

**T.C.**  
**ANKARA ÜNİVERSİTESİ**  
**BİLİMSEL ARAŞTIRMA PROJESİ**  
**KESİN RAPORU**

Proje Başlığı:

**Türkiye’de yayılış gösteren *Dryomys nitedula* (Palas, 1779) ve *Dryomys laniger* Felten and Storch, 1968 (Mammalia: Rodentia)’in Alloenzim Varyasyonları**

Proje Yürütücüsünün İsmi: Prof. Dr. Nuri YİĞİT

Projede yer alan araştırmacılar

Prof. Dr. Ercüment ÇOLAK

Doç. Dr. Reyhan ÇOLAK

Bilim Uzm. Şafak BULUT

Araş. Gör. Pınar ÇAM

Araş. Gör. Fulya SAYGILI

Proje Numarası: 2005 070 51 02

Başlama Tarihi: Ekim 2005

Bitiş Tarihi: Ekim 2008

Rapor Tarihi: 10. Ocak 2008

Ankara Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri  
Ankara - 2008

## **RAPOR FORMATI**

Bilgisayarda 12 punto büyüklüğünde karakterler ile, tercihan "Times New Roman" stili kullanılarak yazılacak ve aşağıdaki kesimlerden (alt kesimler de dahildir) oluşacaktır.

### **I. Projenin Türkçe ve İngilizce Adı ve Özetleri**

### **II. Amaç ve Kapsam**

### **III. Materyal ve Yöntem**

### **IV. Analiz ve Bulgular**

### **V. Sonuç ve Öneriler**

### **VI. Kaynaklar**

### **VII. Ekler**

- a) Mali Bilanço ve Açıklamaları
- b) Makine ve Teçhizatın Konumu ve İlerideki Kullanımına Dair Açıklamalar (BAP Demirbaş numaraları dahil )
- c) Teknik ve Bilimsel Ayrıntılar (varsa Kesim III'de yer almayan analiz ayrıntıları)
- d) Sunumlar (bildiriler ve teknik raporlar)
- e) Yayınlar (hakemli bilimsel dergiler) ve tezler

**NOT** :Verilen kesin rapor 2 nüsha olarak ciltsiz şekilde verilecek, kesin rapor komisyon onayından sonra ciltlenerek bir kopyasının yer aldığı CD veya disket ile verilecektir.

## I. Projenin Türkçe ve İngilizce Adı

**Türkiye’de yayılış gösteren *Dryomys nitedula* (Palas, 1779) ve *Dryomys laniger* Felten and Storch, 1968 (Mammalia: Rodentia)’in Alloenzim Varyasyonları**

### Özet:

Bu çalışmada *Dryomys laniger* Akdeniz bölgesinden 1500 mt’nin üzerindeki 3 farklı lokaliteden kaydedilmiştir ve tek bir grup altında değerlendirilmiştir. *Dryomys nitedula* örnekleri ise Trakya, Batı Anadolu ve Doğu Karadeniz’den elde edilmiş ve örnekler 3 grup altında değerlendirilmiştir. Morfolojik olarak bu iki tür dorsal kürk rengiyle birbirinden kolaylıkla ayrılmakla birlikte, *D.nitedula* altpopulasyonları arasında çok belirgin renk varyasyonuna rastlanmamıştır. Biyometrik analizlerde *D. laniger* daha küçük ölçüleriyle *D. nitedula*’dan belirgin bir şekilde ayrılmış, UPGM kümesine göre *D. nitedula*’nın Trakya ve Batı Anadolu örnekleri birbirine daha yakın bulunmuş, bunların oluşturduğu kümeye Doğu Karadeniz örnekleri bağlanmıştır. Allozimik çalışmalarda her iki türün çalışılan 20 lokusunun 14’ünün de allel varyasyonu saptanmıştır (5 lokus *D. laniger*’de, 9 lokus *D. nitedula*’da). Polimorfik lokusların yüzdesi *D. laniger*’de % 15 olup, bu oran *D. nitedula* % 40 ile % 25 arasında değişmektedir. *Ldh* ve *Gpi* allozimleri, çalışılan her iki türde farklı alellere fikse olmuşlardır ve bu iki türü ayırır niteliktedir. *D. laniger*’de polimorfik olan 5 lokusdan (*Idh-1*, *Pgm*, *Sod*, *Fum*, *Mpi*, *Ca-2*) sadece *Ca-2* lokusu Hardy – Weinberg eşitliğinde değildir, buna göre *D. laniger* populasyonunun genetik bir darboğazda olabileceği düşünülmektedir. *D. nitedula*’da polimorfik olan 9 lokusun ( *$\alpha$ -Gpdh*, *Malik*, *Idh-1*, *G6pdh*, *Sod*, *Ca-2*, *Acon*, *Mpi*, *Pgm*) Hardy – Weinberg dengesinden sapması özellikle Doğu Karadeniz altpopulasyonunda belirgindir. Bu altpopulasyonda 6 lokusta sapma gözlenirken, Batı Anadolu örneklerinde 1 lokusta sapma vardır, Trakya altpopulasyonunun polimorfik lokuslarında ise Hardy – Weinberg eşitliğinden sapma kaydedilmemiştir. Özellikle Doğu Karadeniz populasyonunda sapmanın fazla olması *D. nitedula* türünde  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$ ,  $F_{ST}$  değerlerini orta seviyede veya yüksek seviyeye yakın çıkmasına neden olmuştur. Bu değerler yüksek bir genetik varyasyonu yansıtmaktadır, buna bağlı olarak Nm değeri ise kısmen düşük çıkmıştır. Bu bulgular *D. nitedula* türünün altpopulasyonları arasında farklılaşma düzeyinin yüksek olduğunu ve gen akışında kısmen de olsa bir izolasyonun bulunduğunu göstermektedir.

**Allozyme variations in *Dryomys nitedula* (Palas, 1779) and *Dryomys laniger* Felten and Storch, 1968 (Mammalia: Rodentia) distributed in Turkey**

**Abstract:** Biometric and allozymic variations were analyzed in 2 species representing three populations of *Dryomys nitedula* from Central Anatolia, Turkish Thrace and the Black Sea region of Turkey and one population of *Dryomys laniger* from the southern part of Turkey. It was determined that these species are readily distinguishable from each other by dorsal fur colour, but there is no marked colour variation among the subpopulations of both species. In statistical analysis, *D. laniger* was also found to be statistically different from *D. nitedula* with small biometric characteristics, however specimens of *D. nitedula* from Thrace and Western Anatolia come close in the UPGM cluster, specimens from Eastern Black Sea secondly connected to this cluster.

Nine of twenty loci ( $\alpha$ -Gpdh, Me, Idh-1, G<sub>6</sub>pdh, Sod, Ca-2, Acon, Mpi, Pgm) were found to be polymorphic in *D. nitedula* populations and four polymorphic loci (Idh-1, Sod, Fum ve Mpi) in *D. laniger*. Ldh and Gpi loci were fixed in the different alleles between *D. nitedula* and *D. laniger*. The percentage of polymorphic loci varies from 25 to 40 in *D. nitedula* and is 25 in *D. laniger*. The mean value of the fixation index was  $F_{ST} = 0.13$  indicating moderate / high genetic differences between the subpopulations of *D. nitedula*. Therefore the Nm was calculated as 0.165 indicating relatively low level of gene flow between the subpopulations. Nei's measure of genetic distance varied from D= 0.006 to D= 0.030 between the subpopulations of *D. nitedula* and the highest D value appeared between the Black Sea subpopulation of *D. nitedula* and *D. laniger* (D= 0.187).

**Keywords:** *Dryomys nitedula*, *Dryomys laniger*, multivariate analysis, allozyme, Turkey

## II. Amaç ve Kapsam

Bu projede *D. nitedula* ve *D. laniger*'in alloenzimlerindeki allel frekanslarının belirlenmesi ile iki tür arasındaki genetik ilişkinin Nei (1978) tarafından tanımlanan genetik mesafe (D) indeksine göre ortaya konulması ve Türkiye için endemik bir tür olan *D. laniger*'in yayılış sınırlarının belirlenmesi amaçlanmıştır.

Türkiye'de *Dryomys* cinsi "*Dryomys nitedula* (Palas, 1778) ve *Dryomys laniger* Felten and Stroch, 1968" olmak üzere 2 türle temsil edilmektedir. Bu iki türün yanında ilk olarak alttür olarak tanımlanan *Dryomys nitedula pictus* (Blanford, 1875), Mursaloğlu (1973) tarafından ayrı bir tür olarak dikkate alınmıştır. Burada bahsedilen türlerden Kaya Uyuru olarak bilinen *D. laniger* Türkiye için endemik bir türdür ve Çıglıkara-Antalya'dan Bolkar Dağları (Niğde)'na kadar bir alandan kaydı vardır. Bazı araştırmacılar bu türün yayılışını Malatya ve Tunceli yöresine kadar genişletmektedir. Ancak bu endemik türün batıdaki ve doğudaki yayılış sınırları tam olarak bilinmemektedir. Yine Türkiye'nin her tarafında genelde 1000 metrenin üzerindeki meyvelikler ve dere kenarlarındaki söğütliklerde yaygın olarak bulunan ve Bahçe Uyuru olarak bilinen *D. nitedula*, *D. laniger*'in yayılış alanı içinde kısmen simpatrik olarak da bulunmaktadır. Bu iki yakın tür arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koyacak bir çalışma henüz yapılmamıştır. *D. laniger* üzerine yapılan nadir çalışmalardan bir Kıvanç et al (1997) tarafından yapılan karyolojik çalışmadır. Bunun dışında *D. nitedula*'nın izoenzim varyasyonları allel frekansları üzerinde Filipucci et al. (1994)'nin yapmış olduğu bir çalışma bulunmaktadır. Bu nedenle bu çalışmada *D. laniger*'in Türkiye'nin batısındaki ve doğusundaki en uç yayılış alanlarının saptanması, her iki türün alloenzimleri çalışılarak, allel frekanslarındaki olası farklılıkların ortaya konulması, ve Nei (1978) tarafından tanımlanan genetik mesafe indeksinin (D) belirlenmesi projenin odak noktasını oluşturmaktadır. Bu kapsamda yapılan bu çalışmayla iki tür arasındaki allozim varyasyonları, filoetik ilişkiler ortaya konulmuş ve endemik bir tür olan *D. laniger*'in yayılış sınırlarının belirlenmesine çalışılmış, bu yolla türün yayılışına ve genetik özelliklerine katkı sağlanmıştır.

## III. Materyal ve Yöntem

Proje çalışmaları hem arazi hem de laboratuvarında olmak üzere iki aşamalı olarak yürütülmüştür. Türkiye genelinde yürütülen arazi çalışmalarıyla, canlı ve ölü örnekler toplanmış, ölü örnekler laboratuvarında değerlendirilerek herbirinde aşağıda belirtilen ölçülerin yanında literatürde ayırıcı olarak tanımlanan karakterlerin ölçüleri alınarak bütün örnekler morfolojik ve biyometrik olarak karşılaştırılmıştır. Canlı örnekler üzerinde aşağıda ayrıntılı olarak açıklanan Starch-Gel

Elektroforez tekniđi kullanılarak her bir örnekten 17 enzim sistemi ile 20 lokus incelenmiştir.

Araziden ölü olarak alınan örneklerin arazide beş dış ölçüsü; TBL-tüm boy, TL-kuyruk uzunluğu, HFL-ardayak uzunluğu, EL-kulak uzunluğu , W-ağırlığı ve T x 100/HB-kuyruk uzunluğunun baş-beden uzunluđına oranı alındıktan sonra standart müze araştırma materyali tipinde tahnit edilmiştir. Örneklerin kafatası iskeletleri temizlendikten sonra aşağıdaki ölçüler alınmıştır;

ZB-Zygomatik genişlik, IC-İnterorbital genişlik, GLS-Kafatasının en büyük uzunluğu,ONL-Oksipitonazal uzunluk, NL-Nasal uzunluk, NW-Nazal genişlik, BL-Basal uzunluk, LFR- Kafatasının yüz bölgesinin uzunluğu, LBC-Beyin kapsülü uzunluğu, HBB-Bullalı beyin kapsülü yüksekliđi, HBWB-Bullasız beyin kapsülü uzunluğu, OW-Oksipital genişlik, IFL-Foramen insisiva uzunluğu, DL-Diastema uzunluğu, PL-Damak uzunluğu, LTB-Bulla uzunluğu, MAL-Mandibular uzunluk, LLPM-Alt molar uzunluğu ve LLTR-Üst molar alveolar uzunluğu, LUTR-alt molar alveolar uzunluk, LUPM-Üst molar uzunluğu.

Alloenzim elektroforezi; Aşağıda açık isimleri ve enzim kod numaraları verilen 17 enzim sistemi çalışılmıştır. Shaw and Prasad (1970) ve Harris and Hopkinson (1976)'a göre optimize edilen elektroforez protokolü kullanılmıştır.

Çalışılan enzimler ve kodları;

- E.C. 4.1.2.13 Aldolase
- E.C. 1.1.1.49 Glucose-6- phosphate dehydrogenase
- E.C. 5.3.1.9 Glucose-6- phosphate isomerase
- E.C. 1.2.1.12 Glyceradehyde-3- phosphate dehydrogenase
- E.C. 1.1.1.8 Glycerol-3-phosphate dehydrogenase
- E.C. 2.7.1.1 Hexokinase
- E.C. 1.1.1.42 Isocitrate dehydrogenase
- E.C. 1.1.1.27 Lactate dehydrogenase
- E.C. 1.1.1.37 Malate dehydrogenase
- E.C. 1.1.1.40 Malic enzyme
- E.C. 5.3.1.8 Mannose phosphate isomerase
- E.C. 5.4.2.2 Phosphoglucomutase
- E.C. 1.15.1.1 Superokside dismutase
- E.C. 4.2.1.2 Fumarate Hydratase
- E.C. 1.1.1.44 Phosphogluconate dehydrogenase

E.C. 4.2.1.3 Aconitate Hydratase

E.C. 4.2.1.1 Carbonic Anhydrase

Alloenzim çalışmalarında izlenen metod aşağıda verilmiştir;

Nişasta jel elektroforez deneyinin yapılışı:

1. Doku Homojenizasyonu: - 80 °C' de uzun süreli veya - 20 °C' de kısa süreli muhafaza edilmekte olan kas dokusundan küçük bir parça ependorf tüp içine alınır, üzerine çok az miktarda jel tamponu ilave edilerek rodajlı cam çubukla tüp içinde ezilir. Bu homojenat doğrudan kurutma kağıdına emdirilerek jele yüklenebildiği gibi, homojenat kullanılmadan hemen önce hücresel kalıntılardan ayrıştırılan proteinleri ayırmak için santrifüj de edilebilir (10 000 rpm` de 15 - 30 dak).

2. Jelin hazırlanması: Jeli hazırlamak için % 12 oranında nişasta içeren tampon çözelti içinde (kullanılacak enzime göre değişen formülasyonlarda Tris tamponu) kaynatılarak hazırlanır. Kaynamanın hemen arkasından su trompu ile vakum uygulanarak jel karışımının havası alınır. Jel kalınlığı 1 cm olacak şekilde jel kabına dökülerek pastör pipeti ile hava kabarcıkları alınır. Polimerizasyon için 45 - 60 dakika (tercihen) buzdolabında bekletilir.

3. Jelin Yüklmesi (Gel loading): Hazırlanan homojenatlar 1 x 0,4 cm boyutlarında filtre kağıdı (Whatmann no: 3) parçasına absorbe edilir. Örnek içeren kağıt parçaları jeldeki çukurlara yerleştirilir. Jel horizontal olarak elektroforez tankına yerleştirilir.

4. Elektroforez: Elektroforez tankının bölmelerine çalışılacak enzime özgü elektrot tamponu (tris ve borik asit esaslı) doldurulur. Tanktaki elektrot tamponu ve jel arasında teması sağlamak için sünger aparatlar kullanılır. Bu düzenek + 4 °C`de buz dolabına yerleştirilir ve güç kaynağına bağlanır. 120 Volt'ta 2.5 – 3 saat kadar örnekler jelde koşturulur.

5. Jelin dilimlenmesi (Jel slicing): İstendiği takdirde elektroforez tamamlandıktan sonra jel gergin bir tel yardımıyla horizontal olarak 2 mm kalınlığında dilimlenir. Her bir tabaka birkaç farklı enzimin boyanmasında kullanılabilir.

6. Histokimyasal boyama: Enzime özgü boyama tamponu içinde reaksiyon karışımı hazırlanır ve jelin üzerine dökülür. İnkübasyon ve bantların belirmesi için jel etüvde 37 °C`de ve karanlıkta 1 – 1.5 saat bekletilir.

7. Jel fiksasyonu: Enzim bantları görüldükten sonra jel fiksasyon solüsyonu [metanol: asetik asit (45:55)] ile yıkanarak reaksiyon durdurulur.

8. Sonuçların belgelenmesi: Boyama tamamlandığında jel ışık kutusu üzerine yerleştirilerek fotoğrafı çekilir ve gözlenen bant kalıpları çizilir. Enzim sistemlerinin genetik kontrolü ve alt ünite yapısını belirleyen bu zimogramlardan değerlendirme yapılır.

Allozimlerde numaralandırma en yaygın allele göre yapılır. En yaygın alel AA olmak üzere alleller AA ve BB .. gibi harflerle gösterilir. Türlerdeki allel frekansları ve genetik farklılığın miktarı ise

BIOSYS ve NTSYS paket programları kullanılarak analiz edildi (Sokal and Sneath 1963, Swofford and Selander 1989, Black 1997, Rohlf 2000). F istatistiği ve Nm (gen akışı, number of migrant) hesaplandı (Wright, 1951, 1965, 1978).

#### IV. Analiz ve Bulgular

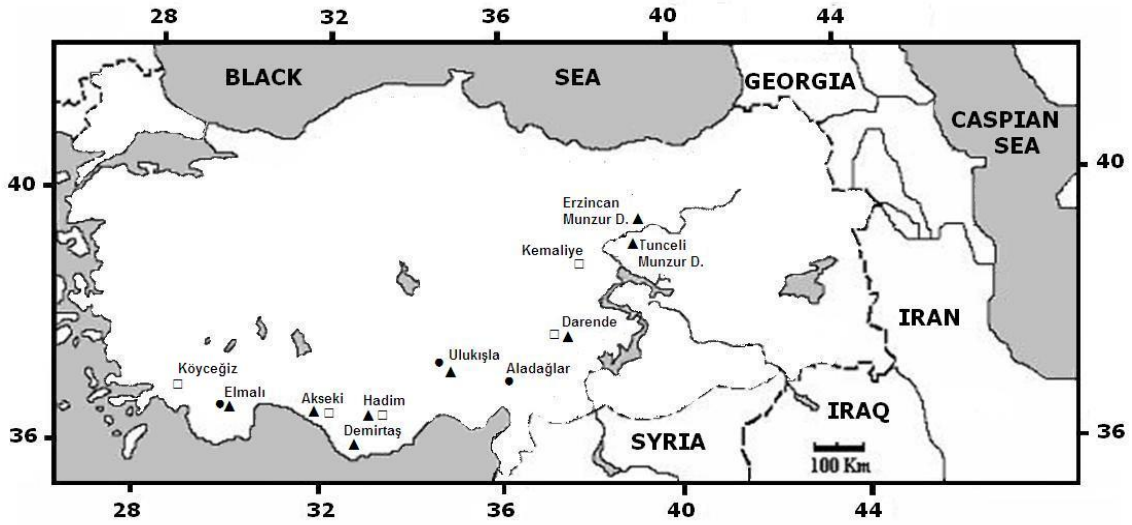
Türkiye’de *D. nitedula* karışık ormanlar ve meşe ormanları, özellikle de akarsu boyunca uzanan çalılıklarda yayılış gösterir. Enzim çalışması için kullanılan örneklerin yakalandığı lokaliteler Şekil 1, 2’de ve Tablo 1’de gösterilmiştir. Şekil 3’de ve 4’de ise çalışılan türlerin fotoğrafları görülmektedir. Bizim kayıtlarımıza ilaveten Storch (1978), Kryštufek and Vohralik (1994) tarafından *D. nitedula*’nın Türkiye’deki yayılışı çok sayıda lokaliteden kayıt verilerek desteklenmiştir. Bu tür genellikle karışık orman kenarlarındaki bahçe içlerinde yaygın olarak bulunur. Endemik bir tür olan *D. laniger*’in yayılışı Türkiye’nin güneybatısından Orta Anadolu’ya kadar uzanır. Güneybatı Anadolu’daki habitatında sedir (*Cedrus libani*), ardıç (*Juniperus excelsa*, *J. foetidissima*, *J. oxycedrus*), servi (*Cupressus sempervirens*), köknar (*Abies cilicica*) ve meşe (*Quercus cocciferae*) ağaçları dominant olan türlerdir. Orta Anadolu’daki habitatında ise bitki örtüsü seyrek ve toprak hemen hemen tamamen kayalık ve taşlıktır. Bu tür çalışılan bölgelerde deniz seviyesinden 1000 mt’nin üzerinden itibaren yayılış yapmaktadır. Kıyı bölgelerinde yapılan çalışmalarda, bu türe rastlanmamıştır. Özellikle bu türün daha alçak rakımlarda yayılış yapıp yapmadığını belirlenmesine yönelik olarak Köyceğiz (Muğla)’da kıyıda 300 – 400 m yüksekliklere kadar olan kesimlerdeki uygun habitatlarda yoğun çalışma yapılmış ancak örnek elde edilememiştir. Bu bulgular Felten and Storch (1968), Spitzenberger (1976) ve Yiğit et al. (1993)’in bulgularıyla uyum sağlamaktadır.

Türkiye genelinde yapılan arazi çalışmaları sonucu çeşitli lokalitelerden elde edilen *Dryomys* türleri “*Dryomys laniger* (Felten and Storch, 1968) ve *Dryomys nitedula* (Palas, 1779)” 4 grup altına alınmış ve değerlendirmeler bu 4 grup üzerinden yapılmıştır (Şekil 1, 2 Tablo1). Bu gruplar içinde *D. laniger*, “DL1” olarak tek grup, *D. nitedula* ise “DN1, DN2, DN3” olacak şekilde 3 grup olarak ele alınmıştır. Bu grupların kapsadığı lokaliteler aşağıda verilmiştir;

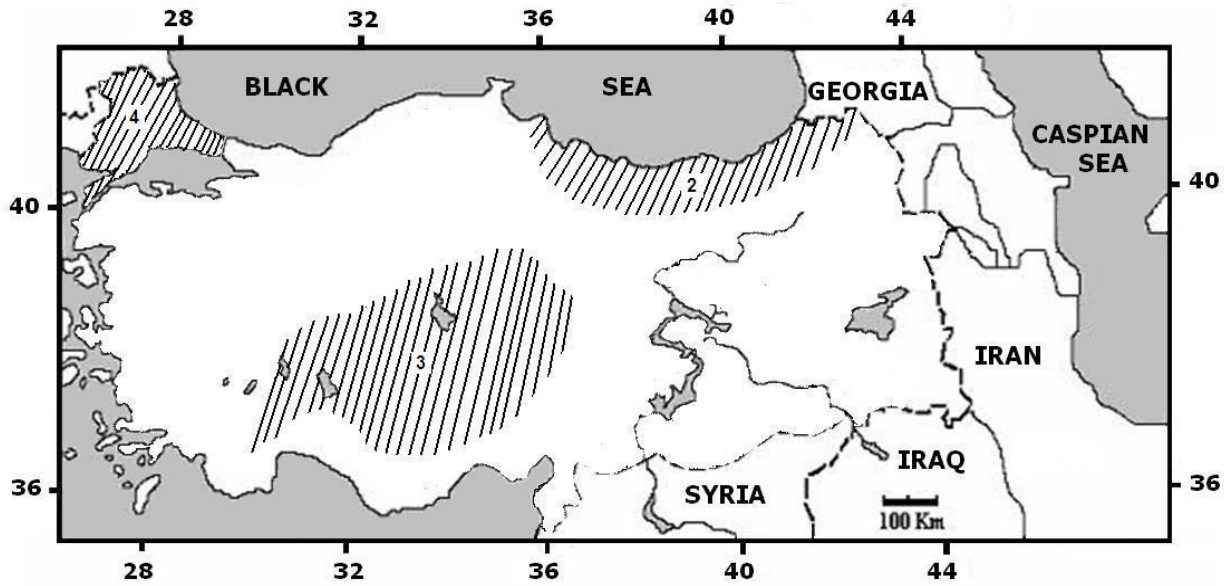
Tablo 1. Çalışılan popülasyonlarla ilgili kısaltmalar, DL: *Dryomys laniger*, DN: *Dryomys nitedula*

Kısaltmalar	Pop. no	Lokaliteler
DL1	1	Elmalı (Antalya); Bolkar Dağları, Aladağlar (Niğde)
DN1	2	Çamlıhemşin, Çat (Rize); Karanlıkmeşe, Şavşat (Artvin); Çakallı (Samsun)
DN2	3	Elmalı (Antalya); Çay (Afyon); Pınarbaşı (Kayseri); Bolkar Dağları (Niğde)
DN3	4	Edirne





Şekil 1. Proje kapsamında yapılan arazi çalışmaları sonucu *Dryomys laniger* örneklerinin yakalandığı lokaliteler; □ çalışılan fakat örnek yakalanamayan bölgeler, ▲ literatür kayıtları, ● çalışılan ve örnek elde edilen bölgeler



Şekil 2. Proje kapsamında yapılan arazi çalışmaları sonucu *Dryomys nitedula* örneklerinin yakalandığı lokaliteleri gösteren bölgeler



Şekil. 3. Türkiye'ye endemik Anadolu Kaya Uyuru "*D. laniger*"



Şekil. 4. Trakya ve Anadolu’da karışık orman, çalılık ve meyve bahçelerini habitat olarak olarak tercih eden Bahçe Uyuru “*D. nitedula*”

### Morfolojik Değerlendirme

**Dış Karakterler:** Trakya bölgesi *D. nitedula* örneklerinde TBL ve TL sırasıyla 172 – 210 mm. Arasındadır ve 73 - 110 mm. arasındadır (Tablo 2). Kuyruk uzunluğu baş ve vücut uzunluğunun % 96,7’dir. Dorsal kürk genellikle sarımsı kahverengidir. Fakat bazı türlerde kırmızımsı dorsal renge rastlamak mümkündür. Dorsal kılların rengi buruna doğru soluklaşır. Gözlerin etrafını saran kulakların hemen önündeki siyah sürme önemli bir ayırıcı karakterdir. Kulakların iç ve dış tarafı seyrek ve kısa kıllarla kuşatılmıştır. Kuyruk tüyleri dorsal tüylerden oldukça farklı bir renge sahiptir ve kuyruk tüyleri dorsal tüylerden uzundur.

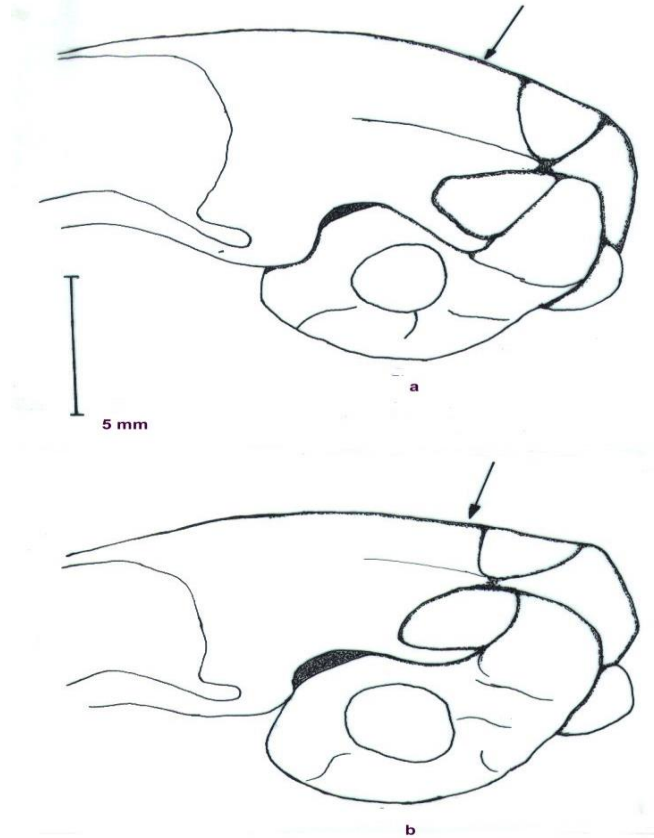
Anadolu’dan elde edilen *D. nitedula* örneklerinde ise TBL 150 - 240 mm, TL 59 -110 mm, HFL 18 - 22 mm. ve EL 11 - 16 mm. olarak ölçülmüştür. Kuyruğun baş-beden uzunluğuna oranı % 87,5’dir. Örneklerin kürk özellikleri Trakya popülasyonu örnekleri ile aynı şekildedir, fakat kulağın önüne ve altına yerleşmiş küçük kahverengimsi bir nokta Anadolu popülasyonunda dikkat çekmiştir ve bu karakter iki popülasyonu ayıran küçük bir özelliktir.

Karadeniz bölgesinden elde edilen örneklerde TBL 196 - 150 mm, TL 57 - 94 mm, HFL 20 - 22 mm ve EL 12 - 17 mm olarak ölçülmüştür. Kuyruk uzunluğu baş-beden uzunluğundan % 83,5’lik bir oranla Anadolu ve Trakya popülasyonlarına göre oldukça kısadır. Vücudun dorsalindeki tüylerde kırmızımsı ve sarımsı tüyler daha ağırlıklıdır ve Karadeniz Bölgesi’nden elde edilen örnekler dorsaldeki bu renkten ayırt edilebilir.

*D. laniger* örneklerinin dış ölçülerinden total boy uzunluğu ve kuyruk uzunluğu *D. nitedula* örneklerinininkinden daha azdır, ANOVA testi ile yapılan karşılaştırmalarda bu fark ortaya konmuştur ( $p < 0.05$ ). Ölçülen karakterlerden TBL 153 - 170 mm, TL 53 - 75 mm, HFL 16 - 19



mm ve EL 12 - 17 mm aralığındadır. Kuyruk uzunluğu baş-beden uzunluğundan dikkate değer bir şekilde kısadır. Dorsal kürk az miktarda siyahımsı ve sarımsı ama genelde grimsi tüylerle kaplıdır. Dorsalde bulunan sarımsı tüyler kuyruk tüylerinde gözlenmemiştir. Aladağlar' dan alınan örneklerde dorsal kürkte sarımsı tüyler yok denecek kadar azdır ve dorsal diğer populasyonlardan daha koyu bir renge sahiptir. Bu iki tür arasında kafatasında da önemli fark vardır; özellikle *D. nitedula*'nın parietal ve interparietal kemikleri aşağı doğru eğimli iken, bu kısım *D. laniger*'de oldukça düzdür (Şekil 5).



Şekil 5. *D. nitedula* (a) ve *D. laniger* (b) kafatasının karşılaştırılması (yandan görünüm), oklar parietal ve interparietal kemikteki aşağı doğru olan eğimi göstermektedir.

Tablo 2. *Dryomys nitedula* ve *Dryomys laniger*'in dış karakter ölçüleri ve kafa ölçüleri ve ağırlığı; *D. nitedula* (Trakya, n= 23), *D. nitedula* (Anadolu, n= 8) *Dryomys laniger* (Anadolu, n= 10), *D. nitedula* (Karadeniz n=8)

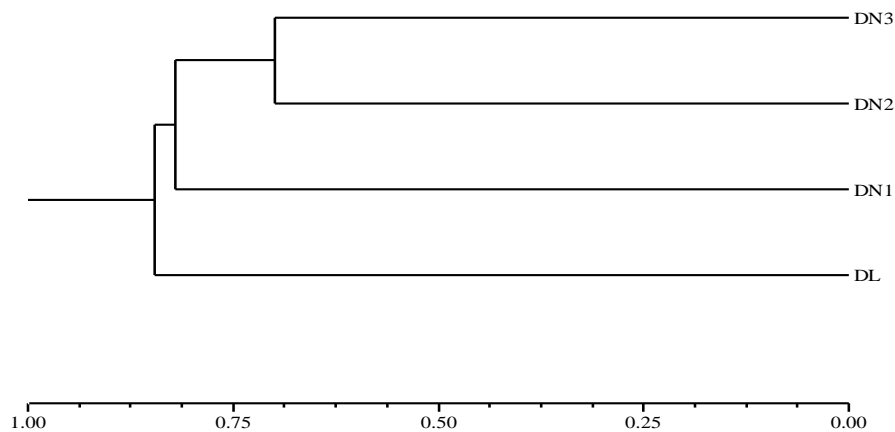
SD: standart sapma, n: örnek sayısı.

Ölçü karakterleri, ve ağırlık	<i>D. nitedula</i> (Trakya) (n= 24) Mean $\pm$ SD (Min - Max)	<i>D. nitedula</i> (Batı Anadolu) (n= 8) Mean $\pm$ SD (Min - Max)	<i>D. laniger</i> (n= 10) Mean $\pm$ SD (Min - Max)	<i>D. nitedula</i> (Karadeniz) (n=8) Mean $\pm$ SD (Min - Max)
TBL	186 $\pm$ 10.74 (172 - 210)	195 $\pm$ 29.80 (150 - 240)	150 $\pm$ 7.28 (153 - 170)	174,4 $\pm$ 16,4 (196 - 150)
TL	92 $\pm$ 7.90 (73 - 110)	87.0 $\pm$ 18.0 (59 - 110)	73 $\pm$ 7.73 (53 - 75)	79 $\pm$ 14,23 (94 - 57)
HFL	21 $\pm$ 0.76 (19 - 22.5)	21.50 $\pm$ 1.50 (18 - 22)	18 $\pm$ 1.11 (16 - 19)	20,85 $\pm$ 0,9 (20 - 22)
EL	14.0 $\pm$ 0.71 (11 - 15)	14.50 $\pm$ 1.91 (11 - 16)	14.1 $\pm$ 1.96 (12.1 - 17.0)	13,71 $\pm$ 1,7 (12 - 17)
Tx100 / HB	96.7 $\pm$ 7.83 (89.7 - 111.8)	87.50 $\pm$ 14.50 (57 - 97)	79 $\pm$ 11.66 (53 - 89)	83,5 $\pm$ 15,2 (80 - 87,5)
W (gr)	28.0 $\pm$ 4.17 (17 - 35)	22.50 $\pm$ 3.63 (15 - 25)	20 $\pm$ 5.33 (17 - 32)	23,6 $\pm$ 3,6 (20 - 30)
ZB	15.8 $\pm$ 0.45 (15.1 - 16.6)	15.40 $\pm$ 0.58 (14.3 - 16.2)	14.4 $\pm$ 0.54 (13.8 - 15.2)	15,7 $\pm$ 0,64 (14,8 - 16,7)
IC	4.1 $\pm$ 0.15 (3.8 - 4.4)	4.15 $\pm$ 0.12 (4.0 - 4.4)	4.3 $\pm$ 0.14 (4.2 - 5.4)	4,21 $\pm$ 0,17 (3,84 - 4,36)
CBL	24.4 $\pm$ 0.52 (23.6 - 25.4)	24.0 $\pm$ 0.47 (23.0 - 24.8)	24 $\pm$ 0.52 (23.1 - 26.7)	25,92 $\pm$ 0,99 (24 - 26,87)
GLS	27.0 $\pm$ 0.60 (25.9 - 27.5)	26.40 $\pm$ 0.78 (25.4 - 26.7)	26.6 $\pm$ 0.73 (25.7 - 27.5)	26,24 $\pm$ 0,83 (24,7 - 27)
BL	22.5 $\pm$ 0.72 (20.7 - 23.7)	22.0 $\pm$ 0.41 (21.6 - 22.6)	22 $\pm$ 0.39 (21.9 - 23.0)	22,3 $\pm$ 0,85 (20,9 - 23,49)
NL	8.6 $\pm$ 0.47 (7.7 - 10.0)	8.80 $\pm$ 0.41 (8.6 - 9.0)	8.5 $\pm$ 0.25 (8.4 - 8.7)	9 $\pm$ 0,55 (8,5 - 9,84)
NW	2.7 $\pm$ 0.19 (2.6 - 3.0)	2.40 $\pm$ 0.16 (2.2 - 2.7)	2.4 $\pm$ 0.18 (2.3 - 2.8)	2,9 $\pm$ 0,3 (2,6 - 3,3)
LFR	11.8 $\pm$ 3.35 (11.0 - 12.1)	11.60 $\pm$ 0.47 (10.8 - 12.4)	11.4 $\pm$ 0.38 (10.4 - 11.5)	14,4 $\pm$ 1,18 (13,3 - 16,8)
LBC	13.8 $\pm$ 0.33 (12.2 - 14.5)	13.50 $\pm$ 0.47 (12.6 - 13.9)	13.3 $\pm$ 0.40 (12.7 - 13.8)	12,3 $\pm$ 0,46 (12 - 13,12)
MAB	8.3 $\pm$ 0.30 (7.9 - 9.0)	8.0 $\pm$ 0.37 (7.8 - 8.9)	7.9 $\pm$ 0.26 (7.7 - 8.5)	9,3 $\pm$ 0,3 (8,8 - 9,8)
OW	13.1 $\pm$ 0.25 (12.5 - 13.3)	12.5 $\pm$ 0.19 (12.3 - 12.9)	12.9 $\pm$ 0.50 (11.8 - 13.6)	4,5 $\pm$ 0,28 (4,1 - 5)
DL	6.5 $\pm$ 0.31 (5.9 - 7.2)	6.7 $\pm$ 0.26 (6.4 - 7.2)	6.2 $\pm$ 0.38 (5.7 - 6.7)	6 $\pm$ 0,4 (5,4 - 6,6)
PL	9.2 $\pm$ 0.36 (8.9 - 10.1)	9.15 $\pm$ 0.31 (8.9 - 9.8)	9.3 $\pm$ 0.66 (8.4 - 10.3)	9,6 $\pm$ 0,55 (9 - 10,6)
IFL	3.4 $\pm$ 0.26 (2.9 - 3.94)	3.16 $\pm$ 0.22 (2.89 - 3.60)	3.4 $\pm$ 0.30 (2.89 - 3.68)	3,36 $\pm$ 0,27 (3 - 3,8)
HBB	11.0 $\pm$ 0.38 (10.5 - 11.9)	10.95 $\pm$ 0.35 (10.4 - 11.6)	10.2 $\pm$ 0.27 (9.8 - 10.6)	10,4 $\pm$ 0,5 (9,9 - 11,4)
HBWB	9.0 $\pm$ 0.30 (8.5 - 9.6)	9.0 $\pm$ 0.32 (8.6 - 9.6)	8.2 $\pm$ 0.13 (8.0 - 8.4)	8,8 $\pm$ 0,9 (8,1 - 10,6)
LTB	7.4 $\pm$ 0.39 (6.8 - 8.4)	7.63 $\pm$ 0.67 (6.8 - 7.6)	8.4 $\pm$ 0.58 (7.36 - 9.2)	5,8 $\pm$ 0,4 (5,2 - 6,1)
MAL	14.4 $\pm$ 0.47 (13.7 - 15.5)	13.75 $\pm$ 0.72 (12.7 - 14.9)	13.7 $\pm$ 0.44 (12.8 - 13.9)	14,7 $\pm$ 0,6 (13,5 - 15,3)
LUTR	3.9 $\pm$ 0.15 (3.68 - 3.94)	3.68 $\pm$ 0.17 (3.4 - 3.9)	3.55 $\pm$ 0.08 (3.50 - 3.68)	3,8 $\pm$ 0,2 (3,8 - 4,4)
LUPM	0.78 $\pm$ 0.07 (0.66 - 0.79)	0.69 $\pm$ 0.07 (0.6 - 0.78)	0.65 $\pm$ 0.07 (0.52 - 0.66)	0,72 $\pm$ 0,08 (0,66 - 0,78)
M <sup>1</sup>	0.92 $\pm$ 0.07 (0.90 - 1.05)	0.92 $\pm$ 0.06 (0.9 - 1.05)	0.92 $\pm$ 0.08 (0.84 - 1.10)	0,91 $\pm$ 0,07 (0,90 - 1,0)
M <sup>2</sup>	1.0 $\pm$ 0.07 (0.90 - 1.05)	1.0 $\pm$ 0.05 (0.90 - 1.05)	1.0 $\pm$ 0.05 (0.90 - 1.10)	1,0 $\pm$ 0,06 (0,90 - 1,05)
M <sup>3</sup>	0,79 $\pm$ 0,07 (0,78 - 1,05)	0,79 $\pm$ 0,04 (0,79 - 0,92)	0,79 $\pm$ 0,05 (0,78 - 0,92)	0,79 $\pm$ 0,07 (0,78 - 0,9)
LLTR	3.94 $\pm$ 0.15 (3.68 - 4.20)	3.68 $\pm$ 0.22 (3.42 - 4.20)	3.4 $\pm$ 0.19 (3.15 - 3.68)	4 $\pm$ 0,15 (3,85 - 4,3)
LLPM	0.66 $\pm$ 0.08 (0.52 - 0.79)	0.70 $\pm$ 0.08 (0.52 - 0.79)	0.55 $\pm$ 0.07 (0.50 - 0.66)	0,68 $\pm$ 0,07 (0,54 - 0,76)
M <sub>1</sub>	0.99 $\pm$ 0.08 (0.90 - 1.20)	1.02 $\pm$ 0.06 (0.90 - 1.05)	0.99 $\pm$ 0.07 (0.90 - 1.10)	0,99 $\pm$ 0,08 (0,90 - 1,20)
M <sub>2</sub>	0.99 $\pm$ 0.08 (0.90 - 1.20)	1.03 $\pm$ 0.06 (0.90 - 1.05)	0.99 $\pm$ 0.08 (0.90 - 1.10)	1,03 $\pm$ 0,06 (0,90 - 1,05)
M <sub>3</sub>	0,82 $\pm$ 0,07 (0,78 - 1,05)	0,79 $\pm$ 0,09 (0,79 - 1,05)	0,79 $\pm$ 0,10 (0,78 - 1,05)	0,79 $\pm$ 0,10 (0,78 - 1,05)

Biyometrik veriler NTSYS-pc programı kullanılarak da analiz edildi. İlk olarak veriler standartize edildi, daha sonra Manhattan katsayısına göre mesafe matrisleri hesaplandı ve UPGMA küme analizi yapıldı. Populasyonların biyometrik karakterlerinin ölçülerinin ortalamaları alınarak oluşturulan farklılık matrisi Tablo 4’de verilmiştir. Bu analize göre *D. nitedula* (DN3,Trakya) ve *D. nitedula* (DN2, Anadolu) populasyonları birbirine en yakın populasyonlar olarak görülmektedir ( $D= 0,70$ ). Bu kümeye *D. nitedula* (DN1, Karadeniz) altpopulasyonu bağlanmıştır, bunu *D. laniger* izlemiştir. İki tür karşılaştırıldığında *D. laniger* populasyonu ise 0,93’lük D değeri ile *D. nitedula* (DN3, Trakya) populasyonuna en uzak populasyondur. Bu matristen oluşturulan küme ağacı Şekil 6’da verilmiştir.

Tablo 4. *Dryomys* populasyonları arasındaki farklılık (D) matrisi (Coef. Dist.)

Populasyon	1	2	3	4
1) <i>D. nitedula</i> (DN3)	*****			
2) <i>D. nitedula</i> (DN2)	0,069	*****		
3) <i>D. laniger</i> (DL)	0,092	0,074	*****	
4) <i>D. nitedula</i> (DN1)	0,081	0,082	0,089	*****



Şekil 6. İki türe ait populasyonlar arasındaki biyometrik farklılığa göre oluşturulmuş UPGMA dendrogramı; DN1: *D. nitedula* “Karadeniz”, DN2: *D. nitedula* “Batı Anadolu”, DN3: *D. nitedula* “Trakya”, DL: *D. laniger*, (Standardize: Min, divide opt.: SQRT (SS), Coef.: Dist).

### Genetik Değerlendirme:

Dört grup altında toplanan her iki türe ait toplam 36 örnekte; Gliserol-3- fosfat dehidrojenaz (E.C. 1.1.1.8,  $\alpha$ -Gpdh), Laktat dehidrojenaz (E.C. 1.1.1.27, *Ldh*), Malat dehidrojenaz (E.C. 1.1.1.37, *Mdh*), Malik enzim (E.C. 1.1.1.40, *Me*), İzositrat dehidrojenaz (E.C. 1.1.1.42, *Idh*), Phosphogluconate dehydrogenase (E.C. 1.1.1.44, *Pgd*), Glukoz-6- fosfat dehidrojenaz (E.C. 1.1.1.49, *Gpdh*), Gliseraldehit fosfat dehidrojenaz (E.C. 1.2.1.12, *G6pdh*), Superoksit dismutaz (E.C. 1.15.1.1, *Sod*), Heksokinaz (E.C. 2.7.1.1, *Hk*), Aldolaz (E.C. 4.1.2.13, *Ald*), Karbonik anhidraz (E.C. 4.2.1.1, *Ca*), Fumarat hidrataz (E.C. 4.2.1.2, *Fum*), Aconitaz (E.C. 4.2.1.3, *Acon*), Mannoz fosfat izomeraz (E.C. 5.3.1.8, *Mpi*), Glukoz fosfat izomeraz (E.C. 5.3.1.9, *Gpi*) ve Fosfoglukomutaz (E.C. 5.4.2.2, *Pgm*) olmak üzere 17 enzim sistemi çalışılmıştır. 20 yapısal lokusu temsil eden 17 enzim sisteminin incelenmesi sonucu *Dryomys* cinsindeki her iki türde 10 izoenzimde polimorfizm ortaya çıkarılmıştır. Bu polimorfik izozimler  $\alpha$ -Gpdh, *Me*, *Idh-1*, *G6pdh*, *Sod*, *Ca-2*, *Fum*, *Acon*, *Mpi*, *Pgm*'dir. Türkiye'ye endemik olan *D. laniger* türünde ise sadece *Idh-1*, *Sod*, *Fum*, *Pgm* ve *Mpi* polimorfik lokuslar olduğu belirlenmiştir.

Filipucci et al (1995) Tarkya'dan elde ettiği 8 *D. nitedula* örneği üzerinde yaptığı çalışmada 40 lokus incelemiş, bu lokuslardan *Mdh-1*, *Np*, *Aph*, *Ada*, *Ald*, *Est-1*, *Est-3* olmak üzere 7 lokusta varyasyon saptamıştır. Araştırmacının araştırmacının polimorfik olarak saptadığı *Mdh-1* ve *Ald*, bunların dışında *Pgd*, *HK* ve *Gpdh* lokusları Türkiye örneklerinde monomorfik bulunmuştur. Filipucci et al (1995)'in monomorfik bulduğu  $\alpha$ -Gpdh bu çalışmada incelenen örneklerde polimorfik olduğu belirlenmiştir. Bunun dışında araştırmacı çalıştığı 8 lokalitede polimorfik *He* değerini ve polimorfik lokusların yüzdesini aşağıdaki gibi saptamıştır;

POL (n: 4): Piani di Ruggio (İtalya), *Ho*: 0.019, *Pl* %: 0.100

ASI (n: 4): Altipiano (İtalya), *Ho*: 0.031, *Pl* %: 0.075

TRV (n: 9): Tarvisio (İtalya), *Ho*: 0.053, *Pl* %: 0.175

IDR (n: 1): Idrija (Slovenya), *Ho*: 0.050, *Pl* %: 0.050

BOR (n: 1): Boracko Jezero (Bosna-Hersek), *Ho*: 0.050, *Pl* %: 0.050

PEL (n: 1): Pelister dağı (Makedonya), *Ho*: 0.100, *Pl* %: 0.100

EDI (n: 8): Edirne (Türkiye), *Ho*: 0.047, *Pl* %: 0.200

ISR (n: 1): Hurfesh (İsrail), *Ho*: 0.125, *Pl* %: 0.125

Bu çalışmada Trakya örneklerinde bulunan % 25'lik polimorfik lokus yüzdesi araştırmacının bulgusuna (% 20) yakın bir değerdir. Diğer lokasyonlarda araştırmacının çalıştığı örnek sayısı yetersiz olduğu karşılaştırma yapılmamıştır.

Aşağıda çalışılan bütün enzim sistemlerinde saptanan allelik yapı ve türlere göre dağılımı açıklanmıştır, bunlardan polimorfik olanların frekansları Tablo 4’de, lokuslardaki genetik varyasyon Tablo 5’de, heterozigot sayıları ve Hardy-Weinberg eşitliğinden sapmalar Tablo 6’da verilmiştir.

**$\alpha$ -Gliserol –3 –fosfat dehidrojenaz** (E.C. 1.1.1.8,  *$\alpha$ -Gpdh*): Bu enzim sistemi dimerik yapıdadır. Alfa ve Beta zincir polipeptidleri bakımından  *$\alpha$ -Gpdh-1* ve  *$\alpha$ -Gpdh-2* olmak üzere iki otozomal lokus içermektedir. *Dryomys* cinsi örneklerinde anodal göç eden bir tek izozimin zimogramları jel üzerinde gözlemlenmiştir. DL1 popülasyonunda sadece AA allellere rastlanmış ve tüm örnekler A allele fikse olmuştur. *D. nitedula* altpopülasyonlarında bu enzim polimorfik olarak saptanmıştır, ayrıca DN1’de AA, BB allelleri bulunmakta ve 2 örneğin heterozigot AB genotipinde olduğu, DN2’nin DN1’e benzer olup bu altpopülasyonda 3 örneğin heterozigot olduğu belirlenmiştir, DN3’de ise AA genotipi ve 5 heterozigot bireye rastlanmış, bu alt popülasyonda BB genotipi gözlenmemiştir.

**Laktat dehidrojenaz** (E.C. 1.1.1.27, *Ldh*): *D. laniger* ve *D. nitedula* türlerinde farklı allellere sahip olan bir enzim sistemidir. Bu özelliğinden dolayı *Dryomys* cinsi için türler arasında ayırım sağlama olasılığı bulunduğundan önem taşımaktadır. *D. laniger* cinsinde sadece A allele rastlanırken *D. nitedula* cinsinde sadece B alleleline rastlanmıştır. Yani tür içinde monomorfik olan bu enzim, türler arasında polimorfik olarak gözlenmiştir.

**Malat dehidrojenaz** (E.C. 1.1.1.37, *Mdh*): Bu enzim sisteminde anoda göç eden sitozolik *Mdh-1* ve katoda göç eden mitokondrial *Mdh-2* olmak üzere iki izoenzim ünitesi gözlemlenmiştir. Her iki izozimde *Dryomys* cinsi için aynı allellerde fikse olmuştur. Monomorfik bir yapı göstermektedir ve tüm örnekler için allel frekansı 1’dir.

**Malik enzim** (E.C. 1.1.1.40, *Me*): *Dryomys* cinsinde saptanan diğer bir polimorfik enzim sistemidir. Polimorfizm yalnız *D. nitedula* altpopülasyonlarında gözlenmiştir. DL1 ve DN3 popülasyonları aynı allele fikse olmuşlardır ve AA genotipinin allel frekansı 1’dir. DN3’de 1 örnekte heterozigotluk gözlenmiştir. DN1 yani Karadeniz popülasyonunda A allel frekansı 0,909 ve B allel frekansı 0,091’dir ve düşük bir polimorfizme sahiptir. Genel olarak polimorfizmin düşük olduğu DN2 popülasyonunda bu enzim için A allel frekansı 0,583; B alleli frekansı 0,417’dir ve 1 örnek heterozigottur.

**İzositrat dehidrojenaz** (E.C. 1.1.1.42, *Idh*): Bu enzimin biri anadol göç eden ve mitokondrial olan *Idh-1* diğeri ise orijine yakın olan ve sitosolik olan *Idh-2* iki farklı izozimi bulunmaktadır. Anotta kalan lokus *Idh-2* olarak adlandırılmış ve tüm örneklerde A alleleline fikse olmuş yani monomorfik bir lokustur. *Idh-1* lokusu *Dryomys* cinsi için polimorfik bulunmuştur. *D. laniger*



türünde sadece AA genotipi saptanmış, 4 örnekte ise AB heterozigot genotipi gözlenmiştir. Bu tür için *Mpi*'den sonra en fazla heterozigot bireylerin gözlendiği allozim *Idh*'dir

*D. nitedula* içinde en fazla polimorfizm 0,75'lik A alleli frekansı, 0,25'lik B alleli frekansı değerleri ile DN2 yani İç Anadolu populasyonunda; en fazla heterozigotluk ise 5 heterozigot bireyle DN1 Karadeniz populasyonunda gözlenmiştir. Trakya populasyonundaki (DN3) polimorfizm oldukça düşüktür ve 7 bireyden sadece birinde heterozigotluk gözlenmiştir.

**Fosfoglukonat dehidrojenaz** (E.C. 1.1.1.44, *Pgd*): *Pgd* enzim sistemi tek bir izozime sahiptir. Çalışılan *Dryomys* cinsi türleri için bu enzim monomorfik bir yapı göstermiştir ve A alleli gözlenme frekansı 1'dir.

**Gliseraldehit fosfat dehidrojenaz** (E.C. 1.2.1.12, *Gpdh*): Tetramer bir yapı göstermektedir. *Dryomys* örneklerinde anodal göç eden dört lokus gözlenmiştir. Bu enzim sisteminde tüm lokuslarda örnekler A alleleline fikse olmuştur ve tüm lokuslar monomorfiktir.

**Glukoz – 6 – fosfat dehidrojenaz** (E.C. 1.1.1.49, *G6pdh*): *G6pdh* enzim sistemi sadece bir örnekte farklı allelik yapı saptanmasından dolayı cins içinde polimorfik olarak kabul edilmiştir. DN1 populasyonunda Karanlıkmeşe-Artvin örneği BB alleleline sahipken diğer tüm örnekler AA genotipindedir.

**Süperoksit dismutaz** (E.C. 1.15.1.1, *Sod*): Tetramerik yapıda olan bu enzim sistemi *Dryomys* cinsinde monomorfik olarak ortaya çıkmış ve sadece A alleleline fikse olmuştur. Her iki türde de 1'er örnekte heterozigotluk saptanmıştır, *D. nitedula*'da heterozigot örnek DN1 altpopulasyonunda gözlenmiştir. Bu bakımdan *Sod* her iki türde de polimorfizmin çok düşük olduğu bir allozimidir.

**Heksokinaz** (E.C. 2.7.1.1, *Hk*): Bu enzim sistemi tek bir izozime sahiptir. Çalışılan *Dryomys* cinsi türleri için bu enzim monomorfik bir yapıda olup alleler AA genotipindedir.

**Aldolaz** (E.C. 4.1.2.13, *Ald*): Bu enzim sistemi tek bir izozime sahiptir. Çalışılan *Dryomys* cinsi türleri için bu enzim monomorfik bir yapı göstermiştir ve A alleli gözlenme frekansı 1'dir.

**Karbonik anhidraz** (E.C. 4.2.1.1, *Ca*): Bu enzimde hızlı ve yavaş koşan iki lokus bulunmaktadır. Yavaş koşan lokus *Ca-1* ve hızlı koşan *Ca-2* olarak adlandırılır. Tüm örnekler *Ca-1* lokusu için aynı allele fikse olmuştur ve A alleli frekansı 1'dir. *Ca-2* lokusunda 3 farklı allel çiftine rastlanmıştır. *D. laniger* (DL1) populasyonunda sadece AA genotipi gözlenmektedir. Karadeniz populasyonunda (DN1) A alleli görülme frekansı 0,045; B alleli frekansı ise 0,955'dir, 1 örnekte heterozigotluk gözlenmiştir. Trakya populasyonu (DN3) ise 6 heterozigot

bireye sahiptir, diğeri bir örnekte AA genotipi gözlenmiştir. İç Anadolu (DN2) popülasyonunda ise sadece AA ve BB allel çiftlerine rastlanmış olup heterozigotluk gözlenmemiştir.

**Fumarat hidrataz** (E.C. 4.2.1.2, *Fum*): Bu enzim sistemi tetramerik bir yapı göstermektedir. *Dryomys* cinsi örnekleri için anodal göç eden tek bir lokus gözlenmiştir. DL1 popülasyonu için polimorfik olan bu enzim sistemi *D. nitedula* türü popülasyonları için monomorfik yapıdadır. 12 örnekle çalışılan DL1 popülasyonunda ise sadece bir örnekte heterozigotluk gözlenmiştir. Buna göre örneklerin tamamı AA genotipinde olup A alleli frekansı 0,958; B alleli frekansı 0,042'dir.

**Aconitaz hidrataz** (E.C. 4.2.1.3, *Acon*): Sadece DN1 popülasyonunda iki farklı allel çifti gözlenmiştir ve bu nedenle polimorfik olarak değerlendirilmiştir. DN1 popülasyonunda A alleli frekansı 0,818, B alleli ise 0,182'dir, *D. laniger*'de ve *D. nitedula*'nın diğeri iki altpopülasyonunda bütün aleller AA genotipindedir.

**Mannoz fosfat izomeraz** (E.C. 5.3.1.8, *Mpi*): Bu enzim sistemi monomerik olup izozimleri anodal göç ederler. *Dryomys* örneklerinde yapılan çalışmada anodal göç eden üç farklı allel fikse olmuştur. Bunlardan yavaş koşan BB, hızlı koşan AA ve heterozigotlar AB'dir. *D. laniger*'de AA ve AB genotipleri saptanmış, heterozigot örnek sayısı 5 olarak belirlenmiştir. Bu bakımdan *Mpi* *D. laniger* türünde heterozigotluğun en fazla olduğu allozimidir. Bu allozim *D. nitedula* altpopülasyonlarında da farklı allellere fikse olmuş durumdadır. DN1 ve DN3'de A ve B alleli ve 1'er adet heterozigot örnek bulunmakta, DN2'de sadece AA genotipi gözlenmiştir.

**Glukoz fosfat izomeraz** (E.C. 5.3.1.9, *Gpi*): Dimerik yapıda bir enzim sistemidir. *Dryomys* cinsinin 2 türünde monomorfik bir yapı göstermiştir. Bununla birlikte cins içinde dikkate alındığında *D. laniger* ve *D. nitedula* popülasyonlarında birbirinden farklı lokusların gözlenmesi açısından polimorfik ve iki türü birbirinden ayıran bir enzim sistemidir. DL1 popülasyonunda sadece BB genotipine rastlanırken, DN1, DN2 ve DN3 popülasyonlarında sadece AA genotipi gözlenmiştir.

**Fosfolukomutaz** (E.C. 5.4.2.2, *Pgm*): Bu enzimde anoda göç eden *Pgm-1* hızlı BB, yavaş AA ve heterozigot yapı gösteren AB olmak üzere üç allel çiftine fikse olmuştur. Çalışılan her iki *Dryomys* cinsi türünde her iki allel bulunmakta ve heterozigot örneklere de rastlanmıştır. Genel olarak bu enzim sistemi oldukça fazla polimorfizm gösterir ve çalışılan *Dryomys* cinsi örneklerinde de bu yönde bulgular elde edilmiştir. En fazla polimorfizme *D. nitedula* türü içinde Trakya popülasyonunda rastlanmıştır (A alleli frekansı 0,571 ve B alleli frekansı 0,429). En az polimorfizm ise İç Anadolu popülasyonundadır.

## Allozimlerin İstatistik Analiz Sonuçları

### Allel frekansları

*Dryomys* cinsine ait populasyonlardaki allel frekansları Tablo 4’de verilmiştir. Buna göre populasyonlar arasında çalışılan 20 lokustan 12’sinde farklı frekanslar bulunmuştur. Heterozigotluk gösteren lokuslar frekans tablosunda verilmiştir (Tablo 4). En fazla heterozigotluk *D. nitedula*’nın Karadeniz (DN1) populasyonunda % 40 oranında ortaya çıkmıştır. Bu populasyonu % 25’lik polimorfizmle *D. nitedula*’nın diğer iki populasyonunu izlemektedir. *D. laniger* populasyonu ise % 15’lik bir değerle en düşük polimorfizme sahip olan türdür (Tablo 5).

Tablo 4. *Dryomys* populasyonlarındaki varyasyonu gösteren allellerin frekansları

Lokus	<i>D. laniger</i>	<i>D. nitedula</i> 1 (Karadeniz)	<i>D. nitedula</i> 2 (Orta Anadolu)	<i>D. nitedula</i> 3 (Trakya)
<i>α-Gpdh</i>				
A	1,000	0,545	0,583	0,643
B	0,000	0,455	0,417	0,357
<i>Ldh</i>				
A	0,000	1,000	1,000	1,000
B	1,000	0,000	0,000	0,000
<i>Malic</i>				
A	1,000	0,909	0,583	1,000
B	0,000	0,091	0,417	0,000
<i>Idh-1</i>				
A	0,833	0,773	0,750	0,929
B	0,167	0,227	0,250	0,071
<i>G<sub>6</sub>pdh</i>				
A	1,000	0,909	1,000	1,000
B	0,000	0,091	0,000	0,000
<i>Sod</i>				
A	0,958	0,818	1,000	1,000
B	0,042	0,182	0,000	0,000
<i>Ca-2</i>				
A	1,000	0,045	0,667	0,071
B	0,000	0,955	0,333	0,929
<i>Gpi</i>				
A	1,000	0,000	0,000	0,000
B	0,000	1,000	1,000	1,000
<i>Acon</i>				
A	1,000	0,818	1,000	1,000
B	0,000	0,182	0,000	0,000
<i>Mpi</i>				
A	0,792	0,773	1,000	0,929
B	0,208	0,227	0,000	0,071
<i>Fumaraz</i>				
A	0,958	1,000	1,000	1,000
B	0,042	0,000	0,000	0,000
<i>Pgm</i>				
A	0,833	0,864	0,917	0,571
B	0,167	0,136	0,083	0,429

### Lokuslardaki genetik varyasyonlar

Çalışılan tüm *Dryomys* cinsine ait populasyonların 20 lokustaki genetik varyasyonları Tablo 5’de verilmiştir. *D. laniger*’in analizlerde kullanılan 12 örneğine göre populasyondaki beklenen ortalama heterozigotluk  $He= 0.054$  olup bu değer gözlenen ortalama heterozigotluk ( $Ho$ ) değerine çok yakındır. Polimorfik lokus yüzdesi ise 15’dir (Tablo 5). Bu nedenle *D. laniger* populasyonunun Hardy-Weinberg eşitliğinde olduğu söylenebilir. Bu şekilde Hardy – Weinberg dengesinde olan populasyonlarda bu durum genetik darboğazın bir göstergesi olarak dikkate alınmaktadır. Bu türün yaşam alanı olan 1500 mt ve üzerinde kayalıklar dikkate alındığında oldukça homojen bir habitat tipine bağımlı olarak yaşadığı görülmektedir. Bu bakımdan populasyonun alt gruplara bölünme olanağı ve altpopulasyonlar arasındaki olası gen göçleri ortadan kalkmaktadır. Bu durum heterozigotluğun azalmasının temel nedeni olarak değerlendirilebilir.

Çalışılan 24 *D. nitedula* örneğinde Hardy-Weinberg eşitliği altında gözlenen ortalama heterozigotluk en yüksek ( $Ho= 0.10$ ) Trakya altpopulasyonunda (DN3), en düşük ise ( $Ho= 0.05$ ) Orta Anadolu altpopulasyonunda (DN2) saptanmıştır. Trakya populasyonunda gözlenen yüksek heterozigotluk değeri dışında diğer populasyonlar birbirlerine yakın ortalama heterozigotluk değerine sahip olmakla birlikte Hardy – Weinberg eşitliğinden en fazla sapma DN1 altpopulasyonunda gözlenmiştir. Gözlenen ortalama heterozigotluk değerleri ( $Ho$ ), Hardy-Weinberg eşitliği altında beklenen ortalama heterozigotluk ( $He$ ) değerleriyle az çok farklılık göstermektedir. En yüksek beklenen ortalama heterozigotluk değeri *D. nitedula1* (Karadeniz) populasyonunda 0,128’lik bir değerle gözlenmiştir. Orta Anadolu populasyonu da kısmen yüksek bir değere sahiptir (0,106). Polimorfik lokusların yüzdesi *D. nitedula2* ve *D. nitedula3* populasyonlarında benzer olarak % 25 olup DN1 populasyonunda ise % 40’lık bir değerle oldukça fazladır.

### Lokuslardaki Hardy- Weinberg eşitliğinden sapmalar

Hardy- Weinberg eşitliğinden allozimlerin tek tek gösterdikleri sapmaları belirlemek için yapılan khi-kare testi Tablo 6’da verilmiştir. *D. laniger* populasyonunda yalnızca bir lokus *Ca-2* Hardy-Weinberg dengesinde olmadığı gözlenmiştir ( $P < 0.05$ ). *D. nitedula1* populasyonunda  *$\alpha$ -Gpdh*, *Pgm*, *Malik*, *G6pdh*, *Acon*, *Mpi* olmak üzere 6 lokus Hardy – Weinberg eşitliğinden sapma göstermiştir. *D. nitedula2* populasyonunda *Ca-2* Hardy – Weinberg eşitliğinden saparken *D. nitedula3* populasyonunda lokuslarda Hardy – Weinberg eşitliğinden sapma gözlenmemiştir. Tablo 6’da verilen diğer lokuslar Hardy-Weinberg dengesindedir ( $P > 0.05$ ). Populasyonlarda gözlenen ve beklenen frekanslar birbirlerine uyum göstermiştir.

Tablo 5. Tüm populasyonlarda 20 lokustaki genetik varyasyon (standart hata parantez içindedir)

Populasyon	Örnek sayısı	Lokustaki allellerin yüzdesi	Polimorfik lokusların yüzdesi*	Doğrudan sayılan ortalama heterozigotluk ( $H_o$ )	HydWbg'e göre beklenen ortalama heterozigotluk** ( $H_e$ )
<i>D. laniger</i> (DL1)	12	1.3 (0.1)	15,0	0.054 (0.027)	0.055 (0.025)
<i>D. nitedula</i> (DN1)	11	1.5 (0.1)	40,0	0.064 (0.029)	0.128 (0.038)
<i>D. nitedula</i> (DN2)	6	1.3 (0.1)	25,0	0.050 (0.027)	0.106 (0.045)
<i>D. nitedula</i> (DN3)	7	1.3 (0.1)	25,0	0.100 (0.054)	0.073 (0.035)

\*Eğer en yaygın allelin frekansı 0.095'i geçmemişse, bir lokus polimorfik olarak dikkate alınır.

\*\*Tarafsız (unbiased) hesaplama (Nei, 1978)

Tablo 6. Hardy-Weinberg eşitliğinden sapmaları gösteren ki-kare testi (\*Hardy-Weinberg eşitliğinden sapma gösteren lokuslar)

Populasyonlar	Lokuslar	Allel	Gözlenen Frekans	Beklenen Frekans	$\chi^2$	DF	P	Exact test P
<i>D. nitedula</i> 1	$\alpha$ -Gpdh	AA	5	3,143	5,121*	1	0,024	0,060
		AB	2	5,714				
		BB	4	2,143				
	Idh-1	AA	6	6,476	0,735	1	0,391	1,000
		AB	5	4,048				
		BB	0	0,476				
	Pgm-1	AA	9	8,143	6,316*	1	0,012	0,143
		AB	1	2,714				
		BB	1	0,143				
	Sod	AA	7	7,286	0,392	1	0,531	1,000
		AB	4	3,429				
		BB	0	0,286				
	Malik	AA	10	9,048	21,053*	1	0,00	0,048
		AB	0	1,905				
		BB	1	0,048				
	G6pdh	AA	10	9,048	21,053*	1	0,00	0,048
		AB	0	1,905				
		BB	1	0,048				
	Acon	AA	9	7,286	14.118*	1	0,00	0,008
		AB	0	3,429				
		BB	2	0,286				
	Mpi	AA	8	6,476	7,529*	1	0,006	0,038
		AB	1	4,048				
		BB	2	0,476				
CA-2	AA	0	0,000	0,00	1	1,000	1,000	
	AB	1	1,000					
	BB	10	10,00					

<i>D. nitedula2</i>	$\alpha$ -Gpdh	AA	2	1,909				
		AB	3	3,182	0,024	1	0,877	1,000
		BB	1	0,909				
	<i>Idh-1</i>	AA	4	3,273				
		AB	1	2,455	2,963	1	0,085	0,273
		BB	1	0,273				
	<i>Pgm</i>	AA	5	5,000				
		AB	1	1,000	0,000	1	1,000	1,000
		BB	0	0,000				
	<i>Malik</i>	AA	3	1,909				
		AB	1	3,182	3,429	1	0,064	0,152
		BB	2	0,909				
<i>CA-2</i>	AA	4	2,545					
	AB	0	2,909	7,619*	1	0,006	0,030	
	BB	2	0,545					
<i>D. nitedula3</i>	$\alpha$ -Gpdh	AA	2	2,769				
		AB	5	3,462	1,667	1	0,197	0,441
		BB	0	0,769				
	<i>Idh-1</i>	AA	6	6,000				
		AB	1	1,000	0,000	1	1,000	1,000
		BB	0	0,000				
	<i>Pgm</i>	AA	1	2,154				
		AB	6	3,692	3,214	1	0,073	0,161
		BB	0	1,154				
	<i>Mpi</i>	AA	6	6,000				
		AB	1	1,000	0,000	1	1,000	1,000
		BB	0	0,000				
	<i>CA-2</i>	AA	1	0,000				
		AB	6	1,000	0,000	1	1,000	1,000
		BB	0	6,000				
<i>D. laniger</i>	<i>Idh-1</i>	AA	8	8,261				
		AB	4	3,478	0,347	1	0,556	1,000
		BB	0	0,261				
	<i>Pgm</i>	AA	9	8,261				
		AB	2	3,478	2,789	1	0,095	0,248
		BB	1	0,261				
	<i>Sod</i>	AA	11	11,00				
		AB	1	1,000	0,000	1	1,000	1,000
		BB	0	0,000				
	<i>Fum</i>	AA	11	11,00				
		AB	1	1,000	0,000	1	1,000	1,000
		BB	0	0,000				
	<i>Mpi</i>	AA	7	7,435				
		AB	5	4,130	0,643	1	0,423	1,000
		BB	0	0,435				
	<i>Ca-2</i>	AA	10	9,130				
		AB	1	2,739	6,984*	1	0,008	0,130
		BB	1	0,130				

## Genetik Varyasyon

Wright (1978)'in  $F$  istatistiği populasyondaki heterozigotluğu, diğer bir deyişle populasyon içi genetik farklılığın miktarını ve altpopulasyonların total populasyona genetik katkısını ifade etmek için kullanılmaktadır. Bu analiz sadece *D. nitedula* için dikkate alınmıştır, *D. laniger* tek lokalite olarak değerlendirildiği için  $F$  istatistik analizi yapılmamıştır.

*D. nitedula* türünün üç populasyonu için 9 polimorfik lokustan oluşturulan  $F$  değerleri ve ortalamaları Tablo 7'de verilmiştir.  $F_{IS}$  bir alt populasyondaki bireylerin içinde buldukları altpopulasyonun heterozigotluğuna yaptıkları katkıyı gösteren katsayıdır ve bunun ortalama değeri 0,29'dur ve orta seviyededir, *D. nitedula* alt populasyonları içinde *Malic*, *G6pdh*, *Ca-2*, *Acon* ve *Mpi* lokuslarındaki farklılıklar 0.29'luk  $F_{IS}$  değerinin oluşumunda belirleyici lokuslar olmuşlardır.

Bireylerin total populasyonun heterozigotluğuna katkısını gösteren  $F_{IT}$  ortalama değeri de 0.39 olup bu değerde ortalama bir değerdir.  $F_{IS}$  üzerine belirleyici olan lokuslar  $F_{IT}$  değerinde de benzer şekilde belirleyicidir.

Alt populasyonların total populasyonun heterozigotluğuna katkısı olan  $F_{ST}$  değeri 0,13'dür ve bu değer *D. nitedula* alt populasyonları arasındaki genetik farklılığın % 13 civarında olduğunu göstermektedir. Buna göre *D. nitedula* altpopulasyonlarının total populasyonun heterozigotluğuna katkısının orta veya orta seviyenin az üstünde olduğu söylenebilir. Bu değerler *D. nitedula* populasyonu içindeki heterozigotluğun alt populasyonlarda az çok benzer olarak veya yakın olarak ortaya çıkmasından kaynaklanmaktadır, çalışılan allozim lokuslarındaki varyasyon bulgularına göre alt populasyonlar arasında çok fazla genetik bir farklılaşma olmadığı söylenebilir. Çalışılan alt populasyonlar arasında Doğu Karadeniz alt populasyonu DN1'de polimorfik lokusların yüzdesi 40 olup 6 lokusta heterozigot bireylere rastlanmıştır, diğer iki alt populasyonda bu oran % 25'dir ve heterozigot lokus sayısı 4 ve 5'dir. Buna göre en fazla genetik farklılaşma Doğu Karadeniz alt populasyonunda gözlenmiştir.

Tablo 7. *D. nitedula* populasyonlarındaki F-istatistiği özeti (Wright, 1978'e göre)

Lokus	F <sub>IS</sub>	F <sub>IT</sub>	F <sub>ST</sub>
<i>α-Gpdh</i>	0,1369	0,1429	0,0070
<i>Malic</i>	0,7888	0,8328	0,2081
<i>Idh-1</i>	0,0060	0,0427	0,0370
<i>Gcpdh</i>	1,0000	1,0000	0,0514
<i>Sod</i>	-0,2222	-0,0909	0,1074
<i>Ca-2</i>	0,5604	0,7474	0,4253
<i>Acon</i>	1,0000	1,0000	0,1074
<i>Mpi</i>	0,5827	0,6190	0,0872
<i>Pgm</i>	-0,1534	-0,105	0,1239
Ortalama	0,2917	0,3851	0,1318

#### 4.6.3 Genetik mesafe

Çalışılan *Dryomys* cinsine ait dört populasyonun Nei (1978)'e göre arasındaki genetik benzerlik (I) ve genetik mesafe (D) 20 lokustan elde edilen allel frekansları göz önüne alınarak elde edilmiştir (Tablo 8). Gözlenen genetik mesafe (D) değeri populasyonlar arasında F değerlerinde de ortaya çıktığı gibi oldukça düşüktür. İki tür dikkate alındığında D değeri 0.187 ile 0.006 arasında değişmektedir, *D. laniger* ile *D. nitedula* arasındaki en büyük fark DN1 populasyonu arasında D= 187 olarak ortaya çıkmıştır. *D. nitedula*'nın alt populasyonları arasındaki genetik uzaklık D= 0.006 ile D= 0.030 arasında değişmektedir ve en yüksek D değeri *D. nitedula2* ve *D. nitedula3* populasyonları arasında D= 0.030 olarak ortaya çıkmıştır. Nei (1978) genetik mesafe (D) değerine göre populasyonlar arasında önemli ölçüde bir farklılığın olmadığı görülmektedir. Bu bulgular Trakya ve D. Karadeniz populasyonunun birbirine Orta Anadolu altpopulasyonundan daha yakın olduğunu destekler niteliktedir. Bu ilişkiyi gösteren UPGM ve Neighbour joining dendogramları şekil 7 ve 8'de verilmiştir.

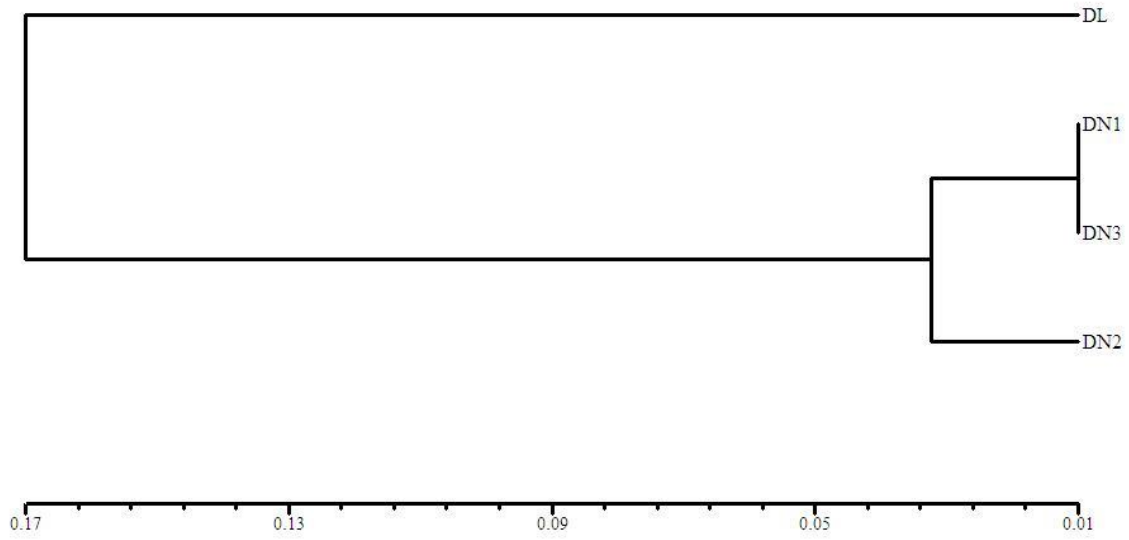


Tablo 8. Nei (1978)'e göre *Dryomys* populasyonları arasındaki genetik benzerlik (I) ve genetik mesafe (D) matrisi (I, matrisin alt tarafı; D, matrisin üst tarafı)

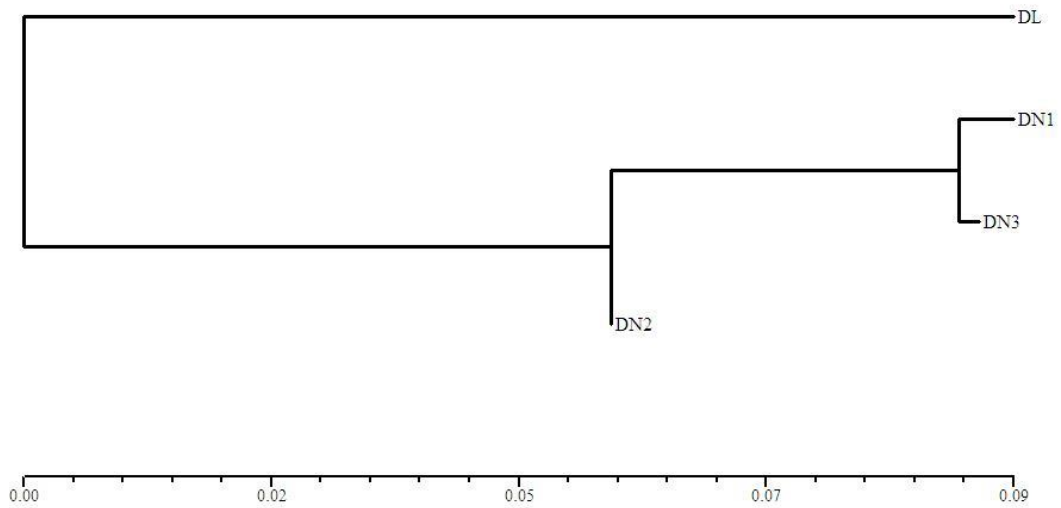
Populasyon	1	2	3	4
1 <i>D. laniger</i>	*****	0,187	0,140	0,175
2 <i>D. nitedula1</i>	0,829	*****	0,027	0,006
3 <i>D. nitedula2</i>	0,869	0,973	*****	0,030
4 <i>D. nitedula3</i>	0,839	0,994	0,970	*****

#### 4.6.4 Gen akışı

*D. nitedula* türü içinde gen akışı değeri (Nm) populasyonlar arasındaki temas noktalarının ne derecede olduğunu gösterir. Altpopulasyonlar arasındaki gen akışı Wright (1951, 1965, 1978)'in  $F_{ST} = 1 / (4Nm + 1)$  formülüyle hesaplanmıştır. Bu formüle göre gen akışı Nm = 0,165 olarak hesaplanmıştır. Bu değer populasyonlardaki normal gen akışıyla kıyaslanırsa oldukça düşük bir değerdir. Nm değeri  $F_{ST}$  değeri ile ters orantılıdır,  $F_{ST}$  değeri yükseldikçe Nm değeri düşer yani altpopulasyonlar arasında gen göçü azalır. Daha açık bir ifadeyle düşük NM değeri altpopulasyonlardaki allellerin populasyonun tamamı içine gen akışı ile iyi bir şekilde yayılmadığını gösterir. *D. nitedula* içinde özellikle Doğu Karadeniz altpopulasyonu içinde polimorfizmin yüksek olmasına karşın İç Anadolu altpopulasyonunda polimorfizmin düşük olması Nm değerini düşük olmasına yol açmaktadır.



Şekil 7. *Dryomys* populasyonları arasındaki genetik akrabalığı gösteren UPGMA dendrogramı (Nei 1978'e göre) (DL: *D. laniger*, DN1: *D. nitedula1*, DN2: *D. nitedula2*, DN3: *D. nitedula3*)



Şekil 8. *Dryomys* populasyonları arasındaki genetik akrabalığı gösteren Neighbour joining dendrogramı (Nei 1978'e göre) (DL: *D. laniger*, DN1: *D. nitedula1*, DN2: *D. nitedula2*, DN3: *D. nitedula3*)

## V. Sonuç ve Öneriler

Sonuç olarak;

- 1) Türkiye'ye endemik bir kemirgen türü olan Anadolu kaya uyurunda "*D. laniger*" genetik varyasyon çalışılan 20 izozim lokusu dikkate alındığında oldukça düşük bulunmuştur. Allozimlerin frekansı genelde Hardy-Weinberg eşitliğinde olup sadece *Ca-2* lokusunda sapma gözlenmiştir. Diğer lokusların *Ho* ve *He* değerleri arasında fark yoktur, bu durum *D. laniger* popülasyonu için genetik bir darboğaz olarak değerlendirilebilir, daha kesin bulgulara ulaşmak için mikrosatellit analizlerinin yapılması gerekir.
- 2) *Ldh* ve *Gpi* çalışılan her iki türde farklı allellere fikse olmuşlardır ve iki tür için ayırıcı lokuslar olduğu söylenebilir.
- 3) *D. nitedula*'nın çalışılan 3 altpopülasyonu içinde polimorfizm, en fazla Doğu Karadeniz alt popülasyonunda ortaya çıkmıştır. *D. nitedula* popülasyonu içinde heterozigot lokusların sayısı 4 ile 6 arasında değişmektedir. *F* istatistik sonuçları da genetik benzerliğe bağlı olarak orta seviyede veya yüksek seviyeye yakın, Nm değeri ise kısmen düşük bulunmuştur. Bu bulgular Doğu karadenzi altpopülasyonun alttür seviyesinde bir farklılaşma içinde olduğunun desteklemektedir.

## VI. Kaynaklar

- Black, W.C. VI (1997). A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation in Genetics. Modification of original version (BIOSYS-1) by David L. Swofford and Richard B. Selander. Available at: wcb4@lamar.colostate.edu
- Felten, H. and Storch, G. (1968). Eine neue Schläfer - Art, *Dryomys laniger* n. sp. aus Kleinasien (Rodentia: Gliridae). *Senckenbergiana Biologica*, 49 (6): 429 - 435.
- Filipucci, M. G., Krsytufek, B., Simson, S., Kurtonur, C., and Özkan, B. (1995). Allozymic and biometric variation in *Dryomys nitedula* (Pallas, 1779). Proc. II Conf. on Dormice (Rodentia, Myoxidae). *Hystrix*, 6 (1 - 2): 127 - 140.
- Harris, H. and Hopkinson, D.A. (1976). Handbook of enzyme electrophoresis in human genetics. American Elsevier, New York.
- Kıvanç, E., Sözen, M., Çolak, E. And Yiğit, N., (1997). Karyological and Phallic Characteristics of *Dryomys laniger* (Rodentia: Gliridae) Felten and Storch, 1972 in Turkey. *Israel J. of Zoology* 43: 401-403.
- Kryštufek, B. and Vohralik, V. (1994). Distribution of the forest Dormouse *Dryomys nitedula* (Pallas, 1779) (Rodentia: Myoxidae) in Europa. *Mammal. Rev.* 24 (4): 161 - 177.
- Mursaloglu, B. (1973). New records for Turkish Rodent (Mammalia). *Communications (Série C)*, Fac. Sci. Univ. Ankara, 17: 213 - 219.
- Nei, M., 1978. Molecular population genetics and evolution, Amsterdam (North Holland Publ. Co.)
- Rohlf, F. J., (2000). NTSYS – pc, version 2.1. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Exeter Publishing, LTD. New York.
- Shaw, R.C and Prasad, R. (1970). Starch Gel Electrophoresis of Enzymes- A Compilation of Recipes. *Biochemical Genetics.* 4: 297-320.
- Sokal, R.R. and Sneath, P.H.A. (1963). Principles of numerical taxonomy. W.H. Freeman, San Francisco: 1-359.
- Spitzenberger, F. (1976). Beiträge zur Kenntnis von *Dryomys laniger* Felten and Storch, 1968 (Gliridae: Mammalia). *Z. Säugetierkunde*, 41: 237 - 249.
- Storch, G. (1978). *Dryomys nitedula* (Pallas, 1779) - Baumschläfer. Pp. 227 - 237. In Niethammer, J, von, and Krapp, F. (Second Eds): *Handbuch der Säugetiere Europas*,

Band 1, Rodentia I. Akademische Verlagsgesellschaft Weisbaden, 476 pp.

Swofford, D.L. and Selander, R.B. (1989). BIOSYS-1. A Computer Program for the Analysis of Allelic Variation in Population Genetics and Biochemical Systematics. Illinois Natural History Survey, Champaign.

Wright, S. (1951) The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, 15, 323–354.

Wright, S. (1965) The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19, 395–420.

Wright, S. (1978). *Evolution and the Genetics of Populations, Vol. 4. Variability Within and Among Natural Populations*. University of Chicago, Chicago.

Yiğit, N., Çolak, E., Çolak, R., Özkan, B., and Özkurt, Ş., (2003). On the Turkish Population of *Dryomys nitedula* (Pallas, 17779) and *Dryomys laniger* Felten and Storch, 1968 (Mammalia: Rodentia). *Acta zool. hung.* 49 (Suppl.1): 147 – 158.

## VII. Ekler

### Ek-a) Mali Bilanço ve Açıklamaları

Projenin toplam bütçesi alınan ek bütçe ile birlikte 26.000 YTL olup bunun 14.000 YTL'si sarf malzemesi olup, 10119,60 YTL'si jel görüntüleme cihazıdır. Projede 1968,20 YTL artmıştır.

### Ek-b) Makine ve Teçhizatın Konumu ve İlerideki Kullanımına Dair Açıklamalar (BAP Demirbaş numaraları dahil)

Projenin sonunu doğru ek bütçe ile jel görüntüleme sistemi alınmıştır. Bu sistem elektroforez çalışmalarında gerek emzim gerekse DNA bantlarının fotograflarının çekilmesinde kullanılmaktadır.

### Ek-c) Teknik ve Bilimsel Ayrıntılar (varsa Kesim III'de yer almayan analiz ayrıntıları)

Tablo 9. Lokusların genotipi (D.l: *D. laniger*; D.n: *D. nitedula*)

Örn. No	Tür	Lokalite	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
4586	D.1	Madenköy	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	BB	AA	BB	AA	AA
4587	D.1	Madenköy	AA	AB	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	BB	AA	BB	AA	AA
4588	D.1	Madenköy	AA	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	BB	AA	BB	AA	AA
5775	D.1	Bolkar D.	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	BB	AA	BB	AA	AA
5778	D.1	Bolkar D.	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	BB	AA	BB	AA	AA
5771	D.1	Bolkar D.	AA	AB	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	BB	AA	BB	AA	AA
5772	D.1	Bolkar D.	AA	AB	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AB	BB	AA	AA	AB	AA	BB	AA	BB	AA	AA
5774	D.1	Bolkar D.	AA	AB	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AB	AA	BB	AA	BB	AA	AA
5773	D.1	Bolkar D.	AA	AA	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	BB	AA	AA	AB	AA	BB	AA	BB	AA	AA



Tablo 9 devamı. Lokusların genotipi (D.l: *D. laniger*; D.n: *D. nitedula*)

Örn. no	Tür	Lokalite	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
2929	D.n	Pınarbaşı- Kayseri	AB	AB	AA	BB	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
2322	D.n	Ulukışla	BB	AA	AA	BB	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
2323	D.n	Ulukışla	AB	AA	AA	BB	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA
5161	D.n	Edirne	AB	AA	AA	BB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AB
5160	D.n	Edirne	AB	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB
5159	D.n	Edirne	AB	AB	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	BB
5158	D.n	Edirne	AB	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB
5157	D.n	Edirne	AA	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB
5156	D.n	Edirne	AB	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB
5163	D.n	Edirne	AA	AA	AA	AB	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	AA	BB

1.  $\alpha$ -Gpdh 2. Idh I 3. Idh II 4. Pgm 5. Sod 6. Me 7. G6pdh 8. Mdh-I 9. Mdh-2 10. Fum 11. Gpi 12. G3pdh 13. Acon 14. Mpi 15. Ald 16. Pgd 17. Hk 18. Ldh 19. CA-1 20. CA-2

Ek-d) Sunulan bildiri poster bulunmamaktadır

Ek-e) “Biometric and Allozymic Variations in the Genus *Dryomys* (Rodentia: Gliridae) Distributed in Turkey” başlıklı makale Acta Theriologica isimli SCI’de taranan dergiye yollanmıştır.