12	6161♀	Balıkesir-Bigadiç-Çömlekçi	2n=38 NF=74	417 m	39°29'N	28°02'E	•	•	•
13	6134♀	Balıkesir-Bigadiç-Çömlekçi	2n=38 NF=74	417 m	39°29'N	28°02'E	•	•	•
14	6160♀	Balıkesir-Kepsut	2n=38 NF=74	80 m	39°41'N	28°10'E	•	•	•
15	6120♂	Balıkesir-Kepsut	2n=38 NF=74	80 m	39°41'N	28°10'E	•	•	•
16	6154♀	Balıkesir-Kepsut	2n=38 NF=74	80 m	39°41'N	28°10'E	•	•	•
17	6144♂	Balıkesir-Kepsut	2n=38 NF=74	80 m	39°41'N	28°10'E	•	•	•
18	6162♂	Balıkesir-Kepsut	2n=38 NF=74	80 m	39°41'N	28°10'E	•	•	•
19	6150♀	Balıkesir-Kepsut	2n=38 NF=74	80 m	39°41'N	28°10'E	•	•	•
20	6138♂	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
21	6139♀	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
22	6140♀	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
23	6132♀	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
24	6164♂	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
25	6118♀	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
26	6165♂	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
27	6168♀	İzmir-Foça-Bağarası	2n=38 NF=74	100 m	38°40'N	26°45'E	•	•	•
28	6131♂	Manisa-Akhisar	2n=38 NF=74	132 m	38°55'N	27°51'E	•	•	•
29	6153♀	Manisa-Akhisar	2n=38 NF=74	132 m	38°55'N	27°51'E	•	•	•
30	5569♀	Manisa-Hamidiye	2n=38 NF=74	117 m	38°56'N	27°44'E	•	•	•
31	5219♂	Manisa-Dursunbey	2n=38 NF=74	661 m	39°33'N	28°28'E	•	•	•
32	5211♂	Manisa-Gelenbe	2n=38 NF=74	237 m	39°10'N	27°50'E	•	•	•
33	5218♀	Bursa-Karacabey	2n=38 NF=74	442 m	39°10'N	27°50'E	•	•	•
34	5214♀	Manisa-Kırkağaç-Gelenbe	2n=38 NF=74	235 m	39°58'N	28°26'E	•	•	•
35	6203♂	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
36	6255♂	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
37	4731♂	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
38	4730♂	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
39	4734♂	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
40	6219♂	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
41	4733♀	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
42	6268♀	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
43	6267♀	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
44	6263♀	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
45	4732♀	Konya-Beyşehir-Yeşil dağ	2n=40 NF=72	1130 m	37°32'N	31°28'E	•	•	•
46	6225♀	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
47	6254♂	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
48	6202♀	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
49	6269♂	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
50	6266♂	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
51	6265♀	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
52	6262♀	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
53	6210♂	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
54	6206♀	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•
55	6204♀	Isparta-Yenişarbademli	2n=40 NF=72	1210 m	37°42'N	31°23'E	•	•	•

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *S. leucodon* örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M=Morfoloji, A=Allozim, R=RAPD (devam)

Lok	Kayıt Numarası	Lokalite	2n, NF	Rakım	Enlem	Boylam	M	A	R
56	2169♀	Mersin-Sebil Yaylası	2n=52 NF=72 G	1080 m	37°07'N	34°33'E		•	•
57	2165♂	Mersin-Sebil Yaylası	2n=52 NF=72 G	1080 m	37°07'N	34°33'E		•	•
58	2166♀	Mersin-Sebil Yaylası	2n=52 NF=72 G	1080 m	37°07'N	34°33'E		•	•
59	3851♀	Mersin-Çamlıyayla	2n=52 NF=72 G	2024 m	37°16'N	34°33'E		•	•
60	2658♂	Mersin-Çamlıyayla	2n=52 NF=72 G	2024 m	37°16'N	34°33'E		•	•
61	3848♀	Mersin-Çamlıyayla	2n=52 NF=72 G	2024 m	37°16'N	34°33'E		•	
62	4011♂	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	
63	4015♂	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	
64	4009♂	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	•
65	4012♂	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	
66	4018♀	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	
67	4010♂	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	
68	4016♀	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	•
69	4017♀	Bolu-Yeniçağa	2n=52 NF=70 K	1000 m	40°46'N	32°01'E		•	
70	4203♀	Bolu-Mudurnu	2n=52NF=70 K	880 m	40°27'N	31°12'E		•	•
71	3988♂	Bolu-Mengen-Demirciler	2n=52NF=70 K	690 m	40°57'N	32°05'E		•	•
72	3986♀	Bolu-Mengen-Demirciler	2n=52NF=70 K	690 m	40°57'N	32°05'E		•	
73	3985♂	Bolu-Mengen-Demirciler	2n=52NF=70 K	690 m	40°57'N	32°05'E		•	•
74	3987♀	Bolu-Mengen-Demirciler	2n=52NF=70 K	690 m	40°57'N	32°05'E		•	•
75	4840♀	Bolu-Seben	2n=52NF=70 K	761 m	40°24'N	31°34'E	•	•	•
76	4849♀	Bolu-Seben	2n=52NF=70 K	761 m	40°24'N	31°34'E	•	•	•
77	4836♀	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
78	4832♂	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
79	4830♂	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	•
80	4825♀	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
81	4829♂	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
82	4833♀	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
83	4834♀	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
84	4831♀	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
85	5580♂	Bolu-Gerede	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E		•	
86	4929♀	Bolu-Abant	2n=52NF=70 K	1326 m	40°47'N	32°11'E	•	•	
87	4201♂	Bolu-Abant	2n=52NF=70 K	868 m	40°43'N	31°32'E		•	•
88	4202♂	Bolu-Abant	2n=52NF=70 K	868 m	40°43'N	31°32'E		•	
89	4938♀	Bolu-Merkez	2n=52NF=70 K	768 m	40°44'N	31°34'E	•	•	
90	4937♀	Bolu-Merkez	2n=52NF=70 K	768 m	40°44'N	31°34'E	•	•	
91	4936♀	Bolu-Merkez	2n=52NF=70 K	768 m	40°44'N	31°34'E	•	•	
92	4935♀	Bolu-Merkez	2n=52NF=70 K	768 m	40°44'N	31°34'E	•	•	
93	5593♀	Bolu-Gölköy Göleti	2n=52NF=70 K	817 m	40°42'N	31°30'E		•	
94	5594♀	Bolu-Gölköy Göleti	2n=52NF=70 K	817 m	40°42'N	31°30'E		•	
95	4572♀	Kırşehir-Seyfe Gölü	2n=54NF=74	1135 m	39°11'N	34°20'E	•	•	•
96	4571♀	Kırşehir-Seyfe Gölü	2n=54NF=74	1135 m	39°11'N	34°20'E	•	•	•
97	4557♂	Kırşehir-Seyfe Gölü	2n=54NF=74	1135 m	39°11'N	34°20'E	•	•	
98	5170♀	Kırıkkale 5 Km doğu	2n=54NF=74	744 m	39°50'N	33°33'E	•	•	•
99	5172♂	Kırıkkale 5 Km doğu	2n=54NF=74	744 m	39°50'N	33°33'E	•	•	•
100	4916♀	Kırıkkale 5 Km doğu	2n=54NF=74	744 m	39°50'N	33°33'E	•	•	•
101	5171♂	Kırıkkale 5 Km doğu	2n=54NF=74	744 m	39°50'N	33°33'E	•	•	•
102	4917♀	Kırıkkale 5 Km doğu	2n=54NF=74	744 m	39°50'N	33°33'E	•	•	•
103	5452♂	Kırıkkale 10 Km doğu	2n=54NF=74	773 m	39°51'N	33°35'E	•	•	•
104	5453♂	Kırıkkale 10 Km doğu	2n=54NF=74	773 m	39°51'N	33°35'E	•	•	•
105	4913♂	Kırıkkale-Keskin	2n=54NF=74	1144 m	39°40'N	33°36'E	•	•	
106	4912♂	Kırıkkale-Keskin	2n=54NF=74	1144 m	39°40'N	33°36'E	•	•	
107	364♀	Kırıkkale-Delice	2n=54NF=74	690 m	39°56'N	34°01'E		•	
108	3490♀	Mersin-Gülek-Elmalı	2n=56NF=72 G	1835 m	37°22'N	38°45'E		•	
109	3499♀	Mersin-Gülek-Elmalı	2n=56NF=72 G	1835 m	37°22'N	38°45'E		•	•
110	3504♂	Mersin-Gülek	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
111	3496♀	Mersin-Gülek	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
112	3495♀	Mersin-Gülek	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
113	3497♂	Mersin-Gülek	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	•
114	2628♀	Mersin-Gülek	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *S. leucodon* örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M=Morfoloji, A=Allozim, R=RAPD (devam)

Lok	Kayıt Numarası	Lokalite	2n, NF	Rakım	Enlem	Boylam	M	A	R
115	2631♀	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E	•		
116	3501♀	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
117	2626♀	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
118	2627♀	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
119	3502♀	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
120	2629♀	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
121	2630♂	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
122	3503♀	Mersin-Gülek-Yılanovası	2n=56NF=72 G	1140 m	37°15'N	34°46'E		•	
123	3506♀	Mersin-Gülek-Karboğazı	2n=56NF=72 G	1305 m	37°18'N	34°43'E		•	
124	3505♀	Mersin-Gülek-Karboğazı	2n=56NF=72 G	1305 m	37°18'N	34°43'E		•	
125	3489♀	Mersin-Gülek-Karboğazı	2n=56NF=72 G	1305 m	37°18'N	34°43'E		•	•
126	3500♀	Mersin-Gülek-Karboğazı	2n=56NF=72 G	1305 m	37°18'N	34°43'E		•	•
127	3494♀	Mersin-Gülek-Karboğazı	2n=56NF=72 G	1305 m	37°18'N	34°43'E		•	•
128	6257♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
129	4784♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
130	4791♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
131	4794♂	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
132	4792♂	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
133	4795♂	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
134	4793♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	•
135	6220♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
136	6213♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
137	6270♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	•
138	6212♀	Isparta-Aksu-Yılanlı Köyü	2n=56NF=72 B	1227 m	37°47'N	30°59'E	•	•	
139	6141♀	Manisa-Kula	2n=56NF=72 B	661 m	38°32'N	28°38'E	•	•	•
140	6135♂	Manisa-Kula	2n=56NF=72 B	661 m	38°32'N	28°38'E	•	•	•
141	6117♂	Manisa-Kula	2n=56NF=72 B	661 m	38°32'N	28°38'E	•	•	
142	6151♀	Manisa-Kula	2n=56NF=72 B	661 m	38°32'N	28°38'E	•	•	
143	6224♀	Uşak-Gediz Sapağı	2n=56NF=72 B	691 m	38°40'N	29°14'E	•	•	•
144	5571♀	Uşak-Gediz Sapağı	2n=56NF=72 B	691 m	38°40'N	29°14'E		•	
145	5570♂	Uşak-Gediz Sapağı	2n=56NF=72 B	691 m	38°40'N	29°14'E		•	
146	3498♀	Niğde-Ulukışla 30 Km batı	2n=58NF=72	1460 m	37°32'N	34°28'E		•	•
147	3491♂	Niğde-Ulukışla 30 Km batı	2n=58NF=72	1460 m	37°32'N	34°28'E		•	
148	2214♀	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	
149	2213♀	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	
150	2201♂	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	•
151	2202♂	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	
152	2109♀	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	
153	2113♂	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	•
154	2112♀	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	
155	2220♂	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	•
156	2221♀	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	
157	2433♀	Niğde-Ulukışla-Madenköy	2n=58NF=72	1717 m	37°26'N	34°37'E		•	•
158	2334♀	Niğde-Ulukışla-Karagöl	2n=58NF=72	2588 m	37°24'N	34°33'E		•	
159	2336♀	Niğde-Ulukışla-Karagöl	2n=58NF=72	2588 m	37°24'N	34°33'E		•	
160	2335♂	Niğde-Ulukışla-Karagöl	2n=58NF=72	2588 m	37°24'N	34°33'E		•	
161	2337♂	Niğde-Ulukışla-Karagöl	2n=58NF=72	2588 m	37°24'N	34°33'E		•	•
162	2333♂	Niğde-Ulukışla-Karagöl	2n=58NF=72	2588 m	37°24'N	34°33'E		•	•
163	2657♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E		•	•
164	2656♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E		•	•
165	57♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
166	55♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
167	58♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
168	56♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
169	59♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
170	3498♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
171	1562♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
172	1569♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
173	1718♀	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
174	1725♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *S. leucodon* örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M=Morfoloji, A=Allozim, R=RAPD (devam)

Lok	Kayıt Numarası	Lokalite	2n, NF	Rakım	Enlem	Boylam	M	A	R
175	1561♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
176	3502♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
177	3489♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
178	1721♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
179	1708♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
180	1714♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
181	1715♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
182	3491♂	Adana-Pozantı-Alpu	2n=58NF=72	1060 m	37°28'N	34°52'E	•		
183	6143♀	Manisa-Selendi	2n=60NF=74	446 m	38°44'N	28°52'E	•	•	•
184	4906♀	Kastamonu-Küre	2n=60NF=74	999 m	41°48'N	33°42'E		•	
185	6146♀	Bilecik-Bozüyük	2n=60NF=76	754 m	39°54'N	30°02'E	•	•	
186	6148♀	Bilecik-Bozüyük	2n=60NF=76	754 m	39°54'N	30°02'E	•	•	•
187	6159♂	Bilecik-Bozüyük	2n=60NF=76	754 m	39°54'N	30°02'E	•	•	•
188	6116♀	Bilecik-Bozüyük	2n=60NF=76	754 m	39°54'N	30°02'E	•	•	
189	6149♀	Bilecik-Söğüt	2n=60NF=76	818 m	39°05'N	28°58'E	•	•	•
190	6147♀	Bilecik-Söğüt	2n=60NF=76	818 m	39°05'N	28°58'E	•	•	
191	6163♀	Bilecik-Söğüt	2n=60NF=76	818 m	39°05'N	28°58'E	•	•	•
192	6136♀	Bilecik-Söğüt	2n=60NF=76	818 m	39°05'N	28°58'E	•	•	•
193	6119♂	Kütahya-Simav-Küplüce	2n=60NF=76	1132 m	38°59'N	29°03'E	•	•	•
194	6145♂	Kütahya-Simav-Küplüce	2n=60NF=76	1132 m	38°59'N	29°03'E	•	•	•
195	6133♂	Kütahya-Simav-Küplüce	2n=60NF=76	1132 m	38°59'N	29°03'E	•	•	
196	6142♂	Kütahya-Simav-Küplüce	2n=60NF=76	1132 m	38°59'N	29°03'E	•	•	
197	6169♀	Kütahya-Simav-Küplüce	2n=60NF=76	1132 m	38°59'N	29°03'E	•	•	
198	6152♂	Kütahya-Simav-Küplüce	2n=60NF=76	1132 m	38°59'N	29°03'E	•	•	
199	6137♂	Kütahya-Simav-Küplüce	2n=60NF=76	1132 m	38°59'N	29°03'E	•	•	
200	5846♀	Kütahya-Emet	2n=60NF=76	904 m	39°20'N	29°15'E	•	•	•
201	5848♂	Kütahya-Emet	2n=60NF=76	904 m	39°20'N	29°15'E	•	•	•
202	5847♀	Kütahya-Emet	2n=60NF=76	904 m	39°20'N	29°15'E	•	•	
203	3720♀	Kütahya-Hava Tugayı	2n=60NF=76	929 m	39°24'N	30°01'E		•	
204	3719♀	Kütahya-Hava Tugayı	2n=60NF=76	929 m	39°24'N	30°01'E		•	
205	3684♀	Kütahya-Hava Tugayı	2n=60NF=76	929 m	39°24'N	30°01'E		•	•
206	3683♂	Kütahya-Hava Tugayı	2n=60NF=76	929 m	39°24'N	30°01'E		•	•
207	3700♂	Kütahya-Hava Tugayı	2n=60NF=76	929 m	39°24'N	30°01'E		•	
208	3493♂	Aksaray-Şereflikoçhisar	2n=60NF=76	1095 m	39°00'N	35°93'E		•	•
209	5937♀	Eskişehir-Sivrihisar-Günyüzü	2n=60NF=76	888 m	39°23'N	31°48'E	•	•	•
210	5938♀	Eskişehir-Sivrihisar-Günyüzü	2n=60NF=76	888 m	39°23'N	31°48'E	•	•	•
211	5945♀	Eskişehir-Sivrihisar-Günyüzü	2n=60NF=76	888 m	39°23'N	31°48'E	•	•	
212	5939♀	Eskişehir-Sivrihisar-Günyüzü	2n=60NF=76	888 m	39°23'N	31°48'E	•	•	
213	5944♂	Eskişehir-Sivrihisar-Günyüzü	2n=60NF=76	888 m	39°23'N	31°48'E	•	•	•
214	4904♂	Eskişehir-Sivrihisar-Günyüzü	2n=60NF=76	888 m	39°23'N	31°48'E	•	•	
215	4300♂	Konya-Akşehir	2n=60NF=76	1028 m	38°21'N	31°25'E	•	•	
216	4787♂	Konya-Akşehir	2n=60NF=76	1028 m	38°21'N	31°25'E	•	•	
217	4786♂	Konya-Akşehir	2n=60NF=76	1028 m	38°21'N	31°25'E	•	•	
218	2527♀	Konya-Akşehir	2n=60NF=76	1028 m	38°21'N	31°25'E		•	
219	2523♂	Konya-Akşehir	2n=60NF=76	1028 m	38°21'N	31°25'E		•	
220	2524♀	Konya-Akşehir	2n=60NF=76	1028 m	38°21'N	31°25'E		•	
221	25♂	Konya-Akşehir	2n=60NF=76	1028 m	38°21'N	31°25'E	•		
222	4306♀	Konya-Beyşehir 10 Km Kuzey	2n=60NF=76	1129 m	37°42'N	37°04'E	•	•	
223	4301♂	Konya-Beyşehir 10 Km Kuzey	2n=60NF=76	1129 m	37°42'N	37°04'E	•		
224	4330♂	Konya-Beyşehir 10 Km Kuzey	2n=60NF=76	1129 m	37°42'N	37°04'E	•		
225	4334♂	Konya-Beyşehir 10 Km Kuzey	2n=60NF=76	1129 m	37°42'N	37°04'E	•		
226	4329♀	Konya-Beyşehir 10 Km Kuzey	2n=60NF=76	1129 m	37°42'N	37°04'E	•		
227	4305♀	Konya-Beyşehir 10 Km Kuzey	2n=60NF=76	1129 m	37°42'N	37°04'E	•		
228	4307♂	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelî	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•	•	
229	4308♂	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelî	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•	•	
230	4299♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelî	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•	•	
231	4304♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelî	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•	•	
232	4310♂	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelî	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•	•	•
233	4309♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelî	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•	•	
234	4294♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelî	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•	•	

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *S. leucodon* örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M=Morfoloji, A=Allozim, R=RAPD (devam)

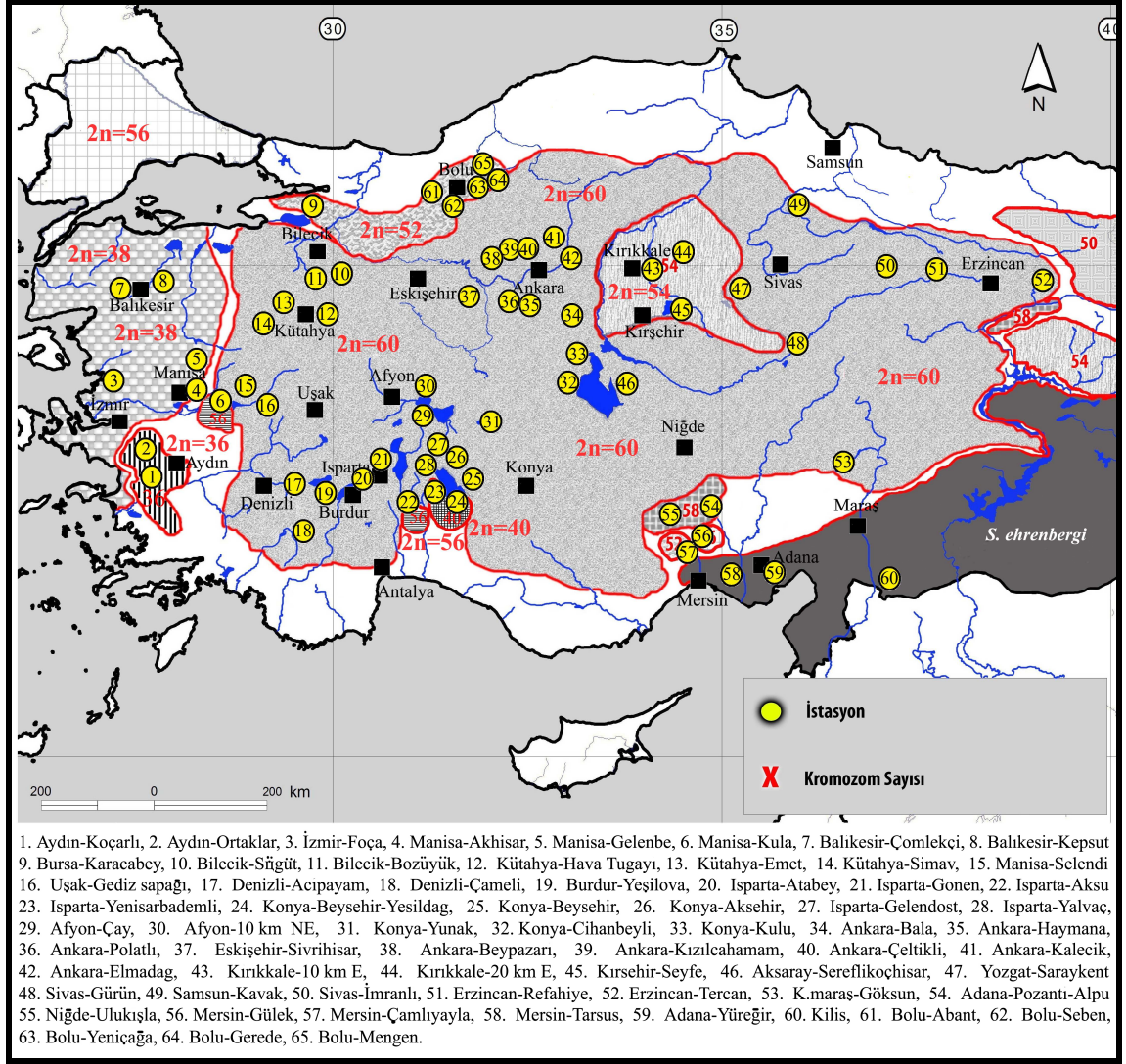
Lok	Kayıt Numarası	Lokalite	2n, NF	Rakım	Enlem	Boylam	M	A	R
235	4303♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelı	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•		
236	4297♂	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelı	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•		
237	4295♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelı	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•		
238	4296♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelı	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•		
239	4327♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelı	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•		
240	4328♀	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelı	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•		
241	4335♂	Konya-Beyşehir-Hüyük-Kırelı	2n=60NF=76	1150 m	37°55'N	31°32'E	•		
242	2514♀	Konya-Beyşehir-Sadıkıacı köy	2n=60NF=76	1194 m	37°50'N	31°43'E		•	
243	3397♀	Antalya-Akseki-Salamut yay.	2n=60NF=78	1252 m	37°02'N	31°46'E		•	•
244	3396♀	Antalya-Akseki-Salamut yay.	2n=60NF=78	1252 m	37°02'N	31°46'E		•	•
245	3617♀	Kahramanmaraş-Göksun	2n=60NF=78	1341 m	38°01'N	36°29'E		•	•
246	3618♂	Kahramanmaraş-Göksun	2n=60NF=78	1341 m	38°01'N	36°29'E		•	•
247	3619♂	Kahramanmaraş-Göksun	2n=60NF=78	1341 m	38°01'N	36°29'E		•	•
248	4934♂	Bolu-Ayman Yaylası	2n=60NF=78	724 m	40°44'N	31°42'E	•	•	•
249	4933♂	Bolu-Ayman Yaylası	2n=60NF=78	724 m	40°44'N	31°42'E	•	•	•
250	5052♀	Samsun-Kavak	2n=60NF=78	610 m	41°04'N	36°02'E	•	•	•
251	5049♀	Samsun-Kavak	2n=60NF=78	610 m	41°04'N	36°02'E	•	•	•
252	4835♂	Ankara-Çeltikli	2n=60NF=78	688 m	40°07'N	32°03'E	•	•	•
253	4851♂	Ankara-Çeltikli	2n=60NF=78	688 m	40°07'N	32°03'E	•	•	
254	4828♀	Ankara-Çeltikli	2n=60NF=78	688 m	40°07'N	32°03'E	•	•	
255	4850♀	Ankara-Çeltikli	2n=60NF=78	688 m	40°07'N	32°03'E	•	•	
256	4783♀	Isparta-Gelendost-Madenli köy	2n=60NF=78	1032m	38°11'N	31°06'E	•	•	
257	4789♀	Isparta-Gelendost-Madenli köy	2n=60NF=78	1032m	38°11'N	31°06'E	•	•	
258	4790♂	Isparta-Gelendost-Madenli köy	2n=60NF=78	1032m	38°11'N	31°06'E	•	•	•
259	4788♀	Isparta-Gelendost-Madenli köy	2n=60NF=78	1032m	38°11'N	31°06'E	•	•	
260	4779♀	Isparta-Gelendost-Madenli köy	2n=60NF=78	1032m	38°11'N	31°06'E	•	•	
261	4780♂	Isparta-Gelendost-Madenli k.	2n=60NF=78	1032m	38°11'N	31°06'E	•		
262	4785♀	Isparta-Yalvaç	2n=60NF=78	1101m	38°17'N	31°10'E	•	•	
263	6201♂	Isparta-Gönen	2n=60NF=78	1063m	37°57'N	30°30'E		•	
264	6208♀	Isparta-Gönen	2n=60NF=78	1063m	37°57'N	30°30'E	•	•	•
265	6221♀	Isparta-Gönen	2n=60NF=78	1063m	37°57'N	30°30'E	•	•	
266	6252♂	Isparta-Atabey	2n=60NF=78	1037m	37°57'N	30°38'E	•	•	
267	6231♀	Isparta-Atabey	2n=60NF=78	1037m	37°57'N	30°38'E	•	•	•
268	5611♀	Karabük-Eskipazar	2n=60NF=78	768m	40°56'N	32°31'E	•	•	•
269	5591♂	Bolu-Aladağ Göleti	2n=60NF=78	1366m	40°36'N	38°26'E		•	
270	4646♂	Erzincan-Refahiye-Gemecik	2n=60NF=80	1883m	39°53'N	38°26'E	•	•	•
271	4649♀	Erzincan-Refahiye-Gemecik	2n=60NF=80	1883m	38°53'N	37°16'E	•		
272	4647♂	Erzincan-Refahiye-Gemecik	2n=60NF=80	1883m	39°53'N	38°26'E	•		
273	4662♂	Erzincan-Tercan-Yollarüstü	2n=60NF=80	1389m	39°37'N	40°10'E	•		•
274	4657♂	Sivas-İmranlı	2n=60NF=80	1611m	39°52'N	38°06'E	•	•	•
275	4644♀	Sivas-Yıldızeli	2n=60NF=80	1401m	39°51'N	36°35'E	•	•	•
276	5923♀	Sivas-Gürün	2n=60NF=80	1648m	38°43'N	37°16'E	•		
277	5292♀	Yozgat-Saraykent	2n=60NF=80	1316m	39°39'N	35°52'E	•	•	
278	5304♂	Yozgat-Saraykent	2n=60NF=80	1316m	39°39'N	35°52'E	•	•	•
279	5289♀	Yozgat-Saraykent	2n=60NF=80	1316m	39°39'N	35°52'E	•	•	•
280	5293♂	Yozgat-Saraykent	2n=60NF=80	1316m	39°39'N	35°52'E		•	
281	4298♀	Konya-Yunak	2n=60NF=80	1316m	38°49'N	31°44'E	•	•	
282	4271♂	Konya-Yunak	2n=60NF=80	1316m	38°49'N	31°44'E	•	•	
283	4302♂	Konya-Yunak	2n=60NF=80	1316m	38°49'N	31°44'E	•		
284	4541♂	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•	•	•
285	4539♀	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•	•	
286	4549♂	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
287	4542♂	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
288	4537♂	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
289	4548♀	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
290	4547♀	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
291	4546♀	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
292	4544♀	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
293	4540♀	Konya-Cihanbeyli	2n=60NF=80	973m	38°39'N	32°55'E	•		
294	4543♂	Konya-Kulu	2n=60NF=80	1000m	39°05'N	33°04'E	•	•	

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *S. leucodon* örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M=Morfoloji, A=Allozim, R=RAPD (devam)

Lok	Kayıt Numarası	Lokalite	2n, NF	Rakım	Enlem	Boylam	M	A	R
295	4538♂	Konya-Kulu	2n=60NF=80	1000m	39°05'N	33°04'E	•	•	
296	4512♂	Ankara-Beypazarı	2n=60NF=80	675m	40°09'N	31°55'E		•	
297	4199♀	Ankara-Beypazarı	2n=60NF=80	675m	40°09'N	31°55'E			•
298	4511♂	Ankara-Beypazarı	2n=60NF=80	676m	40°09'N	31°55'E	•		
299	4513♂	Ankara-Beypazarı	2n=60NF=80	676m	40°09'N	31°55'E	•		
300	4965♂	Ankara-Beypazarı-Karagöl	2n=60NF=80	1605m	40°19'N	31°56'E	•		
301	4918♀	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•	•	
302	4909♂	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•	•	
303	4920♂	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
304	4915♂	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
305	4914♂	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
306	4910♀	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
307	4919♂	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
308	4508♀	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
309	4505♀	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
310	4507♂	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
311	4506♂	Kızılcahamam-Soğuksu m.p.	2n=60NF=80	1069m	40°27'N	32°37'E	•		
312	4323♀	Ankara-Batıkent	2n=60NF=80	857m	39°57'N	32°42'E	•		
313	4325♀	Ankara-Batıkent	2n=60NF=80	857m	39°57'N	32°42'E	•		
314	4326♀	Ankara-Batıkent	2n=60NF=80	857m	39°57'N	32°42'E	•		
315	4176♂	Ankara-100. Yıl	2n=60NF=80	975m	39°54'N	32°52'E	•		
316	4261♀	Ankara-100. Yıl	2n=60NF=80	975m	39°54'N	32°52'E	•		
317	4262♀	Ankara-100. Yıl	2n=60NF=80	975m	39°54'N	32°52'E	•		
317	4263♀	Ankara-100. Yıl	2n=60NF=80	975m	39°54'N	32°52'E	•		
319	4266♂	Ankara-100. Yıl	2n=60NF=80	975m	39°54'N	32°52'E	•		
320	4156♂	Ankara-Bala	2n=60NF=80	1324m	39°33'N	33°07'E	•	•	
321	4535♂	Ankara-Bala	2n=60NF=80	1324m	39°33'N	33°07'E	•	•	•
322	4534♂	Ankara-Bala	2n=60NF=80	1324m	39°33'N	33°07'E	•		
323	4908♂	Ankara-Güdül-Sapanlı	2n=60NF=80	906m	40°11'N	32°14'E	•	•	
324	4906♂	Ankara-Güdül-Sapanlı	2n=60NF=80	906m	40°11'N	32°14'E	•		
325	4907♂	Ankara-Güdül-Sapanlı	2n=60NF=80	906m	40°11'N	32°14'E	•		
326	4903♂	Ankara-Güdül-Sapanlı	2n=60NF=80	906m	40°11'N	32°14'E	•		
327	4581♀	Ankara-Güdül-İllica	2n=60NF=80	750m	40°03'N	32°15'E	•	•	
328	4902♂	Ankara-Ayaş	2n=60NF=80	954m	40°01'N	32°19'E	•	•	
329	4875♂	Ankara-Ayaş	2n=60NF=80	954m	40°01'N	32°19'E	•		
330	4905♀	Ankara-Ayaş	2n=60NF=80	954m	40°01'N	32°19'E	•		
331	4582♀	Ankara-Ayaş	2n=60NF=80	954m	40°01'N	32°19'E	•	•	
332	4900♀	Ankara-Ayaş	2n=60NF=80	954m	40°01'N	32°19'E	•		
333	4580♀	Ankara-Nallıhan	2n=60NF=80	628m	40°11'N	31°21'E	•	•	
334	4285♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•	•	
335	4281♂	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•	•	
336	4277♂	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
337	4278♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
338	4279♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
339	4280♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
340	4282♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
341	4283♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
342	4284♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
343	4286♀	Ankara-Elmadağ	2n=60NF=80	1157m	39°55'N	33°14'E	•		
344	4268♀	Ankara-Haymana	2n=60NF=80	1182m	39°26'N	32°29'E	•	•	
345	4269♂	Ankara-Haymana	2n=60NF=80	1182m	39°26'N	32°29'E	•	•	
346	4267♂	Ankara-Haymana	2n=60NF=80	1182m	39°26'N	32°29'E	•		
347	4265♂	Ankara-Haymana	2n=60NF=80	1182m	39°26'N	32°29'E	•		
348	4264♀	Ankara-Haymana	2n=60NF=80	1182m	39°26'N	32°29'E	•		
349	4536♂	Ankara-Haymana	2n=60NF=80	1182m	39°26'N	32°29'E	•		
350	4274♂	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•	•	
351	4273♀	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•	•	
352	4650♀	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•		
353	4270♂	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•		
354	4272♂	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•		

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan *S. leucodon* örneklerinin laboratuvar kayıt numaraları ve örneklerin toplandığı bölgeler ve uygulanan analizler M=Morfoloji, A=Allozim, R=RAPD (devam)

Lok	Kayıt Numarası	Lokalite	2n, NF	Rakım	Enlem	Boylam	M	A	R
355	4275♀	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•		
356	4276♀	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•		
357	4550♀	Ankara-Polatlı	2n=60NF=80	871m	39°35'N	32°08'E	•		
358	4291♀	Ankara-Kalecik	2n=60NF=80	766m	40°05'N	33°24'E	•	•	
359	4290♂	Ankara-Kalecik	2n=60NF=80	766m	40°05'N	33°24'E	•	•	
360	4292♀	Ankara-Kalecik	2n=60NF=80	766m	40°05'N	33°24'E	•		
361	4293♂	Ankara-Kalecik	2n=60NF=80	766m	40°05'N	33°24'E	•		
362	4115♀	Ankara-Gölbaşı-Ahurboz	2n=60NF=80	976m	39°47'N	32°48'E	•	•	
363	4116♂	Ankara-Gölbaşı-Ahurboz	2n=60NF=80	976m	39°47'N	32°48'E	•	•	
364	4114♂	Ankara-Gölbaşı-Ahurboz	2n=60NF=80	976m	39°47'N	32°48'E	•		
365	4117♂	Ankara-Gölbaşı-Ahurboz	2n=60NF=80	976m	39°47'N	32°48'E	•		
366	4288♂	Ankara-Gümüşoluk-Sarayköy	2n=60NF=80	927m	40°05'N	32°57'E	•	•	
367	4287♂	Ankara-Gümüşoluk-Sarayköy	2n=60NF=80	927m	40°05'N	32°57'E	•	•	
368	2504♂	Afyon-10 Km Kuzeydoğu	2n=60NF=82	1009m	38°48'N	30°32'E		•	•
369	2505♀	Afyon-10 Km Kuzeydoğu	2n=60NF=82	1009m	38°48'N	30°32'E		•	•
370	6214♂	Afyon-10 Km Kuzeydoğu	2n=60NF=82	1009m	38°48'N	30°32'E		•	•
371	5563♀	Afyon-Eber Gölü	2n=60NF=82	1009m	38°35'N	31°07'E	•	•	•
372	27♂	Afyon-Çay-Çayırpınar	2n=60NF=82	985m	38°35'N	31°05'E	•		
373	28♂	Afyon-Çay-Çayırpınar	2n=60NF=82	985m	38°35'N	31°05'E	•		
374	29♂	Afyon-Çay-Çayırpınar	2n=60NF=82	985m	38°35'N	31°05'E	•		
375	2506♂	Burdur 5 Km güney	2n=60NF=84	985m	37°42'N	30°16'E		•	
376	2513♀	Burdur 5 Km güney	2n=60NF=84	985m	37°42'N	30°16'E		•	•
377	2507♂	Burdur 5 Km güney	2n=60NF=84	985m	37°42'N	30°16'E		•	
378	2518♀	Burdur 5 Km güney	2n=60NF=84	985m	37°42'N	30°16'E		•	
379	2516♀	Burdur 5 Km güney	2n=60NF=84	985m	37°42'N	30°16'E		•	•
380	6223♂	Denizli-Çameli-Bıçaklı köyü	2n=60NF=84	1300m	37°04'N	29°20'E	•	•	•
381	6234♀	Denizli-Çameli-Bıçaklı köyü	2n=60NF=84	1300m	37°04'N	29°20'E	•	•	•
382	6198♂	Denizli-Acıpayam	2n=60NF=84	926m	37°25'N	29°21'E	•	•	•
383	6200♀	Burdur-Yeşilova-Harmanlı k.	2n=60NF=84	1085m	37°35'N	29°54'E	•	•	•
384	6253♂	Burdur-Yeşilova-Harmanlı k.	2n=60NF=84	1085m	37°35'N	29°54'E	•	•	•
385	6199♂	Burdur-Yeşilova-Harmanlı k.	2n=60NF=84	1085m	37°35'N	29°54'E	•	•	•
386	6205♀	Burdur-Yeşilova-Harmanlı k.	2n=60NF=84	1085m	37°35'N	29°54'E	•	•	
387	6217♀	Burdur-Yeşilova-Harmanlı k.	2n=60NF=84	1085m	37°35'N	29°54'E	•	•	•
388	6216♀	Burdur-Yeşilova-Harmanlı k.	2n=60NF=84	1085m	37°35'N	29°54'E	•	•	•
389	6233♂	Burdur-Yeşilova-Harmanlı k.	2n=60NF=84	1085m	37°35'N	29°54'E	•		
390	3850♀	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	•
391	3849♀	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	•
392	2081♀	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	•
393	2090♂	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	•
394	2935♂	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	•
395	2936♀	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	•
396	2106♀	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	•
397	2137♂	Mersin-Tarsus-Özbek köyü	2n=56NF=72	46m	36°58'N	34°56'E		•	
398	2084♀	Tarsus 5 Km Kuzeydoğu	2n=56NF=72	15m	36°55'N	34°54'E		•	
399	2089♂	Tarsus 5 Km Kuzeydoğu	2n=56NF=72	15m	36°55'N	34°54'E		•	•
400	2104♂	Tarsus 5 Km Kuzeydoğu	2n=56NF=72	15m	36°55'N	34°54'E		•	•
401	2085♂	Adana-Yüreğir-Şeyhmurat k.	2n=56NF=72	11m	36°51'N	35°25'E		•	•
402	2091♀	Adana-Yüreğir-Şeyhmurat k.	2n=56NF=72	11m	36°51'N	35°25'E		•	•
403	2167♂	Kilis 10 km Doğu	2n=56NF=72	664m	36°43'N	37°08'E		•	•



Şekil 3.1 *S. leucodon* örneklerinin toplandığı bölgelerin harita üzerinde gösterimi

3.1 Karyotip Preparasyon Tekniği

1. Örnekler eterle bayıltılarak karın peritonunun hem sağ, hem de sol bölgesine hayvanın her gram ağırlığı için 0,01 ml olacak şekilde kolçisin (1/1000'lik) enjekte edildi.
2. Hayvan 3-4 saat bekletildi.
3. Hayvan bayıltılarak öldürüldü. Femur kemiği çıkarılarak kemik iliği % 1'lik sodyum sitrat ($C_6H_5Na_3O_7 \cdot 5H_2O$ 'dan 1,4 gr alınarak 100 ml saf suya tamamlanır) ile yıkanarak tüpe alındı.
4. Na-sitrat ile yıkanan kemik iliği solusyonu 30 °C'lik etüvde 15 dakika bekletildi.
5. Solusyon 500-700 rpm'de 5 dakika santrifüj edildi ve süpernatant atıldı.

6. Çökmüş hücreler 15 dakika fikse edildi (fiksatif = metanol 3 / asetik asit 1 oranında taze olarak hazırlandı).
7. Fiksasyondan sonra 500-700 rpm'de 5 dakika santrifüj yapıldı ve süpernatant atıldı. Tekrar fiksatif ilave edilerek aynı şekilde santrifüj yapıldı, bu işlem 3-4 kez tekrarlandı ve ortamdaki *Na*-sitrat tamamen uzaklaştırılmış oldu. Son santrifüjden sonra süpernatantın atılmasıyla arta kalan 1 ml kadar hücresel tortudan preparasyon yapıldı.
8. Elde edilen bu hücreli kısımdan pastör pipetiyle alınarak hafif eğimli şekilde yerleştirilmiş lam üzerine 5-10 cm yükseklikten damlatılarak 5-10 adet yayma preparat yapıldı.
9. Preparat alev almamasına dikkat edilerek ispirto alevinde kurutuldu.
10. Stoktan seyreltilerek taze hazırlanmış 1/10'luk Giemsa boyası ile 12 dakika boyama yapıldı.
11. Kanada balsamı ile kapatılarak daimi preparat yapıldı.

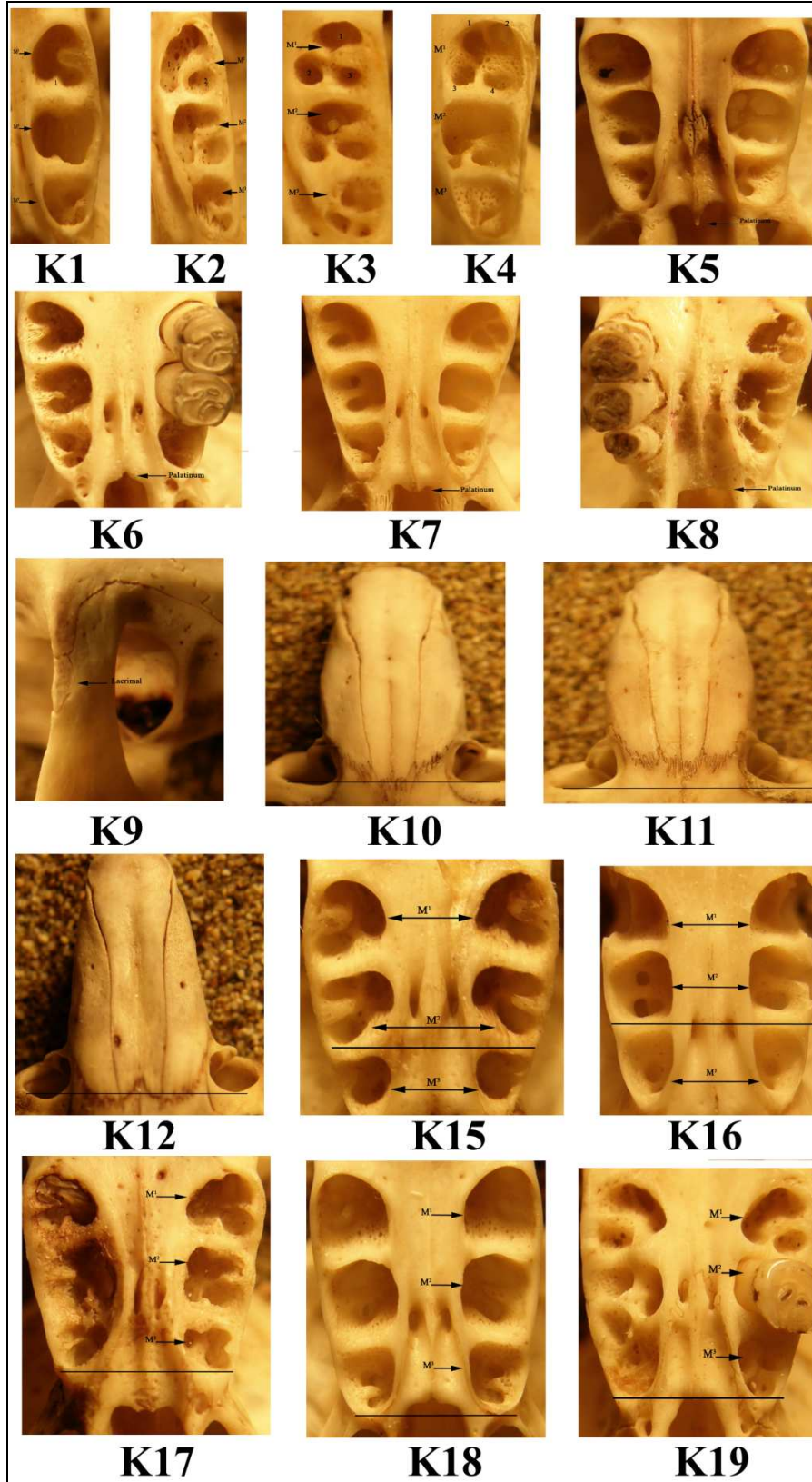
3.2 Morfolojik Çalışmalar

3.2.1 Nonmetrik morfolojik çalışmalar

Temizlenen baş iskeletleri lup altında incelenerek, daha önce araştırmacılar tarafından tür ve alttürleri sınıflandırmada kullanılan ayırıcı nonmetrik karakterler incelenmiştir. Bütün bireylerin kafataslarına tek tek bakılarak nonmetrik karakterlerin var (1) ve yok (0) verileri oluşturulmuştur. İncelenen nonmetrik karakterler şunlardır (Şekil 3.2):

1. Karakter (K1): M^1 'in tek köklü olması
2. Karakter (K2): M^1 'in iki köklü olması
3. Karakter (K3): M^1 'in üç köklü olması
4. Karakter (K4): M^1 'in dört köklü olması
5. Karakter (K5): Palatinumun arkaya doğru diken şeklinde çıkıntı oluşturması
6. Karakter (K6): Palatinumun içe doğru kavis yapmış olması
7. Karakter (K7): Palatinumnu arkaya doğru kavis yapmış olması
8. Karakter (K8): Platinumun düz hatlı olma durumu

- 9. Karakter (K9):** Üstten bakıldığında lacrymallerin görülmesi
- 10. Karakter (K10):** Nasaller foramen infra orbitalianın en art noktalarını birleştiren doğruya erişmesi
- 11. Karakter (K11):** Nasaller foramen infra orbitalianın en art noktalarını birleştiren doğruya erişmemesi
- 12. Karakter (K12):** Nasaller foramen infra orbitalianın en art noktalarını birleştiren doğruyu geçmesi
- 13. Karakter (K13):** Nasal sagital crestten uzun olması
- 14. Karakter (K14):** Nasaller sagital crestten kısa olması
- 15. Karakter (K15):** Foramen post platinlerin M^2 ve M^3 ler arasından geçen doğrunun önünde olması
- 16. Karakter (K16):** Foramen post platinlerin M^2 ve M^3 ler arasından geçen doğruyla aynı hizada olması
- 17. Karakter (K17):** Damağın arka kenarı M^3 alveollerinin arka kenarını birleştiren doğrunun arka tarafında olması
- 18. Karakter (K18):** Damağın arka kenarı M^3 alveollerinin arka kenarını birleştiren doğrunun ön tarafında kalması
- 19. Karakter (K19):** Damağın arka kenarı M^3 alveollerinin arka kenarını birleştiren doğruyla aynı hizada olması



Şekil 3.2 Kafataslarında gözlenen nonmetrik karakterlerin bazıları

3.2.2 Metrik morfolojik karakterler

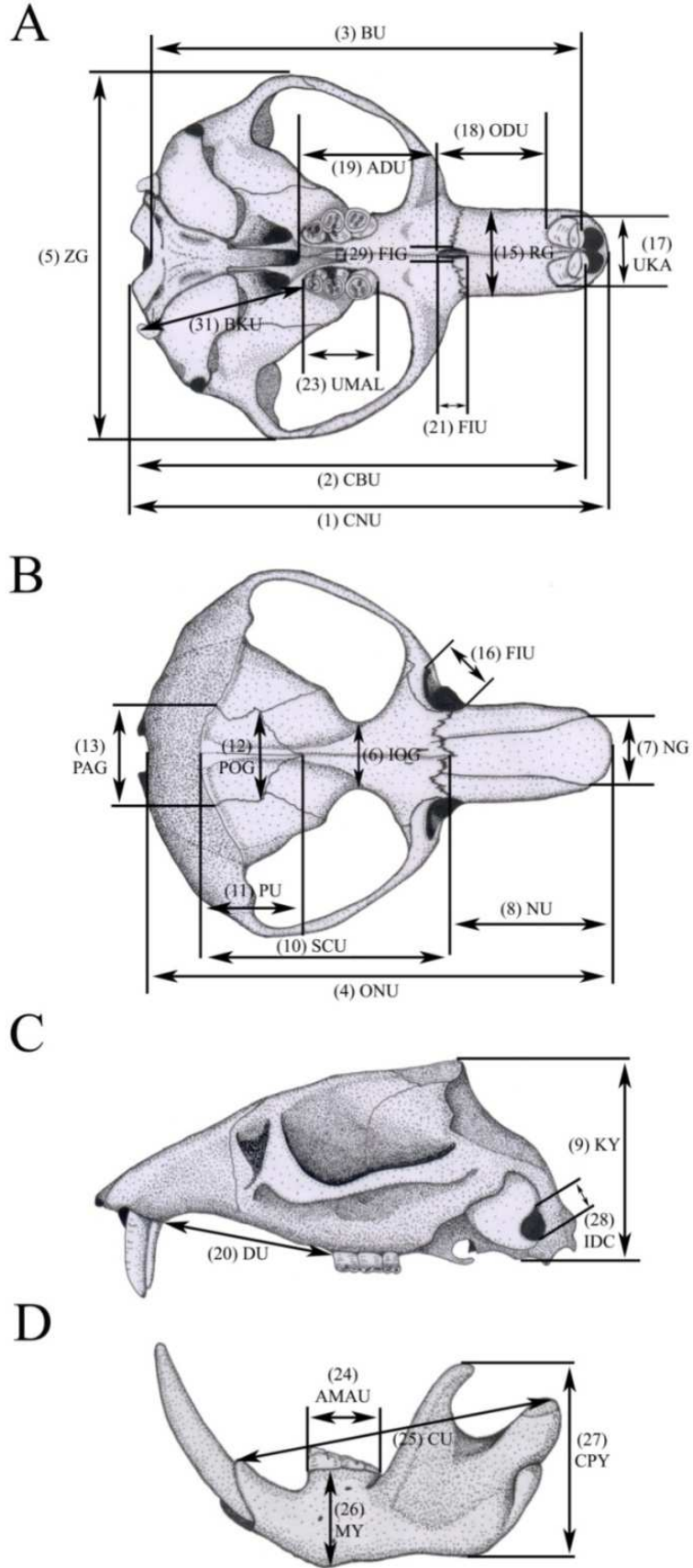
Temizlenen baş iskeletlerinden standart dış ölçülerin haricinde literatürde kaydedilmiş 31 iç karakter ölçüsü 0,01 mm hassasiyetindeki kumpas ve mikrometre ile alınmıştır (Şekil 3.3).

Ölçüleri kullanılan iç karakterler

1. **Condylonasal uzunluk (CNU):** Occipital kondillerin en art noktalarını birleştiren hat ile nasal kemiklerin en ileri noktalarını birleştiren hat arasındaki en kısa mesafe.
2. **Condylbasal uzunluk (CBU):** Occipital kondillerin en art noktalarını birleştiren hat ile kesicilerin arasındaki premaksilla kemiklerinin ön noktalarını birleştiren hat arasındaki en kısa mesafenin uzunluğu.
3. **Basillar uzunluk (BU):** Foramen Magnum'un ventralindeki en ön noktası ile maksil kemiğinin en uç noktası arasındaki mesafenin uzunluğu.
4. **Occipitonasal uzunluk (ONU):** Occipital kemiğin en art noktası ile nasal kemiklerin en uç noktası arasındaki mesafenin uzunluğu.
5. **Zygomatik genişlik (ZG):** Başın median hattına dik olacak şekilde zygomatik kavislerin en dış noktaları arasındaki mesafenin uzunluğu.
6. **İnterorbital genişlik (İOG):** Frontal kemiklerin orbitler arasında en çok daraldığı bölgedeki en iç iki nokta arasındaki mesafenin uzunluğu.
7. **Nasal genişlik (NG):** Nasal kemiğin uzun eksenine dik olacak şekilde, kemiğin en dış iki noktası arasındaki mesafenin uzunluğu.
8. **Nasal uzunluğu (NU):** Nasal kemiklerin en ileri noktaları ile nasofrontal dikişin ortasından median hatta dik olarak geçen doğru arasındaki en kısa mesafenin uzunluğu.
9. **Bullalı beyin kapsülü yüksekliği (BKY):** Timpanik bullaların en alt noktalarından geçen düzlemlerle, kafatasının en üst noktalarından geçen düzlem arasındaki mesafenin uzunluğu.
10. **Sagittal crest uzunluğu (SCU):** Lambdoid ve sagittal crest'lerin kesiştiği noktadan nasofrontal dikişin orta noktası arasındaki mesafe.

- 11. Parietal uzunluđu (PU):** Lambdoid ve sagital crest'lerin kesiřtiđi nokta ile sagital crest boyunca uzanan parietalin en ön noktası arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 12. Parietallerin öndeki genişliđi (PÖG):** Her iki parietal, Squamosum, frontal kemiklerin kesim noktaları arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 13. Parietallerin lambdoid dikiřteki genişliđi (PAG):** Parietallerin lambdoid dikiř üzerindeki en dış noktalarını birleřtiren dođrunun uzunluđu.
- 14. Subraoccipital uzunluk (SOU):** Foremen magnumun dorsalindeki en üst noktası ile lamboid ve sagital crest'lerin kesim noktası arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 15. Rostrum genişliđi (RG):** Rostrumun en dış iki noktası arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 16. Foramen infraorbitalia'nın genişliđi (FIU):** Foramen infraorbitalia'nın yatay dođrultuda en dış noktalarını birleřtiren ve median hatta dik olan dođrunun boyu.
- 17. Üst kesici diřlerin alveolleri genişliđi (ÜKA):** Üst kesici diř alveollerin en dış noktaları arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 18. Ön damak uzunluđu (ÖDU):** Üst kesici diřlerin alveollerinin en art noktalarını birleřtiren dođru ile foramen incisivanın en art noktalarını birleřtiren dođru arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 19. Artdamak uzunluđu (ADU):** Foramen incisivanın en art noktalarını birleřtiren dođru ile damak kavisinin en art noktası arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 20. Diastema uzunluđu (DU):** Sol üst kesici diřin alveolünün en art noktası ile sol M¹ alveolünün ön noktası arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 21. Foramen incisivum uzunluđu (FIU):** Foramen incisiva'nın en ön noktalarını birleřtiren dođru ile en art noktalarını birleřtiren dođru arasındaki en kısa mesafenin uzunluđu.
- 22. Üst kesici diřlerden birinin ortadaki genişliđi (KOG):** Üst kesici diřlerden birinin orta kısmının en dış noktaları arasındaki mesafenin uzunluđu.
- 23. Sađ üst molar alveolleri uzunluđu (UMAU):** Sađ üst molar alveollerinin en ön noktası ile en arka noktası arasındaki mesafenin uzunluđu.

- 24. Sağ alt molar alveolleri uzunluğu (AMAU):** Sağ alt molar alveollerinin en ön noktası ile en arka noktası arasındaki mesafenin uzunluğu.
- 25. Sağ alt çenenin articular (condylar) uzunluğu (CU):** Mandibul kemiğinin ön noktası ile articular çıkıntının en arka noktası arasındaki mesafenin uzunluğu.
- 26. Mandibul yüksekliği (MY):** Mandibul kemiğinin en alt noktası ile M₁ alveolunun diş ile kesiştiği yer arasındaki en kısa mesafenin uzunluğu.
- 27. Coronoid process yüksekliği (CPY):** Coronoid process'in en uç noktası ile mandibulun en alt noktası arasındaki en kısa mesafenin uzunluğu.
- 28. Sol işitme deliğinin çapı (IDÇ):** Sol işitme deliğinin en büyük çapının ölçüsünün uzunluğu.
- 29. Foramen incisivanın genişliği (FIG):** Foramen incisivanın median hat doğrultusunda en dış noktaları arasındaki mesafenin uzunluğu.
- 30. Yüz bölgesi uzunluğu (YBU):** Nasal kemiklerin öndeki en uç noktası ile M¹ alveollerinin en ön noktalarını birleştiren doğru arasındaki en kısa mesafenin uzunluğu.
- 31. Beyin kapsülü genişliği (BKU):** Parietal kemiklerin laterale doğru yaptığı çıkıntılar arasındaki mesafe.



Şekil 3.3 Bazı iç karakter ölçülerinin kafatasından alınış şekilleri

3.3 Allozim Çalışmaları

Allozim çalışmasında 301 körfare örneği analiz edilmiştir (Çizelge 3.1). Allozim elektroforezi çalışmalarında materyal olarak örnekten elde edilen kas dokusu, koşturma jeli olarak ise çok yaygın olarak kullanılan nişasta jel elektroforezi tercih edilmiştir. Örneklerden alınan kas dokuları bisturi ile küçük parçalara bölünerek ependorf tüplere aktarılmış ve tüp içinde saf su ile birlikte cam homojenizasyon çubuğu ile mekanik olarak homojenize edilmiştir. Ependorf tüp 15.000 rpm devirde 5 dakika santrifuj edilerek, tabanında kalan tortunun uzaklaştırılması sağlanmış ve elde edilen homojenatlar -70 °C'deki derin dondurucu içinde muhafazaya alınmıştır. Bu çalışmada 28 enzimatik gen lokusu çalışılmıştır: İzositrat dehidrogenaz (*Idh-1* ve *Idh-2*) [E.C. 1.1.1.42], Malik enzim (*Me-1* ve *Me-2*) [E.C. 1.1.1.40], Fosfoglukomutaz (*Pgm*) [E.C. 2.5.7.1], Laktat dehidrogenaz (*Ldh*) [E.C. 1.1.1.37], Mannoz fosfat izomeraz (*Mpi*) [E.C. 5.3.1.8], Karbonik Dehidrojenaz (*Ca*) [E.C.4.2.1.1], Fumaraz (*Fum*) [E.C. 4.2.1.2], Glukoz fosfat izomeraz (*Gpi-1* ve *Gpi-2*) [E.C. 5.3.1.9], 6-Fosfoglukoz Dehidrojenaz (*Pgd*) [E.C.1.1.1.43], α -Gliserofosfat dehidrogenaz (*α -Gpdh*) [E.C. 1.1.1.8], Aldolaz (*Ald*) [E.C. 4.1.2.13], Glukoz-6-fosfat dehidrogenaz (*G6pdh*) [E.C. 1.1.1.49], Malat dehidrogenaz (*Mdh-1* ve *Mdh-2*) [E.C.1.1.1.37], Aconitaz (*Aco*) [E.C. 4.2.1.3], Adenilat kinaz (*Adk*) [E.C. 2.7.4.3], Creatin Kinaz (*Ck-1* ve *Ck-2*) [E.C.2.7.3.2], Gliseraldehid-3-fosfat dehidrogenaz (*G3pdh*) [E.C. 1.2.1.12], Aspartat amino transferaz (*Got-1* ve *Got-2*) [E.C. 2.6.1.1], Heksokinaz (*Hk-1* ve *Hk-2*) [E.C. 2.7.1.1], Superoksit dismutaz (*Sod*) [E.C. 1.15.1.1]. Nişasta jel elektroforezi, standart prosedürler izlenerek yürütülmüştür (Shaw and Prasad 1970, Selander *et al.* 1971, Ayala *et al.* 1972, Harris and Hopkinson 1976, Pasteur *et al.* 1988). Homojenatlar, 0,5 mm kalınlığındaki nişasta jel üzerine 0.3x0.4 ebatlarında kesilmiş olan Whatmann No 3 kâğıtlarına emdirilerek jelle yüklenmiştir. Jeller % 1,25'lik agar ve enzime özgü spesifik florojenik boyaların karışımından oluşan jel ile boyanmıştır. Boyama tamamlandığında jel ışık kutusu üzerine yerleştirilerek fotoğrafı çekilmiştir. Allozimler anoda en yakından başlanılarak A, B, C, D harfleri ile belirlenmiş ve bu allellerden en hızlı hareket edenler A, yavaş hareket edenler sırayla B, C, D olarak adlandırılmıştır. Monomerik, dimerik ve tetramerik olarak adlandırılan enzim yapıları, enzim yapısında bulunan alt ünite sayısına göre isimlendirilmiştir.

3.3.1 Nişasta jel elektroforezi çalışmasında kullanılan tampon sistemleri

Nişasta jel elektroforezi çalışmasında 12 farklı koşturma ve jel tampon sistemi kullanılmıştır. Kullanılan tampon sistemleri aşağıda verilmiştir. Çalışılan enzim sistemlerinin elektroforez koşulları Çizelge 3.2’de listelenmiştir.

1. Tris–Malat-EDTA Tampon Sistemi pH 7,4 (Shaw and Prasad 1970)

Koşturma Tamponu:

Tris	12,12 gr
EDTA	3,72 gr
MgCl ₂ . 6H ₂ O	2,03 gr
Maleik asit	11,6 gr

Yukarıdaki kimyasal maddeler 100 ml distile suda, 20 ml 5N NaOH ile karıştırılarak çözülecek ve sonra hacim 1000 ml’ye tamamlanarak, pH 7,4 ayarlanır. Bu tampon sistemi yalnızca bir defa kullanılmıştır.

Jel Tamponu: Koşturma tamponundan 1:10 oranında distile su ile seyreltilir ve pH 7,4’e ayarlanır.

2. Tris-Sitrat Tampon Sistemi pH 8,0 (Pasteur *et al.* 1988)

Koşturma Tamponu:

Tris (0,62M)	75,64 gr
Sitrik asit (0,14 M, Monohidrat)	30 gr

Yukarıdaki kimyasal maddeler 500 ml distile suda çözülür ve daha sonra karışım 1000 ml olacak şekilde distile su ile tamamlanır. Sulandırılmış olan HCl ve NaOH ile pH 8,0’a ayarlanır. Bu karışım üç defa kullanılmıştır.

Jel Tamponu: Koşturma tamponu 1:29 oranında distile su ile seyreltilir ve pH 8,0’a ayarlanır.

3. Tris-Sitrat Tampon Sistemi pH 6,7 veya pH 6,3 (Pasteur *et al.* 1988)

Koşturma tamponu:

Tris (0,22M)	27 gr
Sitrik asit (0,08 M, Monohidrat)	18 gr

Yukarıdaki kimyasal maddeler 500 ml distile suda çözülür ve daha sonra karışım 1000 ml olacak şekilde distile su ile tamamlanır. Sulandırılmış olan HCl ve NaOH ile pH 6,7'ye ayarlanır. Bu karışım üç defa kullanılmıştır.

Jel Tamponu:

Tris (0,008 M)	0,98 gr
Sitrik asit (0,003 M, Monohidrat)	0,64 gr

Yukarıdaki kimyasal maddeler 500 ml distile suda çözülür ve daha sonra karışım 1000 ml olacak şekilde distile su ile tamamlanır. Sulandırılmış olan HCl ve NaOH ile pH 6,7'ye ayarlanır.

4. Tris-Sitrat Tampon Sistemi pH 7,0 (Ayala *et al.* 1972)

Koşturma Tamponu:

Tris (135 mM)	16,34 gr
Sitrik asit (45 mM, Monohidrat)	8,64 gr

Yukarıdaki kimyasal maddeler 500 ml distile suda çözülür ve daha sonra karışım 1000 ml olacak şekilde distile su ile tamamlanır. Sulandırılmış olan HCl ve NaOH ile pH 7,0'ye ayarlanır. Bu tampon üç defa kullanılmıştır.

Jel Tamponu:

Tris (9 mM)	1 gr
Sitrik asit (3 mM, Monohidrat)	0,5 gr

Yukarıdaki kimyasal maddeler 500 ml distile suda çözülür ve daha sonra karışım 1000 ml olacak şekilde distile su ile tamamlanır. Sulandırılmış olan HCl ve NaOH ile pH 7,0'ye ayarlanır.

5. Tris–Potasyum Fosfat Tampon Sistemi pH 8,3 (Shaw and Prasad 1970'den Mofiyeye Edildi)

Koşturma Tamponu:

Tris (0,05 M)	6,055 gr
KH ₂ PO ₄ (dibazik, 0,05 M)	6,805 gr

600 ml distile suda çözülerek 1000 ml ye tamamlanır ve HCl ile pH 8,3'e ayarlanır.

Jel Tamponu: Elektrod tamponundan 1:10 oranında distile su ile seyreltilir ve pH: 8,3'e ayarlanır.

6. Potasyum Fosfat Tampon Sistemi pH 6,7 (Selander *et al.* 1971)

Koşturma Tamponu:

KHPO₄ (monobasic –anhydrose) 18,78 gr

NaOH 2,48 gr

600 ml distile suda çözülerek 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 6,7'ye ayarlanır.

Jel Tamponu: 1:19 oranında distile su ile seyreltilerek hazırlanır ve pH 6,7'ye ayarlanır.

7. Fosfat-Sitrat Tampon Sistemi pH 5,9 (Harris and Hopkinson 1976)

Koşturma Tamponu:

NaH₂PO₄ (0,245 M) 18,78 gr

NaOH (10 N) 2,48 gr

600 ml distile suda çözülerek 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 5,9'a ayarlanır.

Jel Tamponu: 1:40 oranında distile su ile seyreltilerek hazırlanır ve pH 5,9'a ayarlanır.

8. Tris–Borik Asit–EDTA Tampon Sistemi pH 8,0 (Shaw and Prasad 1970)

Koşturma Tamponu:

Tris 60,6 gr

Borik asit 40 gr

EDTA 6 gr

600 ml distile suda çözülerek 1000 ml'ye tamamlanarak, HCl ile pH 8,0'e ayarlanır.

Jel Tamponu:

Tris 6,06 gr

Borik asit 6 gr

EDTA 0,6 gr

600 ml distile su içerisinde çözülerek 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 8,0'e ayarlanır.

9. Tris-Borik Asit–EDTA Tampon Sistemi pH 8,7 (Ayala *et al.* 1972)

Koşturma Tamponu:

Tris 21,8 gr

Borik asit 5,87 gr

EDTA 1,49 gr

NAD 0,05 gr

600 ml distile su içerisinde çözüldükten sonra 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 8,7 ayarlanır.

Jel Tamponu: 1/9 oranında elektrot tamponundan alınarak distile su seyreltilir ve pH 8,7'ye ayarlanır.

10. Fosfat-Borik asit Tampon Sistemi pH 7,0 (Harris and Hopkinson 1976)

Koşturma Tamponu:

Na₂HPO₄ (0,2 M) 18,78 gr

Borik asit (0,03 M) 2,48 gr

600 ml distile suda çözülerek 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 7,0'ye ayarlanır.

Jel Tamponu: 1:10 oranında distile su ile seyreltilerek hazırlanır ve pH 7,0'ye ayarlanır.

11. Tris-Borik Asit–EDTA Tampon Sistemi pH 8,0 (Brewer and Sing 1970)

Koşturma Tamponu:

Tris 25,4 gr

Borik asit 9,26 gr

EDTA 2,22 gr

Bu kimyasallar 600 ml distile su içerisinde çözüldükten sonra karışım 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 8,0'e ayarlanır.

Jel Tamponu:

Tris 2,54 gr

Borik asit 1,19 gr

EDTA 0,25 gr

Bu kimyasallar 600 ml distile su içerisinde çözüldükten sonra karışım 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 8,6'ya ayarlanır.

12. Tris-Borik Asit-EDTA Tamponu pH 8,6 (Harris and Hopkinson 1976)

Stok Tampon Solüsyonu pH 8,6 100 ml:

Tris (0,9 M) 10,89 gr

Borik asit (0,05 M) 3,09 gr

EDTA (0,02 M) 0,74 gr

60 ml distile suda çözülür ve çözelti 100 ml'ye tamamlanır. 2N NaOH ve Seyreltik HCl kullanılarak pH 8,6'ya ayarlanır.

Koşurma Tamponu: Stok solüsyon 1:14 oranında seyreltilir. Stok solüsyondan alınan 66,6 ml solüsyon 1000 ml'ye tamamlanır ve pH 8,6'ya ayarlanır.

Jel Tamponu: Stok solüsyon 1:40 oranında seyreltilir. Stok solüsyondan alınan 2,4 ml solüsyon 100 ml'ye tamamlanır ve pH 8,6'ya ayarlanır.

3.3.2 Boyama

3.3.2.1 Boya tamponu

Karbonik anhidraz (Ca) enzim sistemi hariç bütün enzim sistemlerinde boya tamponu olarak 0,1 M Tris pH 8,0 tamponu kullanılmıştır. Karbonik anhidraz enzim sisteminde boya tamponu olarak 0,05 M pH 6,5 Fosfat tamponu kullanılmıştır.

0,1 M Tris pH 8,0 Boya Tamponu 500 ml: 6,05 gr Trisma base alınarak 300 ml distile suda çözülür ve HCl ile pH 8,0'e ayarlanır ve 500 ml'ye distile su ile tamamlanır. Stok çözelti olarak kullanılır. Eğer pH değiştirilmek istenirse HCl veya NaOH kullanılır.

0,05 M Fosfat tamponu pH 6,5: 0,87 gr K_2HPO_4 ve 0,68 gr KH_2PO_4 60 ml distile suda çözülür. Daha sonra çözelti 100 ml'ye tamamlanır ve 2N NaOH ve seyreltik HCl kullanılarak pH 6,5'e ayarlanır.

Çizelge 3.2 Çalışılan enzim sistemlerinin elektroforez koşulları

Enzim	Tampon Sistemi	Çalışma Süresi	Voltaj ve Akım	Çalışma sıcaklığı	Referanslar
α -Gpdh	2	4 saat	120 V 20-30 mA	4 °C	Pasteur <i>et al.</i> 1988
Pgd	11	4 saat	120 V 15-20 mA	4 °C	Brewer and Sing 1970
Ldh	4	4 saat	120 V 20-25 mA	4 °C	Ayala <i>et al.</i> 1972
Mdh	7	4 saat	120 V 08-12 mA	4 °C	Harris and Hopkinson 1976
Me	2	4 saat	120 V 08-12 mA	4 °C	Pasteur <i>et al.</i> 1988
Idh	2	4 saat	120 V 20-30 mA	4 °C	Pasteur <i>et al.</i> 1988
G6pdh	8	4 saat	120 V 15-25 mA	4 °C	Shaw and Prasad 1970
G3pdh	4	4 saat	120 V 20-30 mA	4 °C	Ayala <i>et al.</i> 1972
Sod	2	4 saat	120 V 35-45 mA	4 °C	Pasteur <i>et al.</i> 1988
Hk	1	4 saat	120 V 35-45 mA	4 °C	Del Lama <i>et al.</i> 1988
Adk	3	4 saat	120 V 20-30 mA	4 °C	Pasteur <i>et al.</i> 1988
Pgm	1	4 saat	120 V 35-45 mA	4 °C	Shaw and Prasad 1970
Aldo	1	4 saat	120 V 35-45 mA	4 °C	Shaw and Prasad 1970
Fum	9	4 saat	120 V 15-25 mA	4 °C	Ayala <i>et al.</i> 1972
Mpi	5	4 saat	150 V 10-15 mA	4 °C	Shaw and Prasad 1970
Gpi	6	4 saat	150 V 15-25 mA	4 °C	Selander <i>et al.</i> 1971
Ck	3	4 saat	120 V 15-20 mA	4 °C	Pasteur <i>et al.</i> 1988
Ca	12	4 saat	120 V 15-20 mA	4 °C	Harris and Hopkinson 1976
Aco	3	4 saat	120 V 15-20 mA	4 °C	Pasteur <i>et al.</i> 1988
Aat/Got	10	4 saat	120 V 15-20 mA	4 °C	Harris and Hopkinson 1976

3.3.2.2 Enzim sistemlerine özgü spesifik boyalar

Çalışılan her bir enzim için farklı kimyasal içerikte boyama yapılmıştır. Her bir enzim sistemi için kullanılan boyaların kimyasal içerikleri ve referansları aşağıda verilmiştir.

Izositrat dehidrojenaz (Ayala *et al.* 1972)

Tris-HCl tamponu pH 8,5	50 ml
Sodyum izositrat	0,15 gr
NADP	0,02 gr
MnCl ₂	0,02 gr
MTT	0,02 gr
PMS	0,003 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 15-30 dakika içerisinde bantlar hızlı gelişir.

Malik enzim (Shaw and Prasad 1970)

Tris-HCl tamponu pH 8,0	50 ml
DL-Malik asit	0,2 gr
MgCl ₂ 6H ₂ O	0,2 gr
NADP	0,02 gr
MTT	0,02 gr
PMS	0,003 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 15-30 dakika içerisinde bantlar hızlı gelişir.

Fosfoglukomutaz (Hillis and Moritz 1990)

Tris-HCl tamponu pH 8,0	50 ml
MgCl ₂ 6H ₂ O	0,1 gr
D-Glukoz-1-fosfat	0,05 gr
NADP	0,02 gr
Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz (80 u + 100 µl H ₂ O)	25 µl
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 120 dakika içerisinde bantlar hızlı gelişir.

Laktat dehidrojenaz (Shaw and Prasad 1970)

Tris-HCl tamponu pH 7,0	50 ml
Laktik asit şurubu	200 µl
NAD	0,01 gr
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 10 dakika içerisinde bantlar hızlı gelişir (Not: Laktik asit konduktan sonra pH tekrar ayarlanmalıdır).

Mannoz fosfat izomeraz (Hillis and Moritz 1990)

Tris-HCl tamponu pH 8,0	50 ml
MgCl ₂ 6H ₂ O	20 mg
Mannoz-6-fosfat	5 mg
NADP	5 mg
Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz	10 ünite
Glukoz-6-fosfat izomeraz	10 ünite
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30 dakika içerisinde bantlar hızlı gelişir.

Karbonik anhidraz (Harris and Hopkinson 1976)

0,05 M Fosfat tamponu pH 6,5	100 ml
% 1'lik β-naphthyl asetat+% 50'lik aseton solüsyonu	4 ml
Fast Blue RR	40 mg

Karışım jel üzerine dökülür. 37 °C'de 30-60 dakika bekletildikten sonra bantlar koyu kahverengi olarak belirir.

% 1'lik β-naphthyl asetat+% 50'lik aseton solüsyonu:

Aseton	25 ml
dH ₂ O	25 ml
β-naphthyl asetat	0,05 gr

Fumaraz (Shaw and Prasad 1970)

Tris-HCl tamponu pH 8,0	50 ml
Fumarik asit	0,05gr
NAD	10 mg
Malik dehidrojenaz	10 µl
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30-60 dakika içerisinde bantlar gelişir.

Glukoz-6-fosfat izomeraz (McDonald 1985)

Tris–HCl tamponu pH 7,0	50 ml
MgCl ₂ 6H ₂ O	20 mg
D-Fruktoz-6-fosfat	5 mg
NADP	5 mg
Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz	20 ünite
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 15-30 dakika içerisinde koyu mavi renge bantlar gelişir.

6-Fosfoglukoz dehidrojenaz (Hillis and Moritz 1990)

Tris–HCl tamponu pH 8,0	50 ml
6-Fosfoglukonik asit	0,02 gr
MgCl ₂ 6H ₂ O	2,03 gr
NADP	0,02 gr
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30 dakika içerisinde koyu mavi renge bantlar gelişir (Not: Ters yüze agar overlay).

α -Gliserofosfat dehidrojenaz (Ayala *et al.* 1972)

Tris–HCl tamponu pH 8,5	50 ml
α -Gliserofosfat (Gliserol-3-fosfat disodyum salt)	1 gr
EDTA	0,2 gr
NAD	0,05 gr
MTT	0,02 gr

PMS 0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30 dakika içerisinde bantlar gelişir (Not: Ters yüze agar overlay).

Aldolaz (Shaw and Prasad 1970)

Tris–HCl tamponu pH 8,0 50 ml
Sodyum arsenat 60 mg
Fructoz-1,6-difosfat 100 mg
NAD 20 mg
Gliseraldehid-3-fosfat dehidrojenaz (5000 u) 16 µl
MTT 0,02 gr
PMS 0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30 dakika içerisinde orijine yakın bantlar gelişir.

Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz (Shaw and Prasad 1970)

Tris–HCl tamponu pH 8,0 50 ml
Glukoz-6-fosfat 20 mg
EDTA 5 mg
NADP 5 mg
MTT 0,02 gr
PMS 0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30 dakika içerisinde bantlar gelişir.

Malat dehidrojenaz (Ayala *et al.* 1972)

Tris–HCl tamponu pH 8,5 50 ml
Malik asit 50 mg
NAD 30 mg
MTT 0,02 gr
PMS 0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30-90 dakika içerisinde bantlar gelişir (Not: Malik asit konduktan sonra pH tekrar ayarlanmalıdır).

Aconitaz (Harris and Hopkinson 1976)

Tris–HCl tamponu pH 8,0	50 ml
Cis-aconitik asit	75 mg
MgCl ₂ 6H ₂ O	20 mg
NADP	5 mg
Izositrat dehidrojenaz	20 Ünite/5 mg
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30-90 dakika içerisinde bantlar gelişir (Not: Cis-aconitik asit konduktan sonra pH tekrar ayarlanmalıdır).

Adenilat kinaz (Pasteur *et al.* 1988)

Tris–HCl tamponu pH 8,5	50 ml
D-Glukoz	20 mg
NADP	5 mg
ADP	5 mg
MgCl ₂ 6H ₂ O	20 mg
Hekzokinaz	0,06 gr
Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz	17 ünite
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30-90 dakika içerisinde bantlar gelişir.

Creatin Kinaz (Pasteur *et al.* 1988)

Tris–HCl tamponu pH 8,5	50 ml
D-Glukoz	20 mg

NADP	5 mg
ADP	5 mg
MgCl ₂ ·6H ₂ O	20 mg
Fosfokreatin	0,01 gr
Hekzokinaz	0,06 gr
Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz	17 ünite
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C 30-90 dakika içerisinde bantlar gelişir.

Gliseraldehid-3-fosfat dehidrojenaz (Pasteur *et al.* 1988)

Tris–HCl tamponu pH 7,0	100 ml
Fruktoz-1,6 –bisfosfat	200 mg
Aldolaz	40 ünite
37 °C’de 30 dakika jel yukarıdaki karışımla inkübe edildikten sonra;	
Tris–HCl tamponu pH 7,0	100 ml
NAD	10 mg
Sodyum arsenat	60 mg
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

Solüsyon ile karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C’de 30-60 dakika bekletildikten sonra bantlar koyu mavi olarak belirir.

Aspartat Amino Transferaz (Harris and Hopkinson 1976)

Tris–HCl tamponu pH 8,0	50 ml
L-Aspartik Asit	200 mg
2-Oxoglutarik asit	110 mg
Fast Blue BB	250 mg

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C’de 30-60 dakika içerisinde bantlar koyu mavi olarak gelişir.

Hekzokinaz (Del Lama *et al.* 1988)

Tris-HCl tamponu pH 8,0	50 ml
Glukoz	100 mg
NADP	5 mg
ATP	5 mg
MgCl ₂ 6H ₂ O	5 mg
Glukoz-6-fosfat dehidrojenaz	20 ünite
MTT	0,02 gr
PMS	0,005 gr

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C’de 30–60 dakika içerisinde bantlar gelişir.

Superoksit dismutaz (Shaw and Prasad 1970)

Tris-HCl tamponu pH 8,0	50 ml
MTT	7,5 mg
PMS	2 mg

50 ml boya tamponuna 300–350 mg agar eklenerek kaynatılır ve agar hafif soğuduktan sonra hepsi karıştırılarak jel üzerine dökülür. 37 °C’de jel ışıktaki bekletilerek inkübe edilir. Bantlar koyu mavi zemin üzerinde beyaz renkte gözlenir.

3.4 RAPD-pcr Analizi

Bu çalışmada bir başka analiz olan Rasgele Çoğaltılmış DNA parçalarındaki varyasyonlar incelendi. Daha önceki çalışmalarda kör farede kullanılan ve varyasyon gösteren 5 adet primer seçildi. Türkiye örnekleri üzerinde optimizasyon başarılı bir şekilde gerçekleştirilerek uygulandı. Bu beş primerin haricinde çalışmada 20 farklı primer daha denendi ve bu primerlerden tutarlı sonuç veren 6 tanesi daha çalışmaya dahil edildi. Tez çalışmasında kullanılan 11 primer ve bunlara ait sekanslar şunlardır: OPERON B-11 [5'-GTAGACCCGT-3']; BRITISH COLUMBIA, BC-441 [5'-CTGCGTTCTT-3']; BRITISH COLUMBIA, BC-461 [5'-CCCGTATGTC-3']; BRITISH COLUMBIA, BC-471 [5'-CCGACCGGAG-3']; BRITISH COLUMBIA, BC-

491 [5'-TCCCTCGTGG-3']; OPERON D-11 [5'-AGCGCCATTG-3']; OPERON A-02 [5'-TGCCGAGCTG-3']; OPERON A-04 [5'-AATCGGGCTG-3']; OPERON A-08 [5'-GTGACGTAGG-3']; OPERON B-03 [5'-CATCCCCCTG-3']; OPERON B-05 [5'-TGCGCCCTTC-3'].

RAPD çalışması için farklı bölgelere ve kromozom yapısına sahip 132 örnekten alınan böbrek dokusu ependorf tüplere konularak $-70\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'de saklandı. Daha sonra DNA izolasyon prosedürü uygulanarak dokulardan DNA izole edildi. Tüm dokular izole edildikten sonra RAPD-PCR yöntemi ile çoğaltılmış PCR ürünleri, agaroz jel elektroforezinde koşturuldu. Jel üzerinde gözlenen bantların durumuna göre varyasyonlar tespit edildi.

3.4.1 DNA izolasyonu

On dört kromozomal forma ait örneklerin böbrek ve karaciğer dokularından DNA izole edildi (Çizelge 3.1). Bu işlemde Padmalatha and Prasad (2006) ve Doyle and Doyle (1991) metodları kombine edilerek CTAB DNA izolasyon yöntemi kullanıldı. Yöntem aşağıda belirtildiği gibi sırasıyla uygulanmıştır:

Küçük parçalara ayrılan doku örnekleri ependorf tüpe konulduktan sonra üzerine 300 μl CTAB (Kloroform, Tris-HCl, EDTA, NaCl) tamponu eklenerek mümkün olduğu kadar homojen bir sıvı elde edinceye kadar tek kullanımlık havaneli ile ezildi. Homojenata sırasıyla 300 μl CTAB ve 50 μl BME (β -Merkapto etanol) katılarak eklenip ependorf tüp hafifçe karıştırıldı. Karışım $65\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'lik su banyosunda 1 saat inkübe edildi. 500 μl C : IAA (Kloroform izoamil alkol) (24 : 1) ilave edildi ve karışım süte benzer bir kıvama gelinceye kadar hafifçe karıştırıldı. 13.000 rpm'de $+4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'de 15 dakika santrifüj yapıldı. Santrifüj edilen dokuların içinde olduğu ependorf tüpler, aynı eğik açıda olacak şekilde buza yerleştirildi. DNA üstteki sıvı tabakada olacağından üst faz pipetle çekilerek ayrı bir ependorf tüpe konuldu. 500 μl $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'de soğutulmuş izopropanol tüplere eklenen tüpler yavaşça karıştırıldı. $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'de bir gece bekletildikten sonra 13.000 rpm'de $+4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 'de 10 dakika santrifüj edildi. Süpernatant döküldü ve pellet 2 kere % 70'lik ve 1 kere de % 100'lük etil alkol ile yıkandı. Pellet ependorf tüp içinde laminar flow kabinde 1 gece kurumaya bırakıldı. Kuruyan DNA'nın üzerine 500 μl TE (Tris-EDTA) tampon

ve 2 µl RNase eklendi, 37 °C'de 1 saat inkübe edildi. 500 µl P : C : IAA (Fenol : Kloroform : Izoamil alkol) (25 : 24 : 1) karışıma ilave edildi. 10.000 rpm'de +4 °C'de 15 dakika santrifüj yapıldı. Süpernatant tekrar ayrı bir tüpe konuldu ve üzerine 500 µl C : IAA (24 : 1) ilave edildi. Karışım süte benzer bir kıvama gelinceye kadar hafifçe karıştırıldı. 13.000 rpm'de +4 °C'de 10 dakika santrifüj yapıldı ve süpernatant ayrı bir eppendorfa konuldu. 500 µl 3M sodyum asetat ve 500 µl etil alkol, ayrılan süpernatanta eklendi. 13.000 rpm'de +4 °C'de 15 dakika santrifüj yapıldı. Pellet ayrıldı ve kurutuldu. DNA 100 µl TE (Tris-EDTA) tamponda çözüldü. Elde edilen DNA örnekleri -20 °C'de saklandı.

DNA izolasyonunda kullanılan çözeltiler:

CTAB Buffer:

CTAB	2 gr
1 M Tris-HCl pH 8,0	10 ml
0,5 M EDTA pH 8,0	4 ml
5 M NaCl	28 ml
dH ₂ O	58 ml

TE Buffer pH 8,0:

1M Tris-HCl çözeltisi	1 ml
0,5 M EDTA	2 ml
dH ₂ O	97 ml

Karışım hazırlandıktan sonra 1 saat otoklavda tutulur.

3.4.2 RAPD-pcr amplifikasyonu

Reaksiyon karışımı toplam hacim 25 µl olacak şekilde hazırlandı. Reaksiyon karışımı, eppendorf tüpe 2,5 µl 10XPCR buffer (Fermentas), 2 µl 25 mM MgCl₂ (Fermentas), 4 µl 4x10 µmol deoksinükleotidtrifosfat set (dNTP-Fermentas), 0,3 µl 5u / µl *Tag* DNA polimeraz (Sigma), 1 ml 20-25 pmol 10 nt-primer, 14,2 pcr-H₂O (Sigma) ve 1 µl hedef DNA konularak hazırlandı. PCR amplifikasyonu için Kaya and Neale (1995) tarafından uygulanan PCR döngü programı, bazı değişikliklerle laboratuvar koşullarına uyarlandı ve kullanıldı. Hazırlanan eppendorf tüpleri thermocycler cihazına yerleştirilip 95 °C'de 1 dakika ön denaturasyon, 94 °C'de 1 dakika denaturasyon, 36 °C'de 2 dakika bağlanma,

72 °C’de toplam 45 siklusta 2 dakika uzama ve 72 °C’de toplam 15 dakika son uzama aşamalarını içeren PCR döngü programına maruz bırakıldı.

3.4.3 Agaroz jel elektroforezi

Elde edilen PCR ürünleri 5 µl yükleme tamponuyla (% 40’lık sükröz, xylene cyanol FF ve Bromophenol Blue) karıştırılarak % 1,5’luk agaroz jelde yürütülmüştür. Jeller 1X TAE (Trisma Base, Glacial Asetic Asid, EDTA) tamponunda 70 Voltta 5 saat yürütüldükten sonra 0,5 mg/ml’lik etidyum bromid solusyonu ile 30 dakika boyanmış ve UV ışığı altında (KODAK Jel Görüntüleme Sistemi) görüntülenmiş ve fotoğrafı çekilmiştir.

3.4.4 Jellerin yorumlanması

Amplifikasyon ürünleri görsel olarak değerlendirilmiştir. Tüm bantlar değerlendirmeye alınmıştır. RAPD bantlarının büyüklüğünü belirlemek amacıyla 100–3000 baz çifti arasındaki bantları içeren DNA standartı (Generuler TM 100 base pair Plus DNA Ladder, Fermentas) kullanılmıştır. Çalışılan örneklerde bantlar var olma ve olmama durumuna göre yorumlanmıştır. Var olan her bir haploit bant için “1” rakamı, olmayan bant için ise “0” rakamı kullanılmıştır.

3.5 Verilerin Analizleri

3.5.1 Morfolojik verilerin analizleri

İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren *S. leucodon* örneklerinin iç ve dış morfolojik karakterleri üzerine ölçüm ve sayımlar yapıldıktan sonra elde edilen veriler bilgisayar ortamına aktarılarak, veri dosyalarından tanımlayıcı istatistikler (ortalama, standart sapma) hesaplandı. Morfometrik çalışmalarda *S. l. cilicicus* ve *S. l. anatolicus* alttürlerinin yayılış alanından tespit edilen kromozom formların bireylerinden elde edilen ölçümlerin ortalamaları arasındaki fark tek yönlü ANOVA ve MANOVA varyans analizleri ile belirlendi. Her iki analizin uygulanmasında SPSS 18 (Norusis 1990) paket programı kullanıldı.

Morfometrik çalışmalar sonucunda elde edilen veriler Kanonikal vektör analiz (CVA) ve Ayrışım fonksiyonu analiz (DFA) gibi çok değişkenli istatistik yöntemlerle değerlendirildi. Her iki analizde, morfometrik karakterler arasındaki korelasyona bağlı olarak önceden belirlediğimiz grupları birbirinden ayıran fonksiyonları bulmakta ve hesaplanan fonksiyonlar ile yeni gözlenen birimi sınıflandırma hatası en aza indirecek biçimde gruplardan herhangi birine atamaktadır. CVA ve DFA birbirlerine paralel analizler olsalar da ayırma fonksiyonlarının katsayılarının hesaplanmasında başvurulan yöntemlerde farklılıklar göstermektedir. DFA genellikle az sayıda grup karşılaştırmalarında, CVA ise çoklu grup karşılaştırmalarında tercih edilen çok değişkenli testlerdir. CVA analizi varyans-kovaryans matrisine (pooled varyans-kovaryans) gereksinim duyar ve bu matrislerden yararlanarak Wilk's Lamda değerini hesaplar. Ayrıca her kümeleme sonucunda gruplar arasındaki farklılığın derecesini değerlendirmeye yarayan bir uzaklık matrisi olan Mahalanobis uzaklık matrisini hesaplar. CVA analizi için STATİSTİCA 7 (StatSoft, Inc. 2005) paket programı kullanıldı. Bu programdan elde edilen CVA-skorları kullanılarak PASS 2008 (Hintze 2008) paket programında, CVA analizi sonucu oluşan gruplar, 2 boyutlu düzlemde dağılım grafikleri ile gösterildi. Ayrıca CVA sonucu elde edilen Mahalanobis uzaklık matrisi kullanılarak NTSYS pc 2.2 (Rohlf 1993) paket programında bir diğer çok değişkenli analiz olan Kümeleme (Cluster) analizi morfolojik verilere uygulanarak UPGMA ağacı çizildi. DFA analizi SAS-JMP 5.0.1 (SAS Ins. Inc. 1989-2005) istatistik paket programı kullanılarak hesaplandı. DFA analizi sonucu oluşan gruplandırmanın doğruluğunu test etmek için yapılan çapraz-doğrulama testi (cross-validation) MINITAB 15 (Minitab, Inc. 1997) paket programında yapılmıştır. Bütün bireylerin kafatasları incelendi ve daha önceki çalışmalarda tür ayırımında kullanılan ayırıcı karakterlerin varlığı (1) ve ya yokluğu (0) durumuna göre veri matrisi oluşturuldu. Bu veri tablosundan karakterlerin görülme frekansları hesaplandı.

3.5.2 Allozim ve RAPD verilerinin analizleri

Populasyon içindeki ve arasındaki genetik varyasyonu ortaya çıkarmak için allozim ve RAPD verilerinde; populasyonların allel frekansları, Hardy-Weinberg dengesinde olup olmadıkları, lokus başına heterozigot bireylerin ortalama frekans hesaplamaları,

polimorfik lokusların yüzdeleri, populasyonlar içinde ve arasında genetik farklılaşmanın (F_{st} , F_{is} , F_{it}) miktarı, genetik çeşitlilik miktarı (Shannon çeşitlilik indeksi, I), gen akışı (Nm), genetik mesafe (D) hesaplandı.

3.5.2.1 Hardy-Weinberg dengesi

Allozim analizlerinde her bir lokustaki Hardy-Winberg dengesinden sapmayı belirlemek için; POPGENE 1.32 (Yeh *et al.* 1999) paket programı ile Levene (1949)'in Khi-kare (X^2) ve olabilirlik oranı testi (G^2 , likelihood ratio), TFGA 1.3 (Miller 1997) paket programı ile Gou and Thompson (1992)'nin Markov chain exact testi ve GENEPOP 3.1C (Raymond and Rousset 1995) paket programı ile Rousset and Raymond (1995)'in populasyonlardaki heterozigotluk fazlalığı ve eksikliğin belirlenmesinde kullanılan bir test olan U test kullanıldı.

3.5.2.2 Allel frekansları

Allozim ve RAPD-DNA analizlerinde bant yapılarının belirlenmesinin ardından allel frekanslarının tahmini RAPD verilerinde POPGENE 1.32 (Yeh *et al.* 1999), allozim verilerinde BIOSYS-2 (Swofford and Selander 1981) paket programları kullanılarak aşağıdaki formülle (Nei 1987) hesaplandı. Bu formülde $f(A_i)$: herhangi bir allelin frekansı, N : populasyondaki birey sayısı, N_{ii} ve N_{ij} : sırasıyla A_{ii} ve A_{ij} genotiplerinin frekansı, m : bir lokustaki allel sayısını temsil etmektedir.

$$f(A_i) = \hat{x}_i = \frac{(2N_{ii} + \sum_{j=1}^m N_{ij})}{2N}$$

3.5.2.3 Allel sayısı

Genetik varyasyonun bir diğer göstergesi olan lokus başına düşen allel sayısı (N_a), RAPD verilerinde POPGENE 1.32 (Yeh *et al.* 1999), allozim verilerinde BIOSYS-2 (Swofford and Selander 1981) paket programları kullanılarak aşağıdaki formülle (Nei 1987) hesaplandı. Formülde N_{a_i} : i lokusundaki allel sayısı, r : lokus sayısıdır.

$$Ortalama(n_a) = \frac{\sum_i n_{a_i}}{r}$$

3.5.2.4 Etkin allel sayısı

Etkin allel sayısı RAPD verilerinde POPGENE 1.32 (Yeh *et al.* 1999), allozim verilerinde BIOSYS-2 (Swofford and Selander 1981) paket programları kullanılarak Kimura and Crow (1978) tarafından geliştirilen aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır. Formülde N_e : etkin allel sayısı, X_i : i allellerinin frekansdır.

$$N_e = 1 / \sum x_i^2$$

3.5.2.5 Shannon sabiti

Shannon sabiti her bir populasyondaki genetik çeşitlilik düzeyini ifade etmektedir. Allozim ve RAPD analizlerinde bu sabit POPGENE 1.32 (Yeh *et al.* 1999) paket programı kullanılarak hesaplandı. Allel frekansına dayanılarak Lewontin (1972) tarafından geliştirilen aşağıdaki formül kullanıldı. Formülde H_0 : Shannon sabiti, p_i : allel frekansdır.

$$H_0 = - \sum p_i \ln p_i$$

3.5.2.6 Heterozigotluk

Bir populasyondaki genetik çeşitliliğin en yaygın kullanılan ölçütüdür. Çalışmada lokustaki beklenen heterozigotluğun tahmininde Allozim ve RAPD analizlerinde GenAEx 6.2 (Peakall and Smouse 2006) paket programı kullanıldı. Diğer programlarla da sonuçlar test edildi ve aynı sonuçlar bulundu. Bu programda beklenen heterozigotluk Nei (1987) tarafından geliştirilen aşağıdaki formülle hesaplandı. Formülde N : birey sayısı, X : allel frekansdır.

$$\hat{h} = \frac{2N \left(1 - \sum x_i^2 \right)}{2N - 1}$$

3.5.2.7 Polimorfik lokus oranı

Bu çalışmada en yaygın allelin (X_i) frekansı 0,95'e eşit veya az ise o lokus polimorfik kabul edilmektedir. Allozim ve RAPD analizlerinde GenAEx 6.2 (Peakall and Smouse 2006) paket programı kullanıldı. Bu programda polimorfik lokusların oranı Nei (1987) tarafından geliştirilen aşağıdaki formülle hesaplandı. Formülde N_p : polimorfik lokus sayısı, r : lokus sayısıdır.

$$P = \frac{n_p}{r}$$

RAPD verilerinde popülasyonlara göre farklı bant sayısı, yaygın bantların dağılımı ve özel bantlar GenAlEx 6.2 (Peakall and Smouse 2006) paket programında hesaplandı.

3.5.2.8 F istatistiği

Allozim verileri F istatistik değerleri Wright (1951)'e göre hesaplanmış ve hesaplamalarda GENEPOP 3.1C (Raymond and Rousset 1995) paket programı kullanılmıştır. F_{IS} her bir alt popülasyon içindeki fiksasyon endeksini yani bir alt popülasyondaki heterozigotluğun Hardy-Weinberg dengesinden sapmasını göstermektedir. Bu değer -1 ile +1 arasında değişmektedir. Negatif değerler heterozigotluk fazlalığına, pozitif değerler ise heterozigot azlığına işaret etmektedir. Aşağıdaki formülde, H_I : bir popülasyondaki bireyin gözlenen heterozigotluk değerini, H_S : bir popülasyondaki bireyin beklenen heterozigotluk değerini göstermektedir.

$$F_{IS} = \frac{H_S - H_I}{H_S} = 1 - \frac{H_I}{H_S}$$

F_{IT} tüm popülasyonlardaki fiksasyon endeksini yani tüm popülasyonlardaki heterozigotluğun Hardy-Weinberg dengesinden sapmasını göstermektedir. Aşağıdaki formülde H_T : tüm popülasyonlardaki bireyin beklenen heterozigotluk değeridir.

$$F_{IT} = \frac{H_T - H_I}{H_T} = 1 - \frac{H_I}{H_T}$$

F_{ST} ise popülasyonlar arasındaki allel frekansları farklılıkları nedeniyle meydana gelen fiksasyon endeksindeki azalmayı göstermektedir. Ayrıca, popülasyonlar arası genetik farklılaşmayı gösteren en kapsamlı ölçütlerden biridir. Daima 0 ile 1 arasında değişen pozitif değerler alır. F_{ST} değeri 0,05 ve daha azsa popülasyon içi genetik farklılaşma ihmal edilebilir düzeyde, 0,25'den büyükse ciddi ölçüde genetik farklılaşmadan söz edilebilir. Bu istatistik şöyle hesaplanır;

$$F_{ST} = \frac{H_T - H_S}{H_T} = 1 - \frac{H_S}{H_T}$$

F istatistiğine ait bu üç değer arasında şöyle bir ilişki söz konusudur,

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$$

Ayrıca, F_{ST} kullanılarak populasyonlar arasındaki gen akışı (Nm) aşağıdaki formülle hesaplanabilmektedir. Eğer Nm değeri 1'den küçükse populasyonlar arası farklılaşma gözlemlendiği kabul edilmektedir.

$$N_m = 0.25 (1 - F_{ST}) / F_{ST}$$

RAPD verilerinin genetik farklılaşması ölçütü Nei (1973) G_{ST} (Populasyonlar arasındaki genetik farklılaşma katsayısı), H_T (Tüm populasyonda bir bireyin beklenen heterozigotluğu) ve H_S (Populasyon içinde bir bireyin beklenen heterozigotluğu) POPGENE 1.32 (Yeh *et al.* 1999) paket programı kullanılarak hesaplandı. Nm gen akışı G_{ST} kullanılarak hesaplanır.

$$H_T = D_{ST} + H_S$$

$$H_S = 1 - \sum_{i=1}^k p_i^2$$

$$G_{ST} = D_{ST} / H_T$$

$$Nm = 0,25 (1 - G_{ST}) / G_{ST}$$

3.5.2.9 Genetik mesafe

Genetik mesafe populasyon (ya da tür) çiftleri arasındaki gen farklılıklarının büyüklüğüdür. Bu değerler genellikle geometrik uzaklıklarla eşitir, yani mesafe değerinin "0" olması farklılık olmadığına işaret eder. Benzerlik (I) ve mesafe (D) değerleri birbirlerine komplementerdir. En fazla kullanılan genetik mesafe değeri Nei (1978) bu çalışmada Allozim ve RAPD verilerinde tercih edilmiştir. Allozim verilerinde aşağıdaki formül BIOSYS-2 (Swafford and Selander 1981), RAPD verilerinde POPGENE 1.32 (Yeh *et al.* 1999) paket programları kullanılmıştır.

$$I = \frac{J_{xy}}{(J_x J_y)^{1/2}}$$

$$J_{xy} = \sum_i^m x_i y_i \quad J_x = \sum_i^m x_i^2 \quad J_y = \sum_i^m y_i^2$$

Yukarıdaki formülde I : x ve y populasyonlarının genetik benzerliğidir. Çalışılan tüm lokuslar için J_{xy} , J_x ve J_y değerleri toplanıp lokus sayısına bölünerek tüm alleller için ortalaması alınmaktadır. Elde edilen ortalama değerler (J'_{xy} , J'_x ve J'_y) genetik mesafe (D') ve benzerliğin tahmininde kullanılmaktadır.

$$I' = \frac{J'_{xy}}{(J'_x J'_y)^{1/2}} \quad D' = -\ln I'$$

3.5.2.10 Kümeleme analizi

Kümeleme analizi allozim ve RAPD verilerinde Nei (1978)'e göre oluşturulan genetik mesafe matrisi kullanılarak kuruldu. Allozim verilerinde TFPGA 1.3 (Miller 1997) istatistik programı kullanılarak UPGMA dendrogram hazırlanmış ve kladlar (clade) arasındaki güven seviyeleri 1000 permutasyonlu bootstrap analizi ile % olarak hesaplandı. Ayrıca allozim analizlerinde Nei (1978) mesafe matrisi temel alınarak Freetree (Pavlicek *et al.* 1999) paket programı ile span (köksüz) ağaç oluşturulmuştur. RAPD verilerinde kümeleme analizi MEGA 4 (Tamura *et al.* 2007) paket programı kullanılarak komşu bağlantı ağacı (Neighbour-Joining, NJ) dendrogramı hazırlandı.

3.5.2.11 Konsensus (Ortak) ağacı

Konsensus ağaç iki veya daha fazla ağaç arasındaki ilişkileri özetleyerek ortak bir ağaç oluşturmak için kullanılır. Bu çalışmada Allozim analizi sonucu elde edilen Nei (1978) genetik mesafe matrisi ve RAPD analizi sonucu elde edilen Nei (1978) genetik mesafe matrisleri arasında 16 kromozomal formda PHYLIP 3.68 (Felsenstein 2008) paket programı kullanılarak konsensus ağaç oluşturuldu.

3.5.2.12 Temel Koordinat Analizi (PCoA)

Çalışılan populasyonlarda genetik varyasyonu görmek için çok değişkenli istatistik analizlerinden Temel Koordinat Analizi (PCoA) Allozim ve RAPD analizlerinden elde edilen allel frekans verileri temel alınarak GenAIEx 6.2 (Peakall and Smouse 2006) paket programı kullanılarak hesaplandı.

3.5.2.13 AMOVA (Moleküler Varyans Analizi)

AMOVA moleküler verileri temel alarak populasyonların ortalama değerleri arasında fark olup olmadığını belirleyen çok değişkenli bir analizdir. Bu analiz moleküler verilerde örneğin RFLP, AFLP, RAPD, Allozim analizlerinde allel frekanslarını

kullanarak populasyonlar arasındaki genetik yapı hakkında bilgi vermektedir (Excoffier *et al.* 1992). Bu çalışmada bu analiz GenAlEx (Peakall and Smouse 2006) paket programı kullanılarak yapılmıştır.

4. BULGULAR

4.1 Karyolojik Bulgular

Arazi çalışmalarında toplanan bütün örneklerin Ford and Hamerton (1956) çalışmasına göre karyotip analizleri yapılmıştır. Karyotip analizler sonucunda *S. leucodon*'un yayılış alanından $2n=36, 38, 40, 52, 54, 56, 58, 60$ olmak üzere sekiz farklı kromozomal form belirlendi. Ayrıca çalışılan kromozomal formlardan $2n=60$ 'da $NF=74, 76, 78, 80, 82, 84$ olmak üzere altı farklı NF değeri belirlendi (Çizelge 3.1).

4.1.1 *S. l. anatolicus* populasyonlarında karyolojik bulgular

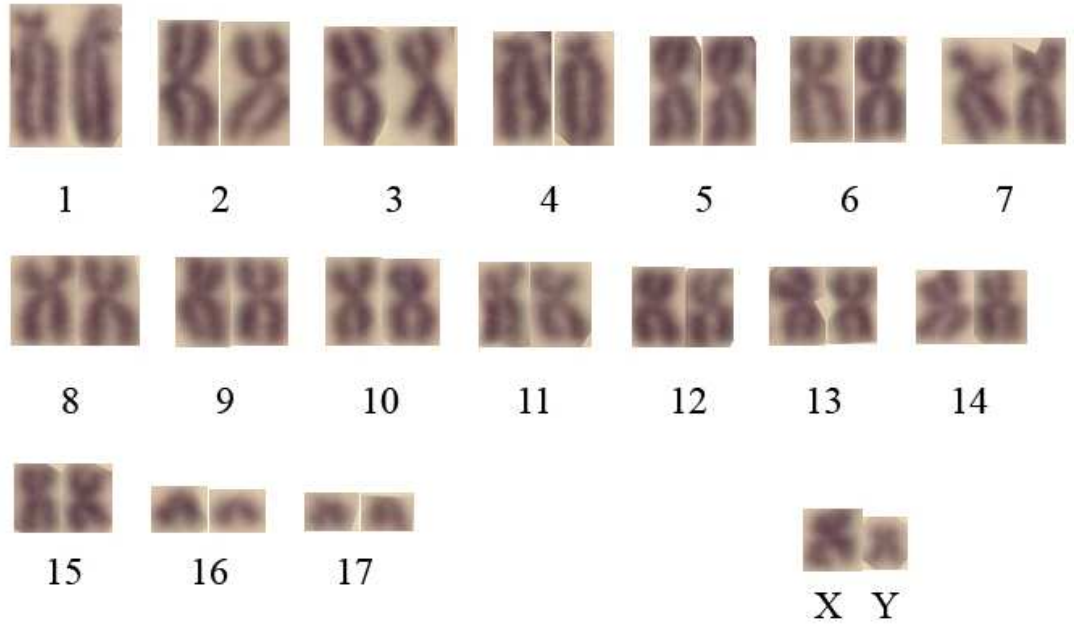
S. l. anatolicus'un yayılış alanından 10 populasyonda karyotip analizi yapılmış ve $2n=36$ ve 38 olmak üzere iki farklı kromozomal form belirlenmiştir.

$2n=36$ Kromozomal Form:

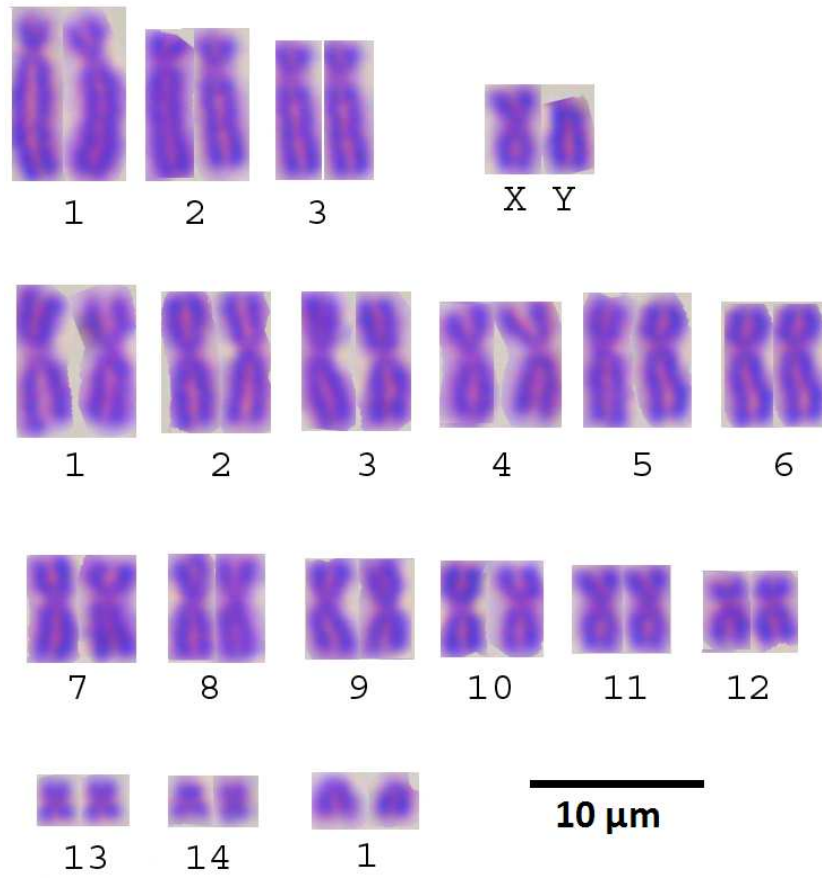
Batı Anadolu'da Aydın ilinde küçük izole populasyonlardan elde edilen körfare örnekleri üzerine yapılan karyotip çalışması sonucunda $2n=36$ $NF=72$ $NFa=68$ kromozom değeri belirlemiştir. Bu karyotip, iki büyük telosentrik kromozom çiftinden, beş adet büyüklüğü düzenli olarak değişen metasentrik kromozom çiftinden, yedi adet submetasentrik kromozom çiftinden ve iki adet orta boy akrosentrik kromozom çiftinden oluşmaktadır. X kromozomun otozomlardan farklı büyüklükte submetasentrik olduğu ve Y kromozomun küçük yapıda metasentrik olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.1).

$2n=38$ Kromozomal Form:

İzmir, Manisa ve Balıkesir populasyonlarından elde edilen körfare örneklerinin karyotip analizi sonucunda $2n=38$, $NF=74$ ve $NFa=70$ kromozom değerleri belirlendi. Otozomal kromozomlar sentromerlerin pozisyonuna ve morfolojilerine göre dört gruba ayrıldı. Bunlardan ilk grup üç çift büyük telosentrik otozomdan (1-3 çift), ikinci grup beş çift büyük submetasentrik otozomdan, üçüncü grup dokuz çift metasentrik otozomdan ve son grup bir çift akrosentrik otozomdan oluştu. X kromozom orta büyüklükte metasentrik ve Y kromozom büyük akrosentrik yapıdadır (Şekil 4.2).



Şekil 4.1 Aydın popülasyonundan bir erkek örneğin (6251 ♂) karyotipi



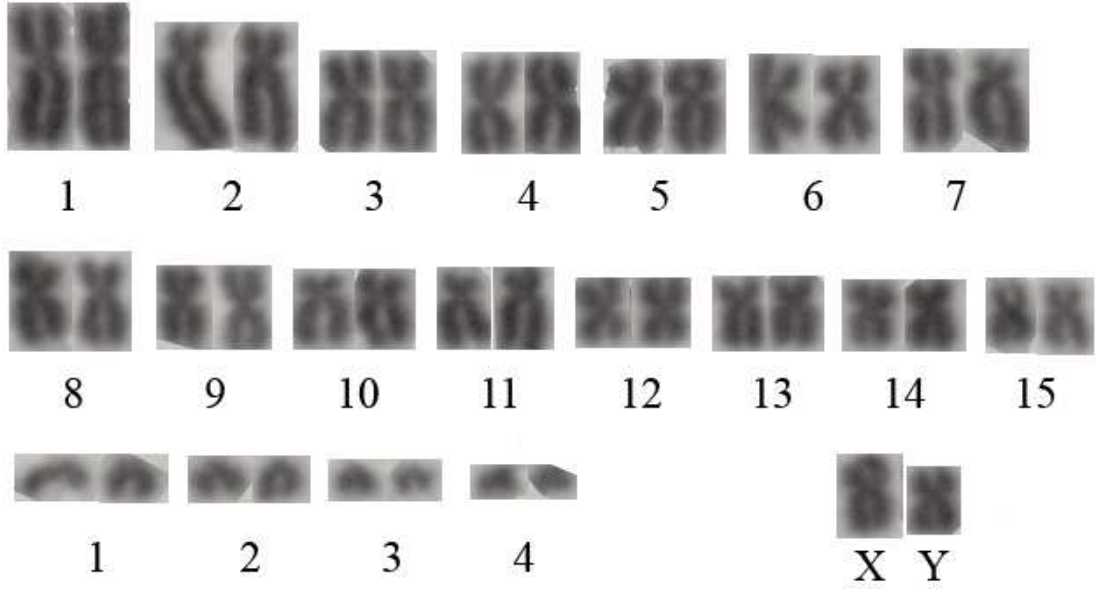
Şekil 4.2 İzmir-Foça popülasyonundan bir erkek örneğin (6138 ♂) karyotipi

4.1.2 *S. l. cilicicus* populasyonlarında karyolojik bulgular

S. l. cilicicus alt türünün yayılış alanından elde edilen populasyonlardan karyotip analizi yapılmış ve $2n=40, 52, 54, 56, 58, 60$ olmak üzere altı farklı kromozomal form belirlendi.

$2n=40$ Kromozomal Form:

Konya-Yeşildağ ve Isparta-Yenişarbademli olmak üzere iki populasyona ait bireylerin karyotip analizleri yapıldı ve $2n=40, NF=72, NFa=68$ kromozom değeri tespit edildi. Bu karyotip altı çift submetasentrik, beş çift telosentrik, dört çift metasentrik, dört çift akrosentrik kromozomdan meydana geldiği belirlendi. X kromozom orta boy, Y kromozom küçük metasentrik kromozomdur (Şekil 4.3).

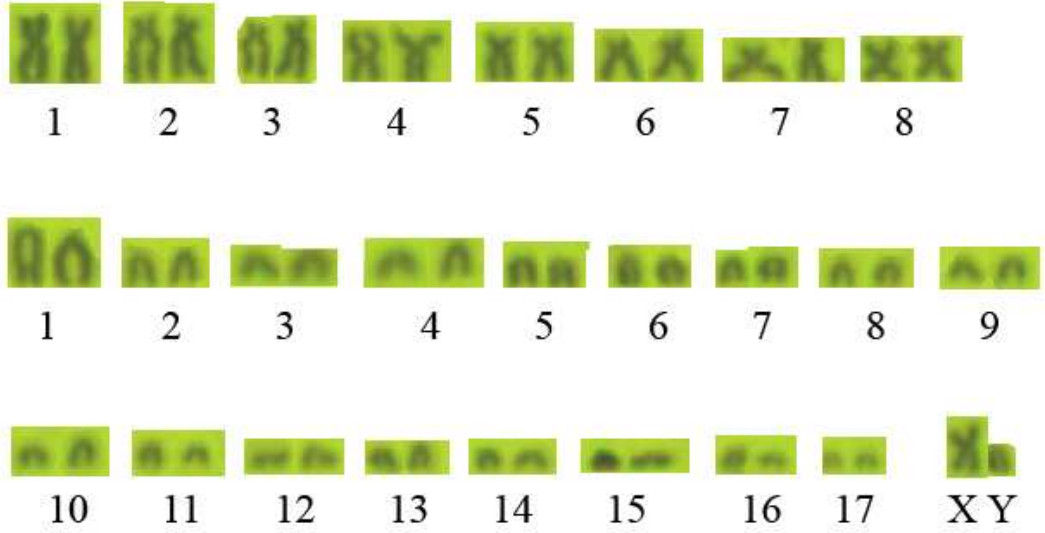


Şekil 4.3 Isparta-Yenişarbademli populasyonundan bir erkek örneğin (6269 ♂) karyotipi

$2n=52$ Kromozomal Form:

Bolu il sınırı içinden elde edilen populasyonlara ait körfare bireylerin karyotip analizleri sonucu $2n=52, NF=70, NFa=66$ kromozom değeri tespit edildi. Bu karyotip beş çift subtelosentrik, iki çift submetasentrik, bir çift metasentrik, onyedici çift akrosentrik

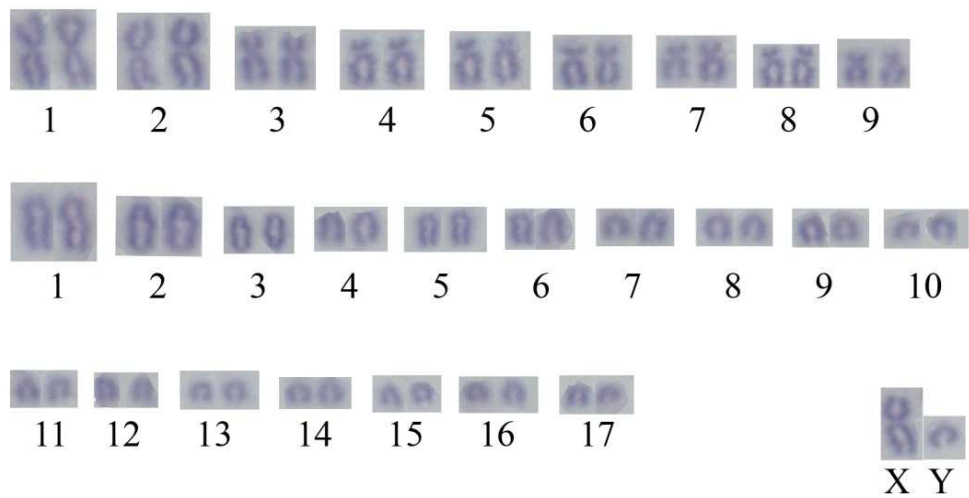
kromozomdan meydana geldiği tespit edildi. X kromozom büyük metasentrik, Y kromozom orta boy akrosentrik kromozomdur (Şekil 4.4).



Şekil 4.4 Bolu-Gerede populasyonundan bir erkek örneğin (4832 ♂) karyotipi

2n=54 Kromozomal Form:

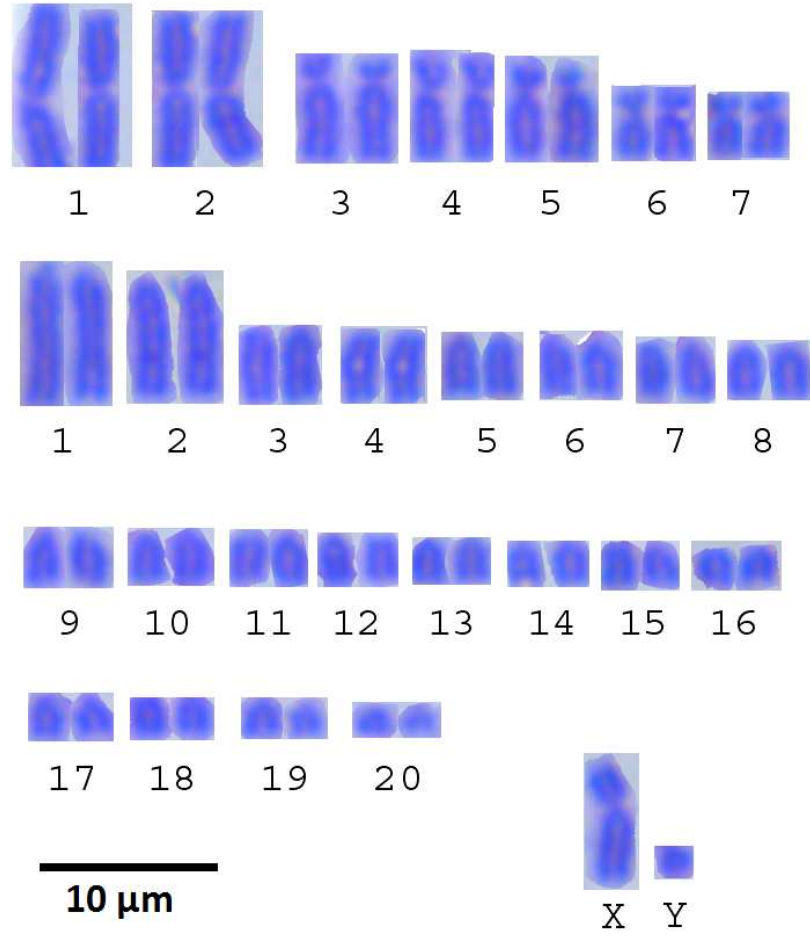
Kırıkkale ve Kırşehir populasyonlarından elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek $2n=54$ $NF=74$ $NFa=70$ karyotip değeri belirlendi. Otozomal set beş çift telosentrik, iki çift subtelosentrik, iki çift submetasentrik ve onyedii çift akrosentrik kromozomdan oluştuğu belirlendi. X kromozomu büyük metasentrik, Y kromozom akrosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.5).



Şekil 4.5 Kırıkkale-Keskin populasyonundan bir erkek örneğin (4913 ♂) karyotipi

2n=56 Kromozomal Form:

Manisa, Kula, Isparta populasyonlarından elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek $2n=56$ $NF=72$ $NFa=68$ karyotip değeri belirlendi. Otozomal set beş çift telosentrik, iki çift büyük metasentrik ve yirmi çift akrosentrik kromozomdan oluşmaktadır. X kromozomu büyük submetasentrik, Y kromozom küçük akrosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.6).

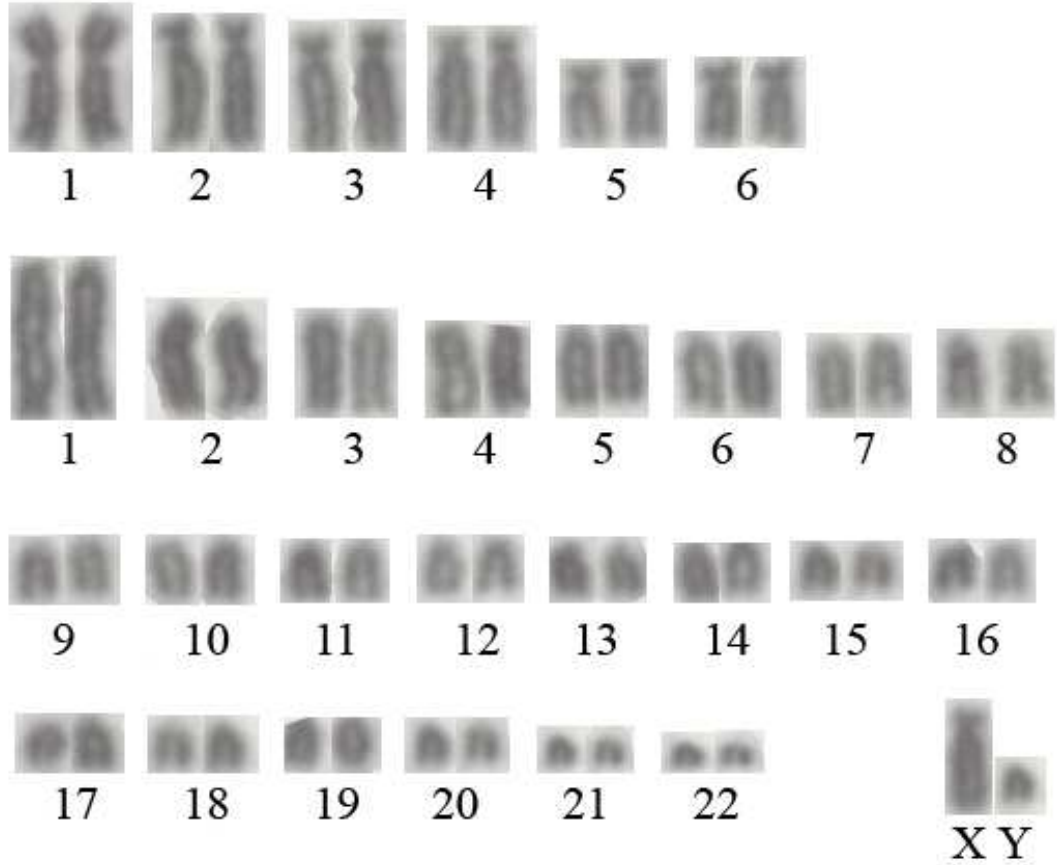


Şekil 4.6 Manisa-Kula populasyonundan bir erkek örneğin (6135 ♂) karyotipi

2n=58 Kromozomal Form:

Niğde populasyonlarından elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek $2n=58$ $NF=72$ $NFa=68$ karyotip değeri belirlendi. Otozomal set beş çift telosentrik, bir çift büyük submetasentrik ve yirmiiki çift akrosentrik kromozomdan oluşmaktadır. X

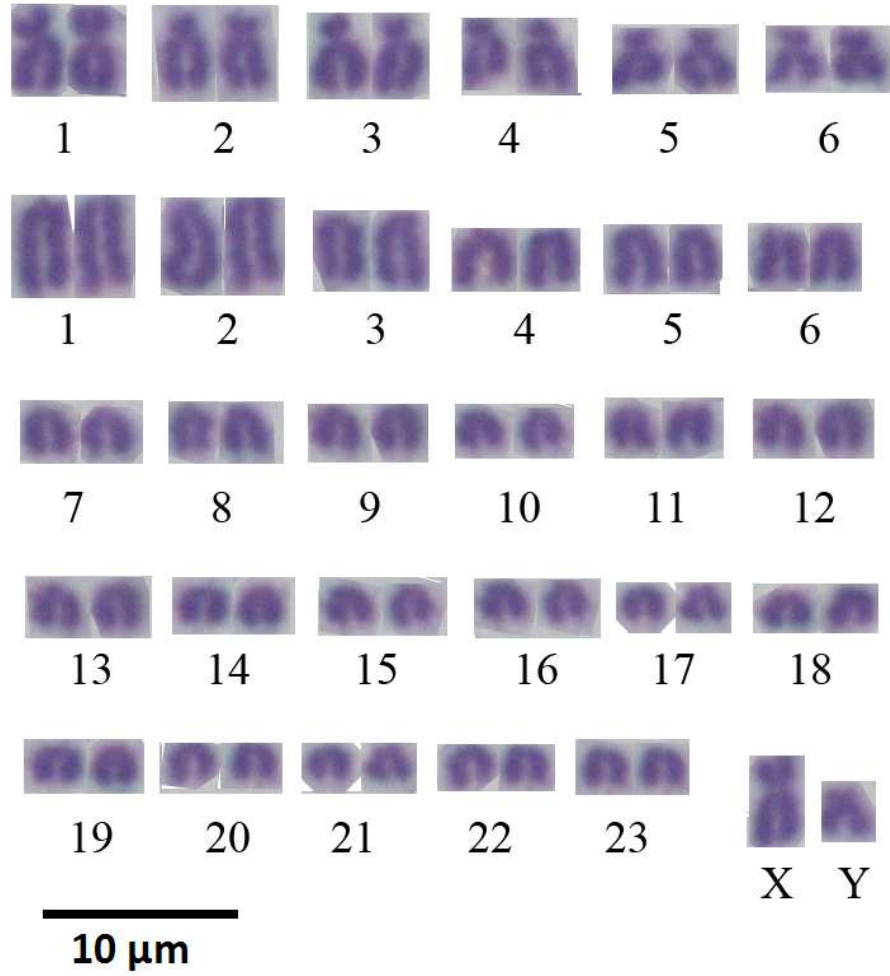
kromozomu büyük subtelosentrik, Y kromozom küçük akrosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.7).



Şekil 4.7 Niğde-Pozantı populasyonundan bir erkek örneğin (57 ♂) karyotipi

2n=60 NF=74 Kromozomal Form:

Manisa-Selendi populasyonundan elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek 2n=60 NF=74 NFa=70 karyotip değeri belirlendi. Otozomal set beş çift telosentrik, bir çift büyük submetasentrik ve yirmiüç çift akrosentrik kromozomdan oluşmaktadır. X kromozomu büyük submetasentrik, Y kromozom küçük telosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.8).



Şekil 4.8 Manisa-Selendi popülasyonundan bir dişi örneğin (6143♀) karyotipi

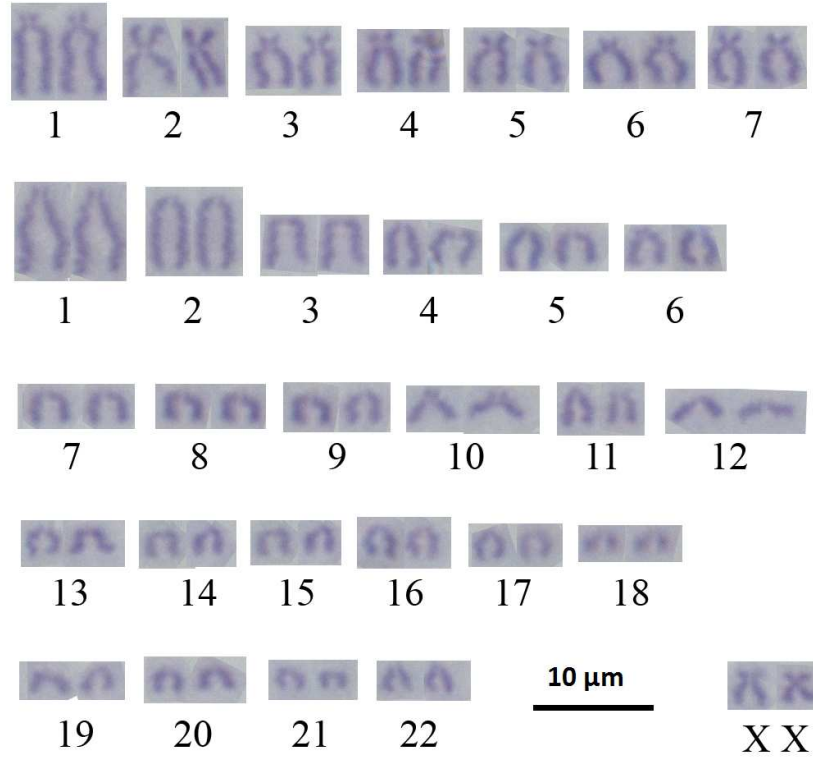
2n=60 NF=76 Kromozomal Form:

Bilecik, Kütahya, Eskişehir, Konya (Akşehir, Beyşehir) popülasyonlarında elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek 2n=60 NF=76 Nfa=72 karyotip değeri belirlendi. Otozomal set altı çift telosentrik, bir çift büyük submetasentrik ve yirmiiki çift akrosentrik kromozomdan oluşmaktadır. X kromozomu büyük submetasentrik olarak belirlendi (Şekil 4.9).

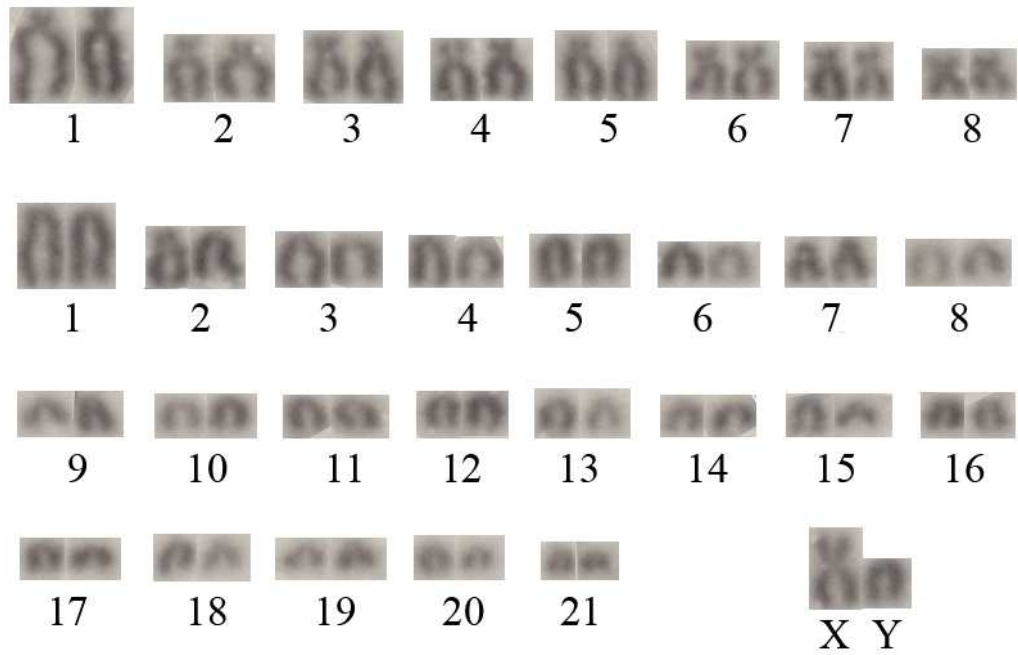
2n=60 NF=78 Kromozomal Form:

Bolu (Ayman yaylası), Ankara (Çeltikli), Isparta (Gelendost, Yalvaç) popülasyonlarında elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek 2n=60 NF=78 Nfa=74 karyotip değeri belirlendi. Otozomal set yedi çift telosentrik, bir çift küçük

submetasentrik ve yirmibir çift akrosentrik kromozomdan oluşmaktadır. X kromozomu büyük submetasentrik, Y kromozom orta boy akrosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.10).



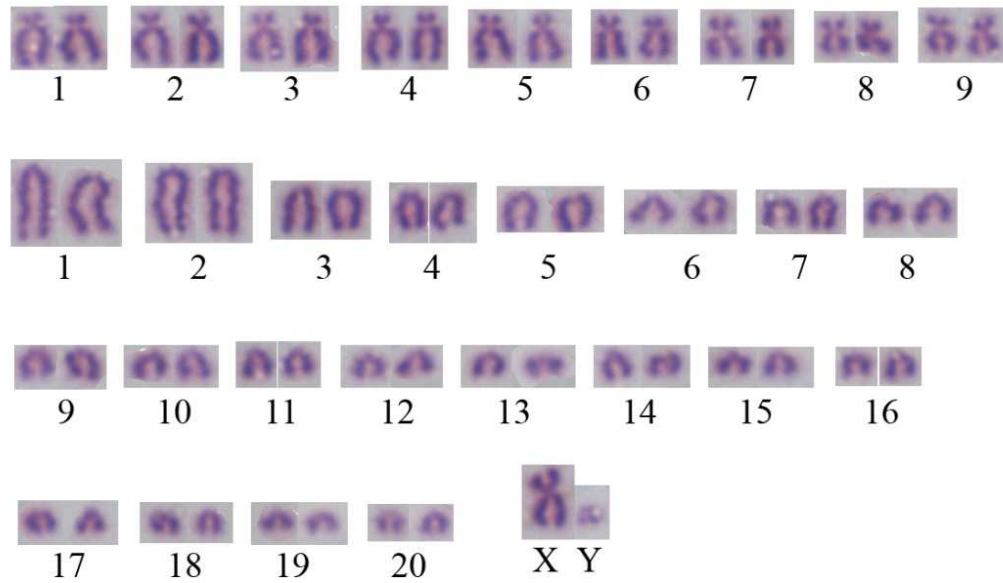
Şekil 4.9 Bilecik-Söğüt popülasyonundan bir dişi örneğin (6149♀) karyotipi



Şekil 4.10 Isparta-Gönen popülasyonundan bir erkek örneğin (6144♂) karyotipi

2n=60 NF=80 Kromozomal Form:

Ankara, Erzincan, Sivas, Yozgat, Konya populasyonlarında elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek $2n=60$ $NF=80$ $NFa=76$ karyotip değeri belirlendi. Otozomal set dokuz çift telosentrik ve yirmi çift akrosentrik kromozomdan oluşmaktadır. X kromozomu büyük submetasentrik, Y kromozom küçük boy akrosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.11).



Şekil 4.11 Ankara-Gölbaşı populasyonundan bir erkek örneğin ($6114♂$) karyotipi

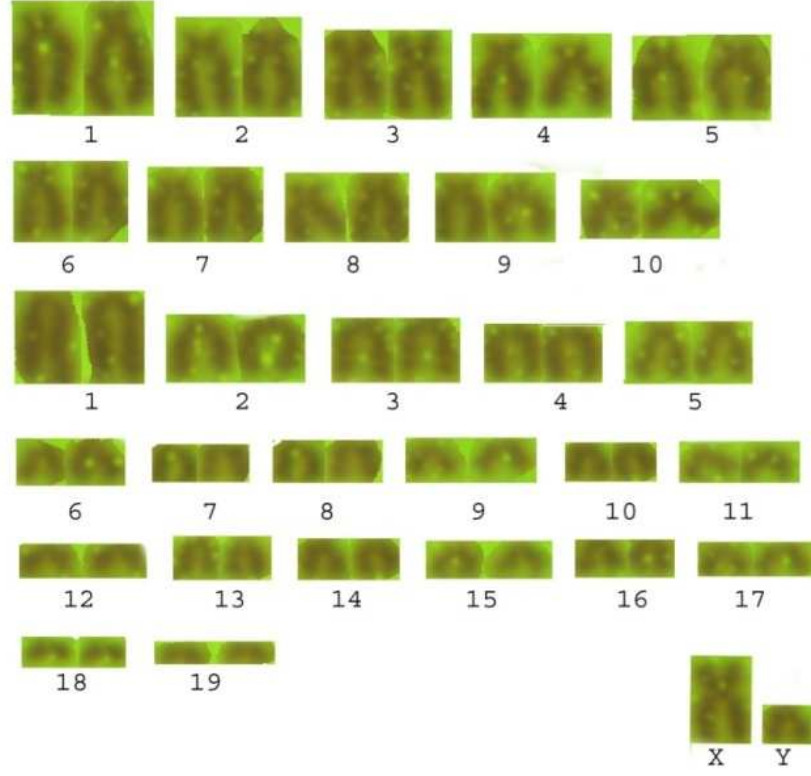
2n=60 NF=82 Kromozomal Form:

Afyon populasyonlarında elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek $2n=60$ $NF=82$ $NFa=78$ karyotip değeri belirlendi. Otozomal set dokuz çift telosentrik, bir çift submetasentrik ve ondokuz çift akrosentrik kromozomdan oluşmaktadır. X kromozomu büyük submetasentrik, Y kromozom orta boy akrosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.12).

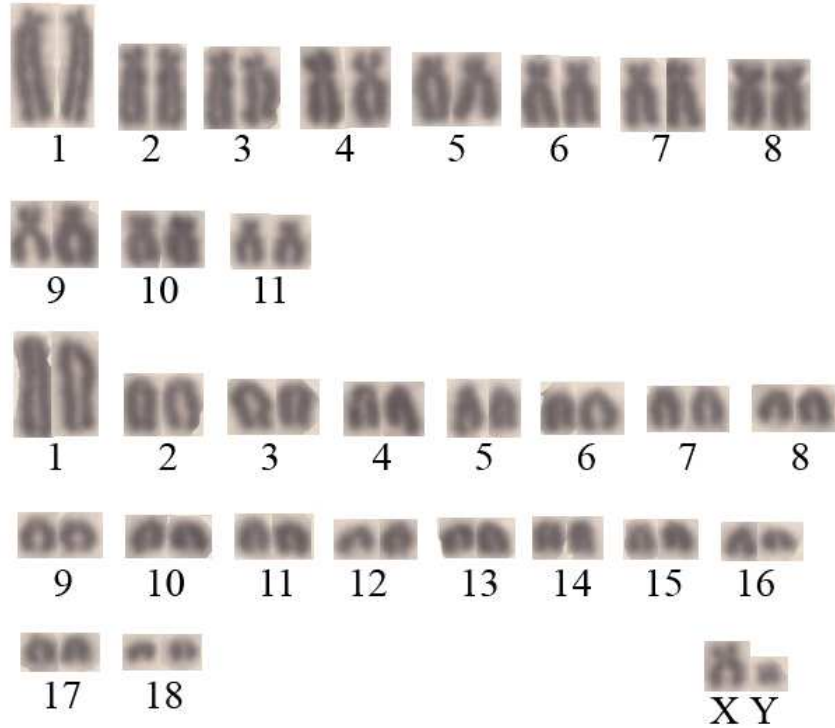
2n=60 NF=84 Kromozomal Form:

Burdur ve Denizli populasyonlarında elde edilen körfare örnekleri karyolojik olarak analiz edilerek $2n=60$ $NF=84$ $NFa=80$ karyotip değeri belirlendi. Otozomal set on çift telosentrik, bir çift submetasentrik ve onsekiz çift akrosentrik kromozomdan

oluşmaktadır. X kromozomu orta boy submetasentrik, Y kromozom küçük akrosentrik olarak belirlendi (Şekil 4.13).



Şekil 4.12 Afyon-Çay popülasyonundan bir erkek örneğin (27♂) karyotipi



Şekil 4.13 Denizli-Acıpayam popülasyonundan bir erkek örneğin (6198♂) karyotipi

4.2 Morfolojik Bulgular

4.2.1 Nonmetrik karakterler

Daha önce körfare türlerinin ayırımında kullanılan 19 nonmetrik karakter tez örneklerinde incelendi. Karakterin kafatasında bulunması ve bulunmaması bakımından 1-0 veri matrisi oluşturuldu ve bu veri matrisinden karakterlerin kromozomal formlardaki görülme frekansları hesaplandı (Çizelge 4.1). EK 1’de 1-0 veri matrisi tablo halinde sunuldu.

Çizelge 4.1 Kafataslarında gözlenen non-metrik karakterlerin frekansları

GRUPLAR	K1	K2	K3	K4	K5	K6	K7	K8	K9	K10	K11	K12	K13	K14	K15	K16	K17	K18	K19
2n=60 NF=84	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,20	0,80	1,00	0,00	1,00	0,00	0,00	1,00	1,00	0,00	0,40	0,00	0,60
2n=60 NF=82	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,40	0,60	1,00	0,00	1,00	0,00	0,00	1,00	0,80	0,20	0,80	0,00	0,20
2n=60 NF=80	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,07	0,10	0,84	0,98	0,00	1,00	0,00	0,03	1,00	1,00	0,00	0,46	0,14	0,40
2n=60 NF=78	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,21	0,47	0,32	0,95	0,00	0,90	0,38	0,05	0,95	1,00	0,00	0,47	0,22	0,32
2n=60 NF=76	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,15	0,48	0,38	1,00	0,00	0,96	0,04	0,00	1,00	0,98	0,02	0,48	0,46	0,06
2n=58 NF=72	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00	1,00	0,00	1,00	0,00	0,00	1,00	1,00	0,00	0,61	0,06	0,33
2n=56 NF=72	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,20	0,60	0,20	1,00	0,33	0,53	0,13	0,00	1,00	1,00	0,00	0,07	0,80	0,13
2n=54 NF=74	0,00	0,00	1,00	0,00	0,33	0,00	0,42	0,25	1,00	0,00	1,00	0,00	0,50	0,50	0,67	0,33	0,25	0,25	0,50
2n=52 NF=70	0,00	0,00	1,00	0,00	0,00	0,00	0,41	0,59	0,00	0,00	1,00	0,00	0,00	1,00	1,00	0,00	0,71	0,00	0,29
2n=40 NF=72	0,50	0,11	0,39	0,00	0,00	0,06	0,33	0,61	1,00	0,17	0,83	0,00	0,00	1,00	1,00	0,00	0,50	0,50	0,00
2n=38 NF=74	0,00	0,67	0,33	0,00	0,00	0,00	0,33	0,67	1,00	0,06	0,06	0,89	0,67	0,33	1,00	0,00	0,56	0,00	0,44
2n=36 NF=68	0,00	0,11	0,44	0,44	0,00	0,00	1,00	0,00	1,00	0,22	0,44	0,33	0,44	0,56	1,00	0,00	0,67	0,33	0,00

4.2.2 Metrik karakterler

Morfometri çalışmasında, İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren sekiz kromozomal forma ait ergin örneklerde üç dış ve otuzbir iç morfolojik karakter ölçüldü. İstatistik analizler, erkek ve dişi örnekler arasında eşeyssel dimorfizm bulunduğundan dolayı eşeylere ayrı ayrı uygulandı. Her kromozomal form için karakterlerin ortalamaları ve standart sapmaları hesaplandı. Sekiz kromozomal forma ait, erkek ve dişi bireylerin kafatası ölçümlerinin ortalamaları ve bu ortalamalara ait standart sapma değerleri EK 2’de gösterildi.

4.2.2.1 Varyans analizi (Tek Yönlü ANOVA-MANOVA)

Sekiz kromozomal forma ait bireylerde ölçülen morfolojik karakterlerin ortalamaları arasında bir farklılık olup olmadığını test etmek için yapılan varyans analizleri sonucunda, 34 morfometrik karakterden erkek örneklerde 9 tanesi (AAU, IOG, NU, BKY, RG, UKA, ADU, KOG, FIG), dişilerde 8 tanesi (TBU, NU, BKY, POG, RG, UKA, ADU, KOG) istatistiksel olarak anlamlı bulunmadı ($P>0.05$). Erkeklerde diğer 25 karakterden 11 tanesi $p<0,001$, 8 tanesi $P<0,01$ ve 6 tanesi $p<0,05$ anlamlılık derecesinde farklı bulundu. Dişilerde ise diğer 26 karakterden 19 tanesi $p<0,001$, 4 tanesi $P<0,01$ ve 3 tanesi $p<0,05$ anlamlılık derecesinde farklı bulundu (Çizelge 4.2-4.3).

İç Anadolu ve Batı Anadolu körfare populasyonlarından elde edilen morfolojik verilerin çoklu varyans analizi (MANOVA) sonuçlarına göre, tüm populasyonların, grup ortalama vektörleri birbirinden önemli düzeyde farklı bulundu. Pillai'nin iz istatistiği, Hotelling T^2 testi ve Roy'un en büyük kök testleri pozitif değerli testlerdir ve bu testlerin değerleri arttıkça, faktörün etkisinin modele katkısının arttığı düşünülür. Wilk's Lamda değeri ise negatif değerli bir testtir ve bu testin değeri küçüldükçe faktörün etkisinin modele katkısının arttığı düşünülür. Bu dört test arasında en yaygın kullanılanı Wilk's Lamda değeridir. MANOVA analizi sonucunda istatistik açıdan önem derecesi bütün testler için 0,05'ten küçük olduğu için H_0 hipotezi reddedilir yani analiz edilen kromozomal formların ortalamaları arasında anlamlı farklılığın bulunduğu söylenebilir (Çizelge 4.4).

Çizelge 4.2 Sekiz farklı kromozomal formda erkek örneklerde morfometrik karakterlerin varyans analizi (ANOVA) sonuçları

Karakter	Gruplar arası kareler toplamı	Grup içi kareler toplamı	F Değeri	Gruplar Arası (df1)	Grup İçi (df2)	P
TBU	7541,5	37632,4	3,321	7	116	P=0,003**
AAU	27,6	645,2	0,710	7	116	P=0,663
AĞ	51044,1	288176,1	2,956	7	116	P=0,007**
CNU	974,5	1656,9	9,747	7	116	P=0,000***
CBU	860,6	1457,0	9,789	7	116	P=0,000***
BU	801,6	1809,6	8,253	7	116	P=0,000***
ONU	1021,5	1546,7	10,945	7	116	P=0,000***
ZG	300,0	1541,6	3,225	7	116	P=0,004**
İOG	1,618	27,3	0,981	7	116	P=0,448
NG	12,01	47,8	4,162	7	116	P=0,000***
NU	53,03	426,2	2,062	7	116	P=0,053
BKY	48,19	383,7	2,081	7	116	P=0,051
SCU	68,84	404,8	2,819	7	116	P=0,010*
PU	39,28	147,2	4,423	7	116	P=0,000***
PÖG	63,05	305,0	3,426	7	116	P=0,002**
PAG	37,91	280,6	2,239	7	116	P=0,036*
SOU	50,57	198,6	4,219	7	116	P=0,000***
RG	8,312	69,38	1,985	7	116	P=0,053
FIG	22,55	86,40	4,325	7	116	P=0,000***
ÜKA	3,468	39,81	1,443	7	116	P=0,195
ÖDU	25,10	194,8	2,136	7	116	P=0,045*
ADU	23,15	228,0	1,682	7	116	P=0,120
DU	80,58	461,7	2,892	7	116	P=0,008**
FIU	17,12	19,57	14,492	7	116	P=0,000***
KOG	0,616	7,153	1,428	7	116	P=0,201
UMAU	22,07	86,28	4,240	7	116	P=0,000***
AMAU	9,356	55,93	2,772	7	116	P=0,011*
CU	257,3	860,6	4,955	7	116	P=0,000***
MY	21,09	86,73	4,029	7	116	P=0,001**
CPY	68,04	352,8	3,195	7	116	P=0,004**
İDÇ	2,431	15,09	2,670	7	116	P=0,013*
FIG	0,261	2,746	1,575	7	116	P=0,150
YBU	227,4	1112,7	3,387	7	116	P=0,003**
BKU	48,80	383,3	2,110	7	116	P=0,048*

* $P < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$

Çizelge 4.3 Sekiz farklı kromozomal formda dişi örneklerde morfometrik karakterlerin varyans analizi (ANOVA) sonuçları

Karakter	Gruplar arası kareler toplamı	Grup içi kareler toplamı	F Değeri	Gruplar Arası (df1)	Grup İçi (df2)	P
TBU	2355,8	23946,9	1,859	7	116	P=0,079
AAU	41,68	161,5	4,902	7	116	P=0,000***
AĞ	17710,0	85297,6	3,945	7	116	P=0,001**
CNU	314,14	544,52	10,961	7	116	P=0,000***
CBU	318,94	392,62	15,435	7	116	P=0,000***
BU	298,55	494,88	11,462	7	116	P=0,000***
ONU	429,97	524,31	15,581	7	116	P=0,000***
ZG	176,65	452,87	7,411	7	116	P=0,000***
İOG	5,607	24,08	4,423	7	116	P=0,000***
NG	3,915	19,73	3,771	7	116	P=0,001**
NU	6,098	151,16	0,767	7	116	P=0,616
BKY	17,003	187,26	1,725	7	116	P=0,108
SCU	73,69	172,9	8,098	7	116	P=0,000***
PU	55,23	129,2	8,120	7	116	P=0,000***
PÖG	22,061	258,38	1,622	7	116	P=0,134
PAG	58,058	498,0	2,215	7	116	P=0,037*
SOU	56,41	84,002	12,759	7	116	P=0,000***
RG	2,869	31,173	1,748	7	116	P=0,103
FIG	15,36	58,401	5,177	7	116	P=0,000***
ÜKA	1,464	29,675	0,938	7	116	P=0,480
ÖDU	33,274	131,69	4,801	7	116	P=0,000***
ADU	14,444	138,83	1,977	7	116	P=0,063
DU	92,27	199,08	8,807	7	116	P=0,000***
FIU	11,229	26,586	8,025	7	116	P=0,000***
KOG	0,295	4,229	1,325	7	116	P=0,243
UMAU	13,91	50,53	5,231	7	116	P=0,000***
AMAU	13,414	37,284	6,836	7	116	P=0,000***
CU	84,78	401,26	4,015	7	116	P=0,001**
MY	6,090	44,608	2,594	7	116	P=0,015*
CPY	16,95	151,29	2,130	7	116	P=0,045*
İDÇ	6,484	16,068	7,668	7	116	P=0,000***
FIG	0,598	3,172	3,585	7	116	P=0,001**
YBU	84,91	332,71	4,849	7	116	P=0,000***
BKU	13,935	57,908	4,572	7	116	P=0,000***

* $P < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$

Çizelge 4.4 Sekiz farklı kromozomal formda erkek örneklerde morfometrik karakterlerin çoklu varyans (MANOVA) analizi sonuçları

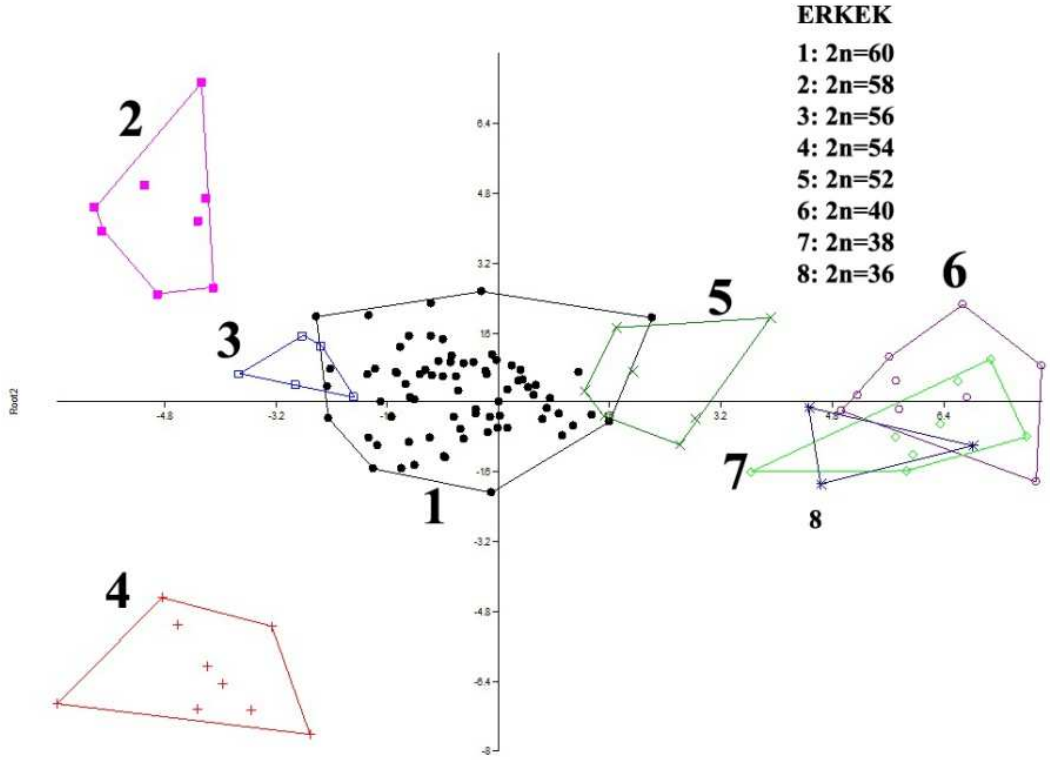
ERKEK	İstatistik Testler	Test sonuçları	F	DF1	DF 2	P
	Pillai'nin iz istatistiği	4,115	3,733	238	623	0,000
	Wilks'in lamda değeri	0,000	5,001	238	582	0,000
	Hotelling T ² istatistiği	20,712	7,074	238	569	0,000
	Roy'un istatistiği	10,358	27,11	34	89	0,000
DİŞİ	Pillai'nin iz istatistiği	4,096	4,397	238	742	0,000
	Wilks'in lamda değeri	0,001	5,593	238	699	0,000
	Hotelling T ² istatistiği	19,212	7,934	238	688	0,000
	Roy'un istatistiği	11,093	34,58	34	106	0,000

4.2.2.2 Kanonikal vektör analizi (CVA)

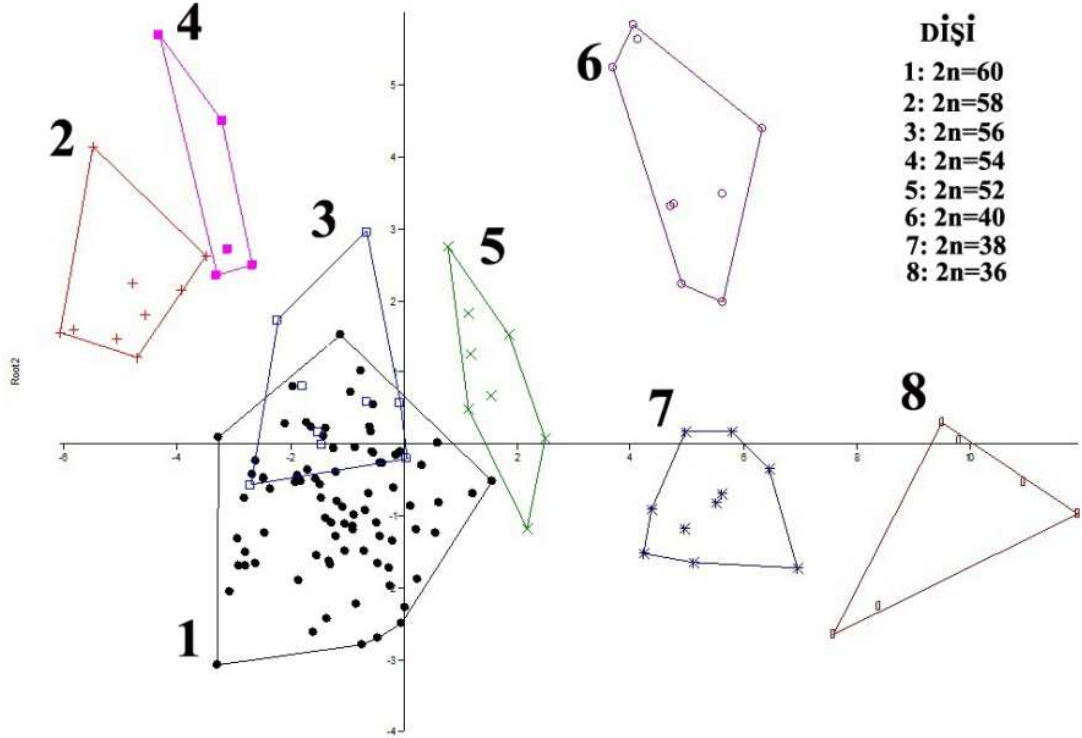
İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren kromozomal formlar arasında morfolojik farklılıkları tespit etmek için uygulanan kanonikal vektör analizi sonucunda ilk üç vektör, erkeklerde toplam varyasyonun % 99,08'ini ve dişilerde % 97,94'ünü açıkladı. Erkeklerde toplam varyasyonun I. vektör % 92,86'sını, II. vektör % 5,14'ünü ve III. vektör % 1,078'ini açıkladı. Dişilerde toplam varyasyonun I. vektör % 78,89'sını, II. vektör % 17,79'ünü ve III. vektör % 1,25'ini açıkladı. Kanonikal vektör analizi sonucunda oluşan sınıflandırmada erkeklerde sadece $2n=52$ kromozoma ait 1 birey $2n=60$ kromozomal form içinde sınıflandı. Benzer olarak dişilerde $2n=60$ kromozomal forma ait bir birey $2n=56$ kromozomal formunda sınıflandı. Morfometrik karakterlerin ilk üç vektör üzerindeki ağırlıklarına baktığımızda erkeklerde I. vektörde ONU (5,588), CBU (3,062), CNU (2,657), SCU (1,032), NU (1,061); II. vektörde CNU (5,014), CBU (3,530), BU (2,987), ONU (1,809), ZG (1,154), DU (1,219) ve III. vektörde CNU (3,659), BU (3,152), ONU (1,633), ZG (1,711) morfolojik karakterleri vektörler üzerinde yüksek ağırlığa sahiptir. Dişilerde ise I. vektörde ONU (1,763); II. vektörde BU (1,277), GNU (1,216) ve III. vektörde ONU (1,130) morfolojik karakterlerin vektörler üzerinde ağırlıkları yüksek bulundu (Çizelge 4.5). Kanonik vektör analizi sonucu oluşturulan iki boyutlu kümeleme grafikleri Şekil 4.14-4.15'de gösterildi. Kanonik vektör analiz sonucu oluşturulan iki boyutlu kümeleme grafik gösteriminde hem erkek örneklerde hem de dişi örneklerde İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren populasyonlar farklı bölgelerde gruplandı. İç Anadolu'da yayılış gösteren $2n=54$ ve $2n=58$ kromozoma ait populasyonlar her iki eşeyde de $2n=60$ populasyonlarına yakın fakat farklı bir bölgede kümelendi. $2n=56$ kromozoma ait populasyonlar ile $2n=60$ kromozoma ait populasyonlar her iki eşeyde de morfolojik olarak benzer populasyonlar olduğu belirlendi. $2n=52$ kromozomal formda ise her iki eşeyde de İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren populasyonlar arasında kümelenmiş ve her iki grubun morfolojik özelliklerine benzer özellikler gösterdi.

Çizelge 4.5 Kanonikal vektör analizde erkek ve dişide morfometrik değişkenlerin ilk üç kanonik vektöre katkısı

Karakter	ERKEK			DİŞİ		
	CV 1	CV 2	CV 3	CV 1	CV 2	CV 3
TBU	-0,127	0,113	-0,109	0,203	0,037	-0,443
AAU	0,239	-0,133	0,097	0,438	0,074	0,335
AĞ	-0,066	0,098	0,126	0,033	0,013	-0,374
CNU	2,657	5,014	-3,659	-0,195	-0,025	0,589
CBU	-3,062	-3,530	-0,384	-0,673	-0,192	-0,150
BU	0,453	2,987	3,152	0,029	-1,277	-0,083
ONU	-5,588	-1,809	1,633	-1,763	1,216	1,130
ZG	1,064	-1,154	-1,711	0,516	0,019	-0,677
İOG	0,098	0,316	0,064	-0,216	0,233	0,219
NG	0,103	-0,937	-0,355	-0,114	0,225	-0,171
NU	1,061	-0,004	-0,364	0,499	-0,086	-0,262
BKY	0,288	0,268	0,511	0,661	0,384	-0,093
SCU	1,032	-0,339	-0,649	-0,382	0,172	-0,098
PU	-0,247	-0,171	0,206	0,192	-0,387	-0,238
PÖG	0,125	-0,261	-0,282	0,232	-0,350	-0,064
PAG	-0,166	-0,175	-0,594	-0,327	0,943	-0,141
SOU	0,348	-0,115	-0,073	-0,399	-0,557	0,791
RG	0,384	0,492	0,986	0,675	-0,572	0,129
FIG	0,076	0,217	-0,006	0,001	0,357	-0,230
ÜKA	-0,799	-0,082	0,321	0,407	-0,204	0,337
ÖDU	-0,097	0,676	0,212	0,148	0,166	0,214
ADU	1,301	-0,456	0,111	-0,040	-0,019	-0,147
DU	0,666	-1,219	0,436	0,024	0,610	-0,753
FIU	0,324	0,308	-0,847	-0,254	-0,037	-0,268
KOG	0,256	-0,635	-0,099	-0,496	0,039	-0,224
UMAU	-0,120	-0,328	-0,026	-0,598	-0,275	-0,708
AMAU	-0,059	-0,354	-0,324	0,782	0,294	0,302
CU	-0,322	-0,191	0,136	-0,119	0,290	-0,017
MY	-0,270	-0,077	-0,410	0,139	-0,113	0,263
CPY	0,187	1,000	0,895	0,388	-0,607	0,057
İDÇ	0,429	0,406	-0,106	0,135	0,704	0,032
FIG	-0,170	0,069	0,367	-0,231	-0,062	0,476
YBU	0,207	-0,734	-0,671	-0,195	0,085	0,019
BKU	0,403	0,015	0,079	0,428	0,027	-0,531
EİGEN	10,350	4,587	2,913	11,09	2,472	2,095
TOTAL	0,499	0,721	0,862	0,577	0,706	0,815



Şekil 4. 14 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren farklı kromozomal formların erkek bireylerinde morfolojik karakterlerin kanonikal vektör analizi ile iki boyutta kümelenmesi



Şekil 4. 15 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren farklı kromozomal formların dişi bireylerinde morfolojik karakterlerin kanonikal vektör analizi ile iki boyutta kümelenmesi

4.2.2.3 Ayırışım fonksiyon analizi (DFA)

Morfolojik verilere göre kromozomal formlar arasındaki farklılıkları tespit edebilmek için çok deęişkenli istatistik analizlerinden ayırışım fonksiyon analizi, hem erkek hem de diři bireylere ayrı ayrı uygulandı. Ayırışım fonksiyon analizi sonucunda erkeklerde ve diřilerde toplam varyasyon (% 100) 7 konikal eksen tarafından açıklandı. Erkeklerde I. eksen % 50'sini, II. eksen % 22,2'sini, III. eksen % 14,1'ini ve IV. eksen toplam varyasyonun % 4,9'unu açıkladı. Erkeklerde toplam varyasyonun % 91,2'si ilk 4 konikal eksen tarafından açıklandı. Diřilerde, I. eksen % 57,7'sini, II. eksen % 12,9'unu, III. eksen % 10,9'unu ve IV. eksen toplam varyasyonun % 8'ini açıkladı. Diřilerde toplam varyasyonun % 89,5'u ilk 4 konikal eksen tarafından açıklandı (Çizelge 4.6).

Ayırışım fonksiyonu analizi morfolojik karakterler temel alınarak çalışılan 8 kromozomal formu erkeklerde % 99,1 doğrulukla, diřilerde % 98,4 doğrulukla sınıflandı. Erkeklerde sadece 2n=60 kromozomal forma ait 75 bireyden sadece biri 2n=52 kromozomal forma ait bireyler arasında sınıflandı. Aynı şekilde diřilerde 2n=60 kromozomal forma ait 84 bireyden sadece biri 2n=56 kromozomal forma ait bireyler arasında sınıflandı (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.6 Ayırışım fonksiyonu analizine göre ilk yedi konikal ayırışım fonksiyonunun eigen deęerleri

	Fn	Eigen deęeri	% Eigen deęeri	Kümülatif eigen deęeri	Kanonikal korelasyon 1	Kanonikal korelasyon 2	F deęeri	DF Num	DF Denom	P
ERKEK	1	10,358	50,0	50,0	0,9550	0,9120	5,0	238	582	0,0000
	2	4,588	22,2	72,2	0,9061	0,8211	3,6	198	505,4	0,0000
	3	2,912	14,1	86,2	0,8628	0,7444	2,7	160	426,1	0,0000
	4	1,022	4,9	91,2	0,7110	0,5055	2,0	124	344,6	0,0000
	5	0,6824	3,3	94,5	0,6369	0,4056	1,8	90,0	261,2	0,0003
	6	0,6587	3,2	97,6	0,6302	0,3971	1,7	58,0	176,0	0,0033
	7	0,4903	2,4	100	0,5736	0,3290	1,6	28,0	89,0	0,0609
DİŐİ	1	11,092	57,7	57,7	0,9578	0,9173	5,6	238	699,6	0,0000
	2	2,4722	12,9	70,6	0,8438	0,7120	3,9	198	606,0	0,0000
	3	2,0949	10,9	81,5	0,8227	0,6769	3,4	160	510,2	0,0000
	4	1,5409	8,0	89,5	0,7787	0,6064	2,8	124	412,2	0,0000
	5	0,8720	4,5	94,1	0,6825	0,4658	2,3	90,0	312,1	0,0000
	6	0,6980	3,6	97,7	0,6412	0,4111	2,0	58,0	210,0	0,0001
	7	0,4413	2,3	100	0,5503	0,3062	1,7	28,0	106,0	0,0329

Çizelge 4.7 Ayrışım fonksiyonu analizine göre sekiz kromozomal forma ait bireylerin sınıflandırılması

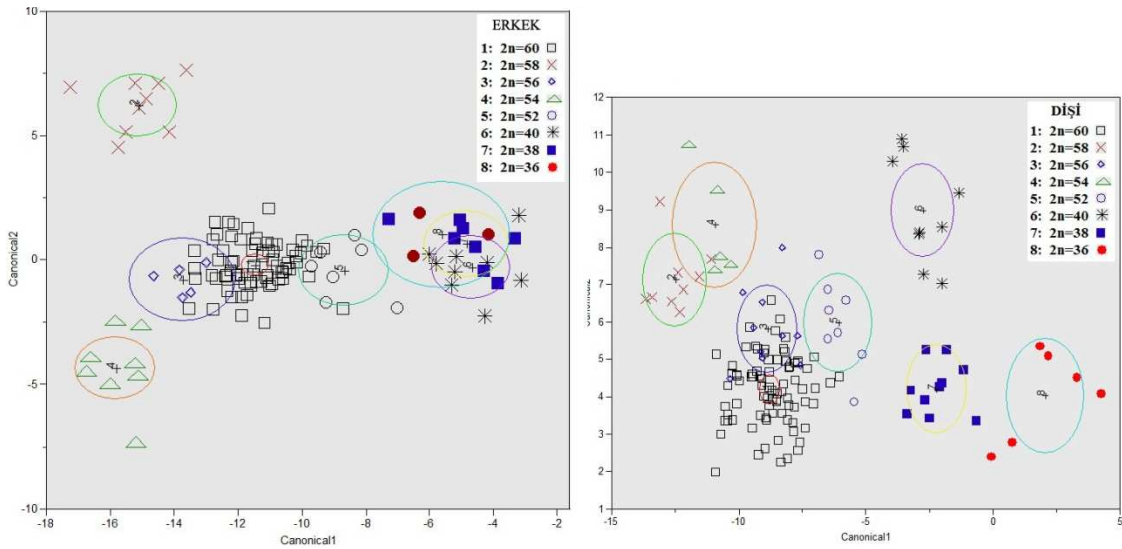
	Formlar	2n=60	2n=58	2n=56	2n=54	2n=52	2n=40	2n=38	2n=36	Total
ERKEK	2n=60	74	0	0	0	0	0	0	0	74
	2n=58	0	9	0	0	0	0	0	0	9
	2n=56	0	0	5	0	0	0	0	0	5
	2n=54	0	0	0	9	0	0	0	0	9
	2n=52	1	0	0	0	6	0	0	0	7
	2n=40	0	0	0	0	0	9	0	0	9
	2n=38	0	0	0	0	0	0	8	0	8
	2n=36	0	0	0	0	0	0	0	3	3
Total	75	9	5	9	6	9	8	3	124	
DIŞI	2n=60	83	0	1	0	0	0	0	0	84
	2n=58	0	9	0	0	0	0	0	0	9
	2n=56	1	0	9	0	0	0	0	0	10
	2n=54	0	0	0	5	0	0	0	0	5
	2n=52	0	0	0	0	8	0	0	0	8
	2n=40	0	0	0	0	0	9	0	0	9
	2n=38	0	0	0	0	0	0	10	0	10
	2n=36	0	0	0	0	0	0	0	6	6
Total	84	9	10	5	8	9	10	6	141	

Ayrışım fonksiyonu analizi sonucu oluşan bu sınıflandırma analizin özelliğinden dolayı, yanlış sınıflandırılan gözlemlerin yüzdesini azaltma eğilimindedir. Çünkü analize girilen veriler önceden sınıflandırılmış ve gruplanmış verilerdir. Analizin bu açığını kapatmak için biz verilerimizi çapraz-doğrulama testi (cross-validation) ile kontrol ettik ve bu test sonucunda çalışılan grupların erkeklerde % 87,9 doğrulukla, dişilerde % 85,8 doğrulukla sınıflandırıldığını belirledik. Çapraz-doğrulama testi sonucunda erkeklerde 124 bireyden 109 tanesi, dişilerde 141 bireyden 121 tanesi doğru olarak sınıflandırıldı (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8 Çapraz-doğrulama testi ile sekiz kromozomal forma ait bireylerin sınıflandırılması

	Formlar	2n=60	2n=58	2n=56	2n=54	2n=52	2n=40	2n=38	2n=36	Total
ERKEK	2n=60	66	0	1	0	2	0	0	0	69
	2n=58	0	9	0	0	0	0	0	0	9
	2n=56	3	0	4	0	0	0	0	0	7
	2n=54	0	0	0	9	0	0	0	0	9
	2n=52	4	0	0	0	4	1	0	0	9
	2n=40	1	0	0	0	1	7	1	0	10
	2n=38	0	0	0	0	0	1	7	0	8
	2n=36	0	0	0	0	0	0	0	3	3
Total	74	9	5	9	7	9	8	3	124	
DIŞI	2n=60	70	0	2	0	0	0	0	0	72
	2n=58	2	9	0	0	0	0	0	0	11
	2n=56	9	0	8	1	0	0	0	0	18
	2n=54	0	0	0	4	0	0	0	0	4
	2n=52	3	0	0	0	8	1	0	0	12
	2n=40	0	0	0	0	0	7	0	0	7
	2n=38	0	0	0	0	0	1	10	1	12
	2n=36	0	0	0	0	0	0	0	5	5
Total	84	9	10	5	8	9	10	6	141	

Ayrışım fonksiyon analizinde çalışılan kromozomal formların iki boyutlu olarak kümelenmesi Şekil 4.16'de gösterildi. Bu dağılıma göre hem erkeklerde hemde dişilerde İç Anadolu populasyonları ve Batı Anadolu populasyonları iki ayrı grup olarak kümelendi. İç Anadolu populasyonlarından 2n=58 ve 2n=54 kromozoma sahip olanlar hem erkek örneklerde hemde dişilerde diğer populasyonlardan farklı bölgelerde konumlandı (Şekil 4.16). Ayrıca her iki eşeyde de 2n=52 ve 2n=56 kromozomal forma ait bireyler 2n=60 kromozomal forma ait bireylere oldukça yakın gruplandı. Dişi bireylerde erkeklerden farklı olarak 2n=40 kromozoma ait bireyler 2n=36 ve 2n=38 kromozoma ait bireylere yakın fakat ayrı bir bölgede konumlandı.



Şekil 4.16 İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılışa sahip farklı kromozomal formların morfolojik karakterlere bağlı olarak ayrışım fonksiyon analizi ile iki boyutta kümelenmesi

4.2.2.4 Kümeleme analizi (Cluster)

Sekiz kromozomal forma ait populasyonlar arasında morfolojik farklılıkları belirlemek için Mahalanobis mesafe matrisi (D^2) hesaplandı ve bu matrisi temel alınarak UPGMA kümelemesi ile grupların ayrımını gösteren dendrogram, erkek ve dişi bireyler için ayrı ayrı oluşturuldu (Şekil 4.17-4.18). Analiz edilen sekiz kromozomal formun erkek bireyleri arasında oluşturulan Mahalanobis mesafe değerleri incelendiğinde birbirlerine morfolojik açıdan en uzak populasyonların 2n=36 populasyonları ile 2n=58 ve 60 populasyonları olduğu anlaşılmaktadır ($D^2=183,09$; $F=8,67$; $P<0,001$ ve $110,99$; $F=6,73$; $P<0,001$). Bunun aksine en yakın populasyonlar 2n=38 ve 2n=40

populasyonları ($D^2=23,86$; $F=2,12$; $P<0,01$) ile $2n=56$ ve $2n=60$ ($D^2=21,50$; $F=2,13$; $P<0,01$) populasyonlarıdır. Bu tabloya benzer bir durum dişilerde de gözlemlendi. Dişilerin analizi sonucunda morfolojik bakımdan en farklı populasyonların $2n=36$ ve $2n=60-58$ ($D^2=136,01$; $F=16,84$; $P<0,001$ - $D^2=237,59$; $F=18,91$; $P<0,001$) olduğu tespit edildi. Yine dişilerde birbirlerine en yakın populasyonlar ise $2n=38$ ve $2n=40$ ($D^2=46,0$; $F=43,49$; $P<0,001$), $2n=56$ ve $2n=60$ ($D^2=13,92$; $F=2,75$; $P<0,001$) kromozomal formlara ait populasyonlardır (Çizelge 4.9-4.10).

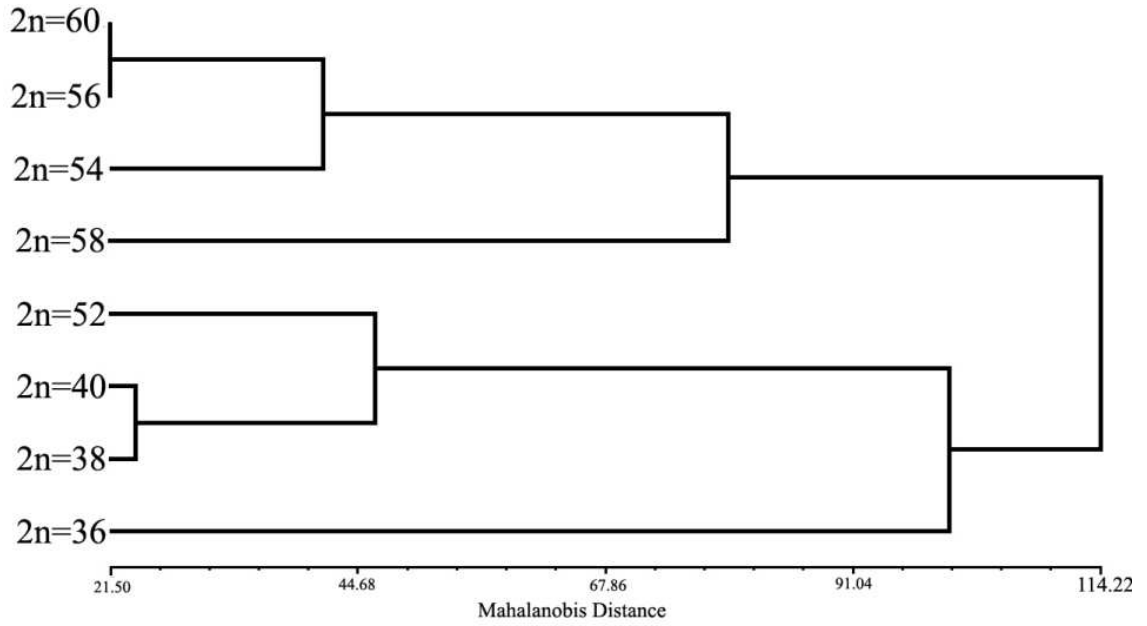
Erkek ve dişî bireylerde oluşturulan UPGMA kümelenmesi ile oluşturulan dendrogramda hem erkeklerde hem de dişilerde kromozomal formlar iki ana dalda kümelendi (Şekil 4.17-4.18). Birinci dal İç Anadolu'ya özgü kromozomal formları ($2n=54, 56, 58, 60$) içermektedir. Bunun aksine ikinci dalda, Batı Anadolu'da yayılış gösteren ($2n=36$ ve 38) kromozomal formlar ile Batı Anadolu'nun kuzey ($2n=52$) ve güney ($2n=40$) kesimlerinde yayılış gösteren kromozomal formlar kümelendi. Her iki ana daldaki kümelenmeye baktığımızda birinci dalda Anadolu'nun merkezinde geniş bir yayılışa sahip olan $2n=60$ kromozomal formun ve bu kromozomal formun yayılış alanının sınır bölgelerindeki küçük izole populasyonları içeren kromozomal formların olduğu anlaşıldı. Erkeklerde birinci dalda $2n=58$ kromozomal formu ayrı bir alt dalda kümelendirken dişilerde bunun yerine alt dalda $2n=54$ kromozomal formu kümelendi. Benzer kümeleme ikinci dalda $2n=36$ ve $2n=40$ kromozomal formları arasında da görülmektedir.

Çizelge 4.9 Sekiz kromozomal formda erkek bireylerde morfolojik farklılığı gösteren mahalnobis mesafe matrisi

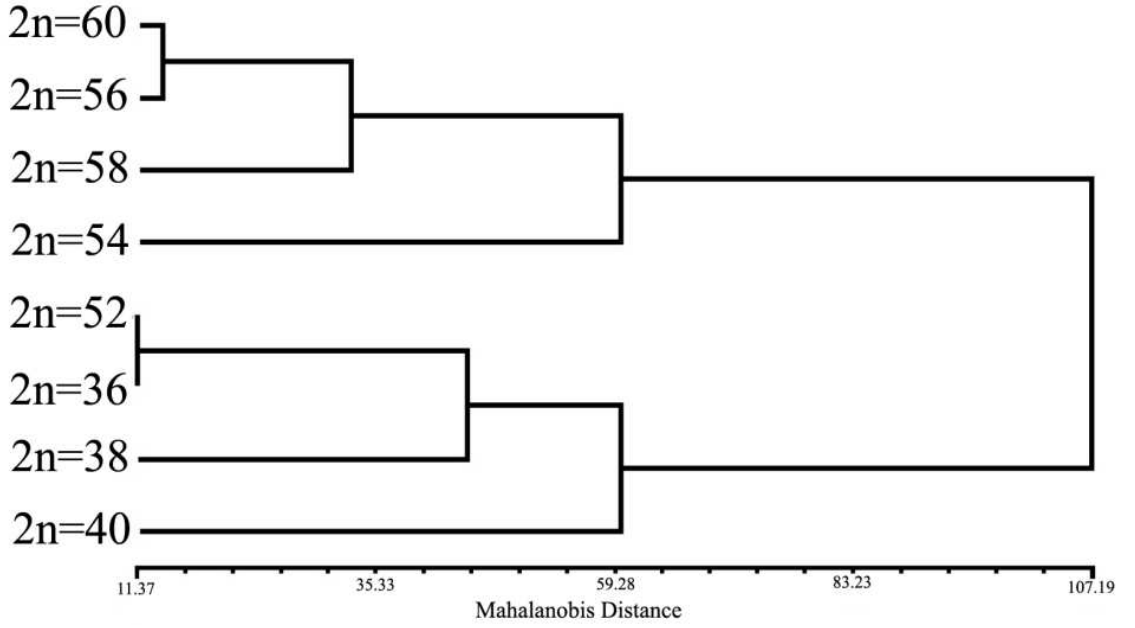
Gruplar	$2n=60$	$2n=58$	$2n=56$	$2n=54$	$2n=52$	$2n=40$	$2n=38$	$2n=36$
$2n=60$	0,0000	$P<0,001$	$P<0,01$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$
$2n=58$	59,526	0,0000	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$
$2n=56$	21,501	64,006	0,0000	$P<0,01$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$
$2n=54$	48,620	114,541	34,164	0,0000	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$
$2n=52$	25,873	106,671	63,593	100,766	0,0000	$P<0,001$	$P<0,001$	$P<0,001$
$2n=40$	53,724	156,583	100,012	153,155	38,552	0,0000	$P<0,01$	$P<0,001$
$2n=38$	57,321	144,937	97,715	152,313	54,053	23,864	0,0000	$P<0,001$
$2n=36$	110,99	183,095	135,603	184,721	139,791	93,926	66,654	0,0000

Çizelge 4.10 Sekiz kromozomal formda dişi bireylerde morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi

Gruplar	2n=60	2n=58	2n=56	2n=54	2n=52	2n=40	2n=38	2n=36
2n=60	0,00000	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001
2n=58	37,5524	0,00000	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001
2n=56	13,9365	28,2014	0,00000	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001
2n=54	58,6617	62,8480	58,3324	0,00000	P<0,001	P<0,001	P<0,001	P<0,001
2n=52	23,9171	72,7463	35,9564	82,7450	0,00000	P<0,001	P<0,001	P<0,001
2n=40	65,3792	127,4471	71,8670	131,0871	43,4934	0,00000	P<0,001	P<0,001
2n=38	52,1376	127,2048	58,4816	133,3314	40,6918	46,0267	0,00000	P<0,001
2n=36	136,0136	237,5903	141,3683	218,2035	110,4355	90,2610	48,3525	0,00000



Şekil 4.17 Sekiz kromozomal formda erkek bireylerde morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi ve bu matrisi temel alınarak oluşturulan UPGMA kümelemesi



Şekil 4.18 Sekiz kromozomal formda dişi bireylerde morfolojik farklılığı gösteren mahalanobis mesafe matrisi ve bu matris temel alınarak oluşturulan UPGMA kümelemesi

4.3 Allozim Elektrofrez

İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren 301 *S. leucodon* örneğinden alınan kas dokuları kullanılarak 20 enzim sistemi nişasta jel elektrofrez yöntemi ile çalışıldı. Analiz edilen 20 enzim sisteminde 28 lokus tespit edildi. Bu 28 lokustan sadece 6 lokus (*Got-2*, *Sod*, *Mdh-2*, *G₆pdh*, *Ald*, *Hk*) monomorfik, geriye kalan 22 lokus 0,95 kriterinde polimorfik olduğu saptandı. Polimorfik lokusların yüzdesi % 78,57 olarak belirlendi. Polimorfik olan enzimlerin allel frekansları Çizelge 4.11'de verildi. *Idh-1* lokusunda A alleli sadece 2n=36 popülasyonunda; *Me-1* lokusunda A alleli sadece 2n=40 popülasyonunda; *Pgm* lokusunda C alleli ve *Got-1* lokusunda E alleli sadece 2n=60 popülasyon grubunda; *Pgm* lokusunda D alleli sadece *S. ehrenbergi* türüne ait popülasyonlarda; *Ca-1* lokusunda D alleli, *Gpi* lokusunda A alleli, *Hk-1* lokusunda A alleli ve *Mdh-1* lokusunda B alleli sadece 2n=38 popülasyonunda; *Aco* lokusunda A alleli sadece 2n=38 ve 2n=40 popülasyonlarında; *Hk-2* lokusunda A alleli sadece 52 popülasyonlarında; *Pgd* lokusunda A alleli ise sadece 2n=58, *S. ehrenbergi* ve 2n=38 popülasyonlarında gözlemlendi.

Çizelge 4.11 *S. l. cilicicus* ve *S. l. anaticus* populasyonlarına ait kromozomal formlarda çalışılan 28 lokustan sağlanan allel frekansları

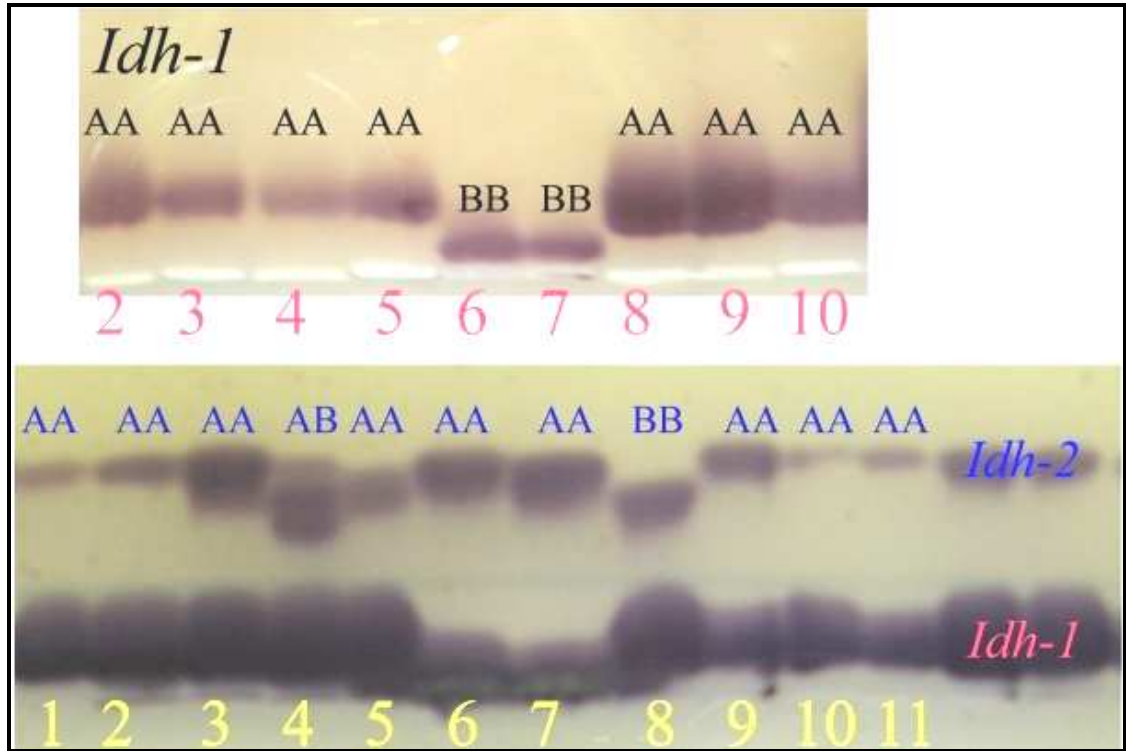
Lokus	Allel	2n=36 NF=68	2n=38 NF=74	2n=40 NF=72	2n=52 NF=72 G	2n=52 NF=70 K	2n=54 NF=74	2n=56 NF=72 G	2n=56 NF=72 B
<i>Idh-1</i>	A:	-	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	B:	1,000	-	-	-	-	-	-	-
<i>Idh-2</i>	A:	1,000	0,955	0,975	1,000	1,000	1,000	1,000	0,441
	B:	-	0,045	0,025	-	-	-	-	0,559
<i>Me-1</i>	A:	-	-	1,000	-	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	-	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Me-2</i>	A:	-	-	1,000	0,500	0,273	-	-	-
	B:	1,000	1,000	-	0,500	0,727	1,000	1,000	1,000
	C:	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pgm</i>	A:	-	-	0,050	-	0,091	-	-	-
	B:	1,000	1,000	0,950	1,000	0,879	1,000	1,000	1,000
	C:	-	-	-	-	-	-	-	-
	D:	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Ldh</i>	A:	-	-	-	-	-	0,818	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	0,182	1,000	1,000
<i>Mpi</i>	A:	1,000	1,000	1,000	0,200	1,000	1,000	0,714	0,941
	B:	-	-	-	0,200	-	-	-	0,059
	C:	-	-	-	0,600	-	-	0,286	-
<i>Ca-1</i>	A:	-	-	-	-	-	-	0,310	-
	B:	0,045	0,023	0,375	0,167	0,167	0,091	-	1,000
	C:	0,955	0,705	0,625	0,833	0,833	0,909	0,690	-
	D:	-	0,273	-	-	-	-	-	-
<i>Ca-2</i>	A:	-	-	1,000	-	-	0,545	-	-
	B:	1,000	1,000	-	1,000	1,000	0,455	1,000	1,000
<i>Fum</i>	A:	1,000	1,000	1,000	0,917	0,909	1,000	-	1,000
	B:	-	-	-	0,083	0,091	-	1,000	-
<i>Gpi-1</i>	A:	-	1,000	1,000	1,000	0,939	1,000	1,000	0,941
	B:	1,000	-	-	-	0,061	-	-	0,059
<i>Gpi-2</i>	A:	-	1,000	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	-	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Pgd</i>	A:	-	1,000	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	-	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>α-Gpdh</i>	A:	-	-	-	-	0,455	-	-	0,059
	B:	1,000	0,682	1,000	1,000	0,545	1,000	1,000	0,941
	C:	-	0,318	-	-	-	-	-	-
<i>Mdh-1</i>	A:	1,000	-	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	B:	-	1,000	-	-	-	-	-	-
<i>Aco</i>	A:	-	0,227	1,000	-	-	-	-	-
	B:	1,000	0,773	-	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Adk</i>	A:	-	0,068	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	0,932	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Ck-1</i>	A:	-	0,068	-	0,167	-	0,091	-	-
	B:	1,000	0,932	1,000	0,833	1,000	0,909	1,000	1,000
<i>Ck-2</i>	A:	-	0,068	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	0,932	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>G₃pdh</i>	A:	-	-	-	-	0,621	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	0,379	1,000	1,000	1,000
<i>Got-1</i>	A:	-	-	-	-	-	-	-	0,059
	B:	-	-	-	-	0,063	-	-	-
	C:	-	-	1,000	-	0,063	-	-	0,206
	D:	1,000	1,000	-	1,000	0,875	1,000	1,000	0,735
	E:	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Hk-1</i>	A:	-	0,091	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	0,909	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Hk-2</i>	A:	-	-	-	-	0,030	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	0,970	1,000	1,000	1,000

Çizelge 4.11 *S. l. cilicicus* ve *S. l. anatolicus* populasyonlarına ait kromozomal formlarda çalışılan 28 lokustan sağlanan allel frekansları (devam)

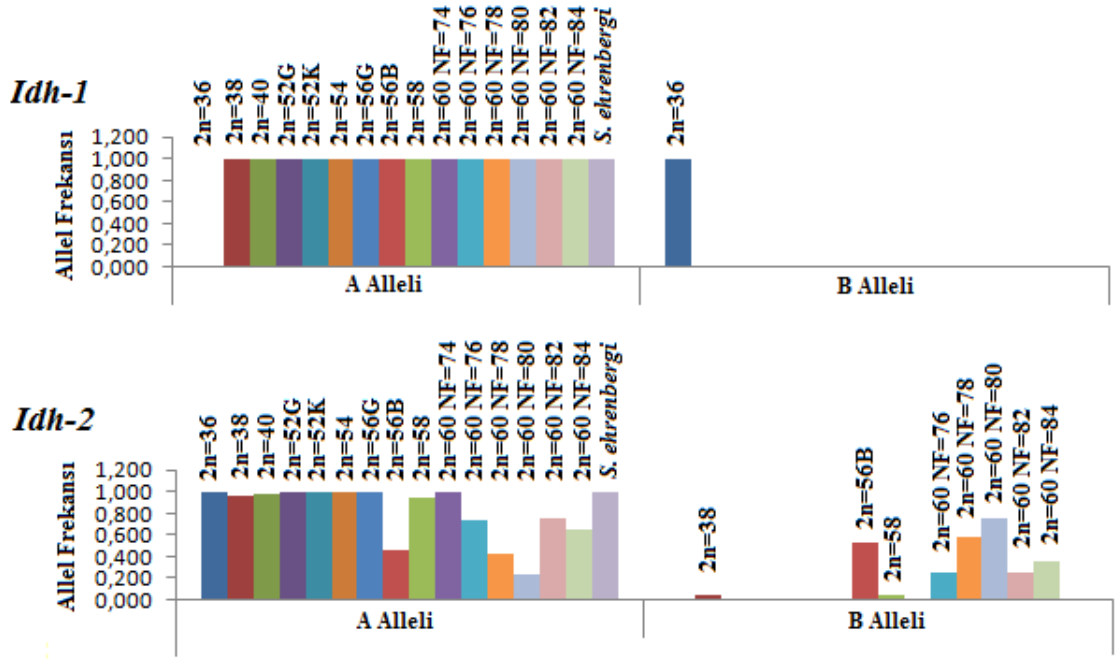
Lokus	Allel	2n=58 NF=72	2n=60 NF=74	2n=60 NF=76	2n=60 NF=78	2n=60 NF=80	2n=60 NF=82	2n=60 NF=84	<i>S. ehrenbergi</i>
<i>Idh-1</i>	A:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	B:	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Idh-2</i>	A:	0,947	1,000	0,739	0,423	0,243	0,750	0,643	1,000
	B:	0,053	-	0,261	0,577	0,757	0,250	0,357	-
<i>Me-1</i>	A:	-	-	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Me-2</i>	A:	0,158	-	-	-	-	-	-	-
	B:	0,842	1,000	0,989	1,000	1,000	1,000	1,000	-
	C:	-	-	0,011	-	-	-	-	1,000
<i>Pgm</i>	A:	-	-	-	0,058	0,081	-	0,071	-
	B:	1,000	1,000	1,000	0,923	0,905	1,000	0,929	0,893
	C:	-	-	-	0,019	0,014	-	-	-
	D:	-	-	-	-	-	-	-	0,107
<i>Ldh</i>	A:	-	0,500	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	0,500	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Mpi</i>	A:	1,000	1,000	0,545	0,923	0,946	0,750	0,571	-
	B:	-	-	0,455	0,077	0,054	0,250	0,429	-
	C:	-	-	-	-	-	-	-	1,000
<i>Ca-1</i>	A:	0,105	-	0,011	-	-	-	-	1,000
	B:	0,895	0,500	0,932	0,654	0,338	0,500	0,857	-
	C:	-	0,500	0,057	0,346	0,662	0,500	0,143	-
	D:	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Ca-2</i>	A:	-	-	-	-	0,027	0,250	0,071	1,000
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	0,973	0,750	0,929	-
<i>Fum</i>	A:	1,000	1,000	1,000	0,885	0,865	1,000	1,000	1,000
	B:	-	-	-	0,115	0,135	-	-	-
<i>Gpi-1</i>	A:	0,579	1,000	0,682	0,962	1,000	1,000	1,000	-
	B:	0,421	-	0,318	0,038	-	-	-	1,000
<i>Gpi-2</i>	A:	-	-	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Pgd</i>	A:	0,079	-	-	-	-	-	-	1,000
	B:	0,921	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	-
<i>α-Gpdh</i>	A:	0,079	-	-	-	-	0,250	-	-
	B:	0,921	1,000	1,000	1,000	1,000	0,750	0,923	1,000
	C:	-	-	-	-	-	-	0,077	-
<i>Mdh-1</i>	A:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
	B:	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Aco</i>	A:	-	-	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Adk</i>	A:	-	-	-	0,038	-	0,125	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	0,962	1,000	0,875	1,000	1,000
<i>Ck-1</i>	A:	-	-	-	0,038	-	-	-	1,000
	B:	1,000	1,000	1,000	0,962	1,000	1,000	1,000	-
<i>Ck-2</i>	A:	-	-	-	0,019	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	0,981	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>G₃pdh</i>	A:	-	-	-	0,038	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	0,962	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Got-1</i>	A:	-	-	0,158	0,022	-	0,125	0,036	-
	B:	-	0,250	0,079	0,065	0,054	0,125	0,036	-
	C:	-	0,250	0,158	0,391	0,135	-	0,214	-
	D:	1,000	0,500	0,500	0,522	0,811	0,750	0,714	1,000
	E:	-	-	0,105	-	-	-	-	-
<i>Hk-1</i>	A:	-	-	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000
<i>Hk-2</i>	A:	-	-	-	-	-	-	-	-
	B:	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000	1,000

4.3.1 İzositrat Dehidrojenaz (E.C.1.1.1.42)

Bu enzim sisteminin anoda göç eden ve orjinde kalan iki izoenzimi belirlendi. Orjinde kalan izoenzimin (*Idh-1*) sitozolik, anoda göç eden izoenzimin (*Idh-2*) mitokondriyal form olduğu belirlendi. Sitozolik form boyama aşamasında mitokondriyal forma göre daha çabuk reaksiyon vermiş ve bu lokusta iki allel tespit edildi. Bunlardan yavaş mobiliteye sahip olan *Idh-1^B* alleli sadece $2n=36$ kromozom değerine sahip olan Aydın popülasyonlarının tüm bireylerinde gözlemlendi. Bu bakımdan bu lokus $2n=36$ kromozomal formu diğer formlardan ayıran niteliktedir. Diğer popülasyonların hepsi *Idh-1^A* alleline fikse oldu. *Idh-2* lokusunda ise iki allel saptandı. Aydın ($2n=36$), Manisa-Selendi ($2n=60$ NF=74), Bolu ve Mersin ($2n=52$), Kırıkkale ($2n=54$), Mersin-Gülek ($2n=56$) kromozomal formlarda sadece hızlı mobiliteye sahip olan *Idh-2^A* alleli tespit edilmesine rağmen, diğer popülasyonların hepsinde her iki allelde gözlemlendi (Şekil 4.19-4.20).



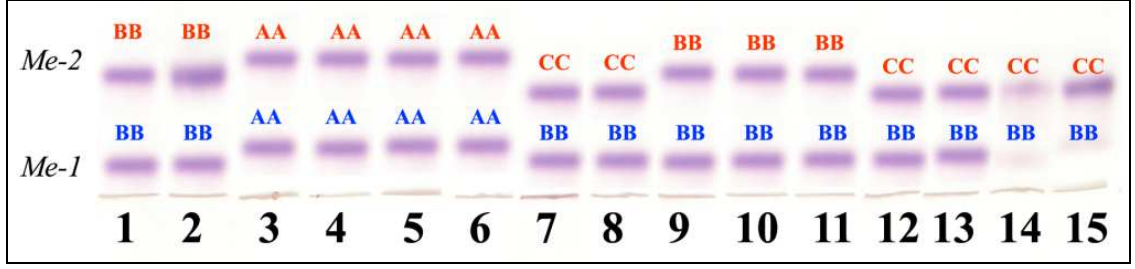
Şekil 4.19 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Idh* fenotipleri, 6-7: $2n=36$ (Aydın); 1-5: $2n=52$ (Bolu); 8: $2n=36$ (İzmir)



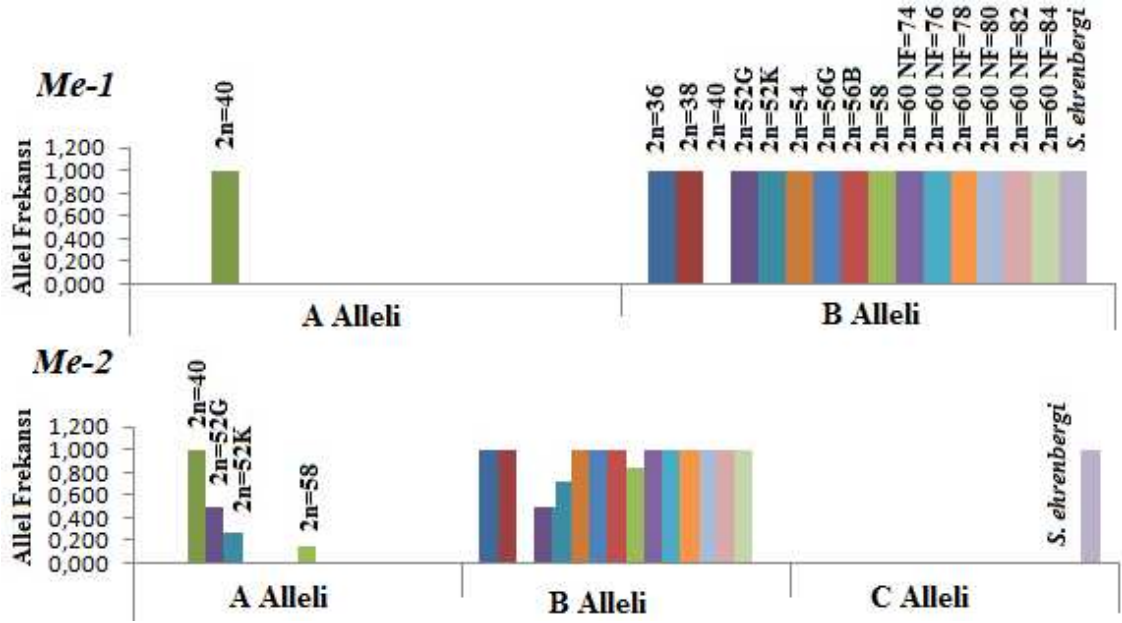
Şekil 4.20 *Idh* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.2 Malik enzim (E.C.1.1.1.40)

Çalışmada anodal olarak göç eden *Me-1* ve *Me-2* olmak üzere iki izoenzim tespit edildi. Bu lokuslardan *Me-1* lokusunda iki allel gözlemlendi. Bu allellerden *Me-1^A* alleli sadece 2n=40 kromozom değerine sahip Konya-Yeşiladağ ve Isparta-Yenişarbademli popülasyonlarının tüm bireylerinde saptandı. Bu bakımdan bu lokus, 2n=40 kromozomal formunu diğer formlardan ayıran niteliktedir. Diğer tüm popülasyonlar *Me-1^B* alleline fikse oldu. *Me-2* lokusunda üç allel tesbit edildi. Bunlardan hızlı mobiliteye sahip olan *Me-2^A* alleli sadece 2n=58 (Niğde), 2n=40 (Yeşiladağ, Yenişarbademli), 2n=52 Güney (Mersin), 2n=52 Kuzey (Bolu) kromozomal formlarda gözlemlendi. En yavaş mobiliteye sahip olan *Me-2^C* alleli ise sadece 2n=60 NF=76 (Konya-Beyşehir) ile *S. ehrenbergi* popülasyonlarının tüm bireylerinde görüldü (Şekil 4.21-4.22).



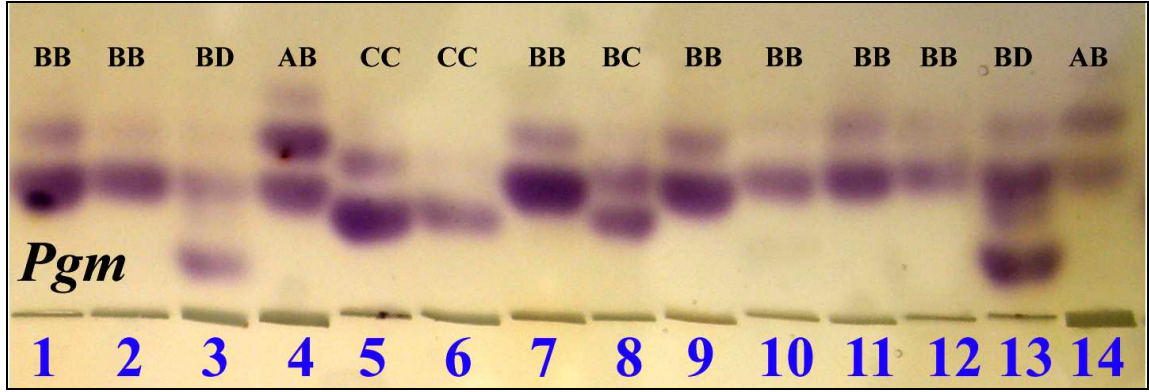
Şekil 4.21 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Me* fenotipleri, 3-6: $2n=40$ (Yeşildağ, Yenişarbademli); 12-15: *S. ehrenbergi*; 3-6: $2n=40$ (Yeşildağ, Yenişarbademli); 9-11: $2n=60$ (Ankara)



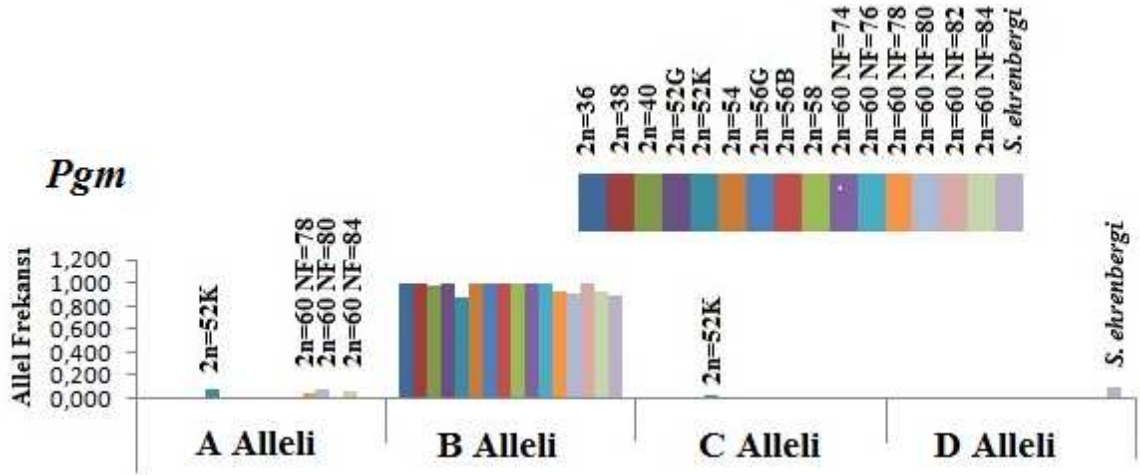
Şekil 4.22 *Me* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.3 Fosfoglukomutaz (E.C.2.5.7.1)

Bu enzim sisteminde çalışılan populasyonlarda farklı mobilitelerde dört allel tespit edildi. Bu allellerden en hızlı mobiliteye sahip olan Pgm^A alleli $2n=40$ (Yeşildağ, Yenişarbademli), $2n=52$ Kuzey (Mersin), $2n=60$ (Ankara, Isparta, Burdur, Denizli) kromozomal formlarda bulundu. En yavaş allel olan Pgm^D alleli sadece *S. ehrenbergi*'ye ait populasyonlarda gözlemlendi. Pgm^C alleli ise sadece $2n=60$ NF=78 ve 80 kromozomal formlara ait populasyonlarda görüldü (Şekil 4.23-4.24).



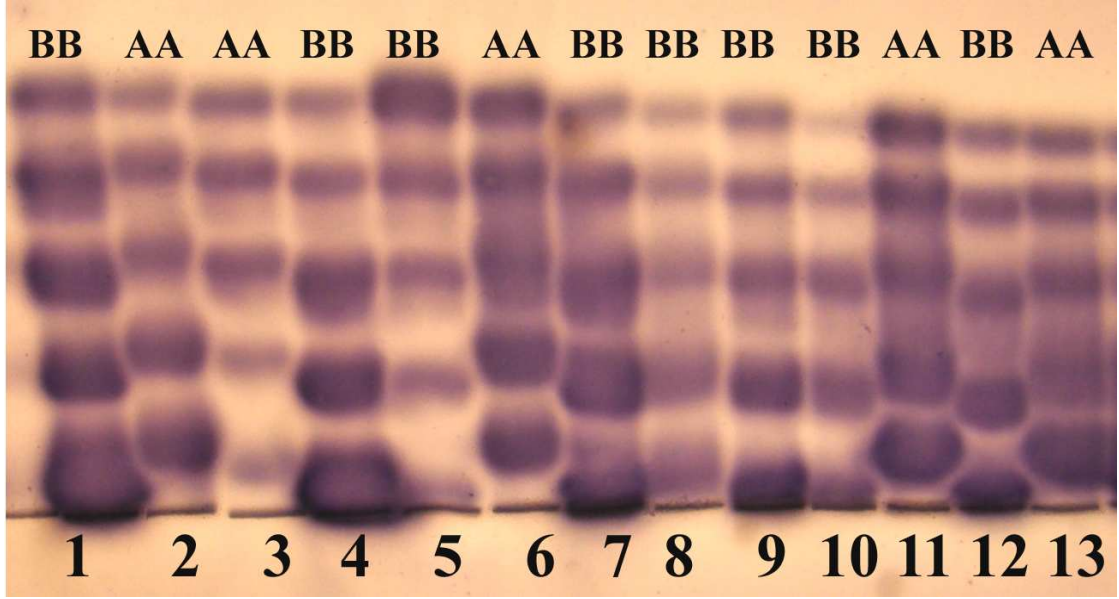
Şekil 4.23 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Pgm* fenotipleri, 3-13: *S.ehrenbergi*; 5-6: 2n=60 NF=78 (Ankara-Çeltikli); 4-14: 2n=40 (Yeşildağ)



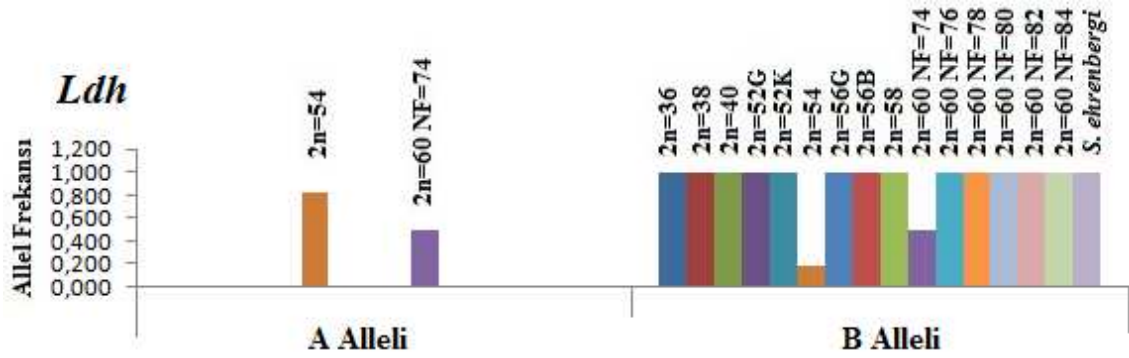
Şekil 4.24 *Pgm* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.4 Laktat Dehidrojenaz (E.C.1.1.1.37)

Bu izozim tetramer yapıdadır. İzozimler anada doğru göç ederler. Çalışılan örneklerde bu lokusta hızlı mobiliteye sahip olan Ldh^A ve yavaş mobiliteye sahip olan Ldh^B allelleri tespit edildi. Ldh^A alleli sadece 2n=54 (Kırıkkale, Kırşehir) ve 2n=60 NF=74 (Manisa-Selendi) kromozomal formlara ait bireylerde gözlemlendi. Bu populasyonlar haricinde diğer bütün populasyonlar Ldh^B alleleline fikse oldular (Şekil 4.25-4.26).



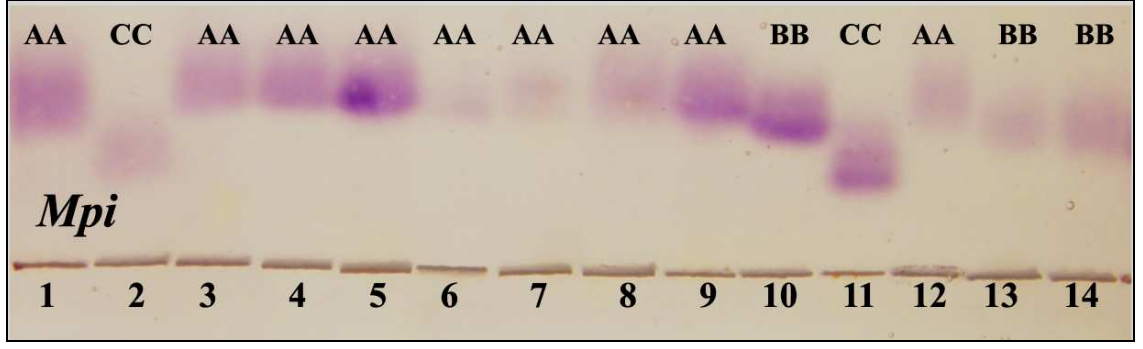
Şekil 4.25 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Ldh* fenotipleri, 2, 6, 11 ve 13: $2n=54$ (Kırıkkale)



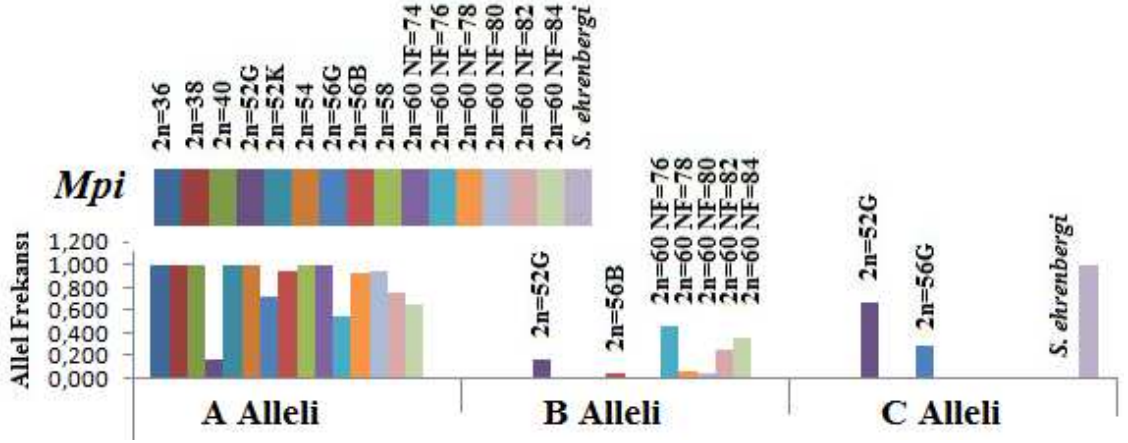
Şekil 4.26 *Ldh* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.5 Mannoz fosfat izomeraz (E.C.5.3.1.8)

Bu enzim sistemi monomerik yapıda olup izoenzimler anoda doğru göç ederler. Çalışmada bu lokusta anodal olarak göç eden üç allel tespit edildi. Bu allellerden en hızlı hareket eden Mpi^A alleli *S. ehrenbergi* haricinde bütün populasyonlarda bulundu. Daha yavaş mobiliteye sahip olan Mpi^B alleli ise $2n=52$ (Mersin), $2n=56$ (Isparta ve Uşak) ve $2n=60$ kromozoma sahip bütün populasyonlarda bulundu. Mpi^C alleli sadece $2n=52$ (Mersin), $2n=56$ (Mersin) ve *S. ehrenbergi*'ye ait populasyonlarda gözlemlendi (Şekil 4.27-4.28).



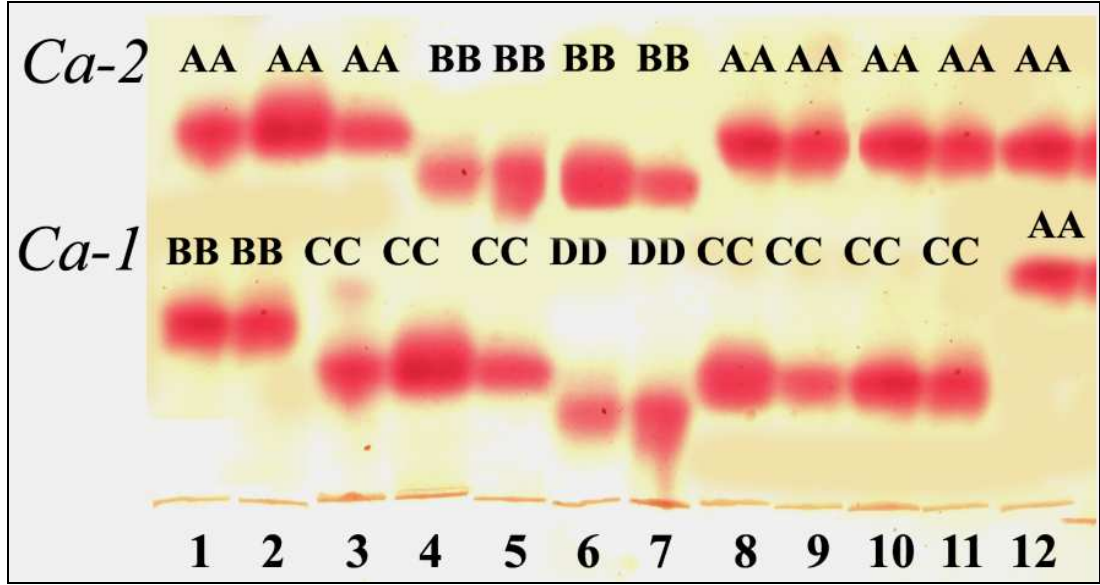
Şekil 4.27 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Mpi* fenotipleri, 2,11: 2n=52 (Mersin); 10,13,14: 2n=60 (Ankara)



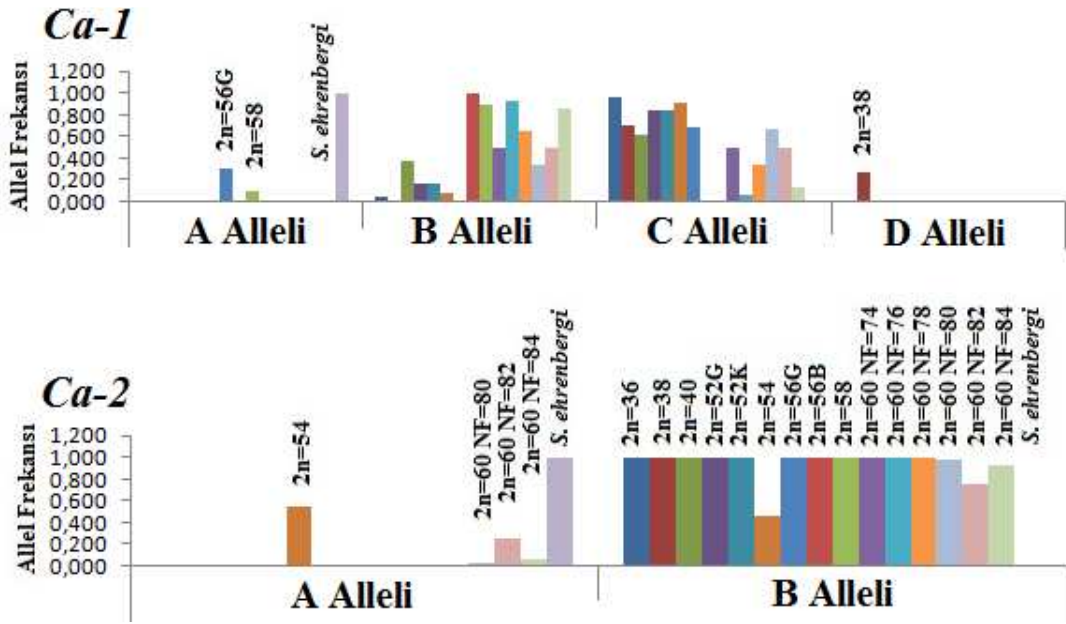
Şekil 4.28 *Mpi* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.6 Karbonik Anhidraz (E.C.4.2.1.1)

Bu enzim sisteminde anoda doğru göç eden iki izoenzim belirlendi. Bunlardan hızlı mobilitede olan izoenzim *Ca-2*, yavaş mobilitede olan izoenzim *Ca-1* olarak adlandırıldı. *Ca-1* lokusunda dört allel, *Ca-2* lokusunda ise iki allel tespit edildi. *Ca-1* lokusunda *Ca-1^D* alleli sadece 2n=38 (İzmir) populasyonlarında gözlemlendi. *Ca-1* lokusunda *Ca-1^A* alleli ise sadece 2n=56 (Mersin), 2n=58 (Niğde), 2n=60 NF=76 (Beyşehir) ve *S. ehrenbergi*'de gözlemlendi (Şekil 4.29-4.30).



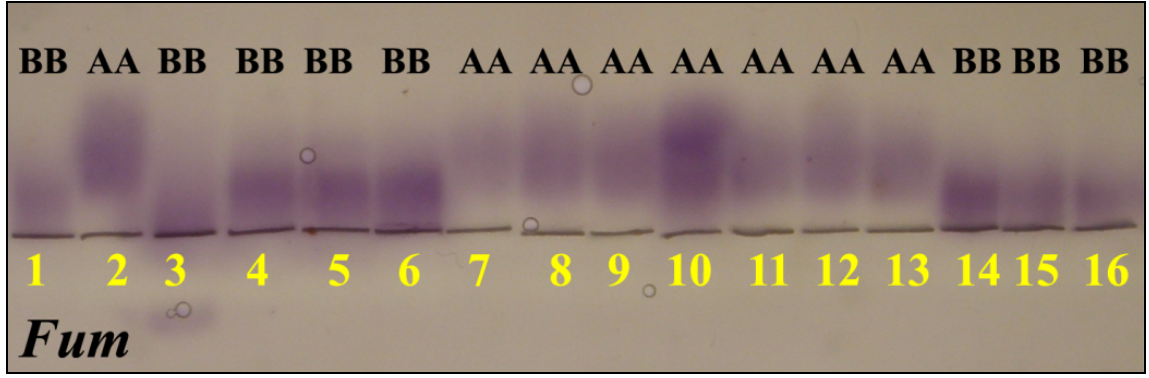
Şekil 4.29 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Ca* fenotipleri, 1-3 ve 8-11: $2n=40$ (Yeşildağ-Yenişarbademli); 4-7: $2n=38$ (İzmir); 12: *S. ehrenbergi*



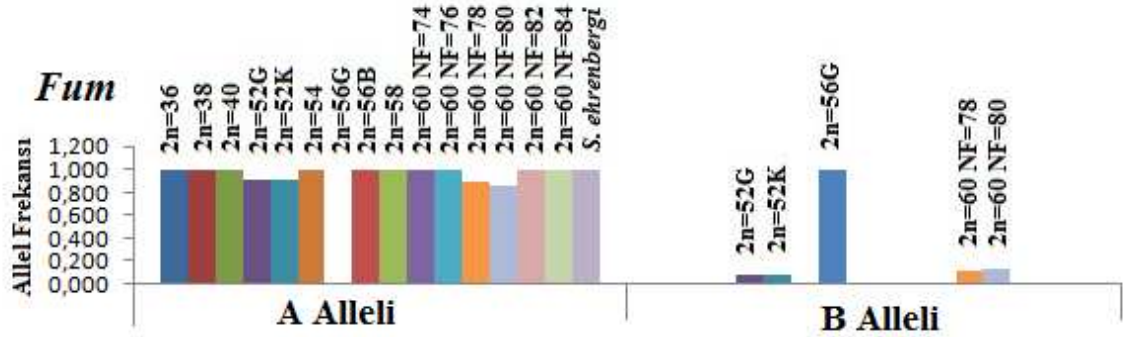
Şekil 4.30 *Ca* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.7 Fumaraz (E.C.4.2.1.2)

Bu enzim sisteminde anoda göç eden sadece bir izoenzim ve bu lokusta iki allel tespit edildi. Bu allellerden *Fum*^B alleli $2n=52$ (Mersin ve Bolu), $2n=56$ (mersin), $2n=60$ NF=78 ve 80 (Ankara) kromozomal formlarda gözlemlendi. *Fum*^A alleli ise neredeyse bütün populasyonlarda bulundu (Şekil 4.31-4.32).



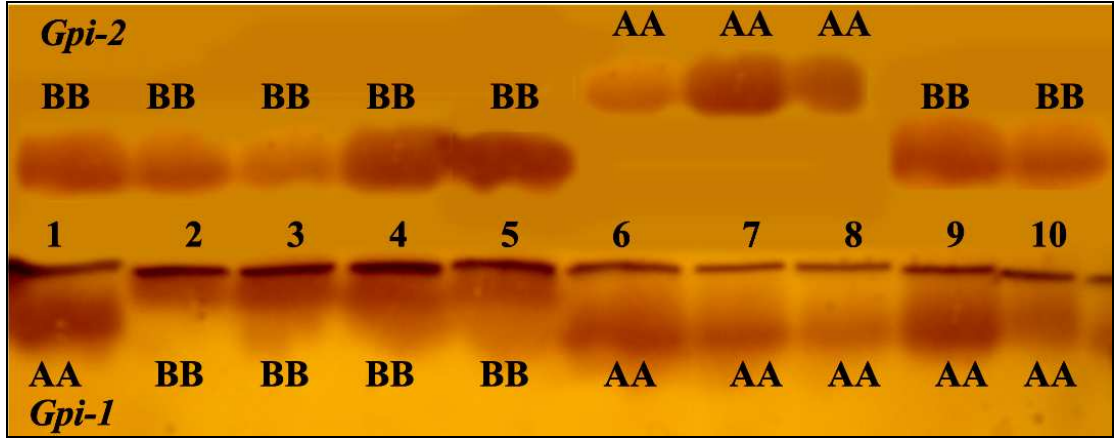
Şekil 4.31 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Fum* fenotipleri, 4-6: 2n=52 (Bolu); 7-13 2n=58 (Niğde); 14-16: 2n=60 NF=80 (Ankara)



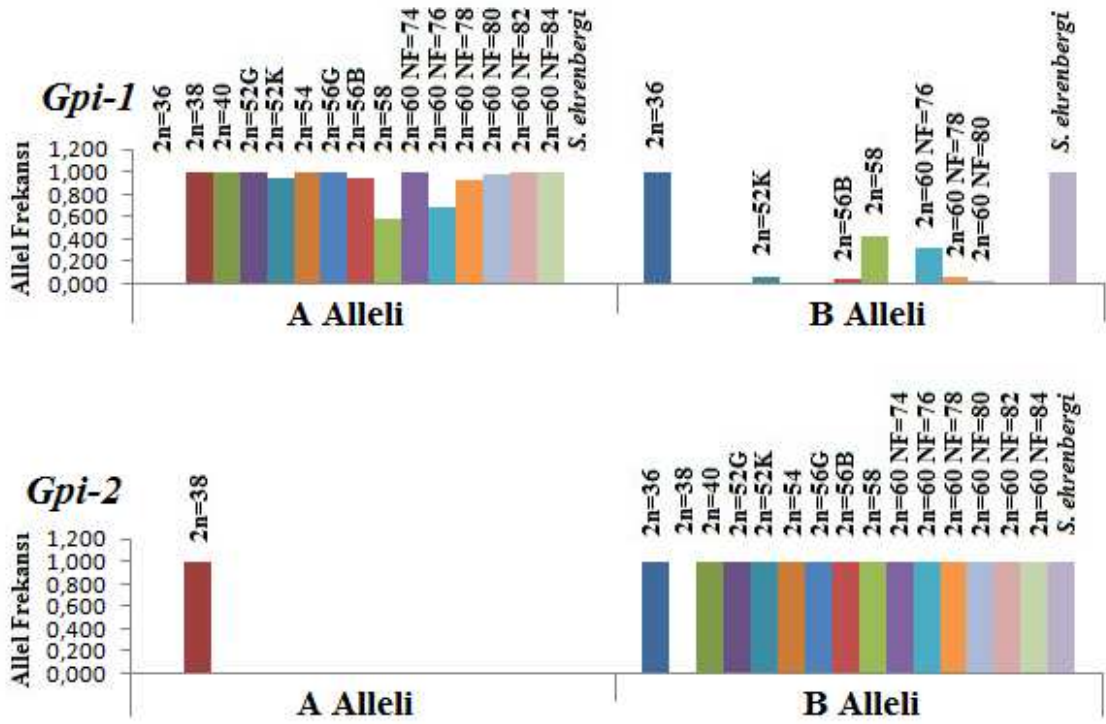
Şekil 4.32 *Fum* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.8 Glukoz Fosfat İzomeraz (E.C.5.3.1.9)

Bu enzim sisteminde çalışılan populasyonlarda iki izoenzim belirlendi. Bunlardan biri katoda doğru göç eden *Gpi-1* ve diğeri anoda doğru göç eden *Gpi-2* lokuslarıdır. *Gpi-1* lokusu orjine oldukça yakın iki allel içerdiği belirlendi. Bunlardan hızlı mobiliteye sahip olan *Gpi-1^A* alleli 2n=36 (Aydın) ve *S. ehrenbergi*'ye ait populasyonların haricinde tüm populasyonlarda gözlemlendi. *Gpi-2* lokusunda iki allele sahiptir. Bunlardan *Gpi-2^A* alleli sadece 2n=38 (İzmir) populasyonundaki bütün örneklerde görüldü. Bu nedenle bu izoenzim 2n=38 kromozomal formu diğer grupların hepsinden ayırmaktadır (Şekil 4.33-4.34).



Şekil 4.33 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Gpi* fenotipleri, 1-5, 9-10: 2n=58 (Niğde); 6-8: 2n=38 (İzmir)

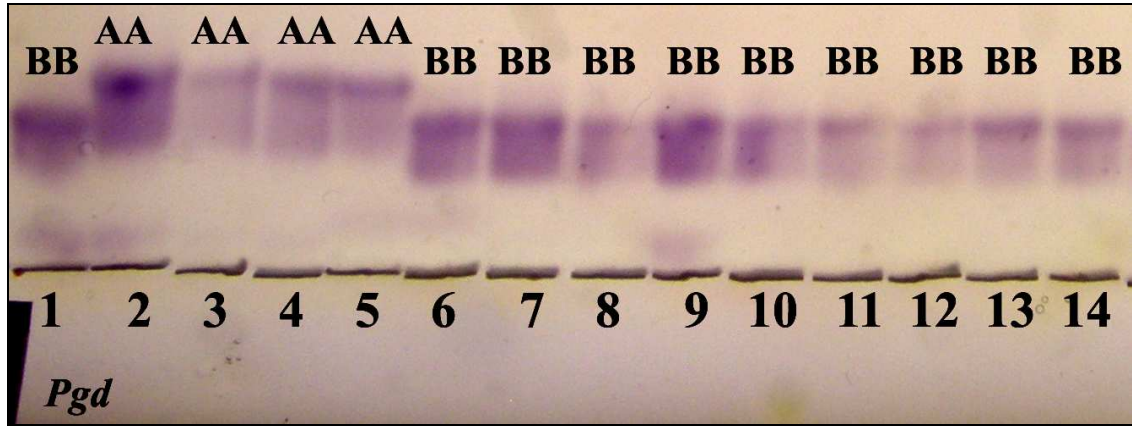


Şekil 4.34 *Gpi* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

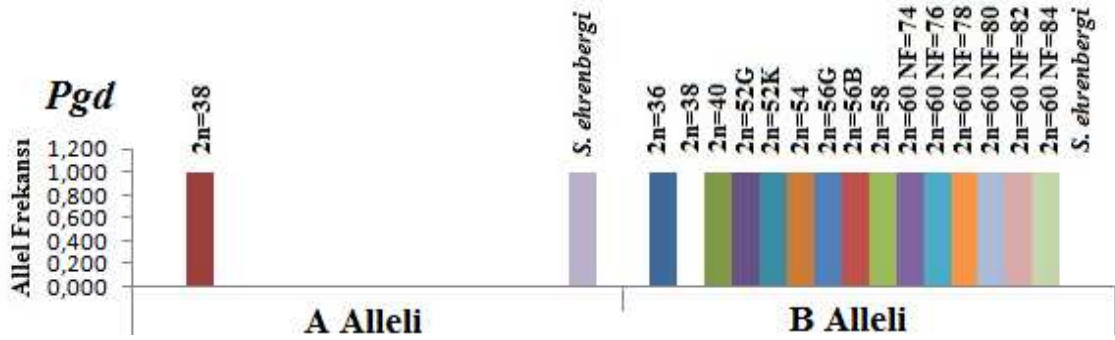
4.3.9 6-Fosfoglukoz Dehidrojenaz (E.C.1.1.1.43)

Bu enzim sisteminde çalışılan populasyonlarda tek bir lokus ve bu lokusa ait iki allel tesbit edildi. Bunlardan hızlı mobiliteye sahip olan Pgd^A alleli sadece 2n=58 (Niğde) ve 2n=38 (İzmir, Manisa, Balıkesir) kromozomal formları ve *S. ehrenbergi*'ye ait populasyonların tüm bireylerinde görüldü. Pgd^B alleli ise 2n=38 kromozomal formu ve

S. ehrenbergi'ye ait populasyonlar haricinde tüm populasyonlarda bulundu (Şekil 4.35-4.36).



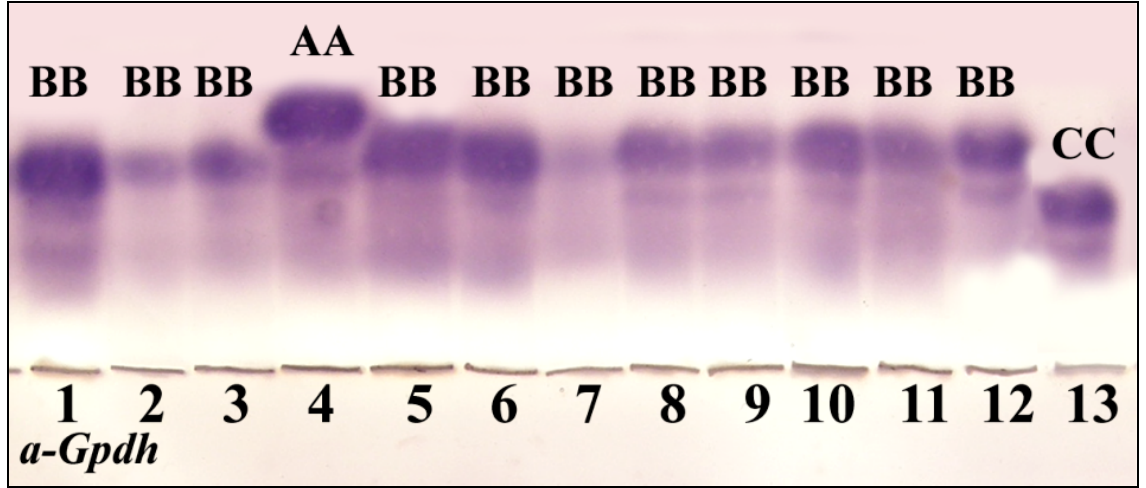
Şekil 4.35 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Pgd* fenotipleri, 1,6-14: $2n=40$ (Yeşildağ); 2-5: $2n=38$ (İzmir)



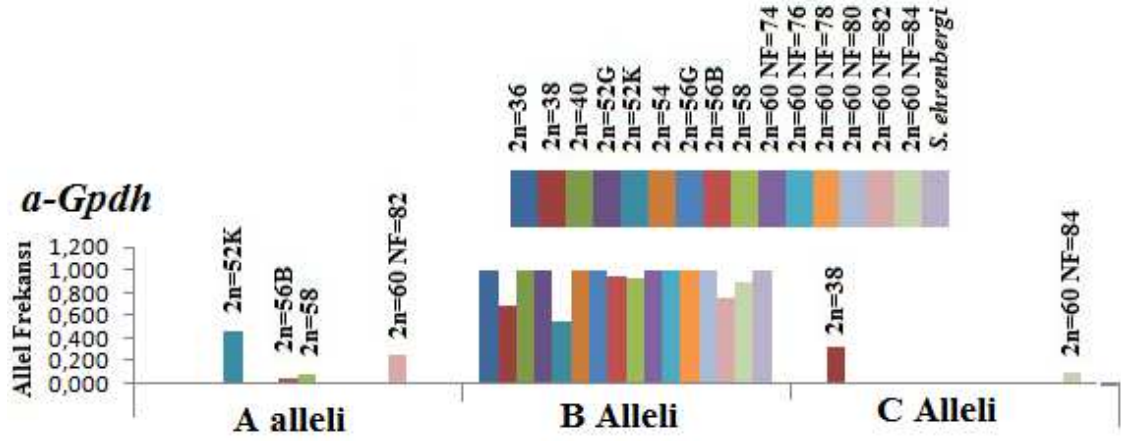
Şekil 4.36 *Pgd* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.10 α -Gliserofosfat Dehidrojenaz (E.C.1.1.1.8)

Bu enzim sisteminde çalışılan örneklerde aynı lokus içerisinde üç farklı allel tespit edildi. Bu allellerden α -*Gpdh*^A alleli $2n=52$ (Bolu), $2n=56$ (Isparta), $2n=58$ (Niğde), $2n=60$ NF=82 (Afyon) kromozomal formlarda bulundu. α -*Gpdh*^B alleli bütün populasyonlarda mevcuttur. α -*Gpdh*^C allelinin ise $2n=60$ NF=84 (Burdur) ve $2n=38$ (İzmir) kromozomal formlarda bulunduğu tespit edildi (Şekil 4.37-4.38).



Şekil 4.37 Nişasta jel elektroforezi ile görülen α -*Gpdh* fenotipleri, 1-12: $2n=52$ (Bolu); 13: $2n=38$ (İzmir)



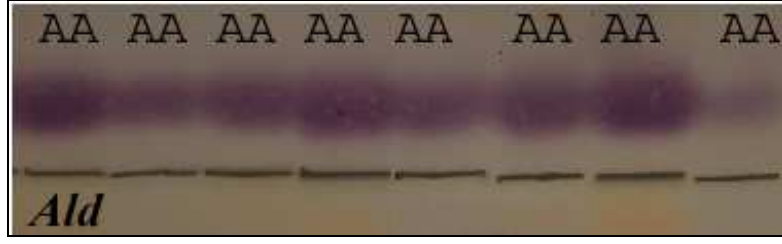
Şekil 4.38 α -*Gpdh* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.11 Aldolaz (E.C.1.1.1.8)

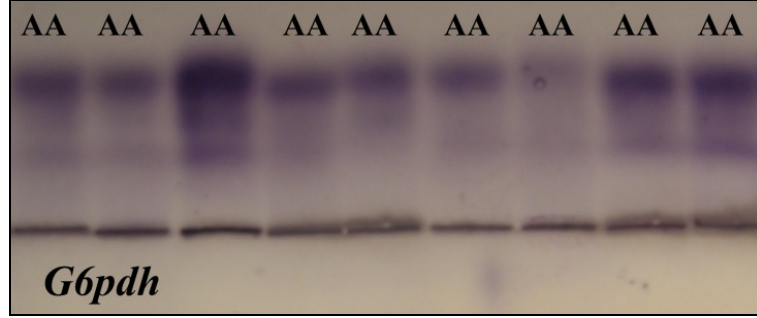
Çalışılan örneklerde bu enzim tek bir allele fikse olan bir lokus ile karakterizedir. Allel frekansı 1 değerindedir ve monomorfiktir (Şekil 4.39).

4.3.12 Glukoz-6-Fosfat Dehidrojenaz (E.C.1.1.1.49)

Çalışılan örneklerde bu enzim tek bir allele fikse olan bir lokus ile karakterizedir. Allel frekansı 1 değerindedir ve monomorfiktir (Şekil 4.40).



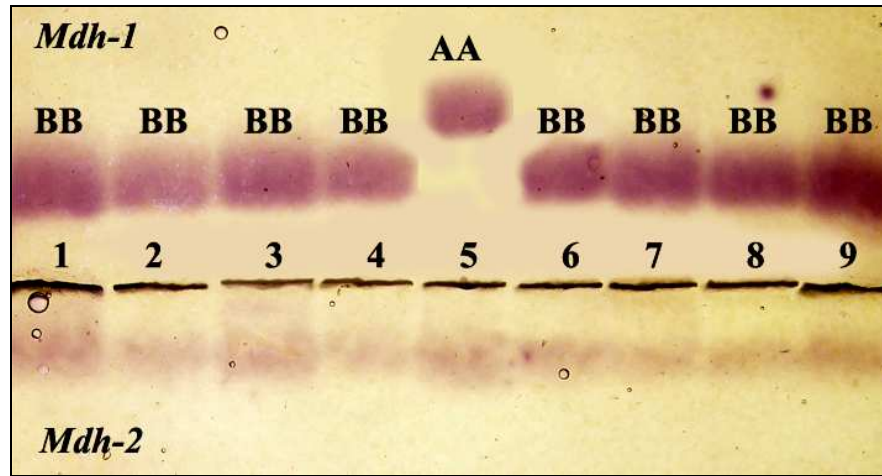
Şekil 4.39 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Ald* fenotipleri



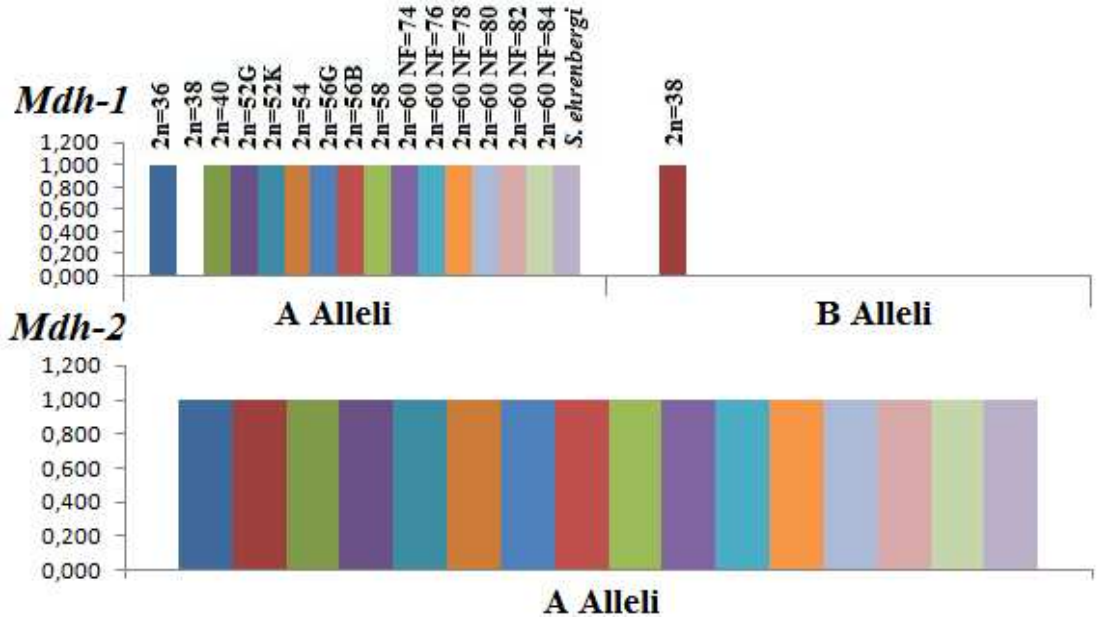
Şekil 4.40 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *G6pdh* fenotipleri

4.3.13 Malat Dehidrojenaz (E.C.1.1.1.37)

Bu enzim sisteminde, anoda göç eden sitozolik *Mdh-1* ve katoda göç eden mitokondriyal *Mdh-2* olmak üzere iki izoenzim ünitesi belirlendi. Bu izoenzimlerden *Mdh-2* bütün populasyonlarda aynı allele fikse oldu. Fakat *Mdh-1* izoenzimi iki farklı allel içermektedir. Bunlardan *Mdh-1^B* alleli sadece 2n=38 (İzmir, Manisa, Balıkesir) kromozomal formunda gözlemlendi (Şekil 4.41-4.42).



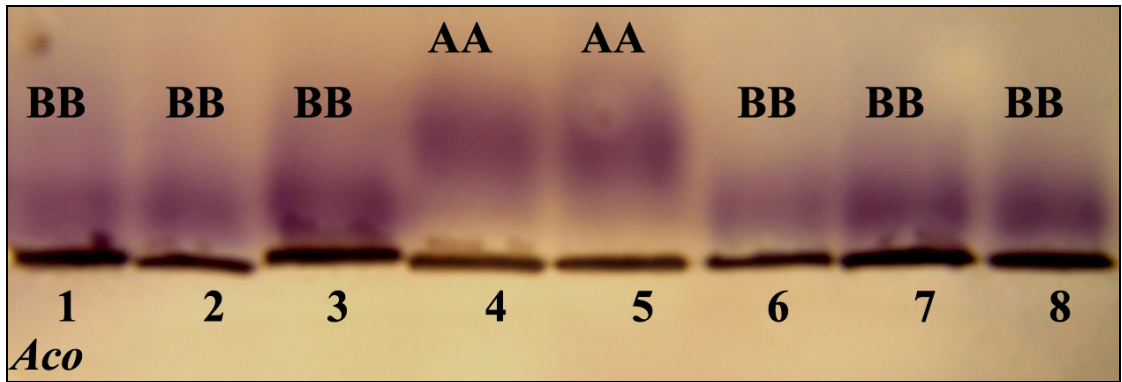
Şekil 4.41 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Mdh* fenotipleri, 1-2, 4-9: 2n=38 (İzmir)



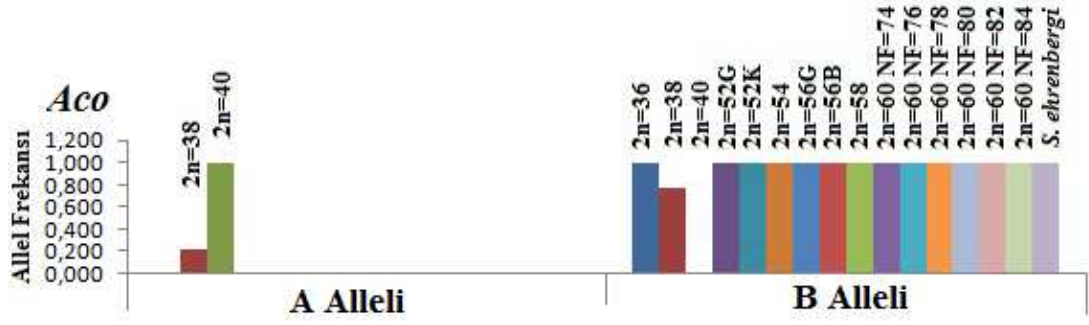
Şekil 4.42 *Mdh* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.14 Aconitaz (E.C.4.2.1.3)

Bu enzim sistemi, çalışılan örneklerde iki farklı allel içerdiği belirlendi. Bunlardan Aco^A alleli sadece $2n=38$ (İzmir) ve $2n=40$ (Yeşildağ, Yenişarbademli) kromozomal formlarda bulunmaktadır. Diğer allel ise Aco^B , $2n=40$ kromozomal formu hariç bütün populasyonlarda tespit edildi (Şekil 4.43-4.44).



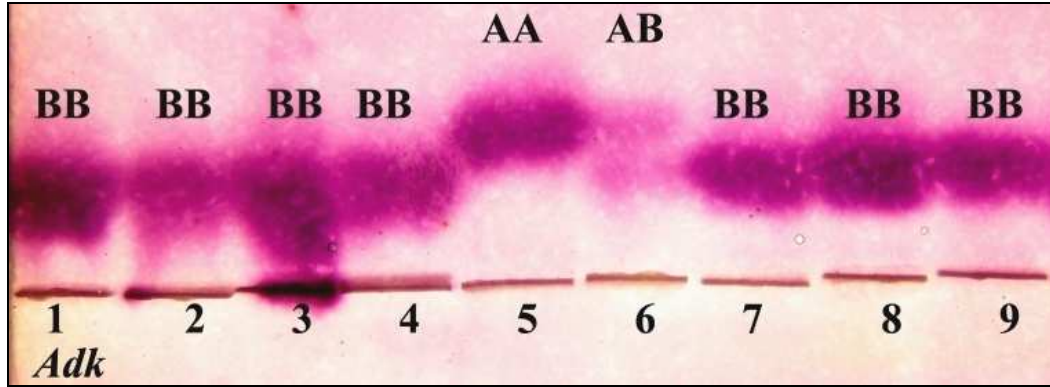
Şekil 4.43 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Aco* fenotipleri, 4-5: $2n=38$ (İzmir)



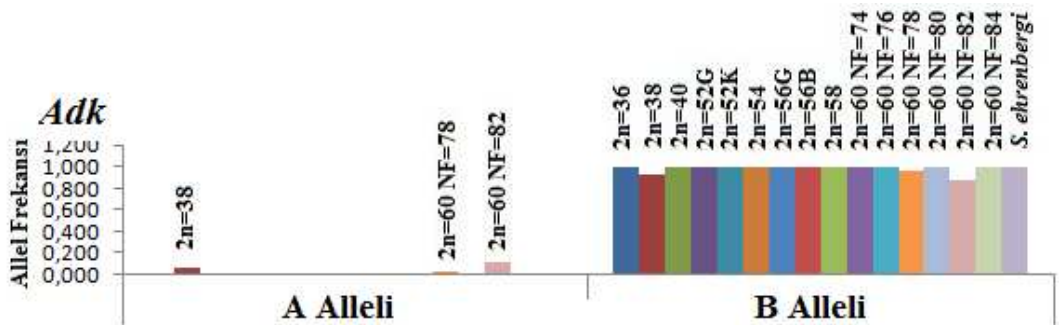
Şekil 4.44 *Aco* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.15 Adenilat Kinaz (E.C.2.7.4.3)

Bu enzim sistemi çalışılan örneklerde iki farklı allel içermektedir. Bunlardan Adk^A alleli sadece $2n=38$ (İzmir) ve $2n=60$ NF=78 (Isparta), $2n=60$ NF=82 (Afyon) kromozomal formlarda bulunmaktadır. Diğer allel ise Adk^B bütün populasyonlarda tespit edildi (Şekil 4.45-4.46).



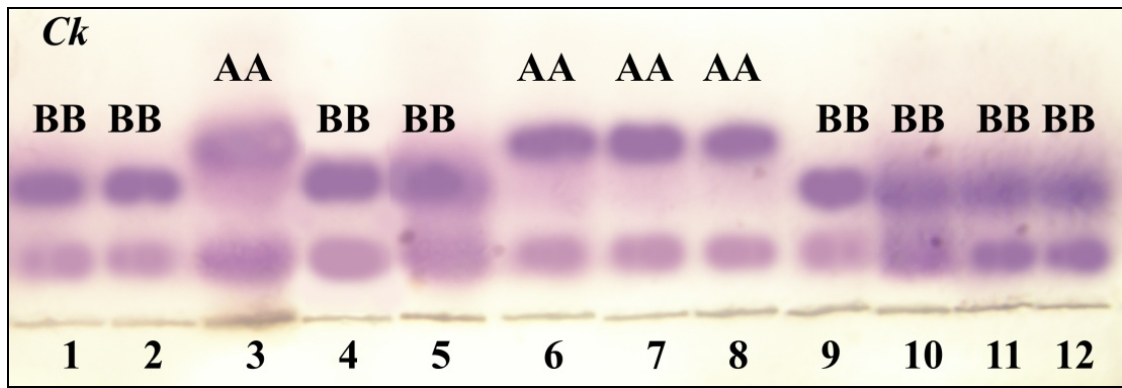
Şekil 4.45 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Adk* fenotipleri, 5-6: $2n=38$ (İzmir)



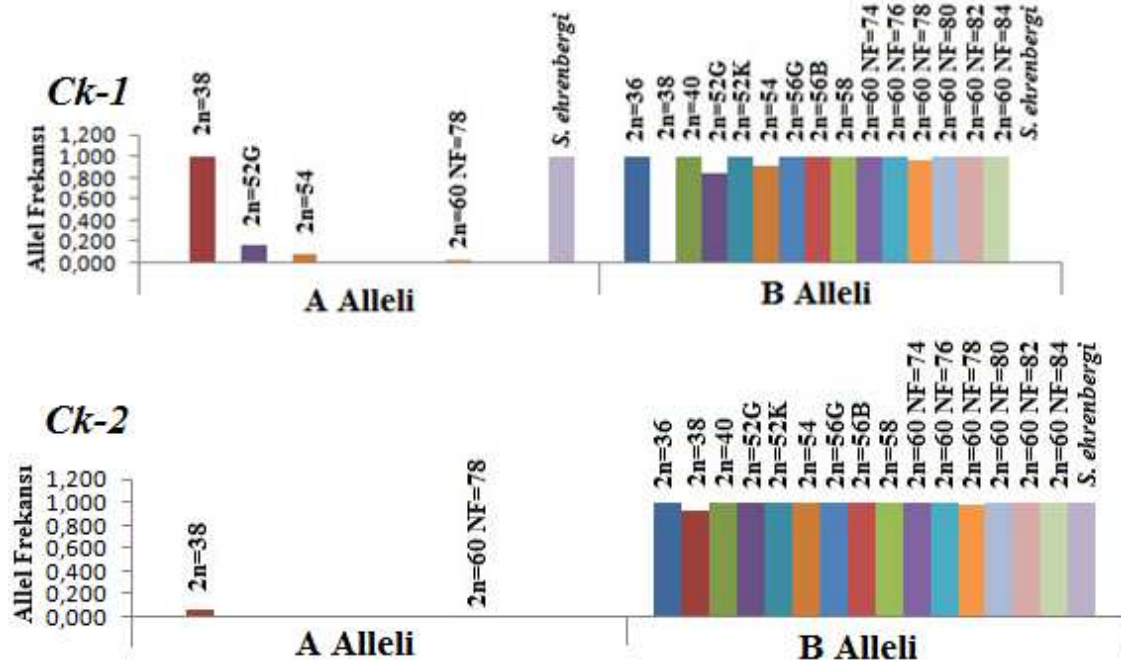
Şekil 4.46 *Adk* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.16 Creatin Kinaz (E.C.2.7.3.2)

Bu enzim sistemi anoda göç eden iki izozim içermektedir. Bunlardan hızlı mobiliteye sahip olanı *Ck-1*, yavaş hareket edeni *Ck-2* olarak adlandırıldı. Her iki izoziminde iki ayrı allele sahip olduğu belirlendi. *Ck-1^A* alleli 2n=38 (İzmir), 2n=52 (Mersin), 2n=54 (Kırıkkale), 2n=60 NF=78 (Isparta) kromozomal formları ve *S. ehrenbergi*'de görüldü. *Ck-2^A* alleleline ise sadece 2n=38 (İzmir) ve 2n=60 NF=78 (Isparta) kromozomal formlarda rastlanmaktadır. Her iki izoenzimin B allelleri bütün populasyonlarda bulunmaktadır (Şekil 4.47-4.48).



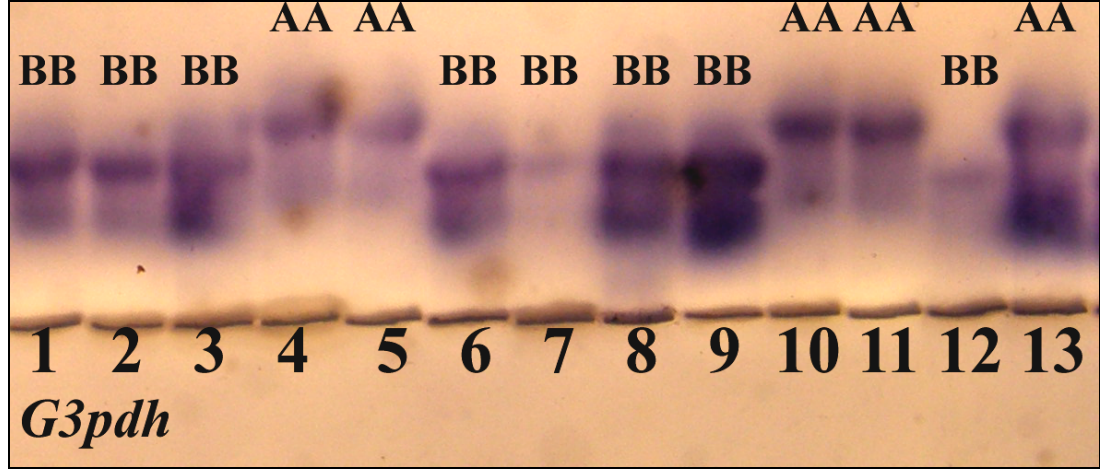
Şekil 4.47 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Ck* fenotipleri, 3, 6-8: 2n=38 (İzmir)



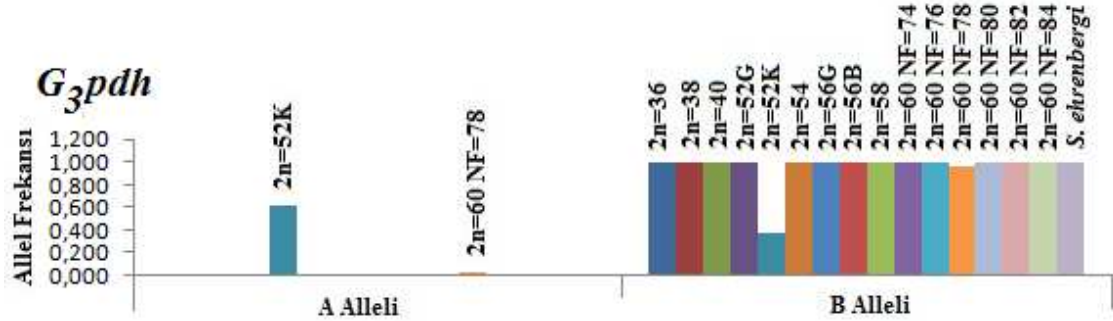
Şekil 4.48 *Ck* enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.17 Gliseraldehid-3-Fosfat Dehidrojenaz (E.C.1.2.1.12)

Çalışılan örneklerde anodal olarak göç eden tek bir izoenzim belirlendi. Bu enzim sisteminin iki farklı allel içerdiği belirlendi. Bunlardan G_3pdh^A alleli sadece $2n=52$ (Bolu) ve $2n=60$ NF=78 (Ankara-Çeltikli) kromozomal formlarda bulunmaktadır. Diğer allel ise Adk^B bütün populasyonlarda tespit edilmiştir (Şekil 4.49-4.50).



Şekil 4.49 Nişasta jel elektroforezi ile görülen G_3pdh fenotipleri, 1-13: $2n=52$ (Bolu)



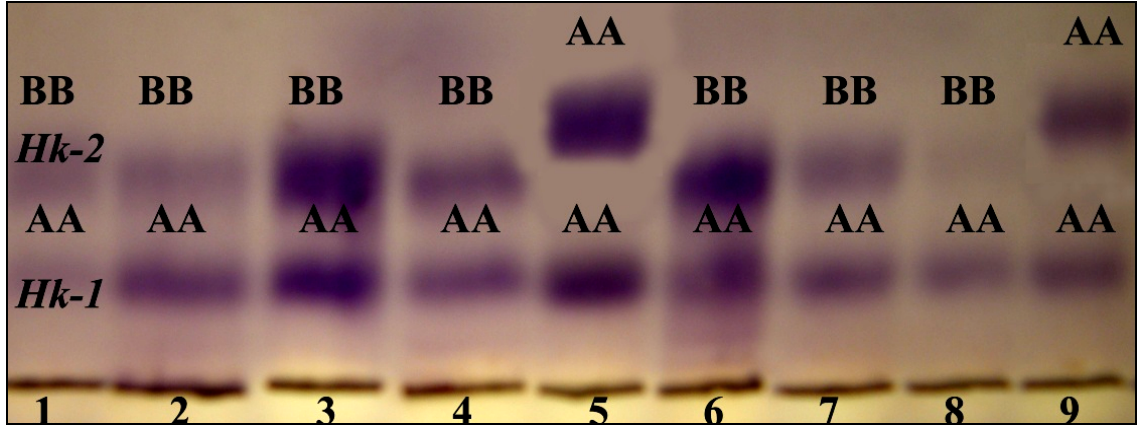
Şekil 4.50 G_3pdh enziminde görülen allellerin kromozomal formlarda dağılımı

4.3.18 Aspartat Amino Transferaz (E.C.2.6.1.1)

Bu enzim sisteminde, anoda göç eden $Got-1$ ve katoda göç eden $Got-2$ olmak üzere iki izoenzim ünitesi tespit edildi. Bu izoenzimlerden katodik form bütün populasyonlarda monomorfiktir ve aynı allele fikse oldu. Anadal form olan $Got-1$ lokusu 5 allel içeren oldukça polimorfik bir lokustur. Bu allellerden $Got-1^A$ alleli, $2n=56$ (Isparta-Aksu), $2n=60$ NF=76 (Beyşehir), $2n=60$ NF=78 (Isparta-Gelendost), $2n=60$ NF=84 (Burdur)

4.3.19 Hekzokinaz (E.C.2.7.1.1)

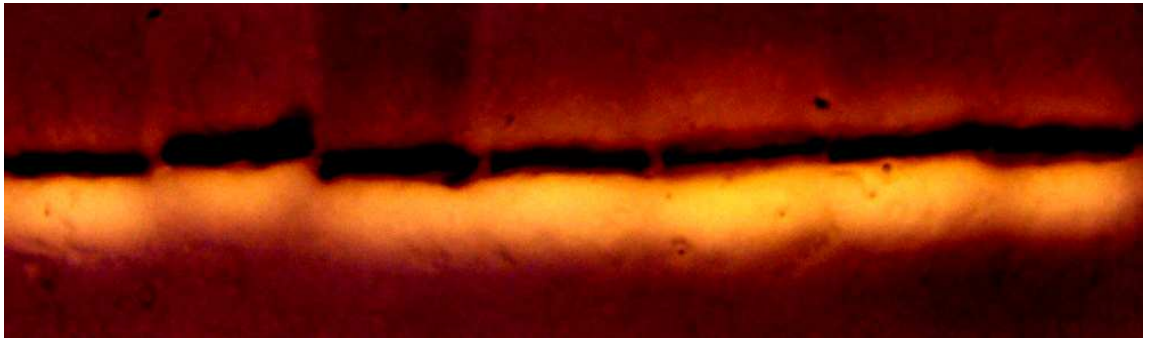
Bu enzim sisteminde her ikisinde anoda göç eden ve birbirlerine çok yakın bant veren iki izoenzim belirlendi. Bu izozimlerden hızlı mobilitede olan *Hk-2* ve yavaş mobilitede olan *Hk-1* olarak adlandırıldı. *Hk-2* lokusunda *Hk-2^A* alleli sadece 2n=52 (Bolu) populasyonlarına ait iki örnekte gözlemlendi. *Hk-1* lokusunda, diğer populasyonlardan farklı olarak 2n=38 (İzmir) populasyonuna ait bir bireyde *Hk-1^A* alleleline sahip olduğu belirlendi (Şekil 4.53 ve 4.54). Bu enzim sisteminde gözlenen farklı alleller % 95 önem düzeyine erişemediği için bu enzim monomorfik olarak kabul edildi (Şekil 4.53).



Şekil 4.53 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Hk* fenotipleri, 1-9: 2n=52 (Bolu)

4.3.20 Süperoksit Dismutaz (E.C.1.15.1.1)

Bu enzim sistemi çalışılan populasyonların hepsinde aynı allele fikse olduğundan monomorfik bulundu (Şekil 4.54).



Şekil 4.54 Nişasta jel elektroforezi ile görülen *Sod* fenotipleri

4.4 Allozim Elektroforezi Sonuçlarının Analizi

4.4.1. Hardy-Weinberg dengesi testi

Belirli bir örneğin Hardy-Weinberg dengesindeki bir populasyondan rasgele alınan örneklerden biri olup olmadığını test etmek amacıyla Pearson χ^2 , G istatistiği ve Fisher tarafından geliştirilen Exact test istatistiği bütün populasyonlar ve lokuslara uygulandı. Böylece çalışılan populasyonların Hardy-Weinberg dengesinde bir populasyon olup olmadığı test edildi ve bu populasyonda hangi lokusların bu dengeyi bozduğu belirlendi (Çizelge 4.12). Bu analizler sonucunda 2n=36, 2n=60 NF=74 kromozomal formu ve *S. ehrenbergi*'ye ait populasyonların haricinde bütün populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapma tespit edildi ($P < 0,05$). Hardy-Weinberg dengesinden en fazla sapma gösteren populasyonlar İç Anadolu'da geniş yayılışa sahip olan 2n=60 kromozoma sahip olan populasyonların olduğu belirlendi. Batı Anadolu'da yayılışa sahip olan populasyonlardan 2n=38 kromozomal formu sadece iki lokusta (α -*Gpdh* ve *Aco*), 2n=40 kromozomal formu bir lokusta (*Ck-1*) $P < 0,001$ düzeyinde sapma gösterdi. Yine Batı Anadolu'da yayılışa sahip olan 2n=56 (Isparta, Uşak, Manisa) kromozomal formuna ait populasyonlar beş lokusta (*Idh-2*, *Mpi*, *Gpi-1*, α -*Gpdh*, *Got-1*) sapma gösterdi. Bu lokuslardan *Got-1* istatistiksel olarak $P < 0,001$ seviyesinde, diğer dört lokusun $P < 0,05$ seviyesinde Hardy-Weinberg dengesinden saptığı belirlendi. Hardy-Weinberg dengesinden güçlü sapma gösteren diğer bir populasyon ise 2n=52 (Bolu) kromozom değerine sahip olan Kuzey populasyonlarıdır. Bu kromozomal form sekiz lokusta güçlü ($P < 0,01$) sapma gösterdi.

Genel olarak bütün populasyonlara baktığımızda çalışılan 22 polimorfik lokustan 16 tanesi Hardy-Weinberg dengesinden sapmıştır. Bu lokuslardan *Ca-1* altı populasyonda; *Gpi-1* beş populasyonda; *Mpi* ve α -*Gpdh* dört populasyonda; *Me-2* ve *Got* üç populasyonda; *Pgm*, *Ck*, *Fum*, *Idh-2* iki populasyonda ve *Ca-2*, *G₃pdh*, *Hk-2*, *Aco*, *Adk*, *Ldh* bir populasyonda Hardy-Weinberg dengesinden sapmaya neden olmuştur. Populasyonlardaki heterozigot aşımı veya kaybını belirleyen U testi (Rousset and Raymond 1995) sonucunda bütün populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın heterozigot eksikliğinden (D_{Het}) kaynaklandığı belirlendi.

Çizelge 4.12 *S. leucodon* türüne ait kromozomal formlarda polimorfik lokuslarda Hardy-Weinberg dengesi sonuçları

Populasyon	Lokus	DF	χ^2 -testi	P	G-testi	P	Exact test	Hrdw D_{HET}
2n=38	<i>α-Gpdh</i>	1	23,39	0,000***	28,56	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Aco</i>	1	24,04	0,000***	24,64	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Adk</i>	1	9,075	0,003**	5,128	0,023*	0,074	-0,650
2n=40	<i>Ca-1</i>	1	15,96	0,000***	19,52	0,000***	0,000***	-0,896
2n=52 Güney	<i>Me-2</i>	1	6,000	0,014*	9,461	0,002**	0,021*	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	6,000	0,014*	6,802	0,009**	0,091	-1,000
	<i>Ck-1</i>	1	6,000	0,014*	6,802	0,009**	0,087	-1,000
2n=52 Kuzey	<i>Me-2</i>	1	33,00	0,000***	39,70	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Pgm</i>	3	13,31	0,004**	8,388	0,038*	0,031*	-0,454
	<i>Fum</i>	1	33,00	0,000***	21,20	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Gpi-1</i>	1	33,00	0,000***	16,24	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>α-Gpdh</i>	1	33,00	0,000***	46,49	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>G₃pdh</i>	1	28,88	0,000***	35,84	0,000***	0,000***	-0,937
	<i>Got-1</i>	3	66,00	0,000***	37,05	0,000***	0,000***	-1,000
2n=54	<i>Hk-2</i>	1	33,00	0,000***	10,34	0,001**	0,011*	-1,000
	<i>Ldh</i>	1	11,00	0,001**	11,59	0,000***	0,004**	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	11,00	0,001**	8,091	0,004**	0,041*	-1,000
	<i>Ca-2</i>	1	11,00	0,001**	16,23	0,000***	0,003**	-1,000
2n=56 Güney	<i>Ck-1</i>	1	11,00	0,001**	8,090	0,004**	0,051	-1,000
	<i>Mpi</i>	1	21,00	0,000***	26,17	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	16,58	0,000***	19,04	0,000***	0,000***	-0,891
2n=56 Batı	<i>Idh-2</i>	1	4,735	0,030*	5,535	0,018*	0,046*	-0,653
	<i>Mpi</i>	1	17,00	0,000***	8,993	0,003**	0,029*	-1,000
	<i>Gpi-1</i>	1	17,00	0,000***	8,993	0,003**	0,026*	-1,000
	<i>α-Gpdh</i>	1	17,00	0,000***	8,993	0,003**	0,029*	-1,000
2n=58	<i>Got-1</i>	3	28,35	0,000***	19,62	0,000***	0,000***	-0,862
	<i>Me-2</i>	1	19,00	0,000***	17,67	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	19,00	0,000***	13,94	0,000***	0,001**	-1,000
	<i>Gpi-1</i>	1	19,00	0,000***	26,91	0,000***	0,000***	-1,000
2n=60 NF=76	<i>α-Gpdh</i>	1	7,736	0,005**	4,827	0,028*	0,083	-0,648
	<i>Idh-2</i>	1	15,21	0,000***	14,82	0,000***	0,000***	-0,593
	<i>Mpi</i>	1	44,00	0,000***	61,65	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Gpi-1</i>	1	44,00	0,000***	56,06	0,000***	0,000***	-1,000
2n=60 NF=78	<i>Got-1</i>	10	115,5	0,000***	93,04	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Idh-2</i>	1	26,00	0,000***	36,45	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Pgm</i>	3	10,88	0,012*	5,511	0,137	0,105	-0,477
	<i>Mpi</i>	1	26,00	0,000***	15,25	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	26,00	0,000***	34,57	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Fum</i>	1	26,00	0,000***	19,69	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Gpi-1</i>	1	26,00	0,000***	15,25	0,000***	0,001**	-1,000
	<i>Ck-1</i>	1	26,00	0,000***	9,863	0,001**	0,016*	-1,000
	<i>G₃pdh</i>	1	26,00	0,000***	9,863	0,001**	0,018*	-1,000
<i>Got-1</i>	6	19,38	0,004**	21,26	0,001**	0,000***	-0,478	
2n=60 NF=80	<i>Idh-2</i>	1	26,93	0,000***	27,03	0,000***	0,000***	-0,855
	<i>Pgm</i>	3	15,04	0,002**	8,742	0,033*	0,014*	-0,539
	<i>Mpi</i>	1	37,00	0,000***	16,71	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	18,02	0,000***	19,39	0,000***	0,000***	-0,702
	<i>Ca-2</i>	1	37,00	0,000***	10,58	0,001**	0,010*	-1,000
	<i>Fum</i>	1	37,00	0,000***	30,36	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Gpi-1</i>	1	37,00	0,000***	10,58	0,001**	0,012*	-1,000
2n=60 NF=82	<i>Got-1</i>	3	19,77	0,000***	17,18	0,000***	0,000***	-0,502
	<i>Idh-2</i>	1	4,000	0,046*	5,910	0,015*	0,144	-1,000
	<i>Mpi</i>	1	4,000	0,046*	5,910	0,015*	0,143	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	4,000	0,046*	6,778	0,009**	0,084	-1,000
	<i>Ca-2</i>	1	4,000	0,046*	5,910	0,015*	0,149	-1,000
2n=60 NF=84	<i>α-Gpdh</i>	1	4,000	0,046*	5,910	0,015*	0,146	-1,000
	<i>Idh-2</i>	1	6,644	0,010*	7,705	0,005**	0,011*	-0,700
	<i>Mpi</i>	1	14,00	0,000***	19,31	0,000***	0,000***	-1,000
	<i>Ca-1</i>	1	14,00	0,000***	12,63	0,000***	0,003**	-1,000
	<i>Ca-2</i>	1	14,00	0,000***	8,592	0,003**	0,033*	-1,000
	<i>α-Gpdh</i>	1	5,498	0,019*	4,198	0,040*	0,110	-1,000
	<i>Got-1</i>	6	29,55	0,000***	27,23	0,000***	0,000***	-0,844

* P<0,05; **P<0,01; ***P<0,001

4.4.2 Populasyonların allozime dayalı genetik yapısı

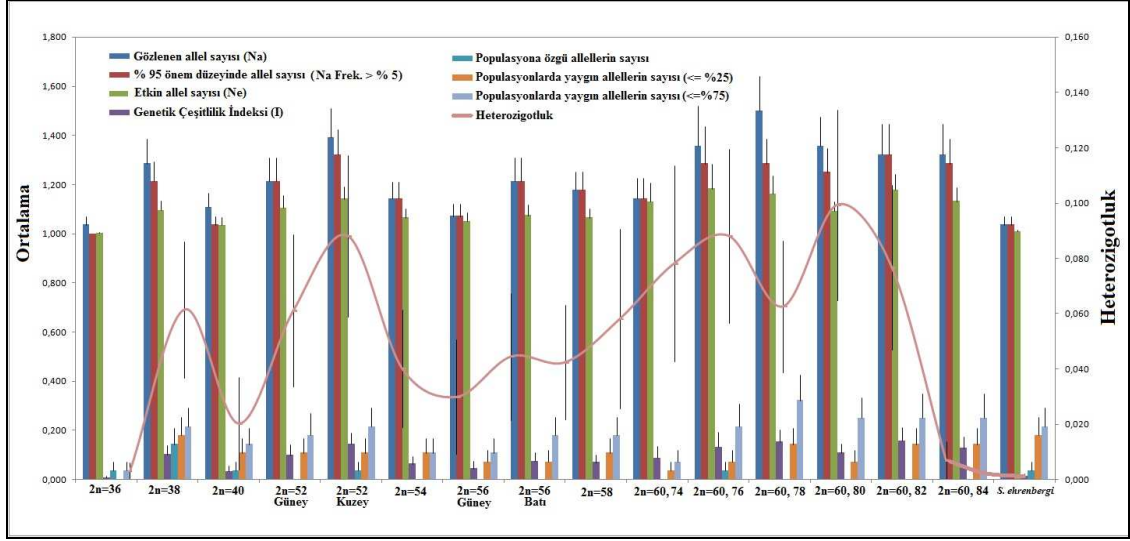
İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren *S. leucodon*'a ait kromozomal formlar arasında ve içinde gözlenen genetik varyasyon seviyeleri Çizelge 4.13'de gösterildi. Çalışılan populasyonların hepsinde direkt gözlenen ortalama heterozigotluk $H_o=0,013$ değerindedir ve 0,000 ($2n=54$) ile 0,090 ($2n=60$ NF=78) arasında değişmektedir. Gözlenen allel frekanslarının Hardy-Weinberg dengesindeki populasyonda yaratması gereken heterozigotların frekans değerleri olan beklenen heterozigotluk ortalaması bütün populasyonlarda $H_e=0,054$ değerindedir ve 0,003 ($2n=36$) ile 0,099 ($2n=60$ NF=82) arasında değişmektedir. Beklenen ve gözlenen heterozigotluklar karşılaştırıldığında, Hardy-Weinberg dengesinde olan $2n=36$, $2n=60$ NF=74 kromozomal formlar ve *S. ehrenbergi* populasyonları haricinde diğer populasyonların hepsinde direkt gözlenen heterozigotluk, beklenen heterozigotluk değerinden düşük bulundu yani populasyonlarda heterozigot eksikliği bulunduğu belirlendi.

Çalışmada bazı alleller her populasyonda saptanamadı veya bir populasyonda sık gözlenen bir allel başka bir populasyonda nadiren gözlendi. Örneğin Aco^A alleli sadece $2n=38$ ve $2n=40$ kromozomal formlara ait populasyonlarda gözlendi. Lokus başına allel sayısı (N_a) 1,036 ($2n=36$) ile 1,5 ($2n=60$ NF=78) arasında değişmekte olup ortalaması 1,230'dur. En fazla kendine özgü allel (Private allel) barındıran populasyon $2n=38$ kromozom değerine sahip olan populasyonlardır (özgün $N_a=0,143$). Örneğin $Gpi-2^A$, $Mdh-1^B$, $Hk-1^A$ allelleri sadece bu populasyonlarda gözlendi. Benzer olarak $Me-1^A$ alleli sadece $2n=40$ kromozom değerine sahip olan populasyonlarda gözlendi. İstatistik açıdan 0,95 önem düzeyinde hesaplanan polimorfik lokus yüzdesi (% P), % 3,57 ($2n=36$) ile % 39,29 ($2n=60$ NF=78) arasında değişmektedir. Bütün populasyonlarda polimorfik lokus yüzdesi ortalama olarak % 18,75 değerini gösterdi (Çizelge 4.13 ve Şekil 4.55).

Çizelge 4.13 Bütün populasyonlarda polimorfik 28 lokus temel alınarak oluşturulan genetik varyasyon seviyeleri

Populasyon	ORT	N	Na	Ne	Na Özel	Na %5	Na %25	Na %50	I	Ho	He	UHe	% P
2n=36	Ort.	11	1.03	1,00	0,03	1,00	0,01	0,03	0,01	0,00	0,00	0,00	% 3,57
	SH	0	0,03	0,00	0,03	0,00	0,00	0,03	0,01	0,00	0,00	0,00	
2n=38	Ort.	22	1.28	1,09	0,14	1,21	0,17	0,21	0,10	0,03	0,06	0,06	% 25,0
	SH	0	0,10	0,04	0,06	0,07	0,07	0,07	0,03	0,02	0,02	0,02	
2n=40	Ort.	20	1.10	1,03	0,03	1,03	0,10	0,14	0,03	0,00	0,02	0,02	% 10,7
	SH	0	0,06	0,03	0,03	0,03	0,06	0,06	0,02	0,00	0,01	0,01	
2n=52 Güney	Ort.	6	1.21	1,10	0,00	1,21	0,10	0,17	0,09	0,01	0,06	0,06	% 17,9
	SH	0	0,09	0,05	0,00	0,09	0,06	0,09	0,04	0,01	0,02	0,03	
2n=52 Kuzey	Ort.	33	1.39	1,14	0,03	1,32	0,10	0,21	0,14	0,01	0,08	0,08	% 32,1
	SH	0	0,11	0,05	0,03	0,10	0,06	0,07	0,04	0,00	0,02	0,03	
2n=54	Ort.	11	1,14	1,06	0,00	1,14	0,10	0,10	0,06	0,00	0,04	0,04	% 14,3
	SH	0	0,06	0,03	0,00	0,06	0,06	0,06	0,03	0,00	0,02	0,02	
2n=56 Güney	Ort.	21	1,07	1,05	0,00	1,07	0,07	0,10	0,04	0,00	0,03	0,03	% 7,1
	SH	0	0,05	0,03	0,00	0,050	0,05	0,06	0,03	0,00	0,02	0,02	
2n=56 Batı	Ort.	17	1,21	1,07	0,00	1,21	0,07	0,17	0,07	0,01	0,04	0,04	% 17,9
	SH	0	0,09	0,04	0,00	0,09	0,05	0,07	0,03	0,00	0,02	0,02	
2n=58	Ort.	19	1,17	1,06	0,00	1,17	0,10	0,17	0,06	0,00	0,04	0,04	% 17,9
	SH	0	0,07	0,03	0,00	0,07	0,06	0,07	0,03	0,00	0,02	0,02	
2n=60 NF=74	Ort.	2	1,14	1,13	0,00	1,14	0,03	0,07	0,08	0,01	0,05	0,07	% 10,7
	SH	0	0,08	0,07	0,00	0,08	0,03	0,05	0,04	0,01	0,03	0,04	
2n=60 NF=76	Ort.	44	1,35	1,18	0,03	1,28	0,07	0,21	0,13	0,01	0,07	0,07	% 21,4
	SH	0	0,16	0,10	0,03	0,15	0,05	0,09	0,06	0,00	0,03	0,03	
2n=60 NF=78	Ort.	26	1,50	1,16	0,00	1,28	0,14	0,32	0,15	0,01	0,08	0,09	% 39,3
	SH	0	0,14	0,07	0,00	0,10	0,06	0,10	0,05	0,01	0,03	0,03	
2n=60 NF=80	Ort.	37	1,35	1,09	0,00	1,25	0,07	0,25	0,10	0,01	0,06	0,06	% 28,6
	SH	0	0,11	0,03	0,00	0,09	0,05	0,08	0,03	0,00	0,02	0,02	
2n=60 NF=82	Ort.	4	1,32	1,17	0,00	1,32	0,14	0,25	0,15	0,02	0,09	0,11	% 25,0
	SH	0	0,12	0,06	0,00	0,12	0,06	0,09	0,05	0,02	0,03	0,03	
2n=60 NF=84	Ort.	14	1,32	1,13	0,00	1,28	0,14	0,25	0,12	0,01	0,07	0,08	% 25,0
	SH	0	0,12	0,05	0,00	0,10	0,06	0,09	0,04	0,00	0,03	0,03	
S. ehrenbergi	Ort.	14	1,03	1,00	0,03	1,03	0,17	0,21	0,01	0,00	0,00	0,00	% 3,57
	SH	0	0,03	0,00	0,03	0,03	0,07	0,07	0,01	0,00	0,00	0,00	
Toplam	Genel	19	1,23	1,09	0,02	1,18	0,10	0,18	0,08	0,01	0,05	0,05	% 18,7
	Ort.												
	SH	0,5	0,02	0,01	0,02	0,07	0,06	0,07	0,01	0,00	0,00	0,00	% 2,56

N: Çalşılan örnek sayısı; Na: Populasyonda gözlenen allel sayısı; Ne: Populasyonlardaki etkin allel sayısı; Na Özel: Populasyona özgü allel sayısı; Na %5: Populasyonların % 5'inde görülen ortak allel sayısı; Na %25: Populasyonların % 25'inde görülen ortak allel sayısı; Na %50: Populasyonların % 50'sinde görülen ortak allel sayısı; I: Shannon'un genetik çeşitlilik indeksi; Ho: Populasyonlarda gözlenen heterozigotluk değeri; He: Hardy-Weinberg dengesinde bir populasyonda beklenen heterozigotluk değeri; UHe: Nei 1978'in unbiased beklenen heterozigotluk değeri; % P: Polimorfik lokusların yüzdesi



Şekil 4.55 Çalışılan populasyonlarda gözlenen genetik parametrelerin değişimi gösteren grafik

4.4.3 Populasyonlarda allozime dayalı genetik farklılaşma ve gen akışı

Populasyonlar arasında genetik farklılığın belirlenmesinde Wright (1951)'in F_{ST} istatistiği kullanıldı. Tüm populasyonlarda polimorfik lokuslar için hesaplanan genetik farklılık değerleri Çizelge 4.14'de, populasyon çiftleri arasındaki farklılık değerlerini veren F_{ST} matrisi Çizelge 4.15'de verildi. Tüm lokuslarda populasyonlar arası genetik farklılığın ortalama değeri $F_{ST}=0,575$ olarak bulundu. F_{ST} her bir lokusun populasyonlar arasındaki farklılaşmasını göstermektedir. Yani populasyonlar arasındaki farklılaşmanın temel ölçütüdür. F_{ST} , 0-1 arasında değer almaktadır. Populasyonlar birbirlerinden farklılaşmışlarsa ve aralarında gen akışı bulunmuyorsa F_{ST} değeri 1'e yaklaşır. Bizim çalışmamızda bulunan değer, çalışılan populasyonlar arasında genetik farklılığın yüksek olduğunu gösterdi. *Idh-1*, *Me-1*, *Gpi-2*, *Pgd* ve *Mdh-1* populasyonlar arasında genetik farklılığa arttıran başlıca lokuslardı ($F_{ST}=1,000$).

Wright'ın F istatistiği ile populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapmalar belirlendi. F_{IS} değeri her bir populasyon içindeki, F_{IT} değeri ise tüm populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinde beklenen heterozigotluk düzeyindeki sapma derecesini vermektedir. F_{IS} değeri -1 ve +1 arasında bir değer alır. “-“ değer populasyon içinde heterozigot fazlalığını, “+” değer populasyon içindeki heterozigot azlığını belirtir. Bizim çalışmamızda F_{IS} değeri sadece *Ck-2* (-0,061) ve *Hk-1* (-0,100) lokuslarında

negatif deęerli olarak bulundu. Tm lokuslarda ortalama deęeri $F_{IS}=0,706$ 'dır. Bu deęer alıřılan populasyonlarda homozigotluęun beklenenden yaklaşık % 70'den fazla olduęuna iřaret etmektedir.

Populasyonlar arasındaki farklılık deęerlerini veren F_{ST} matrisinde İ Anadolu ($2n=60, 58, 56$) ve Batı Anadolu ($2n=36, 38, 40$)'da yayılıř gösteren populasyonlar arasında F_{ST} deęerleri bakımından populasyonlar arasında genetik farklılık olduka yksek bulundu. Ayrıca Batı Anadolu'ya zg olan  kromozomal forma ait populasyonlar ($2n=36, 38, 40$) arasında karřılıklı F_{ST} deęerleri bakımından genetik farklılık olduka yksek bulundu. rneęin $2n=40$ kromozoma sahip populasyonlar ile $2n=36$ kromozom deęerine sahip populasyonlar arasında genetik farklılık $F_{ST}=0,688$ deęerini, $2n=36$ ile $2n=40$ kromozom deęerine sahip olan Batı Anadolu'ya zg populasyonlar arasında genetik farklılık $F_{ST}=0,506$ deęerini gsterdi. Batı Anadolu'da bulunan bu  populasyon arasındaki genetik farklılık miktarı, neredeyse bu populasyonlar ile İ Anadolu'da yayılıř gösteren populasyonlar arasında gzlenen genetik farklılık miktarına eřit bulundu (izelge 4.15). Bu durum birbirlerine coęrafik olarak olduka yakın bulunan bu  populasyon arasında gen akıřının olduka dřk olduęunu ve  populasyonun genetik olarak farklı allel kompozisyonuna sahip olduęunu gstermektedir.

F_{ST} deęerine dayanarak hesaplanan gen akıřı olan Nm deęerinin tm populasyonlarda ortalama deęeri $Nm=0,896$ olarak hesaplandı. İeri g eden bireylerin sayısı olan Nm deęeri gen akıřının gstergelerinden biridir. Kritik Nm deęeri 1,0 olup, bu deęerin zerindeki deęerler gen akıřının genetik kaymayı nleyecek miktarda olduęunu gstermektedir. Genelde populasyonlar arasındaki coęrafik mesafe azaldıka populasyonlar arasındaki gen akıřı deęerinin artmasına raęmen, populasyonlar arasındaki gen akıřı deęerlerini veren Nm matrisinde (izelge 4.15), iki Batı Anadolu populasyonu ($2n=36$ ve $2n=40$) arasındaki gen akıřı miktarı ($Nm=0,244$) ok dřk bulundu. Bunun aksine, İ Anadolu populasyonları, zellikle $2n=60$ kromozomal forma dhil olan populasyonlar iinde gen akıřı deęeri olduka yksektir. rneęin bu deęer $2n=60$ $NF=78$ ve $2n=60$ $NF=80$ formları arasında $Nm=9,039$ deęerine sahiptir. Bu durum İ Anadolu'da yayılıřa sahip olan farklı kromozom formlar arasında yksek miktarda ifleřme olduęunu, fakat Batı Anadolu'da yayılıř gsteren kromozomal

formların birbirlerinden daha izole olduklarını ve birbirlerinden genetik olarak farklılaştıklarını göstermektedir.

İç Anadolu populasyonları yüksek genetik çeşitliliğe sahiptirler. İzoenzim analizlerinde özellikle 2n=60 kromozom değerine sahip bireylerde genetik çeşitliliğin yüksek olduğunu ortaya koymaktadır. Bu yüksek varyasyon geniş coğrafik dağılım ve bu geniş coğrafyadaki farklı ekolojik şartlara uyum karakteristikleriyle açıklanabilir. 2n=60 kromozomal formun periferinde bulunan izole populasyonlarda (2n=52, 2n=56, 2n=58) görülen yüksek genetik çeşitlilik ise mikro çevrelere adapte olabilme mekanizmalarına bağlı olduğu bulundu.

Çizelge 4.14 Çalışılan populasyonlarda polimorfik enzimlerde Wright'ın F istatistiği sonucu elde edilen genetik farklılık değerleri

Locus	Fis	Fit	Fst	Nm
<i>Idh-1</i>	-	1,000	1,000	0,000
<i>Idh-2</i>	0,702	0,821	0,401	0,374
<i>Me-1</i>	-	1,000	1,000	0,000
<i>Me-2</i>	0,981	0,995	0,765	0,077
<i>Pgm</i>	0,245	0,292	0,063	3,750
<i>Ldh</i>	1,000	1,000	0,670	0,123
<i>Mpi</i>	0,871	0,941	0,542	0,211
<i>Ca-1</i>	0,735	0,871	0,513	0,237
<i>Ca-2</i>	1,000	1,000	0,684	0,116
<i>Fum</i>	0,780	0,936	0,709	0,103
<i>Gpi-1</i>	1,000	1,000	0,722	0,096
<i>Gpi-2</i>	-	1,000	1,000	0,000
<i>Pgd</i>	-	1,000	1,000	0,000
<i>α-Gpdh</i>	0,929	0,948	0,264	0,699
<i>Mdh-1</i>	-	1,000	1,000	0,000
<i>Aco</i>	1,000	1,000	0,845	0,046
<i>Adk</i>	0,113	0,184	0,081	2,852
<i>Ck-1</i>	1,000	1,000	0,869	0,038
<i>Ck-2</i>	-0,061	-0,005	0,052	4,536
<i>G₃pdh</i>	0,944	0,976	0,569	0,189
<i>Got-1</i>	0,574	0,730	0,367	0,432
<i>Hk-1</i>	-0,100	-0,006	0,086	2,667
<i>Hk-2</i>	1,000	1,000	0,028	8,533
Ortalama	0,706	0,812	0,575	0,896
SH	0,073	0,064	0,066	0,366

Çizelge 4.15 Çalışılan populasyonlar arasında Wright (1951) F istatistiği ile hesaplanan F_{ST} matrisi (Alttaki diyagonal) ve F değerine göre hesaplanan Nm matrisi (Üstteki diyagonal)

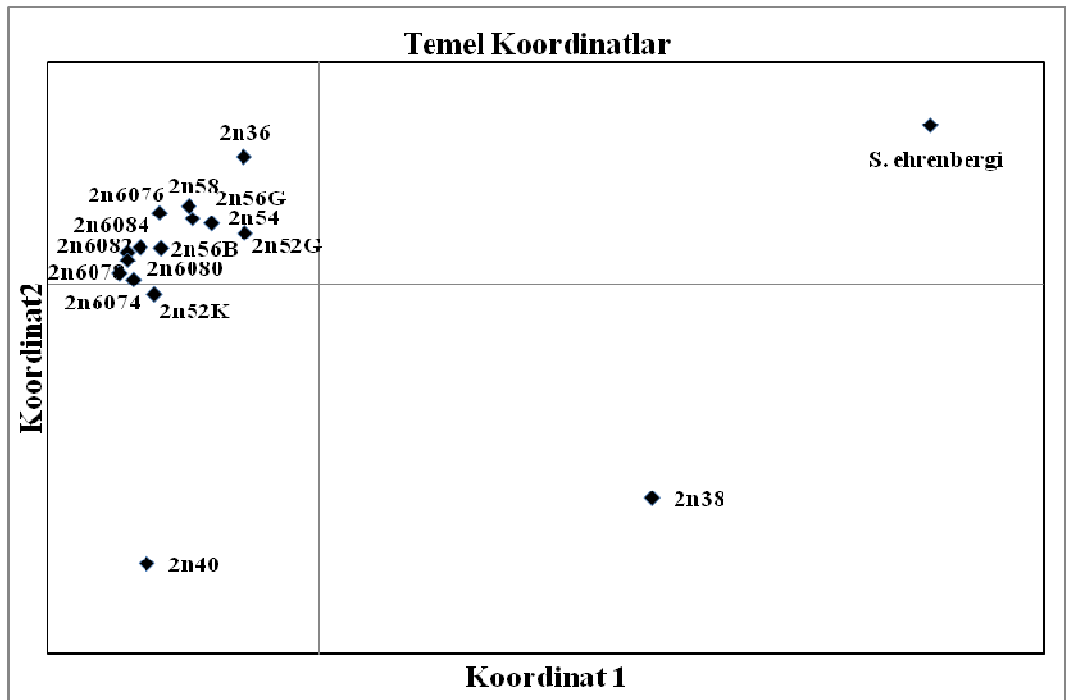
Populasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1. 2n=36	0,00	0,24	0,11	0,32	0,58	0,23	0,12	0,27	0,39	0,19	0,33	0,70	0,51	0,49	0,41	0,03
2. 2n=38	0,50	0,00	0,21	0,42	0,59	0,34	0,31	0,38	0,37	0,37	0,40	0,54	0,55	0,45	0,45	0,23
3. 2n=40	0,68	0,53	0,00	0,36	0,45	0,22	0,17	0,31	0,26	0,27	0,27	0,62	0,37	0,41	0,33	0,06
4. 2n=52 G	0,43	0,36	0,40	0,00	1,48	0,62	0,54	0,77	0,91	0,78	0,82	1,36	1,22	1,37	1,21	0,17
5. 2n=52 K	0,30	0,29	0,35	0,14	0,00	1,09	0,91	1,08	1,31	1,31	0,97	1,79	1,59	1,97	1,33	0,20
6. 2n=54	0,52	0,41	0,52	0,28	0,18	0,00	0,37	0,64	0,65	1,04	0,59	1,16	0,99	1,09	0,74	0,08
7. 2n=56 G	0,66	0,44	0,59	0,31	0,21	0,39	0,00	0,50	0,58	0,40	0,52	1,14	0,89	0,80	0,71	0,06
8. 2n=56 B	0,47	0,39	0,44	0,24	0,18	0,28	0,33	0,00	2,07	1,24	3,20	6,26	2,83	2,20	4,94	0,12
9. 2n=58	0,38	0,40	0,48	0,21	0,16	0,27	0,30	0,10	0,00	1,18	2,11	2,47	1,44	1,61	2,00	0,15
10. 2n=60 NF=74	0,56	0,39	0,47	0,24	0,16	0,19	0,38	0,16	0,17	0,00	1,17	2,70	1,60	1,75	1,63	0,09
11. 2n=60 NF=76	0,42	0,38	0,48	0,23	0,20	0,29	0,32	0,07	0,10	0,17	0,00	4,11	1,61	2,41	5,52	0,14
12. 2n=60 NF=78	0,26	0,31	0,28	0,15	0,12	0,17	0,17	0,03	0,09	0,08	0,05	0,00	9,03	4,26	6,14	0,24
13. 2n=60 NF=80	0,32	0,31	0,40	0,17	0,13	0,20	0,21	0,08	0,14	0,13	0,13	0,02	0,00	2,75	2,71	0,13
14. 2n=60 NF=82	0,33	0,35	0,37	0,15	0,11	0,18	0,23	0,10	0,13	0,12	0,09	0,05	0,08	0,00	4,50	0,21
15. 2n=60 NF=84	0,37	0,35	0,42	0,17	0,15	0,25	0,25	0,04	0,11	0,13	0,04	0,03	0,08	0,05	0,00	0,15
16. <i>S. ehrenbergi</i>	0,87	0,51	0,80	0,59	0,55	0,74	0,79	0,66	0,61	0,72	0,64	0,50	0,65	0,53	0,61	0,00

4.4.4 Allozim verilerine dayalı Temel Koordinat Analizi

Allozim analizi sonucunda elde edilen veriler kullanılarak oluşturulan Temel Koordinat Analizi (PCoA) sonucunda populasyonlar 4 temel gruba ayrıldı. Bu gruplardan *S. ehrenbergi* populasyonları, diğer gruplardan daha farklı konumda kümelendi. İlk grupta merkez Anadolu'ya ait 2n=60 diploit kromozoma sahip populasyonlar bir arada, 2n=52 farklı eksende olup 2n=60 grubuna yakın, periferde bulunan 2n=52G, 54, 56G, 58 birbirlerine daha yakın, 2n=36 aynı eksende olmakla birlikte diğerlerine daha uzakta kümelendi. Batı Anadolu populasyonlarından 2n=38 ve 40 birbirlerinden ayrılarak ve diğer populasyonlardan tamamen ayrılarak farklı iki küme oluşturdu (Şekil 4.56). Toplam allelik varyasyonun % 51,72'si I. aksis, % 17,86'sı II. aksis ve % 16,53'ü üçüncü aksis tarafından açıklandı. İlk üç temel aksis toplam varyasyonun % 86,11'ini açıklamaktadır (Çizelge 4.16). PCoA analizi sonuçları Şekil 4.57-4.58'de verilen UPGMA ve SPAN ağaçlarıyla uyum gösterdi.

Çizelge 4.16 Temel öğeler analizinde altı öğenin popülasyonlardaki eigen değerleri

Popülasyonlar	Aksis 1	Aksis 2	Aksis 3	Aksis 4	Aksis 5	Aksis 6
Eigen Değeri	25,200	8,701	8,054	3,361	2,034	1,371
2n=36	-0,417	0,859	-0,023	-0,704	-1,076	-0,096
2n=38	1,835	-1,440	-1,833	0,083	-0,122	-0,043
2n=40	-0,953	-1,882	1,757	-0,148	-0,084	0,033
2n=52 Güney	-0,411	0,345	0,220	-0,354	0,559	-0,234
2n=52 Kuzey	-0,909	-0,067	-0,231	-0,683	-0,010	-0,220
2n=54	-0,593	0,412	-0,337	-0,602	0,323	0,902
2n=56 Güney	-0,700	0,442	-0,321	-0,568	0,551	-0,560
2n=56 Kuzey	-1,059	0,215	-0,212	0,605	-0,039	0,009
2n=58	-0,720	0,527	-0,001	0,256	-0,231	-0,020
2n=60 NF=74	-1,026	0,031	-0,253	-0,103	0,026	0,305
2n=60 NF=76	-0,880	0,481	0,142	0,713	-0,133	-0,041
2n=60 NF=78	-1,102	0,075	-0,170	0,452	-0,036	-0,073
2n=60 NF=80	-1,059	0,162	-0,425	0,112	0,030	-0,116
2n=60 NF=82	-0,873	0,243	-0,175	0,163	0,129	0,110
2n=60 NF=84	-0,989	0,249	-0,129	0,579	0,152	0,028
<i>S. ehrenbergi</i>	3,372	1,073	0,951	0,169	0,133	0,032

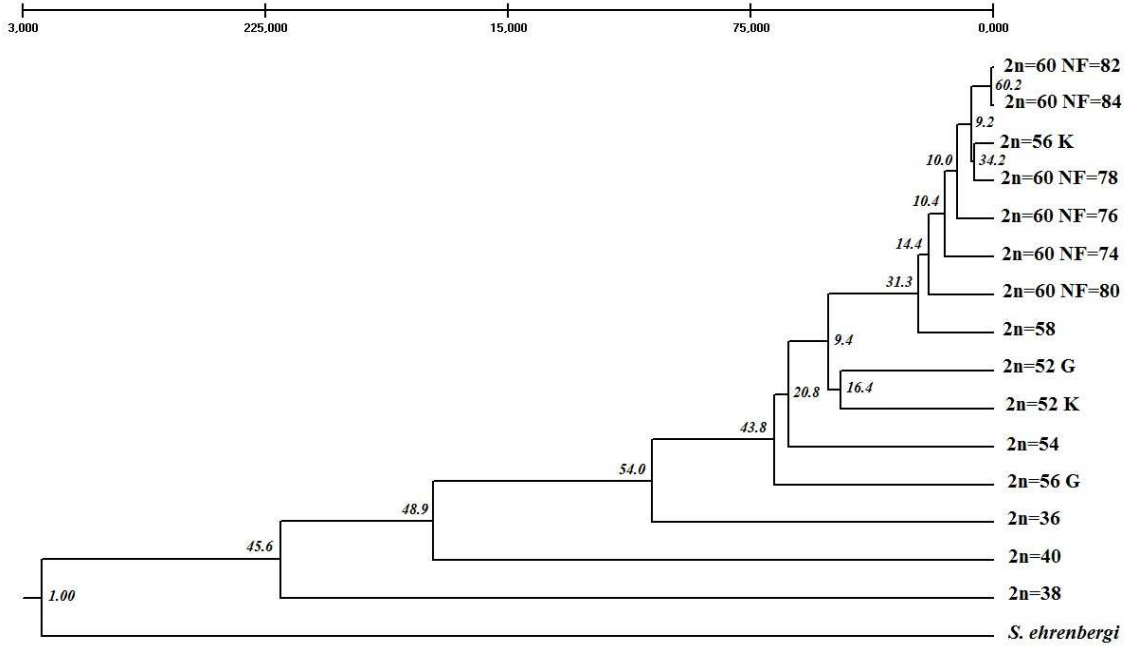


Şekil 4.56 PCoA ile allozim verilerinin iki boyutlu kümelmesi

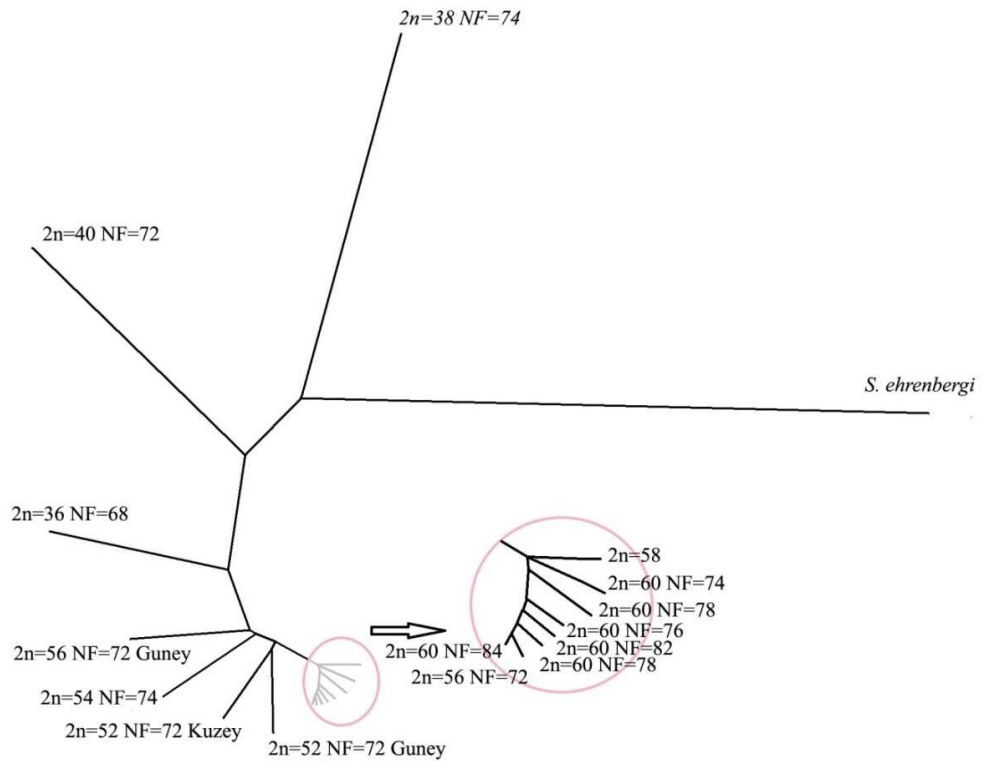
4.4.5 Populasyonlarda allozime dayalı genetik mesafe değerleri

S. leucodon'un İç Anadolu ve Batı Anadolu bölgesinde yayılış gösteren 16 farklı kromozom değerine sahip populasyonda, 28 allozim lokusunda Nei (1978)'e göre genetik benzerlik (I) ve genetik mesafe (D) değerleri hesaplandı. Gözlenen mesafe değerlerine göre, en yüksek mesafe değerleri Batı Anadolu populasyonu ile İç Anadolu populasyonları arasında bulundu. Batı Anadolu populasyonları coğrafik olarak birbirlerine oldukça yakın konumlanmalarına rağmen aralarındaki genetik mesafe değeri diğer populasyonlara kıyasla oldukça yüksek bulundu. Batı Anadolu'da yayılış gösteren $2n=36$ ile $2n=38$ kromozom formlarına ait populasyonlar arasında genetik mesafe değeri $D=0,2609$, $2n=36$ ile $2n=40$ kromozomal formlar arasında genetik mesafe $D=0,2493$ değerindedir. İç Anadolu bölgesinde yayılış gösteren kromozomal formlar arasında genetik mesafe değerleri diğer gruplara kıyasla oldukça düşüktür. Bu değer $D=0,0053$ ($2n=60$ NF=84- $2n=56$ Batı) ile $D=0,0890$ ($2n=60$ NF=76- $2n=54$) arasında değişmektedir. İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren tüm populasyonlar ile *S. ehrenbergi*'ye ait populasyonlar arasında genetik mesafe değerleri, çalışılan populasyonlar arasında gözlenen en yüksek mesafe değerlerini barındırmaktadır. *S. ehrenbergi* ve diğer populasyonlar arasında mesafe değerleri $D=0,2486$ (*S. ehrenbergi* - $2n=58$) ile $D=0,4366$ (*S. ehrenbergi* - $2n=40$) arasında değişmektedir (Çizelge 4.17).

Ayrıca populasyonlar arasında farklılaşmanın belirlenmesi için Nei (1978) genetik mesafe matrisi temel alınarak UPGMA (Unweighted Pair Group Method) ve köksüz ağaç (spanning tree) dendrogramı oluşturuldu. UPGMA dendrogramında ve köksüz ağaçta, Batı Anadolu'da yayılış gösteren $2n=36$, $2n=38$ ve $2n=40$ kromozoma sahip olan populasyonlar İç Anadolu populasyonlarından ve birbirlerinden koparak ayrı dallarda kümelendi. Bu populasyonlardan İç Anadolu populasyonlarına en yakın form $2n=36$ kromozom formudur. İç Anadolu populasyonlarında özellikle $2n=60$ kromozom değerine sahip olan populasyonlar kendi içinde ayrı bir alt dalda kümelendirken, bu kromozomal formun coğrafik olarak yayılış sınırlarında bulunan izole populasyonlar ($2n=52$, $2n=54$, 56) ayrı alt dallarda kümelendi (Şekil 4.57-4.58).



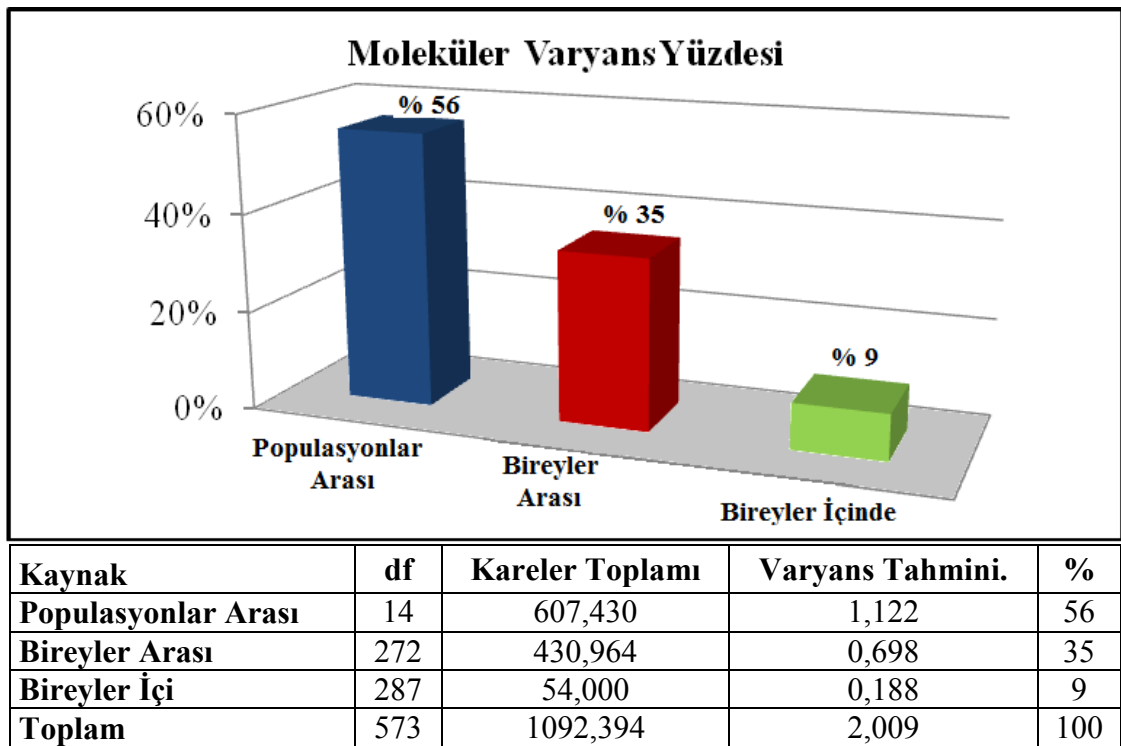
Şekil 4.57 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren 16 kromozomal formda, 28 allozim lokusundan hesaplanan genetik mesafe matrisi temel alınarak oluşturulan UPGMA dendrogram



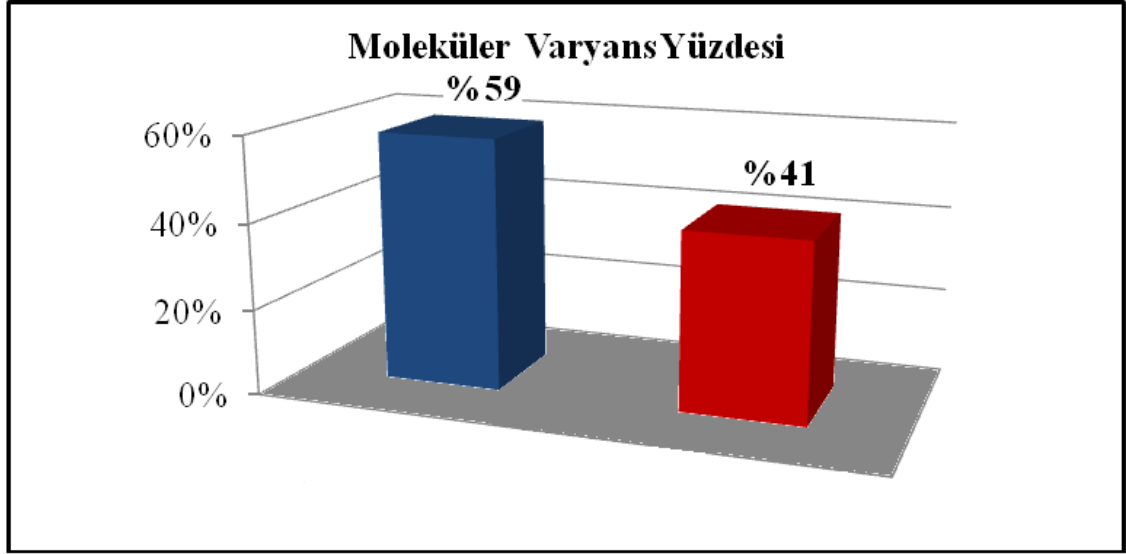
Şekil 4.58 İç Anadolu ve Batı Anadolu’da yayılış gösteren 16 kromozomal formda, 28 allozim lokusundan hesaplanan genetik mesafe matrisi temel alınarak oluşturulan Span ağacı

4.4.6 Allozim verilerinde AMOVA (Moleküler Varyans Analizi)

S. leucodon örneklerini içeren 15 populasyonun moleküler varyans analizi Genalex 6.0 (Peakall and Smouse, 2006) paket programı ile yapıldı. Varyans analizi F istatistiği (F_{ST} , F_{IS} , F_{IT}) permütasyon temelli mesafe matrisi ve kodominant genotip permutasyon temelli mesafe matrisi kullanarak ayrı ayrı yapıldı. F istatistiği permütasyon temelli mesafe matrisi ile hesaplanan amova analizi sonucunda, populasyonlar arası varyans (% 56), bireyler arası varyans (% 35) ve bireyler içi varyans (% 9) olarak bulundu (Şekil. 4.59; $P < 0,001$). Kodominant genotip permutasyon temelli mesafe matrisi kullanarak hesaplanan amova analizi sonucunda ise, populasyonlar arası varyans yüzdesi (% 59) populasyonlar içi varyans yüzdesinden (% 41) daha büyük bulundu. (Şekil 4.60; $P < 0,001$).



Şekil 4.59 F istatistiği (F_{ST} , F_{IS} , F_{IT}) permütasyon temelli mesafe matrisi kullanılarak oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları. Serbestlik derecesi (df), Yüzde toplam varyasyon (%)



Kaynak	df	Kareler Toplamı	Varyans Tahmini.	%
Populasyonlar Arası	14	1214,859	4,489	59
Populasyonlar İçi	272	861,928	3,169	41
Toplam	286	2076,787	7,658	100

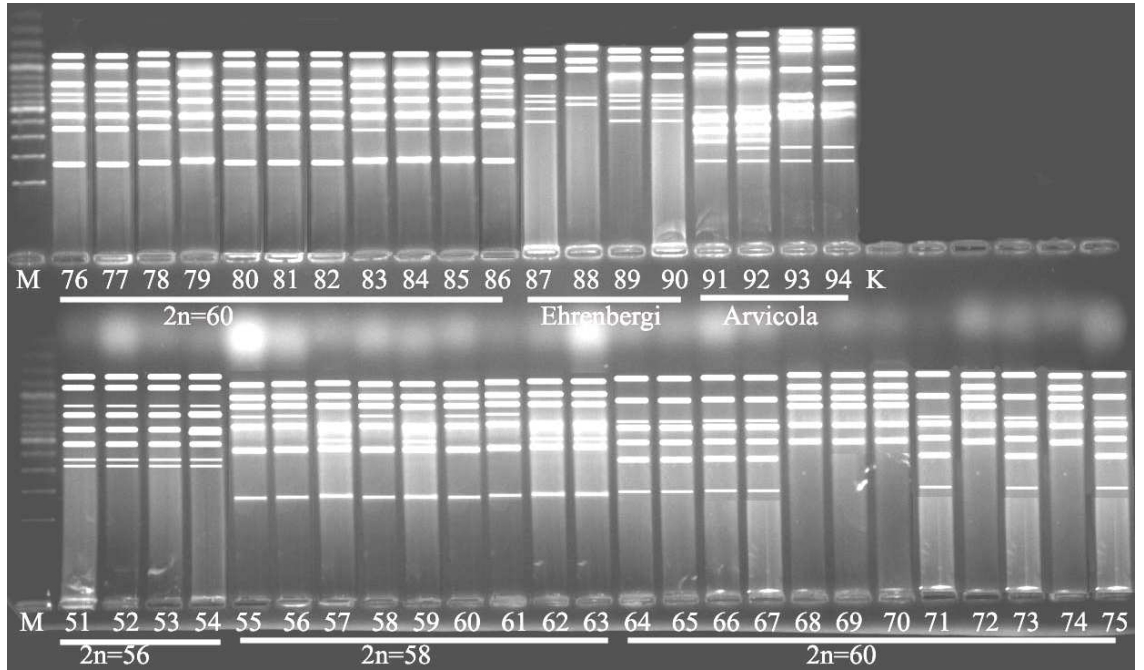
Şekil 4.60 Kodominant genotip permutasyon temelli mesafe matrisi kullanarak oluşturulan moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları. Serbestlik derecesi (df), Yüzde toplam varyasyon (%)

Çizelge 4. 17 İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren *S. leucodon*'a ait kromozom formlarda Nei (1978)'nin genetik benzerlik (I, üst diyagonal) ve genetik mesafe (D, alt diyagonal) matrisi

Populasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1, 2n=36	0,00	0,77	0,77	0,89	0,90	0,89	0,88	0,88	0,92	0,90	0,89	0,89	0,90	0,90	0,88	0,75
2, 2n=38	0,26	0,00	0,70	0,82	0,81	0,81	0,80	0,80	0,81	0,82	0,79	0,81	0,81	0,82	0,80	0,74
3, 2n=40	0,25	0,34	0,00	0,85	0,85	0,81	0,80	0,84	0,84	0,86	0,84	0,86	0,84	0,85	0,85	0,64
4, 2n=52 Güney	0,11	0,19	0,15	0,00	1,95	0,93	0,94	0,93	0,94	0,95	0,94	0,94	0,94	0,96	0,95	0,80
5, 2n=52 Kuzey	0,10	0,20	0,16	0,04	0,00	0,93	0,93	0,93	0,95	0,96	0,93	0,94	0,95	0,96	0,94	0,73
6, 2n=54	0,11	0,20	0,20	0,06	0,06	0,00	0,92	0,92	0,92	0,97	0,91	0,92	0,93	0,95	0,93	0,75
7, 2n=56 Güney	0,12	0,22	0,21	0,05	0,06	0,08	0,00	0,91	0,92	0,94	0,91	0,93	0,94	0,94	0,92	0,74
8, 2n=56 Batı	0,12	0,21	0,16	0,07	0,06	0,08	0,08	0,00	0,98	0,97	0,98	0,99	0,98	0,98	0,99	0,73
9, 2n=58	0,08	0,20	0,16	0,05	0,05	0,07	0,07	0,01	0,00	0,97	0,98	0,97	0,95	0,97	0,98	0,77
10, 2n=60 NF=74	0,09	0,19	0,14	0,04	0,04	0,02	0,06	0,02	0,02	0,00	0,97	0,97	0,96	0,98	0,97	0,73
11, 2n=60 NF=76	0,10	0,23	0,16	0,06	0,06	0,08	0,08	0,01	0,01	0,02	0,00	0,98	0,96	0,98	0,99	0,76
12, 2n=60 NF=78	0,10	0,20	0,15	0,06	0,05	0,07	0,06	0,00	0,02	0,02	0,01	0,00	0,99	0,98	0,99	0,73
13, 2n=60 NF=80	0,10	0,20	0,17	0,05	0,05	0,06	0,05	0,01	0,04	0,03	0,03	0,00	0,00	0,98	0,97	0,73
14, 2n=60 NF=82	0,09	0,19	0,15	0,03	0,03	0,04	0,05	0,01	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01	0,00	0,99	0,76
15, 2n=60 NF=84	0,11	0,21	0,16	0,05	0,05	0,07	0,07	0,00	0,01	0,02	0,00	0,00	0,02	0,00	0,00	0,74
16, <i>S. ehrenbergi</i>	0,28	0,29	0,43	0,22	0,31	0,27	0,29	0,30	0,24	0,30	0,27	0,30	0,31	0,26	0,28	0,00

4.5 RAPD Analiz Sonuçları

Diploit kromozom sayısının ($2n$), kromozom kol sayısı (NF) ve lokalitelere göre oluşturulan 17 populasyonun, 11 primer kullanılarak RAPD analizi yapıldı. Primerlerin 160 lokusu toplam 136 örnekte analiz edildi. PCR ile çoğaltılmış ürünlerin bant biçimleri agaroz jel elektroforezi ile koşturulduktan sonra yorumlandı. Jel üzerinde DNA fragmentlerinin varlığı ya da yokluğu (1 ya da 0) belirlenerek veri seti oluşturuldu. Değerlendirmenin yapıldığı bant biçimlerini gösteren jel fotoğrafları Şekil 4.61'de ve EK 3'de verildi. Belirlenen veriler çeşitli paket programları kullanılarak populasyon genetiği değerleri hesaplandı.



Şekil 4.61 $2n=56$, $2n=58$, $2n=60$ kromozomal formları ve *S. ehrenbergi*, *Arvicola terrestris*'te BC 461 primerine göre sağlanan bant görüntüsü

Populasyonlar için lokuslarda gözlenen ortalama allel sayısı, etkin allellerin ortalama sayısı, polimorfik lokus yüzdesi (% P), beklenen heterozigotluk (H_e), unbiased beklenen heterozigotluk (UH_e), Shannon indeksi (I) değerleri ile standart sapmaları hesaplandı (Çizelge 4.18). Gözlenen ortalama allel sayısı 1,1 ile 1,5 arasında değişmesine karşın, etkin allellerin ortalama sayısı 1 ile 1,35 arasında değişen daha düşük değerler gösterdi. Gözlenen ortalama allel sayısı, etkin allellerin ortalama sayısı ve polimorfik lokus yüzdesinin en yüksek değeri $2n=52$ (Bolu) populasyonunda

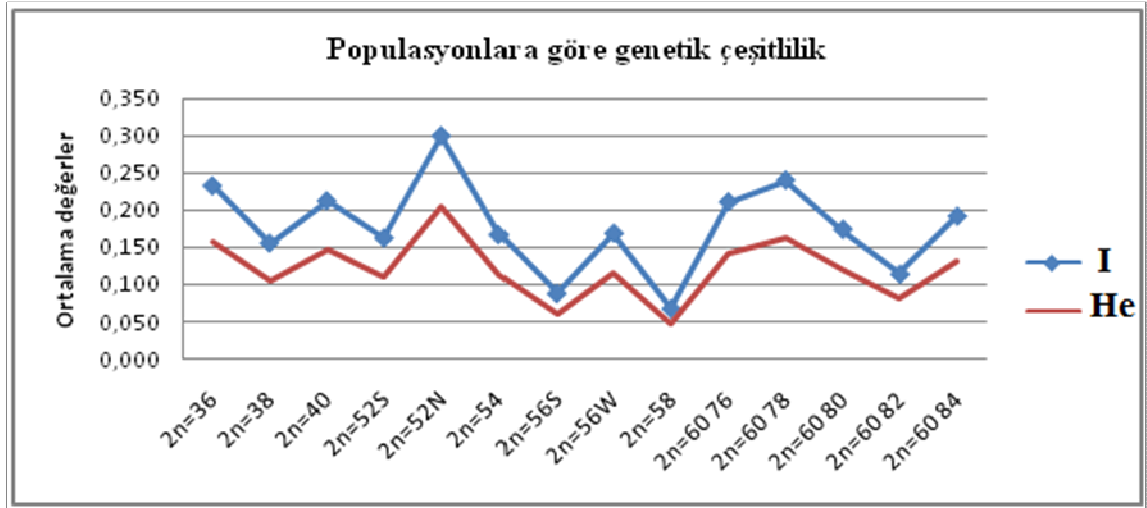
gözlendi. En düşük değerler ise $2n=58$ (Niğde) populasyonunda gözlendi. Diğer populasyonlarda her üç değer de birbirleriyle orantılı bir şekilde dağılıma sahip olduğu bulundu (Çizelge 4.18).

Çalışma gruplarından *S. ehrenbergi* ve *Arvicola terrestris* dış grup örneklerini çıkardığımızda, *S. leucodon* türüne ait kromozom formlarda ortalama heterozigotluk $0,121\pm 0,004$, ortalama unbiased heterozigotluğu $0,130\pm 0,004$ ve Shannon indeksi $0,178\pm 0,006$ değerlerini gösterdi. Beklenen heterozigotluğun en yüksek değeri ($0,204\pm 0,017$) $2n=52$ (Bolu) populasyonunda gözlenmesine karşın, $2n=60$ NF=78 (Ankara, Isparta), $2n=36$ (Aydın) ve $2n=40$ (Yeşilıdağ ve Yenişarbademli) kromozom formlarında da ortalamanın üzerinde değerler göstermektedir. Ortalamanın oldukça altında en düşük heterozigotluk değerleri, $2n=58$ (Niğde), $2n=56$ (Mersin) ve $2n=60$ NF 82 (Afyon) kromozom formlarında gözlendi. Benzer şekilde Shannon indeksi aynı populasyonlarda en yüksek $2n=52$ Bolu ($0,299\pm 0,024$) ve en düşük $2n=58$ Niğde ($0,068\pm 0,015$) kromozom formlarında gözlendi. Diğer tüm populasyonların ortalama heterozigotluğu ve Shannon indeksi aşağı yukarı yakın değerlerde bulundu (Çizelge 4.18 - Şekil 4.62).

POPGENE programında tüm *S. leucodon* bireylerinin, 160 lokus temelinde çoklu lokus analiziyle elde edilen beklenen heterozigotluk ve Shannon indeksi tüm populasyonların ortalama değerlerinden oldukça yüksek bulundu ($He=0,287\pm 0,017$, $I=0,436\pm 0,023$). *S. ehrenbergi* örneklerinde katıldığı 132 bireye göre yapılan çoklu lokus analizinde çok küçük farklılıkla benzer değerler elde edildi ($He=0,298\pm 0,016$, $I=0,451\pm 0,021$). Bu yüksek değer, tüm bireylerin tek bir populasyon olarak değerlendirildiğinden kaynaklandığı tahmin edildi. Tek tek populasyonların genetik çeşitliliği hesaplandığında bu değerlerin çok aşağısında sonuçlar elde edildi.

Çalışılan 11 primerden elde edilen 160 lokusun farkı bant sayıları, özel bant sayıları ve yaygın olan bant sayıları ile ortalama heterozigotluk değerinin populasyonlara göre dağılımı Çizelge 4.19 ve Şekil 4.63'de gösterildi. $2n=36$ (Aydın) ve $2n=52$ (Bolu) kromozomal formlarda farklı bant sayısı en yüksek değerler gösterdi (114 ve 113). Benzer olarak $2n=38$ (İzmir, Balıkesir, Manisa), $2n=40$ (Yeşilıdağ ve Yenişarbademli) ve $2n=54$ (Kırıkkale) gibi batıya yakın kenar kromozomal formlarda da farklı bant

sayısı oldukça yüksek bulundu. $2n=60$ gurubu ve güney doğu poulasyonlarında ise 63 ile 97 arasında değişen daha düşük değerli bant sayısı gözlendi. $2n=54$ (Kırıkkale) kromozomal formda, A02-(3) ve BC-461-(24) lokuslarında 2 özel bant, $2n=36$ (Aydın) kromozomal formda, B-11-(8) lokusunda 1 özel bant ve $2n=38$ (İzmir) kromozomal formda, BC-461-(23) lokusunda 1 özel bant tesbit edildi. Diğer kromozomal formlarda özel bant bulunmadı. % 25 ve 50 oranından büyük ve eşit sayıda yaygın bantların sayısı en yüksek $2n=52$ (Bolu), $2n=54$ (Kırıkkale) ve $2n=36$ (Aydın) kromozomal formlarda gözlenmesine rağmen, $2n=38$ (İzmir, Manisa, Balıkesir) ve $2n=40$ (Yeşildağ, Yenişarbademli) kromozomal formlarında da oldukça yüksek bulundu. Diğer populasyonlarda ise daha düşük değerler gösterdiği belirlendi.



Şekil 4.62 Populasyonlarda görülen genetik çeşitlilik I: Shannon indeksi, He: Heterozigotluk

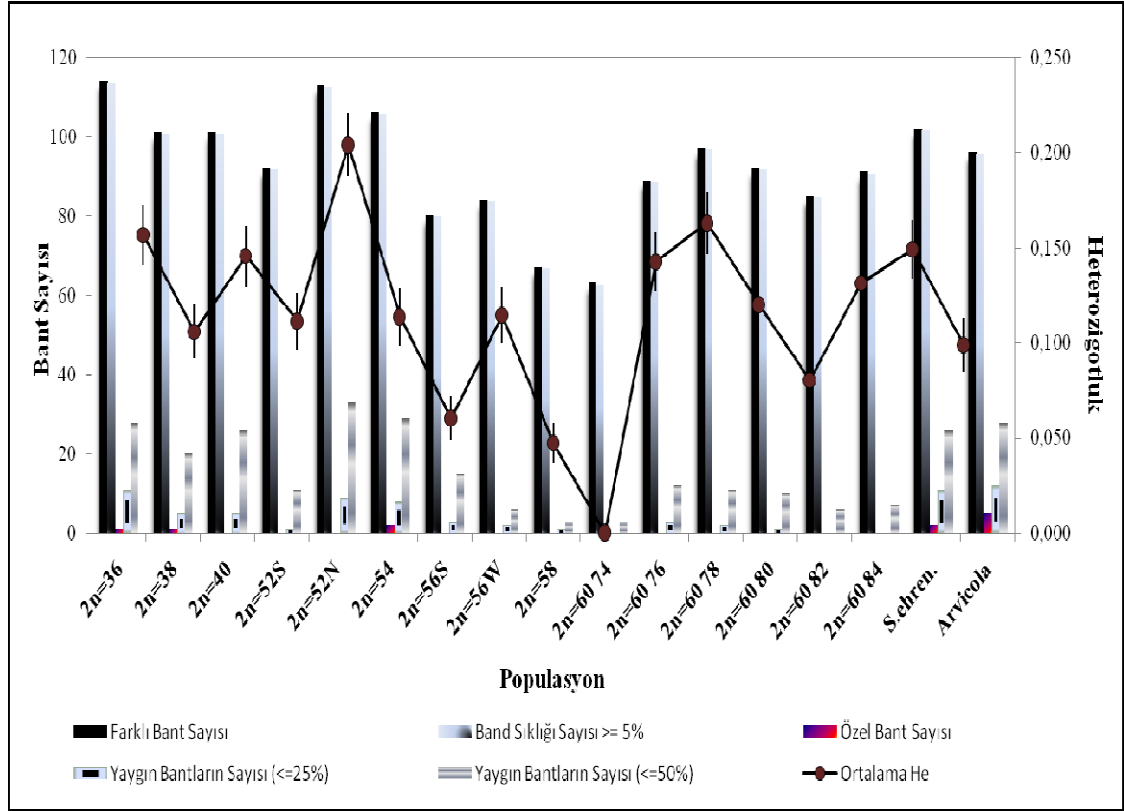
Çizelge 4.18 Populasyonlar için lokuslarda gözlenen ortalama allel sayısı (Na), efektif allellerin ortalama sayısı (Ne), polimorfik lokus sayısı (Pn), polimorfik lokus yüzdesi (% P), beklenen heterozigotluk (He), unbiased beklenen heterozigotluk (UHe), Shannon indeksi (I) değerleri ile standart sapmalar (SS)

Populasyon	N	Na	Ne	P n	% P	He	UHe	I
2n=36	9	1,437	1,276	70	43,75	0,157	0,166	0,232
	SS	0,049	0,030			0,016	0,017	0,023
2n=38	9	1,281	1,187	45	28,13	0,106	0,112	0,156
	SS	0,045	0,027			0,014	0,015	0,021
2n=40	9	1,368	1,262	59	36,88	0,146	0,154	0,212
	SS	0,048	0,030			0,016	0,017	0,023
2n=52 Güney	5	1,287	1,202	46	28,75	0,111	0,124	0,163
	SS	0,045	0,029			0,015	0,017	0,021
2n=52 Kuzey	10	1,512	1,353	82	51,25	0,204	0,215	0,299
	SS	0,051	0,030			0,017	0,017	0,024
2n=54	9	1,300	1,202	48	30,00	0,114	0,120	0,167
	SS	0,045	0,028			0,015	0,016	0,021
2n=56 Güney	4	1,156	1,108	25	15,63	0,060	0,069	0,089
	SS	0,036	0,022			0,012	0,013	0,017
2n=56 Batı	5	1,312	1,206	50	31,25	0,114	0,127	0,169
	SS	0,046	0,029			0,015	0,017	0,021
2n=58	9	1,112	1,086	18	11,25	0,047	0,050	0,068
	SS	0,031	0,020			0,011	0,011	0,015
2n=60 NF=74	1	-	-	-	-	-	-	-
2n=60 NF=76	16	1,400	1,250	64	40,00	0,143	0,147	0,211
	SS	0,049	0,029			0,016	0,016	0,022
2n=60 NF=78	13	1,425	1,283	68	42,50	0,163	0,169	0,240
	SS	0,049	0,029			0,016	0,017	0,023
2n=60 NF=80	8	1,300	1,218	48	30,00	0,120	0,128	0,174
	SS	0,045	0,029			0,016	0,017	0,022
2n=60 NF=82	4	1,181	1,150	29	18,13	0,080	0,092	0,114
	SS	0,038	0,026			0,014	0,016	0,020
2n=60 NF=84	9	1,331	1,233	53	33,13	0,131	0,139	0,192
	SS	0,047	0,029			0,016	0,017	0,022
<i>S. ehrenbergi</i>	12	1,431	1,257	69	43,13	0,149	0,156	0,223
	SS	0,048	0,029			0,015	0,016	0,022
TOPLAM	132	1,95	1,503	158	98,75	0,298	0,307	0,451
	SS	0,021	0,033			0,016	0,014	0,021

Çizelge 4.19 RAPD analizinde 160 lokusa ait gözlenen band sayılarının popülasyonlara göre dağılımı

Populasyon	2n=36	2n=38	2n=40	2n=52 Güney	2n=52 Kuzey	2n=54	2n=56 Güney	2n=56 Batı	2n=58
Farklı Bant Sayısı	114	101	101	92	113	106	80	84	67
Özel Bant Sayısı	1	1	0	0	0	2	0	0	0
Yaygın Bantların sayısı (<=%25)	11	5	5	1	9	8	3	2	1
Yaygın Bantların sayısı (<=%50)	28	20	26	11	33	29	15	6	3
Ortalama He	0,157	0,106	0,146	0,111	0,204	0,114	0,060	0,114	0,047
Standart Hata	0,016	0,014	0,016	0,015	0,017	0,015	0,012	0,015	0,011

Populasyon	2n=60 NF=74	2n=60 NF=76	2n=60 NF=78	2n=60 NF=80	2n=60 NF=82	2n=60 NF=84	<i>S. ehrenbergi</i>
Farklı Bant Sayısı	63	89	97	92	85	91	102
Özel Bant Sayısı	0	0	0	0	0	0	2
Yaygın Bantların sayısı (<=%25)	0	3	2	1	0	0	11
Yaygın Bantların sayısı (<=%50)	3	12	11	10	6	7	26
Ortalama He	0,000	0,143	0,163	0,120	0,080	0,131	0,149
Standart Hata	0,000	0,016	0,016	0,016	0,014	0,016	0,015



Şekil 4.63 Band sayıları ve ortalama heterozigotluk değerinin populasyonlara göre değişimi

RAPD verileri temel alınarak, Nei'nin H_S (Populasyonlar içerisinde beklenen ortalama heterozigotluk), H_T (Total beklenen heterozigotluk) ve G_{ST} (Genetik farklılaşma indisi) değerleri hesaplandı. Sadece *S. leucodon*'a ait örneklerin bulunduğu 15 kromozom formun $H_T=0,286\pm0,002$, $H_S=0,121\pm0,0007$, $G_{ST}=0,576$ olarak hesaplanmıştır. *S. ehrenbergi*'ye ait örneklerin de dahil olduğu 16 kromozom formun genetik çeşitlilik indisleri ($H_T=0,291\pm0,002$, $H_S=0,115\pm0,0006$, $G_{ST}=0,604$) çok az farklılık gösterdi. G_{ST} değeriyle hesaplanan gen akışı (Nm) değeri 15 populasyonda ortalama $Nm=0,367$ 'dir ve 16 populasyonda ortalama $Nm=0,327$ olarak bulundu.

Her bir populasyon arasında, karşılıklı çiftler halinde hesaplanan G_{ST} ve Nm değerleri Çizelge 4.20'de verildi. En yüksek G_{ST} değeri ($G_{ST}=0,827$) $2n=60$ NF=74 (Manisa) ile $2n=56$ (Mersin) kromozomal formlar arasında, en düşük G_{ST} değeri ($G_{ST}=0,121$) $2n=60$ NF=76 (Beyşehir) ile $2n=60$ NF=78 (Ankara ve Isparta) kromozomal formlar arasında gözlemlendi. En yüksek gen akışı ($Nm=3,602$) $2n=60$ NF=76 (Beyşehir, Kütahya, Eskişehir) ile $2n=60$ NF=78 (Ankara, Isparta) kromozomal formları arasında, en düşük

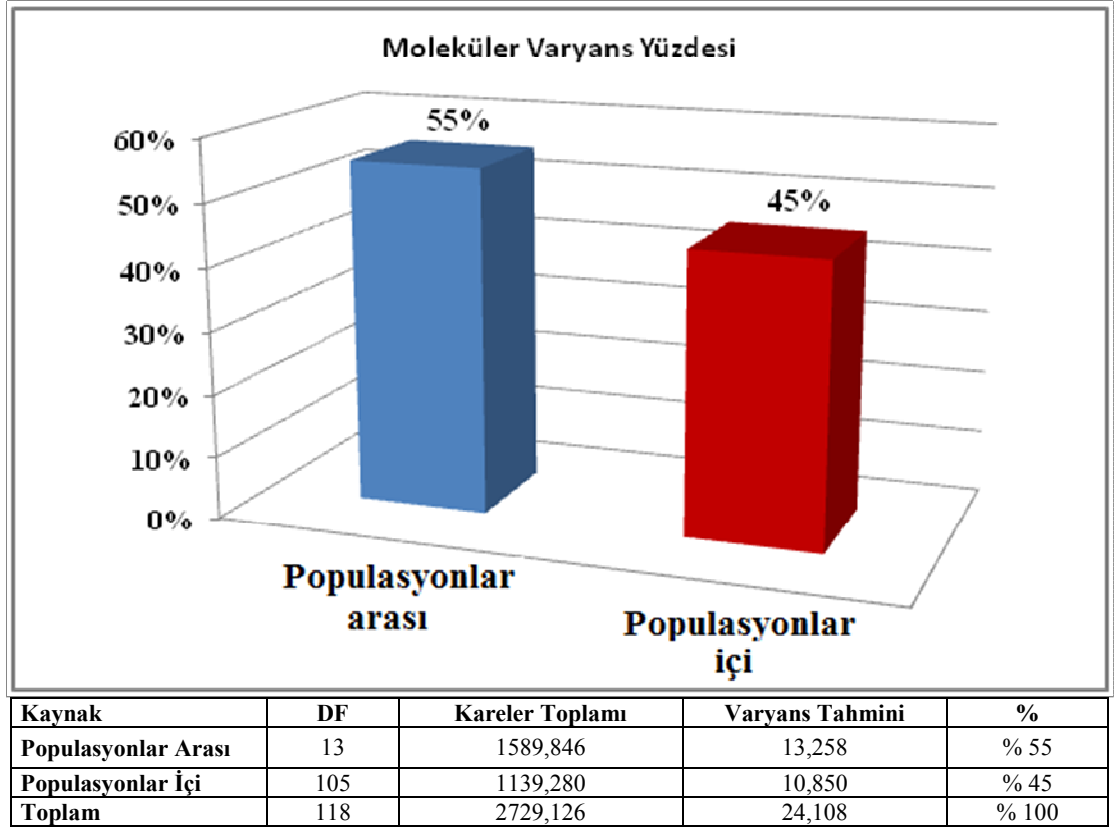
gen akışı (Nm=0,104) 2n=60 NF=74 (Manisa) ile 2n=56 (Mersin) kromozomal formlar arasında gözlemlendi.

Çizelge 4.20 RAPD verisine dayanarak hesaplanan kromozomal formlar arasındaki genetik farklılık (Gst, alt diyagonal) ve gen akışı (Nm, üst diyagonal) değerleri

Populasyon	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1. 2n=36	***	0,91	0,79	0,76	1,21	0,71	0,5	0,86	0,43	0,27	0,81	0,81	0,64	0,46	0,66	0,64
2. 2n=38	0,35	***	0,85	0,55	0,90	0,67	0,39	0,58	0,30	0,17	0,56	0,62	0,48	0,36	0,49	0,46
3. 2n=40	0,38	0,36	***	0,62	1,17	1,00	0,47	0,61	0,36	0,22	0,67	0,70	0,53	0,40	0,56	0,61
4. 2n=52 Güney	0,39	0,47	0,44	***	0,85	0,50	0,37	1,05	0,60	0,32	1,15	1,37	0,81	0,61	0,88	0,57
5. 2n=52 Kuzey	0,29	0,35	0,29	0,37	***	0,92	0,76	0,97	0,60	0,37	0,98	1,02	0,80	0,62	0,84	0,97
6. 2n=54	0,41	0,42	0,33	0,49	0,35	***	0,41	0,54	0,26	0,18	0,52	0,51	0,42	0,33	0,45	0,49
7. 2n=56 Güney	0,49	0,55	0,51	0,57	0,39	0,54	***	0,52	0,20	0,10	0,49	0,54	0,40	0,29	0,45	0,36
8. 2n=56 Batı	0,36	0,46	0,44	0,32	0,3	0,47	0,48	***	0,95	0,40	1,98	1,83	0,82	0,61	1,03	0,62
9. 2n=58	0,53	0,62	0,57	0,45	0,45	0,65	0,71	0,34	***	0,17	1,17	1,14	0,55	0,38	0,65	0,38
10. 2n=60 NF=74	0,64	0,73	0,68	0,60	0,57	0,73	0,82	0,55	0,74	***	0,98	0,63	0,33	0,22	0,39	0,29
11. 2n=60 NF=76	0,38	0,47	0,42	0,30	0,33	0,48	0,50	0,20	0,29	0,33	***	3,60	1,21	0,92	1,48	0,84
12. 2n=60 NF=78	0,38	0,44	0,41	0,26	0,32	0,49	0,47	0,21	0,30	0,43	0,12	***	2,16	1,50	2,76	0,89
13. 2n=60 NF=80	0,43	0,50	0,48	0,37	0,38	0,53	0,55	0,37	0,47	0,60	0,29	0,18	***	2,23	3,46	0,63
14. 2n=60 NF=82	0,51	0,57	0,55	0,44	0,44	0,59	0,62	0,44	0,56	0,69	0,35	0,24	0,18	***	1,89	0,46
15. 2n=60 NF=84	0,4	0,50	0,47	0,36	0,37	0,52	0,52	0,32	0,43	0,55	0,25	0,15	0,12	0,20	***	0,66
16. <i>S. ehrenbergi</i>	0,43	0,52	0,44	0,46	0,33	0,50	0,57	0,44	0,56	0,63	0,37	0,35	0,44	0,51	0,43	***

4.5.1 RAPD verilerinde AMOVA (Moleküler Varyans Analizi)

S. leucodon örneklerini içeren 14 kromozomal formun (2n=60 NF=74 örnek sayısı yeterli olmadığından bu analizden çıkartıldı) moleküler varyans analizi Genalex 6.0 (Peakall and Smouse, 2006) paket programı ile hesaplandı. Populasyonlar arası varyans yüzdesi (% 55) populasyonlar içi varyans yüzdesinden (% 45) daha büyük bulundu ($P < 0,001$). AMOVA analiz sonucu ve grafik üzerinde gösterimi Şekil 4.64’de verildi.



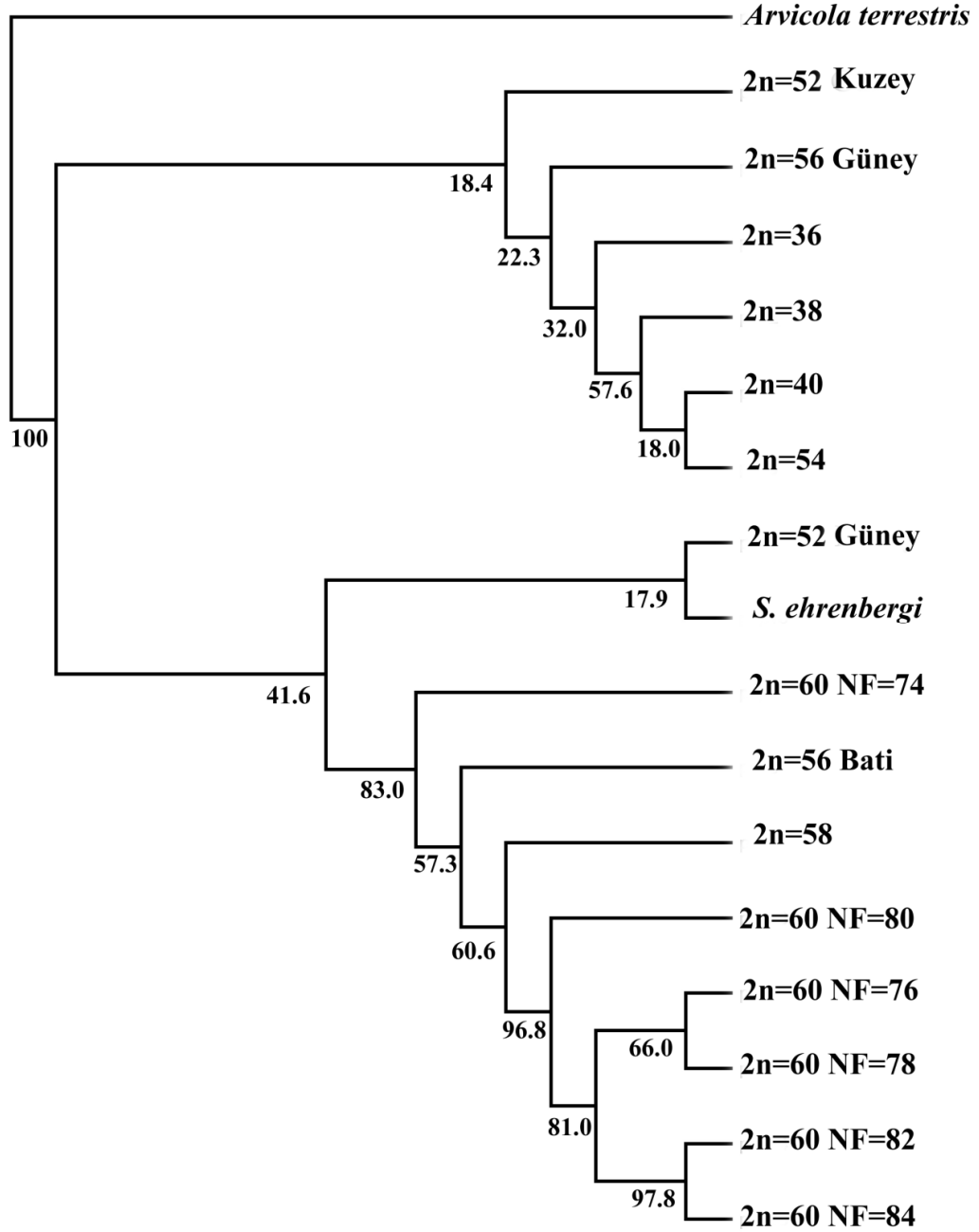
Şekil 4.64 Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları. Serbestlik derecesi (DF), Kareler toplamı, Varyans tahmini, Yüzde toplam varyasyon (%)

4.5.2 RAPD verilerinde genetik mesafe analizi

Populasyonlar arası Nei (1978)'nin tarafsız (unbiased) genetik mesafe ve genetik benzerlik değerleri POPGENE paket programı kullanılarak hesaplandı (Çizelge 4.21). *Arvicola terrestris* örnekleri dış grup olarak kullanıldı. *S. leucodon* populasyonları içerisinde en yüksek genetik mesafe ve en düşük genetik benzerlik değeri $2n=54$ (Kırıkkale) ile $2n=58$ (Niğde) kromozomal formlar arasında, en düşük genetik mesafe ve en yüksek genetik benzerlik değeri $2n=60$ NF=80 (Ankara) ile $2n=60$ NF=84 (Afyon) kromozomal formlar arasında gözlemlendi.

Nei (1978) tarafsız genetik mesafe değerleriyle TFPGA paket programı kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.65'de gösterildi. Yine aynı mesafe matrisine göre N. J. ağacı MEGA paket programında, Freetree programında Span (Köksüz) ağacı oluşturuldu (Şekil 4.66-4.67). Üç ağaçta da benzer kümelenmeler gözlemlendi. Temelde iki ana dal $D \geq 0,3$ üzerinde bir genetik mesafe değeriyle ayrıldı. Birinci ana dal yaklaşık

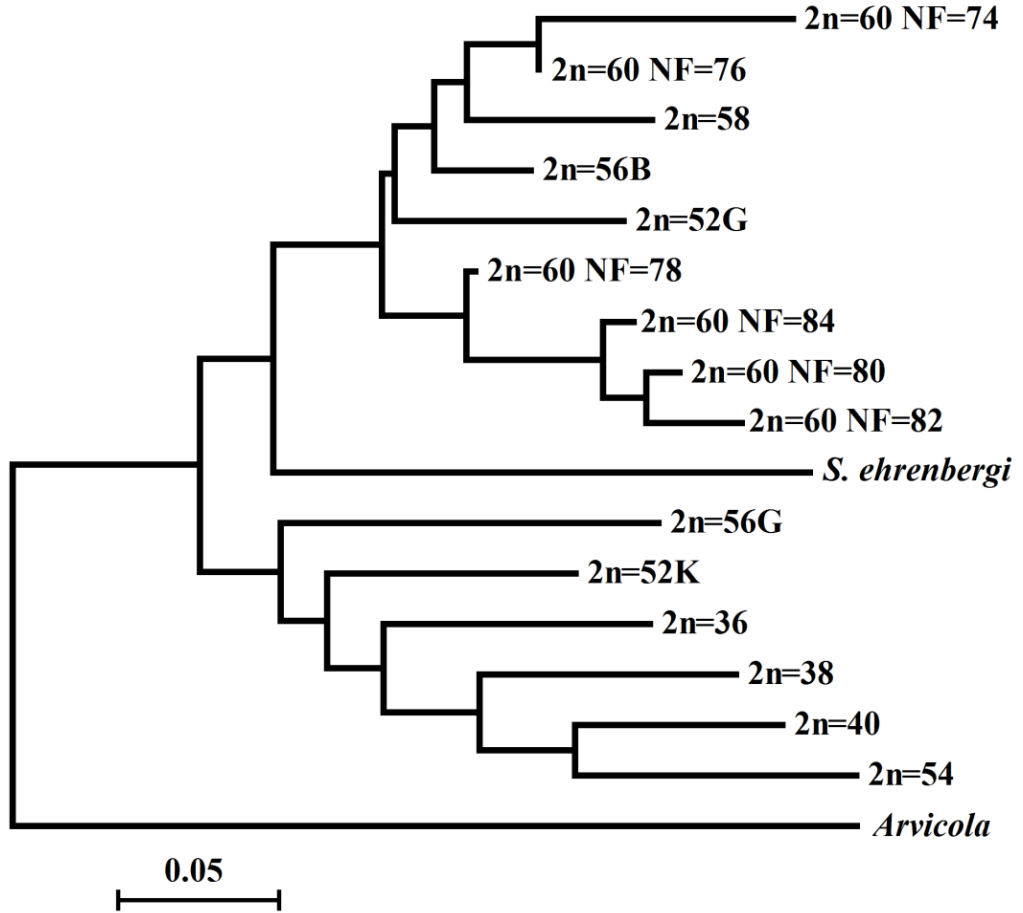
D=0,3 genetik mesafe değeriyle iki alt dala ayrıldı. İlk alt dal *S. ehrenbergi* ve 2n=52 (Mersin), diğer alt dallarda ise 2n=60 gurubu, 2n=56 (Manisa ve Uşak), 2n=58 (Niğde) kümelendi. İkinci ana dalda 2n=36 (Aydın) ve 2n=38 (İzmir, Manisa, Balıkesir) birinci alt dala, 2n=40 (Yeşildağ ve Yenişarbademli) ve 2n=54 (Kırıkkale) ikinci alt dalda, 2n=52 (Bolu) populasyonu üçüncü alt dalda ve daha uzak bir mesafeyle 2n=56 (Mersin) kromozomal formundan farklı bir alt dala ayrıldı.



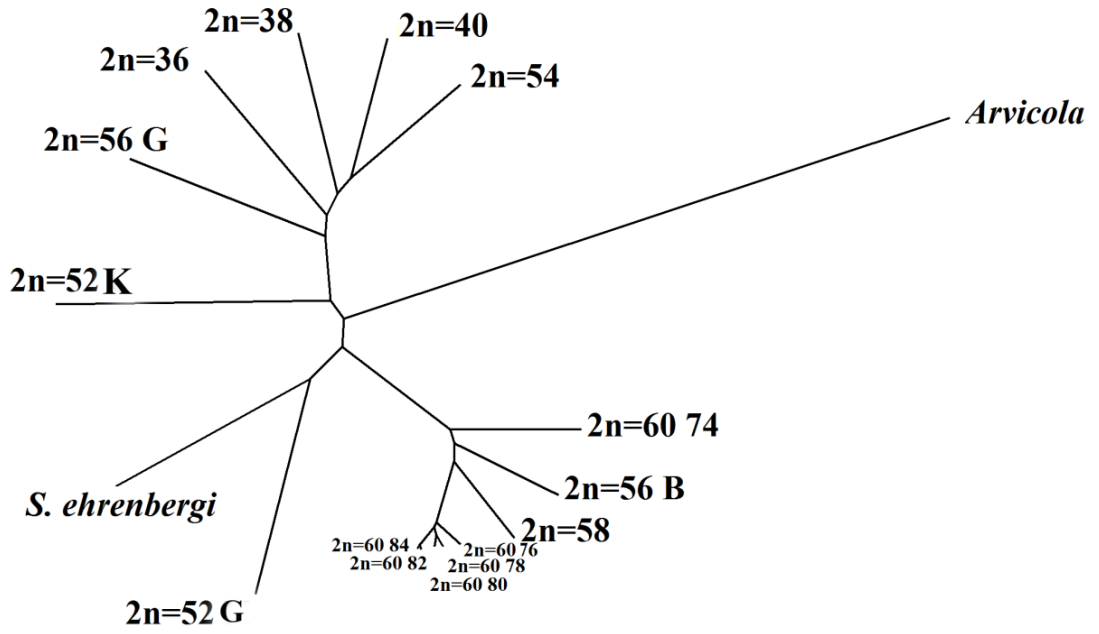
Şekil 4.65 Nei (1978) tarafsız genetik mesafe değerlerine göre oluşturulan UPGMA ağacı

Çizelge 4.21 Kromozomal formlar arasındaki Nei (1978) genetik mesafe (alt diyagonal) ve benzerlik değerleri (üst diyagonal)

Populasyon	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
1. 2n=36	***	0,84	0,78	0,80	0,83	0,78	0,77	0,83	0,74	0,69	0,79	0,77	0,75	0,72	0,75	0,72	0,62
2. 2n=38	0,17	***	0,83	0,78	0,80	0,82	0,77	0,79	0,72	0,68	0,75	0,75	0,74	0,73	0,73	0,68	0,58
3. 2n=40	0,24	0,17	***	0,77	0,82	0,85	0,76	0,76	0,71	0,66	0,75	0,74	0,71	0,69	0,72	0,72	0,59
4. 2n=52 Güney	0,21	0,23	0,25	***	0,79	0,75	0,75	0,89	0,86	0,82	0,88	0,89	0,85	0,83	0,85	0,74	0,64
5. 2n=52 Kuzey	0,18	0,21	0,18	0,23	***	0,80	0,81	0,81	0,77	0,70	0,79	0,78	0,77	0,74	0,77	0,78	0,64
6. 2n=54	0,23	0,19	0,15	0,28	0,21	***	0,77	0,77	0,67	0,67	0,72	0,69	0,69	0,68	0,70	0,70	0,57
7. 2n=56 Güney	0,25	0,25	0,26	0,27	0,20	0,25	***	0,82	0,72	0,70	0,78	0,77	0,76	0,75	0,77	0,68	0,63
8. 2n=56 Batı	0,18	0,22	0,26	0,11	0,20	0,25	0,18	***	0,91	0,85	0,93	0,92	0,84	0,83	0,87	0,76	0,67
9. 2n=58	0,29	0,31	0,34	0,14	0,26	0,39	0,32	0,08	***	0,86	0,91	0,90	0,84	0,82	0,85	0,72	0,63
10. 2n=60 NF=74	0,36	0,37	0,41	0,19	0,35	0,39	0,35	0,15	0,14	***	0,92	0,86	0,81	0,81	0,82	0,72	0,57
11. 2n=60 NF=76	0,23	0,28	0,27	0,12	0,22	0,32	0,24	0,06	0,08	0,07	***	0,95	0,88	0,87	0,89	0,80	0,64
12. 2n=60 NF=78	0,25	0,28	0,29	0,11	0,23	0,36	0,25	0,08	0,10	0,14	0,04	***	0,93	0,91	0,94	0,80	0,66
13. 2n=60 NF=80	0,27	0,29	0,32	0,16	0,26	0,36	0,27	0,16	0,17	0,20	0,12	0,07	***	0,96	0,96	0,76	0,62
14. 2n=60 NF=82	0,32	0,31	0,36	0,17	0,29	0,37	0,28	0,17	0,18	0,20	0,13	0,08	0,04	***	0,94	0,73	0,60
15. 2n=60 NF=84	0,28	0,31	0,32	0,15	0,25	0,35	0,25	0,13	0,15	0,18	0,10	0,05	0,03	0,05	***	0,76	0,64
16. <i>S. ehrenbergi</i>	0,32	0,37	0,32	0,29	0,23	0,35	0,37	0,26	0,32	0,31	0,21	0,22	0,27	0,31	0,27	***	0,60
17. <i>Arvicola</i>	0,46	0,54	0,51	0,43	0,43	0,54	0,45	0,38	0,46	0,56	0,43	0,41	0,46	0,51	0,44	0,51	***



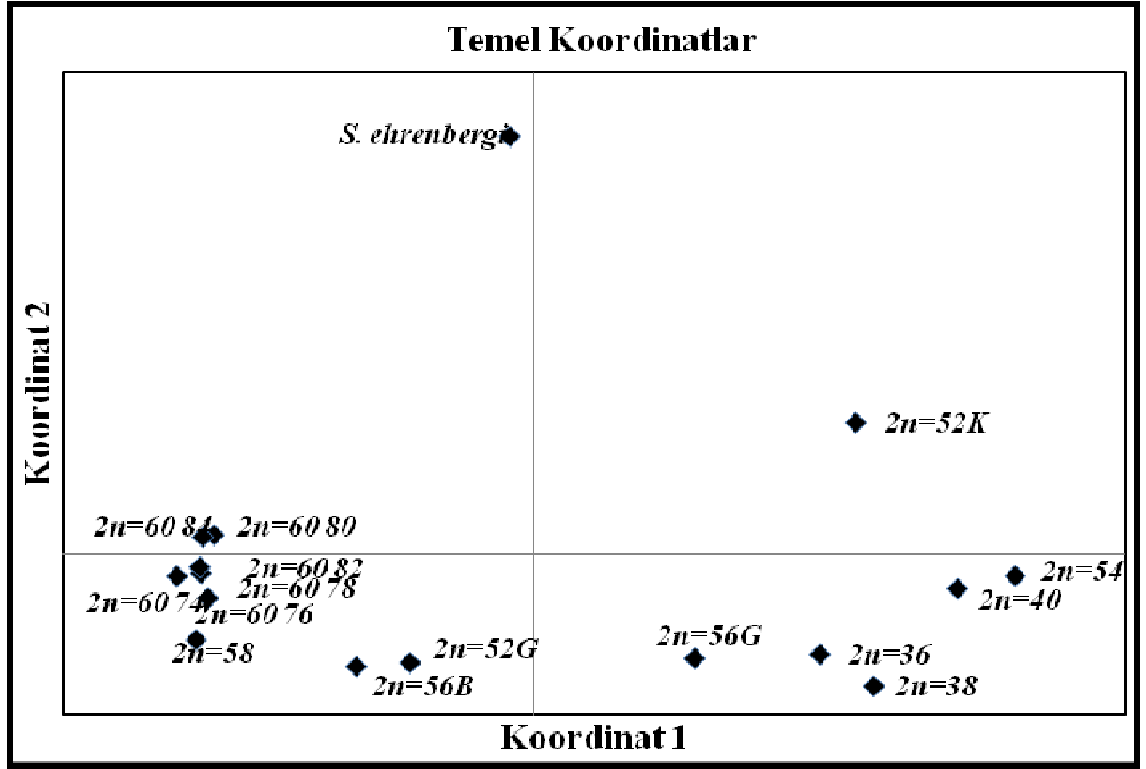
Şekil 4.66 Nei (1978) tarafsız genetik mesafe değerlerine göre oluşturulan N.J ağacı



Şekil 4.67 Nei (1978) tarafsız genetik mesafe değerlerine göre oluşturulan köksüz ağaç

4.5.3 Temel Koordinat Analizi (PCoA: Principal Coordinate Analysis)

11 RAPD primeri, 160 lokus ve 16 popülasyona ait veriler GenAEx 6.2 (Peakall and Smouse 2006) programı kullanılarak temel koordinat analizi yapıldı. İlk üç aksis toplam genetik varyasyonun % 76'sını açıkladı. En yüksek varyasyon değerleri ile eigen değerleri I. aksiste açıklandı (Çizelge 4.22). Temel koordinat analizinde koordinat 1 ve 2'de üç guruba ayrıldı. 1. grup $2n=60$ diploit kromozoma sahip formlar, $2n=58$ (Niğde), $2n=52$ (Mersin) ve $2n=52$ (Bolu) kromozomal formları, ikinci grup $2n=36$ (Aydın), $2n=38$ (İzmir, Balıkesir, Manisa), $2n=40$ (Yeşildağ, Yenişarbademli), $2n=54$ (Kırıkkale) kromozomal formları ve $2n=56$ güney popülasyonlarıdır. $2n=52$ (Bolu) kromozomal formu bu guruba yakın olduğu belirlendi, ancak ikinci aksisteki pozitif yüksek eigen vektörleriyle diğerlerinden dolayı daha uzak bulundu (Çizelge 4.23). Üçüncü grup *S. ehrenbergi* olup pozitif eigen vektör değerleriyle tamamen farklı bir düzlemde olduğu gözlemlendi. Temel koordinat analiz sonuçları Nei genetik mesafeye oluşturulan UPGMA ve N.J ağaçlarıyla benzerlik gösterdi (Şekil 4.68).



Şekil 4.68 RAPD verilerinin 16 kromozomal formda Temel Koordinat Analiz sonuçlarının grafik üzerinde gösterimi

Çizelge 4.22 İlk üç aksis tarafından açıklanan varyasyon yüzdeleri

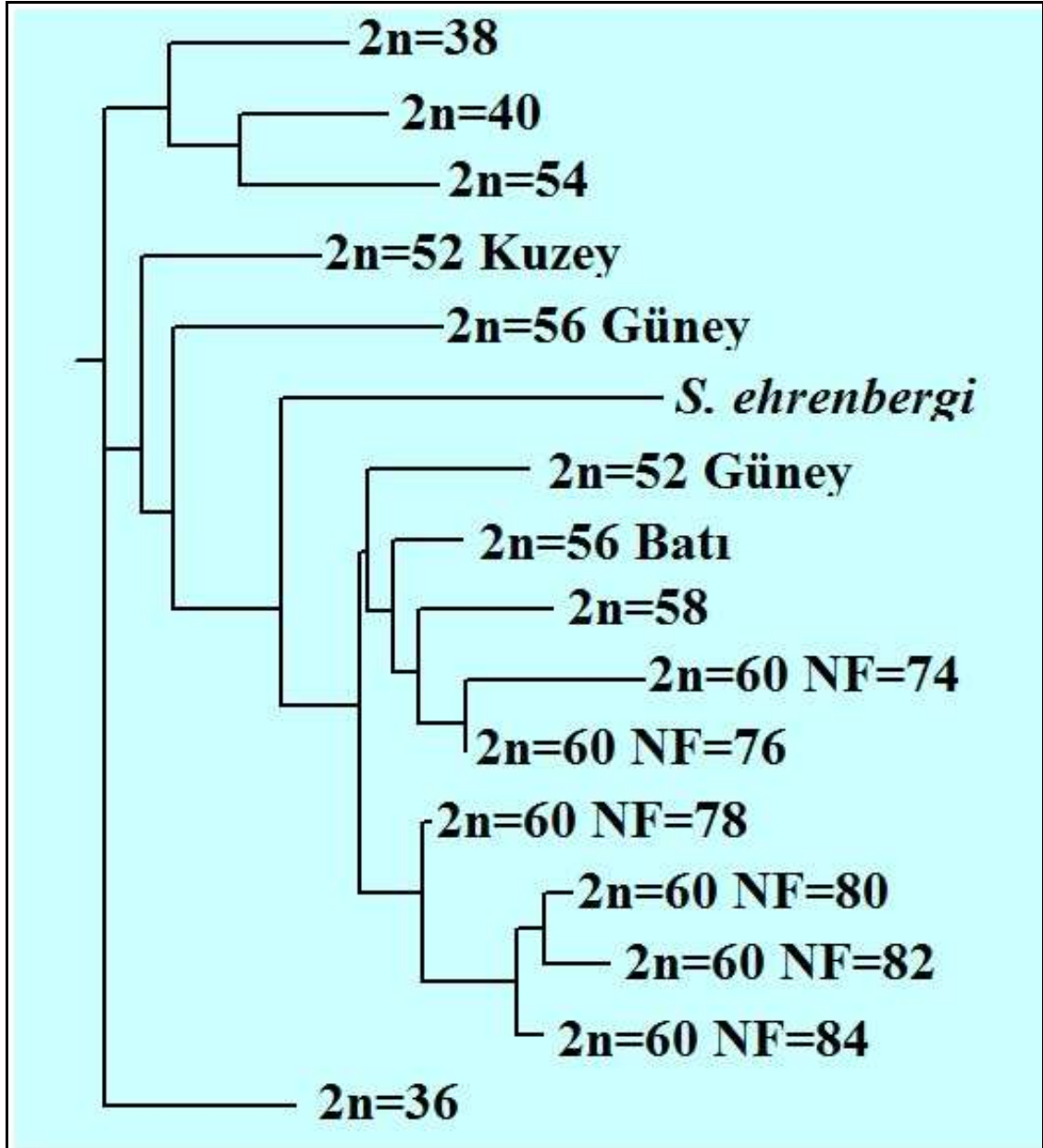
	Aksis	EigenDeğeri	%	Kümülatif %
11 RAPD primer 160 lokus	1	450,008	47,45	47,45
	2	164,636	17,36	64,82
	3	103,410	10,90	75,72

Çizelge 4.23 Aksis ve Örnek Vektörlerinden elde edilen Eigen değerleri

Eigen Değerleri	Aksis 1	Aksis 2	Aksis 3	Aksis 4	Aksis 5	Aksis 6
2n=36	4,849	-2,473	-1,263	-0,872	-6,230	2,264
2n=38	5,759	-3,266	1,981	-1,893	-1,721	-0,298
2n=40	7,179	-0,844	1,511	-2,680	3,385	-2,337
2n=52 Güney	-2,098	-2,682	0,235	-3,718	0,808	0,504
2n=52 Kuzey	5,454	3,279	1,137	1,764	-1,270	-4,834
2n=54	8,157	-0,526	-0,711	0,102	3,899	3,892
2n=56 Güney	2,727	-2,574	-1,488	7,188	0,754	0,017
2n=56 Batı	-3,007	-2,774	-3,414	0,555	-0,481	0,061
2n=58	-5,723	-2,113	-1,913	-0,845	0,020	-3,668
2n=60 NF=74	-6,046	-0,535	-3,490	-0,449	1,345	0,346
2n=60 NF=76	-5,521	-1,080	-3,165	-0,761	0,734	-0,030
2n=60 NF=78	-5,639	-0,461	1,143	-0,282	-0,306	-0,559
2n=60 NF=80	-5,420	0,489	4,267	0,684	-0,923	1,028
2n=60 NF=82	-5,659	-0,309	4,173	0,883	0,276	1,082
2n=60 NF=84	-5,610	0,435	3,476	1,219	0,719	1,187
<i>S. ehrenbergi</i>	-0,407	10,390	-2,239	-0,946	-0,726	1,307
TOPLAM	450,008	164,636	103,410	85,647	75,918	68,682

4.5.4 Konsensus (Ortak) Ağaç

RAPD ve Allozim analizleri sonucu Nei (1978)'e göre oluşturulan genetik mesafe matrisleri kullanılarak PHYLIP 3.68 (Felsenstein 2008) istatistik paket programı kullanılarak N. J. yöntemine göre oluşturulan konsensus (ortak) ağaç Şekil 4.69'de verilmektedir. Ağaçta bütün kromozomal formlar üç grup altında kümelendi. Birinci grup 2n=36 (Aydın) kromozom formunu, ikinci grup 2n=38 (İzmir, Balıkesir, Manisa), 2n=40 (Yeşiladağ, Yenişarbademli) ve 2n=54 (Kırıkkale) kromozom formlarını içermektedir. Üçüncü grupta 2n=60 kromozomal formuna ait populasyonlar ve bu kromozomal formun yayılışının sınır bölgelerinde izole küçük populasyonlardan oluşan 2n=52, 2n=56, 2n=58 kromozomal formları bulunmaktadır. *S. ehrenbergi* türü coğrafik olarak kendine komşu kromozomal formlar (2n=52 Güney ve 56 Güney) ile aynı grup içinde kümelenecek İç Anadolu'da yayılış gösteren kromozomal formlara daha yakın bulunmuştur.



Şekil 4.69 RAPD ve Allozim analizleri sonucu hesaplanan Nei (1978) genetik mesafe matrisleri kullanılarak oluşturulan N. J. konsensus (ortak) ağacı

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

5.1 Karyotip

Bu çalışma ile mevcut olan bu kromozomal formlar için Ege ve İç Anadolu bölgelerinde yeni yayılış kayıtları verildi ve kromozomal formların yayılış alanları genişletildi.

$2n=36$ kromozomal formu ilk olarak Sözen *et al.* (1999) tarafından tek örneğe dayanarak İzmir-Bayındır'dan tanımlandı. Bu çalışmada Aydın-Ortaklar ve Aydın-Koçarlı lokalitelerinden yeni yayılış kayıtları verildi. Bu kromozomal form için belirlenen karyolojik bulgular, Bayındır popülasyonu için verilen değerlerle uygunluk gösterdi.

$2n=38$ kromozomal formu bu çalışmada İzmir (Foça), Balıkesir (Kepsut, Çömlekçi), Manisa (Akhisar) lokalitelerinden kaydedildi. Daha önceki çalışmalarda Giagia *et al.* (1982) İzmir (Selçuk)'den, Nevo *et al.* (1995) Balıkesir ve İzmir'den ve Tez *et al.* 2002 İzmir (Dikili)'den bu kromozomal formu kaydetmişlerdir. Bu karyotip daha önce yapılan çalışmalarda verilen değerlerle uygunluk gösterdi. Bu çalışma ile bu kromozomal formun yayılış sınırlarının, iç kesimlerde Manisa iline ve kuzeyde Marmara denizinin kıyılarına kadar ulaştığı belirlendi. $2n=38$ kromozomal formu Ege bölgesinin sahil kesiminde baskın bir kromozomal formdur. Bu formun yayılışı daha çok Ege bölgesinin orta ve kuzey kesiminde yoğunlaşmıştır. Bu form güneyde yerini $2n=36$ kromozomal formuna bırakmıştır. $2n=36$ ve $2n=38$ kromozomal formları güneyde Bozdağ, Aydın Dağları ve Menderes Irmağı ile birbirlerinden ayrılmış ve $2n=36$ kromozomal formu sadece Aydın ili ve çevresinde birbirinden kopuk küçük izole popülasyonlar halindedir.

$2n=40$ kromozomal formu bu çalışmada Isparta-Yenişarbademli ve Konya-Yeşildağ lokalitelerinden kaydedildi. Bu form daha önce Nevo *et al.* (1995) tarafından Beyşehir'den ve Kankılıç *et al.* (2007b) tarafından Yeşildağ lokalitelerinden kaydedilmiştir. Bu çalışmada elde edilen karyotip, kromozom morfolojisi bakımından daha önceki çalışmalarla benzerlik göstermektedir. Bu çalışmayla bu formun sadece Yeşildağ'da değil, Beyşehir gölünün güneybatısında yayılış gösteren $2n=60$ NF=76 kromozomal formu ile batıda Dedegöl dağlarının batı yamaçlarında yayılış gösteren

2n=56 kromozom formu arasında, batıya doğru Beyşehir gölüne komşu tarım alanlarında ve güneye doğru uzanan meralarda sıkışmış küçük izole popülasyonlardan oluşmaktadır.

2n=52 kromozomal formu Anadolu'nun kuzeyinde (Bolu) ve güneyinde (Mersin) birbirlerinden oldukça uzak lokalitelerde yayılış göstermektedir. Mersin popülasyonlarına ait karyotipler Sözen and Kıvanç (1998b), Sözen *et al.* (2000a) tarafından Mersin-Sebil'den tanımlanmıştır. Mersin popülasyonlarına ait karyotip, bu çalışmada Bolu popülasyonları için verilen karyotipten fazladan bir çift telosentrik kromozomun bulunması bakımından farklılık göstermektedir. Bu farklılığın haricinde kromozom morfolojisi bakımından Bolu popülasyonlarına ait karyotip, Mersin popülasyonuna ait karyotipe benzerlik gösterdi.

2n=54 kromozomal formu önceki çalışmalarda Yozgat (Yüksel and Gülkaç 2001), Bolu, Bingöl'den (Nevo *et al.* 1995) Eflani, Alpagut, Yukarıtaş, Daday'dan (Sözen 2004) Taşpınar, Pınarbaşı'ndan (Sözen *et al.* 2006a), Erbaa'dan (Sözen *et al.* 2006b) tespit edilmiştir. Bu çalışmada elde edilen 2n=54 formunun NF değeri ve kromozomların morfolojik yapısı daha önce Kuzey Anadolu'dan elde edilen örneklerle aynıdır. Literatür verileri ve bu çalışmadaki bulgular dikkate alındığında bu kromozomal formun Kırıkkale, Kırşehir, Yozgat, Çankırı, Bingöl ve Kastamonu'nun bir bölümü olmak üzere İç Anadolu'da oldukça geniş yayılışa sahip bir form olduğu anlaşılmaktadır. Bu form Kızılırmak nehrinin kuzeyden gelerek İç Anadolu'da oluşturduğu yaygın doğu tarafında yayılış göstermektedir. Bu nehrin batı tarafında 2n=60 kromozom formu yayılışa sahiptir. İki form arasındaki coğrafik izolasyon bu nehir tarafından sağlanmaktadır.

2n=56 formu Sözen and Kıvanç (1998a) tarafından Mersin (Gülek)'ten, Sözen (2004) tarafından Kastamonu ve Safranbolu'dan ve Kankılıç *et al.* (2007b) tarafından Isparta'dan kaydedilmiştir. Ancak Batı Anadolu'da bu formun kaydına rastlanmamıştır. Dolayısıyla Manisa ve Uşak'tan kaydedilen 2n=56, NF=72 formu Türkiye körfareleri için yenidir. Bu forma coğrafik olarak en yakın 2n=56 formu Aksu-Isparta'dan verildi. Bu çalışmada, Manisa ve Uşak illeri için ilk kez tanımlanan bu forma ait karyotip ile birbirlerinden coğrafik olarak çok uzak olan Mersin ilinden tanımlanan karyotip

arasında kromozom morfolojisi ve sayısı bakımından hiçbir farklılık bulunmazken, Kastamonu ve Safranbolu ($2n=56$ NF=74) lokalitelerinden tanımlanan karyotip bir çift fazladan telosentrik kromozom bulundurmasıyla farklılık göstermektedir.

$2n=58$ kromozomal formu daha önce Ovacık-Tunceli (Coşkun 2004); Ulukışla-Niğde, Madenköy-Niğde, Ereğli-Konya, Pozantı-Adana (Sözen *et al.* 2006b) ve Taşköprü-Kastamonu'dan Sözen *et al.* (2006a) tarafından verilmiştir. Bu çalışmada analiz edilen $2n=58$ (Niğde-Pozantı-Çamardı) kromozomal formuna ait karyotip, Kuzey Anadolu'da Taşköprü'de yayılış gösteren $2n=58$ kromozomal formu ile kromozom morfolojisi bakımından aynı özellikler göstermektedir.

S. leucodon türü içerisinde en geniş yayılışa sahip olan form $2n=60$ kromozomal formudur (Nevo *et al.* 1994, 1995; Sözen *et al.* 1999, 2000b; Tez *et al.* 2001; Sözen 2004; Matur and Sözen 2005; Kankılıç *et al.* 2005; Sözen *et al.* 2006a,b; Kankılıç *et al.* 2006, 2007b; Ivanitskaya *et al.* 2008). Zima (2000)'ya göre bir türün kromozomal formları arasında en geniş yayılışa sahip olan form, atasal formdur. Ivanitskaya *et al.* (2008) bu form üzerine yapmış olduğu kromozom bantlama çalışmasında $2n=60$ kromozomal formunun Türkiye körfareleri için atasal form olduğunu söylemektedirler. Fakat genel olarak Türkiye körfarelerinin kromozomal formlarının yayılışlarına ve karyotiplerin kromozom morfolojilerine baktığımızda, karyotiplerin iki ayrı grup içinde toplandığı açık bir şekilde görülmektedir. Bunlardan birinci grup İç Anadolu'da geniş bir yayılış gösteren farklı NF değerlerine sahip $2n=60$ kromozom formu ve bu formun yayılışının sınır bölgelerinde farklı ekolojik koşullara uyum sağlamış, küçük izole popülasyonlardan oluşan $2n=52$ Güney, 56, 58 kromozom formlarından oluşmaktadır. Birinci grup içindeki kromozomal formların karyotiplerine baktığımızda birbirlerinden akrosentrik ve telosentrik kromozomların sayıları bakımından ayrıldıkları görülmektedir, fakat içerdikleri kromozomların morfolojileri bakımından bunların $2n=60$ kromozomal formun türevi olduğunu anlayabiliriz. Bunun en önemli göstergesi, sadece bu gruptaki formlarda bulunan iki büyük çift halindeki akrosentrik kromozomların varlığı ve otozomal kromozomlarında büyük metasentrik kromozom içermemeleridir. İkinci grup içindeki ($2n=36, 38, 40, 52$ Kuzey, 54) kromozomal formlarda, özellikle $2n=36, 38$ ve 40 kromozomal formlarında, akrosentrik kromozomlar diğer akrosentriklerin neredeyse üç katı büyüklükte olan iki çift

akrosentrik kromozom içermemekte ve otozomlar büyük metasentrik kromozomlardan oluşmaktadırlar. Matur (2009) tez çalışmasında Batı Anadolu'da yayılış gösteren formlarda telomerik heterokromatin bölgeler bulunmasına karşın, İç Anadolu'da yayılış gösteren her formda sentromerik ve perisentromerik heterokromatin bölgelerin bulunduğunu belirtmiştir. Bu durum Türkiye körfarelerinin kromozom morfolojisi bakımından iki ana grupta evrimleştiğini doğrulamaktadır. Fakat bu iki grubun hangisinin atasal form olduğu net olarak bilinmemektedir.

Nevo *et al.* (1995) *Spalax* cinsinde, diploid kromozom sayısındaki artış ve azalışın kromozomlarda meydana gelen Robertsonian kromozom mutasyonlarından ve NF farklılıkların ise temel olarak inversiyon ve sentromerik kaymalardan kaynaklandığını söylemektedir. Ayrıca Nevo *et al.* (1995) körfarelerde $2n$ değerinin Anadolu'nun merkezine gidildikçe artma eğiliminde olduğunu vurgulamaktadır. Nevo *et al.* (1995) çalışmasında Anadolu'dan yaptığı örneklemede İç Anadolu'da sadece $2n=60$ ve $2n=62$ kromozomal formların yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Daha sonra yapılan çalışmalarda İç Anadolu'nun merkezinde $2n=62$ kromozomal formun bulunmadığı, buna ilaveten bu bölgede $2n=60$ kromozomal formun dışında $2n=54$ kromozomal formunda geniş bir yayılışa sahip olduğu belirlenmiştir (Kankılıç *et al.* 2007b). Bu durum Nevo *et al.* (1995) tarafından belirtildiği gibi diploid kromozom değerinin ekolojik olarak sert ve kurak olan bölgelere doğru artmadığını, bu artış ve azalışın birbirlerine oldukça yakın mesafelerde (3-5 Km) yayılış gösteren popülasyonlarda bile değişebildiğini göstermektedir. Bu tez çalışmasında bu duruma en iyi örnek $2n=40$ (Yeşildağ) ve $2n=60$ (Beyşehir) popülasyonlarında gözlenmiştir. Yapılan arazi çalışmasında bu iki kromozomal forma ait bireyler birbirlerinden coğrafik olarak izole olmayan ve aralarında 5 Km mesafe bulunan iki farklı lokaliteden toplanmıştır. Körfarelerde gözlenen bu durum stasipatrik türleşmeye çok güzel bir örnek teşkil etmektedir. Körfareler toprak altında yaşayan ve hareket yetenekleri bu nedenle oldukça kısıtlı olan canlılardır. Bu nedenle bu canlılarda doğal seleksiyon baskısı oldukça yüksektir ve birbirlerine çok yakın mesafelerde yayılış gösteren körfare popülasyonları arasında gen akışı oldukça düşüktür. Özellikle geniş yayılışa sahip ana popülasyonların yayılışının sınır bölgelerinde bulunan popülasyonlarda meydana gelen kromozomal mutasyonlar kromozom sayısını değiştirerek bu popülasyonun daha farklı mikro-ekolojik koşullara adaptasyonunu sağlamaktadır. Böylece zamanla bu popülasyon ana popülasyondan

farklılaşmakta ve uyum gücünün daha fazla olduğu çevrelere doğru yayılış göstermektedir (King 1981).

5.2 Morfoloji

Türkiye’de yayılış gösteren körfareler üzerine bu zamana kadar yapılan en geniş çaplı morfolojik çalışma Kıvanç (1988) tarafından gerçekleştirilmiştir. Kıvanç (1988) çalışmasında Batı Anadolu’da yayılış gösteren körfareleri *S. l. anatolicus*, İç Anadolu’da yayılış gösterenleri *S. l. cilicicus* içerisinde incelemiş fakat bu alttürlerin kromozom sayıları hakkında bilgi vermemiştir. Kıvanç (1988) çalışmasında *S. l. cilicicus*’un M^1 ’in bir köklü olması, nasallerin foramen infraorbitalianın en art noktalarını birleştiren doğruya erişmemeleri, nasallerin uzunluklarının sagital crest uzunluğundan kısa olması ve foramen post palatinlerin M^2 ve M^3 ’ler arasından geçen doğrunun ön tarafında olmasıyla farklılık gösterdiğini belirtmiştir. *S. l. anatolicus*’un ise M^1 ’in iki köklü olması, nasallerin foramen infraorbitalianın en art noktalarını birleştiren doğruya erişmesi, nasallerin uzunluklarının genellikle sagital crestten uzun olması ve foramen post palatinlerin M^2 ve M^3 ’ler arasından geçen doğrunun ön tarafında kalmasıyla ayrıldığını söylemektedir. Bu tez çalışmasında Batı Anadolu’da yayılış gösteren $2n=36$ (Aydın) kromozomal formuna ait bireylerde M^1 , bireylerin % 11’inde iki köklü, % 44’ünde üç köklü ve % 44’ünde dört köklü bulunmuştur. $2n=38$ (İzmir, Manisa, Balıkesir) kromozomal formuna ait bireylerde ise M^1 bireylerin % 67’inde iki köklü, % 33’ünde üç köklü bulunmuştur. Ayrıca $2n=40$ kromozomal formunda bireylerin % 50’si bir köklü, % 11’i iki köklü, % 33’ü üç köklü bulundu. Bu durum Kıvanç tarafından alttür ayrımı için verilen özelliklerle uygun bulunmamıştır. Özellikle $2n=36$ kromozomal formu 4 köke sahip M^1 içermesiyle bütün kromozomal formlardan farklılık göstermektedir. Bunun aksine İç Anadolu’da yayılış gösteren $2n=60$ kromozomal formu ve bu formun yayılış sınırlarında küçük izole populasyonlar halinde bulunan $2n=56$, $2n=58$ kromozomal formlara ait bireylerin tamamında M^1 tek köke sahiptir. Bu durum *S. l. cilicicus* için verilen özelliklere uygunluk göstermektedir. Fakat İç Anadolu’nun kuzey kesiminde geniş yayılışa sahip olan $2n=52$ (Bolu) kromozomal formu ile merkezde geniş yayılışa sahip olan $2n=54$ kromozomal formunda bütün örneklerde M^1 üç köke sahiptir. Bu durum bu kromozomal formları, başlıca $2n=60$ kromozomal formundan ayırmaktadır. $2n=36$, $2n=38$ ve $2n=40$ kromozomal formlarda

da üç köklü bireylere rastlanması bu formları Batı Anadolu formlarına yaklaştırmaktadır. 2n=54 kromozomal formuna ait bireylerin % 33'ünde platinum arkaya doğru diken şeklinde bir çıkıntıya sahiptir ve bu özellik sadece bu formda bulunmaktadır. Bu özellik Kıvanç (1988) tarafından *S. l. cilicicus* ve *S. l. anatolicus* için tanımlanmamıştır. Kıvanç (1988) tarafından alttürlerin ayırımında kullanılan diğer nonmetrik karakterlerde iki alttürü ayıracak kadar homojen bir dağılım göstermemiştir. Nonmetrik karakterlerde görülen bu durum Türkiye körfareleri için Kıvanç (1988) tarafından yapılan sınıflandırmanın doğru olmadığını, bu sınıflandırmanın kromozomal formlar da dikkate alınarak yeniden gözden geçirilmesi gerektiğini ortaya koymaktadır.

Nonmetrik morfolojik karakterlerde kromozomal formlar arasında özellikle M¹'de gözlenen gruplaşma, kafatasından alınan iç karakter ölçülerinin morfometrik analizleri ile elde edilen sonuçlarla paralellik göstermektedir. Hem erkeklerde hem de dişilerde yapılan ANOVA analizleri sonucunda 34 morfometrik karakterden 26 tanesi kromozomal formlar arasında istatistiksel olarak anlamlı fark göstermiştir. MANOVA analizi sonucunda kromozomal formlar arasında 34 morfometrik karaktere ait ortalama değerler istatistik olarak yüksek seviyede farklı bulunmuştur (Wilks Lamda=0,001, F=5,6, P<0,0001). Bununla birlikte morfometrik karakterlere uygulanan CVA ve DFA analizlerin sonuçları, İç Anadolu ve Batı Anadolu'da yayılış gösteren kromozomal formların birbirlerinden ayrıldıklarını ve farklı bölgelerde kümelendiklerini göstermektedir. Ayrıca morfometrik analizler sonucunda Kıvanç (1988) tarafından belirlendiği gibi Batı Anadolu ve İç Anadolu'da yayılış gösteren iki alttürün morfolojik bakımdan homojen olmadığı, kendi içlerinde kromozomal formlarda oldukça yüksek seviyede farklılıklar gösterdiği belirlenmiştir. Özellikle Mahalanobis mesafe değerleri ve bu matris temel alınarak oluşturulan kümeleme analizinde bu durum açık bir şekilde görülmektedir. Kıvanç (1988) tarafından yapılan sınıflandırmanın aksine, bu çalışmada kümeleme analizi ile oluşturulan ağaçlarda İç Anadolu'da yayılış gösteren 2n=40 ve 2n=52 kromozomal formları Batı Anadolu popülasyonuna daha benzer bulunmuştur. Nonmetrik morfolojik karakterlerde bu durumu desteklemektedir. Özellikle morfolojik karakterlerden elde edilen Mahalanobis mesafe değerleri bütün kromozom formlar arasında yüksektir, fakat bu değer Batı Anadolu ve İç Anadolu'da yayılış gösteren kromozomal formlar arasında daha yüksek bulunmuştur.

5.3 Allozim

Spalax cinsi temsilcileri üzerine ilk allozim çalışması Nevo *et al.* (1994) tarafından İsrail ve Türkiye’de yayılış gösteren *S. ehrenbergi*’ye ait kromozomal formlar üzerine yapılmıştır. Nevo *et al.* (1994) çalışılan 36 lokustan 11 tanesi monomorfik, ortalama heterozigotluk $H_o=0,051$ ve çalışılan bütün populasyonlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapma gözlenmiştir. Bu sapmanın bütün populasyonlarda heterozigotluktaki eksilmeden kaynaklandığı belirtilmiştir. Ayrıca bu çalışmada, İsrail’de diploid kromozom sayısının ve allozimlerden kaynaklanan heterozigotluk değerinin ekolojik olarak sert ve kurak olan İsrail’in güneyinde yayılış gösteren $2n=60$ kromozomal forma doğru artış eğiliminde olduğu belirlenmiştir. Bu çalışmada İsrail’deki bu dört kromozomal formun türleşmenin ileri aşamalarında olan dört ayrı tür olarak değerlendirilmiştir. Nevo *et al.* (1995) tarafından Türkiye’nin farklı bölgelerinden *S. leucodon* ve *S. ehrenbergi*’ye ait 24 populasyondan toplanan 69 örneğin allozim analizi yapılmıştır. *Spalax* cinsinin atasal formlarını içeren ve bu cinsin yayılış alanı bakımından İsrail’den 30 misli daha büyük olan Türkiye’de, İsrail’de gözlenen evrimsel durumun olup olmadığı araştırılmıştır. Nevo *et al.* (1995) Türkiye’de yayılış gösteren körfarelerin, İsrail’deki körfarelerde gözlenen evrimsel model ile benzerlik gösterdiğini ve allozimlerden elde edilen heterozigotluk ve karyolojik çalışmalardan elde edilen diploid kromozom değerinin bütün yönlerden ekolojik olarak sert, kurak ve iklimsel olarak çok değişken olan İç Anadolu platosuna doğru artma eğiliminde olduğunu kaydetmişlerdir. Bununla birlikte Türkiye’de çalışılan 14 kromozomal formun tür statüsünde değerlendirilmesi gerektiğini savunmuştur.

Nevo *et al.* (1995) tarafından ortalama beklenen heterozigotluk değeri *S. leucodon* için 0,038 ve *S. ehrenbergi* için 0,034 olarak bulunmuştur. Bu tez çalışmasında elde edilen allozim verileri bu bilgiler ışığında değerlendirildiğinde, elde edilen sonuçların belirtilen genel yapı ile uyuşmadığı saptandı. Allozimlerden elde edilen ortalama beklenen heterozigotluk $H_e=0,054$ değerini göstermektedir ve bu değer en düşük $2n=36$ kromozomal formda ($H_e=0,003$) ve en yüksek $2n=60$ $NF=82$ kromozomal formda ($H_e=0,099$) bulundu. Nevo *et al.* (1995) tarafından yapılan çalışmada belirlenen düşük heterozigotluk, kullanılan örnek sayısının az olmasından kaynaklanmaktadır. Heterozigotluk değerleri $2n=60$ kromozom sayısına sahip populasyonlarda yükselme

eğilimindedir. Fakat bu değer ekolojik olarak sert ve kurak olan İç Anadolu platosuna doğru bir artış eğiliminde olmayıp, birbirlerine çok yakın lokalitelerde bile değişme eğilimindedir. Örneğin bu çalışmada ekolojik olarak sert ve kurak olan İç Anadolu'da geniş bir yayılışa sahip olan $2n=54$ kromozomal formda heterozigotluk değeri $2n=60$ populasyonunun yarısı kadardır. Ayrıca $2n=52$ kuzey ve $2n=38$ populasyonlarında da $2n=60$ kadar yüksek değerlerdedir. Heterozigotluktaki bu artışlar populasyonun yayılış alanıyla bağlantılıdır. Daha izole olan $2n=36$ ve $2n=40$ populasyonlarında heterozigotluk değeri çok düşüktür. Periferde yer alan daha dar yayılışlı olan populasyonlarda ($2n=54$, $2n=56B$, $2n=56G$, $2n=58$) ise heterozigotluk düşük değerlerdedir. $2n=60$ kromozomal formda görülen heterozigotluktaki artış, bu kromozomal formun İç Anadolu ve Ege bölgesinde oldukça geniş yayılış göstermesinden kaynaklanmaktadır. Böyle geniş yayılışa sahip olan populasyonlarda genetik çeşitliliğin fazla olması beklenen bir sonuçtur. Nevo *et al.* (1995) çalışmasında Türkiye'den yeterli örnekleme yapmamış ve bazı kromozomal formlarda sadece 1 (Balıkesir, Aydın, Karaman, Kutahya, Kayseri) ve bazılarında sadece 2 (İzmir, Denizli, Pınarbaşı, Malatya, Bingöl, Erzurum) örnek değerlendirmiştir. Bu kadar az sayıda yapılan örneklemede populasyonların allozim kaynaklı genetik yapısını tahmin etmek zordur ve elde edilen sonuçlar güvenilir değildir. Fakat Nevo *et al.* (1995) çalışmasında bu durumun farkında olduğunu fakat çalışılan enzim sayısının (25) yüksek tutulması ile bu problemin elimine edildiğini savunmuştur. Fakat bu çalışmada kromozomal formlarda gözlenen heterozigotluk değerleri Nevo *et al.* (1995)'nin çalışmasında bulunan değerlerle kabaca da olsa örtüşmemektedir.

Bu tez çalışmasında 28 lokustan 22 tanesi polimorfik bulundu ve $2n=36$ kromozom formu hariç bütün kromozomal formların Hardy-Weinberg dengesinden istatistik açıdan yüksek önem derecesinde ($P<0,001$) saptığı belirlendi. Kromozomal formlar içinde en yüksek genetik çeşitlilik, Anadolu'da en geniş yayılışa sahip olan $2n=60$ kromozom formunda tespit edildi. Bu çalışmada elde edilen bu sonuçlar Nevo *et al.* (1995) tarafından verilen değere benzerdir. Nevo *et al.* (1995)'de belirtildiği gibi bu çalışmada da kromozomal formlarda Hardy-Weinberg dengesinden sapmanın nedeni heterozigotluktaki eksilmeye bağlandı. Bu çalışmada heterozigotluk değerindeki bu eksilme Wahlund etkisi (Wahlund 1928) ile açıklanabilir. Çalışılan populasyonlarda batıdan örneklenen populasyonlar ile doğudan örneklenen populasyonlar kendi

aralarında benzeşerek alt gruplaşma oluşturmaktadırlar. Bu alt gruplaşmanın varlığı kendini heterozigot eksikliği ile göstermektedir. Hatta körfareler gibi hareket yeteneği kısıtlı canlılarda populasyonlar arasında görülen bu coğrafik kutuplaşma kendini birbirlerine çok yakın populasyonlarda bile oldukça güçlü göstermektedir. Bununla birlikte bu çalışmada tüm lokuslarda ortalama $F_{IS}=0,706$ olarak bulundu. Bu değer çalışılan populasyonlarda homozigotluğun beklenenden yaklaşık % 70'den fazla olduğuna işaret etmektedir. Homozigotluktaki aşırılık benzer genotipler arasında çiftleşme (inbreeding, kendileşme) gibi nedenlerden dolayı olabilir. Ayrıca F_{ST} , F_{IS} ve F_{IT} değerlerinin bütün lokuslarda farklı değerlerde olması her populasyondaki her bir lokusun çevresel faktörlerdeki değişimlerden bağımsız olarak etkilendiğini göstermektedir. Nevo *et al.* (1995) tarafından belirtildiği gibi bu çalışmada da, Türkiye'de yayılış gösteren kromozom formlar arasında genetik farklılaşma oranı yüksek bulundu. Bu çalışmadaki allozim temelli AMOVA sonuçları, populasyonlar arası varyans yüzdesinin (% 59) populasyonlar içi varyans yüzdesinden (% 41) daha yüksek olmasıyla bunu durumu desteklemektedir. Bu farklılık coğrafik olarak birbirlerine izole olan İç Anadolu'ya özgü $2n=60$, 58 , 56 kromozomal formlar ile Batı Anadolu'ya özgü $2n=36$, 38 kromozomal formlar arasında ve hatta birbirlerine coğrafik olarak oldukça yakın $2n=36-2n=38$ ($F_{ST}=0,506$) kromozomal formlarda da yüksek değerler gösterdi. Bu durum kromozomal formlar arasında, allozim verileri temel alınarak oluşturulan Nei (1978) mesafe değerlerinde de kendini göstermektedir. Örneğin $2n=36$ ile $2n=38$ kromozomal formlarda Nei (1978) genetik mesafe değeri $D=0,260$ olarak bulundu. Bu nedenle, Nevo *et al.* (1994, 1995)'nin yapmış olduğu çalışmalarda da belirtildiği gibi, Türkiye'de yayılış gösteren farklı kromozomal formlar ayrı tür olarak tanımlanmalıdır.

Bu çalışmada körfarelerde ortalama heterozigotluk değerinde belirlenen düşük değer Nevo *et al.* (1990, 1994) tarafından da belirtildiği gibi toprak altında yaşayan memelilere özgü bir durumdur. Toprak altında yaşayan memeliler, toprak üstünde yaşayan memelilerden farklı olarak daha düşük oranda heterozigotluk barındırmaktadır. AMOVA sonuçlarında populasyon içi varyasyonun düşük olması bu sonucu desteklemektedir.

5.4 RAPD

Spalax cinsi temsilcileri üzerine ilk RAPD-pcr çalışması Ben-Shlomo *et al.* (1996) tarafından İsrail körfareleri üzerine yapılmıştır. Bu çalışmada İsrail’de yayılış gösteren *S. ehrenbergi*’ye ait 4 kromozomal formda 5 primer çalışılarak, kromozomal formlar arasında genetik çeşitlilik belirlenmiştir. Çalışma sonucunda kromozomal formlar arasında bulunan yüksek seviyedeki genetik çeşitliliğin güneydeki çöl formlarına doğru ($2n=60$) artma eğiliminde olduğu vurgulanmıştır. Yani Nevo *et al.* (1994, 1995) tarafından yapılan çalışmalarda belirtildiği gibi İsrail’de gözlenen ve Türkiye popülasyonlarına uyarlanan körfare popülasyonlarındaki çevresel şartlar ile ilişkili evrimsel eğilim modeli farklı genetik belirteçlerle bu çalışmaya da uyarlanmış ve bu durumu destekleyen ipuçları aranmıştır.

Bu tez çalışmasında 11 primer temel alınarak yapılan RAPD analizi sonucunda gözlenen allel sayısı, etkin allellerin sayısı ve polimorfik lokus yüzdesi bakımından elde edilen en yüksek değerler, $2n=52$ (Bolu) kromozom formunda, en düşük değerler ise $2n=58$ (Niğde) popülasyonunda gözlenmiştir. Beklenen heterozigotluk değeri en yüksek $2n=52$ (Bolu) kromozom formunda bulunmuştur. Heterozigotluk ve Shannon genetik çeşitlilik indeksi $2n=52$ (Bolu) kromozomal formu haricinde bütün popülasyonlarda yaklaşık olarak eşit bulunmuştur. Bu çalışmada elde edilen bu değerler Ben-Shlomo *et al.* (1996) çalışmasında verilen değerlerle uygunluk göstermemektedir. Ben-Shlomo *et al.* (1996) tarafından belirtildiği gibi kromozomal formlarda, beklenen heterozigotluk değeri ve elde edilen genetik çeşitlilik, $2n$ değerine paralel olarak İç Anadolu’ya doğru bir artış göstermemiştir. Bunun aksine bu değerler Batı Anadolu popülasyonlarında daha yüksek bulunmuştur. Örneğin farklı bant sayısı bakımından en yüksek değerleri $2n=36$ (Aydın) ve $2n=52$ (Bolu) kromozomal formları göstermiştir (114 ve 113). Popülasyonlarda gözlenen özel bant sayıları da yine Batı Anadolu’da yayılış gösteren $2n=36$ ve $2n=38$ kromozomal formlarda bulunmuştur.

Bu çalışmada tüm popülasyonlarda beklenen heterozigotluğun $H_T=0,286$, alt popülasyonlarda beklenen heterozigotluğun $H_S=0,121$ olduğu belirlenmiştir. Bu durum genetik çeşitliliğin büyük oranda kromozomal formlara ait popülasyonlar arasında yoğunlaştığını göstermektedir. Bu çalışmada $G_{ST}=0,576$ olarak hesaplanmıştır. Bu

durum toplam genetik çeşitliliğin % 57,6'sının kromozomal formlar içindeki populasyonlar arasında, % 42,4'ünün kromozomal formlar arasında olduğunu göstermektedir. Kromozomal formlar arasında hesaplanan ortalama gen akışı değeri oldukça düşük bulunmuş ($N_m=0,367$) ve bu da çalışılan kromozomal formlara ait bireyler arasında çifleşme oranının oldukça düşük olduğunu ve populasyonların kendileştiğini (inbreeding) göstermektedir.

5.5 Sonuçlar ve Öneriler

1. Bu çalışmada İç Anadolu'da yayılış gösteren *S. l. cilicicus*'a ait $2n=40$, 52G, 52K, 54, 56G, 56B, 58 ve 60 kromozom formları ile *S. l. anatolicus*'a ait $2n=36$, 38 kromozomal formları arasında ve içinde genetik çeşitlilik belirlenmeye çalışıldı. *Spalax leucodon*'a ait populasyonlarda genetik farklılaşma oldukça yüksek bulundu. Bu farklılık hem İç Anadolu'da yayılış gösteren *S. l. cilicicus* ve Ege bölgesinde yayılış gösteren *S. l. anatolicus* alttürleri arasında hem de bu alttürler içindeki kromozomal formlar arasında oldukça yüksek değerler gösterdi.

2. Tez çalışmasında yapılan bütün analizler sonucunda Kıvanç (1988) tarafından Türkiye'de yayılış gösteren körfareler üzerine yapılan sınıflandırmanın gerçeği yansıtmadığı belirlendi. Kıvanç (1988)'in alttürleri sınıflandırırken kullandığı nonmetrik karakterler, bu tez çalışmasında tekrar gözden geçirildi ve sonuçta karakterlerin alttürler arasında homojen bir dağılım göstermediği, hatta bazı nonmetrik karakterlerin bu alttürler içerisinde dikkate alınmadığı anlaşıldı. Bu tez çalışmasında kafatasından alınan iç ve dış morfolojik karakterler üzerine yapılan analizlerde İç Anadolu ve Batı Anadolu populasyonlarının ayrı gruplar oluşturduğu gözlemlendi. Bu durum Kıvanç (1988) tarafından yapılan çalışmaya uygunluk gösterdi. Fakat bu çalışmada her bir grup içindeki kromozomal formlarında birbirlerinden morfolojik olarak ayrıldıkları belirdi.

3. Bu çalışmada yapılan Allozim ve RAPD analizleri, İç Anadolu'da $2n=60$ kromozomal formunun, Batı Anadolu'da $2n=38$ kromozomal formunun en fazla yaygın allel barındıran formlar olduklarını gösterdi. Zima (2000) tarafından belirtildiği gibi yaygın yayılışa sahip olan kromozomal formların atasal formlar olduğu hipotezi doğrultusunda, bu formların atasal kromozomal formlar olduğu ve $2n=56$, $2n=58$,

2n=52G kromozomal formların 2n=60 kromozomal formundan, 2n=36, 2n=40, 2n=52, 2n=54 kromozomal formların 2n=38 kromozomal formundan evrimleştikleri kabul edildi. Karyotiplerde İç Anadolu'ya özgü populasyonlarda akrosentrik kromozomların diğer akrosentriklerin üç misli büyüklükte iki çift akrosentrik ile başlaması ve Batı Anadolu'ya özgü karyotiplerde çok sayıda büyük metasentrik kromozomlar bulunurken İç Anadolu'daki formlarda bulunmaması; Matur (2009) tarafından İç Anadolu'ya özgü kromozomal formlarda sentromerik ve perisentromerik heterokromatin bölgelerin bulunmasına karşı, Batı Anadolu formlarında telomerik heterokromatin bölgelerinin bulunması; nonmetrik morfolojik analizlerde 2n=60 ve bu formun türevi olan populasyonların M¹'in bir köke sahip olmasına karşın, 2n=38 ve bu formun türevi olan kromozomal formlarda üç köklü bireylerin bulunması; metrik morfolojik analizlerde 2n=40 ve 2n=52 kromozomal formların Batı Anadolu populasyonları ile benzerliklere sahip olması ve Allozim ve RAPD analizi çalışmaları sonucunda 2n=40, 2n=52 (Bolu) ve 2n=54 kromozomal formların batı populasyonlarına oldukça benzer özellikler göstermesi bu durumu destekleyen en önemli kanıtlar olduğu belirlendi.

4. Allozim analizi sonucunda 2n=36 haricinde bütün populasyonların Hardy-Weinberg dengesinden saptığı ve bu sapmanın kromozomal formlardaki heterozigot eksikliğinden kaynaklandığı belirlendi. Genel olarak bütün kromozomal formlarda beklenen heterozigotluk değeri diğer memelilere kıyasla (Nevo *et al.* 1990) oldukça düşük bulundu. En yüksek heterozigotluk en geniş yayılışa sahip olan 2n=60 kromozomal formunda gözlemlendi. Allozimden elde edilen heterozigotluk değerinin 2n=60 populasyonlarında yüksek değerler göstermesinin, bu populasyonun çok geniş yayılışa sahip olmasına ve bu nedenle bu formun yayılışı içerisinde birbirinden uzaklaşmış olan populasyonların farklı ekolojik şartlara uyumsal açılımı sonucunda farklı allel kompozisyonuna fikse olmaları sonucu gerçekleştiği düşünülmektedir. 2n=60 kromozomal formunun 6 farklı NF değerini barındırması ve bu farklı formların birçok enzimde farklı allellere fikse olmaları bu durumu kanıtlayan en güzel örnektir. Kromozomal formlardaki heterozigotluk değerindeki bu durum Nevo *et al.* (1994, 1995)'nin çalışmalarında belirtildiği gibi Anadolu'nun merkezine doğru bir artış eğiliminde olmadığı belirlendi. Genellikle ana populasyonlarda yani geniş yayılış gösteren kromozomal formlarda allelik çeşitliliğin fazla olduğu, fakat bu populasyonlardan kopan küçük izole populasyonlarda allelik çeşitliliğin düşük olduğu

tesbit edildi. Analizler sonucunda kromozomal formlar arasındaki genetik farklılık değerleri yüksek, gen akışı değeri çok düşük bulundu. Bu duruma, Nevo *et al.* (1995) çalışmasında da belirttiği gibi, toprak altında yaşayan canlılarda doğal seleksiyon baskısının fazla olması, zamanla bu canlıların farklı ekolojik şartlara adaptif uyuma zorlanmasına ve farklı ekolojik koşullarda farklı kromozomal formların oluşmasının neden olduğu düşünülmektedir. Ayrıca körfarelerin toprak altında hareket yeteneklerinin kısıtlı olmasının, bu canlılar arasında bir coğrafik izolasyon mekanizması gibi görev yaptığı öngörüldü.

5. Allozim çalışmalarında kromozomal formlarda homozigotluk oranının fazla olması bu formlar arasında gen akışının düşük olduğunu ve her form içindeki bireylerin büyük çoğunlukla kendileri arasında çiftleştiklerini yani kendileştiklerini (inbreeding) göstermektedir. Bu duruma körfarelerin soliter yaşamaları ve sadece yılın belirli dönemlerinde ve bir kez çiftleşmek zorunda olmalarının da neden olduğu öngörülebilir. Anadolu'nun iklimsel ve ekolojik olarak oldukça heterojen yapıda olması, farklı ekolojide ve iklimde yayılışa sahip olan körfarelerin farklı dönemlerde kızgınlık dönemine girmesine ve aralarında çiftleşme öncesi izolasyon mekanizması geliştirmelerine yol açıyor olabilir. Örneğin deniz ($2n=36$ ve 38), göl ($2n=40$) ve nehir ($2n=54$) gibi sulak alanların kenarlarına yakın lokalitelerde yayılış gösteren kromozomal formlar ile daha kurak bölgelerde yayılış gösteren formlar ($2n=56$, 58 ve 60) arasında çiftleşme dönemleri bakımından farklılıklar bulunabilir.

6. Nevo *et al.* (1995) çalışmasında *Adh*, *Me-1* ve *Pt-1* lokuslarının *S. leucodon* ve *S. ehrenbergi* arasında ayırıcı genetik karakterler olduğunu belirtmiş ve bu iki türde gözlenen allozim farklılığının bu türler içindeki farklı kromozomal formlarda da bulunduğunu ve bu nedenle her bir kromozomal formun ayrı birer tür olması gerektiğini savunmuştur. Nevo *et al.* (1995) çalışmasında lokalite bazında allel frekans tablosu vermediği için lokalitelerde gözlenen farklı alleller belirlenememiştir. Bu tez çalışmasında bu lokuslara ilaveten *Me-2*, *Pgm*, *Mpi*, *Pgd* lokuslarında *S. leucodon* ve *S. ehrenbergi*'yi ayıran genetik karakterler olduğu tespit edildi. Bunlara ek olarak allozim çalışmasında *Idh-1^B* allelinin $2n=36$ kromozomal formunu; *Me-1^A* ve *Aco^A* allellerinin $2n=40$ kromozomal formunu; *Ca-1^D*, *Gpi-2^A*, *Pgd^A*, *α -Gpdh^C*, *Mdh-1^B*, *Aco^A* allellerinin $2n=38$ kromozomal formunu; *Pgm^C* allelinin $2n=52$ (Bolu) kromozomal

formunu; *Pgm*^A ve *Mpi*^B allellerinin ise 2n=60 kromozomal formunu diğer kromozomal formlardan ayıran genetik karakterler olduğu belirlenmiştir. Bunlara ek olarak RAPD çalışmasında 2n=54 kromozomal formunun A-02 (3) ve BC-461 (24) lokuslarında 2 özel bant içermesi; 2n=36 kromozomal formunun B-11 (8) lokusunda 1 özel bant içermesi; 2n=38 kromozomal formunun BC-461 (23) lokuslarında 1 özel bant içermesi, bu formları diğer kromozom formlardan ayırmaktadır. Bu nedenle bundan sonraki çalışmalarda, kromozomal formlar arasında gözlenen bu farklılıkların başka moleküler analizlerle kontrol edilerek, kromozomal formların sistematik durumlarının belirlenmesi gerekmektedir.

KAYNAKLAR

- Aşan, N. and Yağcı, T. 2008. Karyotype and Hair Scale Structure of *Nannospalax leucodon* (Nordmann, 1840) from Central Anatolia (Rodentia: Spalacidae). Turk. J. Zool. 32, 125–130.
- Ayala, F.J., Powell, J.R., Tracey, M.L., Maurano, C.A. and Perezsalas, S. 1972. Enzyme variability in the *Drosophila willistoni* Group. IV. Genic variation in natural populations of *Drosophila willistoni*. Genetics. 70, 113-139.
- Auffray, J.C., Renaud, S., Alibert, P. and Nevo, E. 1999. Developmental stability and adaptive radiation in the *Spalax ehrenbergi* superspecies in the Near-East. J. Evol. Biol. 12, 207-221.
- Ben-Shlomo, R., Fahima, T. and Nevo, E. 1996. Random amplified polymorphic DNA of the *Spalax ehrenbergi* superspecies in Israel. Israel Journal of Zoology. 42, 317-326.
- Buckie, A.P. and Smith, R.H. 1994. Rodent pests and their control, CAB int. Press 405 pages, London.
- Brewer, G.J. and Sing, C.F. 1970. An introduction to isozyme techniques. London: Academic Press.
- Carleton, M.D. and Musser, G.G. 1984. Muroid rodents. In: Anderson, S. ve Jones, J.K. J., (eds). Order and Families of Recent Mammals of the World. Willey and Sons, New York, 289-380.
- Catzefflis, F.M., Nevo, E., Ahlquist, J. and Sibley, C.H. 1989. Relationships of the chromosomal species in the Eurasian mole rats of the *Spalax ehrenbergi* group as determined by DNA-DNA hybridization, and an estimate of the spalacid-murid divergence time. J. Mol. Evol. 29, 223-232.
- Coşkun, Y. 1996a. A new subspecies of *Spalax nehringi* (Satunin, 1898) (Rodentia ; Spalacidae) from Turkey. Saugetierkd. Mitt, 38; 103–109.
- Coşkun, Y. 1996b. *Spalax nehringi nevoi*, a new mole rats from southeast Anatolia, Turkey (Rodentia; Spalacidae). Saugetierkd. Mitt, 38, 135–142.
- Coşkun, Y. 2003. A study on the morphology and karyology of *Nannospalax nehringi* (Satunin, 1898) (Rodentia: Spalacidae) from northeast Anatolia, Turkey. Turk. J. Zool. 27, 171-176.

- Coşkun, Y. 2004. A new species of mole rat, *Nannospalax munzuri* sp. n., and karyotype of *Nannospalax tuncelicus* (Coşkun, 1996) (Rodentia: Spalacidae) in eastern Anatolia. *Zoology Middle East*, 33, 153–162.
- Coşkun, Y., Németh, A. and Csorba, G. 2009. *Ceyhanus* is an available name for a distinct form of *Nannospalax* (superspecies *ehrenbergi*) (Rodentia: Spalacinae). *Mammalian Biology*. doi:10.1016/j.mambio.2009.03.007.
- Corbet, G.B. 1978. The Mammals of The Palaearctic region; a taxonomic review. *Brit. Mus. Nat. Hist., London / Oxford Univ. press*.
- Corbet, G.B. and Hill, J.E. 1991. A world list of mammalian species. Third edition. *Natural History Museum Publ., London / Oxford Univ. Press*.
- Del Lama, M.A., Figueiredo, R.A., Soares, A.E.E. and Del Lama, S.N. 1988. Hexokinase polymorphism in *Apis mellifera* and its use for Africanized honeybee identification. *Rev Brazil Genet* 11, 287-297.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L. 1991. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12(1), 13-15.
- Ellerman, J.R. 1941. The families and Genera of living Rodents. Vol. 2. Family Muridae. *Trustees of Brit. Mus.* 644.
- Ellerman, J.R. and Morrison–Scott, T.C.S. 1966. Checklist of Palaearctic and Indian Mammals, 1758-1946. Second edition, *British Museum (Natural History), London*, 1-810.
- Excoffier, L., Smouse, P.E., and Quattro, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(2), 479–491.
- Felsenstein, J. 2008. PHYLIP (Phylogeny Inference Package). Version 3.68 [computer program]. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle.
- Ford, C.E. and Hamerton, J.L. 1956. A colchicine hypotonic citrate, squash for mammalian chromosomes. *Stain Technol.* 31, 247-251.
- Giagia, E., Savic, I. and Soldatovic, B. 1982. Chromosomal forms of the mole rat *Microspalax* from Greece and Turkey. *Z. F. Saugetierkunde.* 47 (4), 231-236.
- Glick, B. and Pasternak, J. 1998. *Molecular Biotechnology: Principles and Applications of Recombinant DNA*. American Society for Microbiology: Washington, D.C.

- Gromov, I.M. and Baranova, G.I. 1981. Catalogue of Mammals in U.S.S.R. Leningrad; Nauka, pp 455 (In Russian).
- Guo, S.W. and Thompson, E.A. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics*, 48, 361-72.
- Harris, H. and Hopkinson, D.A. 1976. Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics. North-Holland Publishing Company, Amsterdam; Oxford American Elsevier Publishing Company, Inc., New York.
- Harrison, D.L. and Bates, P.J.J. 1991. Mammals of Arabia. Second Edition. *Harr. Zool. Mus. Pub.* 1-353.
- Heun, M. and Helentjaris, T. 1993. Inheritance of RAPDs in F1 hybrids of corn. *Theor. Appl. Genet.* 85, 961-968.
- Hillis, D.M. and Moritz, C. 1990. *Molecular Systematics*. Sinauer Associated Inc. USA. p. 45-127.
- Hinton, M.A.C. 1920. Three new subspecies of *Spalax monticola*. *Ann. Mag. Hist.* 5; 313-318.
- Hintze, J. 2008. PASS 2008. Kaysville, Utah: NCSS.
- Hunter, R.L. and Markert, C.L. 1957. Histochemical demonstration of enzymes separated by zone electrophoresis in starch gels. *Science* 125 (3261), 1294–1295.
- Ivanitskaya, E., Coşkun, Y. and Nevo, E. 1997. Banded karyotypes of mole rats (*Spalax*, Spalacidae, Rodentia) from Turkey: A comparative analysis. *J. Zool. Syst. Evol. Research.* 35, 171–177.
- Ivanitskaya, E., Sözen, M., Rashkovetsky, L., Matur, F. and Nevo, E. 2008. Discrimination of $2n=60$ *Spalax leucodon* cytotypes (Spalacidae, Rodentia) in Turkey by means of classical and molecular cytogenetic techniques. *Cytogenet Genome Res.* 122, 139-149.
- Kankılıç T., Çolak, E., Çolak, R. and Yiğit, N. 2005. Allozyme variation in *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 (Rodentia: Spalacidae) in the area between Ankara and Beyşehir. *Turkish Journal of Zoology.* 29, 377-384.
- Kankılıç, T., Kankılıç, T., Çolak, R., Kandemir, İ. and Çolak, E. 2006. Morphological Comparisons of Seven Chromosomal Forms of *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Pakistan Journal of Biological Sciences.* 9 (13), 2419-2425.

- Kankılıç, T., Çolak, R., Kankılıç, T. and Çolak, E. 2007a. On the Morphology and Karyology of *Spalax leucodon armeniacus* Mehely, 1909, and *Spalax leucodon cilicicus* Mehely, 1909 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Acta Zoologica Bulgarica*. 59 (1), 41-46.
- Kankılıç, T., Kankılıç, T., Çolak, R., Çolak, E., and Karataş, A. 2007b. Karyological comparison of populations of the *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 superspecies (Rodentia: Spalacidae) in Turkey. *Zoology in the Middle East* 42, 15-24.
- Karant, K.P., Avivi, A., Beharav, A., and Nevo, E. 2004. Microsatellite diversity in populations of blind subterranean mole rats (*Spalax ehrenbergi* superspecies) in Israel: speciation and adaptation, *Biological Journal of the Linnean Society* 83, 229–241.
- Kaya, Z. and Neale, D.B. 1995. Linkage Map Based on Randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers in *Pinus brutia*. *Silvae Genetica*: 44, 110-116.
- Kıral, E. ve Benli, O. 1979. Orta Anadolu'nun kemirici türleri ve zarar yaptığı kültür bitkileri: *Bit. Kor. Bült.* 19 (4), 191-217.
- Kıvanç, E. 1988. Türkiye *Spalax*'larının Coğrafik Varyasyonları. *Ankara* 72, Teksir – Daktilo – Fotokopi. 88 Sayfa.
- Kimura, M. and Crow, J.M. 1978. Effect of Overall Phenotypic Selection On Genetic Change At Individual Loci. *Proc. Natl. Acad. Sci., Washington*. 75, 6168-6171.
- King, M. 1981. Chromosome change and speciation in lizards. In *Evolution and speciation* (ed. W.R. Atchley and D.S. Woodruff). Cambridge University Press, Cambridge. 262–285.
- Kowalski, K. 2001. Pleistocene Rodents of Europe. *Folia Quaternaria*, 72, 1-389.
- Landry, P.A. and Lapointe, F.J. 1996. RAPD problems in phylogenetics. *Zool. Scr.* 25, 283–290.
- Levene, H. 1949. On a matching problem arising in genetics. *Annals of Mathematical Statistics*, 20, 91–94.
- Lewontin, R.C. 1972. The apportionment of human diversity. *Journal of Evolutionary Biology*. 6, 381-398.
- Lewontin, R.C. and Hubby, J.L. 1966. A molecular approach to the study of genic heterozygosity in natural populations. II. Amount of variation and degree of

- heterozygosity in natural populations of *Drosophila pseudoobscura*. *Genetics*. 54, 595-609.
- Lowe, A., Harris, S. and Ashton, P. 2004. *Ecological Genetics: Design, Analysis, and Application*. Blackwell Publishing company pp. 326.
- Mathieu-Daude, F., Cheng, R., Welsh, J. and McClelland, M. 1996. Screening of Differentially Amplified cDNA Products from RNA Arbitrary Primed PCR Fingerprints Using Single Strand Conformation Polymorphism (SSCP) Gels. *Nucleic Acids Res.* 24, 1504-1507.
- Matur, F and Sözen, M. 2005. A karyological study on subterranean mole rats of the *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 (Mammalia: Rodentia) superspecies in northwestern Turkey. *Zoology in the Middle East* 36, 5-10.
- Matur, F. 2009. Batı Türkiye *Nannospalax* (Mammalia: Rodentia) Kromozomal Formlarının G ve C Bantlama Yöntemleri ile Karşılaştırılması. Zonguldak Karaelmas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi, 140 sayfa.
- Matschie, P. 1919. *Spalax labaumei* eine anscheinend noch nicht beschriebene Blindmaus aus Kleinasien. *Sitz. Ber. Ges. Nat. Fr. Berlin*, 35-38.
- McDonald, J.H. 1985. No bad gels. Starch gel electrophoresis for the masses. Department of Ecology and Evolution. State University New York. Stony Brook, New York.
- Mehely, V.L. 1909. A Foldi Kuttyak Fajai, Budapest. (Mathem und naturwissenschaftliche Berichte aus Ungarn, Bd. 28; H. 4, 1-273. Almanca Tercümesi).
- Migulin, A.A. 1938. *Spalax leucodon*. Mammals of the Ukrainian SSR, pp. 345.
- Miller, G.S. 1903. *Spalax dolbrogece* Miller G.S. *Proceeding Biolog. Society of Washington*. 16, 161.
- Miller, M.P. 1997. *Tools for Population Genetic Analysis*. Version 1.3. Department of Biological Sciences, Northern Arizona University, Flagstaff.
- Minitab Inc. 1997. *MINITAB Reference Manual for Windows*. Release 13. Minitab Inc., State College, Pennsylvania.
- Mursaloglu, B. 1979. Türkiye *Spalax*'larında (Mammalia: Rodentia) Sistematiik Problemler. T.B.T.A.K. VI. Bilim Kongresi, Mat., Fiz. ve Biyo. Bil. Araş. Gr. Biyo. Sek. Teb. 83-92.

- Nehring, A. 1898. Über mehrere neue *Spalax* Arten. Sitzb. der Gesellsch. Naturf. Freunde z. Berlin. 171-183.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 70, 3321-3323.
- Nei, M. 1978. Molecular population genetics and evolution, Amsterdam (North Holland Publ. Com.).
- Nei, M. 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia Uni. Press, New York.
- Nevo, E., Ben-Shlomo, R. and Maeda, N. 1989. Haptoglobin DNA polymorphism in subterranean mole rats of the *Spalax ehrenbergi* superspecies in Israel. Heredity, 62, 85-90.
- Nevo, E., Joh, K., Hori, K. and Beiles, A. 1990. Aldolase DNA polymorphism in subterranean mole rats: Genetic differentiation and environmental correlates. Heredity. 65, 307-320.
- Nevo, E. 1991. Evolutionary theory and processes of active speciation and adaptive radiation in subterranean mole rats, *Spalax ehrenbergi* superspecies in Israel. Evol. Biol. 25, 1-125.
- Nevo, E., Filippucci, M.G., Redi, C., Korol, A. and Beiles, A. 1994. Chromosomal speciation and adaptive radiation of mole rats in Asia Minor correlated with increased ecological stress, Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 91, 8160-8164.
- Nevo, E., Filippucci, M.G., Redi, C.D., Simson, S., Heth, G. and Beiles, A. 1995. Karyotype and genetic evolution in speciation of subterranean mole rats of the genus *Spalax* in Turkey. Evol. J. Linn. Soc. 54, 203-229.
- Nevo, E., Beiles, A. and Spradling, T.H. 1999. Molecular evolution of cytochrome b of mole rats, *Spalax ehrenbergi* superspecies in Israel. J. Mol. Evol. 49, 215-226.
- Nevo, E., Ivanitskaya, E. and Beiles, A. 2001. Adaptive radiation of blind subterranean mole rats: naming and revisiting the four sibling species of the *Spalax ehrenbergi* superspecies in Israel: *Spalax galili* (2n= 52), *S. golani* (2n= 54), *S. carmeli* (2n= 58), and *S. judaei* (2n= 60). Backhuys Publishers, Leiden, The Netherlands.
- Nordmann, A. 1840. Observations sur la Faune Pontique, A. Demidoff Voyage dans la Russie Meridion. 3, 35.
- Norusis, M.J. 1990. *SPSS/PC+ for the IBM PC/XT/AT and PS/2*. SPSS Inc., Chicago.

- Ognev, S.I. 1947. Mammals of the U.S.S.R. and adjacent Countries. Vol. V. Rodents. Moskova. 1-662.
- Padmalatha, K. and Prasad, M.N.V. 2006. Optimization of DNA isolation and PCR protocol for RAPD analysis of selected medicinal and aromatic plants of conservation concern from Peninsular India. *African Journal of Biotechnology* 5(3), 230-234.
- Pasteur, N., Pasteur, G., Bonhomme, F. and Britton-Davidian, J. 1988. *Practical Isozyme Genetic*. Ellis Harwood Ltd., Chicester, U.K.
- Pavlicek, A., Hrda, S. and Flegr, J. 1999. FreeTree-Freeware program for construction of phylogenetic trees on the basis of distance data and bootstrap/jackknife analyses of the tree robustness. Applied to the RAPD analysis of the genus *Frenkelia*, *Folia biologica (Praha)*. 45, 97–99.
- Peakall, R. and Smouse, P.E. 2006. GenAlEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol. Ecol. Notes*. 6, 288–295.
- Polyakov, A., Beharav, A., Avivi, A. and Nevo, E. 2004. Mammalian microevolution in action: adaptive edaphic genomic divergence in blind subterranean mole-rats. *Proceedings of the Royal Society of London, B. Biological Sciences* PubMed 271, 156–159.
- Raymond, M. and Rousset, F. 1995. GENEPOP (Version 1.2), A population genetics software for exact tests and eucumenicism. *J Heredity*. 86, 45–249.
- Reyes, A., Nevo, E. and Saccone, C. 2003. DNA sequence variation in the mitochondrial control region of subterranean mole rats, *Spalax ehrenbergi* superspecies, in Israel, *Molecular Biology and Evolution* 20, 622–632.
- Rohlf, J.F. 1993. NTSYS-pc, Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Exeter Publishing, Setauket, N.Y.
- Ronald, N.M. and John, L.P. 1983. Walker's Mammals of the World, 4th Edition. 2, 1081-1094. The Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Rousset, F. and Raymond, M. 1995. Testing heterozygote excess and deficiency. *Genetics* 140, 1413-1419.
- SAS Institute Inc. 1989–2005. JMP, Version 5.0.1. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Satunin, K.A. 1898. *Spalax nehringi* nov. ap., *Zool. Anz.* XXI, 314-315.

- Savic, I.R. and Soldatovic, B. 1979. Distribution range and evolution of chromosomal forms in the Spalacidae of Balkan Peninsula and bordering regions. *J. Biogeography*. 6, 363-374.
- Savic, I.R. and Nevo, E. 1990. The Spalacidae: evolutionary history, speciation, and population biology. In: Nevo, E. ve Reig, O.A. (eds). *Evolution of Subterranean Mammals at the Organismal and Molecular Levels*. Wiley-Liss, New York, pp. 129-154.
- Selander, R.K., Smith, M.H., Yang, S.Y., Johnson, W.E. and Gentry, J.R. 1971. Biochemical polymorphism and systematic in the genus *Peromyscus*. I. Variation in the old-field muose (*Peromyscus polionotus*). *Stud. Genet. VI. Univ. Texas Publ.* 7103, 49-90.
- Shaw, C.R. and Prasad, R. 1970. Starch gel electrophoresis of enzymes - A compilation of recipes. *Biochemical Genetics*, 4, 297-320.
- Soldatovic, B. and Savic, I. 1978. Karyotype in some populations of the genus *Spalax* (*Mesospalax*) in Bulgaria and Turkey. *Sonderdruck aus Saugetierk. Mitt.*, 26. Jhg., Heft. 4, 252-256.
- Sözen, M. and Kıvanç, E. 1998a. Two new karyotypic forms of *Spalax leucodon* (Nordmann, 1840) (Mammalia; Rodentia) from Turkey. *Z. Saugetierk.* 63, 307-310.
- Sözen, M. and Kıvanç, E. 1998b. A new karyotype of *Spalax leucodon cilicus* Mehely, 1909, (Mammalia; Rodentia) from the type locality in Turkey. *Israel J. Zool.* 44, 53-56.
- Sözen, M., Çolak, E., Yiğit, N., Özkurt, Ş. and Verimli, R. 1999. Contributions to karyology and taxonomy of the genus *Spalax* Gldenstaedt, 1770 (Mammalia; Rodentia) in Turkey. *Zeitschrift fr Sugetierkunde*, 64, 210-219.
- Sözen, M., Çolak, E. and Yiğit, N. 2000a. A study on karyotypic evolution of the genus *Spalax* Gldenstaedt, 1770 (Mammalia; Rodentia) in Turkey. *Israel Journal of Zoology* 46, 239-242.
- Sözen, M., Çolak, E. and Yiğit, N. 2000b. Contributions to the karyology and taxonomy of *Spalax leucodon nehringi* Satunin, 1898 and *Spalax leucodon armeniacus* Mehely, 1909 (Mammalia; Rodentia) in Turkey. *Z. Saugetierkunde* 65, 309-312.

- Sözen, M. 2004. A karyological study on subterranean mole rats of the *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 superspecies in Turkey. *Zeitschrift für Säugetierkunde*, 69, 420-429.
- Sözen, M., Sevindik, M. and Matur F. 2006a. Karyological and morphological characteristics of *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 (Mammalia: Rodentia) superspecies around Kastamonu Province, Turkey. *Turkish Journal of Zoology* 30, 205-219.
- Sözen, M., Matur, F., Çolak, E., Özkurt, Ş. and Karataş A. 2006b. Some karyological records and a new chromosomal form for *Spalax* (Mammalia: Rodentia) in Turkey. *Folia Zoologica* 55 (3), 247-256.
- Statsoft, Inc. 2005. STATISTICA (data analysis software system), version 7.1. www.statsoft.com.
- Suzuki, H., Wakana, S., Yonekawa, H., Moriwaki, K., Sakurai, S. and Nevo, E. 1996. Variations in Ribosomal DNA and Mitochondrial DNA among Chromosomal Species of Subterranean Mole Rats. *Mol. Biol. Evol.* 13 (1), 85-92.
- Swofford, D.L. and Selander, R.B. 1981. BIOSYS. A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation in Population Genetics and Biochemical Systematics. Illinois Natural History Survey, Champaign.
- Szunyoghy, J. 1941. Two new species of mole rats from Asia Minor. *Állattani Közlemények*, 38, 78–86. (in Hungarian with German summary)
- Tez, C., Gündüz, İ. and Kefelioğlu, H. 2001. Karyological study of *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 in central Anatolia. *Pakistan Journal of Biological Science* 4, 869-871.
- Tez, C., Gündüz, İ. and Kefelioğlu, H. 2002. New data on the distribution of 2n: 38 *Spalax leucodon* (Nordmann, 1840) cytotype in Turkey. *Isr. J. Biol.* 48, 155-159.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M. and Kumar, S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24, 1596-1599.
- Topachevskii, W.A. 1969. Fauna U.S.S.R. Spalacidae. Leningrad; Nauka. (English translation; U.S Dept. Commerce. Natn. Info. Serv., Springfield, Virginia).

- Unay, E. 1996. On fossil Spalacidae. In: Bernor, R. L., Fahlbusch, V. ve Mittman, H.-W. (eds). The Evolution of Western Eurasian Neogene Mammal Faunas. Columbia University Press, New York, pp 246-252.
- Unay, E. 1999. Family Spalacidae. In: Roessner, G. E. ve Heissing, K. (eds). The miocene land mammals of Europe. Verlag Dr. Friedrich Pfeil, München, pp. 421-425.
- Wahlund, S. 1928. Zusammensetzung von Populationen und Korrelationserscheinungen vom Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet. *Hereditas* 11, 65-106.
- Welsh, J. and McClelland, M. 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Res* 18, 7213-7218.
- Welsh, J., Petersen, C. and McClelland, M. 1991. Polymorphisms generated by arbitrarily primed PCR in the mouse: application to strain identification and genetic mapping. *Nucleic Acids Res* 20, 303-306.
- Wilson, D.E. and Reeder, D.M. (eds.) 2005. *Mammal Species of the World: A Taxonomic and Geographic Reference*. Third Edition. The Johns Hopkins University Press, Baltimore.
- Williams, J.G.K., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalski, J.A. and Tingey, S.V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*. 18 (22), 6531.
- Wright S. 1951 The genetical structure of populations. *Annals of Eugenetics* 15, 323-354.
- Yeh, F.C., Yang, R.C. and Boyle, T. 1999. Popgene Version 1.31 Microsoft windows-based software for population genetics analysis. University of Alberta and Centre for International Forestry Research, Alberta, Canada.
- Yüksel, E. and Gülkaç, M.D. 2001. The cytogenetical comparisons of *Spalax* (Rodentia: Spalacidae) populations from middle Kızılırmak Basin, Turkey. *Türk. J. Biol.* 25, 17-24.
- Zima, J. 2000. Chromosomal Evolution in small mammals (Insectivora, Chiroptera, Rodentia). *Hystrix*, 11 (2), 5-15.

EKLER

EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu

EK 2 Çalışılan kromozomal formlara ait erkek ve dişi bireylerin kafatasından alınan 31 iç ve 3 dış karaktere ait ortalama değerler ve standart sapmalar

EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları

EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu

Örnek no	Kromozom	Lokalite	KARAKTERLER																			
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
6198E	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
6200D	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6199E	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6216D	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
6205D	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
6253E	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
6233D	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
6217D	2n=60 NF=84	Burdur-Yeşilova-Harmanlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
6234D	2n=60 NF=84	Denizli-çameli-Bıçaklı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
6223E	2n=60 NF=84	Denizli-çameli-Bıçaklı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
2006/29	2n=60 NF=82	Afyon-Eber	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0
2006/28E	2n=60 NF=82	Afyon-Eber	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
2006/27E	2n=60 NF=82	Afyon-Eber	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
2006/26	2n=60 NF=82	Afyon-Eber	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
5563D	2n=60 NF=82	Afyon-Çay	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4505D	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4915E	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4914E	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4919E	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4506E	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4910D	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4918D	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4507E	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4920E	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4508D	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4909E	2n=60 NF=80	Ankara-Kızılcahamam	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4115D	2n=60 NF=80	Ankara-Gölbaşı-Ahirboz	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4114E	2n=60 NF=80	Ankara-Gölbaşı-Ahirboz	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4116E	2n=60 NF=80	Ankara-Gölbaşı-Ahirboz	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4117E	2n=60 NF=80	Ankara-Gölbaşı-Ahirboz	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4281E	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4285D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4280D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0
4283D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4279D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4277E	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4286D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4284D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0
4278D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4282D	2n=60 NF=80	Ankara-Elmadağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4550D	2n=60 NF=80	Ankara-Polatlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4272E	2n=60 NF=80	Ankara-Polatlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4275D	2n=60 NF=80	Ankara-Polatlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4274E	2n=60 NF=80	Ankara-Polatlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4273D	2n=60 NF=80	Ankara-Polatlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4271E	2n=60 NF=80	Ankara-Polatlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4276D	2n=60 NF=80	Ankara-Polatlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4268D	2n=60 NF=80	Ankara-Haymana	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4264D	2n=60 NF=80	Ankara-Haymana	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4265E	2n=60 NF=80	Ankara-Haymana	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4269E	2n=60 NF=80	Ankara-Haymana	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4536E	2n=60 NF=80	Ankara-Haymana	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0

EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu (devam)

Örnek no	Kromozom	Lokalite	KARAKTERLER																			
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
4266E	2n=60 NF=80	Ankara-Haymana	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4267E	2n=60 NF=80	Ankara-Haymana	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4293D	2n=60 NF=80	Ankara-Kalecik	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4291D	2n=60 NF=80	Ankara-Kalecik	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4290E	2n=60 NF=80	Ankara-Kalecik	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4292D	2n=60 NF=80	Ankara-Kalecik	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4535E	2n=60 NF=80	Ankara-Bala	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4156E	2n=60 NF=80	Ankara-Bala	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
4534E	2n=60 NF=80	Ankara-Bala	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	
4223D	2n=60 NF=80	Ankara-Batıkent	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4326D	2n=60 NF=80	Ankara-Batıkent	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4325D	2n=60 NF=80	Ankara-Batıkent	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4263D	2n=60 NF=80	Ankara-100. Yıl	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4176E	2n=60 NF=80	Ankara-100. Yıl	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4261D	2n=60 NF=80	Ankara-100. Yıl	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
4262D	2n=60 NF=80	Ankara-100. Yıl	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
4511E	2n=60 NF=80	Ankara-Beypazarı	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4512E	2n=60 NF=80	Ankara-Beypazarı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4513E	2n=60 NF=80	Ankara-Beypazarı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4287E	2n=60 NF=80	Ankara-Srayköy	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4288E	2n=60 NF=80	Ankara-Srayköy	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4906E	2n=60 NF=80	Ankara-Güdül	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4908E	2n=60 NF=80	Ankara-Güdül	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
4581D	2n=60 NF=80	Ankara-Güdül	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
4907E	2n=60 NF=80	Ankara-Güdül	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4903E	2n=60 NF=80	Ankara-Güdül	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4900D	2n=60 NF=80	Ankara-Ayaş	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
4905D	2n=60 NF=80	Ankara-Ayaş	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4902E	2n=60 NF=80	Ankara-Ayaş	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4875E	2n=60 NF=80	Ankara-Ayaş	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4582D	2n=60 NF=80	Ankara-Ayaş	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4549E	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4541E	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4542E	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4544D	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4540D	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4539D	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4547D	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4546D	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4548D	2n=60 NF=80	Konya-Cihanbeyli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
4538E	2n=60 NF=80	Konya-Kulu	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4543E	2n=60 NF=80	Konya-Kulu	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4302E	2n=60 NF=80	Konya-Yunak	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4298D	2n=60 NF=80	Konya-Yunak	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	
5304E	2n=60 NF=80	Yozgat-Saraykent	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
5292E	2n=60 NF=80	Yozgat-Saraykent	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
5289D	2n=60 NF=80	Yozgat-Saraykent	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4647E	2n=60 NF=80	Erzincan-Refahiye	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
4646E	2n=60 NF=80	Erzincan-Refahiye	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4649D	2n=60 NF=80	Erzincan-Gemecik	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	
4662D	2n=60 NF=80	Erzincan-Tercan	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	
5923D	2n=60 NF=80	Sivas-Gürün	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	

EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu (devam)

Örnek no	Kromozom	Lokalite	KARAKTERLER																			
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
5939D	2n=60 NF=80	Sivas-Gürün	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4657E	2n=60 NF=80	Sivas-imranlı	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4644D	2n=60 NF=80	Sivas-Yıldızeli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
6231D	2n=60 NF=78	Isparta-Atabey	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
6252D	2n=60 NF=78	Isparta-Atabey	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
6221D	2n=60 NF=78	Isparta-Gönen	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
6208D	2n=60 NF=78	Isparta-Gönen	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4790E	2n=60 NF=78	Isparta-Madenli-Gelendost	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4783D	2n=60 NF=78	Isparta-Madenli-Gelendost	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4780E	2n=60 NF=78	Isparta-Madenli-Gelendost	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4788D	2n=60 NF=78	Isparta-Madenli-Gelendost	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4791D	2n=60 NF=78	Isparta-Madenli-Gelendost	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4789D	2n=60 NF=78	Isparta-Madenli-Gelendost	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4779D	2n=60 NF=78	Isparta-Madenli-Gelendost	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4933E	2n=60 NF=78	Bolu-Ayman yaylası	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4785D	2n=60 NF=78	Isparta-Yalvaç	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
5052D	2n=60 NF=78	Samsun-Kavak	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0
5049D	2n=60 NF=78	Samsun-Kavak	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4850D	2n=60 NF=78	Ankara-Çeltikli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4828D	2n=60 NF=78	Ankara-Çeltikli	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4835E	2n=60 NF=78	Ankara-Çeltikli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4851E	2n=60 NF=78	Ankara-Çeltikli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0
4335E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4304D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4294D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1
4309D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4327D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4307E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4296D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4310E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4303D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4308E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4328D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4297E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir-Kireli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1
4330E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir 10 km K	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4301E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir 10 km K	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4305D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir 10 km K	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4306D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir 10 km K	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4329D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir 10 km K	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4334E	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir 10 km K	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4299D	2n=60 NF=76	Konya-Beyşehir 10 km K	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4295D	2n=60 NF=76	Konya-Akşehir	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
2006/26	2n=60 NF=76	Konya-Akşehir	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	0
4295D	2n=60 NF=76	Konya-Akşehir	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4300E	2n=60 NF=76	Konya-Akşehir	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
4786E	2n=60 NF=76	Konya-Akşehir	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4787E	2n=60 NF=76	Konya-Akşehir	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
4904E	2n=60 NF=76	Eskişehir-Balıkdamaı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
5945D	2n=60 NF=76	Eskişehir-Sivrihisar	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
5944E	2n=60 NF=76	Eskişehir-Sivrihisar	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
5938D	2n=60 NF=76	Eskişehir-Sivrihisar	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0
5937D	2n=60 NF=76	Eskişehir-Sivrihisar	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0

EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu (devam)

Örnek no	Kromozom	Lokalite	KARAKTERLER																	
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
6119E	2n=60 NF=76	Kütahya-Simav-Küplüce	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
6137E	2n=60 NF=76	Kütahya-Simav-Küplüce	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6133E	2n=60 NF=76	Kütahya-Simav-Küplüce	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6152E	2n=60 NF=76	Kütahya-Simav-Küplüce	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6145E	2n=60 NF=76	Kütahya-Simav-Küplüce	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6142E	2n=60 NF=76	Kütahya-Simav-Küplüce	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6169D	2n=60 NF=76	Kütahya-Simav-Küplüce	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
5847D	2n=60 NF=76	Kütahya-Emet	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
5846D	2n=60 NF=76	Kütahya-Emet	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0
5848E	2n=60 NF=76	Kütahya-Emet	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6163D	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6147D	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6146D	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6149D	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6148eE	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6159E	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6136E	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6116D	2n=60 NF=76	Bilecik-Söğüt	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
57D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
55D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
58D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
56D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
59D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
3498D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
1562D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
1569D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
1718D	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
1725E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
1561E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
3502E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
3489E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
1721E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
1708E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
1714E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
1715E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
3491E	2n=58 NF=72	Adana-Pozantı-Alpu	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0
6151D	2n=56 NF=72	Manisa-Kula	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6141D	2n=56 NF=72	Manisa-Kula	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1
6135E	2n=56 NF=72	Manisa-Kula	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6117E	2n=56 NF=72	Manisa-Kula	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6224D	2n=56 NF=72	Uşak-Gediz Sapağı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6257D	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1
6270D	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6220D	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6213D	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1
4784D	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0
4795E	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1
4792E	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1
4794E	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
4793D	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
6212D	2n=56 NF=72	Isparta-Aksu-Yılanlı	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1
5171E	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0

EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu (devam)

Örnek no	Kromozom	Lokalite	KARAKTERLER																		
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
5172E	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0
5170D	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0
5452E	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1
4917E	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1
5453E	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1
4912E	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4913E	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4916D	2n=54 NF=72	Kırıkkale 2 km Doğu	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1
4571D	2n=54 NF=72	Kırşehir-Seyfe	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4557E	2n=54 NF=72	Kırşehir-Seyfe	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4572D	2n=54 NF=72	Kırşehir-Seyfe	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4829E	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4830E	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4831D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4832E	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4833D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4834D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4825D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4836D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4840D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4849D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4580D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4937D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4965E	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1
4936D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4935D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4929D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
4938D	2n=52 NF=72	Bolu-Gerede	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6262D	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6202D	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6266E	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6204D	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6269E	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6225D	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0
6206D	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0
6254E	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0
6210E	2n=40 NF=72	Isparta-Yenişarbademli	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
6267D	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
6219E	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
6268D	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
6203E	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4734E	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4733D	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4732D	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4731E	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
4730E	2n=40 NF=72	Konya-Beyşehir-Yeşildağ	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6144E	2n=38 NF=74	Balıkesir-Kepsut	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	0
6150D	2n=38 NF=74	Balıkesir-Kepsut	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6160D	2n=38 NF=74	Balıkesir-Kepsut	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0
6162E	2n=38 NF=74	Balıkesir-Kepsut	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
6120E	2n=38 NF=74	Balıkesir-Kepsut	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0
6154D	2n=38 NF=74	Balıkesir-Kepsut	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0

EK 1 Kafatasların incelenmesi sonucu oluşturulan nonmetrik karakter tablosu (devam)

Örnek no	Kromozom	Lokalite	KARAKTERLER																		
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
6134D	2n=38 NF=74	Balikesir-Kepsut	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0
6161D	2n=38 NF=74	Balikesir-Kepsut	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
6131E	2n=38 NF=74	Manisa-Akhisar	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	1
6153D	2n=38 NF=74	Manisa-Akhisar	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
6132D	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
6168E	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
6140D	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
6139D	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
6164E	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
6165E	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
6138E	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
6118D	2n=38 NF=74	İzmir-Foça	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1
6222D	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0
6215D	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6251E	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Haydarlı	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
6207E	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Haydarlı	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6256D	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1	0
6250D	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Yağhanlı	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0
6197D	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Bıyıklı	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
6209E	2n=36 NF=68	Aydın-Koçarlı-Haydarlı	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0
6218D	2n=36 NF=68	Aydın-Ortaklar-Magnesia	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0

EK 2 Çalışılan kromozomal formlara ait erkek ve dişi bireylerin kafatasından alınan 31 iç ve 3 dış karaktere ait ortalama değerler ve standart sapmalar

	2n=60, 76 ♀	2n=60, 78 ♀	2n=60, 80 ♀	2n=60, 82 ♀	2n=60, 84 ♀	2n=58, 72 ♀
TBU	204,0 ± 18,5	201,2 ± 13,5	203,2 ± 14,4	193,1 ± 13,6	210,8 ± 6,0	207,2 ± 7,5
AAU	27,4 ± 1,0	27,3 ± 0,9	27,4 ± 1,3	25,6 ± 0,7	26,7 ± 0,7	27,3 ± 0,8
AĞ	183,7 ± 24,9	193,4 ± 18,1	187,7 ± 33,8	163,3 ± 3,4	201,7 ± 27,5	188,6 ± 18,6
CNU	46,1 ± 2,4	44,8 ± 2,8	46,3 ± 2,2	44,4 ± 1,3	46,4 ± 1,3	46,6 ± 1,3
CBU	43,1 ± 2,0	43,0 ± 1,7	43,0 ± 2,1	41,6 ± 1,2	43,4 ± 1,2	43,3 ± 1,2
BU	41,0 ± 1,8	40,7 ± 1,9	40,8 ± 2,2	37,1 ± 0,8	40,9 ± 0,9	39,8 ± 1,3
ONU	44,4 ± 2,1	43,6 ± 2,4	44,2 ± 2,2	42,4 ± 1,2	45,0 ± 1,0	46,8 ± 1,9
ZG	33,7 ± 1,9	33,0 ± 1,9	34,1 ± 2,0	32,5 ± 1,9	33,3 ± 0,7	33,2 ± 1,0
İOG	7,2 ± 0,4	7,3 ± 0,5	7,3 ± 0,5	7,4 ± 0,3	7,1 ± 0,9	7,6 ± 0,2
NG	6,0 ± 0,3	5,8 ± 0,4	6,0 ± 0,4	5,9 ± 0,3	6,1 ± 0,4	6,2 ± 0,2
NU	18,3 ± 1,1	17,8 ± 1,1	18,2 ± 1,3	17,3 ± 0,3	19,1 ± 0,7	18,4 ± 0,8
BKY	19,5 ± 1,2	19,2 ± 1,1	19,1 ± 1,2	17,2 ± 1,1	19,3 ± 0,6	18,4 ± 1,1
SCU	19,2 ± 1,0	18,6 ± 1,1	18,5 ± 1,4	19,1 ± 1,0	18,7 ± 0,9	19,7 ± 1,1
PU	9,2 ± 1,0	9,0 ± 0,7	9,4 ± 1,0	9,5 ± 1,0	8,2 ± 0,9	8,4 ± 1,1
PÖG	9,1 ± 0,9	9,6 ± 0,8	9,4 ± 1,4	7,3 ± 2,5	10,0 ± 1,7	8,8 ± 1,9
PAG	10,3 ± 1,5	11,1 ± 2,0	11,3 ± 1,2	7,9 ± 2,8	10,7 ± 0,9	9,8 ± 4,1
SOU	15,4 ± 0,7	15,1 ± 0,8	15,4 ± 1,0	14,5 ± 0,3	15,1 ± 0,5	15,1 ± 0,6
RG	9,0 ± 0,5	8,8 ± 0,5	8,9 ± 0,5	8,9 ± 0,4	9,3 ± 0,2	8,8 ± 0,3
FIU	6,6 ± 0,7	6,4 ± 0,6	6,4 ± 0,8	6,2 ± 0,3	5,9 ± 0,3	6,3 ± 0,7
ÜKA	6,0 ± 0,4	6,0 ± 0,4	6,2 ± 0,6	6,0 ± 0,3	5,8 ± 0,2	6,0 ± 0,4
ÖDU	11,6 ± 1,1	12,0 ± 1,1	11,3 ± 1,1	11,2 ± 0,4	12,5 ± 0,6	11,3 ± 0,3
ADU	13,7 ± 1,1	12,7 ± 0,9	12,8 ± 1,1	12,6 ± 0,3	13,4 ± 0,5	14,2 ± 1,0
DU	16,5 ± 1,3	16,1 ± 1,5	16,6 ± 1,3	15,8 ± 0,8	18,0 ± 1,0	16,9 ± 0,6
FIU	3,2 ± 0,3	3,1 ± 0,5	3,3 ± 0,5	3,0 ± 0,1	3,4 ± 0,3	2,9 ± 0,5
KOG	2,2 ± 0,1	2,2 ± 0,2	2,2 ± 0,2	2,0 ± 0,1	2,3 ± 0,0	2,2 ± 0,1
UMAU	7,4 ± 0,6	7,4 ± 0,4	7,5 ± 0,6	7,4 ± 0,4	6,4 ± 0,6	7,5 ± 1,0
AMAU	7,1 ± 0,4	7,1 ± 0,4	7,2 ± 0,6	7,0 ± 0,4	6,9 ± 0,3	7,1 ± 0,7
CU	28,8 ± 1,5	28,3 ± 1,8	29,7 ± 1,6	25,9 ± 0,7	28,0 ± 0,8	27,9 ± 1,3
MY	7,2 ± 0,6	7,0 ± 0,5	7,3 ± 0,7	6,8 ± 0,4	7,0 ± 0,4	7,2 ± 0,2
CPY	15,9 ± 1,2	15,2 ± 0,8	15,6 ± 1,1	14,6 ± 0,7	15,5 ± 0,4	15,5 ± 0,5
İDÇ	2,7 ± 0,4	2,7 ± 0,3	2,7 ± 0,3	2,8 ± 0,4	2,4 ± 0,2	2,9 ± 0,6
FIG	1,2 ± 0,1	1,2 ± 0,2	1,2 ± 0,2	1,1 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,2 ± 0,2
YBU	30,6 ± 1,6	29,4 ± 1,2	30,3 ± 1,7	28,7 ± 2,0	30,3 ± 0,7	30,4 ± 0,8
BKU	16,4 ± 0,6	16,3 ± 0,8	16,3 ± 0,8	15,9 ± 0,3	16,2 ± 0,5	16,1 ± 0,6

EK 2 Çalışılan kromozomal formlara ait erkek ve dişi bireylerin kafatasından alınan 31 iç ve 3 dış karaktere ait ortalama değerler ve standart sapmalar (devam)

	2n=56, 72 ♀	2n=54, 74 ♀	2n=52, 70 ♀	2n=40, 72 ♀	2n=38, 74 ♀	2n=36, 68 ♀
TBU	204,1 ± 6,3	190,2 ± 4,3	204,1 ± 6,3	190,2 ± 4,3	204,1 ± 6,3	190,2 ± 4,3
AAU	27,9 ± 0,8	28,2 ± 1,0	27,9 ± 0,8	28,2 ± 1,0	27,9 ± 0,8	28,2 ± 1,0
AĞ	188,5 ± 12,9	178,2 ± 19,5	188,5 ± 12,9	178,2 ± 19,5	188,5 ± 12,9	178,2 ± 19,5
CNU	46,5 ± 1,5	45,9 ± 1,0	46,5 ± 1,5	45,9 ± 1,0	46,5 ± 1,5	45,9 ± 1,0
CBU	42,5 ± 1,3	43,0 ± 1,3	42,5 ± 1,3	43,0 ± 1,3	42,5 ± 1,3	43,0 ± 1,3
BU	40,3 ± 1,9	41,1 ± 1,0	40,3 ± 1,9	41,1 ± 1,0	40,3 ± 1,9	41,1 ± 1,0
ONU	45,3 ± 1,2	45,4 ± 0,4	45,3 ± 1,2	45,4 ± 0,4	45,3 ± 1,2	45,4 ± 0,4
ZG	32,7 ± 1,5	32,6 ± 1,3	32,7 ± 1,5	32,6 ± 1,3	32,7 ± 1,5	32,6 ± 1,3
İOG	7,5 ± 0,3	7,7 ± 0,2	7,5 ± 0,3	7,7 ± 0,2	7,5 ± 0,3	7,7 ± 0,2
NG	6,3 ± 0,4	5,8 ± 0,3	6,3 ± 0,4	5,8 ± 0,3	6,3 ± 0,4	5,8 ± 0,3
NU	18,4 ± 0,8	17,2 ± 0,8	18,4 ± 0,8	17,2 ± 0,8	18,4 ± 0,8	17,2 ± 0,8
BKY	19,3 ± 1,1	19,8 ± 0,5	19,3 ± 1,1	19,8 ± 0,5	19,3 ± 1,1	19,8 ± 0,5
SCU	18,5 ± 1,3	17,5 ± 0,4	18,5 ± 1,3	17,5 ± 0,4	18,5 ± 1,3	17,5 ± 0,4
PU	9,3 ± 0,6	7,6 ± 0,9	9,3 ± 0,6	7,6 ± 0,9	9,3 ± 0,6	7,6 ± 0,9
PÖG	10,1 ± 0,8	9,4 ± 1,0	10,1 ± 0,8	9,4 ± 1,0	10,1 ± 0,8	9,4 ± 1,0
PAG	11,1 ± 0,7	12,5 ± 0,2	11,1 ± 0,7	12,5 ± 0,2	11,1 ± 0,7	12,5 ± 0,2
SOU	14,9 ± 1,0	16,0 ± 0,5	14,9 ± 1,0	16,0 ± 0,5	14,9 ± 1,0	16,0 ± 0,5
RG	8,9 ± 0,3	8,6 ± 0,2	8,9 ± 0,3	8,6 ± 0,2	8,9 ± 0,3	8,6 ± 0,2
FIU	6,1 ± 0,7	7,3 ± 0,4	6,1 ± 0,7	7,3 ± 0,4	6,1 ± 0,7	7,3 ± 0,4
ÜKA	6,1 ± 0,4	5,9 ± 0,4	6,1 ± 0,4	5,9 ± 0,4	6,1 ± 0,4	5,9 ± 0,4
ÖDU	11,9 ± 0,9	10,7 ± 0,6	11,9 ± 0,9	10,7 ± 0,6	11,9 ± 0,9	10,7 ± 0,6
ADU	13,2 ± 1,1	12,7 ± 0,3	13,2 ± 1,1	12,7 ± 0,3	13,2 ± 1,1	12,7 ± 0,3
DU	16,3 ± 1,3	15,2 ± 0,5	16,3 ± 1,3	15,2 ± 0,5	16,3 ± 1,3	15,2 ± 0,5
FIU	3,0 ± 0,3	3,3 ± 0,2	3,0 ± 0,3	3,3 ± 0,2	3,0 ± 0,3	3,3 ± 0,2
KOG	2,1 ± 0,2	2,0 ± 0,1	2,1 ± 0,2	2,0 ± 0,1	2,1 ± 0,2	2,0 ± 0,1
UMAU	7,4 ± 0,5	7,5 ± 0,2	7,4 ± 0,5	7,5 ± 0,2	7,4 ± 0,5	7,5 ± 0,2
AMAU	7,2 ± 0,5	7,5 ± 0,2	7,2 ± 0,5	7,5 ± 0,2	7,2 ± 0,5	7,5 ± 0,2
CU	28,1 ± 1,6	29,0 ± 0,6	28,1 ± 1,6	29,0 ± 0,6	28,1 ± 1,6	29,0 ± 0,6
MY	7,2 ± 0,4	6,9 ± 0,2	7,2 ± 0,4	6,9 ± 0,2	7,2 ± 0,4	6,9 ± 0,2
CPY	15,6 ± 0,7	14,5 ± 0,4	15,6 ± 0,7	14,5 ± 0,4	15,6 ± 0,7	14,5 ± 0,4
İDÇ	2,9 ± 0,3	3,7 ± 0,1	2,9 ± 0,3	3,7 ± 0,1	2,9 ± 0,3	3,7 ± 0,1
FIG	1,3 ± 0,1	1,2 ± 0,2	1,3 ± 0,1	1,2 ± 0,2	1,3 ± 0,1	1,2 ± 0,2
YBU	29,8 ± 1,4	29,2 ± 0,7	29,8 ± 1,4	29,2 ± 0,7	29,8 ± 1,4	29,2 ± 0,7
BKU	16,3 ± 0,6	15,9 ± 0,3	16,3 ± 0,6	15,9 ± 0,3	16,3 ± 0,6	15,9 ± 0,3

EK 2 Çalışılan kromozomal formlara ait erkek ve dişi bireylerin kafatasından alınan 31 iç ve 3 dış karaktere ait ortalama değerler ve standart sapmalar (devam)

	2n=60, 84 ♂	2n=60, 82 ♂	2n=60, 80 ♂	2n=60, 78 ♂	2n=60, 76 ♂	2n=58, 72 ♂
TBU	215,8 ± 7,9	198,6 ± 14,7	215,8 ± 7,9	198,6 ± 14,7	215,8 ± 7,9	198,6 ± 14,7
AAU	27,8 ± 0,4	26,0 ± 1,0	27,8 ± 0,4	26,0 ± 1,0	27,8 ± 0,4	26,0 ± 1,0
AĞ	187,5 ± 19,3	179,1 ± 11,5	187,5 ± 19,3	179,1 ± 11,5	187,5 ± 19,3	179,1 ± 11,5
CNU	47,8 ± 0,7	46,7 ± 3,6	47,8 ± 0,7	46,7 ± 3,6	47,8 ± 0,7	46,7 ± 3,6
CBU	44,7 ± 0,5	43,7 ± 3,4	44,7 ± 0,5	43,7 ± 3,4	44,7 ± 0,5	43,7 ± 3,4
BU	41,5 ± 0,7	39,0 ± 3,2	41,5 ± 0,7	39,0 ± 3,2	41,5 ± 0,7	39,0 ± 3,2
ONU	46,1 ± 0,6	45,7 ± 3,4	46,1 ± 0,6	45,7 ± 3,4	46,1 ± 0,6	45,7 ± 3,4
ZG	34,2 ± 1,0	33,6 ± 3,3	34,2 ± 1,0	33,6 ± 3,3	34,2 ± 1,0	33,6 ± 3,3
İOG	7,1 ± 0,4	7,4 ± 0,2	7,1 ± 0,4	7,4 ± 0,2	7,1 ± 0,4	7,4 ± 0,2
NG	6,0 ± 0,2	6,2 ± 0,2	6,0 ± 0,2	6,2 ± 0,2	6,0 ± 0,2	6,2 ± 0,2
NU	19,3 ± 0,3	17,6 ± 1,8	19,3 ± 0,3	17,6 ± 1,8	19,3 ± 0,3	17,6 ± 1,8
BKY	18,3 ± 1,7	18,0 ± 1,1	18,3 ± 1,7	18,0 ± 1,1	18,3 ± 1,7	18,0 ± 1,1
SCU	18,9 ± 0,6	19,9 ± 1,4	18,9 ± 0,6	19,9 ± 1,4	18,9 ± 0,6	19,9 ± 1,4
PU	8,6 ± 1,1	9,2 ± 0,9	8,6 ± 1,1	9,2 ± 0,9	8,6 ± 1,1	9,2 ± 0,9
PÖG	9,7 ± 0,6	7,3 ± 1,7	9,7 ± 0,6	7,3 ± 1,7	9,7 ± 0,6	7,3 ± 1,7
PAG	9,9 ± 0,8	8,2 ± 2,4	9,9 ± 0,8	8,2 ± 2,4	9,9 ± 0,8	8,2 ± 2,4
SOU	15,1 ± 0,8	14,8 ± 0,8	15,1 ± 0,8	14,8 ± 0,8	15,1 ± 0,8	14,8 ± 0,8
RG	9,5 ± 0,2	9,0 ± 0,6	9,5 ± 0,2	9,0 ± 0,6	9,5 ± 0,2	9,0 ± 0,6
FIU	5,9 ± 0,3	6,9 ± 0,9	5,9 ± 0,3	6,9 ± 0,9	5,9 ± 0,3	6,9 ± 0,9
ÜKA	5,9 ± 0,3	6,3 ± 0,5	5,9 ± 0,3	6,3 ± 0,5	5,9 ± 0,3	6,3 ± 0,5
ÖDU	12,5 ± 0,4	11,3 ± 1,2	12,5 ± 0,4	11,3 ± 1,2	12,5 ± 0,4	11,3 ± 1,2
ADU	13,4 ± 0,3	12,8 ± 1,4	13,4 ± 0,3	12,8 ± 1,4	13,4 ± 0,3	12,8 ± 1,4
DU	17,6 ± 0,6	15,9 ± 1,8	17,6 ± 0,6	15,9 ± 1,8	17,6 ± 0,6	15,9 ± 1,8
FIU	3,1 ± 0,2	3,3 ± 0,5	3,1 ± 0,2	3,3 ± 0,5	3,1 ± 0,2	3,3 ± 0,5
KOG	2,3 ± 0,1	2,1 ± 0,2	2,3 ± 0,1	2,1 ± 0,2	2,3 ± 0,1	2,1 ± 0,2
UMAU	6,1 ± 0,5	7,4 ± 0,4	6,1 ± 0,5	7,4 ± 0,4	6,1 ± 0,5	7,4 ± 0,4
AMAU	6,6 ± 0,4	7,0 ± 0,3	6,6 ± 0,4	7,0 ± 0,3	6,6 ± 0,4	7,0 ± 0,3
CU	28,4 ± 0,5	27,1 ± 1,9	28,4 ± 0,5	27,1 ± 1,9	28,4 ± 0,5	27,1 ± 1,9
MY	7,3 ± 0,1	7,1 ± 0,6	7,3 ± 0,1	7,1 ± 0,6	7,3 ± 0,1	7,1 ± 0,6
CPY	15,3 ± 0,5	16,8 ± 2,0	15,3 ± 0,5	16,8 ± 2,0	15,3 ± 0,5	16,8 ± 2,0
İDÇ	2,6 ± 0,1	2,7 ± 0,6	2,6 ± 0,1	2,7 ± 0,6	2,6 ± 0,1	2,7 ± 0,6
FIG	1,2 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,2 ± 0,1	1,1 ± 0,1	1,2 ± 0,1	1,1 ± 0,1
YBU	29,3 ± 1,4	31,7 ± 3,7	29,3 ± 1,4	31,7 ± 3,7	29,3 ± 1,4	31,7 ± 3,7
BKU	14,8 ± 2,6	16,7 ± 1,2	14,8 ± 2,6	16,7 ± 1,2	14,8 ± 2,6	16,7 ± 1,2

EK 2 Çalışılan kromozomal formlara ait erkek ve dişi bireylerin kafatasından alınan 31 iç ve 3 dış karaktere ait ortalama değerler ve standart sapmalar (devam)

	2n=56, 72 ♂	2n=54, 74 ♂	2n=52, 70 ♂	2n=40, 72 ♂	2n=38, 74 ♂	2n=36, 68 ♂
TBU	201,6 ± 6,0	217,2 ± 10,9	201,6 ± 6,0	217,2 ± 10,9	201,6 ± 6,0	217,2 ± 10,9
AAU	29,6 ± 1,4	28,8 ± 1,3	29,6 ± 1,4	28,8 ± 1,3	29,6 ± 1,4	28,8 ± 1,3
AĞ	208,0 ± 19,6	254,1 ± 23,2	208,0 ± 19,6	254,1 ± 23,2	208,0 ± 19,6	254,1 ± 23,2
CNU	48,2 ± 1,0	53,7 ± 3,1	48,2 ± 1,0	53,7 ± 3,1	48,2 ± 1,0	53,7 ± 3,1
CBU	45,1 ± 0,9	50,3 ± 2,6	45,1 ± 0,9	50,3 ± 2,6	45,1 ± 0,9	50,3 ± 2,6
BU	42,7 ± 1,0	48,3 ± 2,7	42,7 ± 1,0	48,3 ± 2,7	42,7 ± 1,0	48,3 ± 2,7
ONU	46,7 ± 0,9	51,9 ± 3,0	46,7 ± 0,9	51,9 ± 3,0	46,7 ± 0,9	51,9 ± 3,0
ZG	34,5 ± 0,8	37,9 ± 3,1	34,5 ± 0,8	37,9 ± 3,1	34,5 ± 0,8	37,9 ± 3,1
İOG	7,4 ± 0,3	7,5 ± 0,4	7,4 ± 0,3	7,5 ± 0,4	7,4 ± 0,3	7,5 ± 0,4
NG	6,5 ± 0,4	6,2 ± 0,7	6,5 ± 0,4	6,2 ± 0,7	6,5 ± 0,4	6,2 ± 0,7
NU	17,9 ± 1,3	19,4 ± 2,0	17,9 ± 1,3	19,4 ± 2,0	17,9 ± 1,3	19,4 ± 2,0
BKY	19,9 ± 0,8	21,2 ± 1,3	19,9 ± 0,8	21,2 ± 1,3	19,9 ± 0,8	21,2 ± 1,3
SCU	18,7 ± 0,7	19,9 ± 1,5	18,7 ± 0,7	19,9 ± 1,5	18,7 ± 0,7	19,9 ± 1,5
PU	9,1 ± 1,0	8,7 ± 0,6	9,1 ± 1,0	8,7 ± 0,6	9,1 ± 1,0	8,7 ± 0,6
PÖG	9,8 ± 1,1	7,3 ± 1,7	9,8 ± 1,1	7,3 ± 1,7	9,8 ± 1,1	7,3 ± 1,7
PAG	10,7 ± 0,7	10,5 ± 1,2	10,7 ± 0,7	10,5 ± 1,2	10,7 ± 0,7	10,5 ± 1,2
SOU	15,4 ± 0,4	16,5 ± 1,0	15,4 ± 0,4	16,5 ± 1,0	15,4 ± 0,4	16,5 ± 1,0
RG	9,1 ± 0,1	9,8 ± 0,6	9,1 ± 0,1	9,8 ± 0,6	9,1 ± 0,1	9,8 ± 0,6
FIU	6,7 ± 0,6	7,8 ± 0,8	6,7 ± 0,6	7,8 ± 0,8	6,7 ± 0,6	7,8 ± 0,8
ÜKA	6,3 ± 0,1	6,6 ± 0,4	6,3 ± 0,1	6,6 ± 0,4	6,3 ± 0,1	6,6 ± 0,4
ÖDU	11,7 ± 0,4	12,4 ± 0,9	11,7 ± 0,4	12,4 ± 0,9	11,7 ± 0,4	12,4 ± 0,9
ADU	12,2 ± 0,5	14,0 ± 1,0	12,2 ± 0,5	14,0 ± 1,0	12,2 ± 0,5	14,0 ± 1,0
DU	15,9 ± 0,5	18,1 ± 1,4	15,9 ± 0,5	18,1 ± 1,4	15,9 ± 0,5	18,1 ± 1,4
FIU	3,1 ± 0,2	3,3 ± 0,3	3,1 ± 0,2	3,3 ± 0,3	3,1 ± 0,2	3,3 ± 0,3
KOG	2,1 ± 0,1	2,3 ± 0,2	2,1 ± 0,1	2,3 ± 0,2	2,1 ± 0,1	2,3 ± 0,2
UMAU	8,0 ± 0,1	7,7 ± 0,4	8,0 ± 0,1	7,7 ± 0,4	8,0 ± 0,1	7,7 ± 0,4
AMAU	7,6 ± 0,4	7,1 ± 0,3	7,6 ± 0,4	7,1 ± 0,3	7,6 ± 0,4	7,1 ± 0,3
CU	29,0 ± 1,1	32,8 ± 2,0	29,0 ± 1,1	32,8 ± 2,0	29,0 ± 1,1	32,8 ± 2,0
MY	6,8 ± 0,1	7,8 ± 0,8	6,8 ± 0,1	7,8 ± 0,8	6,8 ± 0,1	7,8 ± 0,8
CPY	16,5 ± 1,7	17,4 ± 1,5	16,5 ± 1,7	17,4 ± 1,5	16,5 ± 1,7	17,4 ± 1,5
İDÇ	2,4 ± 0,1	2,9 ± 0,5	2,4 ± 0,1	2,9 ± 0,5	2,4 ± 0,1	2,9 ± 0,5
FIG	1,3 ± 0,1	1,0 ± 0,1	1,3 ± 0,1	1,0 ± 0,1	1,3 ± 0,1	1,0 ± 0,1
YBU	29,9 ± 0,7	30,8 ± 2,4	29,9 ± 0,7	30,8 ± 2,4	29,9 ± 0,7	30,8 ± 2,4
BKU	16,8 ± 0,6	17,7 ± 0,8	16,8 ± 0,6	17,7 ± 0,8	16,8 ± 0,6	17,7 ± 0,8

EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi

2n=36 Kromozomal formu

1. 6222 D Aydın-Koçarlı
2. 6251 E Aydın-Koçarlı
3. 6197 D Aydın-Koçarlı
4. 6232 E Aydın-Koçarlı
5. 6218 D Aydın-Ortaklar
6. 6207 D Aydın-Haydarlı
7. 6250 E Aydın-Koçarlı
8. 6209 E Aydın-Koçarlı
9. 6256 D Aydın-Koçarlı

2n=38 Kromozomal Formu

10. 6161 D Balıkesir-Çömlekçi
11. 6120 E Balıkesir-Kepsut
12. 6164 E İzmir-Foça
13. 6165 E İzmir-Foça
14. 6131 E Manisa-Akhisar
15. 6160 D Balıkesir-Kepsut
16. 6153 D Manisa-Akhisar
17. 6163 E İzmir-Foça
18. 6132 D İzmir-Foça

2n=40 Kromozomal formu

19. 6262 D Yenişarbademli-Isparta
20. 6267 D Yeşildağ-Konya
21. 6202 D Yenişarbademli-Isparta
22. 6269 E Yenişarbademli-Isparta
23. 6266 E Yenişarbademli-Isparta
24. 6268 D Yeşildağ-Konya
25. 6263 D Yeşildağ-Konya
26. 6225 D Yenişarbademli-Isparta
27. 6254 E Yenişarbademli-Isparta

EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

2n=52 Kromozomal formu

28. 2169 D Sebil-Mersin (Güney)
29. 2165 E Sebil-Mersin (Güney)
30. 3851 D Çamlıyayla-Mersin (Güney)
31. 2658 E Çamlıyayla-Mersin (Güney)
32. 4016 D Bolu-Yeniçağa (Kuzey)
33. 4203 D Bolu-Mudurnu (Kuzey)
34. 3988 E Bolu-Mengen (Kuzey)
35. 4849 Bolu-Seben (Kuzey)
36. 3985 E Bolu-Mengen (Kuzey)

2n=54 Kromozomal Formu

37. 5170 D Kırıkkale-Keskin
38. 5453 E Kırıkkale 10 Km E
39. 5452 E Kırıkkale 10 km E
40. 4572 D Kırşehir-Seyfe
41. 4571 D Kırşehir-Seyfe
42. 5172 E Kırıkkale 5 Km E
43. 5171 E Kırıkkale 5 Km E
44. 4916 D Kırıkkale 5 Km E
45. 4917 D Kırıkkale 5 Km E

2n=56 Kromozomal Formu

46. 3499 E Elmalı-Gülek-Mersin (Güney)
47. 3497 E Yılanovası-Gülek-Mersin (Güney)
48. 3489 D Karboğazı-Gülek-Mersin (Güney)
49. 3500 D Karboğazı-Gülek-Mersin (Güney)
50. 4793 D Isparta-Yılanlı-Aksu (Batı)
51. 6270 D Isparta-Yılanlı-Aksu (Batı)
52. 6141 D Manisa-Kula (Batı)
53. 6135 E Manisa-Kula (Batı)
54. 6224 D Organize sanayi-Uşak (Batı)

EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

2n=58 Kromozomal Formu

55. 3498 D Niğde-Ulukışla 30 Km W
56. 2433 D Niğde-Ulukışla-Madenköy
57. 2113 E Niğde-Ulukışla-Madenköy
58. 2657 D Alpu-Pozantı-Adana
59. 2337 D Karagöl-Madenköy-Niğde
60. 2656 E Alpu-Pozantı-Adana
61. 2333 E Karagöl-Madenköy-Niğde
62. 2220 E Madenköy-Ulukışla-Niğde
63. 2201 E Madenköy-Ulukışla-Niğde

2n= 60 Kromozom Formu

64. 6143 D Manisa-Selendi 2n=60, 74
65. 6149 D Bilecik-Söğüt 2n=60,76
66. 6119 E Kütahya-Simav-Küplüce 2n=60,76
67. 3493 E Aksaray-Şereflikoçhisar 2n=60,76
68. 5944 E Eskişehir-Sivrihisar-Günyüzü 2n=60,76
69. 4310 Konya-Beyşehir-Kırelı 2n=60,76
70. 4790 E Isparta-Gelendost-Madenli 2n=60,78
71. 6208 D Isparta-Gönen 2n=60,78
72. 4934 E Bolu-Ayman Yaylası 2n=60,78
73. 3397 D Antalya-Akseki-Salamut Yaylası 2n=60,78
74. 3617 D K.maraş-Göksun 2n=60,78
75. 5052 D Samsun-Kavak 2n=60,78
76. 4835 E Ankara-Çeltikli 2n=60, 78
77. 4662 E Erzincan-Yollarüstü 2n=60,80
78. 4657 E Sivas-İmranlı 2n=60,80
79. 5304 E Yozgat-Akdağmadeni 2n=60,80
80. 4541 E Konya-Cihanbeyli 2n=60,80
81. 4534 E Ankara-Bala 2n=60,80
82. 2505 E Afyon 15 Km S 2n=60,82
83. 5563 D Afyon-Eber Gölü 2n=60,82

EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

2n= 60 Kromozom Formu

84. 6200 D Burdur-Yeşilova-Harmanlı Köyü 2n=60,84
85. 6223 E Denizli-Çameli-Bıçaklı Köyü 2n=60,84
86. 6198 E Denizli-Acıpayam 2n=60,84

KONTROL GRUPLARI (*S. ehrenbergi*)

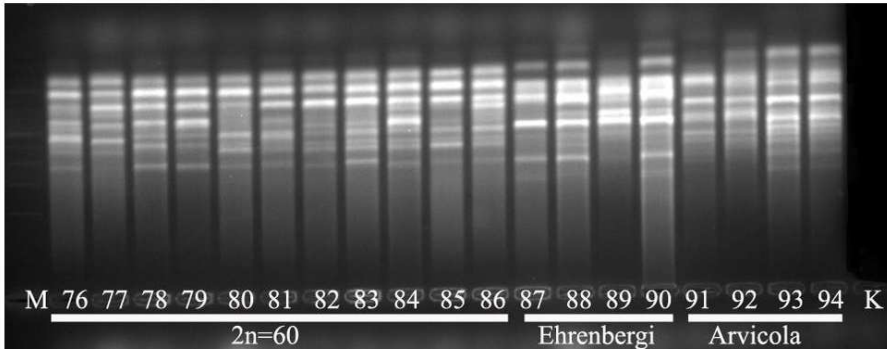
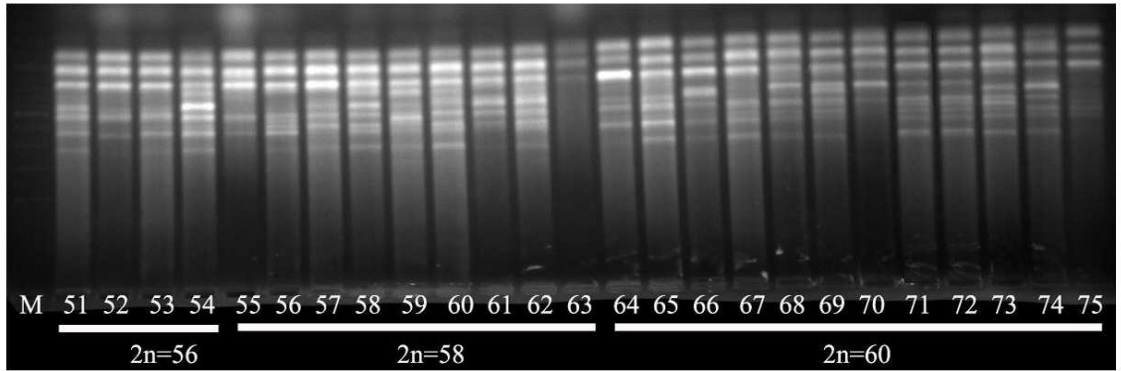
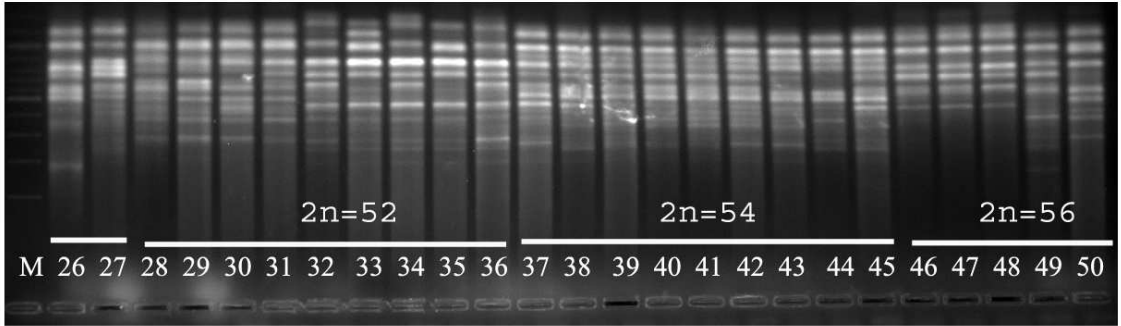
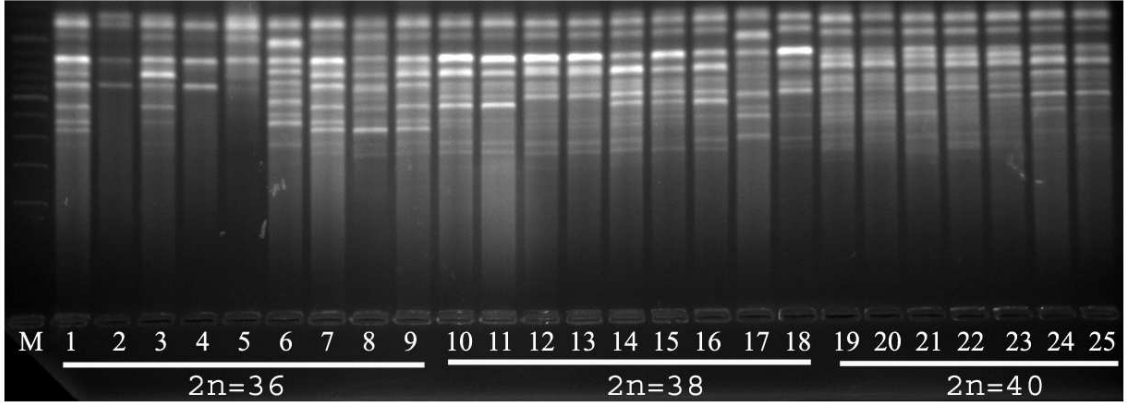
87. 3850 D Özbek köyü-Tarsus-Mersin 2n=56,72
88. 2091 D Şeyhmurat Köyü-Adana 2n=56,72
89. 2167 E Kilis 10 Km E 2n=56,72
90. 2081 E Tarsus 5 Km NE 2n=56,72

DIŞ GRUP

91. 3187 Arvicola
92. 3188 Arvicola
93. 5553 Arvicola
94. 5536 Arvicola

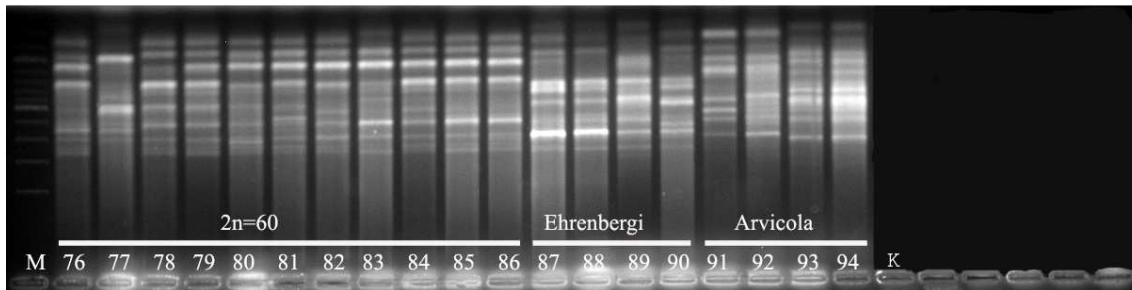
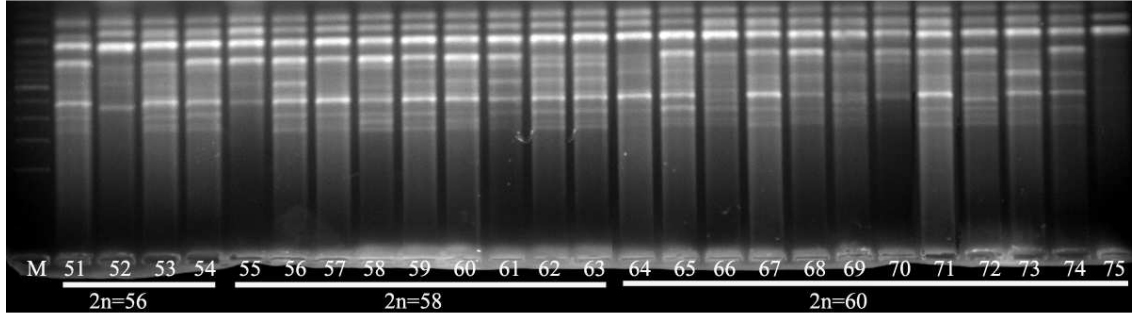
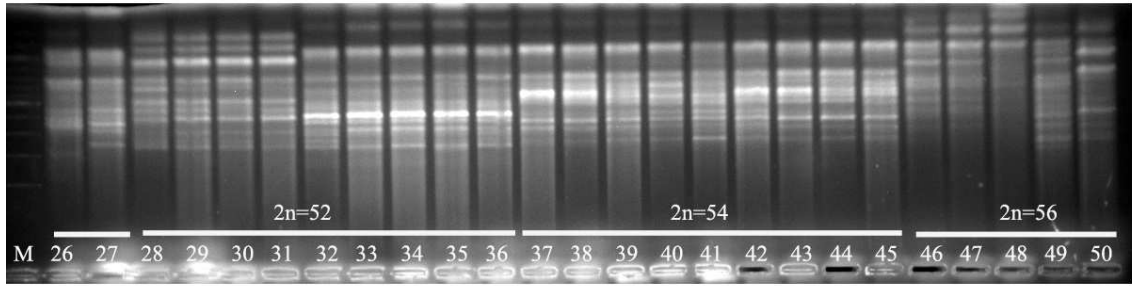
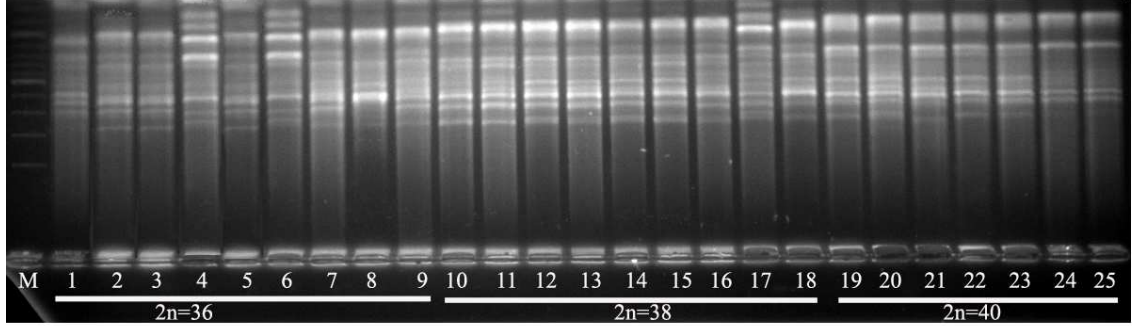
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

1. A-02 Primeri



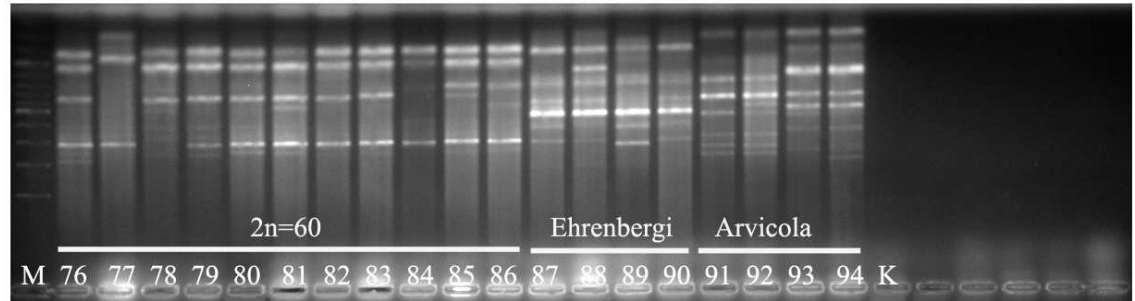
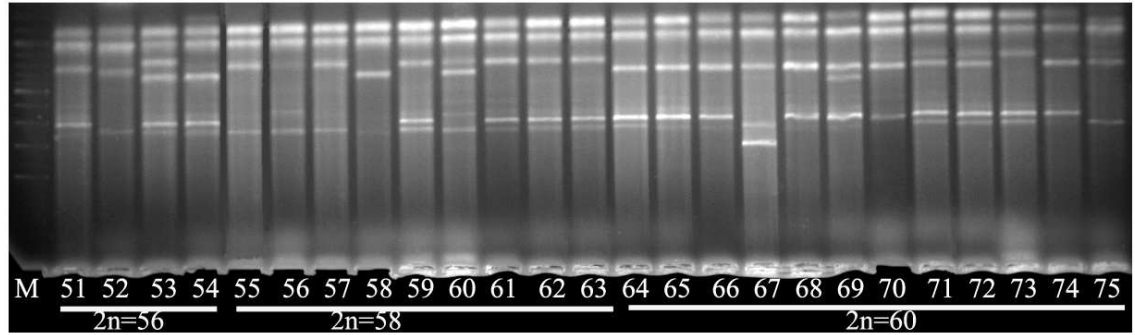
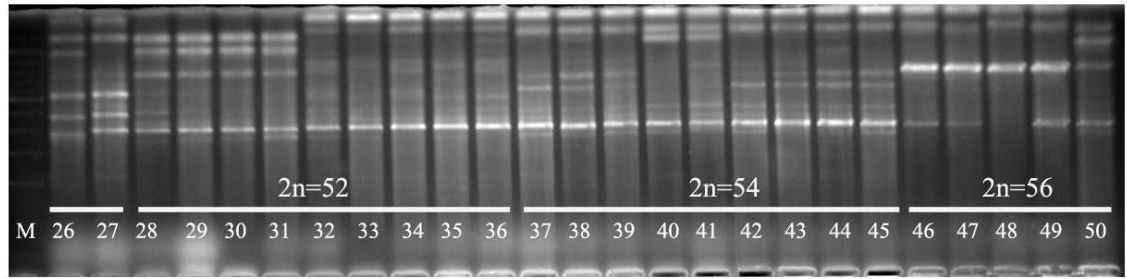
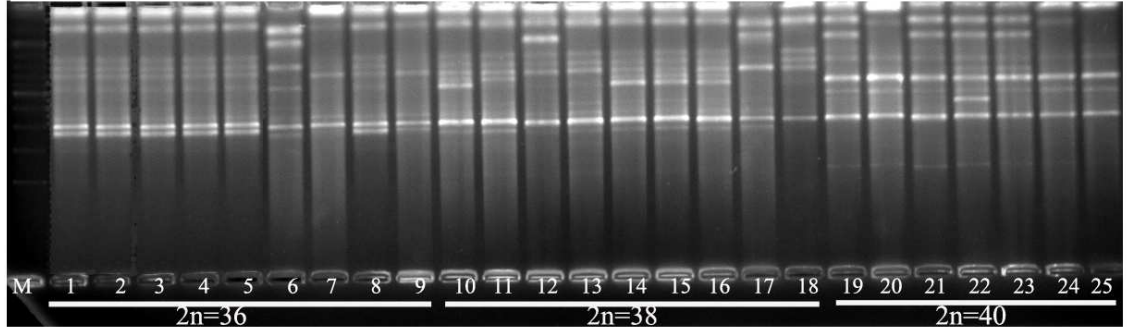
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

2. A-04 Primeri



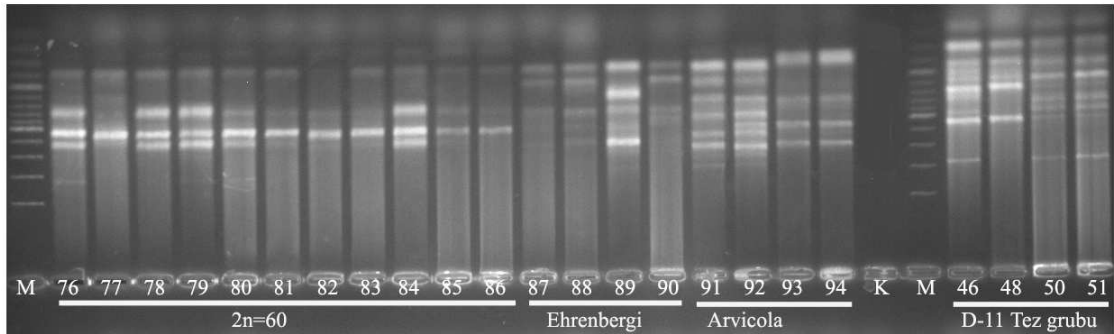
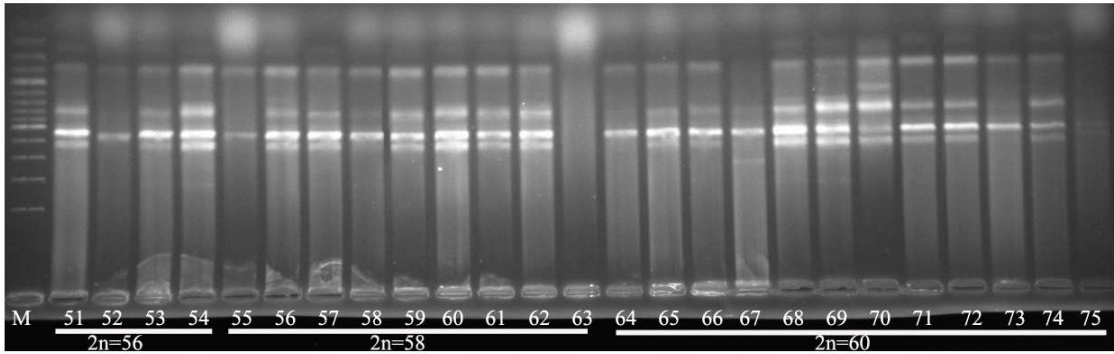
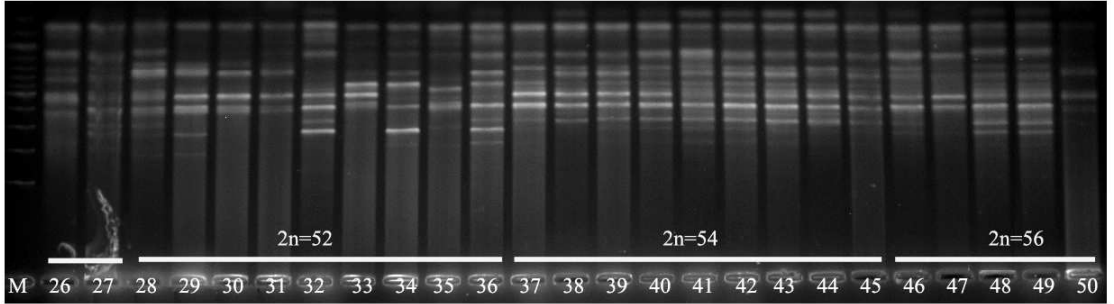
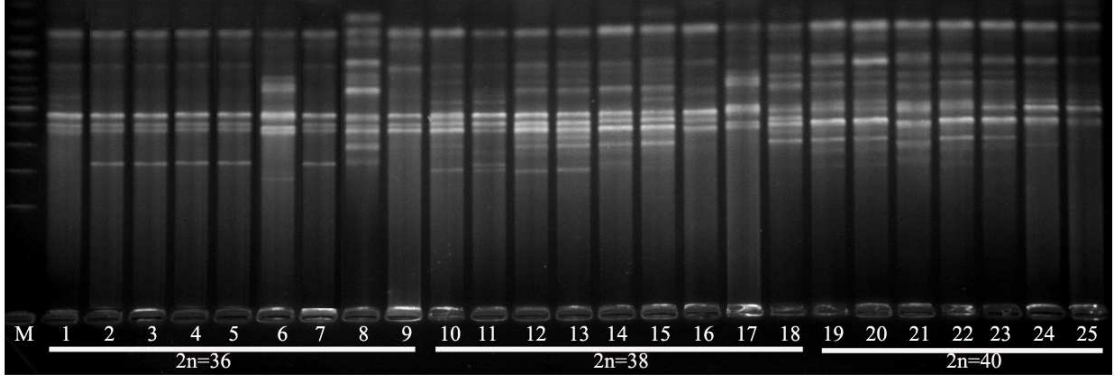
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

3. A-08 Primeri



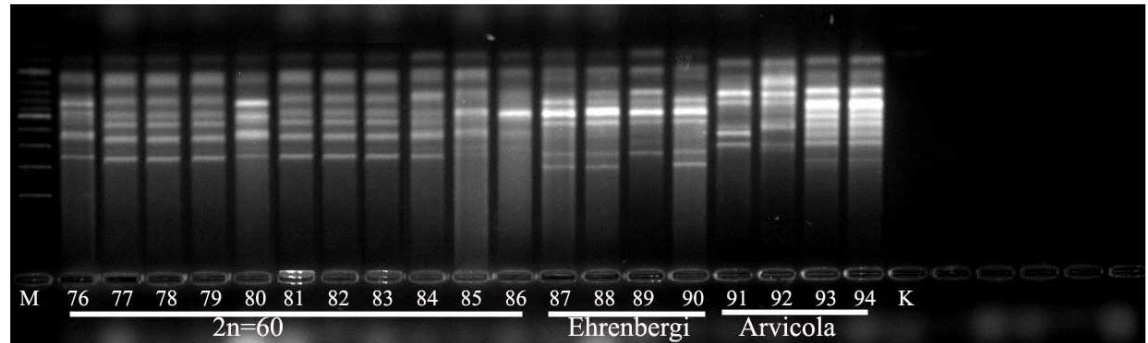
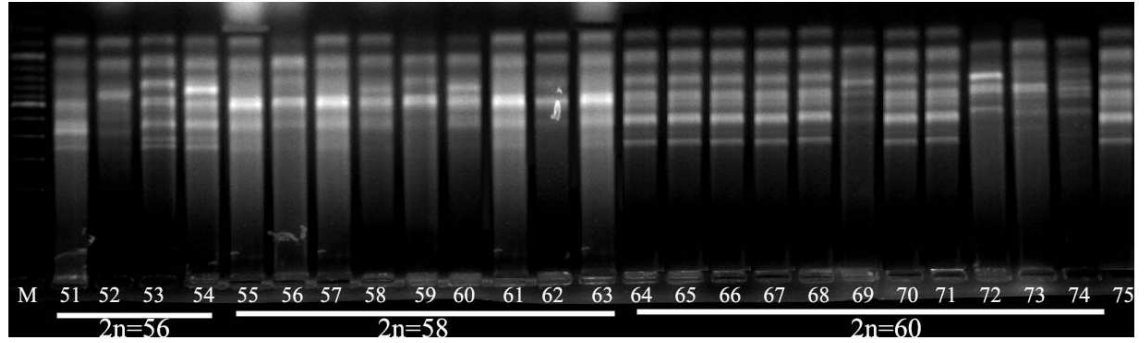
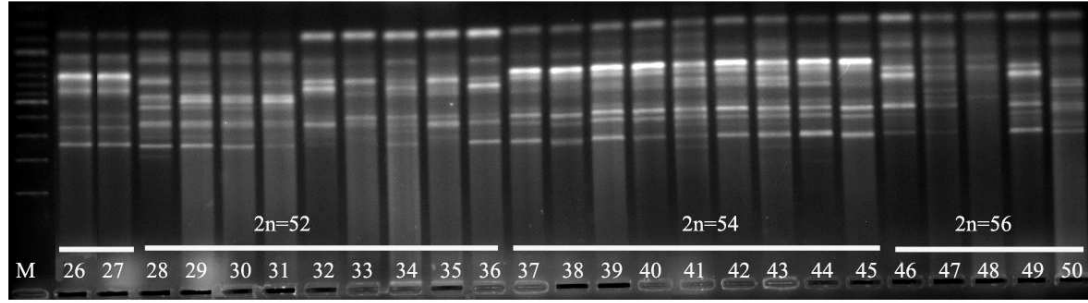
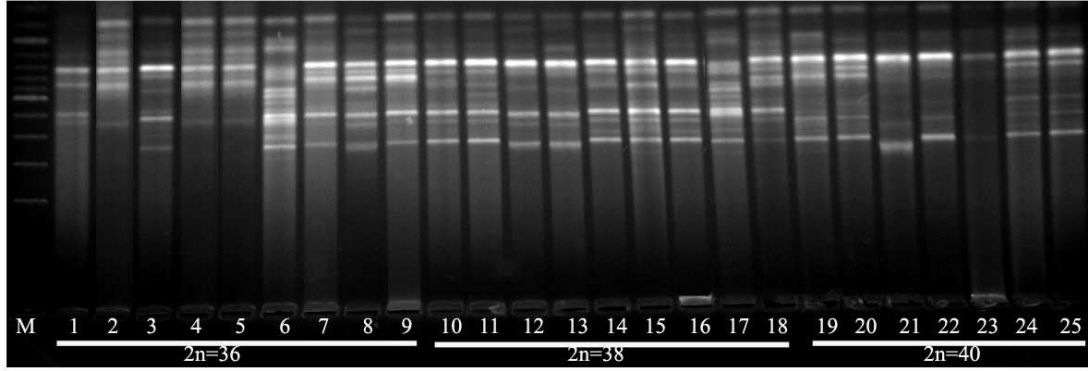
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

4. B-03 Primeri



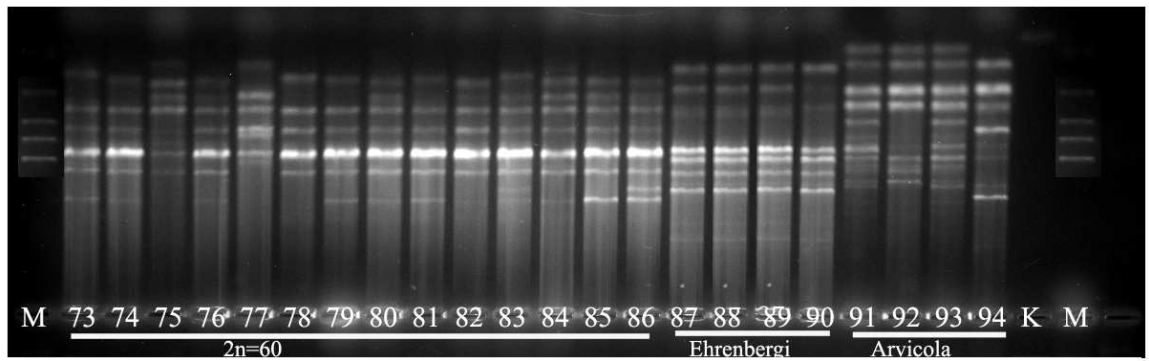
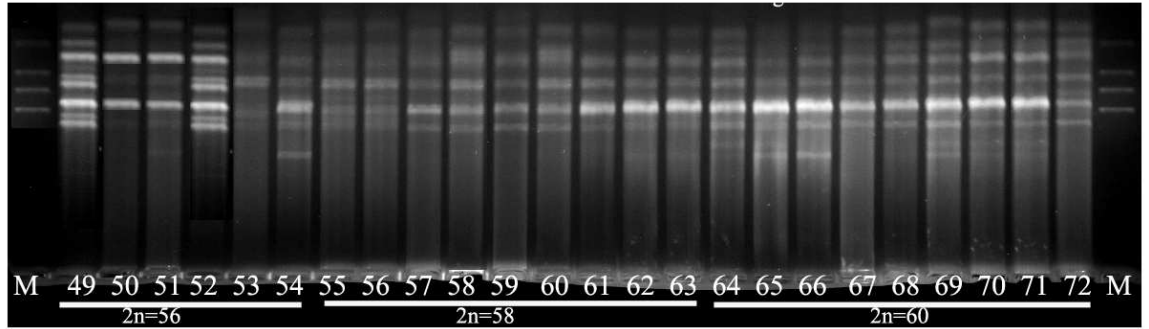
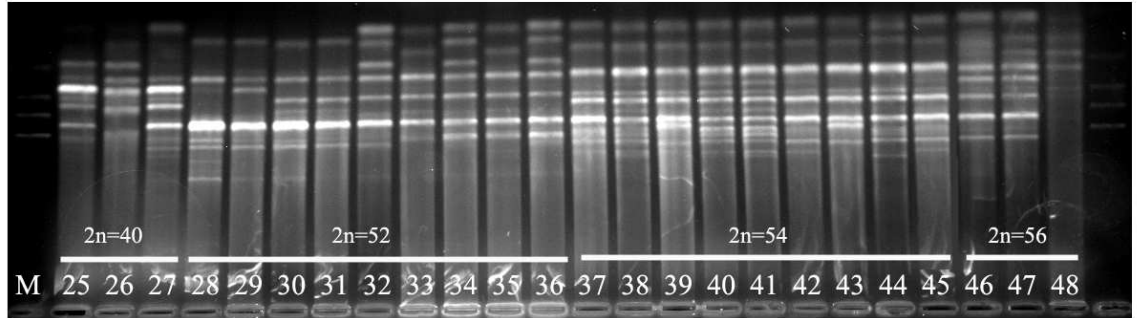
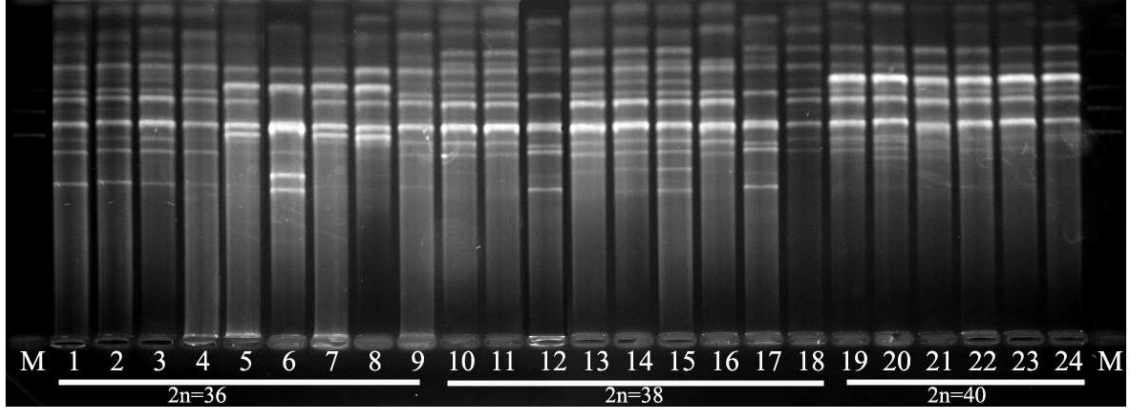
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

5. B-05 Primeri



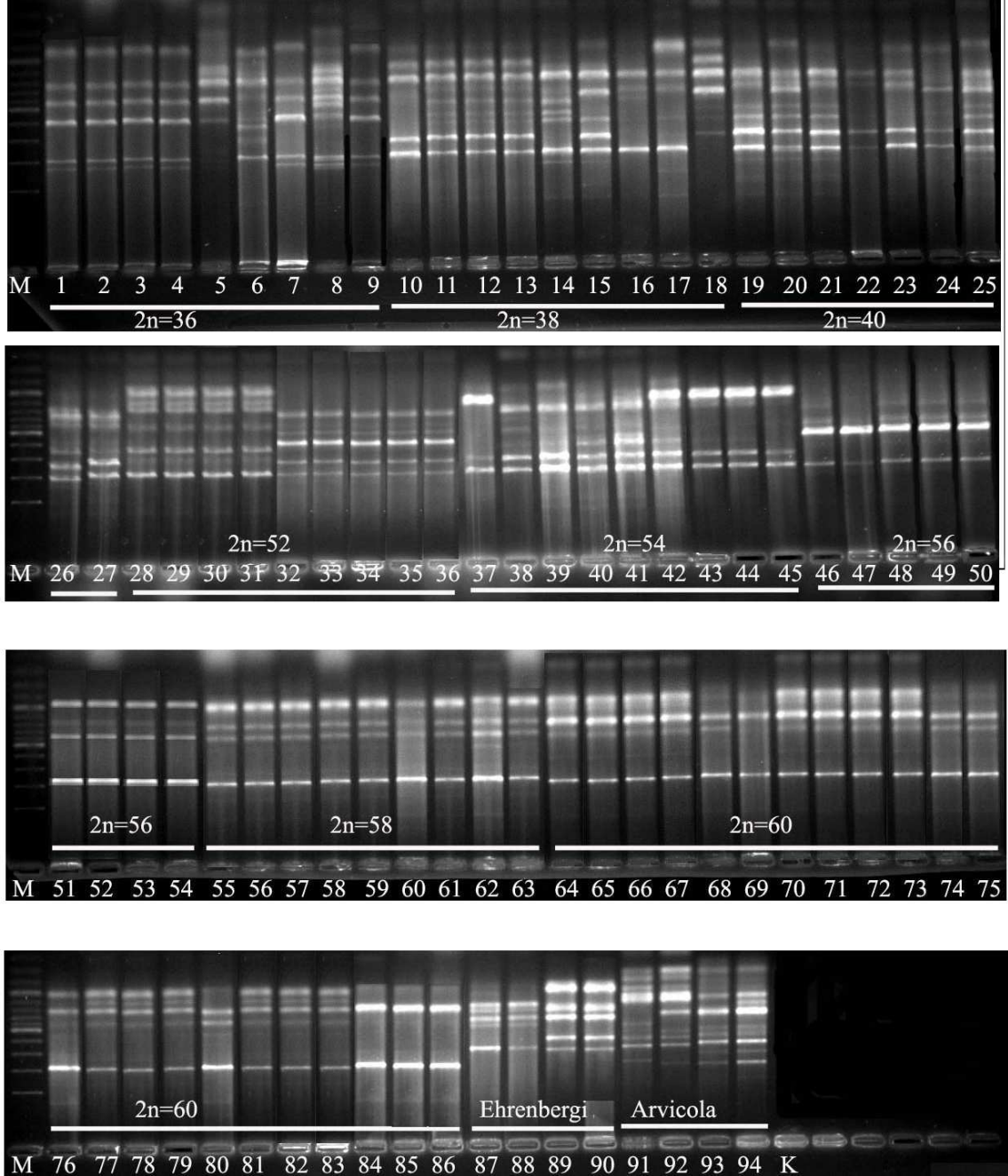
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

6. B-11 Primeri



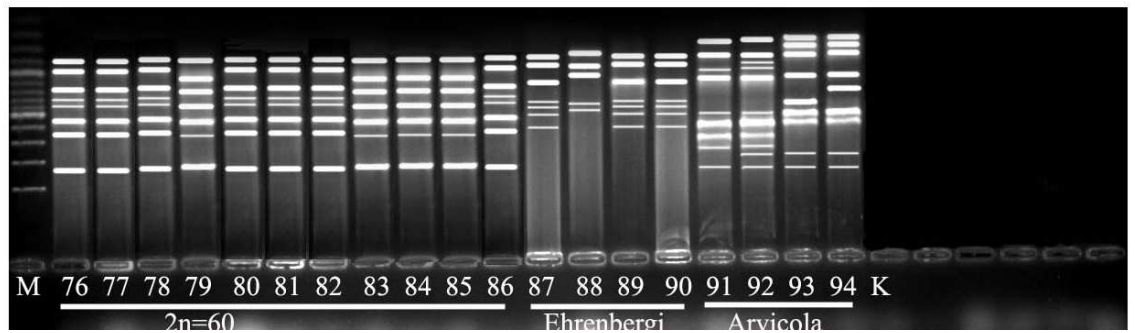
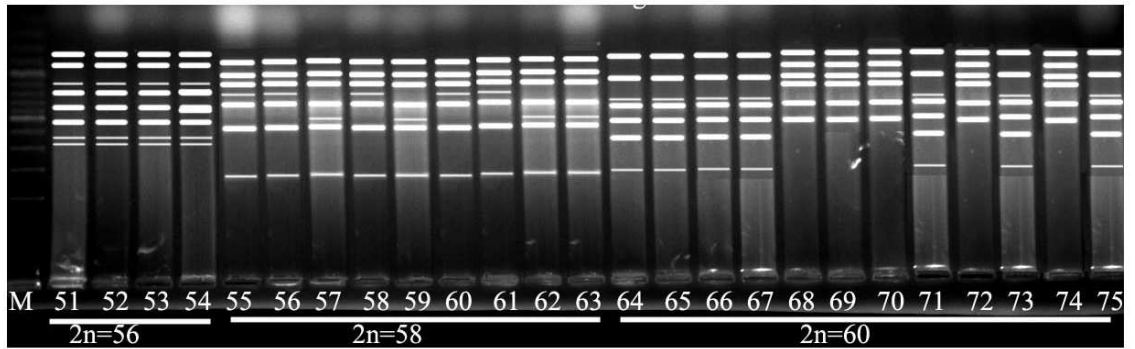
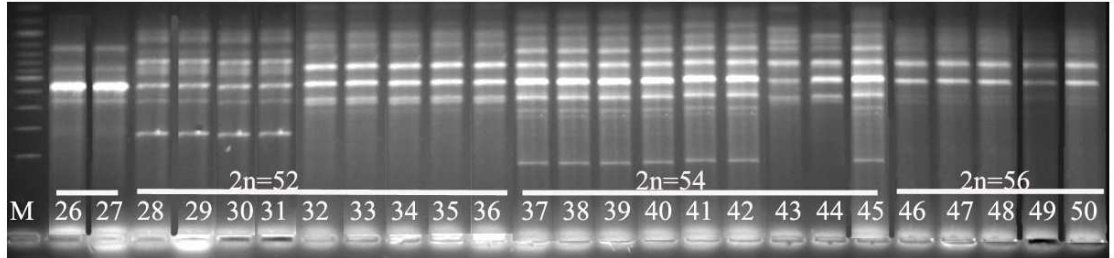
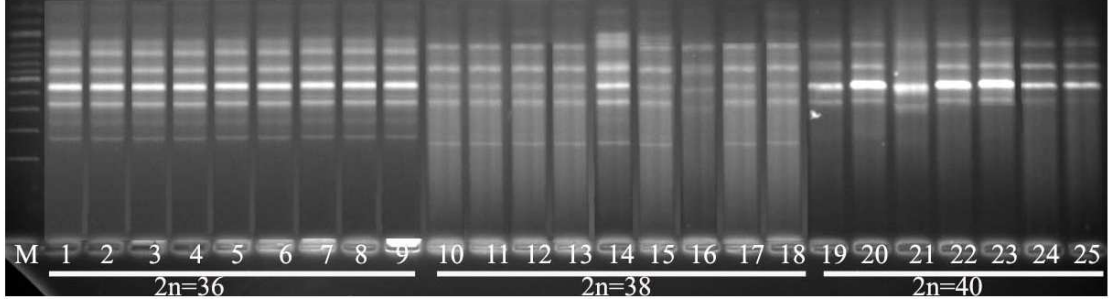
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

7. BC-441 Primeri



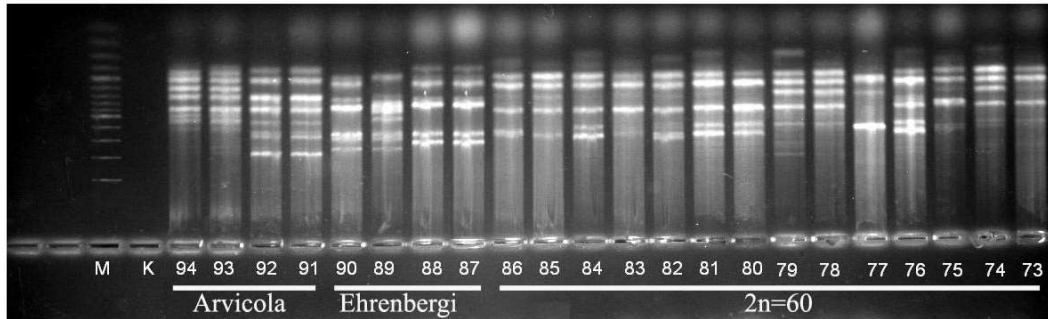
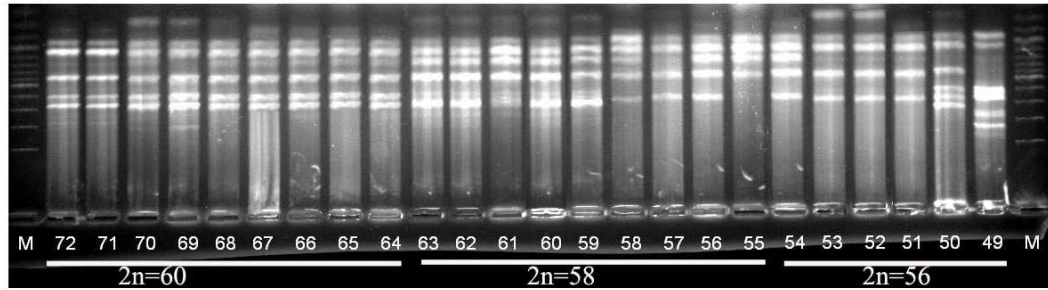
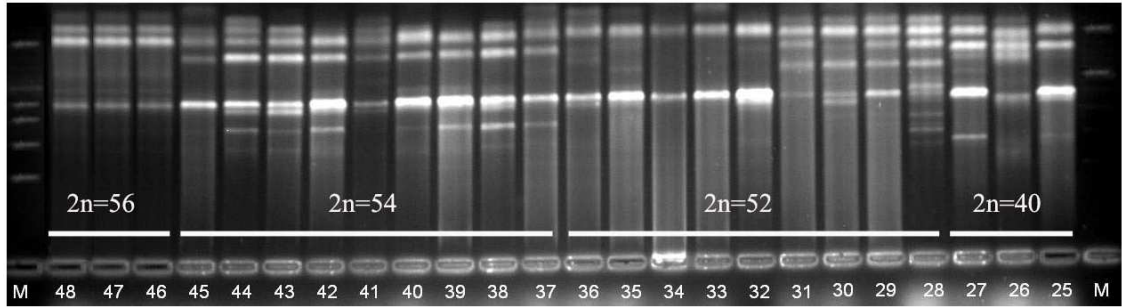
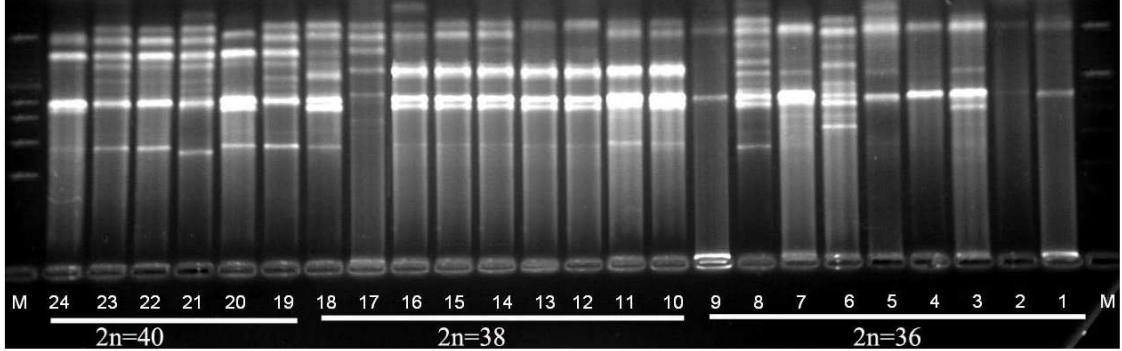
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

8. BC-461 Primeri



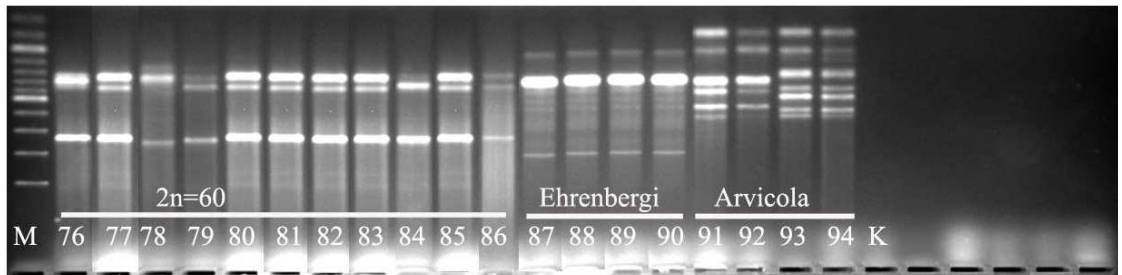
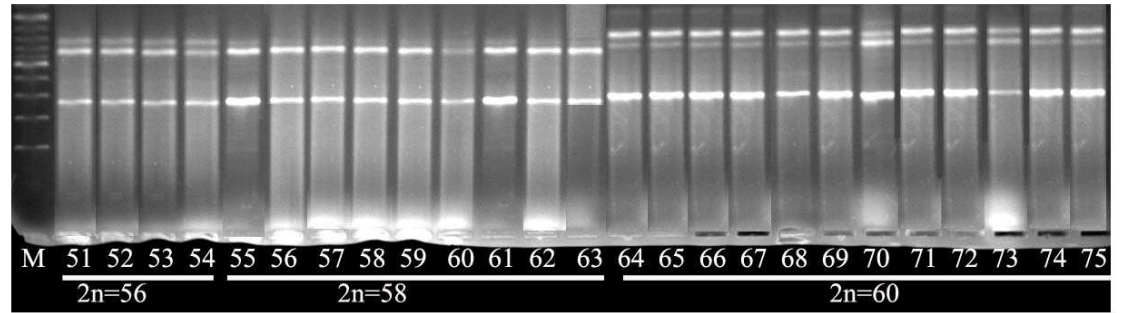
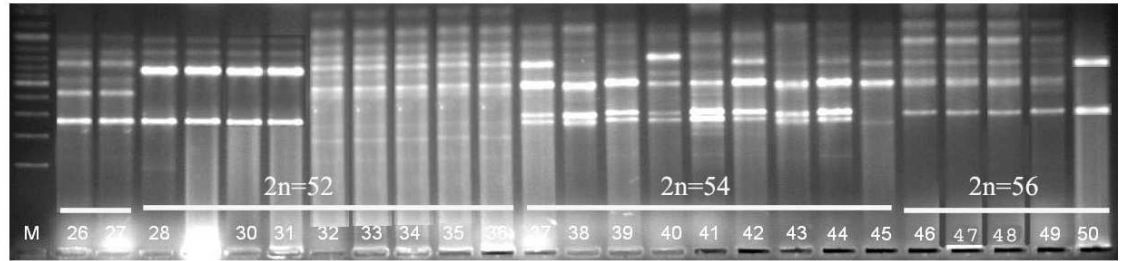
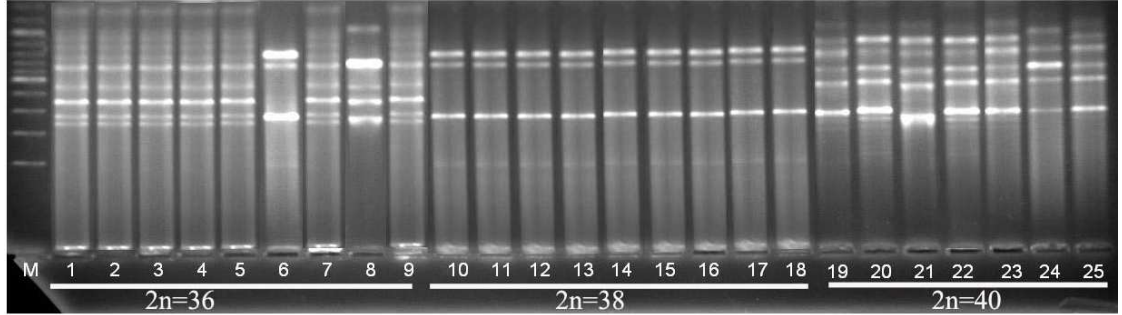
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

9. BC-471 Primeri



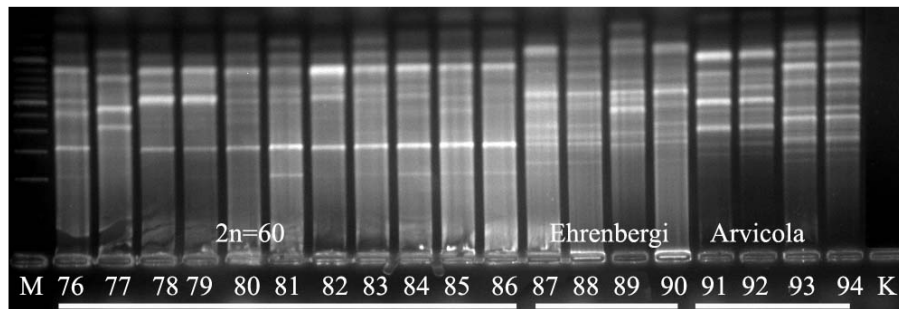
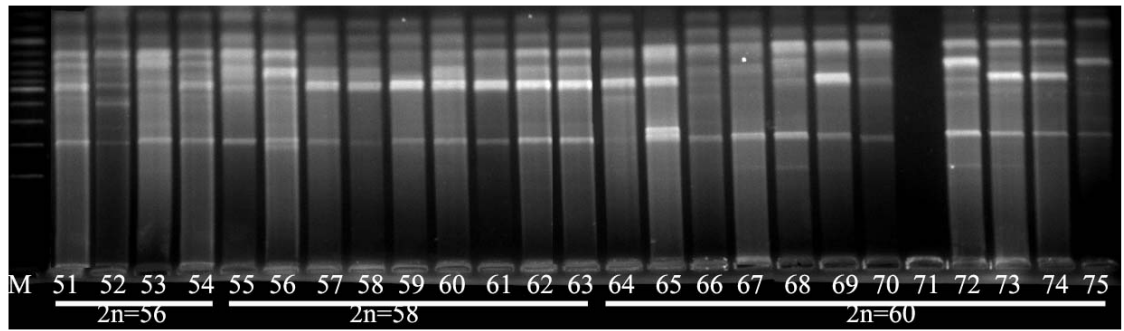
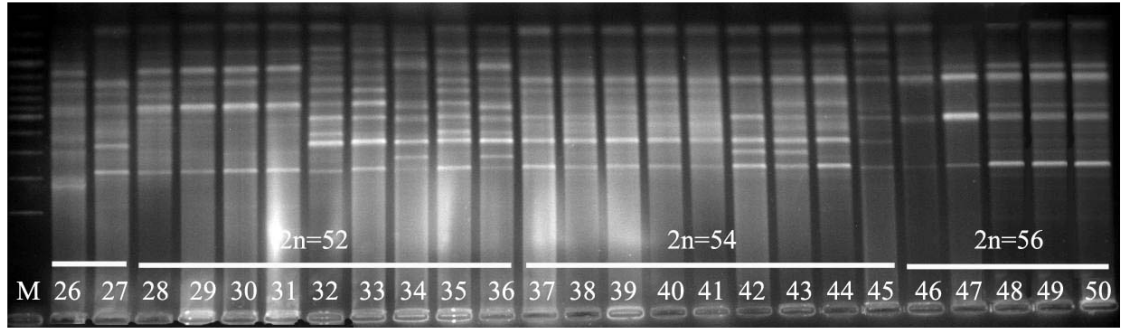
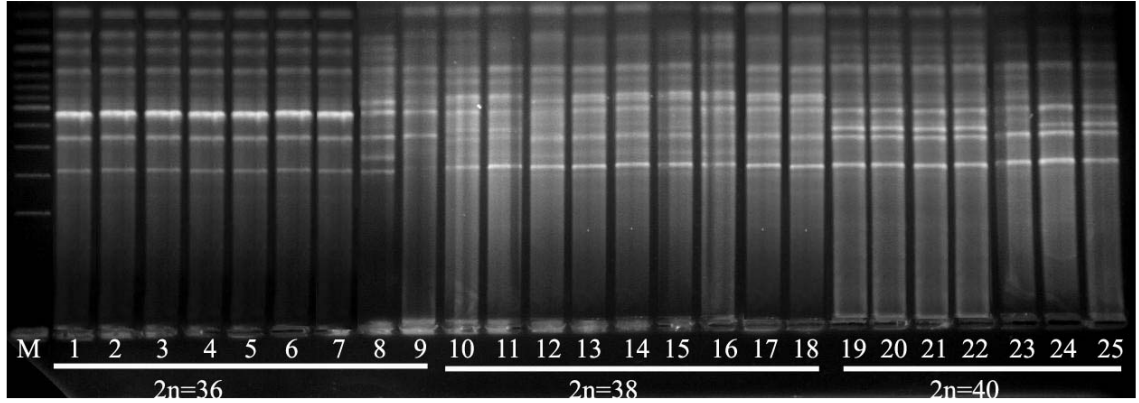
EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

10. BC-591 Primeri



EK 3 RAPD-DNA analizi sonucu elde edilen jel fotoğrafları ve örnek listesi (devam)

11. D-11 Primeri



ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Teoman KANKILIÇ

Doğum Yeri : Ankara

Doğum Tarihi : 21.01.1977

Medeni Hali : Evli

Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

Lise : Yıldırım Beyazıt Lisesi (1994)

Lisans : Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2000)

Yüksek L. : Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı
(2003)

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (2006-2010)

Yayınları (SCI ve diğer)

1. Karataş, A., Gharakheloo, M. M., **Kankılıç, T.** (2008). Karyotypes of Two Iranian Bat Species, *Myotis blythii* and *Miniopterus schreibersii* (Chiroptera: Vespertilionidae, Miniopteridae) Turk. J. Zool. 32, 305-308 (SCI).
2. **Kankılıç, T.**, Çolak, E., Kankılıç, T. (2009). Macro-Anatomical and Karyological Features of Two Blind Mole Rat Subspecies (Rodentia: Spalacidae) from Turkey. Anat. Histol. Embryol. 38, 145-153 (SCI).
3. Karataş, A., Gharakheloo, M. M., **Kankılıç, T.** (2007). Cranial Features and Karyotypes of Two Hedgehogs (Insectivora: Erinaceidae) from Iran. Anat. Histol. Embryol. 36, 419-423 (SCI).
4. **Kankılıç, T.**, Çolak, R., Kankılıç, T., Çolak, E., Karataş, A. (2007). On the karyological evolution of *Spalax leucodon* (Nordmann, 1840) in Turkey. Mammalia. Zoology in the Middle East, 42, 15-24.

5. Mouradi, G. M., Karataş, A., **Kankılıç, T.** (2008). Karyotype of *Pipistrellus kuhlii* (Natterer in Kuhl, 1819) (Chiroptera: Vespertilionidae) from Iran. International Journal of Natural and Engineering Science. 2 (2): 75-76.
6. Çolak, E., Yiğit, N., Sözen, M., Çolak, R., Özkurt, Ş., Kankılıç, T., **Kankılıç, T.** (2006). The Morphological Analysis of *Mus domesticus* and *Mus macedonicus* (Mammalia: Rodentia) in Turkey. Turkish Journal of Zoology. 30, 309-317.
7. **Kankılıç, T.**, Kankılıç, T., Çolak, R., Kandemir, İ., Çolak, E. (2006). Morphological Comparisons of Seven Chromosomal Forms of *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 (Mammalia: Rodentia) in Turkey. Pakistan Journal of Biological Science. 9(13):2419-2425.
8. Kankılıç, T., Yiğit, N., **Kankılıç, T.** (2006). Chromosomal Polymorphism in Thracian Populations of *Rattus rattus* (Linnaeus, 1758) (Rodentia: Muridae). Turkish Journal of Zoology. 30, 319-327.
9. **Kankılıç, T.**, Çolak, R., Kankılıç, T., Çolak, E. (2006). Additional Data to Morphology and Karyology of *Spalax leucodon armenia* Mehely, 1909 and *Spalax leucodon cilicicus* Mehely, 1909 (Rodentia: Spalacidae) from Turkey. Acta Zool. Bulgaria. 59(1), 41-46.
10. **Kankılıç, T.**, Çolak, R., Çolak, E., Yiğit, N. (2005). Allozyme Variation in *Spalax leucodon* Nordmann, 1840 (Rodentia: Spalacidae) in the Area between Ankara and Beyşehir. Turkish Journal of Zoology. 29, 377-384.
11. Karataş, A., **Kankılıç, T.**, Kankılıç, T., Karataş, A., Uçak, M. (26-30 haziran 2006). An Example for Key Biodiversity Area 'KBA' in Turkey: Bor Plateau and Akkaya Dam Lake. 18. Ulusal Biyoloji Kongresi, Adnan Menderes Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Kuşadası-Aydın, Haziran 2006. (Poster)
12. Yavuz, G., Çolak, E., **Kankılıç, T.** (26-30 haziran 2006). Ankara Civarında Yayılış Gösteren Su Sıçanı, *Arvicola terrestris* (Lin., 1758) (Mammalia: Rodentia)'in Ekolojisi Üzerinde Araştırmalar 18. Ulusal Biyoloji Kongresi, Adnan Menderes Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Kuşadası-Aydın, Haziran 2006. Özet Kitabı, sayfa 90.
13. **Kankılıç, T.**, Çolak, R., Kankılıç, T., Çolak, E., Kandemir, I. (2006) Türkiye'de Yayılış Gösteren *Spalax leucodon* Nordman, 1840 (Mammalia: Rodentia)'nun Allozim Varyasyonları. 18. Ulusal Biyoloji Kongresi, Adnan Menderes

Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Kuşadası-Aydın, Haziran 2006. Özet Kitabı, sayfa 90.

14. Çolak, R., **Kankılıç, T.**, Olgun, G., Kandemir, İ., Çolak, E. (2008). Türkiye’de Yayılış Gösteren *Glis glis*’te Allozim Varyasyonları. 19. Ulusal Biyoloji Kongresi, 22-27 Haziran Trabzon, Bildiri Kitabı, Sayfa 492.
15. Çolak, R., Kandemir, İ., Olgun, G., **Kankılıç, T.**, Çolak, E., Yiğit, N., Özkurt, Ş. Ö. (2008) Kuzey Anadolu Bölgesinde Yayılış Gösteren *Clethrionomys Tisellius*, 1850 (Mammalia: Rodentia) Cinsinde Allozim Varyasyonları ve Genetik Farklılaşmalar. 19. Ulusal Biyoloji Kongresi, 22-27 Haziran Trabzon, Bildiri Kitabı, Sayfa 492-493.