

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



ANADOLU DAĞCIL ÇEŞİTLİLİĞİNİN OLUŞUMUNDA TOROS
YOLU'NUN YERİ: *PARAPHOLIDOPTERA* VE *APARAPHOLIDOPTERA*
CİNSLERİNİN FİLOCOĞRAFYASI

Özgül YAHYAOĞLU

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

MAYIS 2023

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



ANADOLU DAĞCIL ÇEŞİTLİLİĞİNİN OLUŞUMUNDA TOROS
YOLU'NUN YERİ: *PARAPHOLIDOPTERA* VE *APARAPHOLIDOPTERA*
CİNSLERİNİN FİLOCOĞRAFYASI

Özgül YAHYAOĞLU

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

MAYIS 2023

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ANADOLU DAĞCIL ÇEŞİTLİLİĞİNİN OLUŞUMUNDA TOROS
YOLU'NUN YERİ: *PARAPHOLIDOPTERA* VE *APARAPHOLIDOPTERA*
CİNSLERİNİN FİLOCOĞRAFYASI

Özgül YAHYAOĞLU

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

Bu tez TÜBİTAK tarafından 218Z090 nolu proje ile desteklenmiştir.

MAYIS 2023

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ANADOLU DAĞCIL ÇEŞİTLİLİĞİNİN OLUŞUMUNDA TOROS
YOLU'NUN YERİ: *PARAPHOLIDOPTERA* VE *APARAPHOLIDOPTERA*
CİNSLERİNİN FİLOCOĞRAFYASI

Özgül YAHYAOĞLU

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS / DOKTORA TEZİ

Bu tez 08/05/2023 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Battal ÇIPLAK (Danışman)	[imza]
Prof. Dr. Süphan KARAYTUĞ	[imza]
Prof. Dr. Serap MUTUN	[imza]
Prof. Dr. Nuray KAYA	[imza]
Dr. Öğr. Üyesi Nehir KAYMAK	[imza]

ÖZET

ANADOLU DAĞCIL ÇEŞİTLİLİĞİNİN OLUŞUMUNDA TOROS YOLU'NUN YERİ: *PARAPHOLIDOPTERA* VE *APARAPHOLIDOPTERA* CİNSLERİNİN FİLOCOĞRAFYASI

Özgül YAHYAOĞLU

Doktora Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

MAYIS 2023; 104 sayfa

Anadolu'nun Batı Palearktik'teki buzul sığınak işlevi geniş bir coğrafyanın biyoçeşitliliğinde belirleyici olmuştur. Özellikle Anadolu'daki yükselti hatları dağcıl türler için güney enlemlerde elverişli habitatlar bulunduran alanlar olmuştur. Bu bağlamda, Toros Yolu olarak tanımlanan topografik hat dikkat çekicidir. Kuzeydoğuda Anadolu Diyagonalı'ni teşkil eden yükseltileri kapsayan, Toroslar ile devam ederek güneyde Levant bölgesindeki yükseltilerle ilişkili olan ve Ege'deki kesikli yükselti hattıyla Balkanlar'a doğru devam eden bu hattın bir biyoçeşitlilik rezervi barındırdığı pek çok çalışmayla ortaya konmuştur. Buna karşın, Toros Yolu'nun nasıl işlediği ve biyocoğrafik katkısı kapsamlı olarak ele alınmamıştır. Bu eksikliğe yönelik planlanan doktora tez çalışması kapsamında Anadolu dağcıl biyoçeşitliliğinde Toros Yolu'nun etkisi *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinsleri filocoğrafyası üzerinden hem genetik hem de ekolojik açıdan ele alınmıştır.

Moleküler analizler için mitokondriyal COI ve ND2 ile nükleer ITS1-ITS2 genler Sanger dizileme metodu ile diziletilmiş ve veri setleri oluşturulmuştur. Veri setlerinde *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerinden sırasıyla; on fenotipik türün yirmi beş popülasyonu ve üç türün üç popülasyonu temsil edilmiştir. Tekil genlere ek olarak COI+ND2 (MTM) veri seti oluşturulmuş ve toplamda dört ayrı veri seti üretilmiştir. Moleküler veriler ile; i) cinslerin filogenisi, ii) cinslerin çeşitlenme zamanları, iii) tür sınırları testleri ile genetik türler ve iv) *Parapholidoptera* cinsinin atasal stok popülasyonun yeri tahmin edilmiştir. Anadolu Diyagonalı'nin kuzey yarısında yayılış gösteren *Aparapholidoptera* cinsine karşın *Parapholidoptera* cinsi tipik Toros Yolu yayılışı göstermektedir ve bu nedenle biyocoğrafya analizlerinde tercih edilmiştir. *Parapholidoptera* cinsinin toplam yayılışı Marmara ve Kuzeybatı Anadolu, Ege, Güney Toroslar, Anti Toroslar, Orta Kuzey Anadolu ve Aşağı Kafkaslar olarak altı biyocoğrafik alana ayrılarak analiz edilmiştir. Ekolojik analizler ile Toros Yolu'nun zirveler ve vadilerle bölünmüş girift yapısının çeşitlenmeyi nasıl etkilemiş olabileceğini irdelemek adına güncel varlık verileri kullanılarak *Parapholidoptera* cinsine karakter evrimi testleri ve *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerine ekolojik niş modellemesi yapılmıştır.

Çalışmanın bulguları *P. spinulosa*, *P. castaneoviridis*, *P. signata* ve *A. kosswigi* türlerinin resiprokal monofilisini desteklenmemiş ve cinsler içerisinde hem fenotipik hem de genetik karakterler ile birlikte taksonomik revizyona ihtiyaç olduğunu ortaya koymuştur. Tür sınırlarının testi analizleri en yalın olarak *Parapholidoptera* için on sekiz, *Aparapholidoptera* için ise üç genetik tür önermiştir. Zaman ağaçları ile her iki cinsin de Messiniyen'deki ortak bir atadan köken aldığı ve Pleistosen iklim döngülerinin çeşitlenmenin itici gücü olduğu bulunmuştur. Biyocoğrafya analizleri, cinsin Orta Kuzey Anadolu ve Anti Torosları kapsayan alanda bulunan bir atasal stok popülasyondan köken aldığını önermiştir. Uç dallara doğru gelindiğinde Orta Kuzey Anadolu soy hattı kendi içerisinde çeşitlenirken, Anti Toroslar soy hattı Toros Yolu üzerindeki diğer tüm popülasyonların kurucusu olmuştur. Temel bileşenler analizi ile biyoiklimsel parametrelerin varyasyonu açıklayan ilk beş değişkeni ve rakım olmak üzere altı ekolojik karakterin, rastgele evrimi tanımlayan BM (Brownian Motion) ve atasal durumun korunduğunu öneren OU (Ornstein-Uhlenbeck) modellerine uygun olarak evrildiğine ve cinsin fenolojik döngüsünün mevsimsellik ile evrimsel olarak korunduğuna işaret etmiştir. Sıcaklık, yağış, izotermallik ve mevsimsellik biyoiklimsel değişkenlerini içeren karakterlerden yalnızca mevsimsellik ile ilişkili olan temel bileşende filogenetik sinyal bulunmuştur. On dokuz biyoiklimsel parametre ile yapılan son buzullararası ve son buzul dönem ile 1970 ve 2070 yılları olmak üzere dörder ayrı ekolojik niş modellemesi sonucunda Toros Yolu'nun hem dikey hem de yatay yayılım değişimlerine sahne olduğu ortaya konmuştur.

Tez çalışmasının ana hedefi Toros Yolu varsayımının sınanması olduğu için taksonomik revizyon çalışmanın kapsamı dışında bırakılmıştır. Çeşitlenme zamanlarına ilişkin bulgular Anadolu'daki pek çok dağcıl soy hattında kaydedilen Pleistosen iklim döngüleriyle allopatrik türleşme yoluyla evrimleşme modelini desteklemiştir. Çeşitlenmenin coğrafyasına dair elde edilen bulgular ise Toros Yolu'nun güney doğusunda ve Anadolu Diyagonalı'nın güney sınırında yer alan Amanos Dağ sırasının Anadolu ile Levant arasındaki faunal/floral alışverişte etkin olduğunu ortaya koymaktadır. Bulgular aynı zamanda Anadolu buzul sığınağının pek çok dağcıl türün atasal köken yeri olabileceği yönündeki varsayımları desteklemiştir. Ekolojik veriler Toros Yolu'nun Anadolu buzul sığınağı içerisinde çok çeşitli iklimsel nişler barındığına dikkat çekmiştir. Toros Yolu'nun dikey yayılım değişimleri ile Anadolu içerisindeki biyoçeşitliliğin korunmasında hem de yatay yayılım değişimlerle komşu coğrafyalarla olan faunal alışverişte etkin rol oynadığı görülmüştür.

ANAHTAR KELİMELEER: Biyocoğrafya, Ekolojik niş modellemesi, Filogeni, Karakter evrimi, Moleküler saat, Orthoptera, Tettigoniidae

JÜRİ: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Prof. Dr. Süphan KARAYTUĞ

Prof. Dr. Serap MUTUN

Prof. Dr. Nuray KAYA

Dr. Öğr. Üyesi Nehir KAYMAK

ABSTRACT

ROLE OF THE TAURUS WAY IN THE FORMATION OF ANATOLIAN BIODIVERSITY: BIOGEOGRAPHY OF THE GENERA *PARAPHOLIDOPTERA* AND *APARAPHOLIDOPTERA*

Özgül YAHYAOĞLU

PhD Thesis in Biology

Supervisor: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

April 2023; 104 pages

The glacial refuge function of Anatolia in the Western Palearctic has been a determining factor in the biodiversity of a wide geography. Particularly, the elevation lines in Anatolia have provided favorable habitats for mountain species in the southern latitudes. In this context, the topographic feature known as the Taurus Way is noteworthy. This way, which encompasses the elevations that form the Anatolian Diagonal in the northeast, continues with the Taurus Mountains and is associated with the elevations in the Levant region in the south, and further continues towards the Balkans along the fragmented elevation line in the Aegean, has been demonstrated to host a biodiversity hotspot through numerous studies. However, the functioning of the Taurus Way and its biogeographic contribution has not been comprehensively addressed. Within the scope of the planned doctoral thesis, the effect of the Taurus Way on the mountain biodiversity of Anatolia has been examined from both genetic and ecological perspectives through the phylogeography of *Parapholidoptera* and *Aparapholidoptera*.

For molecular analyses, mitochondrial COI and ND2 genes, as well as nuclear ITS1-ITS2 genes, were sequenced using Sanger sequencing method to generate data sets. The data sets represented twenty five populations of ten phenotypic species of *Parapholidoptera* and three populations of three species of *Aparapholidoptera*, respectively. In addition to individual genes, a combined COI+ND2 (MTM) data set was generated, resulting in a total of four separate data sets. Molecular data were used to infer i) the phylogeny of the genera, ii) the diversification times of the genera, iii) tests for species boundaries and genetic species, and iv) the location of the ancestral stock population of *Parapholidoptera*. While *Aparapholidoptera* is distributed in the northern half of the Anatolian Diagonal, *Parapholidoptera* shows a typical distribution along the Taurus Way and was therefore preferred in biogeographic analyses. The total distribution of *Parapholidoptera* genus was divided into six biogeographic regions, including Marmara and Northwest Anatolia, Aegean, Southern Taurus Mountains, Anti-Taurus Mountains, Central Northern Anatolia, and Lesser Caucasus, and analyzed separately. Ecological analyses included character evolution tests for

Parapholidoptera genus using current presence data and ecological niche modeling for both *Parapholidoptera* and *Aparapholidoptera*, in order to examine how the complex structure of the Taurus Way, divided by peaks and valleys, may have influenced diversification.

The findings of the thesis have revealed that the reciprocal monophyly of *P. spinulosa*, *P. castaneoviridis*, *P. signata*, and *A. kosswigi* species is not supported, indicating the need for taxonomic revision considering both phenotypic and genetic characteristics within the genera. Phylogenetic analyses suggest the presence of eighteen genetic species for *Parapholidoptera* and three genetic species for *Aparapholidoptera*. Time-calibrated phylogenetic trees indicate that both genera share a common ancestor during the Messinian period, and the diversification has been driven by Pleistocene climate cycles. Biogeographical analyses suggest that the ancestral population of the genera originated from a stock population in Central Northern Anatolia and Anti-Taurus Mountains region. Towards the terminal branches, the Central Northern Anatolian lineage diversified internally, while the Anti-Taurus lineage became the founder of all other populations along the Taurus Way. Principal component analysis of ecological characters, including six ecological traits that explain the variation of bioclimatic parameters, with elevation being one of the five variables, suggests that these characters evolved according to Brownian Motion (BM) and Ornstein-Uhlenbeck (OU) models, indicating the preservation of the ancestral state. Phylogenetic signal was only found for seasonality among the characters related to temperature, precipitation, thermality, and seasonality. Ecological niche modeling based on nineteen bioclimatic parameters for four different time periods, including the last interglacial, last glacial, 1970, and 2070, revealed that the Taurus Way has undergone both vertical and horizontal distribution changes. Since the main objective of the thesis was to test the Taurus Way hypothesis, the taxonomic revision was beyond the scope of the study. The results on the biogeography of diversification suggest that the Amanos Mountain range, located in the southeast of the Taurus Way and the southern boundary of the Anatolian Diagonal, has played an active role in faunal/floral exchange between Anatolia and the Levant. The findings also support the hypothesis that Anatolia served as a glacial refuge for many montane species. Ecological data highlight the diverse climatic niches harbored within the Taurus Way, which has played an important role in both the preservation of biodiversity within Anatolia and faunal exchange with neighboring regions through vertical distribution changes and horizontal distribution changes.

KEYWORDS: Biogeography, Character evolution, Ecological niche modelling, Molecular clock, Orthoptera, Phylogenetics, Tettigoniidae

COMMITTEE: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Prof. Dr. Süphan KARAYTUĞ

Prof. Dr. Serap MUTUN

Prof. Dr. Nuray KAYA

Asst. Prof. Dr. Nehir KAYMAK

ÖNSÖZ

Anadolu dağcıl biyoçeşitliliğini özgün ve güncel bir yaklaşımla ele almayı hedeflediğim doktora tez çalışmam Prof. Dr. Battal ÇIPLAK tarafından tanımlanmış olan Toros Yolu hipotezinin sınanmasını odağına almaktadır. Bu amaçla *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* olmak üzere iki ayrı orthopter cinsi model seçilmiş ve bu grupların filocoğrafik ilişkileri bağlamında bir dizi çıkarım yapılmıştır.

Sunulan doktora çalışması iki ayrı TÜBİTAK projesi ve bir uluslararası proje tarafından desteklenmiştir. Prof. Dr. Battal ÇIPLAK tarafından yürütülen “Toros Yolu yayılış koridoru: *Parapholidoptera* cinsi filocoğrafyası ile bir enstantane” başlıklı ve 218Z090 nolu proje ile tez çalışmasının moleküler verileri elde edilmiş ve filogenetik hipotezler sınanmıştır. “Toros Yolu ve Anadolu dağ sıralarının biyocoğrafyasını anlamak: *Parapholidoptera* türlerinin dağılımının modellenmesi” başlıklı 2214-A Yurt Dışı Doktora Sırası Araştırma Burs Programı ile Donana Biyoloji Enstitüsü, İspanya’ya yapılan ve Dr. Joaquin ORTEGO danışmanlığında yürütülen dört aylık araştırma ziyareti süresince ise biyocoğrafik analizler ve ekolojik niş modelleri yapılmış ve tezin makale olarak yayınlanmasına dair çalışmalar yürütülmüştür. Ayrıca tez çalışması kapsamında ele alınan *Parapholidoptera* üyelerinin dağcıl koşullara adaptasyonunun total mitogenom verileriyle araştırılmasını önerdiğimiz projemiz uluslararası bir kuruluş olan Orthopterists’ Society tarafından verilen Theodore J. Cohn Research Fund ile desteklenmiş, verileri tez kapsamında sunulmamış olsa da doktora çalışmamın paralelinde tamamlanmıştır.

Çalışılan örnekler Akdeniz Üniversitesi Biyoloji Bölümü’nde yer alan, ülkenin en kapsamlı ve en çok sayıda Orthoptera örneği bulunan koleksiyonlarından biri olan Moleküler Evrim ve Biyocoğrafya Laboratuvarı (MEVBİL) ve Akdeniz Üniversitesi Zooloji Müzesi koleksiyonlarından temin edilmiştir.

Anadolu dağ sıralarının geniş bir coğrafyanın biyotasının şekillenmesinde etkili olduğu pek çok yerde vurgulanmasına karşın bunu bilimsel bir formüle dökerek gözlenen bu biyocoğrafi örüntüyü Toros Yolu hipotezi ile açıklayan hocam Prof. Dr. Battal ÇIPLAK’a bana bu konuda çalışma imkanı sağladığı için minnetarım. Prof. Dr. Battal ÇIPLAK’ın bilime, ve kaçınılmaz olarak hayatın tümüne, karşı sergilediği bütüncül ve analitik yaklaşım hem mesleki hem de kişisel olgunlaşmamda çok etkilidir. Doktora çalışmamın tümünde verdiği özverili emek için kendisine teşekkür ederim.

Tez izleme komitesi üyeleri Prof. Dr. Serap MUTUN ve Dr. Öğr. Üyesi Nehir KAYMAK’a doktora çalışmamı titizlikle takip ederek değerli katkılarıyla geliştirdikleri için teşekkür ederim.

Donanımı ve çalışkanlığının yanı sıra misafirperveliği ile de çok verimli, keyifli bir araştırma ziyaretine ev sahipliği yapan Dr. Joaquin ORTEGO'ya ve ekibine teşekkür ederim.

Müşerref Yasemin KARAKAŞ ve tüm MEVBİL ekibine tez çalışmamdaki katkıları için teşekkür ederim. Ekolojik niş modellemesi konusundaki desteği için Nurbahar USTA BAYKAL'a teşekkür ederim.

Hayatımın her aşamasında dünyanın neresinde olursa olsun varlıklarından güç aldığım dostlarım, koşullar ne kadar çetin olursa beni o kadar sıkı tutarak ayakta kalmamı sağladılar. Hem dostum hem çalışma arkadaşım Onur ULUAR başta olmak üzere her birine canı yürekten teşekkür ederim.

Doğru sorular sormayı bana ilk öğreten annem Macide TIKIZ YAHYAOĞLU ve babam Mustafa Safvet YAHYAOĞLU'na teşekkür ederim. Hayatımızı sevgi ve şefkatle örerek dünyanın en şanslı çocuklarından biri olmamı sağladılar. Onların maddi ve manevi desteği olmadan bu çalışma olmazdı.

Özgül YAHYAOĞLU

ANTALYA, 2023

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iiiii
ÖNSÖZ	v
İÇİNDEKİLER	vii
AKADEMİK BEYAN	ix
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	x
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xiii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xvii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
2.1. Anadolu'nun coğrafik evrimi.....	4
2.1.1. Anadolu'nun paleojeolojisi	4
2.1.2. Anadolu'nun paleoklimi.....	6
2.1.3. Anadolu biyocoğrafyası ve belirteç grup Orthoptera	7
2.2. Toros Yolu varsayımı ve Toros Yolu'nun <i>Parapholidoptera</i> ve <i>Aparapholidoptera</i> soy hatlarının çeşitlenmesindeki rolü	9
2.2.1. Toros Yolu biyocoğrafik koridoru.....	9
2.2.2. <i>Parapholidoptera</i> ve <i>Aparapholidoptera</i> soy hatları	9
3. MATERYAL VE METOT	13
3.1. Çalışılan örneklem.....	13
3.2. Moleküler laboratuvar çalışmaları.....	13
3.2.1. DNA izolasyonu	13
3.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR) ve sekanslama.....	14
3.3. Moleküler verilerin analizi	15
3.3.1. Verisetlerinin oluşturulması.....	15
3.3.2. Filogenetik analizler ve haplotip ağları	16
3.3.3. Moleküler saat analizleri.....	17
3.3.4. Tür sınırları testleri ve genetik uzaklık.....	17
3.3.5. Biyocoğrafya analizleri.....	18
3.4. Ekolojik verilerin analizi	19
3.4.1. Karakter evrimi	19
3.4.2. Ekolojik niş modellemesi	19
4. BULGULAR	22

4.1. Çalışılan örneklem ve üretilen moleküler veri	22
4.2. Moleküler analizler.....	24
4.2.1. <i>Parapholidoptera</i> cinsi.....	24
4.2.1.1. Verisetlerinin tanımlayıcı özellikleri	24
4.2.1.2. Filogenetik analizler.....	26
4.2.1.3. Haplotip ağları	31
4.2.1.4. Moleküler saat analizleri.....	33
4.2.1.5. Tür sınırları testleri ve genetik uzaklık	35
4.2.1.6. Biyocoğrafya analizleri.....	36
4.2.2. <i>Aparapholidoptera</i> cinsi	38
4.2.2.1. Veri setlerinin tanımlayıcı özellikleri	38
4.2.2.2. Filogenetik analizler ve haplotip ağları.....	39
4.2.2.3. Moleküler saat analizleri.....	46
4.2.2.4. Tür sınırları testleri ve genetik uzaklık	47
4.3. Ekolojik analizler	48
4.3.1. Karakter evrimi.....	48
4.3.2. Ekolojik niş modellemesi	53
4.3.2.1. <i>Parapholidoptera</i> cinsi	54
4.3.2.2. <i>Aparapholidoptera</i> cinsi	68
5. TARTIŞMA	72
5.1. Filogenetik hipotezler	72
5.2. Çeşitlenme zamanı	74
5.3. Çeşitlenmenin coğrafyası	76
5.4. Ekolojik niş değişimleri ve niş evrimi.....	77
5.5. Taksonomi	79
6. SONUÇLAR	81
7. KAYNAKLAR	83
8. EKLER.....	95
EK-1: Moleküler analizlerde çalışılan örneklerin lokalite listesi.....	95
EK-2: Dambe analizleri sonucu elde edilen baz doygunluğu grafikleri	97
EK-3: Ekolojik niş modellemesi analizlerinde kullanılan varlık verileri tablosu	99
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Doktora Tezi olarak sunduğum “ANADOLU DAĞCIL ÇEŞİTLİLİĞİNİN OLUŞUMUNDA TOROS YOLU’NUN YERİ: *PARAPHOLIDOPTERA* VE *APARAPHOLIDOPTERA* CİNSLERİNİN FİLOCOĞRAFYASI” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

...../...../2023

Öğrencinin Adı Soyadı

İmzası

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

Δ : Delta

$^{\circ}$: Derece

$^{\circ}\text{C}$: Derece santigrat

N_E : Efektif populasyon büyüklüğü

μ : Mikro

% : Yüzde

, : Ondalık ayracı

Kısaltmalar

ABGD: Automatic Barcode Gap Discovery

Aeg : Ege

AIC : Akaike Information Criterion

AICc : Corrected Akaike Information Criterion

ASAP : Assemble Species by Automatic Partitioning

ATM : Anti Toroslar

AUZM: Akdeniz Üniversitesi Zooloji Müzesi

bç : Baz çifti

BEAST: Bayesian Evolutionary Analysis by Sampling Trees

BEAUti: Bayesian Evolutionary Analysis Utility

BF : Bayes filogeni çıkarımı

Bkz : Bakınız

BM : Brownian Motion

bPTP : Bayesian implementation of the PTP model

byö : Bin yıl önce

CI : Tutarlılık indexi

CNA : Orta Kuzey Anadolu
COI : Sitokrom C oksidaz
DEC : Dispersal-Extinction-Cladogenesis
DİVAlike: Dispersal-Vicariance
DNA : Deoksiribonükleik Asit
EtBr : Etidyum bromür
EB : Early Burst
GMYC: Generalized Mixed Yule Coalescent
HI : Homoplazi indeksi
ITS : Internal Transcribed Spacer
LC : Aşağı Kafkaslar
LTT :Lineage Through Time
MCMC: Markov Chain Monte Carlo
Mg : Miligram
ML : Maksimum Olabilirlik
MNwA: Marmara ve Kuzeybatı Anadolu
MP : Maksimum Parsimoni
MTM : Mitokondri Matrisi
My : Milyon yıl
Myö : Milyon yıl önce
nm : Nano mol
ND2 : Nikotinamit Adenin Dinükleotit alt ünite 2
OU : Ornstein-Uhlenbeck
PAUP : Phylogenetic Analysis Using PAUP
PCA : Principal Components Anlaysis
PZR : Polimeraz Zincir Reaksiyonları

RI : Kuvvet indeksi

rRNA : Ribozomal Ribonükleik Asit

STM : Güney Toroslar

TBA : Temel Bileşenler Analizi

UV : Ultraviyole

VIF : Variance Inflation Factor

W/V : Weight by Volume



ŞEKİLLER DİZİNİ

- Şekil 2.1.** Anadolu ve komşu coğrafyaların 100, 65, 25 ve 10 myö içerisindeki karasal konumlanması. İlgili bölge her bir dünya haritasında kutu içerisinde gösterilmiştir (https://www.ods.de/ods/services/paleomap/adv_map.html#Form).....4
- Şekil 2.2.** Türkiye jeomorfoloji haritası (İzmir 1972).....6
- Şekil 2.3.** *Parapholidoptera* cinsinin toplam on sekiz taksonomik türünün yayılış haritası. Tez çalışmasında yer alan *P. salmani*, *P. flexuosa*, *P. castaneoviridis*, *P. syriaca*, *P. georgiae*, *P. salmani*, *P. indistincta*, *P. signata*, *P. antaliae*, *P. grandis*, *P. spinulosa* ve *P. bolkarensis* daire simgesiyle, çalışma kapsamında yer almayan *P. yoruka*, *P. yarpuzi*, *P. willemsei*, *P. punctifrons*, *P. kalashiani* ve *P. noxia* ise yıldız işaretiyle gösterilmiştir. Her tür sembollerden bağımsız olarak farklı renklerde gösterilmiştir. Kesikli çizgiler Toros Yolu'nu ifade etmektedir. 10
- Şekil 2.4.** *Aparapholidoptera* cinsinin toplam dört taksonomik türünün yayılış haritası. Tez çalışmasında yer alan *A. distincta*, *A. karabagi* ve *A. kosswigi* daire simgesiyle, çalışma kapsamında yer almayan *A. ziganensis* ise yıldız işaretiyle gösterilmiştir. Her tür sembollerden bağımsız olarak farklı renklerde gösterilmiştir. Kesikli çizgiler Toros Yolu'nu ifade etmektedir. 11
- Şekil 4.1.** COI veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB (ML analizinden)/SO (BF analizinden)/ SB (MP analizinden) değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir. K1 ve K2 ana kladları ile K2'nin iki alt kladı (K2-1 ve K2-2) düğüm noktasındaki daire sembolü ile belirtilmiştir.....27
- Şekil 4.2.** ND2 veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB (ML analizinden)/SO (BF analizinden)/ SB (MP analizinden) değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir. K1 ve K2 ana kladları ile K2'nin iki alt kladı (K2-1 ve K2-2) düğüm noktasındaki daire sembolü ile belirtilmiştir.....28
- Şekil 4.3.** MTM veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB (ML analizinden)/SO (BF analizinden)/ SB (MP analizinden) değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir. K1 ve K2 ana kladları ile K2'nin iki alt kladı K2-1 ve K2-2 düğüm noktasındaki daire sembolü ile belirtilmiştir.....30
- Şekil 4.4.** ITS veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB (ML analizinden)/SO (BF analizinden)/ SB (MP analizinden) değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir. K1 ve K2 ana kladları ile K2'nin iki alt kladı K2-1 ve K2-2 düğüm noktasındaki daire sembolü ile belirtilmiştir 31
- Şekil 4.5.** MTM veri setinin SPLITSTREE programı ile üretilen haplotip ağı. K1, K2-1 ve K2-2 kladları kesikli çizgili çerçeveler içerisinde gösterilmiştir 32

Şekil 4.6. ITS veri setinin SPLITSTREE programı ile üretilen haplotip ağı.....	33
Şekil 4.7. MTM veri setine uygulanan BEAST analizi ile üretilen zaman ağacı LTT grafiği ve ABGD, ASAP, bPTP ve GMYC tür sınırları testlerinin önerdiği türlerin gösterimi. Analizlere dahil edilen 10 taksonomik tür sembollerle, tanımlanan 5 ayrı biyocoğrafik bölgede renklerle sembolize edilerek her bir dal tür ve lokalite etiketi ile birlikte verilmiştir. Plio-Pleistosen ve Orta Pleistosen geçişi ile son dört buzul dönem farklı renkte dikey sütunlarla belirtilmiştir.....	34
Şekil 4.8. BioGeoBEARS analizinde DIVALIKE+J modeli ve BEAST ile elde edilen zaman ağaçları kullanılarak elde edilen atasal alan tahminlenmesi. Analizde kullanılan ve renk koduyla tanımlanmış altı atasal alan (i) Ege (Aeg), (ii) Marmara ve Kuzeybatı Anadolu (MNwA), (iii) Orta-Kuzey Anadolu (CNA), (iv) Aşağı Kafkaslar (LC), (v) Güney Toroslar (STM), ve (vi) Anti-Toroslar (ATM).....	38
Şekil 4.9. COI veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML /SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir.....	41
Şekil 4.10. ND2 veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML/SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir	42
Şekil 4.11. MTM veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML/SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir	43
Şekil 4.12. ITS veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML/SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir.....	44
Şekil 4.13. MTM veri setinin SPLISTREE programı ile üretilen haplotip ağı	45
Şekil 4.14. ITS veri setinin SPLITSTREE programı ile üretilen haplotip ağı.....	46
Şekil 4.15. MTM veri seti ile BEAST programında üretilen zaman ağacı, LTT grafiği ve ABGD, ASAP, bPTP ve GMYC tür sınırları testlerinin önerdiği türlerin gösterimi. Plio-Pleistosen ve Orta Pleistosen farklı renkte dikey sütunlarla zaman ağacında belirtilmiştir.....	47
Şekil 4.16. Karakterlerin (TB1, TB2, TB3, TB4, TB5 ve Ortalama yükseklik) atasal durumlarının R ortamında BEAST zaman ağacı ile 'phytools' paketi <i>contmap</i> fonksiyonu kullanılarak üretilen atasal karakter durum tahminleri. Her bir filogenetik ağacın sol veya sağ alt köşesindeki renk skalası sürekli karakterlerin sayısal aralığını tanımlamaktadır	52
Şekil 4.17. <i>P. antaliae</i> türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi	

dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 57

Şekil 4.18. *P. bolkarensis* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 58

Şekil 4.19. *P. castaneoviridis* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 59

Şekil 4.20. *P. flexuosa* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 60

Şekil 4.21. *P. georgiae* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 61

Şekil 4.22. *P. grandis* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 62

Şekil 4.23. *P. indistincta* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 63

Şekil 4.24. *P. salmani* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 64

Şekil 4.25. *P. signata* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları(x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası

ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 65

Şekil 4.26. *P. spinulosa* Adana + Kahramanmaraş türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 66

Şekil 4.27. *P. cf. spinulosa* Kastamonu türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 67

Şekil 4.28. *P. cf. spinulosa*-Ordu kladının A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 68

Şekil 4.29. *A. kosswigi* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 69

Şekil 4.30. *A. karabagi* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 70

Şekil 4.31. *A. distincta* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.) 71

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Tez kapsamında çalışılması planlanan genler ve kullanılacak primer çiftleri.....	14
Çizelge 4.1. Çalışma kapsamında çalışılan <i>Parapholidoptera</i> ve <i>Aparapholidoptera</i> türleri ile dış gruplar ve populasyon başına üretilen COI, ND2, ITS ve MTM dizi sayısı.....	22
Çizelge 4.2. Üretilen moleküler veriler ile oluşturulan dört veri setinin (COI, ND2, ITS ve MTM) tanımlayıcı özellikleri.....	25
Çizelge 4.3. ITS1-2 verisetinde türlere göre paylaşılan haplotiplerin dağılımı.....	26
Çizelge 4.4. <i>Parapholidoptera</i> cinsi MTM matrisine uygulanan ABGD ve bPTP tür sınırlarının testi analizleri sonucu önerilen 18 aday türün (T1, T2, ..., T18) p-dist metoduyla hesaplanan birbirlerine olan genetik uzaklıkları	36
Çizelge 4.5. Alternatif biyocoğrafik modellerin ve ilgili parametrelerin (d, dispersal; e, extinction; j, kurucu etkisi) karşılaştırılması. lnL, modelin log likelihood değeri; AICc, Akaike's information criterion corrected değeri; ΔAICc değeri, AICc değeri en yüksek olan model ile farkı.....	37
Çizelge 4.6. <i>Aparapholidoptera</i> cinsi için üretilen dört veri setinin tanımlayıcı özellikleri.....	39
Çizelge 4.7. Toplam varyasyonun kümülatif olarak 94. 16%'sını açıklayan ilk beş temel bileşen ile 19 biyoiklimsel değişkenin varimax rotasyonu sonucu elde edilen korelasyon değerleri. Yüksek korelasyon kabul edilen değerler kalın harflerle belirtilmiştir.....	48
Çizelge 4.8. Toplam varyasyonu açıklayan ilk beş temel bileşen ile ortalama yüksekliğin filogenetik sinyal testleri Bloomberg's K ve Pagel's λ ile p değerleri. Karakter evriminin modu Brownian Motion (BM), Ornstein-Uhlenbeck (OU), Early Burst (EB) modellerine göre AICc ve ΔAICc değerleri	50
Çizelge 4.9. Niş modellemesi yapılan <i>Parapholidoptera</i> soy hatlarının <i>viçcor</i> fonksiyonu ile tespit edilen yüksek korelasyon göstermeyen biyoklimatik değişkenler ve değerleri. Tablodaki biyoklimatik değişkenden farklı olan değer ve ilgili değişken * ile gösterilmiştir.....	53
Çizelge 4.10. Niş modellemesi yapılan <i>Aparapholidoptera</i> soy hatlarının <i>viçcor</i> fonksiyonu ile tespit edilen yüksek korelasyon göstermeyen biyoklimatik değişkenler ve değerleri. Tablodaki biyoklimatik değişkenden farklı olan değer ve ilgili değişken * ile gösterilmiştir.....	54
Çizelge 4.11. Niş modellemesinde kullanılan GLM, GAM ve MaxEnt modelleme algoritmalarının tahminlerinin AUC ve TSS değerlerine göre karşılaştırılması.....	54

1. GİRİŞ

It is not surprising then that the application of molecular phylogeographic methods to alpine regions is generating a kaleidoscope of patterns and possible pathways produced by Quaternary glacial cycles

Godfrey Hewitt, 2004

Yeryüzündeki canlı çeşitliliği hem bölgesel hem de tarihsel farklılıklar gösterir. Burada bahsi geçen farklılık, farklı tarihsel kesitlerin hem dönemin koşullarını hem de biyoçeşitliliğin ardışık atasallığını veya ardışık nesiller ile aktarımı ifade etmektedir. Böylesi katmanlı bileşenlerle oluşan çeşitlilik tekil olarak ele alınamayacaktır. Bundan sonra biyoçeşitlilik olarak bahis edilecek olan kavram tür çeşitliliği, (filo)genetik çeşitlilik, ekosistem çeşitliliği, fonksiyonel çeşitlilik gibi çok boyutlu bir kapsamı ifade etmektedir. Tüm bu çeşitliliği anlamak bilim tarihi boyunca temel bilimsel meraklardan biri olmuştur.

Canlılar ve bulundukları çevre ile ilişkisinin biyocoğrafya olarak sistematik bir araştırma disiplini halini almasında Alexander Von Humboldt'un çalışmaları öncü olmuştur. Humboldt'un, bugün bitki biyocoğrafyası olarak genelleyebileceğimiz araştırmaları ve bulguları, birbirlerinden kilometrelerce uzaklıkta olan alanlarda dahi aynı canlıların ve hatta benzer canlı kompozisyonlarının bulunabildiğini ortaya koymuştur. Bu bulgular, bölgeye özgü niteliklerin ve doğal dinamiklerin yanı sıra büyük oranda tüm dünyaya genellenebilen bir örüntü olduğunu göstermiştir. Alfred Russel Wallace ve Charles Darwin'in canlıların ortak atadan geldiği ve doğal seçim yoluyla evrimi tanımlaması ile birlikte canlıların nasıl çeşitlendikleri ve yayılış alanları arasındaki ilişkilere dönük araştırmalar yeni bir boyut kazanmıştır. Bu perspektif ile Wallace canlıların evrimsel akrabalıklarını göz önünde bulundurarak günümüzde halen kullanılmakta olan biyocoğrafik bölgeleri tanımlamıştır. 20. yüzyıla gelindiğinde Alfred Wegener tarafından 'Kıta Kayması Teorisi' geliştirilmiş ve fosil kayıtlar ile birlikte güncel yayılışı bilinen canlıların tarihsel durumuna dair çıkarımlar yapılması olanaklı hale gelmiştir. Biyocoğrafya disiplininin bu tarihsel gelişimi jeoloji, meteoroloji, taksonomi, evrimsel biyoloji, ekoloji alanlarındaki ilerlemeleri kapsayarak gelişen bilimsel bir disiplin olmuştur (Çıplak vd. 1999). Biyocoğrafyanın alt dalı olan filocoğrafya ise mikroevrim ile makroevrimin kesişim noktasında yer alır (Avice 2000). Bu bütüncül perspektif günümüz biyoçeşitlilik araştırmalarının da temel taşlarını oluşturmaktadır. Türlerin ve ait oldukları soy hatlarının güncel yayılışında canlıların evrimsel tarihi belirleyicidir ve filogenetik çalışmalarla bunlar saptanmaya çalışılmaktadır. Filogenetik çalışmalar, ilgilenilen soy hatlarının çeşitli kalıtılabilir özellikleri (morfoloji, davranış vb) veya doğrudan kalıtım verileri (DNA dizileri) kullanılarak araştırılmasıdır (Avice 2009). Modern teknik ve teknolojik gelişmelerin paralelinde bu alanda da bilgi birikimi artış hızı son yıllarda yükselmiştir.

Canlıların yayılışlarını değiştirmeleri (dispersal), bir takım uygun ve/veya gerekli koşul bulunduğu takdirde meydana gelir. Bulundukları habitatın elverişsiz hale gelmesi (örn; besin, sığınak, rekabet vb.) yayılış değişimlerini tetikleyen başlıca etkenlerdendir. Dağcıl habitatlar geçmiş iklim döngüleri bağlamında bu soruların cevaplanmasında doğal laboratuvarlar olarak görülebilir (Rahbek vd. 2019). Dünya üzerinde taksonomik çeşitlilik her yere eşit olarak dağılmamış, topografik çeşitlilik gösteren alanlarda

yoğunlaşmıştır (Badgley vd. 2017). Kuzey Yarımküre’de ılıman kuşakta yer alan karasal alanlarda özellikle soğuğa adapte türler için dağcıl habitatlar kritik önemdedir (Hewitt 2004). Anadolu'nun sahip olduğu iklim ve topoğrafik çeşitlilik, bulunduğu coğrafyanın biyolojik çeşitliliğinin şekillenmesinde belirleyici olmuştur. Anadolu, barındırdığı habitat çeşitliliği ile iklimsel döngülerde pek çok canlı için sığınak olmuş ve yine pek çoğunun komşu coğrafyalara yayılmalarına olanak sağlamıştır. Balkanlar ile Kafkasya arasında canlıların yayılış değişimlerinde rol oynadığı bilinen Toros Yolu bunun önemli bir örneğidir (Çıplak 2003; Çıplak vd. 2005; Çıplak 2008). Toros Yolu olarak tanımlanan yükselti zinciri, Kafkaslardan başlayarak Anadolu Diyagonali yükselti zinciri ile güneydeki Toros Dağlarına ve oradan Ege'deki kesikli yükselti hattı ile Balkanlar'daki dağ silsilelerine ulaşan bir yayılış koridoru olarak tanımlanmıştır (Çıplak vd. 2005; Çıplak 2008). Geniş bir coğrafyanın biyotası için belirleyici olmuş olan Toros Yolu'nun çalışılmasının, hem yüksek endemizmle sahip Anadolu dağcıl biyoçeşitliliğinin hem de Batı Palearktik'teki filocoğrafi örüntülerin anlaşılmasında oldukça önemli olduğu açıktır.

Buradan hareketle yapılan doktora tez çalışması ile, Anadolu biyoçeşitliliğinin oluşumu ve yerleşim örüntüsünü anlamada belirteç bir grup olarak kullanılmış olan Orthoptera takımından *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerini ele almaktadır. Bu iki grubun model seçilmesindeki ana etken yayılışlarıdır. Bu soy hatlarına ait türler Balkanlar, Anadolu, Kafkasya, Levant gibi geniş bir coğrafyada bulunmalarına karşın ağırlıklı olarak Anadolu'da ve de Toros Yolu üzerinde dağılışı göstermektedirler. Bu nedenle, seçilen cinsleri filogenetik ve ekolojik bir perspektifle filocoğrafyalarının çalışılması amaçlanmıştır. *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerinin ve türleşme örüntülerine dair şimdiye dek yapılmış çalışmalar, cinslerin çeşitlenme merkezleri belirlenmemiş ve çeşitlenme sürecinde Toros Yolu özelinde Anadolu dağ sıralarının etkisini sınamamıştır.

Sunulan doktora tez çalışmasında aşağıdaki soruların cevaplanması hedeflenmiştir:

1. *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerinin köken yeri neresidir? Türler arası filogenetik ilişki nasıldır? Türler bağımsız birer evrimsel birim oluşturmaktadır mı? Cins içinde fenotipik olarak kriptik türler var mıdır?
2. *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerine ait türler ne zaman çeşitlenmişlerdir? Çeşitlenme zamanları jeolojik veya iklimsel olaylarla ilişkilenebilir mi?
3. *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* üyelerinin yayılışı tipik olarak Anadolu buzul sığınağı ve yakın çevresidir. Bu durumda geçmişteki iklim döngüleri sırasında sığınak içerisinde nasıl yayılış değişimleri olmuştur? Yatay veya dikey yayılış değişim modellerinden hangisi daha baskın olmuştur?
4. *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerine ait türlerinin geçmiş ve güncel ekolojik tercihleri nasıldır? Günümüzde cins içinde hem yüksek rakım hem de düşük rakım türleri bulunduğundan evrimsel geçmişlerinde ekolojik değişimler olduğu açıktır. Cinsin üyelerinde ekolojik tercih değişimleri ne zaman ve nasıl olmuştur?

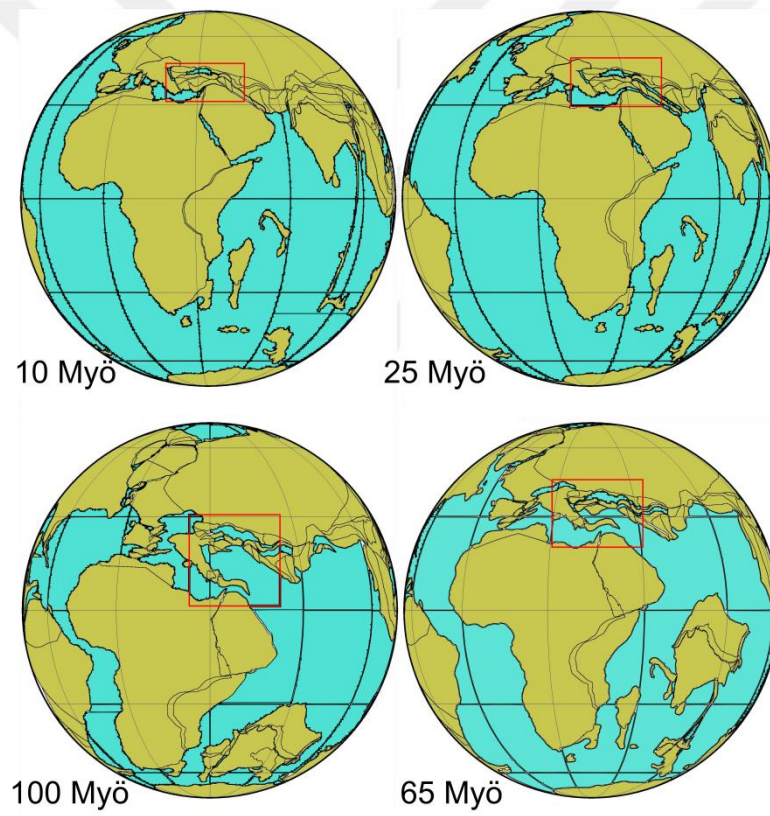
Belirlenen araştırma sorularının testi için alanın güncel yön ve yöntemleri kullanılmıştır. Biyocoğrafi hipotezleri test edebilmek için öncelikle grubun taksonomisinin değerlendirilmesi gerekmektedir. Bu amaçla moleküler filogenetik analizler ile soy hatlarının evrimsel akrabalıkları ve tür sınırları test edilmiştir. Buradan elde edilen filogenetik hipotezler ile soy hatlarının çeşitlenmesinin tarihi ve Anadolu'nun tarihsel coğrafyası ile ilişkisi irdelenmiştir. Bu tarihsel veri aynı zamanda atasal yayılım alanları hesaplanmasına da yansıtılmış ve Toros Yolu'nun soy hatlarının yayılışındaki etkinliği test edilmiştir. Anadolu buzul sığınağı içerisinde dağcıl bir soy hattının çeşitlenmesinde yayılım değişimleri kadar niş değişimlerinin de belirleyici olabileceği yönündeki hipotezi test etmek için buzul ve buzullar arası dönemlere ilişkin iklimsel niş modellemeleri yapılmış ve niş evrimleri güncel iklimsel istekleri bağlamında test edilmiştir. Böylelikle Anadolu biyocoğrafyasının belirleyici unsurları olan yükselti hatlarının yeri Toros Yolu varsayımı çerçevesinde, Anadolu'nun tarihsel coğrafyası ile birlikte *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerinin çeşitlenmesi üzerinden kapsamlı olarak ele alınmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Anadolu'nun coğrafik evrimi

2.1.1. Anadolu'nun paleojeolojisi

Anadolu, tarihi yaklaşık son 400 milyon yıla dayanan çeşitli kıtasal ve okyanusal fragmentlerin geç Tersiyer döneminde bir araya gelmeye başlamasıyla oluşmuş bir kara parçasıdır (Okay 2008). Tethis Okyanusu'nun kalıntısı olan Akdeniz Havzası'nın doğusunda yer alan Anadolu, Gondwana ve Laurasia süper kıtalarının da çarpışma sınırında yer alır (Şekil 2.1.). Bu nedenle de bulunduğu bölgede içerisinde komşu coğrafyalara kıyasla oldukça girift ve zengin bir jeolojik yapıya sahiptir (Atalay 2006). Anadolu kara kütlelerinin hem paleo- hem de biyocoğrafyası açısından Akdeniz havzasının tektonik evrimi belirleyici olmuştur. Buradan hareketle Anadolu'nun jeolojik evrimini Akdeniz'in oluşumundan itibaren ele almak yerinde olacaktır.



Şekil 2.1. Anadolu ve komşu coğrafyaların 100, 65, 25 ve 10 myö içerisindeki karasal konumlanması. İlgili bölge her bir dünya haritasında kutu içerisinde gösterilmiştir (https://www.ods.de/ods/services/paleomap/adv_map.html#Form)

Erken Kretase itibariyle başlamış olan Hindistan ve Afrika levhalarının kuzey yönlü hareketleri ile Laurasia süper kıtasına doğru kaymaları sonucu Eosen döneminde Tethis Okyanusu bölünmüş ve bugünkü Akdeniz'in ilkin formu oluşmaya başlamıştır. Tersiyer döneminde Anadolu karası büyük oranda sular altında olup bir dizi ada şeklinde var olmaktadır, bu dönemde kuzeyde Avrasya plakasına doğru bütünleşen bir kara parçası

halini almaktadır (Şengör ve Yılmaz 1981). Bununla birlikte Paleosen ve Eosen döneminde, levhaların tektonik kaymaları ve meydana gelen çarpışmalar neticesinde Alp-Himalaya Dağ kuşağının oluşumu, bir diğer deyişle Alpin orojenezi başlamıştır. Oligosen sonu itibariyle (~ 23 myö) Anadolu büyük oranda tek bir kara parçası halinde şekillenmiştir (Meulenkamp ve Sissingh 2003). Takip eden Miyosen dönemdeki kıtasal konvergans sonucunda da Arap plakası ile Anadolu'nun güneyindeki son su kanalı kapanmış ve günümüz karasal yapısı meydana gelmiştir (Görür ve Tüysüz 2001). Miyosen döneminde Anadolu'nun güncel biyocoğrafyasını şekillendiren bir dizi gelişme olmuştur: i) Ege Denizi'nin oluşumu, ii) Alpin orojenezinin artan etkisi ile birlikte Anadolu'da Toroslar ve Karadeniz Dağları'nın oluşumu, iii) Cebelitarık boğazının kapanması ile Akdeniz'in önemli ölçüde (veya tamamen) kurumuş olması (Meulenkamp ve Sissingh 2003; Aksu vd. 2021). Mesiniyen Tuzluluk Krizi olarak da adlandırılan bu son dönemde Anadolu ana karası ile ayrı olan yerler arasında kara köprüleri meydana gelmiştir (Borissov vd. 2020). Filogenetik çalışmalar bu durumun komşu coğrafyalarda faunal ve floral değiş tokuşa imkan verdiğini ortaya koymuştur (Çıplak vd. 2010). Pliyosen dönemde, Cebelitarık boğazı tekrar açılmış ve kademeli olarak Akdeniz ve Ege Denizi'nin yeniden dolmasıyla karasal bağlantılar ortadan kalkmıştır (Anastasakis vd. 2006).

Anadolu'nun bu jeolojik tarihi kompleks bir topografik yapı kazanmasına yol açmıştır. Böylelikle, hem tektonik hem de volkanik kökenli dağlar ve dağ sıraları ile bölünmüş farklı coğrafi fragmanlar oluşmuştur. Bu bölgelerden en az yükselti Ege ve Marmara Bölgeleri'nde bulunmaktadır. Bununla birlikte devamlılık gösteren bir yükselti hattı bulunmamasıyla da diğer bölgelerden farklılık göstermektedir. Marmara Bölgesi için Uludağ ve Kazdağları, Ege Bölgesi ise Bozdağ, Babadağ ile Sultan ve Menteşe dağları sayılabilir. Karadeniz Bölgesi doğu tarafında bu durum daha belirgindir. Kıyı boyunca batı/doğu doğrultusunda uzanan yükselti hattı sırasıyla Akçakoca, Bolu, Ilgaz, Otlukbeli, Küre, Köse, Canik, Giresun ve Doğu Karadeniz dağları birincil yükselti zincirleri olarak sayılabilir. Bu sıralara ek olarak kuzey Anadolu'daki yükselti olarak Doğu Karadeniz dağlarına ek olarak Mescit ve Yalnızçam dağları Kafkasya ile bağlantıyı sağlar (Çıplak 2008). Tüm bölgeler içerisinde ise Doğu Anadolu ve Akdeniz en dağlık bölgelerdir. Güneyde Akdeniz'in batısından başlayıp doğuya doğru kıyı boyunca uzanan Toros Dağları, geniş bir coğrafi alanda birçok vadiyle bölünmüş parçalı bir silsile özelliği gösterir. Akdeniz bölgesinin sıradağları, Batı ve Orta Toroslar ile Doğu Toroslar olarak tanımlanabilir. Batı Toroslar, Giden Gelmez ve Geyik Dağları'ndan oluşurken, Orta Toroslar, güneybatı-kuzeydoğu yönünde uzanan Bolkar Dağları'ndan başlayıp doğuda Amanoslar ve Gavur Dağları ile sonlanır. Toros Dağları'nın batısındaki sıradağlar, Ege Dağları'na doğru uzanan Sultan ve Karakuş Dağları'na bağlanırken, doğu sınırını belirleyen Amanoslar ve Gavur Dağları, Maraş üçgeninden başlayan Güneydoğu Toroslar ile Zagros Dağlarına kadar uzanır. Aynı şekilde Doğu Toros hattı ile kuzeyde Karadeniz ve Kafkaslara kadar uzanan dağ sıraları Anadolu Diyagonalini bileşenleridir. Güneydoğu doğrultusunda devam eden yükselti hattı ise Suriye üzerinden Filistin'e ulaşır ve Anadolu'nun biyocoğrafik güney sınırını oluşturur (Oosterbroek ve Arntzen 1992; Çıplak 2004a; Atalay 2006; Çıplak 2008). Doğu Anadolu, ortalama yüksekliği 1.500 metre ile Anadolu'nun en dağlık bölgesidir ve bu ortalama yüksekliğe ek olarak birçok dağ sırasını veya münferit yükseklikleri bünyesinde barındırır. Anadolu Diyagonalini oluşturan Doğu Anadolu'nun batısında Nurhak, Esence ve Binboğa dağları ile doğuda Kargasekmez, Palandöken, Elburs ve Zagros dağları yer almaktadır. Bunların yanı sıra

Ağrı, Süphan gibi birçok münferit zirve de dikkat çekmektedir (Şekil 2.2).



Şekil 2.2. Türkiye jeomorfoloji haritası (İzbirak 1972)

Anadolu'nun dinamik jeolojik evrimi boyunca iklimsel koşullar da dönemsel farklılıklar göstermiş ve biyotanın şekillenmesinde etkili olmuştur. Bölgesel ölçekte ise topografik çeşitliliğin Anadolu içerisinde çeşitli iklimsel koşulların kısa mesafelerde yaşanmasına imkan sağlayarak hem soğuk hem de sıcak seven soy hatlarının çeşitlenmesinde önemli bir alan olmuştur (Çıplak 2000; Çıplak vd. 2005; Çıplak 2008; Kaya ve Çıplak 2017; Borissov vd. 2020; Uluar vd. 2023). Bu bağlamda, Anadolu'nun iklimsel tarihi ayrıca ele alınacaktır.

2.1.2. Anadolu'nun paleoiklimi

Dünyanın yaklaşık 4,5 milyar yıl önce oluşmasından bu yana iklimi birçok kez önemli ölçüde değiştirmiştir (Bond ve Grasby 2017). Bu durum başlıca; i) kıtaların ve okyanusların konumunda, ii) Güneş'in yoğunluğunda, iii) Dünya'nın yörüngesinde ve iv) atmosferdeki sera gazlarının yoğunluğunda meydana gelen değişimler tarafından tetiklenmiştir. Derin deniz çökeltilerinden ve buzul karotlarından alınan örnekler ile yapılan kararlı izotop çalışmaları, bu iklimsel değişimlerde periyodikliğinin günümüzden yaklaşık 3.2-2.6 myö öncesine tarihlenen Plio-Pleistosen geçişi ile değişmeye başladığını ve Kuzey yarımkürede buzullaşmanın yoğunlaştığını ortaya koymuştur (Webb ve Bartlein 1992; Hewitt 1996; Hewitt 2000). Paleoiklimsel olarak bir diğer önemli dönem ise 41 bin yıllık döngüsel soğuma ve ısınma (buzul ve buzullar arası) periyotlarının 100 bin yıllık periyotlar halinde görülmeye başladığı Orta Pleistosen Geçiş (Mid-Pleistocene Transition; MPT) olarak tanımlanmıştır (Clark vd. 2006). Aynı zamanda, bu dönemde ısınma ve soğuma periyotlarının öncesine kıyasla daha ekstrem uçlara çekildiği, diğer bir deyişle soğuk-sıcak dalgalanmasında genliğin arttığı, bilinmektedir (Clark vd. 2006). Her bir sıcak ve soğuk döngü bölgesel olarak hem yoğunluk hem de süre bakımından farklılıklar göstermesine karşın, abiyotik koşullardaki bu radikal değişim, özellikle kuzey yarımkürenin ılıman kuşağındaki canlıların biyocoğrafik örüntülerinde belirleyici olmuştur (Hewitt 1996; Hewitt 2000).

Moleküler saat analizleri ile yapılan çalışmalar Anadolu'da pek çok soy hattının çeşitlenmesinin son dört buzul dönemin gerçekleştiği Pleistosen iklim döngüleriyle ilişkili olduğunu ortaya konmuştur (Kaya vd. 2012; Kaya vd. 2013; Sağlam vd. 2014; Çıplak vd. 2015; Kaya vd. 2015; Kaya ve Çıplak 2016; Chobanov vd. 2017; Kaya ve Çıplak 2017; Dinç ve Mutun 2019; Mutun vd. 2019; Uluar vd. 2023). Son buzul maksimumunda (~ 23-18 byö) kuzeyden güneye doğru genişleyen buzul tabaka 52° ve devamındaki permafrost tabaka ise 47° kuzey paralelllerine kadar ilerlemiştir (Hewitt 2000, 2004). Bu tabaka Anadolu'ya erişememiş olmasına karşın, bu dönemde Anadolu'da buzul kaplı zirveler oluşu ortaya konmuştur (Hesselbarth 1995; Sarıkaya vd. 2011a). Kuvaterner buzullarının bulunduğu bölgeler; i) Akdeniz kıyısı ve Güneydoğu Anadolu boyunca uzanan Güneydoğu Toroslar, ii) Doğu Karadeniz Dağları ve iii) Anadolu platosunda yer alan özellikle 2000 m ve üzeri yükseklikteki tekil ya da sıralı zirveler olarak ortaya konmuştur (Hesselbarth 1995; Sarıkaya vd. 2011b). Yüksek rakımlarda yaşanan bu değişimlerle birlikte düşük rakımlarda da buzul dönemlerde değişen yağış rejimi ve buzul tabakalarında suyun tutulması nedeniyle deniz su seviyelerinde yaşanan düşüşe bağlı olarak Akdeniz'de birçok adanın ana karalarla bağlantıda olduğu bilinmektedir (Dermitzakis 1990; Anastasakis vd. 2006). İklim döngülerine bağlı olarak yaşanan bu tekrarlı vikaryans ve ikincil temaslar bölgedeki zengin biyoçeşitliliğin arkasındaki temel faktörlerden olmuştur (Çıplak 2004b; Uluar vd. 2023).

2.1.3. Anadolu biyocoğrafyası ve belirteç grup Orthoptera

Batı Palearktik'te yer alan Anadolu, heterojen topografya ve iklimi sayesinde kısa mesafeler içerisinde farklı habitatları bir arada barındırabilmektedir. Ayrıca Balkanlar, Kafkaslar ve Levant ile güncel olarak bağlantılı olan bu coğrafya, Doğu Akdeniz havzasında canlıların doğu/batı ve kuzey/güney yönlü yayılışlarına olanak sağlayan bir kara köprüsü olmuştur (Uvarov 1921b; Davis 1965; Çıplak 2003, 2004a). Böylelikle komşu biyotaların bulunduğu bu kavşak zengin ve özgün bir biyolojik çeşitliliğe ev sahipliği yapmaktadır (Çıplak 2003; Şekercioğlu vd. 2011). Anadolu bir buluşma noktası olmasıyla birlikte pek çok soy hattının da çeşitlenme merkezlerinden birisi olmuştur (Çıplak 2004a; Noroozi vd. 2019).

Pleistosen iklim döngüleri günümüz Anadolu biyolojik çeşitliliğini hem ılıman hem de dağcıl soy hatları bakımından çeşitli şekillerde etkilemiştir (Gündüz vd. 2007; Korkmaz vd. 2010; Kaya vd. 2012; Gür 2013; Korkmaz vd. 2014; Mutun ve Atay 2015; Dinç ve Mutun 2019; Mutun vd. 2019). Bu etkiler; i) niş değişimi, ii) yayılış değişimi ve iii) yok oluşlar olarak üç ana başlık altında değerlendirilebilir (Çıplak 2008). Bunlar içerisinde popülasyonların yayılış alanlarında iklimsel dalgalanmalara bağlı olarak gerçekleşen değişimler gen havuzlarının ardışık dönemlerde yeniden karılmasına yol açarak çeşitlenmenin itici kuvveti olmuştur. Bu yayılış değişimleri canlıların adaptif özelliklerine ve dispersal kapasitesilerine göre elverişli habitatlara doğru olup kuzey-güney yönünde yatay (horizontal) veya yükseltiye bağlı olarak dikey (vertikal) olarak ikiye ayrılmaktadır (Hewitt 1996; Çıplak 2004b). Buna göre, popülasyonların buzul dönemlerinde buzul veya permafrost alanlardan buzulların ulaşmadığı alanlara doğru ve takip eden ılıman buzullar arası dönemlerde de tersi yönde yayılışlarını değiştirdiği savunulmuştur (Hewitt 1996; Taberlet vd. 1998; Hewitt 1999; Hewitt 2000; Çıplak 2008). Popülasyonların genişlemesi veya daralması yönünde gerçekleşecek bu değişimler bölgenin topografisi ile doğrudan ilişkilendirilmektedir. Bunu Anadolu

özelinde ele alacak olursak, buzul dönemlerde düşük rakımların ılıman türler için elverişli habitatlar barındırdığı ve buzullar arası dönemlerde ise yüksek rakımlarda dağcıl türler için sığınak işlevi gördüğü ortaya konmuştur (Hewitt 1996; Taberlet vd. 1998; Çıplak 2004b; Sağlam vd. 2014; Çıplak vd. 2015; Kaya ve Çıplak 2017). Bu nedenle İberya, İtalya ve Yunanistan/Balkan buzul sığınakları ile birlikte anılan Anadolu, Batı Palearktik için biyoçeşitlilik rezervlerinden biri olmuştur. Anadolu'da 2000 m ve üzeri zirvelerin buzul dönemlerde buzul kütle ile kaplı olması (Sarıkaya vd. 2011b) ile ılıman kuşakta bir nevi kutup işlevi görmüş ve sığınak içerisindeki dağcıl soy hatlarının buzul dönemlerde düşük rakımlara doğru genişlemesi ve buzullar arası dönemlerde de zirvelere doğru çekilmesi için elverişli habitatlar oluşturmuştur (Uluar vd. 2023). Anadolu yükselti hatlarının pek çok soy hattı bakımından sahip olduğu yüksek endemizm bu varsayımı destekler niteliktedir (Şekercioğlu vd. 2011). Özellikle Anadolu ve komşu coğrafyaların biyocoğrafyasını irdeleyen çok sayıda çalışma, Toroslar ve Anadolu Diyagonalı'nın dağcıl formların yayılışında ve çeşitlenmesinde önemli bir rol oynadığını ortaya koymaktadır (Davis 1971; Veith vd. 2003; Çıplak 2003; Şekercioğlu vd. 2011; Kaya ve Çıplak 2017; Noroozi vd. 2019; Özüdoğru ve Mummenhoff 2020; Dimitrov vd. 2022; Özüdoğru vd. 2022; Parmakelis vd. 2022).

Biyocoğrafi hipotezleri sınavabilmek için ilgili soy hatlarının taksonomik ve filogenetik bir dizi özelliklerinin bilinmesi gerekmektedir. Bu açıdan Orthoptera takımı, hem kapsamlı faunistik çalışmalar hem de pek çok bağımsız soy hattının filogenetik olarak test edilmiş olmasıyla, Anadolu biyocoğrafyasına dair belirteç bir grup niteliği taşımaktadır (Uvarov 1921b; Kosswig 1955; Çıplak vd. 1993; Demirsoy 1999; La Greca 1999; Çıplak 2003, 2004a) soy hattının tür sayısı en zengin takımı olan Orthoptera'nın (Cigliano vd. 2019) en geniş üst familyası Tettigoniidea'dır (Song vd. 2015). Tettigoniidea üst familyasının dünya çeşitliliğinin yaklaşık %5'i Anadolu'da yer alır (Çıplak vd. 1999; Ünal 2011). Bu üst familyanın taksonomik düzenlenmesinde bir fikir birliği yoktur. Tüm türleri tek familya altında verenler olduğu gibi (Song vd. 2015; Mugleston vd. 2018) Burmeister (1839)'u takip edip türlerin yaklaşık yarısını (dört alt familya) Phaneropteridae olarak ayrı bir familya halinde verenler de vardır (Heller vd. 2014; Zhou vd. 2017; Cigliano vd. 2019; Öztürk ve Çıplak 2019). İki ayrı familya olarak kabul edildiğinde Tettigoniidae türlerinin yaklaşık %6'sı (215 tür) Anadolu'da temsil edilir ve bu türler Saginae, Bradyoporidae, Conocephalinae, Meconematinae ve Tettigoniinae (Decticinae'yi içerecek şekilde) altfamilyalarını temsil eder. Ancak kayıt edilen türlerin 184'ü son alt familyaya ait iken, ilk dört alt familya toplam olarak 31 tür içerir. Daha önemlisi bu türlerin yaklaşık %80'den fazlası endemiktir (Çıplak 2003). Dolayısıyla, Anadolu bu grubun, özellikle Tettigoniinae'nin (Decticinae), ana çeşitlenme merkezlerinden biri olarak savunulmuştur (Kaltenbach 1971). Bu alt familyaya ait olan Pholidopterini tribusu üyesi olan *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinsleri yayılışı dominant olarak Anadolu'dur (Çıplak 2000). Bu nedenle Anadolu'da Tettigoniinae çeşitlenmesini çalışmak üzere iyi bir model grup özelliğine sahiptir.

2.2. Toros Yolu varsayımı ve Toros Yolu'nun *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* soy hatlarının çeşitlenmesindeki rolü

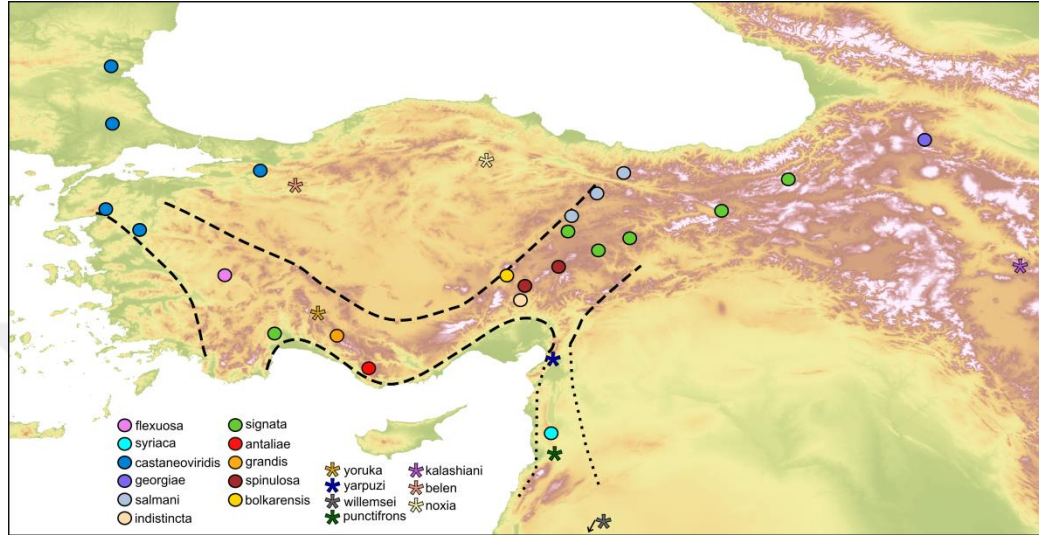
2.2.1. Toros Yolu biyocoğrafik koridoru

Toros Yolu, Anadolu'nun kuzey doğusundan, Çoruh'un doğusunda kalan kısım, Kafkas elemanlarının Anadolu'ya giriş bölgesinden kuzeydoğu-güneybatı yönlü Anadolu Diyagonalini takip ederek Doğu Toroslar'a bağlanan ve güneyde Toroslar ile devam ederek batıda Ege'nin kesikli yükselti hattı ile Balkanlardaki silsilelere uzanan hattı ifade etmektedir (Şekil 2.3 ve 2.4) (Çıplak 2008). Balkanlar ile Kafkasya arasındaki geçişin en kısa yolu olarak Karadeniz dağları görünse de hem Çoruh vadisi hem de orta Karadeniz hattındaki düşük rakım bu hattaki önemli bariyerlerdir. Çoruh vadisi ile ayrılan Doğu Karadeniz hattında vadinin her iki yakasında akraba popülasyonların olduğu ve birbirlerinden ayrılmalarının da bu bariyerin oluşumuna tarihlendiği yapılan çalışmalar ile ortaya konmuştur (Kaya ve Çıplak 2017). Bu veriler de Toros Yolu'nun yoğun olarak kullanılmış olduğunu desteklemektedir. Bahsedilen biyoçeşitlilik dağılımları heksapoda grubu üyelerinde, çift yaşamlılarda, bitkilerde ve başka pek çok grup için yayınlarda açık olarak belirtilmemiş olsa da, işler nitelikte olduğu görülmektedir (Veith vd. 2003; Çıplak 2005; Şekercioğlu vd. 2011; Kaya ve Çıplak 2017; Noroozi vd. 2019; Özüdoğru ve Mummenhoff 2020; Dimitrov vd. 2022; Özüdoğru vd. 2022; Parmakelis vd. 2022). Balkanlar - Kafkaslar arasındaki bu biyocoğrafi koridor, yükselti ve vadilerle bölünmüş heterojen bir yoldur ve pek çok popülasyonun çeşitlenmesini tetiklediği gibi pek çoğunu da yok oluşa sürüklemiştir (Çıplak 2008). Aynı zamanda, Akdeniz bölgesinde yer alan Torosların parçalı yükseltiler halindeki topoğrafik yapısı, geçmiş buzullar arası ısınma döneminde bu zirvelere yerleşmiş ve izole kalmış popülasyonlar barındırmaktadır (Çıplak 2004a). Bu sayede yüksek endemizmle sahip olan Akdeniz biyoçeşitlilik sıcak noktası olarak tanınmakta ve günümüz buzullar arası döneminde daralan habitatları ile koruma biyolojisi perspektifinden de özel dikkat gerektirmektedir (Medail ve Quezel 1999; Çıplak 2003, 2004a; Şekercioğlu vd. 2011).

2.2.2. *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* soy hatları

Parapholidoptera cinsini oluşturan türler *Decticus* (*D. punctifrons* Burmeister 1839), *Thamnotrizon* (*Th. signatus* Brunner von Wattenyl, 1861) ve *Th. castaneoviridis* Brunner von Wattenyl, 1861) ve *Olynthocelis* (*O. indistinctus* Bolívar 1899) ve *O. distinctus* (Uvarov 1921a) cinsleri içerisinde tanımlanmışlardır. Ramme (1930a; Ramme 1930b, 1932) bu türleri *Pholidoptera* Wesmael cinsine aktarmıştır. Daha sonra Ramme (1951) *Pholidoptera* cinsini beş ayrı cinse ayırmış ve nominal cins dışında *Eupholidoptera*, *Uvarovistia*, *Apholidoptera* ve *Parapholidoptera* olmak üzere dört yeni cins tanımlamış ve bu beş cinsi içermek üzere *Pholidoptera* tribusunu oluşturmuştur. Ancak, Ramme (1951) oluşturduğu cinsler için tip tür tayin etmediğinden bu cinsler daha sonra (Maran 1953), Ramme (1951)'e atıfla, cinsler için tip türler tayin ederek nomenklatürel olarak geçerli kılmıştır. *Parapholidoptera* Maran, 1953 cinsin ilk revizyonu Çıplak (2000) tarafından yapılmış ve cins içerisinde üçü yeni olmak üzere 17 tür listelenmiştir. Çıplak (2000) revizyonda cinsin türleri için bir teşhis anahtarının yanında, morfolojilerinden derlenmiş 51 fenotipik karakter ile bir tür filogenisi vermiştir. Bu filogeni temel alınarak cinsin içerisinde *P. distincta* (dört tür) ve *P. castaneoviridis* (13 tür) olmak üzere iki tür grubu önermiştir. İkinci tür grubu ayrıca *P.*

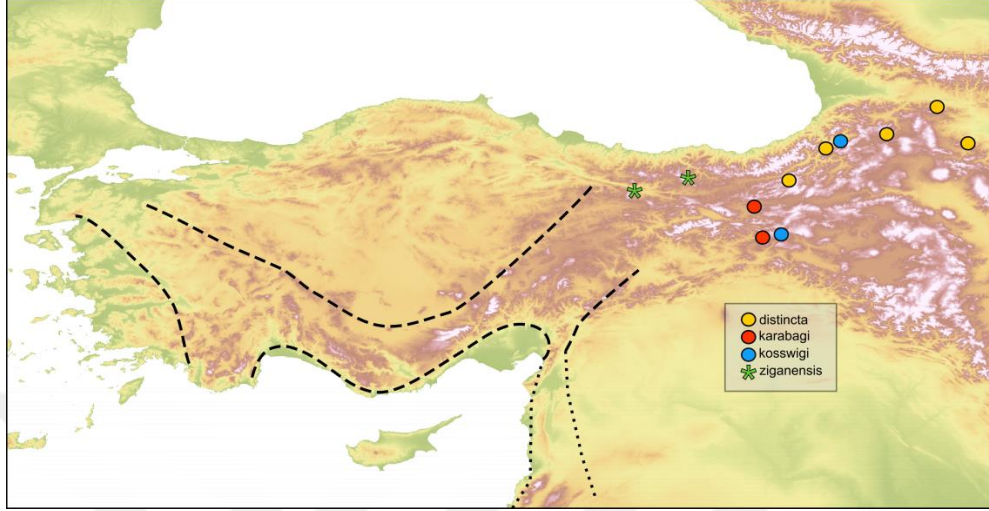
grandis (iki tür), *P. flexuosa* (dört tür) ve *P. signata* (beş tür) alttür grubuna ayırmış ve *P. salmani* ile *P. spinulosa* türlerini de bu alt grupların dışında bırakmıştır. Çıplak (2000) hem cins hem de her bir grup ve alt tür grubunu tanımlayıcı sinapomorfiler vermiştir. Çıplak (2000) tarafından yapılan revizyondan sonraki dönemde cins 5 yeni tür eklenmiştir (Bader ve Massa 2001; Ünal 2006; Massa vd. 2009; Ünal 2018) ve cins içindeki tür sayısı toplamda 22 olmuştur (Şekil 2.3).



Şekil 2.3. *Parapholidoptera* cinsinin toplam on sekiz taksonomik türünün yayılış haritası. Tez çalışmasında yer alan *P. salmani*, *P. flexuosa*, *P. castaneoviridis*, *P. syriaca*, *P. georgiae*, *P. salmani*, *P. indistincta*, *P. signata*, *P. antaliae*, *P. grandis*, *P. spinulosa* ve *P. bolkarensis* daire simgesiyle, çalışma kapsamında yer almayan *P. yoruka*, *P. yarpuzi*, *P. willemsei*, *P. punctifrons*, *P. kalashiani* ve *P. noxia* ise yıldız işaretiyle gösterilmiştir. Her tür sembollerden bağımsız olarak farklı renklerde gösterilmiştir. Kesikli çizgiler Toros Yolu'nu ifade etmektedir.

Olasılıkla *Parapholidoptera* ile ilgili en kapsamlı revizyonlardan biri yakın zamanda yayınlanmıştır. Sunulan bu tez çalışması sırasında, tez kapsamında üretilen bazı dizilerin de dahil edildiği, Çıplak vd. (2021)'nin çalışmasında *Pholidopterini* tribüsünün filogenisi DNA dizi verileri ile yeniden hesaplanmıştır. Bu çalışma (Çıplak vd. 2021) ile *Parapholidoptera* cinsinin monofiletik olmadığı ve *P. distincta* tür grubuna ait dört tür + *Apholidoptera pietschmanni* tribus içinde bağımsız klad oluşturduğu rapor edilmiştir. Aynı çalışmada, bu bağımsız klad *Aparapholidoptera* Çıplak, 2021 adıyla ayrı bir cinsi olarak tanımlanmıştır. Bu yeniden yapılandırma *Parapholidoptera* cinsini *P. castaneoviridis* tür grubu içinde yer alan türlerle sınırlı hale getirmiştir. Keza Ramme (1951)'nin önerdiğinin aksine *Parapholidoptera* cinsi *Uvarovistia* ve *Eupholidoptera* ile bir klad oluşturmaktadır. Çıplak vd. (2021) çalışmasında *Apholidoptera* cinsinin tip türü olan *A. kurda* Uvarov yer almadığından, bu cinsin moleküler olarak filogenisine ilişkin bir teyide yer verilmemişti. Daha sonra Yahyaoğlu vd. (2022) tarafından *A. kurda* (Uvarov, 1916) DNA dizileri edinilmiş ve Çıplak vd. (2022)'deki veri setine eklenerek tribusun filogenisi yeniden yapılandırılmıştı. Yahyaoğlu vd. (2022), *A. petschmanni* + *A. kurda* türlerinin, *P. distincta* grubundan aktarılan dört türlük klada kardeş bir klad oluşturduğu, iki kladın ayrılma zamanının derin olduğu (ayrıca bkz. Çıplak vd. 2022) ve iki kladın belirgin

fenotipik farklılıklar gösterdiği rapor edilerek, *Apholidoptera* Maran, 1953 ve *Aparapholidoptera* Çıplak, 2021 iki ayrı cins olarak kabul edilmiştir. Bu veri doğrultusunda tez çalışması başlangıcında *Parapholidoptera* olarak verilen cins iki ayrı cins haline gelmiş ve tez çalışması bu revizyon doğrultusunda hazırlanmıştır (Şekil 2.4).



Şekil 2.4. *Aparapholidoptera* cinsinin toplam dört taksonomik türünün yayılış haritası. Tez çalışmasında yer alan *A. distincta*, *A. karabagi* ve *A. kosswigi* daire simgesiyle, çalışma kapsamında yer almayan *A. ziganensis* ise yıldız işaretiyle gösterilmiştir. Her tür sembollerden bağımsız olarak farklı renklerde gösterilmiştir. Kesikli çizgiler Toros Yolu'nu ifade etmektedir.

Bu yeni revizyonlar, genelde Pholidopterini ve özelde tez kapsamını oluşturan *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinsleri için cevaplanması gereken bir dizi soru ortaya koymuştur. İlk ve en önemli soru her bir cinsin tanımında kullanılan fenotipik karakterlerin homoloji durumlarının tartışılır hale gelmesidir (Çıplak vd. 2021). Aynı sorular teze konu olan iki cins için, özellikle *Parapholidoptera* içinde önerilen alttür grupları (Çıplak 2000) için geçerlidir ve cevaplanmayı beklemektedirler. Bu durum fenotipik ayrımında sıkıntı yaşanan türler için özellikle geçerlidir. Özellikle Anadolu Diyagonalı ve yakın bağlantılı dağ silsilelerinde yayılış gösteren türlerin (*P. punctifrons*, *P. signata*, *P. syriaca*, *P. intermixa* ve *P. noxia* türlerinin morfolojik ayrımının net olmadığı belirtilmiştir (Çıplak 2000). Aynı durum Çıplak (2000) tarafından yapılan revizyondan sonra yayınlanan türler için de geçerli görünmektedir. Cinsin yayılış alanının en güneyinden (Lübnan) kayıt edilen *P. punctifrons* (Burmeister, 1838) otoapomorfik özelliği olan kalın bir ovipozitor dışında *P. signata* alttür grubu üyelerinden (Çıplak 2000) ayırt edici bir özelliğe sahip değildir ve *P. willemsei* Katbeh Bader & Massa, 2001 türü (ayrıca Bakınız Katbeh Bader & Massa 2000, 2001b) ise bu tipik özelliğe sahiptir ve *P. punctifrons* ile ayırt edici bir özelliği saptanmamıştır. Aynı araştırmacı ekibince Kafkasya'dan tanımlanan *P. kalashiani* Massa, Buzzetti & Fontana, 2009 ve *P. georgiae* Massa, Buzzetti & Fontana, 2009 ise cins yayılışının en kuzeyinde yer alan *P. noxia* (Ramme 1930) türünün birer formudurlar ve her ne kadar otörler bunları *P. noxia*'dan belirli yapılarla farklı olduklarını not etmişlerse de, nasıl farklı olduklarını belirtmemişlerdir ve verdikleri fotoğraflar karşılaştırıldığında taksonomik olarak anlamlı bir fark saptanmamıştır.

Morfoloji tabanlı taksonominin çözemediği benzer durumlar başka türler için de geçerlidir. Cinsin revizyonundan sonra tanımlanan *P. belen* Ünal, 2006 ise tipik otoapomorfisi asimetric titillatör olan *P. spinulosa* Karabağ, 1956 türünün bir formudur. Geniş bir yayılım gösteren *P. spinulosa*'nın oldukça varyasyonel olduğu ancak bunun klinal bir nitelik gösterdiği Çıplak (2000)'de not edilmiştir. *P. belen* tip lokalitesi *P. spinulosa* yayılımının kuzeybatı ucunda yer almaktadır ve *P. belen* türü, morfolojik olarak *P. spinulosa*'ya benzerdir. Bunlara ek olarak Kafkasya'dan *P. noxia*, Anadolu Diyagonalı üzerinde *P. signata* ile *P. intermixa*, Hatay-Suriye'den *P. syriaca* ve Lübnan'dan *P. punctifrons* türleri şeklinde yayılım gösteren türlerin yakın akraba olduğu Çıplak (2000)'de belirtilmiştir. Bu yayılım hattından (Amanoslar, Osmaniye) tanımlanan *P. yarpuzi* (Ünal, 2018) bu iki türden *P. syriaca*'ya benzerdir ve olasılıkla *P. syriaca* ve *P. yarpuzi*, ve hatta *P. signata* dahil, sinonim veya oldukça benzer yakın akraba türlerdir.

Yukarıdaki saptamalardan hareketle, morfoloji temelli taksonominin teze konu olan iki cinsin çeşitliğini tanımlamada yetersiz kaldığı anlaşılmaktadır. Cinsler içindeki biyoçeşitliğin DNA verileri ile saptanması ve kriptik türlerin var olup olmadığının belirlenmesi, mevcut türlerin doğal taksonlar olup olmadığının test edilmesi, hem cinslerin hem de cins içi kladları (türleri ve türlerin oluşturduğu kladları) tanımlamada kullanılmış morfolojik karakterlerin homoloji durumlarının belirlenmesi tez kapsamında ele alınan konular olacaktır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Çalışılan örneklem

Tez çalışması kapsamında *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerine ait türler çalışılmıştır. Tez çalışması kapsamında Toros Yolu biyocoğrafi koridorunun test edilmesi hedeflendiği için özellikle Toros Yolu üzerinde yayılış gösteren populasyonlar örneklenmiştir. Bu amaçla, *Parapholidoptera* cinsinin tanımlı toplam 18 fenotipik türünden 10'u, *Aparapholidoptera* cinsinin ise toplam 4 fenotipik türünden 3'ü tez çalışması kapsamında çalışılmıştır. Toros Yolu üzerinde yayılış gösteren populasyonlardan elde edilen moleküler veriler 2018Z090 nolu TÜBİTAK projesi (Yürütücü: Battal ÇIPLAK) kapsamında Akdeniz Üniversitesi, Biyoloji Bölümü Moleküler Evrim ve Biyocoğrafya Laboratuvarı'nda (MEVBİL) -20 °C'de % 96'lık alkol içerisinde muhafaza edilen örnekler kullanılarak elde edilmiştir (Çizelge 3.1). Ekolojik niş modellemesi için ise her iki cinsin moleküler verilerinin elde edildiği taksonlara ait varlık verileri yayınlardan ve MEVBİL koleksiyonundan derlenerek analiz dosyaları oluşturulmuştur (EK-1).

3.2. Moleküler laboratuvar çalışmaları

3.2.1. DNA izolasyonu

DNA izolasyonu için Invitrogen (Thermo Fisher Scientific Inc.) DNA izolasyon kiti kullanılmış ve aşağıdaki aşamalar takip edilmiştir:

- 1) Örneklerin arka femurundun yaklaşık 25 mg doku alındı.
- 2) Doku mikro santrifüj tüpü içerisine alınarak üzerine 180 µl Genomic Digestion Buffer ve 20 µl Proteinaz K eklendi. Dokunun tamamı eklenen solüsyon içerisinde dağıtıldı.
- 3) Mikrosantrifüj tüpü 55 °C'de yaklaşık 2 saat, 30 dakika aralıklarla vortexlenerek, inkübe edildi.
- 4) Karışım oda sıcaklığında yaklaşık 3 dakika maksimum hızda santrifüj edildi. Elde edilen süpernatant steril bir mikrosantrifüj tüpüne aktarıldı.
- 5) Lizat üzerine 20 µl RNase A eklendi ve vortekslendi. Yaklaşık 2 dakika oda sıcaklığında inkübe edildi.
- 6) 200 µl Genomic Lysis/Binding Buffer eklendi ve homojen bir karışım elde edilene kadar vortekslendi.
- 7) 200 µl 96 %'lık etanol eklenerek tekrar vortexlendi.
- 8) Lizattan izole edilen DNA'nın saflaştırılması amacıyla izolasyon kiti içerisinde yer alan kademeli tüpler kullanıldı. Oda sıcaklığında 12000 devirde 1 dakika santrifüj edilen lizatlar 500 µl Wash Buffer 1 ile yıkanarak yeni tüplere alındı. Yıkama işlemi 500 µl Wash Buffer 2 ile aynı şekilde tekrar edildi.

9) İzolasyonun son aşamasında her bir örneğin DNAsı 100 µl Elution Buffer içerisinde çözüldü.

Elde edilen son hacimdeki DNA konsantrasyonu ve kalitesi UV spektrofotometre presibiyle çalışan Nanodrop 1000 (Thermo Fisher Scientific Inc.) cihazında ölçülmüştür. 260/280 nm değeri yaklaşık 1.8 nm, 260-230 değeri 1.8-2.2 nm olan örnekler kaliteli kabul edilerek çalışmaya dahil edilmiştir.

3.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR) ve sekanslama

Mitokondriyal ve nükleer genomun hem molekül yapılarındaki hem de kalıtım örüntülerindeki farklılıklar moleküler evrimlerinin ayrı ayrı olarak ele alınmasını gerektirmektedir (Burleigh ve Mathews 2007; Knowles ve Carstens 2007). Mitokondri genomunun yaşamsal metabolik aktivitelerden sorumlu genler barındırması nedeniyle pozitif seçilime bağlı olarak büyük ölçüde nötral mutasyonların (nadiren protein ifadesini değiştiren zararlı mutasyonlar) biriktiği ve bu mutasyon birikim oranının saat benzeri karakteristiği ile soy hatlarının çeşitlenmesinin tarihlendirilmesinde nükleer genoma kıyasla daha güvenilir sonuçlar ortaya koyduğu ileri sürülmektedir (Galtier vd. 2009). Buradan hareketle, tez çalışması kapsamında protein kodlayan iki mitokondriyal [Sitokrom C oksidaz (COI) ya da Kompleks IV enziminin en büyük alt birimi olan alt ünite I (Hebert vd. 2003) ve Nikotinamit Adenin Dinükleotit alt ünite 2 (ND2) (Ma vd. 2009)] ile ökaryot kromozomlarında çok sayıda kopya halinde bulunan polisistronik 5'18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2, 28S rRNA 3' genleri arasındaki ITS1-5.8S-ITS2 (ITS) bölgeleri çalışıldı. Kullanılan primer çiftleri Çizelge 1'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Tez kapsamında çalışılması planlanan genler ve kullanılacak primer çiftleri

Lokus	Primerler	Primer sekansı	Kaynak
COI	1718 (forward)	5'-GGRGGATTTGGAAATTGACTWGTTC-	(Simon vd. 1994)
	3014 (reverse)	5'- TCCAATGCACTAATCTGCCATATTA -3'	
ND2	N2L-J210 (forward)	5'-AATTAAGCTAATGGGTTCATACCC-3	(Simon vd. 1994)
	TY-N1433 (reverse)	5'- GGCTGAGCARTAGGCGATAAACTGTAAA-3'	
ITS1- 5.8S rRNA- ITS2	ITS5 (forward)	5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3'	(White vd. 1990)
	ITS4 (reverse)	5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'	

Çalışılan genler PZR ile çoğaltılmıştır. Her bir örnek başına PZR için 0.2 ml'lik mikrofüj tüpünde son hacim 50 µl olacak şekilde reaksiyon karışımı hazırlanmıştır. Hazırlanan karışımda 3-4 µl DNA (yaklaşık 100 nanogram), 5 µl 10X buffer (New England, Biolabs Inc.), 4 µl 25 mM MgCl₂ (New England, Biolabs Inc.), 1,5 µl dNTP (Thermo Fisher Scientific Inc.), primer başına (forward ve reverse olmak üzere iki primer) 0, 2 µl ve 0,2 µl Taq DNA polimeraz (New England, Biolabs Inc.) konulmuş ve dH₂O ile 50 µl hacme tamamlanmıştır.

PZR reaksiyonu sırasıyla, başlangıç denatürasyonu (100 °C, 30 dk), denatürasyon (95 °C, 30 dk), primer bağlanması (95 °C, 30 dk), uzama (68 °C, 01:10 dk), son uzama (68 °C, 9 dk) aşamalarını içermiş ve 20 tekrar halinde Bio-Rad T100 Thermal Cycler (Bio-Rad Laboratories Inc.) cihazında yapıldı. Reaksiyon sonucunda oluşan ampikonun kalitatif kontrolü için agaroz jel elektroforezi ile yapıldı. TBE tamponuyla hazırlanan %1'lik agaroz jeli (W/V) yüklenen PZR ürünleri elektroforezde yürütülmüştür. Yürütme işlemi 20 mA'de 45 dk ve ortalama jelin 2/3'lü kısmına kadar yapılmıştır. Sonrasında 20 dakika %2'lik EtBr (etidyum bromür) içerisinde bekletilmiştir. Bu işlemden sonra jel UV görüntüleme cihazında görüntülenmiştir. Pzr ladder (skala) ile yürütülen yürütülen ampikonların yaklaşık 1000 ng hizasında ve etidyum boyası ile boyanmış olması örnek için yeterli bulunmuştur. Amplifikasyonu yeterli olmayan PZR ampikonları için ilgili örneğin izole edilen DNA bütünlüğü agaroz jel elektroforezinde kontrol edilmiştir. Bütünlüğü bozulmuş ise DNA izolasyon protokolü tekrarlanmış veya aynı popülasyondan başka bir bireyden DNA izolasyonu yapılmıştır. Amplifikasyonu yeterli bulunan PZR ampikonları sekanslama işlemi için Macrogen Europe (Macrogen Europe B.V., Netherlands) firmasına gönderilmiştir. Ampikonlar Macrogen tarafından çift yönlü (pair-end) olarak Sanger Standart-seq hizmeti ile diziletilmiştir.

3.3. Moleküler verilerin analizi

3.3.1. Verisetlerinin oluşturulması

Hizmet yoluyla diziletilen örneklere ait forward ve reverse ham diziler .ab1 formatında alınarak Sequencher v.4.1.4 (Gene Codes Corp.) programında düzenlenmiştir. İlk olarak her bir okumanın (forward ya da reverse) baş ve son kısımlarındaki kötü okumalar manuel olarak seçilerek elenmiştir (trimming). Sonrasında her bir örneğin forward ve reverse okumaları hizalanarak (alignment) örtüşen bölgedeki okumalar taranmış, hatalı okumalar olup olmadığı kontrol edilmiş ve forward ve reverse dizilerden tek bir dizi (contig) üretilmiştir. Son olarak aynı popülasyona ait tüm diziler hizalanarak şüpheli pozisyonlar taranmış, manuel kontrollerinden sonra her bir dizi .txt formatında kaydedilmiştir.

Üretilen diziler metin düzenleme programlarında .fasta formatına dönüştürüldükten sonra çoklu hizalama aşamasına geçilmiştir. Çoklu hizalama aşamasında iç grup dizilerine ek olarak dış grup dizileri de eklenmiştir. Dış grup seçiminde Çıplak vd. (2021)'de ortaya konulan çalışılan cinslerin de içerisinde yer aldığı Pholidopterini tribüsünün filogenisi dikkate alınmıştır. Buna göre, *Parapholidoptera* cinsine *Eupholidoptera smyrenis*, *Uvarovistia munzurensis* ve *Aparapholidoptera distincta*; *Aparapholidoptera* cinsine ise *Psorodonotus specularis*, *Pholidoptera fallax* ve *Parapholidoptera castaneoviridis* türleri olmak, her bir cins için oluşturulan veri setine hem iç grubun monofilisinin belirlenebilmesi amacıyla üçer dış grup eklenmiştir.

Dizilerinin çoklu hizalaması MAFFT v7.453 (Katoh ve Standley 2013) programında auto hizalama metoduyla Unix komut satırı kullanılarak yapılmıştır. Sonrasında MEGA11 (Tamura vd. 2021) programına aktarılan diziler baştan ve sondan

eşit uzunluklarda olacak şekilde kısaltılmıştır. Protein kodlayan mitokondriyal genler olan COI ve ND2 çoklu hizalama dosyaları dizilerin yalancı gen (Numt- nuclear mitokondriyal pseudogen) (Song vd. 2014; Pereira vd. 2021) varlığını tespit etmek amacıyla (1) insersiyon/delesyon içerip içermediği, (2) okuma çerçevesi ile amino asitlere karşılık gelmeyen üçlü kodların olup olmadığı ve (3) başlama ya da stop kodonlarının bulunup bulunmadığı MEGA11 programı yardımı ile kontrol edilmiştir. Ayrıca, her konsensüs dizinin NCBI-GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) altında çalışan nBLAST opsiyonu ile kontrolü yapılmıştır. Numt olduğundan şüphelenilen diziler veri setlerinden çıkarılmıştır. Bunlara ek olarak, protein kodlayan genlerde üçüncü baz pozisyonunda aşırı mutasyon birikimine bağlı olarak mutasyon doyumluğu olup olmadığı DAMBE v.7 (Xia 2018) programı kullanılarak kontrol edilmiştir. Nükleer ribosomal gen olan ITS dizileri ise biallellik özellik taşıdığı için heterozigot diziler veri setlerine iki ayrı haplotip olarak alınmıştır.

Bu kontrollerden sonra diziler DnaSP v6 (Rozas vd. 2017) programına aktatılarak özgün haplotip frekansları ve özgün haplotipleri içeren verisetleri elde edilmiştir. Tekil genlere ait verisetlerinin yanı sıra COI ve ND2 dizilerinin SequnceMatrix v1.9 (Vaidya vd. 2011) programında birleştirilmesi ile mitokondri matrisi (MTM) oluşturulmuştur. Tüm bu aşamalar sonucunda *Aparapholidoptera* ve *Parapholidoptera* cinslerinin her biri için toplamda dörder matris (COI, ND2, ITS1-5.8S-ITS2 ve MTM) üretilmiştir.

Hazırlanan veri matrislerinin evrimsel baz değişim modelleri PartitionFinder2 (Lanfear vd. 2017) programı kullanılarak Bayesian Infomation Criterion (BIC) değerleri baz alınarak belirlenmiştir. Aynı zamanda jModelTest v.2.1.10 (Darriba vd. 2012) programı ile COI ve ND2 veri setleri için evrimsel baz değişim modelleri hierarchical likelihood-ratio test (hLRT) analizine tabi tutulmuştur (Felsenstein 1981). Protein kodlayan genlerin (COI ve ND2) okuma çerçevesi dikkate alınarak her üç baz pozisyonu için baz değişim modeli ayrı ayrı hesaplanmıştır.

3.3.2. Filogenetik analizler ve haplotip ağları

Parapholidoptera ve *Aparapholidoptera* cinslerinin filogenilerini hesaplamak amacıyla Bayes çıkarımı (Bayesian Inference, BI), maksimum olabilirlik (Maximum Likelihood, ML) ve maksimum parsimoni (Maximum parsimony, MP) prensiplerine dayalı üç ayrı yöntem uygulanmıştır. BI analizleri için model parametrelerinin son olasılık (posterior) dağılımlarını hesaplamada Markov Chain Monte Carlo (MCMC) yöntemini kullanan MrBayes v.3.2.7a (Ronquist vd. 2012) programı kullanıldı. Analizlerde PartititonFinder programından alınan ve protein kodlayan genler için kodon başına hesaplanmış baz değişim modelleri kullanılmış ve dış gruplar tanımlanmıştır. Analizler 1 000 000 MCMC tekrarı (jenerasyon sayısı) ile 4 zincir olarak yapılmış ve her 1,000 tekrarda bininci ağaç kaydedildikten sonra üretilen ağaçların %25'i yakılarak tamamlanmıştır. Bayes istatistiğinin parametre değerleri analizin çıktı dosyalarından .lp ve .2p uzantılı dosyalar ile TRACER programında kontrol edilmiş ve her bir parametre için efektif örneklem büyüklüğünün 200'ün üzerinde olması analizin güvenilirliği için yeterli kabul edilmiştir. Maksimum olasılık hesaplamalı filogenetik ağaçlar üretmek için ise IQ-TREE2 programı 1000 seç-bağla (bootstrap) değeri ile belirlenen dış gruplar kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Nguyen vd. 2015; Minh vd. 2020). Kodon başına evrimsel baz değişim modelleri IQ-TREE2 programında Modelfinder fonksiyonu

(Kalyaanamoorthy vd. 2017) kullanılarak hesaplanmış ve ağaçlar üretilmiştir. Maksimum parsimoni yaklaşımıyla filogenetik ağaçları elde etmek için CIPRES Science Gateway V. 3.3 (Miller vd. 2010) online sunucusunda PAUP on XSEDE (Swofford 2001) programı kullanılmıştır. 1000 seç-bağla değeri ile konsensüs ağaç (majority consensus rule) üretilmiştir. MTM ile üretilen maksimum parsimoni anazlerinde filogenetik ağaçla birlikte homoplasi indeksleri hesaplanarak soy hatlarının evriminde karakterlerin homoplasik ya da sinapomorfik özellik gösterip göstermediği test edilmiştir (Kluge ve Farris 1969).

MTM zaman ağaçlarına TRACER programında Lineage Through Time (LTT) analizi uygulanarak zaman içerisinde soy hatlarının çeşitlenme hızı grafik olarak elde edilmiştir.

Özgün haplotipler arasındaki ilişkilerin parsimonik olarak incelenmesi amacıyla her veriseti SplitsTree4 (Huson ve Bryant 2005) programında Median Joining metodu kullanılarak haplotip ağ analizine tabi tutulmuştur.

3.3.3. Moleküler saat analizleri

Filogenetik ilişkilerin milyon yıl başına değişen baz oranı (substitüsyon oranı, bç/my) ile tarihlendirilmesine dayanan moleküler saat analizleri BEAST v.1.10 (Suchard vd. 2018) programı kullanılarak yapılmıştır. BEAST program paketinde yer alan BEAUTI programı ile .xml uzantılı analiz dosyaları oluşturulmuştur. COI, ND2 ve ITS1-5.8S-ITS2 verisetleri için, Çıplak vd. (2021) tarafından rapor edilen, sırasıyla 0,0187, 0,018 ve 0,0010207 bç/my substitüsyon oranları kullanılarak zaman ağaçları üretilmiştir. MTM verisetleri için ise, COI ve ND2 oranları ayrı ayrı girilerek 'link trees' opsiyonu seçilmiş ve tek ağaç üretilmiştir. Her veriseti için baz değişim modeli 'gamma site model', saat modeli 'relaxed clock log-normal' ve ağaç modeli olarak 'birth-death model' seçilmiştir. Analizler 50 000 000 tekrarlı ve 10 000ci ağaç kaydedilerek yapılmıştır. Analiz parametrelerinin efektif popülasyon büyüklüğüne ulaşip ulaşmadığı .log dosyaları ile TRACER programında kontrol edilmiş ve 200'ün üzerinde olan parametre değerleri analizin güvenilirliği için yeterli kabul edilmiştir.

3.3.4. Tür sınırları testleri ve genetik uzaklık

Filogenetik analizlere ek olarak MTM verisetine (COI+ND2), ikili uzaklık temelli ve iki ağaç temelli olmak üzere toplam dört ayrı tür sınırları testi uygulanmıştır. Automatic Barcode Gap Discovery (ABGD, Puillandre vd. 2012) analizi, uzaklık temelli analizlerden birisidir ve veriseti içerisindeki dizileri kullanarak iki karşılaştırmalardan elde ettiği bir 'barkod boşluğu' saptayarak hipotetik türleri tayin etmeye dayalı bir yöntemdir (Puillandre vd. 2012). Analiz web ara yüzünde (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>) Kimura (K80) modeli ve barkod genişliği (X) 0.5-1.5 aralığı ve ile gerçekleştirilmiştir. Uzaklık temelli bir diğer test olarak Assemble Species by Automatic Partitioning (ASAP, Puillandre vd. 2021) uygulanmıştır. Bu analizde de ikili genetik uzaklıklar baz alınır, ancak ABGD'den farklı olarak öncül değer (buradaki anlamıyla barkod boşluğu) belirlenmemekte ve analiz sonucunda istatistiksel olarak en çok desteklenen hipotetik türler elde edilmektedir ((Puillandre vd. 2021). ASAP analizi web arayüzünde

(<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/asap/>) Kimura (K80) modeli kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Ağaç temelli tür sınırları testlerinden ilk olarak koalesent yaklaşımını esas alan Generalized Mixed Yule-Coelescent (GMYC, Pons vd. 2006) testi uygulanmıştır. GMYC analizi türleşme modelini ‘pure birth’ ve ‘nötral koalesent’ süreçler olarak varsayar ve tür içi- türler arası dallanma oranlarını ultrametrik zaman ağacı girdisini referans alarak kökten dallara doğru ilerleyerek hipotetik türler tayin eder (Pons vd. 2006; Fujisawa ve Barraclough 2013). Bu nedenle, elde edilen MTM zaman ağaçları FigTree v.1.2 programında ultrametrik ağaca dönüştürülerek referans ağaç elde edilmiş ve web ara yüzünde (<https://species.h-its.org/gmyc/>) gerçekleştirilen analizde kullanılmıştır.

İkinci ağaç temelli test olarak Bayesian Poisson tree processes (bPTP, Zhang vd. 2013) kullanılmıştır. bPTP analizinde GMYC’den farklı olarak ultrametrik ağaç kullanmaz ve dal uzunluklarını (ortalama mutasyon sayısını) kullanarak tür sınırlarını tayin eder (Zhang vd. 2013). Web arayüzünde (<https://species.h-its.org/>) gerçekleştirilen analizde IQTREE2 programı ile elde edilen filogenetik ağaçlar girdi olarak kullanılmıştır.

Tür sınırlarının testi analizlerinin sonuçları, önerilen hipotetik türlerin fenotipik türlerle uyumları ve önerilen tür sayısı (en az sayıda tür öneren analiz) dikkate alınarak tür sınırlarına karar verilmiştir. Akabinde, aday türler arasındaki genetik uzaklık p-dist metodu (Nei 1972) ile MEGA11 programında hesaplanmış ve tür sınırları değerlendirilmiştir.

3.3.5. Biyocoğrafya analizleri

Parapholidoptera cinsi Kafkaslar, Balkanlar, Levant ve Anadolu yükselti hattındaki yayılışı ile Toros Yolu’nun biyocoğrafik etkisinin sınanması için ideal bir gruptur. Bu amaçla cinsin Toros Yolu üzerinde ve çevresinde yayılış gösteren popülasyonlarının atasal alanların tahminlenmesine yönelik analizler gerçekleştirilmiştir. Analizlerde, tür sınırları testleri sonucunda karar verilen aday türler dikkate alınmıştır. Aday türler yayılışlarına göre altı alan içerisinde gruplanmıştır: (i) Ege (Aeg), (ii) Marmara ve Kuzeybatı Anadolu (MNwA), (iii) Orta-Kuzey Anadolu (CNA), (iv) Aşağı Kafkaslar (LC), (v) Güney Toroslar (STM), ve (vi) Anti-Toroslar (ATM). BEAST analizi ile elde edilen zaman ağaçları R ortamında ‘ape’ paketi *drop.tip* fonksiyonu kullanılarak aday türleri temsil eden kladlar halinde yeniden düzenlenmiştir. ‘BioGeoBEARS’ v.1.1.2 (Matzke 2014) paketi ile üç ayrı biyocoğrafi model ve bu modellerde kurucu etkisi parametresi (+J; Matzke 2014) kullanılarak altı ayrı model test edildi: Dispersal-Extinction-Cladogenesis (DEC) (Ree ve Smith 2008) ve DEC+J, Dispersal-Vicariance (DIVAlize) ((Ronquist 1996) ve DIVAlize+J, ve Bayesian inference (BAYAREAlize) (Landis vd. 2013) ve BAYAREAlize+J. Analiz sonucunda en uyumlu modele, modellerin aldığı corrected Akaike information criterion (AICc) değerleri karşılaştırılarak karar verildi.

3.4. Ekolojik verilerin analizi

3.4.1. Karakter evrimi

Parapholidoptera cinsi içerisinde hem yüksek rakım (> 1500m) hem de düşük rakımda (< 750m) yayılış gösteren soy hatlarının bulunması nedeniyle cins içi çeşitlenmede niş evriminin nasıl bir yeri olduğu atasal karater inşası (ancestral state reconstruction) yöntemi kullanılarak incelenmiştir. Bu amaçla, tür sınırları testleri ile elde edilen aday türlerin varlık verilerinden WorldClim veri bankası güncel iklim veri setinden (Hijmans vd. 2015a) <http://www.worldclim.org>) 19 biyoiklimsel değişkene dair değerler alınmış ve SPSS programında ‘varimax’ fonksiyonu ile Temel Bileşenler Analizi’ne (TBA; PCA, Principal Components Analysis) tabi tutulmuştur. Böylelikle evrimsel bağımsız soy hatlarının yayılışında hangi biyoiklimsel değişkenlerin belirleyici olduğunun saptanması amaçlanmıştır. Toplam varyasyonun (kümülatif olarak) en az 90%’ini açıklayan bileşenler niş evrimi ile ilişkili kabul edilmiştir. Bunlara ek olarak, her bir aday türün yayılış gösterdikleri yükseklik (metre) ayrı bir veri seti olarak hazırlanmıştır. Elde edilen bileşenler ve yayılış yüksekliği birer karakter olarak kabul edilerek analizler gerçekleştirilmiştir. Cinsin mitokondri matrisi ile BEAST programında elde edilen zaman ağacı girdi olarak seçilmiş ve her bir karakterin evrimi R ortamında ‘phytools’ paketi içerisindeki *contmap* fonksiyonu ile zaman ağacı üzerine yansıtılmıştır. Ek olarak, her bir karakterin evriminin filogenetik sinyal taşıyıp taşımadığı ‘phytools’ paketinin *phylosig* fonksiyonu ile test edildi. Son olarak karakter evrim modelleri çeşitlenmenin kök dallarda uç dallara göre daha fazla olduğu varsayımındaki (adaptif çeşitlenme) Early Burst (EB; (Harmon vd. 2010)), karakterlerin zaman içerisinde değişim göstermediği varsayımında olan Ornstein-Uhlenbeck (OU; (Butler ve King 2004)), ve karakter evriminin belirli bir yönü olmadığını (rastgele) varsayan Brownian Motion (BM; (Felsenstein 1973)) modelleri ‘geiger’ paketinin *fitcontinuous* fonksiyonu ile karşılaştırıldı.

3.4.2. Ekolojik niş modellemesi

Ekolojik niş modellemesi *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerinin tür sınırları testlerinden en az tür yaklaşımı ile belirlenen aday türler dikkate alınarak gerçekleştirilmiştir. Aday türlerin varlık verisi dördün altında olduğu takdirde veri modelleme için yetersiz kabul edilmiş ve dahil olduğu fenotipik tür içerisinde modellenmiştir.

İklimsel döngülerin türlerin dağılımıyla ilişkisini test etmek amacıyla her takson günümüz (1970-2000 yılları arasına ait; (Fick ve Hijmans 2017) için modellenmiş ve son buzullararası dönem (günümüzden yaklaşık 120,000 – 140,000 yıl önce; (Otto-Bliesner vd. 2006)), son buzul dönem (günümüzden yaklaşık 21,000 yıl önce MIROC-ESM küresel iklim modeli; (Watanabe vd. 2011)) ve gelecek (2070 yılı ve rcp60 senaryosuna göre; MIROC5 küresel iklim modeli) projeksiyonları yapılmıştır. Worldclim veritabanından ((Hijmans vd. 2005) ; <http://www.worldclim.org>) iklim verileri 2.5 çözünürlükte (~ 4.5km²) aşağıdaki 19 biyoiklimsel (BIO1-19) değişken olarak alınmıştır:

BIO1 = Yıllık ortalama sıcaklık

BİO2 = Gece-gündüz sıcaklık farkı ortalaması (Aylık ortalama (maks sıcaklık - min sıcaklık))

BİO3 = İzotermalite (BİO2/BİO7) ($\times 100$)

BİO4 = Mevsimsel sıcaklık (std sapma $\times 100$)

BİO5 = En sıcak ayın en yüksek sıcaklığı

BİO6 = En soğuk ayın en düşük sıcaklığı

BİO7 = Yıllık sıcaklık aralığı (BİO5-BİO6)

BİO8 = En yağışlı çeyreğin ortalama sıcaklığı

BİO9 = En kurak çeyreğin ortalama sıcaklığı

BİO10 = En sıcak çeyreğin ortalama sıcaklığı

BİO11 = En soğuk çeyreğin ortalama sıcaklığı

BİO12 = Yıllık yağış miktarı

BİO13 = En yağışlı ayın yağış miktarı

BİO14 = En kurak ayın yağış miktarı

BİO15 = Yağış mevsimselliği (Varyasyon katsayısı)

BİO16 = En yağışlı çeyreğin yağış miktarı

BİO17 = En kurak çeyreğin yağış miktarı

BİO18 = En sıcak çeyreğin yağış miktarı

BİO19 = En soğuk çeyreğin yağış miktarı

Varlık verileri (koordinatlar halinde) .csv dosya formatında düzenlendikten sonra R v.4.0.5 (R Core Team,2020) programına aktarılmış ve analizler bu ortamda gerçekleştirilmiştir. İklim katmanları 24° Batı, 48° Doğu, 35° Kuzey, 46° Güney koordinatlarına göre ‘*raster*’ (v.3.5-29; (Hijmans vd. 2015b)) paketi kullanılarak çıkarıldı (*extract*) ve ‘*dismo*’ (v.1.3-9; (Hijmans vd. 2017)) paketi ile bu alanda 10000 yokluk verisi (background sampling) rastgele üretilmiştir. Her bir iklimsel dönem için gerçekleştirilen analizlerde 19 biyoiklimsel parametrenin birbiriyle korelasyon gösterip göstermediği VIF (variance inflation factor) istatistiği (Chatterjee ve Hadi 2006; Dormann vd. 2013) ile incelendi. Birbiriyle yüksek korelasyon gösteren parametreler (multicollinearity) ‘*usdm*’ paketi (v.1.1-18; (Naimi ve Araújo 2016)) içerisinde bulunan *vifcor* fonksiyonu ile saptanarak elenmiştir. Böylelikle veri setinde oluşabilecek olası standart hata sapmalarının önüne geçilmesi amaçlanmıştır (Wheeler 2007).

Tür dağılım modelleri, varlık verisi ile çevresel uzayı arasında lineer regresyon ilişkisine dayalı Generalized Linear Model (GLM;(Guisan vd. 2002)), lineer olmayan regresyon ilişkine dayalı Generalized Additive Model (GAM; Guisan vd. 2002) ve makine öğrenmesine dayalı Maximum Entropy (MaxEnt; (Phillips vd. 2006)) olmak üzere ‘*sdm*’ (v.1.1-8; (Naimi ve Araújo 2016)) paketi içerisindeki üç ayrı model *sdm* fonksiyonu ile kullanılmıştır. Bu fonksiyon ile elde edilen *area under curve* (AUC; (Fielding ve Bell 1997)) ve *true skill statistic* (TSS; (Allouche vd. 2006)) değerleri modellerin tahmin gücünün test edilmesi için kullanılmıştır (Komac vd. 2016). Buna göre $AUC > 0.8$ ve $TSS > 0.6$ değerleri alan modellerin tahmini istatistiksel açıdan güvenilir kabul edilmiştir (Komac vd. 2016). Sonrasında *ensemble* fonksiyonu ile seçilen alan için dağılım alanları modellenmiştir.



4.BULGULAR

4.1. Çalışılan örneklem ve üretilen moleküler veri

Tez çalışması kapsamında Pholidopterini (Orthoptera, Tettigoniidae) tribüsü içerisinde yer alan *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerine ait türlerle çalışılmıştır. *Parapholidoptera* cinsinin 10 fenotipik türünü temsilen toplam 25 popülasyonu çalışılmıştır. COI veri seti için üretilen 86 dizi ile *P. signata* Bayburt popülasyonu hariç tüm popülasyonlar örneklenmiştir. ND2 ve ITS veri setlerinde ise tüm popülasyonlardan temsilci olacak şekilde sırasıyla 83 ve 114 dizi üretilmiştir. Bunlara ek olarak, MTM veri seti COI ve ND2 veri setlerinde ortak diziler dikkate alınarak oluşturulmuştur. Buna göre *P. signata* Bayburt popülasyonu hariç tüm popülasyonları temsil eden 71 dizi birbirine eklenmiştir (EK-1). *Aparapholidoptera* cinsinin 3 fenotipik türünün 3 popülasyonundan tekil gen matrislerinden COI için 27, ND2 için 29 ve ITS için 35 dizi üretilmiştir. *Aparapholidoptera* cinsi için birleşik mitokondri matrisi (MTM) ise 27 COI ve ND2 dizisinin birleştirilmesi ile oluşturulmuştur (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. Çalışma kapsamında çalışılan *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* türleri ile dış gruplar ve popülasyon başına üretilen COI, ND2, ITS ve MTM dizi sayısı

Cins	Tür	Popülasyon	COI	ND2	ITS1-5.8S-ITS2 (Heterozigot dizi sayısı)	MTM
<i>Parapholidoptera</i>	<i>antaliae</i>	Mersin, Anamur	2	2	1(1)	1
		Antalya, Anamur yolu	7	8	8(3)	3
		Antalya-Gazipaşa	1	1	1	1
		TOPLAM	10	11	14	5
	<i>grandis</i>	Antalya İbradı	4	4	4	4
	<i>bolkarensis</i>	Nigde-Ulukışla	6	6	13(3)	5
	<i>castaneoviridis</i>	Kuzey Ege Bölgesi	1	1	1	1
		Trakya (Edirne, Kırklareli)	9	5	9	4
		TOPLAM	10	6	10	5
	<i>flexuosa</i>	İzmir,Bozdağ	1	1	1	1

(Devamı arkada)

Çizelge 4.2' in devamı

Cins	Tür	Populasyon	COI	ND2	ITS1-5.8S-ITS2 (Heterozigot dizi sayısı)	MTM
<i>Parapholidoptera</i>	<i>salmani</i>	Ordu, Mesudiye Topçam	2	2	2(1)	2
		Tokat Çamlıbel	2	1	3	2
	<i>salmani</i>	Ordu, Mesudiye Topçam	2	2	2(1)	2
		Tokat Çamlıbel	2	1	3	2
		Sivas	7	8	9	6
		TOPLAM	13	11	15	10
	<i>signata</i>	Kars, Kağızman	3	2	6	1
		Malatya	2	2	1(1)	2
		Sivas	4	2	5	4
		Tunceli	2	2	2	2
		Antalya Döşemealtı, Kemer	6	5	7	4
		Bayburt,İspir yolu	-	2	1	-
		Erzurum, Tortum	1	1	1	1
		TOPLAM	18	16	24	14
	<i>spinulosa</i>	Adana, Saimbeyli	7	10	9(2)	6
		Kahramanmaraş, Göksun	8	5	5(1)	6
		Karadeniz (Kastamonu)	7	7	6	6
		Ordu, Mesudiye Topçam	8	5	5	6
		Ordu, Akkuş	1	1	1	1
		TOPLAM	31	28	29	25

(Devamı arkada)

Çizelge 4.3' in devamı

Cins	Tür	Populasyon	COI	ND2	ITS1-5.8S-ITS2 (Heterozigot dizi sayısı)	MTM
<i>Parapholidoptera</i>	<i>indistincta</i>	Adana, Saimbeyli	2	3	2	2
	<i>georgiae</i>	Gürcistan	1	1	1	1
Dışgruplar	<i>Eupholidoptera smyrnensis</i>					
	<i>Aparapholidoptera distincta</i>					
	<i>Uvarovistia munzurensis</i>					
<i>Aparapholidoptera</i>	<i>distincta</i>	Kuzeydoğu Anadolu (Artvin&Ardahan)	10	8	9	10
	<i>karabagi</i>	Kuzeydoğu Anadolu (Bayburt&Erzincan)	6	7	10	6
	<i>kosswigi</i>	Kuzeydoğu Anadolu (Erzurum)	11	14	9	11

4.2. Moleküler analizler

4.2.1. *Parapholidoptera* cinsi

4.2.1.1. Verisetlerinin tanımlayıcı özellikleri

Analizlerde kullanılmak üzere oluşturulan iki mitokondriyal (COI, ND2) ve bir nükleer (ITS) gene ait tekil veri setleri ve iki mitokondriyal genin dizilerin uçuca eklenmesi ile (COI+ND2) elde edilen veri setinin (MTM) tanımlayıcı özellikleri ve baz değişim modelleri Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.4. Üretilen moleküler veriler ile oluşturulan dört veri setinin (COI, ND2, ITS ve MTM) tanımlayıcı özellikleri

		COI	ND2	ITS	MTM
İç grup dizi sayısı		86	83	114	71
Baz uzunluğu (bç)		985	955	861	1940
İç grup özgün haplotip sayısı		81	74	46	71
Heterozigot dizi sayısı (ITS için)		0	0	5	0
Korunmuş baz pozisyonu sayısı (bç)		640	496	777	1116
Varyasyonel baz pozisyonu sayısı (bç)		345	486	67	824
Parsimonik bilgi verici baz pozisyonu sayısı (bç)		302	395	31	703
Ayırt edici baz pozisyonu sayısı (bç)		43	91	34	121
Baz değişim modelleri (jModelTest)	AIC	GTR+I+G	GTR+I+G	HKY+I	-
	hLRT				
Kodon pozisyona göre baz değişim modeli (1.,2. ve 3. baz pozisyonu) (PartitionFinder2)		TRNEF+I+G F81+I TRN+I+G	HKY+G TRN+I+G TRN+G	-	-

Her üç gen segmenti ile üretilen diziler kontrol edilmiştir. Bu kontroller sonucunda, istenilen gen bölgesinin üretildiği ve COI ve ND2 dizilerinde NUMT kopyasının bulunmadığı saptanmıştır. Ayrıca, protein kodlayan mitokondriyal genlerle oluşturulan veri setlerine DAMBE programıyla uygulanan analizler baz doygunluğu işaretlerine rastlanmamıştır (EK-2). Bu nedenle her üç kodon pozisyonu için evrimsel baz değişim modelleri hesaplanarak filogenetik analizlerde kullanılmıştır. COI veri setinde AIC değeri ve hLRT testleri sonucunda aynı $ti/tv=8.964$ $\gamma=1.406$, $p\text{-inv}=0.602$, ND2 veri setinde ise $ti/tv=6.888$ $G=0.3191$, $I=0.363$ bulunmuştur.

Tekil gen veri matrisinde ile elde edilen özgün haplotiplerde COI ve ND2 veri setinde türler arasında paylaşılan haplotip bulunmamasına karşın nükleer gen olan ITS’de *P. signata* ve *P. castaneoviridis*, *P. bolkarensis* ve *P. antaliae*, *P. spinulosa* ve *P. indistincta*, *P. signata* ve *P. spinulosa* türlerinin paylaştığı haplotipler bulunmaktadır (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.5. ITS1-2 verisetinde türlere göre paylaşılan haplotiplerin dağılımı

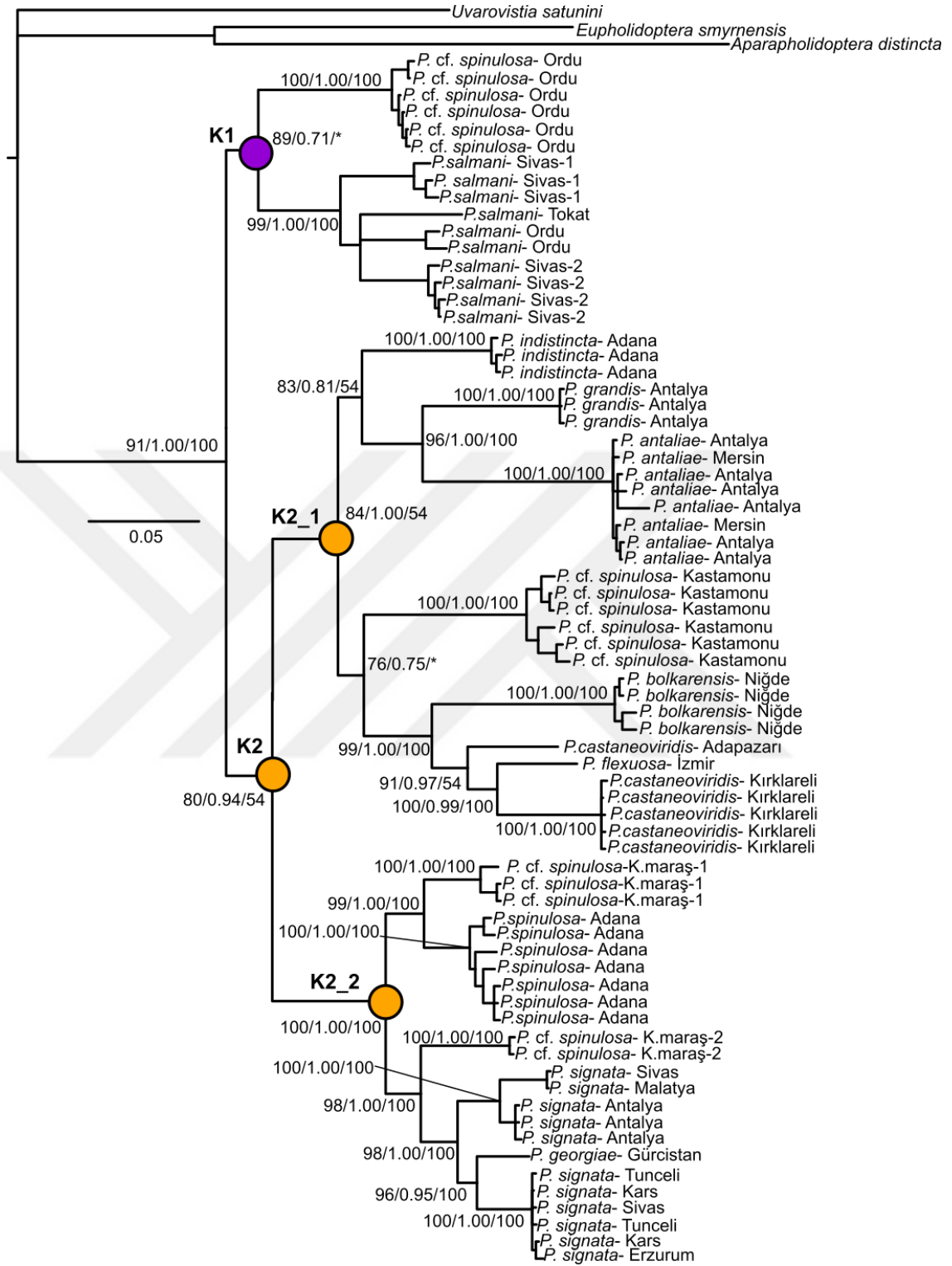
Türler	Haplotipler						
	H1	H10	H11	H15	H18	H33	H34
<i>P. antaliae</i>		5	7				
<i>P. bolkarensis</i>		2	2				
<i>P. castaneoviridis</i>	4						
<i>P. signata</i>	1					1	1
<i>P. spinulosa</i>				2	7	1	1
<i>P. indisticta</i>				2	2		

4.2.1.2. Filogenetik analizler

Parapholidoptera cinsine dahil soy hatları arasındaki filogenetik ilişkiler COI, ND2, ITS ve MTM olarak dört ayrı veri seti ile maksimum olasılık (ML), Bayes filogeni çıkarımı (BF) ve maksimum parsimoni (MP) analizleri ile test edilmiştir. ML ve BF analizleri Çizelge 4.3'te verilen baz değişim modelleri kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Her bir veri setinin ML ve BF filogenetik ağaç topolojileri kendi içerisinde uyumlu çıkmıştır. Bu nedenle Şekil 4.1, 4.2, 4.3 ve 4.4'te ML ve MP analizlerinden alınan seç-bağla (bootstrap; SB) ile BF analizinden alınan son olasılık (posterior probability; SO) değerleri ilgili düğümlerde verilmiştir. Dış grup dizileri olan *Aparapholidoptera distincta*, *Uvarovistia satunini* ve *Eupholidoptera smyrnensis* COI filogenetik ağaçlarında politomik olarak yerleşirken, ND2 ve MTM matrislerinde *E. smyrnensis* ve *A. distincta* monofiletik *U. satunini* bazalda politomik yerleşmiştir. ITS ağaçlarında ise *A. distincta* ve *U. satunini* bazalda politomik konumlanırken *E. smyrnensis* ise *Parapholidoptera* cinsinin kökünde yer almıştır.

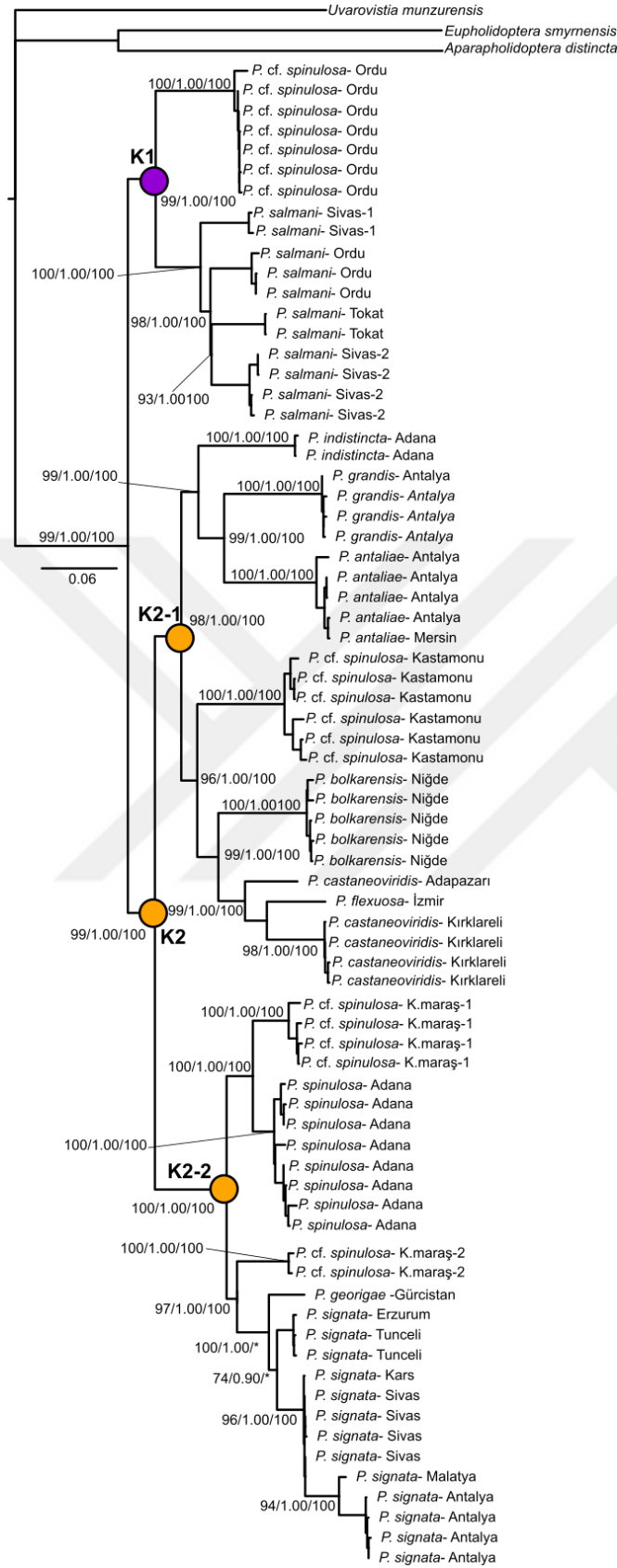
Gerçekleştirilen üç ayrı filogenetik analizde de COI, ND2 ve MTM ağaçların topolojileri üç ana klad (K1, K2-1, K2-2) önermiştir. Bu üç matrisin ML ve BF analizleriyle kıyaslandığında MP analizindeki düğüm destek değerleri görece daha düşük bulunmuştur.



Şekil 4.2. ND2 veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB (ML analizinden)/SO (BF analizinden)/ SB (MP analizinden) değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir. K1 ve K2 ana kladları ile K2'nin iki alt kladı (K2-1 ve K2-2) düğüm noktasındaki daire sembolü ile belirtilmiştir

Mitokondriyal tekil genlerin ve birleşik matris MTM ağaçlarında *Parapholidoptera* cinsi monofiletik olarak önerilmiş ve SB-ML /SO/SB-MP düğüm destek değerleri COI ağacında 93/1.00/100, ND2 ağacında 91/1.00/100 ve MTM ağacında 99/1.00/100 destek değerleri ile desteklenmiştir (Şekil 4.1, 4.2 ve 4.3). Mitokondriyal ağaçların topolojileri aynı olup, hemen tüm düğümlerde destek değerleri iç grupta olduğu gibi, MTM ağaçlarında en yüksek olarak bulunmuştur. Cinsin mitokondriyal filogenisi MTM ağacı üzerinden tanımlanmıştır. Buna göre, fenotipik türlerden *P. salmani*, *P. indistincta*, *P. grandis*, *P. antaliae* ve *P. bolkarensis* türlerinin monofilisi desteklenmiştir. Buna karşın *P. spinulosa*, *P. castaneoviridis* ve *P. signata* nominal türlerinin monofilileri desteklenmemiştir. K1 kladı *P. cf. spinulosa*-Ordu ve *P. salmani* fenotipik türünü (Ordu, Tokat, Sivas1 ve Sivas2 olmak üzere dört altklad) haplotiplerini içerir ve sırasıyla COI ağacında 99/1.00/100, ND2 ağacında 89/0.71/* ve MTM ağacında 99/1.00/100 düğüm destek değerlerini almıştır. *P. spinulosa*-Ordu haplotiplerinin monofilisi üç ağaçta da tam destek almıştır. *P. salmani* fenotipik türünün monofilisi de aynı şekilde her üç ağaçta desteklenmiştir. Monofiletik K2 kladı COI ağacında 91/0.99/100, ND2 ağacında 80/0.94/54 ve MTM ağacında 99/1.00/100 SB-ML/SO/SB-MP düğüm destek değerlerini almıştır. K2 kladı, K2-1 ve K2-2 olarak adlandırdığımız iki alt içerir. Bu alt dallardan K2-1 COI ağacında 57/0.80/*, ND2 ağacında 84/1.00/54 ve MTM ağacında 98/1.00/100 SB-ML/SO/SB-MP destek değerlerini almıştır. Tüm ağaçlarda K2-1 kladı iki alt kladdan oluşur. Birincisi her biri monofiletik olmak üzere *P. indistincta* + (*P. grandis* + *P. antaliae*) türlerini içerir ve destek değerleri tam veya tama yakındır. Diğer alt klad ise *P. spinulosa*-Kastamonu + (*P. bolkarensis* + (*P. castaneoviridis* – Adapazarı + (*P. flexuosa* + *P. castaneoviridis*– Adapazarı))) haplotip kladlarını içerir. K2-2 kladı ise üç ağaçta da 100/1.00/100 düğüm destek değeri almıştır. Bu klad içerisindeki iki monofiletik alt kladdan biri monofiletik *P. spinulosa*-Kahramanmaraş + *P. spinulosa*-Adana haplotip kladlarını içermektedir. Buna kardeş grup olan diğer monofiletik klad ise MTM ağacında *P. cf. spinulosa*-Kahramanmaraş + (*P. georgiae* + *P. signata*) haplotip kladlarını içermiştir. Tek haplotiple temsil edilen *P. georgiae* fenotipik türü COI ve ND2 ağaçlarında *P. signata* içerisinde gruplanırken MTM matrisiyle yapılan analizlerde *P. signata* kladının kökünde yer almıştır.

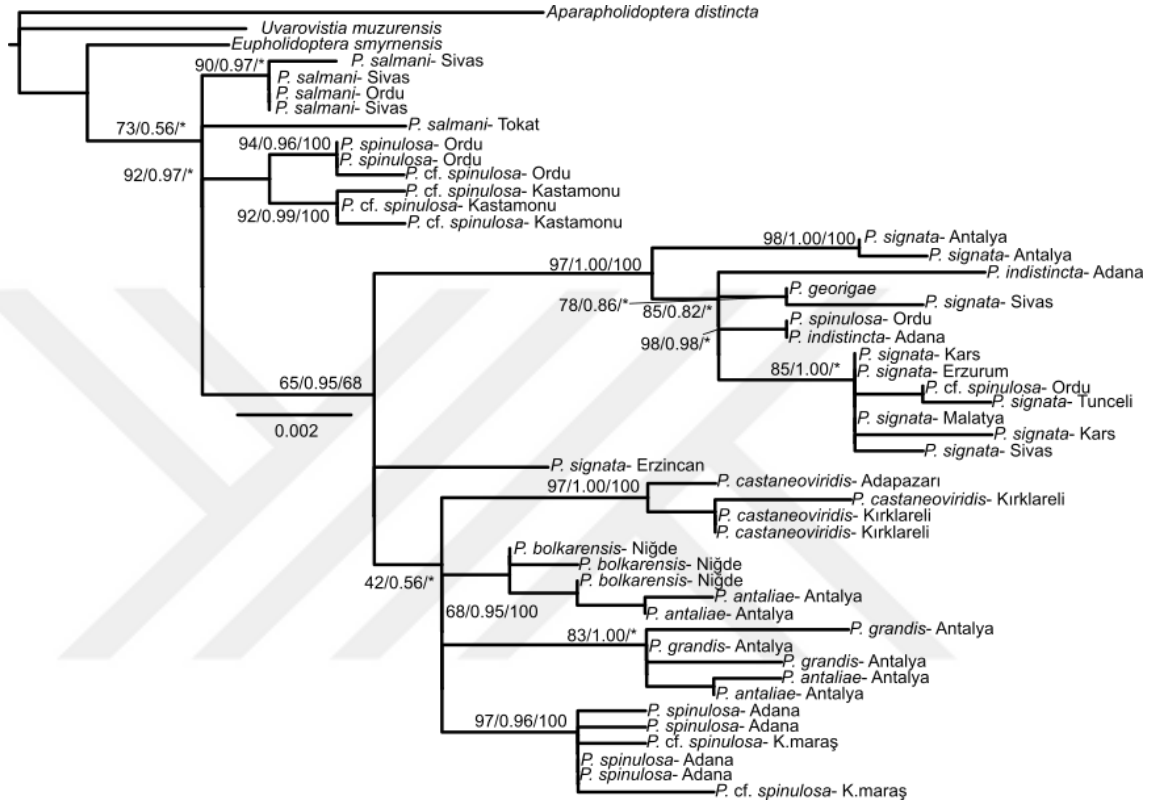
PAUP programı kullanılarak MTM veri seti için homoplasi indexi (HI) 0.5916, tutarlılık indexi (consistency index, CI) 0.4084, kuvvet indexi (retention index, RI) 0.8345 olarak bulunmuştur.



Şekil 4.3. MTM veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB (ML analizinden)/SO (BF

analizinden)/ SB (MP analizinden) değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir. K1 ve K2 ana kladları ile K2'nin iki alt kladı K2-1 ve K2-2 düğüm noktasındaki daire sembolü ile belirtilmiştir

Nükleer belirteç gen olan ITS ile yapılan filogenetik analizlerde ise iç grup ve hiç bir fenotipik tür monofiletik olarak oluşmamıştır. Buna karşın ML, BF ve MP analizleri benzer düğüm destek değerleri vermiştir (Şekil 4.4).



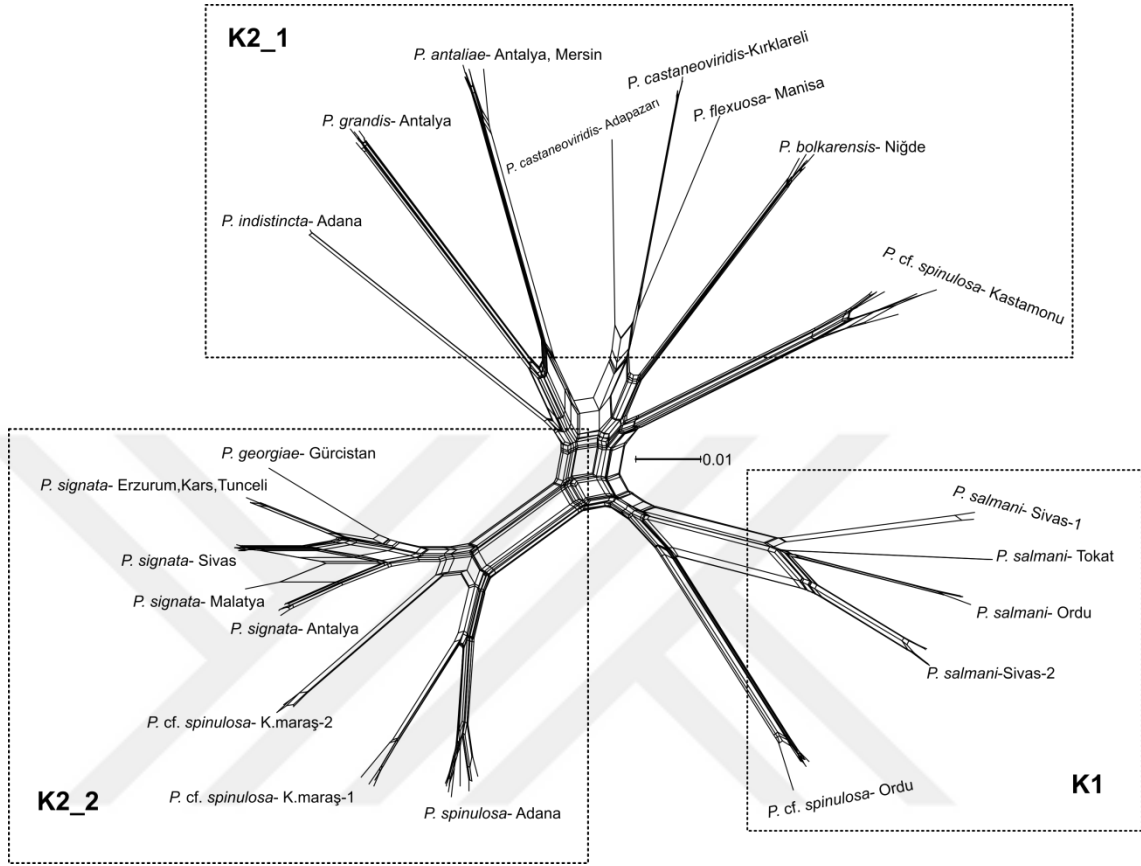
Şekil 4.4. ITS veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB (ML analizinden)/SO (BF analizinden)/ SB (MP analizinden) değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir. K1 ve K2 ana kladları ile K2'nin iki alt kladı K2-1 ve K2-2 düğüm noktasındaki daire sembolü ile belirtilmiştir

4.2.1.3. Haplotip ağları

Parsimoni algoritması ile MTM ve ITS veri setleri kullanılarak üretilen haplotip ağları Şekil 4.5 ve 4.6'da verilmiştir. MTM haplotip ağı *Parapholidoptera* içerisinde filogenilerdeki K1, K2-1 ve K2-2 kladları ile uyumlu olarak üç küme önermiştir. K1 *P. cf. spinulosa*-Ordu haplotipleri + *P. salmani* haplotiplerini içerir. Ancak, *P. salmani* Sivas1 ve Sivas-2, Ordu ve Tokat haplotipleri farklı alt kümeler oluşturur.

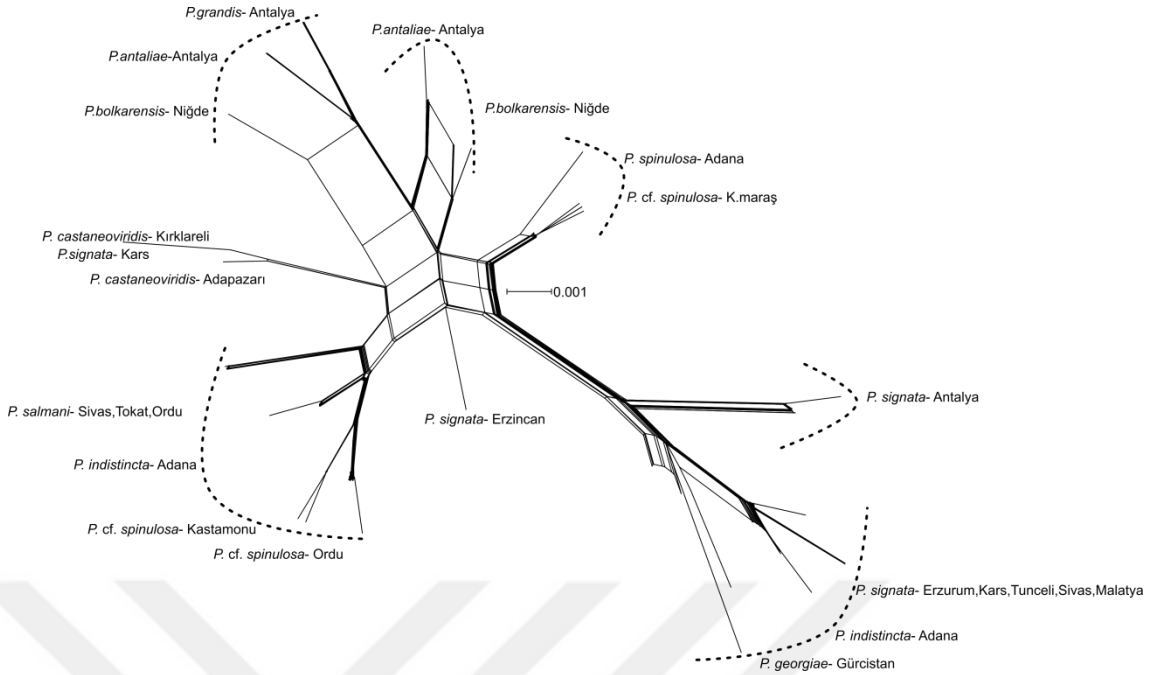
K2-1 kladı, her biri bağımsız bir alt küme olacak şekilde *P. indistincta*-Adana, *P. cf. spinulosa*-Kastamonu, *P. grandis*, *P. antaliae*, *P. castaneoviridis*-Kırklareli, *P. flexuosa*, *P. castaneoviridis*-Adapazarı ve *P. bolkarensis* türlerini içerir. Haplotip ağında K2-2 kladının oluşturduğu küme üç alt kümeden oluşur: (i) *P. signata* + *P. georgiae*, (ii)

P. spinulosa-Kahramanmaraş-2, (iii) *P. spinulosa*-Adana ve Kahramanmaraş-1 haplotipleri. İlk küme kendi içinde beş alt küme ve son küme kendi içinde iki alt küme oluşturur.



Şekil 4.5. MTM veri setinin SPLITSTREE programı ile üretilen haplotip ağı. K1, K2-1 ve K2-2 kladları kesikli çizgili çerçeveler içerisinde gösterilmiştir

ITS haplotip ağı, ITS filogenetik ağaçlarına kıyasla genetik ilişkilere dair daha yüksek çözünürlük vermiştir (Şekil 4.6). ITS haplotip ağında beş küme ayırt edilebilmektedir. Bunlardan biri *P. grandis*, *P. antaliae* ve *P. bolkarensis* haplotiplerini, ikincisi *P. signata* + *P. georgiae* haplotiplerini, üçüncüsü *P. spinulosa* Adana ve *P. cf. spinulosa* Kahramanmaraş haplotiplerini, dördüncüsü *P. salmani*, *P. cf. spinulosa*-Kastamonu ve *P. cf. spinulosa*-Ordu haplotiplerinin ve beşincisi ise *P. castaneoviridis*-Kırklareli, *P. flexuosa*, *P. castaneoviridis* –Adapazarı haplotiplerini içerir. Bir *P. indistincta* haplotipi *P. signata* + *P. georgiae* kümesinde yer alması ve bir *P. signata*-Kars haplotipi'nin *P. castaneoviridis* kümesi içinde çıkması not edilmeye değerdir.



Şekil 4.6. ITS veri setinin SPLITSTREE programı ile üretilen haplotip ağı

4.2.1.4. Moleküler saat analizleri

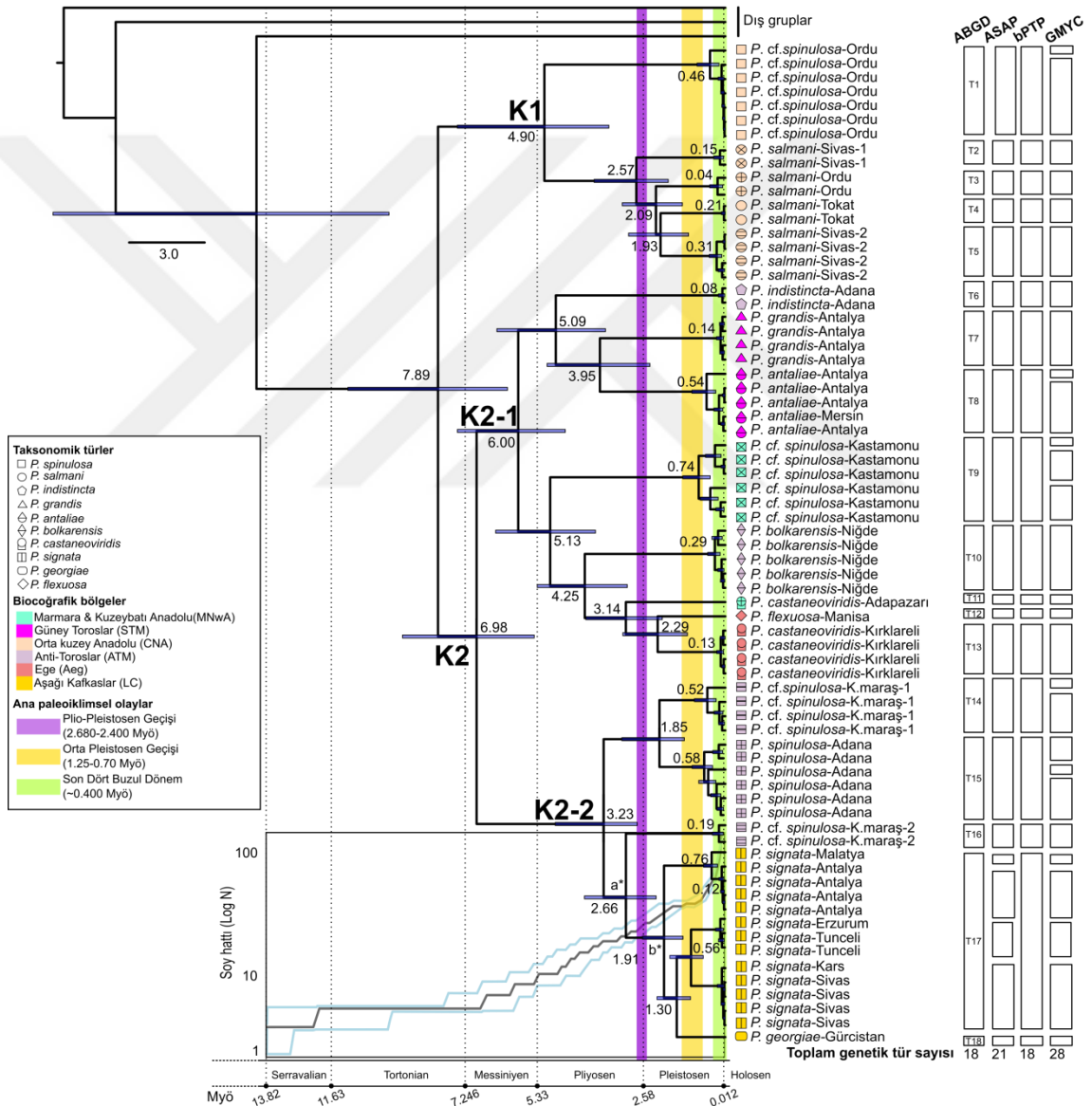
Parapholidoptera cinsi için hazırlanan MTM veri setine uygulanan analizlerle hesaplanan çeşitlenme tarihlerini gösteren kronogram Şekil 4.7’de verilmiştir. Buna göre cinsin kökeni 7.89 myö ile Miyosen devri Tortonian dönemine tarihlenmiştir. Cins içerisindeki iki ana klad ise Messinyen döneminde ayrılmaya başlamış ve bunlardan K1 kladının son ortak atası 4.90 myö ve K2’nin ise 6.98 my önceye tarihlenmiştir.

K1 kladı içerisinde yer alan *P. cf. spinulosa* Ordu haplotipleri 0.46 myö, ve *P. salmani* kladı haplotipleri ise 2.57 myö son ortak atayı paylaşırlar. Tür sınırları testleri ile dört ayrı tür olarak önerilen Sivas-1, Ordu, Tokat ve Sivas-2 aday türlerinin ayrılma zamanları bakımından Ordu kladı 2.09 myö, Tokat ve Sivas-2 kladları ise 1.93 myö olduğu görülmektedir. Her bir aday türün iç çeşitlenmeleri ise sırasıyla 0.15, 0.04, 0.2 ve 0.31 myö olacak şekilde son dört buzul döneme denk gelmektedir.

K2 kladı içerisinde, K2-1 kladı Messinyen döneminde 6.00 myö son ortak atayı paylaşır ve Pliyosen çağına denk gelen 5.09 my önce *P. indistincta*+ (*P. grandis*+ *P. antaliae*) monofiletik klada çeşitlenmiştir. *P. grandis* + *P. antaliae* kladı ise yine Pliyosen’de 3.95 my öncesine tarihlenen bir ortak atayı paylaşır. *P. indistincta*, *P. grandis* ve *P. antaliae* nominal türlerinin yakınsak köken yaşı sırasıyla 0.08, 0.14 ve 0.54 my öncesine tarihlendirilmiştir.

K2-1 kladı yine Pliyosen başına denk gelecek şekilde 5.13 myö son bir ortak atayı paylaşır. K2-2 içerisinde *P. bolkarensis* ile *P. castaneoviridis* + *P. flexuosa* türü 4.25 my önce birbirlerinden ayrılmışlardır. *P. castaneoviridis* - Adapazarı haplotipi ise 3.14 my önce *P. flexuosa* + *P. castaneoviridis* Kırklareli kladından ayrılmış ve sonrasında *P. flexuosa* ile *P. castaneoviridis* Kırklareli birbirlerinden Pleistosen’de 2.29 myö

ayrılmışlardır. *P. cf. spinulosa* Kastamonu haplotipleri 0.74 myö bir ortak ata paylaşırlarken, *P. bolkarensis* ve *P. castaneoviridis* Kırklareli haplotip kladları 0.29 ve 0.13 myö son dört buzul dönem içerisinde çeşitlenmişlerdir. K2 kladı içerisindeki diğer kardeş klad olan K2-2 ise Pliyosen döneme denk gelen 3.23 myö önce çeşitlenmeye başlamıştır. *P. cf. spinulosa*'nın Kahramanmaraş-1 ve Adana aday türleri 1.85 myö önce Pleistosen çağında birbirlerinden ayrılmışlardır. *P. cf. spinulosa*-Kahramanmaraş-2 aday türü *P. signata* + *P. georgiae* kladından 2.66 myö önce ayrılmıştır. Parafiletik *P. signata* kladı ise 1.91 myö önce çeşitlenmeye başlamıştır. Bu klad içerisinde tek haplotip ile temsil edilen *P. georgiae* türü *P. signata* Erzurum, Tunceli, Kars ve Sivas haplotiplerinden 1.30 myö önce ayrılarak bağımsız bir soy hattı olarak şekillenmiştir.



Şekil 4.7. MTM veri setine uygulanan BEAST analizi ile üretilen zaman ağacı LTT grafiği ve ABGD, ASAP, bPTP ve GMYC tür sınırları testlerinin önerdiği türlerin gösterimi. Analizlere dahil edilen 10 taksonomik tür sembollerle, tanımlanan 5 ayrı biyocoğrafik bölgede renklerle sembolize edilerek her bir dal tür ve lokalite etiketi ile

birlikte verilmiştir. Plio-Pleistosen ve Orta Pleistosen geçişi ile son dört buzul dönem farklı renkte dikey sütunlarla belirtilmiştir

4.2.1.5. Tür sınırları testleri ve genetik uzaklık

Tür sınırlarının testi analizleri mitokondriyal veri setlerinde elde edilen filogenetik uyum ve düğüm destek değerleri dikkate alınarak MTM ile gerçekleştirilmiştir. *Parapholidoptera* cinsinin ele alınan on fenotipik türü ile gerçekleştirilen analizlerde ABGD (barkod boşluğu = 0.035) ve bPTP 18, ASAP 21, GMYC ise 28 aday tür olarak önermiştir (Şekil 4.7).

K1 kladı içerisinde ABGD, ASAP ve bPTP 5 aday tür önerirken GMYC 6 aday tür önermiştir. Buna göre, *P. cf. spinulosa*-Ordu popülasyonuna dair tüm haplotipler üç analizde tek tür önerilirken GMYC aynı lokaliteden bir haplotipi farklı bir tür olarak önermiştir. *P. salmani* fenotipik türünün ise iki ayrı Sivas popülasyonu, Ordu ve Tokat popülasyonuna ait haplotipler tüm analizlerde 4 tür olarak elde edilmiştir.

K2-1 kladı ABGD, ASAP ve bPTP ise 8 tür, GMYC 11 tür önermiştir. Buna göre *P. indistincta*, *P. grandis*, *P. flexuosa* ve *P. bolkarensis* fenotipik türleri her dört analizde de desteklenmiştir. *P. antaliae* fenotipik türü GMYC hariç tek tür, GMYC’de ise iki tür olarak önerilmiştir. Aynı şekilde, *P. spinulosa*-Kastamonu haplotipleri GMYC ile üç tür olarak önerilirken diğer analizlerde tek tür olarak bulunmuştur. Parafiletik *P. cf. castanoviridis* kladı ise Adapazarı ve Kırklareli popülasyonlarına ait haplotipler tüm analizlerde iki ayrı tür olarak önerilmiştir.

K2-2 kladında ise ABGD ve bPTP 4, ASAP 7 ve GMYC 11 tür önermiştir. Parafiletik *P. cf. spinulosa* fenotipik türünün iki Kahramanmaraş popülasyonundan ilkinde ait haplotipler (*P. cf. spinulosa*- Kahramanmaraş-1) ilk üç analizde tek tür, GMYC tarafından ise üç tür olarak bulunmuştur. *P. spinulosa*’nın Adana haplotipleri ise aynı şekilde GMYC tarafından üç tür olarak gruplanırken diğer analizler tek tür olarak önermiştir. Her dört analiz de *P. cf. spinulosa* fenotipik türünün ikinci Kahramanmaraş popülasyonuna ait haplotipleri (*P. cf. spinulosa*- Kahramanmaraş-2) tek tür olarak önermiştir. Tek haplotiple temsil edilen *P. georgiae* türü tüm analizlerde ayrı bir tür olarak bulunmuştur. *P. signata* haplotipleri ise ABGD ve bPTP sonucunda tek tür olarak önerilmiştir. ASAP ve GMYC ise Malatya haplotipini, Antalya haplotiplerini, Erzurum + Tunceli haplotiplerini ve Kars + Sivas haplotiplerini birer tür olmak üzere dört ayrı tür olarak önermiştir.

En parsimonik ve uyumlu sonuç veren ABGD ve bPTP testleri sonucunda önerilen 18 aday tür arasındaki p-dist metodu ile hesaplanan genetik uzaklıklar Çizelge 4.4’te verilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre en az genetik uzaklık 0.045(4%) değeriyle *P. signata* ile *P. georgiae* arasında, en fazla genetik uzaklık ise *P. grandis* ile *P. salmani* Tokat haplotipleri arasında 0.133(13%) değerini almıştır. Genetik türler arasındaki uzaklıklara baktığımızda ise, *P. salmani* türleri arasında 0.060-0.066, *P. castaneoviridis* 0.07, *P. spinulosa*’nın dört türü ise 0.049 ile 0.124 arasında değerler almıştır.

Çizelge 4.6. *Parapholidoptera* cinsi MTM matrisine uygulanan ABGD ve bPTP tür sınırlarının testi analizleri sonucu önerilen 18 aday türün (T1, T2, ..., T18) p-dist metoduyla hesaplanan birbirlerine olan genetik uzaklıkları

	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	T10	T11	T12	T13	T14	T15	T16	T17
T2	0.097																
T3	0.098	0.064															
T4	0.100	0.066	0.060														
T5	0.083	0.062	0.055	0.061													
T6	0.121	0.126	0.125	0.129	0.125												
T7	0.124	0.128	0.124	0.133	0.127	0.101											
T8	0.126	0.130	0.128	0.132	0.127	0.110	0.096										
T9	0.111	0.113	0.116	0.120	0.115	0.101	0.119	0.115									
T10	0.108	0.123	0.123	0.127	0.119	0.109	0.118	0.115	0.098								
T11	0.109	0.112	0.113	0.117	0.114	0.105	0.104	0.099	0.099	0.084							
T12	0.119	0.124	0.121	0.116	0.120	0.105	0.119	0.104	0.101	0.091	0.072						
T13	0.120	0.123	0.126	0.126	0.119	0.111	0.118	0.111	0.101	0.090	0.070	0.065					
T14	0.113	0.119	0.118	0.119	0.114	0.116	0.120	0.125	0.124	0.118	0.108	0.114	0.126				
T15	0.106	0.114	0.113	0.117	0.113	0.110	0.119	0.122	0.115	0.119	0.112	0.121	0.126	0.049			
T16	0.115	0.121	0.120	0.115	0.122	0.118	0.124	0.119	0.114	0.126	0.114	0.120	0.125	0.077	0.068		
T17	0.112	0.119	0.118	0.122	0.117	0.111	0.117	0.120	0.112	0.118	0.110	0.114	0.115	0.073	0.071	0.064	
T18	0.112	0.118	0.117	0.122	0.115	0.114	0.116	0.122	0.111	0.120	0.114	0.116	0.120	0.076	0.072	0.067	0.045

4.2.1.6. Biyocoğrafya analizleri

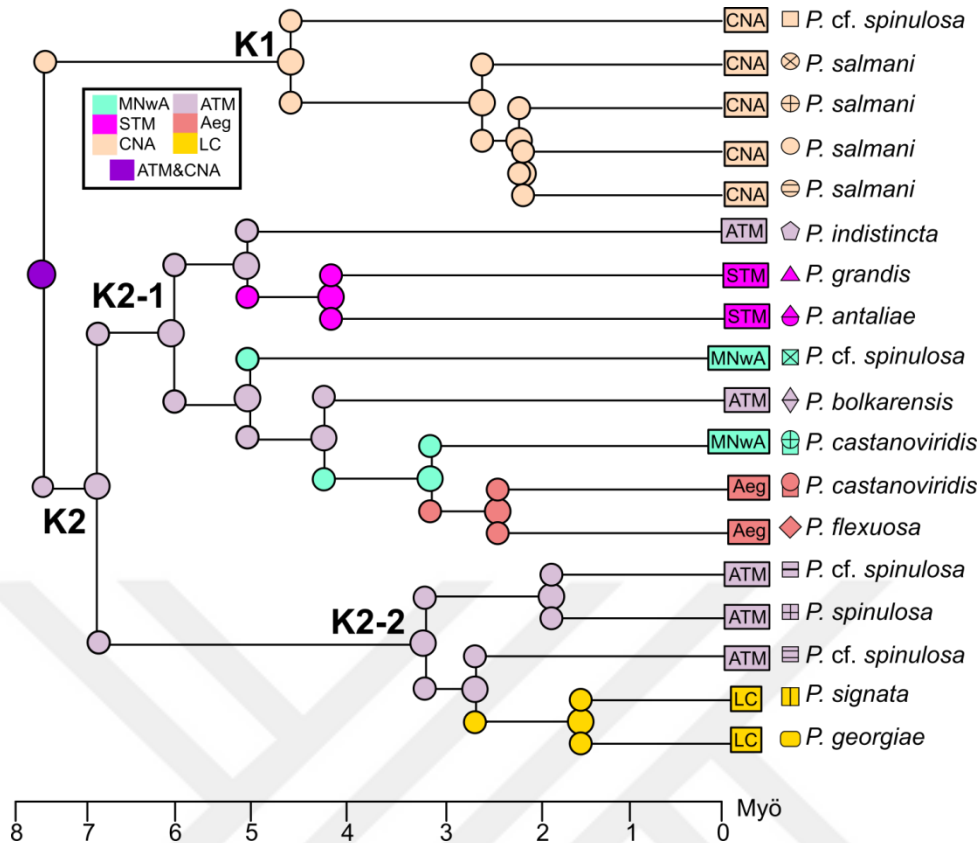
Tür sınırları testleri sonucunda ABGD ve bPTP tarafından önerilen (ve en az sayıda tür yaklaşımı ile) 18 genetik türden birer temsilci haplotip ve moleküler örneklemin tüm yayılışına göre belirlenen altı biyocoğrafi bölge ile analizler gerçekleştirilmiştir. Yapılan testler sonucunda soy hatlarının biyocoğrafik örüntüsünü en iyi açıklayan ($\Delta AICc=0$) model DIVALIKE+J olarak bulunmuştur (Çizelge 4.5). Bu model ile dispersal (d) ve yok oluş (e) değerleri sıfır bulunurken kurucu etkisi (j) 0.05 değerini almıştır.

Çizelge 4.7. Alternatif biyocoğrafik modellerin ve ilgili parametrelerin (d, dispersal; e, extinction; j, kurucu etkisi) karşılaştırılması. lnL, modelin log likelihood değeri; AICc, Akaike's information criterion corrected değeri; ΔAICc değeri, AICc değeri en yüksek olan model ile farkı

Modeller	d	e	j	lnL	AICc	ΔAICc
DEC	0.02	0.00	-	-32.29	69.38	20.07
DEC+J	0.00	0.00	0.05	-21.55	50.81	1.50
DIVALIKE	0.02	0.00	-	-32.29	69.38	20.07
DIVALIKE+J	0.00	0.00	0.05	-20.80	49.31	0.00
BAYAREALIKE	0.03	0.18	-	-39.98	84.77	35.46
BAYAREALIKE+J	0.00	0.00	0.06	-22.77	53.25	3.94

DIVALIKE+J modeliyle yapılan hesaplamalar sonucunda, *Parapholidoptera* cinsinin atasal yeri Anti Toroslar + Orta Kuzey Anadolu bölgelerini kapsayan bir alan olarak bulunmuştur (Şekil 4.8). Cins içerisindeki çeşitlenmeye baktığımızda ise K1 kladının köken yeri ve tüm soy hatlarının çeşitlenme yeri Orta Kuzey Anadolu olarak bulunmuştur. Diğer ana klad olan K2 ve alt kladları K2-1 ile K2-2 için atasal köken yeri Anti Toroslar olarak önerilmiştir. Bu atasal popülasyondan Güney Toroslar'a, Marmara ve Kuzeybatı Anadolu'ya, Ege'ye ve Aşağı Kafkaslara doğru soy hatları çeşitlenmiştir. Elde edilen bu bulgu kurucu etkisi değerinin (j) 0.05 bulunması ile desteklenmiştir.

K2-1 kladı içerisinde *P. indistincta* atasal yer olan Anti Toroslarda çeşitlenirken, *P. grandis* ve *P. antaliae* soy hatlarının ortak atası Güney Toroslarda çeşitlenmiştir. Orta Kuzey Anadolu bölgesindeki atasal popülasyondan evrimleşen *P. cf. spinulosa* Kastamonu soy hattı ise Anti Toroslardaki atasal popülasyondan 6.00 my önce ayrılmıştır. *P. bolkarensis* K2 kladının ortak atası ile aynı atasal yer olan Anti Toroslar'daki atasal popülasyondan köken almıştır. *P. castaneoviridis*'in en yakın ortak atası Orta Kuzey Anadolu'daki atasal popülasyondan evrimleşmiştir. Aynı şekilde *P. castaneoviridis* Kırklareli ve *P. flexuosa* soy hatları Orta Kuzey Anadolu'daki atasal popülasyondan köken almış olmasına karşın en yakın ortak ataları Ege bölgesindeki atasal popülasyondan çeşitlenmiştir. K2-2 kladı içerisinde *P. cf. spinulosa* iki Kahramanmaraş ve *P. spinulosa*'nın tip lokalitesi olan Adana soy hatları Anti Toroslar'daki atasal popülasyondan evrimleşmiştir. Bu klad içerisindeki *P. signata* ve *P. georgiae* ise Anti Toroslar'daki atasal düğümü paylaşmasına karşın en yakın ortak ataları Aşağı Kafkaslar'daki atasal popülasyona işaret etmektedir.



Şekil 4.8. BioGeoBEARS analizinde DIVALIKE+J modeli ve BEAST ile elde edilen zaman ağaçları kullanılarak elde edilen atasal alan tahminlenmesi. Analizde kullanılan ve renk koduyla tanımlanmış altı atasal alan (i) Ege (Aeg), (ii) Marmara ve Kuzeybatı Anadolu (MNwA), (iii) Orta-Kuzey Anadolu (CNA), (iv) Aşağı Kafkaslar (LC), (v) Güney Toroslar (STM), ve (vi) Anti-Toroslar (ATM)

4.2.2. *Aparapholidoptera cinsi*

4.2.2.1. Veri setlerinin tanımlayıcı özellikleri

Aparapholidoptera cinsi için iki mitokondriyal (COI, ND2) ve bir nükleer (ITS) belirteç gene ait toplam üç tekil veri setleri ve iki mitokondriyal belirteç gene ait dizilerin birleştirilmesi ile elde edilen veri setinin (COI, ND2; MTM) tanımlayıcı özellikleri ve baz değişim modelleri Çizelge 4.6'da verilmiştir. Her üç marker ile üretilen diziler kontrol edilmiştir. Bu kontroller sonucunda, istenilen gen bölgesinin üretildiği ve COI ve ND2 dizilerinde NUMT kopyasının bulunmadığı saptanmıştır. Yapılan haplotip analizleri sonucunda mitokondriyal ve nükleer matrislerde türler arasında paylaşılan haplotip bulunmamıştır. Protein kodlayan mitokondriyal genlerle oluşturulan veri setlerinde mutasyon değişimine bağlı baz doygunluğuna rastlanmamıştır (EK-2). Bu nedenle her üç kodon pozisyonu için partitionfinder ile hesaplanan evrimsel baz değişim modelleri filogenetik analizlerde kullanılmıştır. COI veri setinde AIC değeri ve hLRT testleri sonucunda aynı ti/tv=9.160 gamma=0.155, p-inv=0.5875, ND2 veri setinde ise ti/tv=5.882 G=0.363, I=0.425 bulunmuştur.

Çizelge 4.8. *Aparapholidoptera* cinsi için üretilen dört veri setinin tanımlayıcı özellikleri

	COI	ND2	ITS	MTM
İç grup dizi sayısı	27	29	33	27
Baz uzunluğu (bç)	985	953	849	1938
İç grup özgün haplotip sayısı	27	25	12	28
Heterozigot dizi sayısı (ITS için)	-	-	1	-
Korunmuş baz pozisyonu sayısı (bç)	678	517	807	1168
Varyasyonel baz pozisyonu sayısı (bç)	307	436	39	770
Parsimonik bilgi verici baz pozisyonu sayısı (bç)	240	329	5	580
Ayırt edici baz pozisyonu sayısı (bç)	67	107	34	190
Baz değişim modelleri (jModelTest)	AIC	GTR+I+G	GTR+I+G	-
	hLRT			F81
Kodon pozisyona göre baz değişim modeli (1.,2. ve 3. baz pozisyonu) (PartitionFinder2)	TIMEF+G F81 TRN+G	HKY+G TIM+I TRN+G	-	-

4.2.2.2. Filogenetik analizler ve haplotip ağları

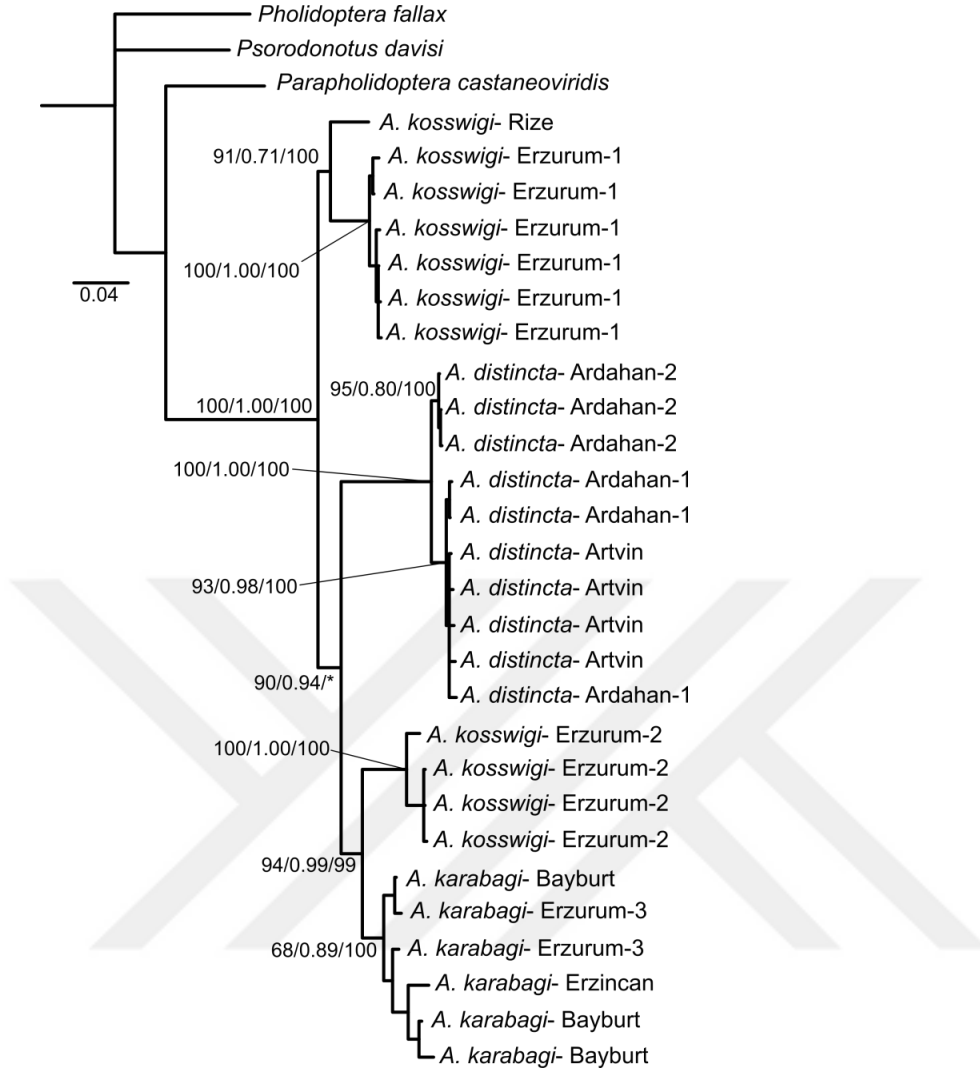
Aparapholidoptera cinsine haplotipler arası filogenetik ilişkiler COI, ND2, ITS ve MTM olarak dört ayrı veri seti ile maksimum olasılık (ML), Bayes filogenisi (BF) ve maksimum parsimoni (MP) analizleri ile test edilmiştir. ML ve BF analizleri Çizelge 4.6’da verilen baz değişim modelleri kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Her bir veri setinin ML, BF ve MP filogenetik ağaç topolojileri kendi içerisinde uyumlu çıkmıştır. Bu nedenle Şekil 4.9, 4.10, 4.11 ve 4.12’de ML ve MP analizlerinden alınan seç-bağla (bootstrap; SB) ile BF analizinden alınan son olasılık (posterior probability; SO) değerleri ilgili düğümlerde verilmiştir. COI ve MTM ağaçlarında dış grup dizileri olan *Pholidoptera fallax*, *Psorodonotus davisi* bazalda politomik olarak yerleşirken *Parapholidoptera castaneoviridis* cinse kardeş olarak gruplanmıştır. ND2 ve ITS ağaçlarında ise tüm dış gruplar bazalda politomik olarak yerleşmiştir.

Toplam dört nominal türü olan *Aparapholidoptera* cinsinin üçü ile yapılan analizlerin tümü iç grup monofilisini desteklenmiştir. Mitokondriyal tekil gen matrisleri olan COI ağaçlarının topolojisi *A. kosswigi*1 + (*A. distincta* +(*A. karabagi* + *A.*

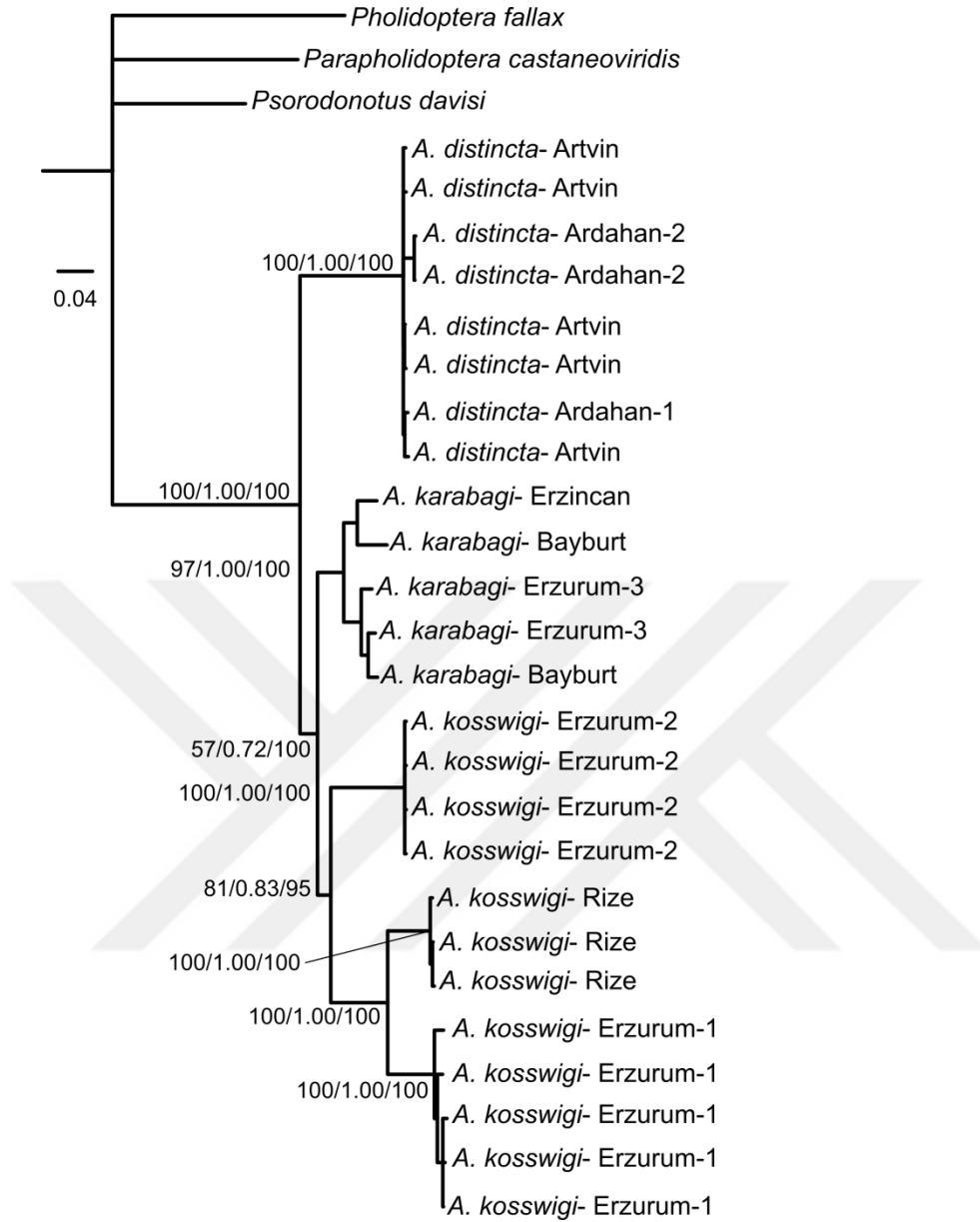
kosswigi2)) olarak şekillenmiştir (Şekil 4.9). Rize ve Erzurum-1 haplotiplerini içeren *A. kosswigi1* türünün monofilisi 91/0.71/100 düğüm destek değerini almıştır ve tek Rize haplotipi Erzurum-1 haplotiplerine kardeşgrup olarak yer alır. ML ve BF analizleri diğer klad olan *A. distincta* + (*A. kosswigi*+*A. karabagi*) 97/0.94 SB-ML/SO destek değeri verirken MP analizi desteklememiştir. *A. distincta* fenotipik türü tüm analizler tarafından monofiletik olarak desteklenmiştir. Ek olarak *A. distincta* türü iki alt klada ayrılmış ve ilki Ardahan-2 haplotipleri (95/0.80/100 SB-ML/SO/SB-MP desteği ile) ve ikincisi Ardahan-1+ Artvin haplotiplerini 93/0.98/100 SB-ML/SO/SB-MP desteği ile) içerir. Her üç analizden de tam destek alan *A. kosswigi*-Erzurum-2 haplotipleri ile 68/0.89/100 düğüm destek değeri alan *A. karabagi* haplotipleri 94/0.99/99 değeri olarak monofiletik bir klad olarak COI matrisiyle üretilen filogenetik ağaçlarda elde edilmiştir.

PAUP programı kullanılarak MTM veri seti için homoplasi indexi (HI) 0.4132 tutarlılık indexi (consistency index, CI) 0.5868, kuvvet indexi (retention index, RI) 0.8187 olarak bulunmuştur.



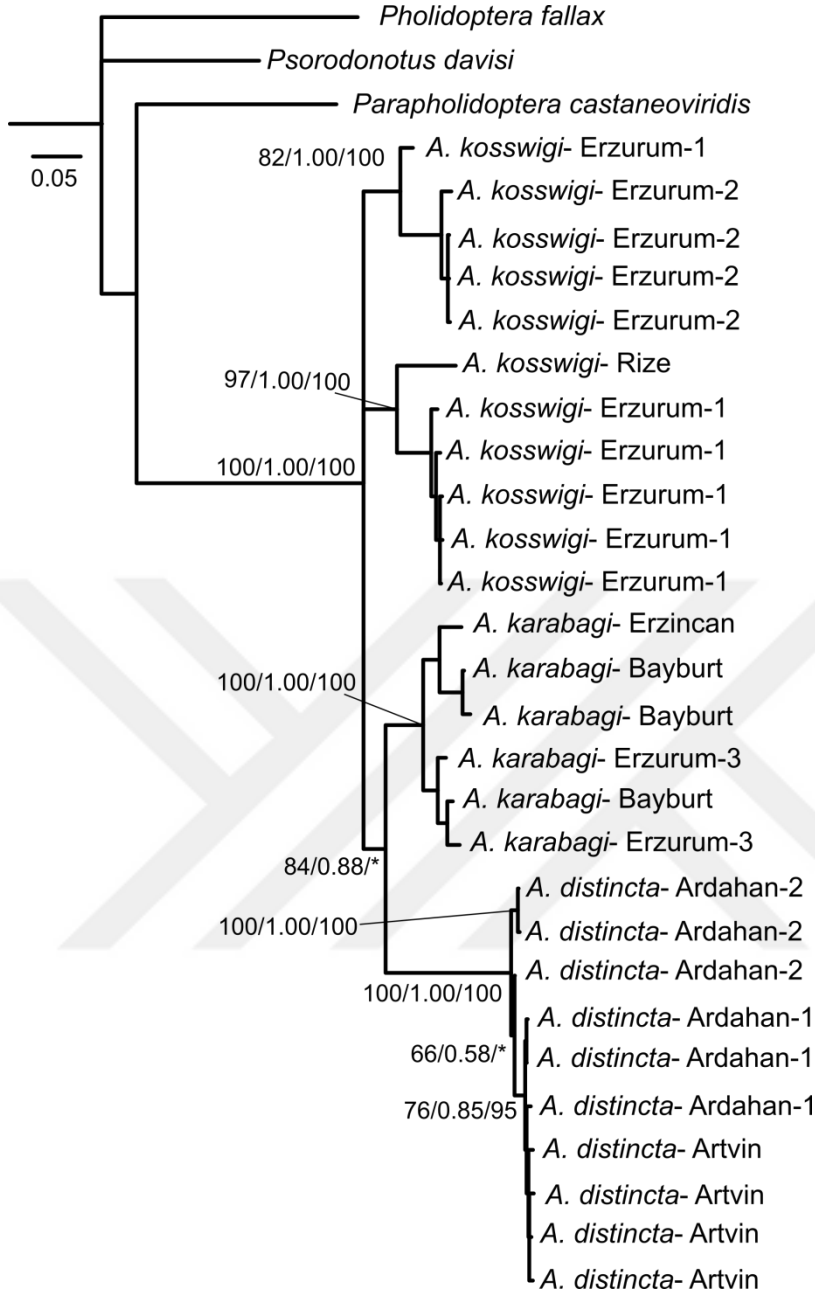
Şekil 4.9. COI veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML /SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50’den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir

Diğer mitokondriyal tekil gen matrisi olan ND2 ile üretilen filogenetik ağaç *A. distincta* + (*A. kosswigi* + *A. karabagi*) akrabalık ilişkisini önermiştir (Şekil 4.10). Yine *A. karabagi* haplotiplerinin monofili 97/1.00/100 SB-ML/SO/SB-MP düğüm destek değerleri desteklenmiştir. *A. kosswigi* türünün monofili 81/0.83/95 SB-ML/SO/SB-MP düğüm destek değerleri almıştır. Bu klad iki alt klada ayrılır ve ilki Erzurum-2 haplotiplerini diğeri ise Erzurum-1 ve Rize-İkizdere haplotiplerinden oluşur. Erzurum-1 ve Rize-İkizdere iki kardeş klad oluşturur. *A. kosswigi* türünün iç kladlarının tamamı tam SB-ML/SO/SB-MP destek değerlerini almıştır.



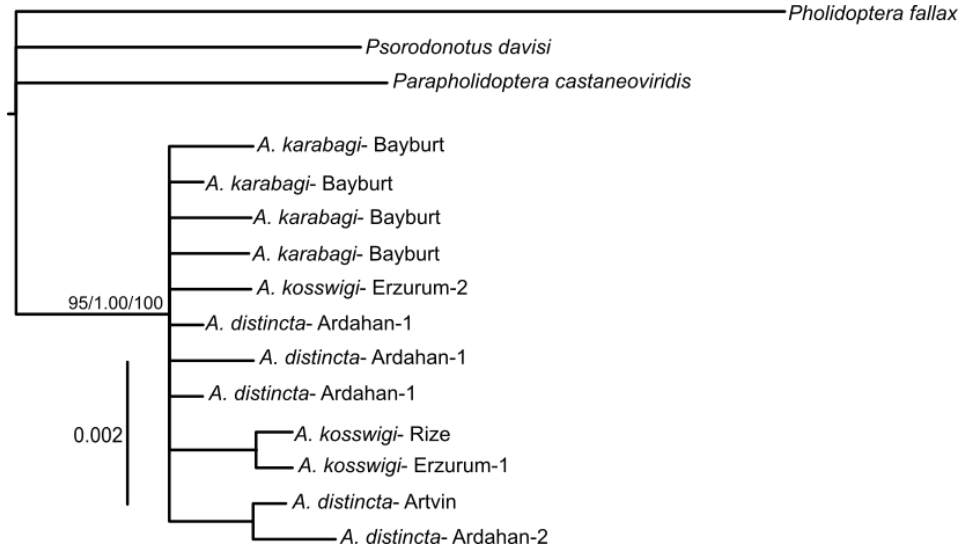
Şekil 4.10. ND2 veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML/SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir

MTM ağaçları bazal trikotomiye sahiptir. İlk klad *A. kosswigi* türüne ait bir Erzurum-1 ve dört Erzurum-2 haplotipinden oluşur. İkincisi yine *A. kosswigi* türüne ait olmak üzere biri Rize ve beş Erzurum-1 haplotipinden oluşur. MP analizinin desteklemediği üçüncü klad *A. karabagi* haplotipleri ve diğeri *A. distincta* haplotipleri olmak üzere iki alt kladdan oluşur (Şekil 4.11).



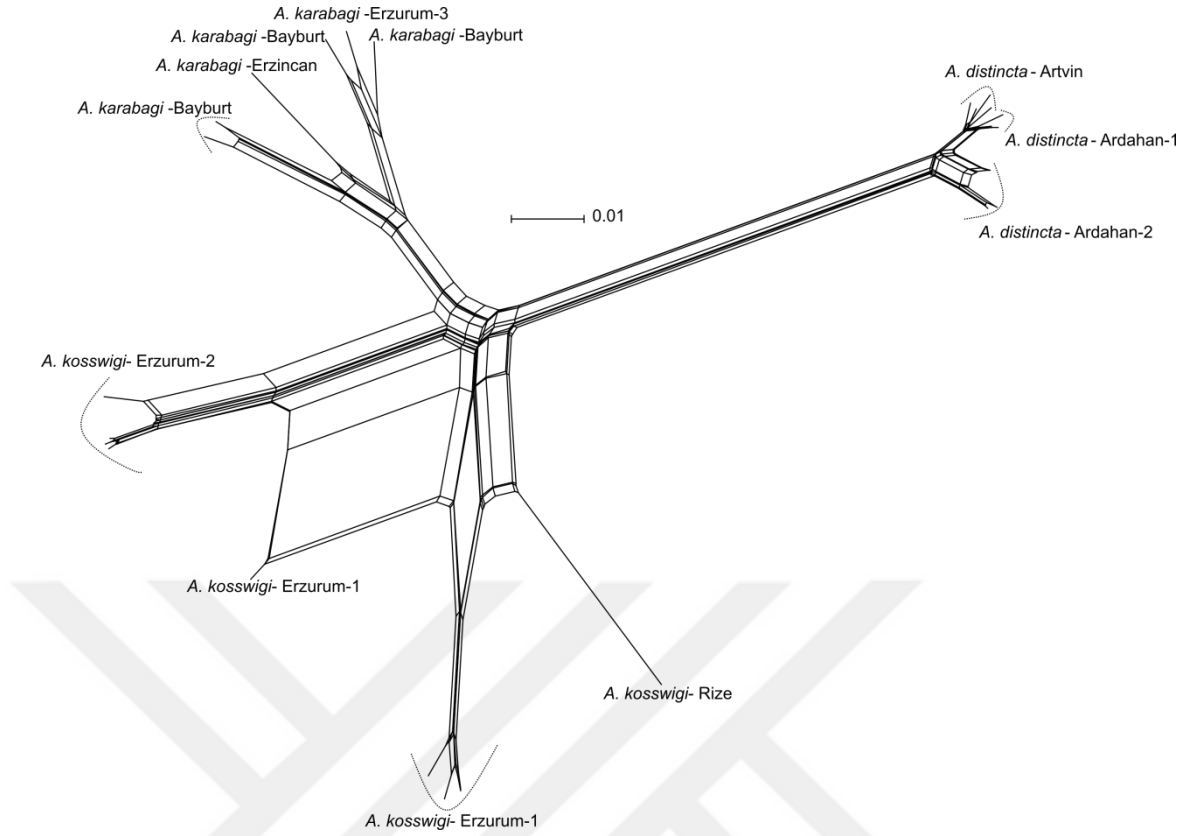
Şekil 4.11. MTM veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML/SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir

ITS ağaçlarında iç grup monofilisi desteklenmesine karşın haplotipler arası filogenetik ilişkiyi çözememiştir (Şekil 4.12).



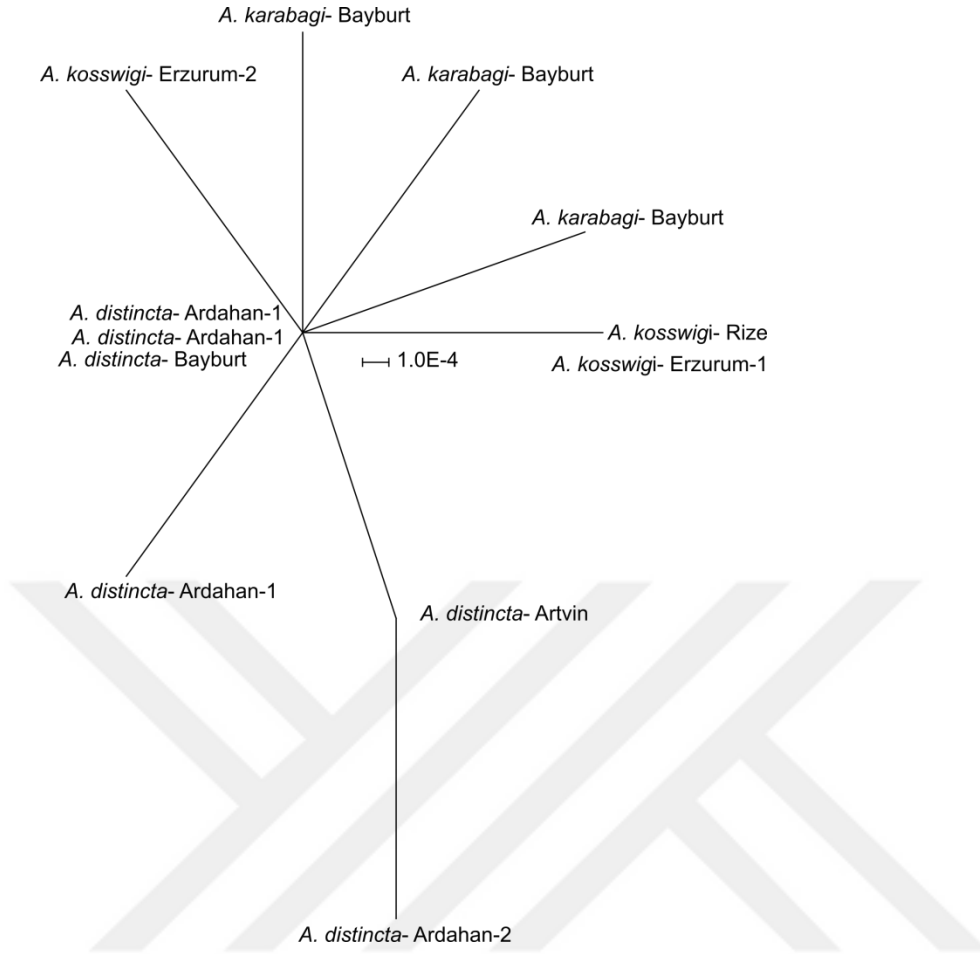
Şekil 4.12. ITS veri seti ile IQ-TREE2, MrBayes ve PAUP programları kullanılarak üretilen filogenetik ağaç. Her bir düğümde sırasıyla SB-ML/SO/SB-MP değerleri yer almaktadır. 50/0.50'den küçük olan düğüm destek değerleri * ile gösterilmiştir

MTM veri setinden SPLITSTREE programı ile elde edilen haplotipleri ağı filoegentik ağaçlarla uyumlu gruplanmalar ortaya koymuştur (Şekil 4.13). *Aparapholidoptera* içerisinde hem tür sınırları testleri hem de fenotipik olarak desteklenen üç tür *A. kosswigi*, *A. karabagi* ve *A. distincta* bağımsız birer küme olarak haplotip ağında konumlanmıştır. Elde edilen haplotip ağına göre, *A. distincta* haplotiplerinin *A. kosswigi* ve *A. karabagi* soy hatlarından genetik olarak daha uzak olduğu ortaya konmuştur. Bununla birlikte *A. distincta* haplotipleri birbirlerine en yakın iken *A. karabagi* haplotipleri, lokaliteler ile ilişkisiz bir şekilde, kısmen daha derin ayrılmalar içermektedir. *A. kosswigi* haplotipleri ise birbirlerinden oldukça uzak dört alt küme olarak gruplanmışlardır.



Şekil 4.13. MTM veri setinin SPLISTREE programı ile üretilen haplotip ağı

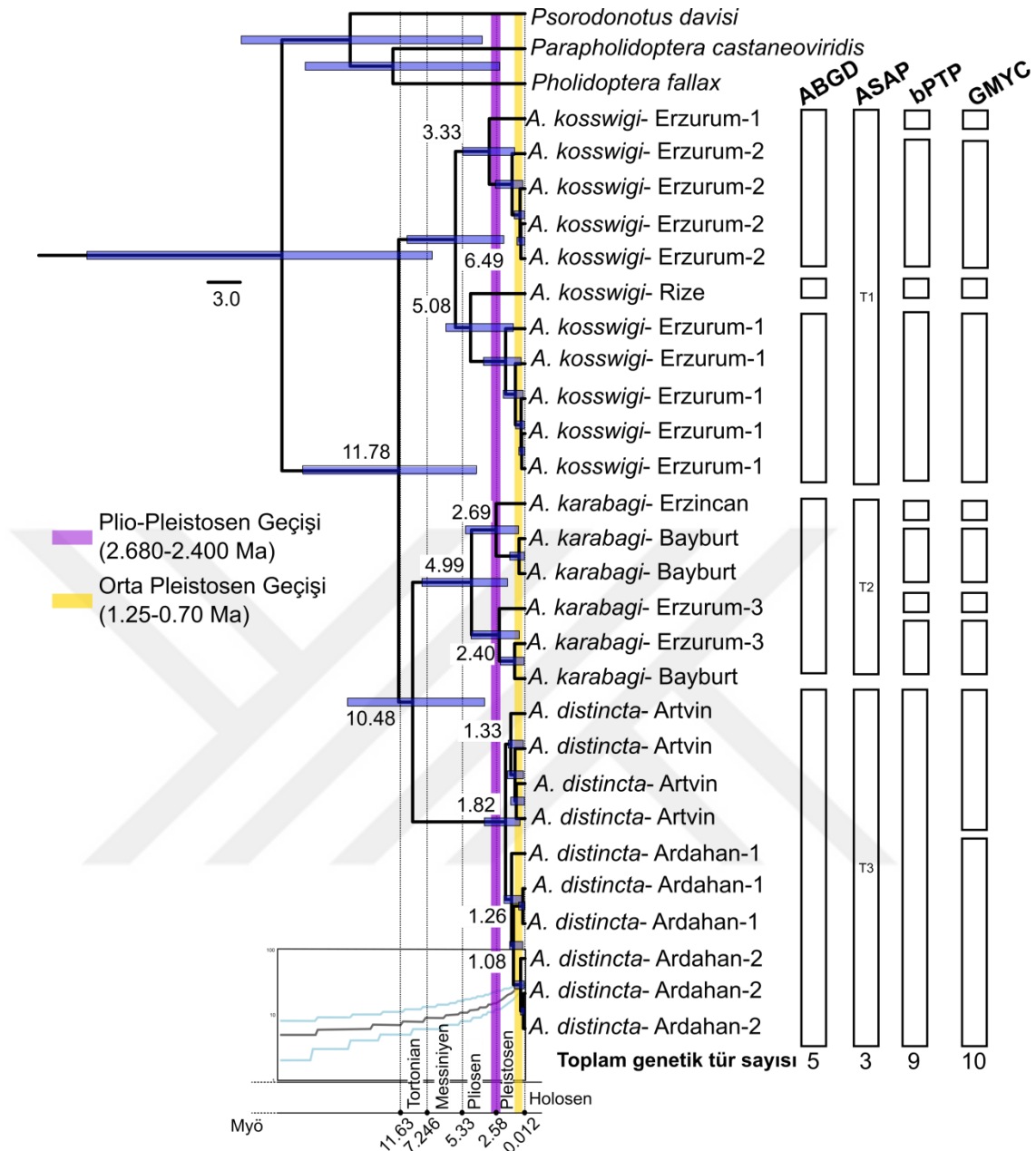
ITS haplotipleri haplotip ağına ise herhangi bir gruplanma elde edilememiş (Şekil 4.14). Her haplotiplerin yıldız benzeri bir ağ oluşturduğu ve bir *P. distincta* Ardahan1 haplotipinin atasal olduğu görülmektedir.



Şekil 4.14. ITS veri setinin SPLITSTREE programı ile üretilen haplotip ağı

4.2.2.3. Moleküler saat analizleri

MTM matrisiyle yapılan analizlere göre, *Aparapholidoptera* cinsi 11.78 myö Miyosen’de ortak bir ataya sahiptir (Şekil 4.15). İki ana kladdan *A. kosswigi* kladının atasal düğümü 6.49 myö ve *A. karabagi* + *A. distincta* kladı ise 10.48 myö tarihlenmiştir. *A. karabagi* ve *A. distincta* türlerinin son ortak ataları sırasıyla 4.99 myö ve 1.82 myö tarihlenmiştir.



Şekil 4.15. MTM veri seti ile BEAST programında üretilen zaman ağacı, LTT grafiği ve ABGD, ASAP, bPTP ve GMYC tür sınırları testlerinin önerdiği türlerin gösterimi. Plio-Pleistosen ve Orta Pleistosen farklı renkte dikey sütunlarla zaman ağacında belirtilmiştir

4.2.2.4. Tür sınırları testleri ve genetik uzaklık

ABGD (barkod boşluğu= 0.034), ASAP, bPTP ve GMYC sırasıyla toplam 5, 3, 9 ve 10 tür önermiştir (Şekil 4.13). Buna göre ASAP testi fenotipik türleri desteklerken diğer testler farklı türler önermiştir. Testlerin sonucunda *A. kosswigi* fenotipik türü sırasıyla 3, 1, 4 ve 4 tür olarak önerilmiştir. bPTP ve GMYC birebir aynı haplotipleri dört ayrı tür olarak önermiştir. *A. kosswigi* Rize haplotipi ise ABGD, bPTP ve GMYC

tarafından ayrı bir tür olarak önerilmiştir. P-dist metoduyla kıyaslanan üç hipotetik tür arasındaki uzaklık *A. kosswigi* ile *A. karabagi* arasında 0.05, *A. kosswigi* ile *A. distincta* arasında 0,10 ve *A. karabagi* ile *A. kosswigi* arasında 0,12 bulunmuştur. *A. karabagi* fenotipik türü ABGD ve ASAP tarafından tek tür olarak desteklenmiştir. Buna karşın bPTP ve GMYC analizleri sonucunda, bir Erzincan, iki Bayburt, bir Erzurum ve bir Erzurum bir Bayburt haplotipi olarak dört ayrı tür olarak önerilmiştir. *A. distincta* fenotipik türü ise ABGD, ASAP ve bPTP tarafından tek tür olarak önerilirken GMYC Artvin haplotipleri ile Ardahan haplotiplerini ayrı iki tür olarak önermiştir.

4.3. Ekolojik analizler

4.3.1. Karakter evrimi

Parapholidoptera soy hatlarının çeşitlenmesinde TBA ile 19 biyoklimatik değişkene göre toplam varyasyonun kümülatif olarak 94.16%'sını ilk beş temel bileşen (TB) açıklamıştır (Çizelge 4.7). Buna göre temel bileşenler toplam varyasyonun sırasıyla % 40.42, %26.52, %14.87, %6.75 ve %5.60'ını açıklamıştır.

Temel bileşenler ile biyoklimatik değişkenler arasındaki ilişki 0.5 ve üzerinde olan değerler anlamlı kabul edilmiştir. Buna göre TB1 sıcaklıkla ilişkili olan BİO1, BİO5, BİO6, BİO10 ve BİO11 değişkenleriyle 0.85 ve üzerinde, yağışla ilişkili BİO8 değişkeni ile ise 0.557 oranında pozitif korele bulunmuştur. TB2 yağışla ilişkili değişkenler BİO12, BİO13, BİO16 ve BİO19 ile 0.90 üzerinde, mevsimsellik ile ilişkili değişken BİO15 ile 0.621 oranında pozitif korelasyon göstermiştir. TB3 en kurak çeyreğin sıcaklığını ifade eden BİO9 ile 0.725 pozitif korelasyon göstermiştir. BİO14, BİO17 ve BİO 18 ile ise negatif yönde yaklaşık %85 ve üzeri korele bulunmuştur. TB3'ün negatif korele çıktığı bu dört değişken de sıcak ve kurak dönem yağışlarıyla ilişkili iklim parametrelerini içeren değişkenler olarak saptanmıştır. TB4 ise mevsimsel ve günlük sıcaklık farklarıyla ilişkili BİO2 ile 0.592, BİO4 ve BİO7 ile 0.85 ve üzeri korelasyon göstermiştir. TB5 ise 0.712 oranında BİO2 ile 0.974 oranında izotermallik ile ilgili biyoklimatik değişken olan BİO3 ile korelasyon göstermiştir.

Çizelge 4.7. Toplam varyasyonun kümülatif olarak 94. 16%'sını açıklayan ilk beş temel bileşen ile 19 biyoiklimsel değişkenin varimax rotasyonu sonucu elde edilen korelasyon değerleri. Yüksek korelasyon kabul edilen değerler kalın harflerle belirtilmiştir.

Biyoklimatik değişkenler	Temel Bileşenler				
	TB1	TB2	TB3	TB4	TB5
	40,42%	26,52%	14,87%	6,75%	5,60%
BİO1	0,945	0,195	0,182	-0,122	-0,091
BİO2	-0,148	-0,237	0,230	0,596	0,712
BİO3	-0,098	-0,147	0,086	0,021	0,974

(Devamı arkada)

Çizelge 4.7.'nin devamı

BIO4	-0,076	-0,227	0,239	0,910	-0,050
BIO5	0,869	0,105	0,350	0,271	0,080
BIO6	0,854	0,275	0,133	-0,393	-0,120
BIO7	-0,124	-0,254	0,240	0,877	0,264
BIO8	0,557	-0,321	-0,463	0,038	-0,107
BIO9	0,394	0,114	0,725	-0,326	0,092
BIO10	0,925	0,171	0,268	0,107	-0,090
BIO11	0,892	0,262	0,120	-0,333	-0,055
BIO12	-0,003	0,914	-0,127	-0,250	-0,179
BIO13	0,221	0,946	0,110	-0,132	-0,100
BIO14	-0,219	-0,094	-0,859	-0,357	-0,066
BIO15	0,366	0,621	0,602	0,195	-0,009
BIO16	0,224	0,941	0,103	-0,139	-0,127
BIO17	-0,216	-0,082	-0,852	-0,381	-0,040
BIO18	-0,094	-0,061	-0,958	-0,159	-0,103
BIO19	0,169	0,913	0,297	-0,147	0,014

İlk beş temel bileşenin ve her bir soy hattının dağılım gösterdiği ortalama rakımın (metre) filogenetik sinyal taşıyıp taşımadığı Bloomberg's K ve Pagel's λ ile test edildiğinde sadece mevsimsel ve günlük sıcaklık farklarıyla ilişkili TB4 karakterinin filogenetik sinyal taşıdığı ve K değeri 0.903 ile destek alırken ($p= 0.014$), λ 1.188 değeri almış ancak ($p= 0.059$) istatistiksel destek almamıştır (Çizelge 4.8).

Karakter evriminin BM, OU ve EB olarak test ettiğimiz üç moduna baktığımızda ise, TB1, TB3 ve TB5 için karakterlerin zaman içerisinde değişim göstermediği varsayımında olan OU; TB2, TB4 ve ortalama rakım için ise karakter evriminin belirli bir yönü olmadığını (rastgele) varsayan BM evrimleşme modu olduğu ortaya konmuştur (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. Toplam varyasyonu açıklayan ilk beş temel bileşen ile ortalama yüksekliğin filogenetik sinyal testleri Bloomberg's K ve Pagel's λ ile p değerleri. Karakter evriminin modu Brownian Motion (BM), Ornstein-Uhlenbeck (OU), Early Burst (EB) modellerine göre AICc ve Δ AICc değerleri

Karakter	Blomberg's K		Pagel's λ		Karakter evriminin modu		
	K	p	λ	p	BM	OU	EB
TB1	0.609	0.338	0.114	0.698	56.686 (0.119)	56.567 (0.000)	59.600 (3.033)
TB2	0.441	0.887	0.058	0.813	54.919 (0.000)	57.449 (2.530)	57.833 (2.914)
TB3	0.580	0.471	0.000	1.000	65.537 (9.708)	55.829 (0.000)	68.451 (12.622)
TB4	0.903	0.014	1.188	0.059	47.739 (0.000)	49.36 (1.621)	50.653 (2.914)
TB5	0.481	0.798	0.000	1.000	53.914 (1.131)	52.783 (0.000)	56.828 (4.045)
Ortalama rakım	0.602	0.342	0.000	1.000	290.742 (0.000)	291.894 (1.152)	293.657 (2.910)

Yukarıda bahsedilen evrimleşme modlarıyla birlikte karakter evrimleri aday türlere ait kladları içeren budanmış zaman ağaçlarına Şekil 4.16'daki gibi yansıtılmıştır.

Bu bulgulara göre sıcaklıkla ilişkili TB1 için cinsin en uzak ortak atası dahil çoğunlukla ortalama değerlerin paylaşıldığı görülmektedir. Bununla birlikte, *P. salmani* Tokat ve *P. bolkarensis* soy hatları en düşük ekstremdeki değerleri; *P. grandis*, *P. antaliae*, *P. castaneoviridis* Adapazarı ve Kırklareli, *P. flexuosa*, *P. signata* ve *P. georgiae* soy hatları en yüksek ekstremdeki değerleri almıştır.

TB2 ise aynı şekilde atasal düğümlerde ortalama değerler yer alırken *P. antaliae* ve *P. grandis* en yüksek ekstremdeki değerlerde, *P. cf. spinulosa*-Ordu ile *P. salmani* Sivas-1 aday türleri ise en düşük ekstremde bulunmuştur. Ayrıca *P. cf. spinulosa*-Kastamonu, *P. cf. spinulosa*-Kahramanmaraş-1 ve *P. cf. spinulosa*-Kahramanmaraş-2

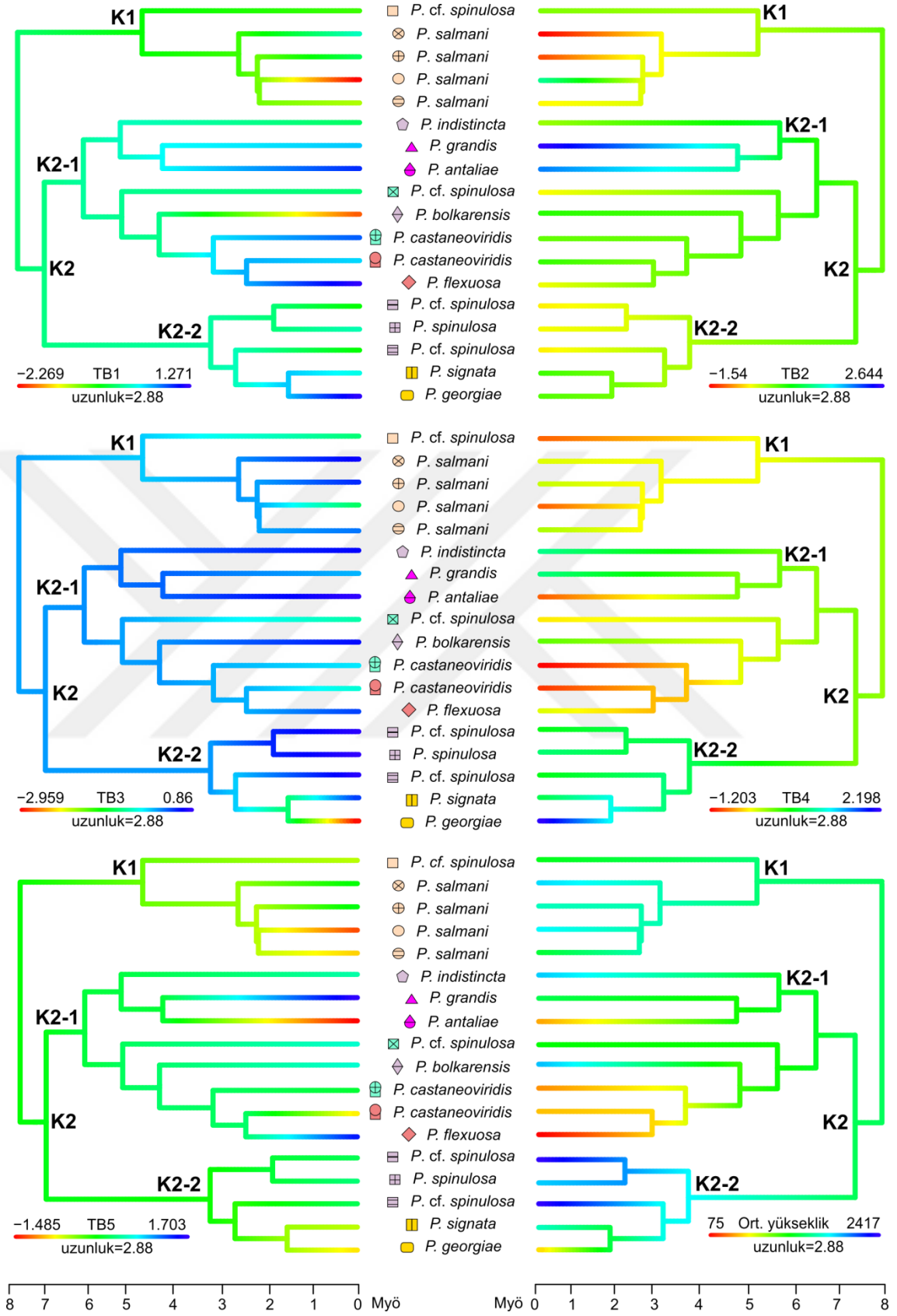
ile *P. spinulosa*-Adana soy hatları da düşük ekstremlerde bulunmuştur. Bulgular farklı *P. spinulosa*'nın farklı soy hatlarının bu karakter açısından benzer değerler aldığını göstermiştir.

TB3 ise sıcak ve kurak döneme ilişkin biyoiklimsel değişkenlerle ilişkili olup cinsin ortak atasından itibaren *P. georgiae* hariç uç dallarda en yüksek ekstremlerdeki değerleri almıştır. *P. georgiae* atasal durumdan en farklı en düşük ekstrem değerlerini alan tek soy hattı olarak bulunmuştur.

Mevsimsel ve günlük sıcaklık farklarıyla ilişkili bileşen olan TB4 atasal düğüme ortalama değerler atanmıştır. Dallara doğru gelindiğinde ise *P. cf. spinulosa*-Ordu, *P. salmani*-Tokat, *P. antaliae*, *P. castaneoviridis*-Adapazarı ve *P. castaneoviridis*-Kırklareli soy hatları ekstrem düşük değerleri almış, *P. georgiae* ise ekstrem yüksek değeri alan tek klad olmuştur.

TB5 ise atasal düğüm de dahil çoğunlukla ortalama değerler almıştır. *P. salmani*-Tokat ve *P. antaliae* değerleri en düşük ekstrem değerleri alırken *P. grandis* ve *P. flexuosa* kladlarına en yüksek ekstrem değerler atanmıştır.

Soy hatlarının bulundukları ortalama rakım ile filogeninin ilişkisine baktığımızda ise ortalama rakım 75 m ile 2417 m arasında değerler almıştır. Atasal durum ortalama değerlerde bulunmuştur. Buna göre K1 kladı içerisindeki soy hatları ortalama ve ortalama üzerinde rakımda bulunmaktadır. K2-1 kladı içerisinde *P. indistincta* + (*P. grandis* + *P. antaliae*) monofolisinde *P. indistincta* yüksek ekstremi *P. antaliae* ise düşük ekstremi temsil etmektedir. K2-1 kladı içerisinde yüksek rakım türü *P. balkarensis* ile düşük rakım *P. castaneoviridis* -Kırklareli ve *P. castaneoviridis*-Adapazarı ile *P. flexuosa* aday türleri ile monofiletik gruplanmıştır. K2-2 kladında ise yüksek rakım ortalamasına sahip atasal popülasyondan köken alan soy hatlarından *P. georgiae* düşük rakım yayılımı gösteren tek soy hattı olmuştur.



Şekil 4.16. Karakterlerin (TB1, TB2, TB3, TB4, TB5 ve Ortalama yükseklik) atasal durumlarının R ortamında BEAST zaman ağacı ile 'phytools' paketi *contmap*

fonksiyonu kullanılarak üretilen atasal karakter durum tahminleri. Her bir filogenetik ağacın sol veya sağ alt köşesindeki renk skalası sürekli karakterlerin sayısal aralığını tanımlamaktadır

4.3.2. Ekolojik niş modellemesi

Ekolojik niş modellemesi analizlerinde 19 biyoiklimsel parametre içerisinde birbirleriyle yüksek korelasyon gösterenler elenmiş ve analizler Çizelge 4.9'da verilen parametrelerle gerçekleştirilmiştir. Buna göre, *Parapholidoptera* cinsinin türlerinde BIO1, BIO2, BIO4, BIO8, BIO9, BIO15, BIO18 ve BIO19 olmak üzere sekiz biyoklimatik değişken VIF<10 değeri alarak modellemelerde kullanılmıştır (Çizelge 4.9). Cins içerisinde sadece *P. spinulosa* Adana soy hattı için yapılan modellemede BIO18 yerine BIO14 parametresi VIF<10 değeri almıştır.

Çizelge 4.9. Niş modellemesi yapılan *Parapholidoptera* soy hatlarının *vifcor* fonksiyonu ile tespit edilen yüksek korelasyon göstermeyen biyoklimatik değişkenler ve değerleri. Tablodaki biyoklimatik değişkenden farklı olan değer ve ilgili değişken * ile gösterilmiştir

Cins	Soy hatları	Korelasyon göstermeyen biyoklimatik değişkenler							
		BIO1	BIO2	BIO4	BIO8	BIO9	BIO15	BIO18	BIO19
<i>Parapholidoptera</i>	<i>antaliae</i>	3.808	2.084	1.731	3.431	6.392	2.870	3.757	2.412
	<i>bolcarensis</i>	3.625	2.044	1.686	3.336	6.402	2.811	3.692	2.415
	<i>castaneoviridis</i>	3.841	2.029	1.696	3.358	6.743	2.791	3.822	2.480
	<i>flexuosa</i>	3.830	2.100	1.671	3.367	6.648	2.869	3.687	2.407
	<i>georgiae</i>	3.744	2.030	1.686	3.317	6.911	2.714	3.902	2.329
	<i>grandis</i>	3.685	2.043	1.682	3.187	6.455	2.860	3.846	2.371
	<i>indistincta</i>	3.620	2.014	1.689	3.174	6.609	2.872	3.953	2.442
	<i>salmani</i>	3.628	2.057	1.696	3.314	6.322	2.907	3.803	2.491
	<i>signata</i>	3.646	2.008	1.680	Mar.15	6.345	2.843	3.826	2.444
	<i>spinulosa</i> Adana-K. maraş	3.813	2.058	1.508	3.342	5.289	4.761	3.867* (bio14)	2.922
	<i>spinulosa</i> Kastamonu	3.691	2.018	1.651	3.230	6.446	2.918	3.874	2.386
	<i>spinulosa</i> Ordu	3.682	20.615	1.691	3.342	6.530	2.998	3.822	2.472

Aparapholidoptera cinsinin türlerinde de büyük oranda benzer şekilde BIO1, BIO3, BIO4, BIO8, BIO9, BIO15, BIO18 ve BIO19 biyoklimatik parametreleri $VIF < 10$ değeri almıştır (Çizelge 4.10). *A. kosswigi* türünde ise BIO3 parametresi yerine BIO2 önerilmiştir.

Çizelge 4.90. Niş modellemesi yapılan *Aparapholidoptera* soy hatlarının *vifcor* fonksiyonu ile tespit edilen yüksek korelasyon göstermeyen biyoklimatik değişkenler ve değerleri. Tablodaki biyoklimatik değişkenden farklı olan değer ve ilgili değişken * ile gösterilmiştir

Cins	Soy hatları	Korelasyon göstermeyen biyoklimatik değişkenler							
		BIO1	BIO3	BIO4	BIO8	BIO9	BIO15	BIO18	BIO19
<i>Aparapholidoptera</i>	<i>kosswigi</i>	3.743	1.904* (bio2)	1.714	3.245	6.522	2.734	3.857	2.378
	<i>karabagi</i>	3.905	1.804	1.814	3.169	6.551	2.782	3.820	2.287
	<i>distincta</i>	3.801	1.876	1.929	3.187	6.510	2.839	3.845	2.279

GLM, GAM ve MaxEnt modelleme algoritmalarının tahminlerinin AUC ve TSS değerlerine göre karşılaştırılması Çizelge 4.11’de verilmiştir. Kullanılan varlık verileri sayıları Çizelge 4.11’de bu verilerin koordinat bilgileri ise EK-3’te ise verilmiştir. Bulgular MaxEnt algoritmasının tüm türlerde en güvenilir tahminleri yaptığını ortaya koymaktadır. Bununla birlikte GLM de *A. distincta* AUC değeri haricinde tüm türlerde iyi bir tahmin gücüne sahip olarak bulunmuştur. GAM ise en zayıf model tahminleri yapan algoritma olarak bulunmuş ve *P. antaliae*, *P. castaneoviridis*, *P. flexuosa* ile *A. kosswigi*, *A. distincta* ve *A. karabagi* türlerinde eşik değerinin altında kalmıştır.

Çizelge 4.101. Niş modellemesinde kullanılan GLM, GAM ve MaxEnt modelleme algoritmalarının tahminlerinin AUC ve TSS değerlerine göre karşılaştırılması

Cinsler	Türler (varlık verisi sayısı)	Test istatistiği	Method		
			GLM	GAM	MaxEnt
<i>Parapholidoptera</i>	<i>antaliae</i> (5)	AUC	0.90	0.69	0.99
		TSS	0.84	0.37	0.98
	<i>bolkarensis</i> (5)	AUC	1.00	0.90	0.98
		TSS	1.00	0.80	0.98

(Devamı arkada)

Çizelge 4.111.'in devamı

Cinsler	Türler (varlık verisi sayısı)	Test istatistiği	Method		
			GLM	GAM	MaxEnt
	<i>castaneoviridis</i> (14)	AUC	0.87	0.77	0.90
		TSS	0.76	0.55	0.76
	<i>flexuosa</i> (3)	AUC	0.94	0.75	0.90
		TSS	0.94	0.50	0.90
	<i>georgiae</i> (3)	AUC	1.00	1.00	0.97
		TSS	1.00	1.00	0.96
	<i>grandis</i> (4)	AUC	0.99	0.87	0.98
		TSS	0.99	0.75	0.98
	<i>indistincta</i> (10)	AUC	0.99	0.81	0.97
		TSS	0.97	0.62	0.94
	<i>salmani</i> (7)	AUC	0.96	0.82	0.94
		TSS	0.95	0.64	0.92
	<i>signata</i> (26)	AUC	0.84	0.87	0.90
		TSS	0.64	0.68	0.76
	<i>spinulosa</i> (6)	AUC	0.95	0.85	0.94
	Adana- K.maraş	TSS	0.92	0.72	0.90
	cf. <i>spinulosa</i> (26)	AUC	0.97	0.98	0.98
	kastamonu	TSS	0.91	0.91	0.93
	cf. <i>spinulosa</i> (7)	AUC	0.96	0.84	0.99
	Ordu	TSS	0.92	0.68	0.99

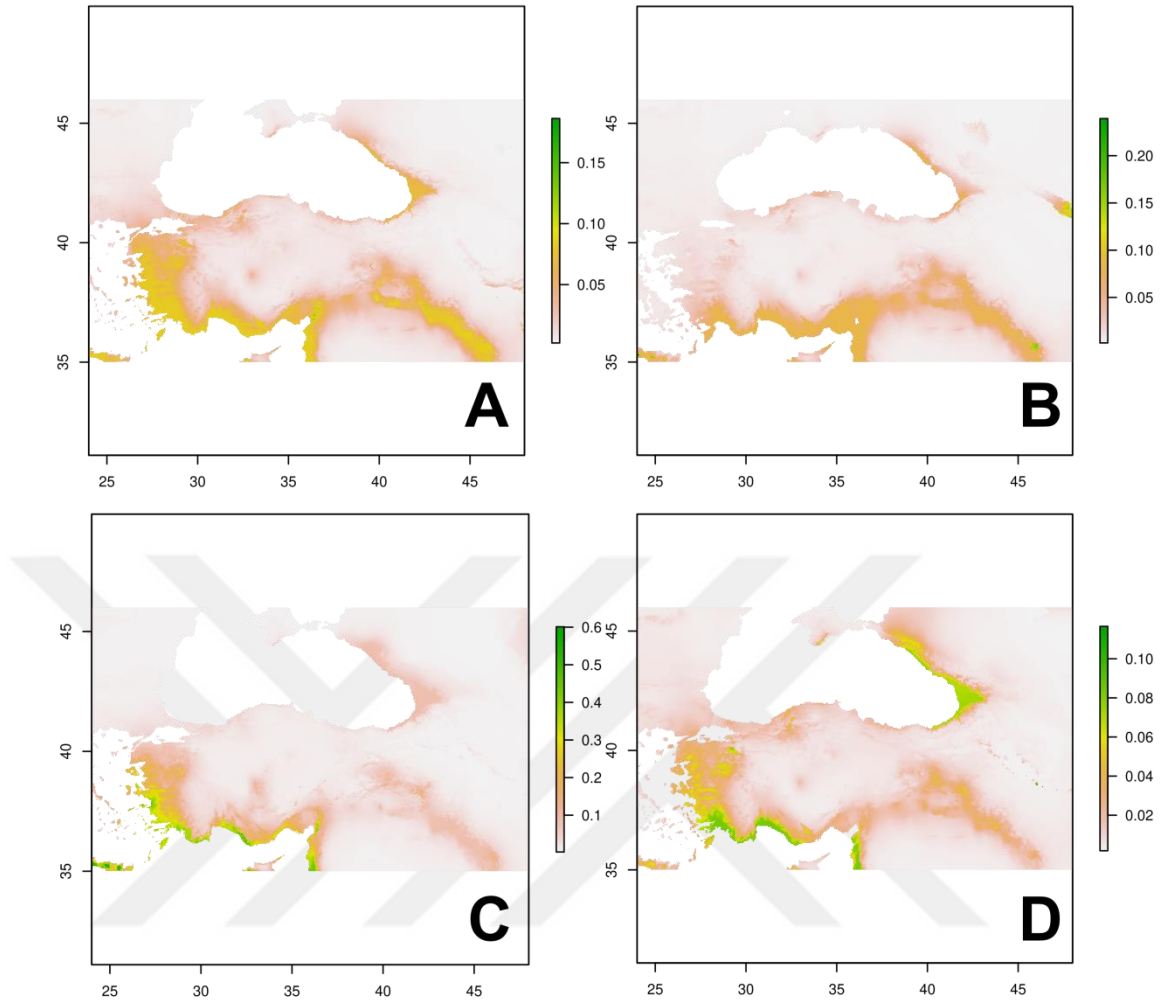
Çizelge 4.121.'in devamı

Cinsler	Türler (varlık verisi sayısı)	Test istatistiği	Method		
			GLM	GAM	MaxEnt
<i>Apurapholidoptera</i>	<i>kosswigi</i> (4)	AUC	0.86	0.61	0.97
		TSS	0.77	0.23	0.96
	<i>karabagi</i> (4)	AUC	0.95	0.69	0.97
		TSS	0.95	0.39	0.97
	<i>distincta</i> (10)	AUC	0.72	0.73	0.92
		TSS	0.62	0.47	0.88

4.3.2.1. Parapholidoptera cinsi

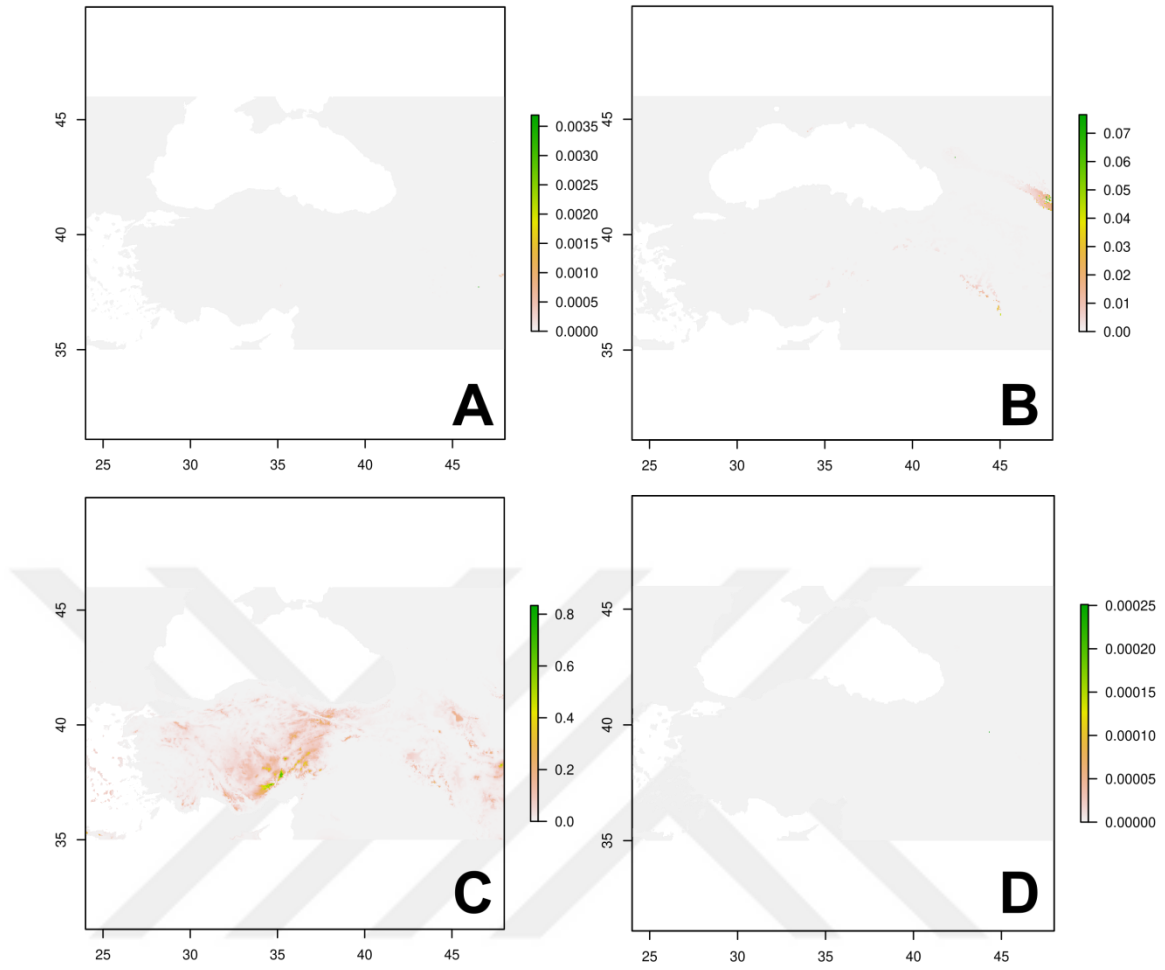
Cinsin filogenetik analizlere dahil edilen 10 nominal türünün son buzullararası, son buzul, 1970-2000 yılları ve 2070 yıllarına ait iklim verileri kullanılarak ekolojik niş modellemeleri yapılmıştır. *P. spinulosa* türünün parafiletik Kastamonu, Adana ve Kahramanmaraş ile Ordu soy hatları her bir iklimsel dönem için ayrı ayrı modellenmiştir.

Düşük rakımda yayılış gösteren *P. antaliae* fenotipik türü için son buzullararası dönemde özellikle Ege, Akdeniz, Levant ve kuzey doğu Karadeniz kıyıları ile Zagros hattı boyunca elverişli iklimsel nişlere sahip olduğu model tarafından önerilmiştir (Şekil 4.17-A). Son buzul döneminde ise Ege kıyıları hariç aynı alanlarda daha düşük olasılıklı bir tahmin elde edilmiştir (Şekil 4.17-B). 1970-2000 yıllarına ait iklim verileriyle yapılan modellemeye göre ise yoğun olarak orta ve güney Ege, batı ve orta Akdeniz ile Levant düşük rakım hattında en elverişli iklimsel nişler olarak önerilmiştir (Şekil 4.17-C). 2070 yılı için modellemelerde ise güney Ege, Batı ve Orta Akdeniz, Levant ile kuzey doğu Kafkaslarda yüksek olasılıklı iklimsel nişler modellenmiştir (Şekil 4.17-D).



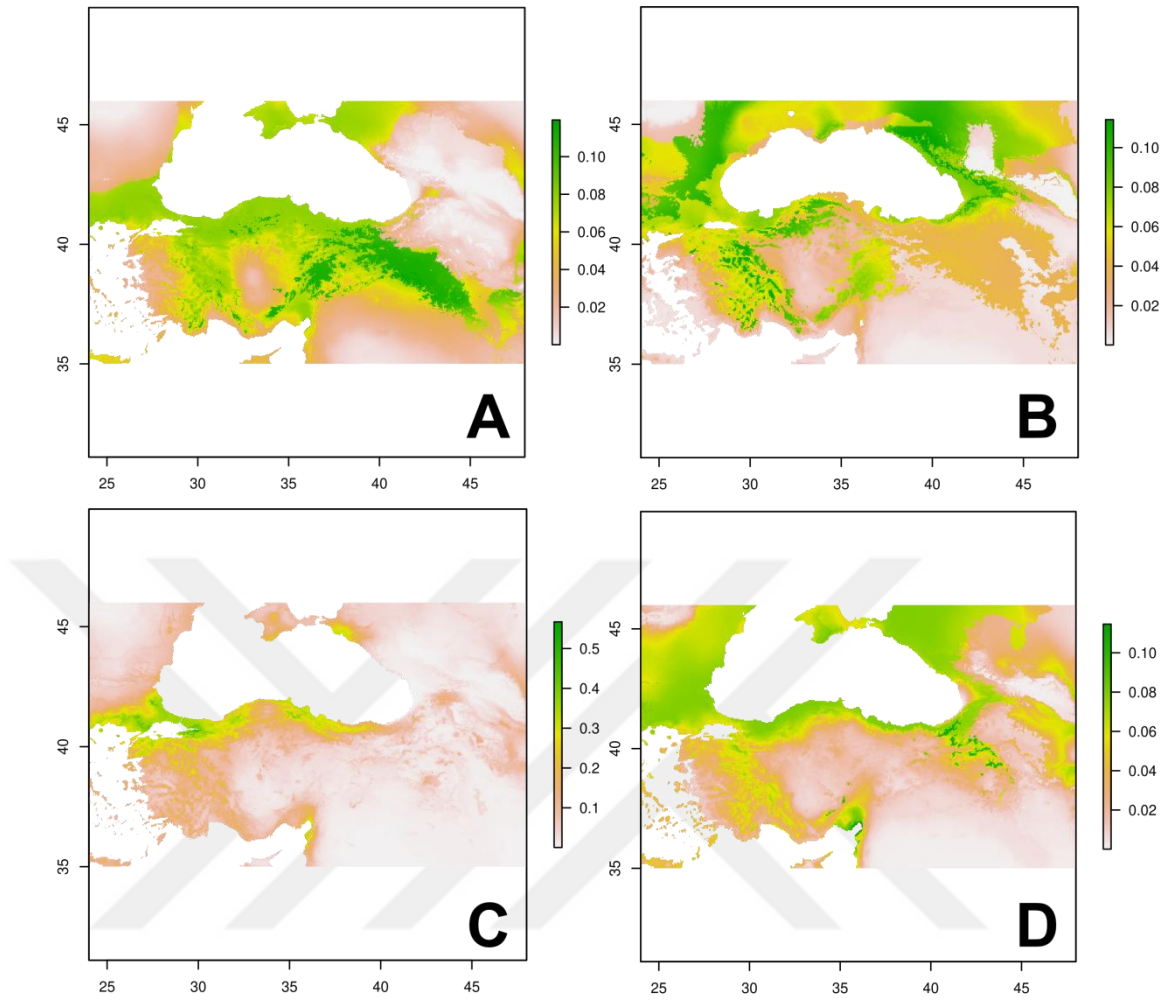
Şekil 4.17. *P. antaliae* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönemi C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

Bolkar Dağları'nda lokal endemik yayılım gösteren *P. bolkarensis* fenotipik türünün ekolojik modellemeleri sonucunda son buzullararası, son buzul ve gelecek projeksiyonlarında uygun iklimsel niş tahminleri yapılamamıştır (Şekil 4.18-A, B ve D). 1970-2000 yıllarının iklim verisiyle yapılan modeller ise Anadolu Diyagonalı boyunca ve ilişkili yükselti hatlarında orta-düşük olasılıklı elverişli iklimsel nişler olduğunu göstermiştir (Şekil 4.18-C).



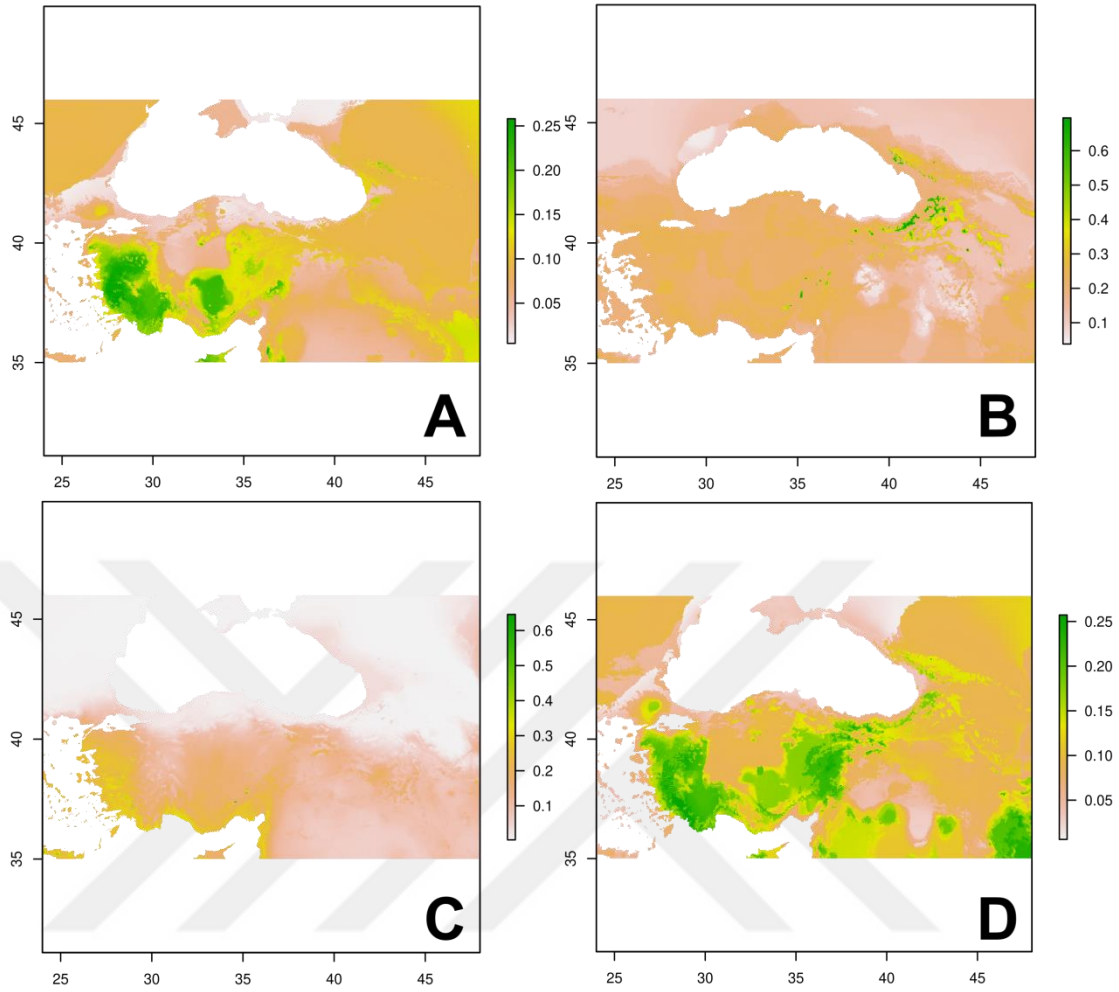
Şekil 4.18. *P. bolkarensis* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönemi C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. castaneoviridis nominal türü filogenetik analizlerde iki genetik tür önerilmesine karşın, bu aday türleri ayrı ayrı değerlendirmek için yeterli varlık verisi bulunmadığından tek tür olarak ekolojik niş modellemesi yapılmıştır. Modelleme sonuçlarına göre son buzullararası dönemde Anadolu’da tüm yükselti hatlarını kapsayan geniş bir alan elverişli iklimsel niş olarak önerilmiştir (Şekil 4.19-A). Son buzul döneminde ise Anadolu içerisindeki zirvelerde lokal nişler ile Karadeniz havzasına doğru kuzey yönde artan ekolojik nişler modellenmiştir (Şekil 4.19-B). Günümüz için ise Trakya, Marmara ve doğu Karadeniz hattında dar iklimsel nişler olduğu ortaya konmuştur (Şekil 4.19-C). 2070 yılı projeksiyonuna göre ise tekrar Karadeniz havzasına doğru kuzey yönlü bir genişleme ile Anadolu içerisindeki zirvelerde parçalı yayılışlar için uygun iklimsel nişler modellenmiştir (Şekil 4.19-D).



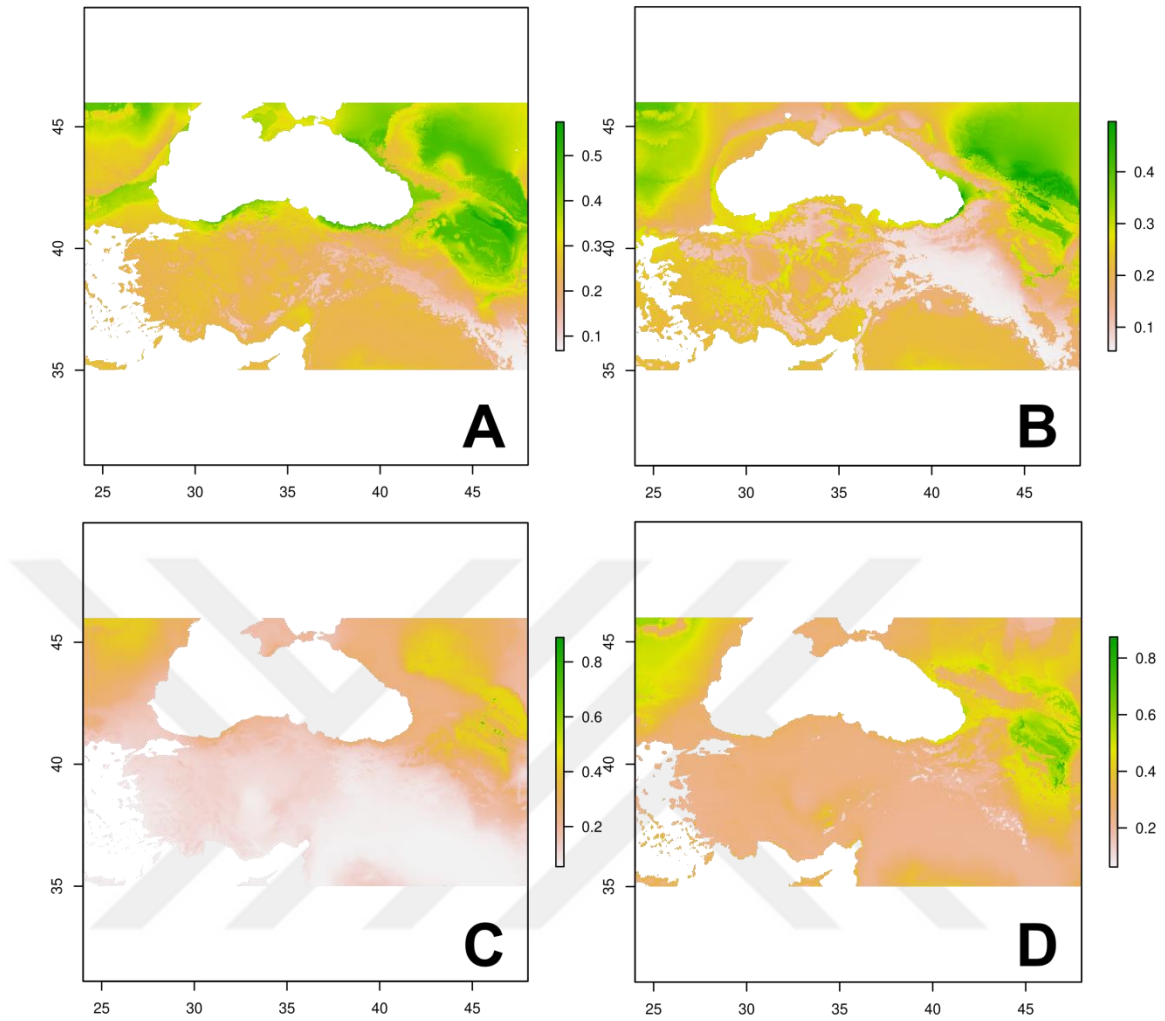
Şekil 4.19. *P. castaneoviridis* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. flexuosa fenotipik türünün son buzullararası dönemdeki yayılışı Ege, batı Akdeniz ile orta ve güney Anadolu kesimlerinde elverişli iklimsel nişler olduğu modellenmiştir (Şekil 4.20-A). Son buzul dönemde ise diyagonal hattı ile kuzey doğu Anadolu ve Kafkas Dağları’da parçalı nişler öne sürülmüştür (Şekil 4.20-B). Günümüz için yapılan modellemerde ise Ege’deki kesikli alanlar haricinde elverişli bir iklimsel niş bulunamamıştır (Şekil 4.20-C). 2070 projeksiyonları ise son buzullararası dönem ile benzer alanlarda kuzey yönlü ve güneyde yüksek rakıma doğru genişleyen nişler bulunduğunu göstermiştir (Şekil 4.20-D).



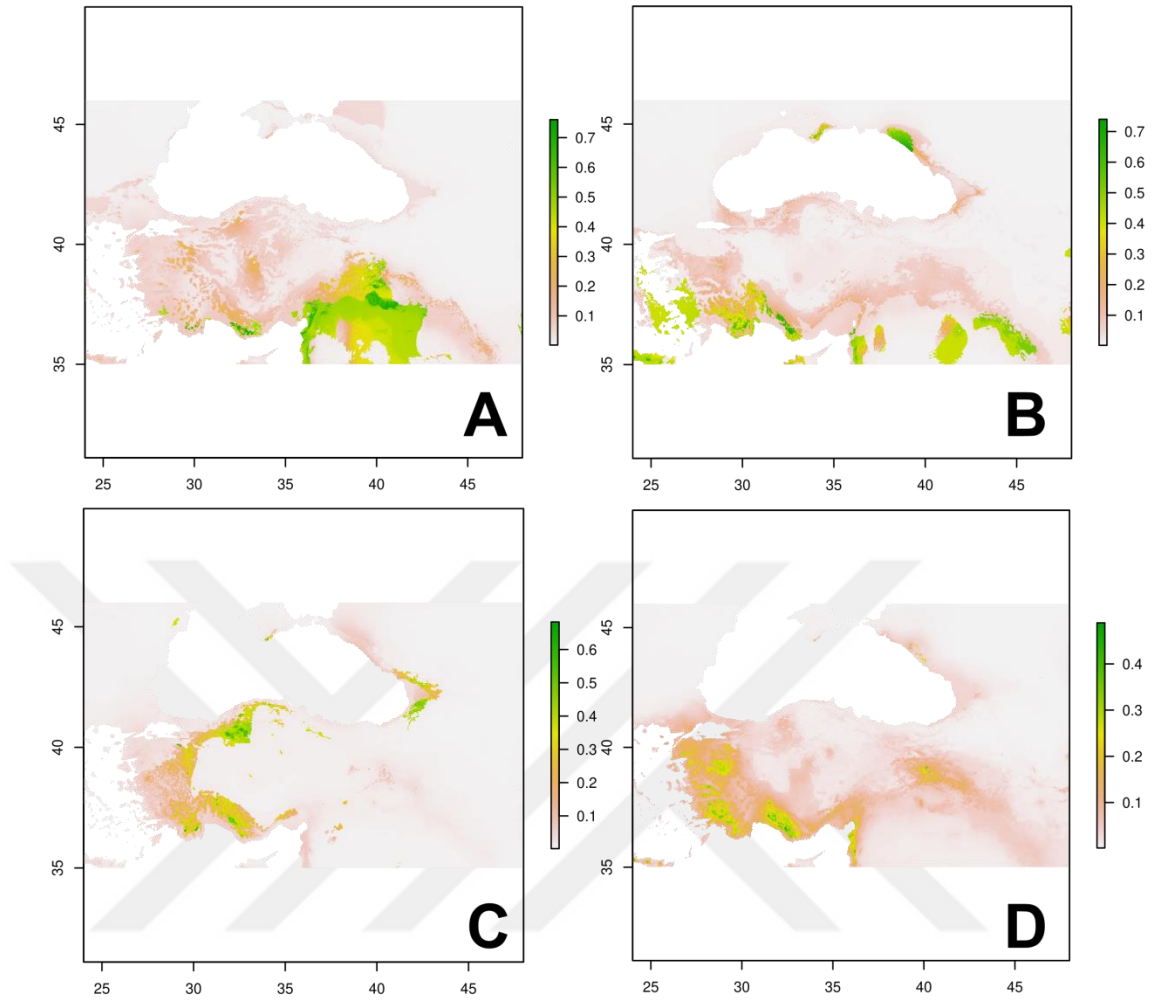
Şekil 4.20. *P. flexuosa* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

Kafkaslarda yayılış gösterdiği bilinen *P. georgiae* fenotipik türünün son buzullararası dönemde Karadeniz Dağları'nda, Balkanlarda ve Kafkaslarda geniş bir iklimsel nişe sahip olduğu modellemeler sonucu ortaya konmuştur (Şekil 4.21-A). Son buzul dönemde ise yalnızca Balkanlarda ve Kafkaslarda yüksek olasılıklı iklimsel nişler modellenmiştir (Şekil 4.21-B). Günümüzde ise Kafkas Dağları'nda dar bir alan elverişli iklimsel niş olarak tahmin edilmiştir (Şekil 4.21-C). Gelecek tahminleri ise tür için son buzullararası ve son buzul döneminde de önerilen Kafkaslardaki ve kısmen Balkanlardaki nişlerin elverişli olacağı yönündedir (Şekil 4.21-D).



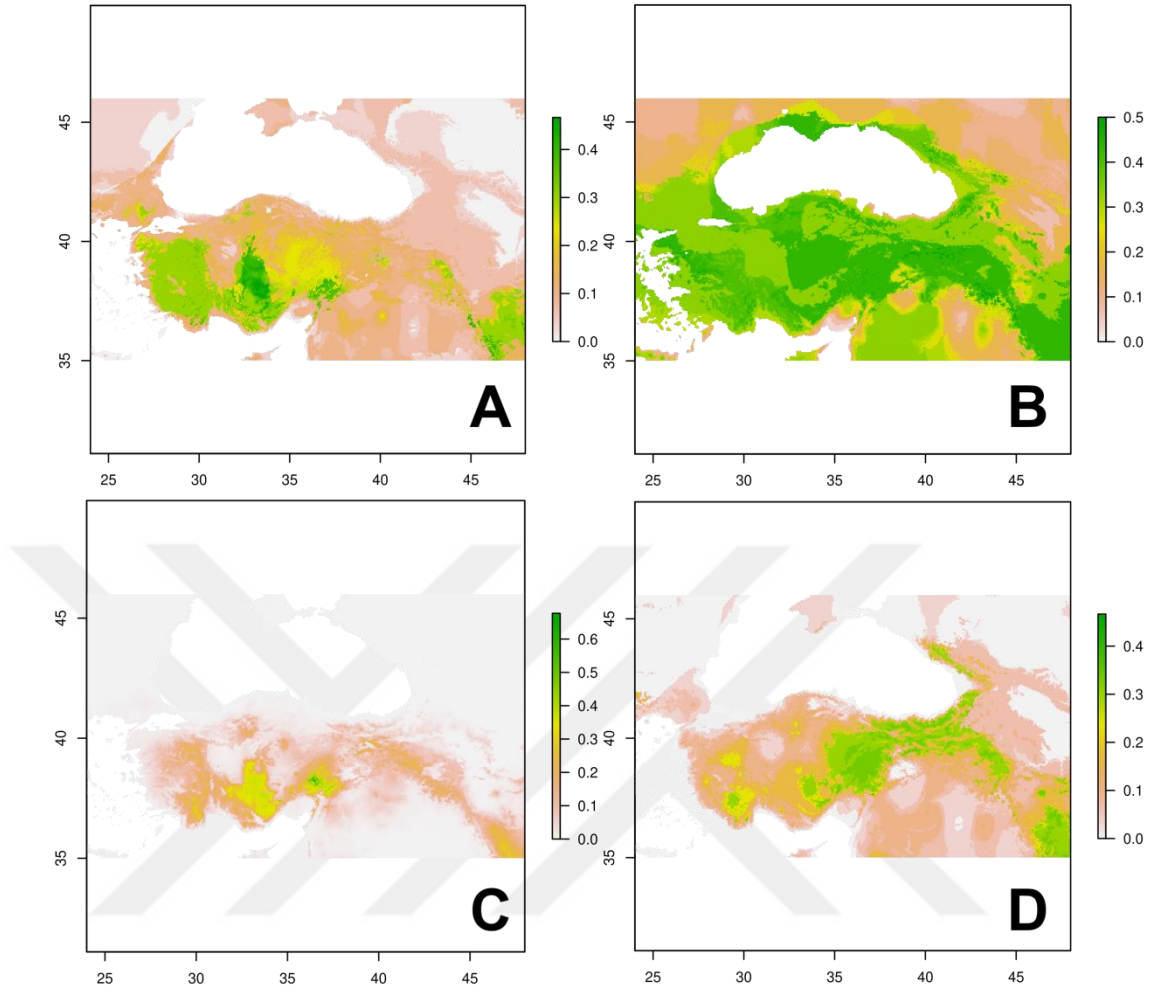
Şekil 4.21. *P. georgiae* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

Yüksek rakımda lokal endemik olarak yayılış gösteren *P. grandis* fenotipik türünün son buzullararası dönemde Anadolu Diyagonali'nin güneyinden Levant ve Zagroslara doğru geniş bir alanda uygun iklimsel nişlere sahip olduğu bulunmuştur (Şekil 4.22-A). Bunlara ek olarak Toroslarda parçalı olarak uygun nişler modellenmiştir. Soz buzul dönem için yapılan modellemelerde ise Levant ve Zagros bölgesinde bir önceki döneme göre daralma olduğu bulunmuştur (Şekil 4.22-B). Buna karşın Akdeniz ve Ege'de uygun iklimsel nişlerin genişlediği modellenmiştir. Ayrıca Karadeniz havzasında Kafkas Dağları'nda da uygun nişler olduğu ortaya konmuştur. 1970-2000 yılları için yapılan analizlerde ise batı Akdeniz, Ege, batı Karadeniz ve kuzeydoğu Karadeniz için yüksek olasılıklı parçalı nişler önerilmiştir (Şekil 4.22-C). 2070 yıllı projeksiyonu ile ise doğu Akdeniz, Ege ve Marmara'da parçalı nişler modellenmiştir (Şekil 4.22-D).



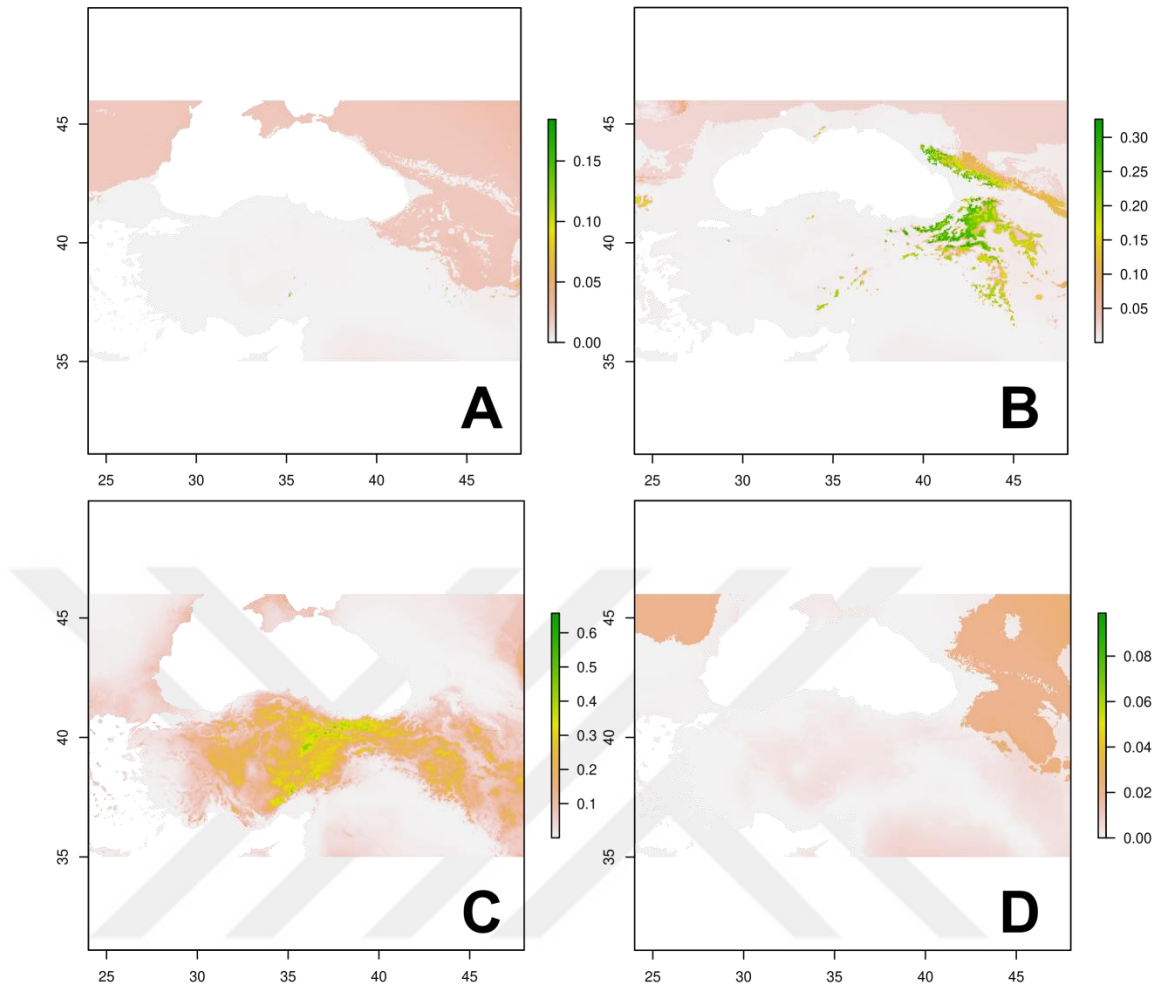
Şekil 4.22. *P. grandis* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönemi C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. indistincta için yapılan ekolojik niş modellemesi analizleri son buzullararası dönemde yoğun olarak Ege, orta Anadolu, Toroslar ve Anti Toroslarda elverişli iklimsel nişler önermiştir (Şekil 4.23-A). Son buzul döneminde ise tüm Anadolu ve komşu yükselti hatlarını bir bütün olarak yüksek olasılıklı nişler olarak ortaya konmuştur (Şekil 4.23-B). 1970-2000 yıllarına göre yapılan modelde ise güneydoğu Toroslar ile orta Toroslarda elverişli iklimsel nişler olduğu bulunmuştur (Şekil 4.23-C). 2070 yılı için yapılan projeksiyonda ise Toroslarda parçalı olarak, diyagonal boyunca kuzeyde ve Kafkaslarda yayılım için elverişli nişler bulunacağı tahminlenmiştir (Şekil 4.23-D).



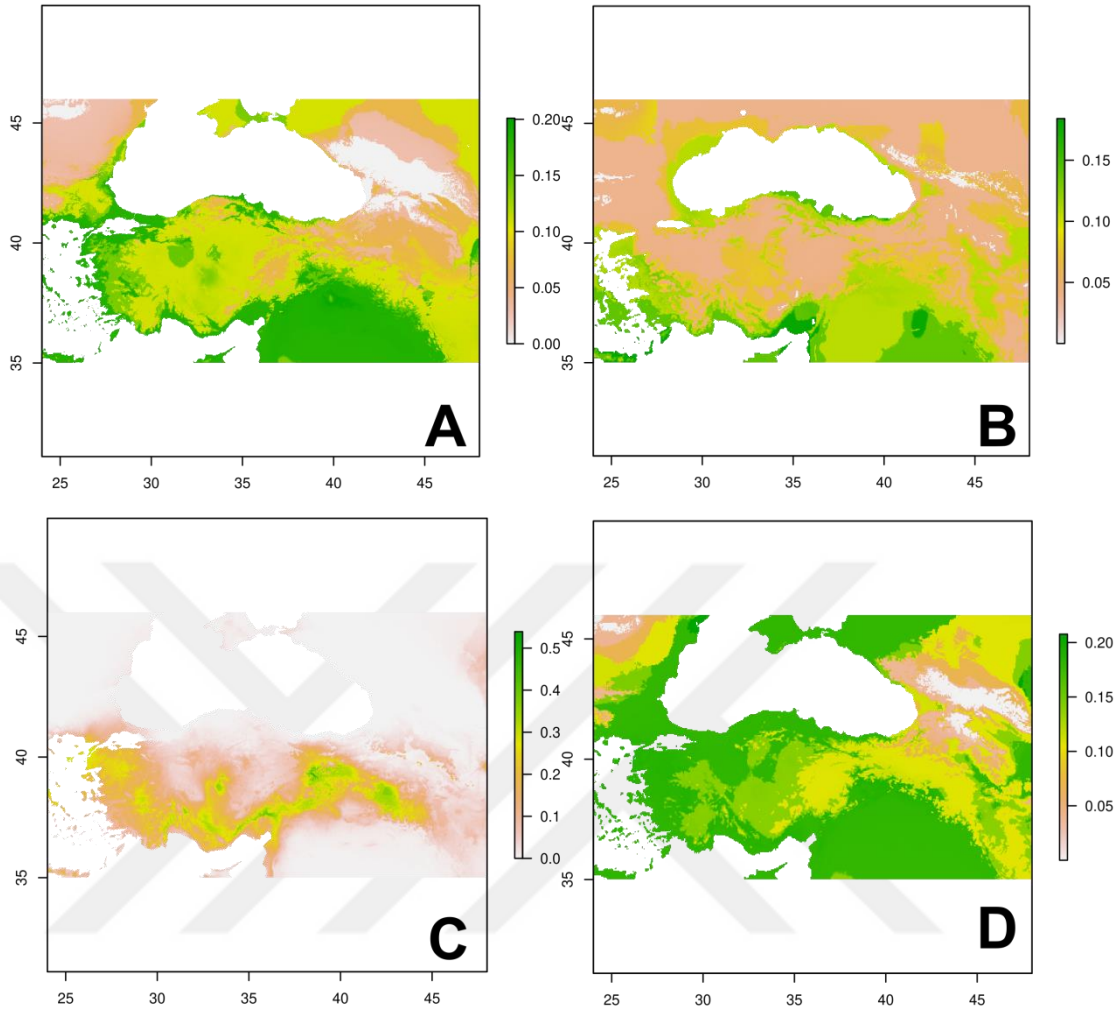
Şekil 4.23. *P. indistincta* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. salmani fenotipik türü için son buzullararası dönem modelleri uygun iklim nişleri tahminlemekte yetersiz kalmıştır (Şekil 4.24-A). Son buzul dönemde Kafkas Dağları ve kuzey doğu Anadolu'daki yükselti hattında uygun iklimsel nişler olduğu modellenmiştir (Şekil 4.24-B). 1970-2000 yılları için yapılan analizlerde Anadolu Diyagonalı ve doğu Karadeniz'de uygun parçalı nişler bulunduğu ortaya konmuştur (Şekil 4.24-C). 2070 projeksiyonla baktığımızda ise soz buzullararası dönemdekine benzer şekilde uygun iklimsel nişler tahminlenememiştir (Şekil 4.24-D).



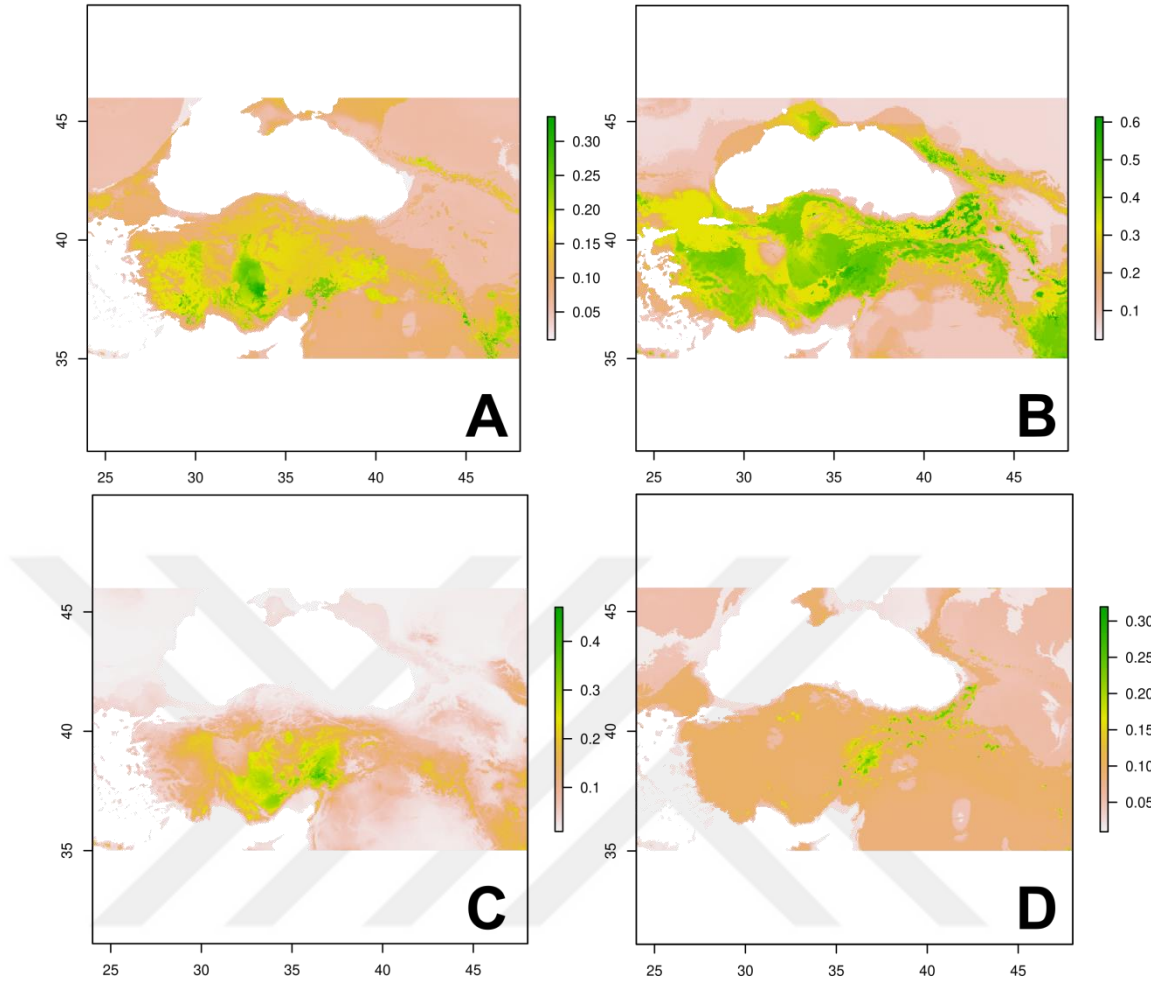
Şekil 4.24. *P. salmani* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. signata türünün son buzullararası döneme ait modellemesi Anadolu genelini yüksek olasılıklı niş olarak göstermiştir (Şekil 4.25-A). Son buzul dönemdeki iklimsel elverişli nişler olarak özellikle doğu Karadeniz, Ege ve Akdeniz kıyısındaki yükseltilerde ve Zagros Dağları yüksek olasılıklı olarak modellenmiştir (Şekil 4.25-B). Günümüzdeki elverişli iklimsel nişlerin ise daralarak parçalı bir şekilde Ege yükseltileri ile Toroslardan Anadolu Diyagonalı boyunca kuzeye ve Zagroslara devam eden yükselti hattında olabileceği tahminlenmiştir (Şekil 4.25-C). 2070 yılı iklim verileri kullanılarak yapılan modellemeye ise sıcak dönem olan son buzullararası ile benzer şekilde Anadolu ve komşu coğrafyaları kapsayan geniş bir alanda yüksek olasılıklı uygun iklimsel nişler olacağı tahminlenmiştir (Şekil 4.25-D).



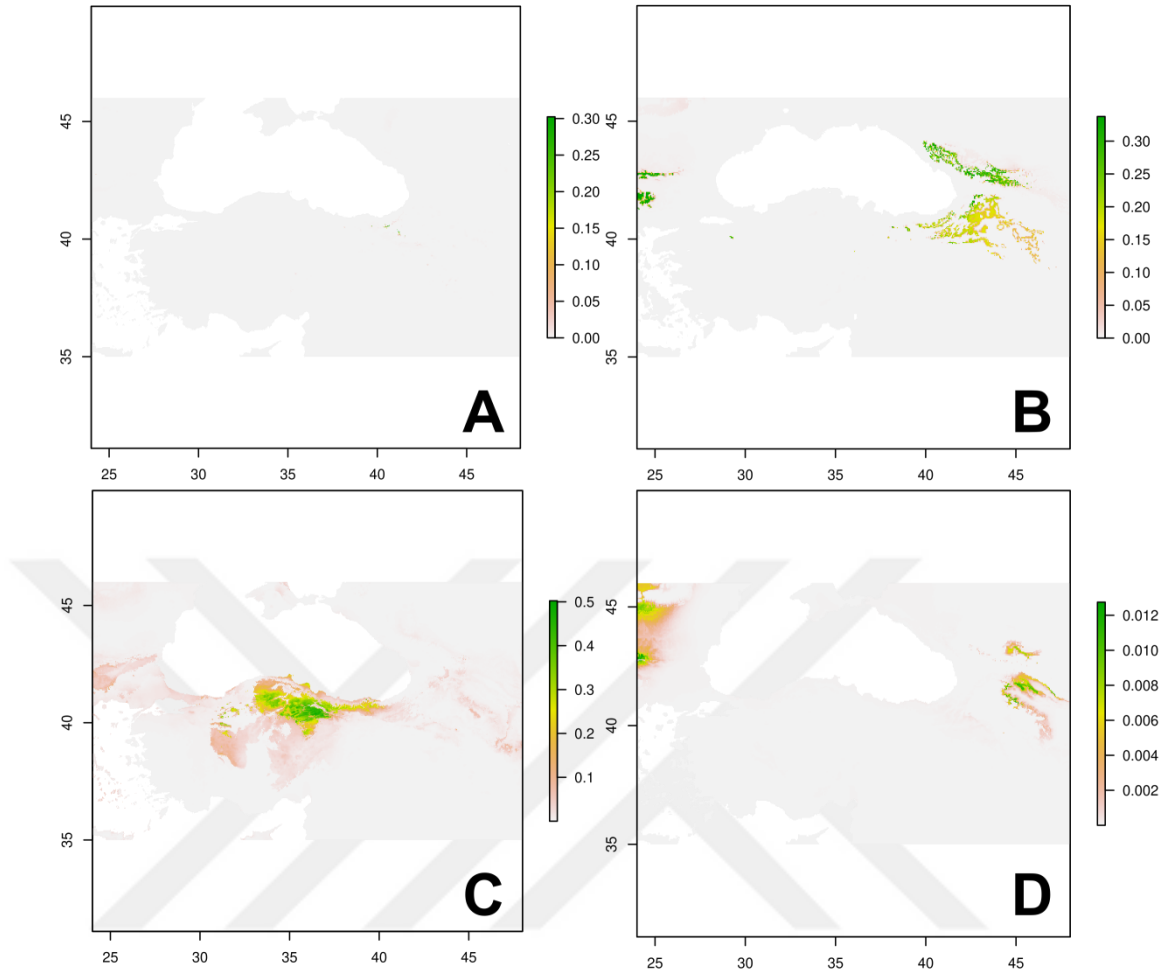
Şekil 4.25. *P. signata* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları(x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. cf. spinulosa Adana + Kahramanmaraş genetik türünün son buzullararası döneme ait modellemesi Anadolu da geniş bir alanı uygun iklimsel niş olarak ortaya koyarken Orta ve Güneydoğu Toroslar ile Anadolu Diyagonalini yüksek olasılıklı olarak önermiştir (Şekil 4.26-A). Bununla birlikte komşu coğrafyalarda Zagros ve Kafkas dağlarında da elverişli alanlar hesaplanmıştır. Son buzul dönem için yapılan hesaplamalarda ise Anadolu'daki tüm yükselti hatları, Kafkas dağları, Zagroslar ve Kırım'da uygun iklimsel nişler önerilmiştir (Şekil 4.26-B). Güncel iklim verilerinin modelleme sonuçları ile son buzullararası için elde edilen bulgulara benzer şekilde ancak Doğu Toroslar ve Anadolu Diyagonalı güney yarısında daha yüksek olasılıklı nişler bulunduğu işaret etmektedir (Şekil 4.26-C). 2070 yılı tahminleri Anadolu Diyagonalı boyunca ve Kuzey Doğu Karadeniz'de olası parçalı nişler önermiştir (Şekil 4.26-D).



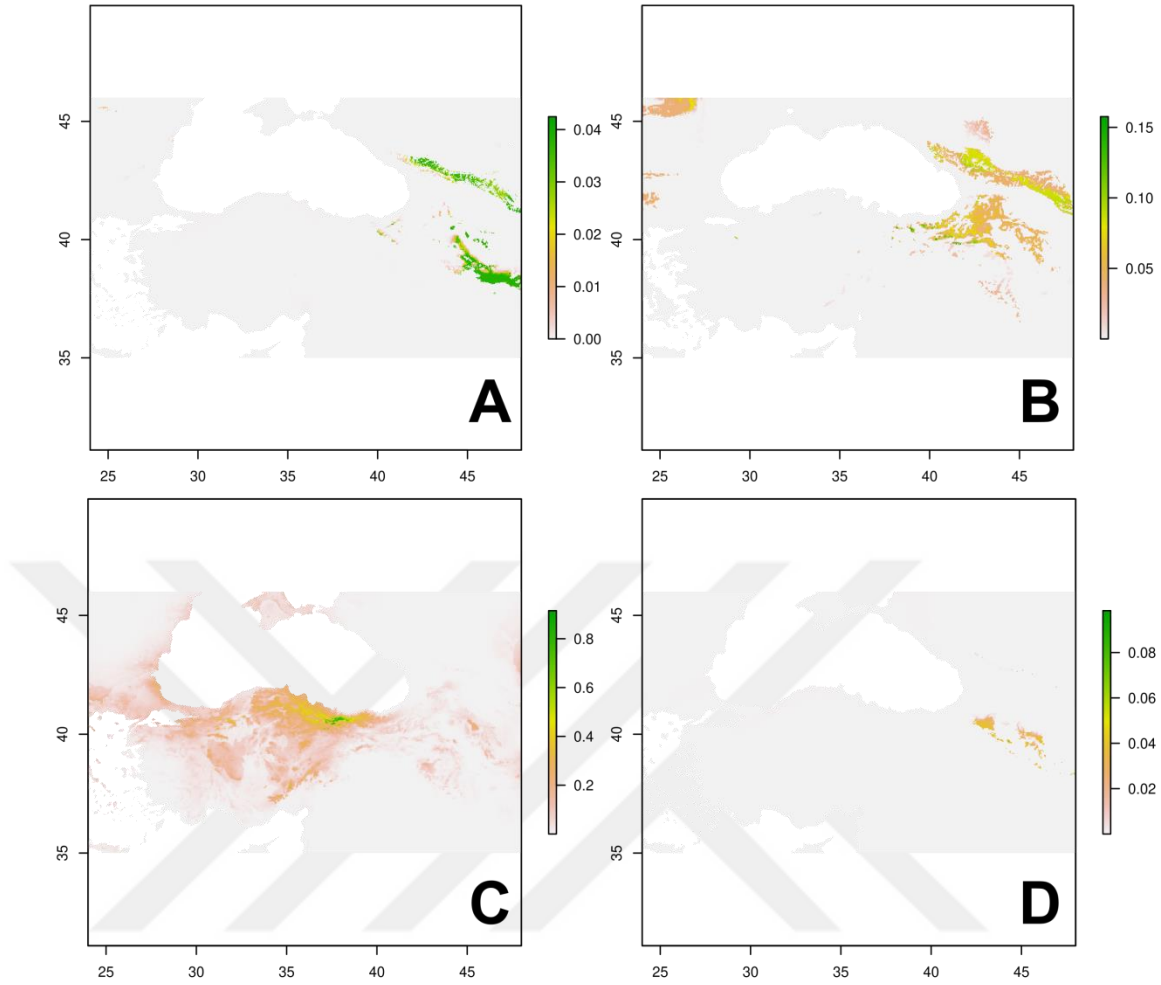
Şekil 4.26. *P. cf. spinulosa* Adana + Kahramanmaraş genetik türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönemi C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. cf. spinulosa-Kastamonu genetik türünün son buzullararası döneme ait modellemesi Kuzeydoğu Karadeniz’de dar bir alanı uygun iklimsel niş olarak önermiştir (Şekil 4.27-A). Son buzul döneminde ise genişleyen uygun nişler Kuzeydoğu Karadeniz, Anadolu Diyagonalı’nın kuzey hattı ile Kafkas dağlarına kadar uzanmaktadır (Şekil 4.27-B). Kuzeydeki bu alanlara ek olarak, Balkanlardaki yükseltilerde de olası nişler modellenmiştir. Günümüz için yapılan tahminler ile Orta ve Doğu Karadeniz yükselti hatlarında yüksek olasılıklı nişler bulunduğu hesaplanmıştır (Şekil 4.27-C). 2070 yılı için ise tekrar kuzeyde Kafkaslarda ve Balkanlarda parçalı nişler modellenmiştir (Şekil 4.27-D).



Şekil 4.27. *P. cf. spinulosa* Kastamonu genetik türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönemi C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

P. cf. spinulosa Ordu genetik türü için Anadolu Diagonalı'nın kuzeyi, Kafkas dağlarının kuzeyinde ve güneyi son buzullararası dönem modellemesinde yüksek olasılıklı iklimsel nişler olarak bulunmuştur (Şekil 4.28-A). Son buzul döneminde ise bu bölgelere ek olarak Balkanlardaki yükseltilerde olası nişler modellenmiştir (Şekil 4.28-B). Günümüz iklim verilerine göre yapılan hesaplamalarda ise ağırlıklı olarak Kuzeydoğu Karadeniz hattı için yüksek olasılıklı alanlar önerilirken Karadeniz boyunca ve İç Anadolu yükseltilerinde düşük olasılıklı tahminler elde edilmiştir (Şekil 4.28-C). 2070 yılını baz alan gelecek projeksiyonları ise sadece Kafkas dağlarının güney kısmında elverişli nişler olabileceğini ortaya koymuştur (Şekil 4.28-D).

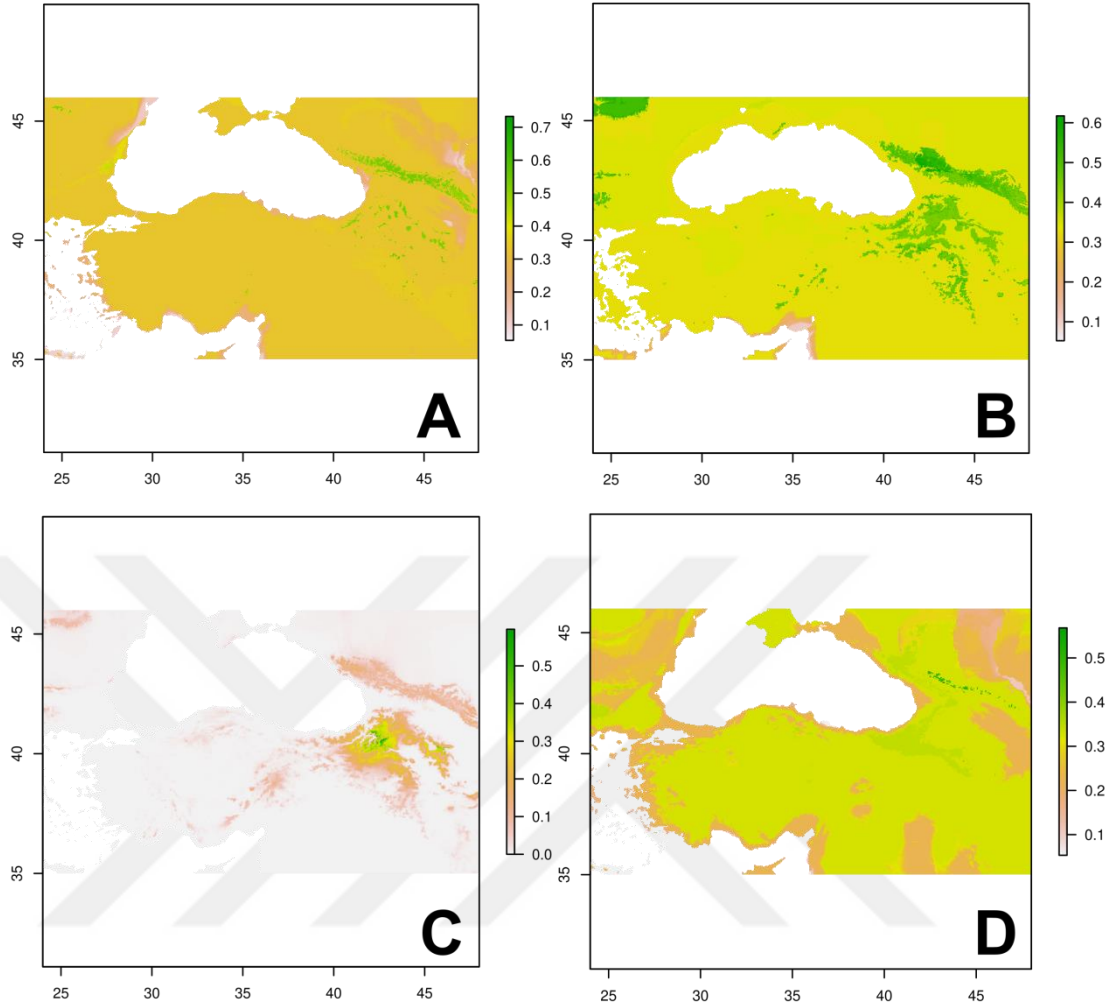


Şekil 4.28. *P. cf. spinulosa*-Ordu genetik türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

4.3.2.2. *Aparapholidoptera* cinsi

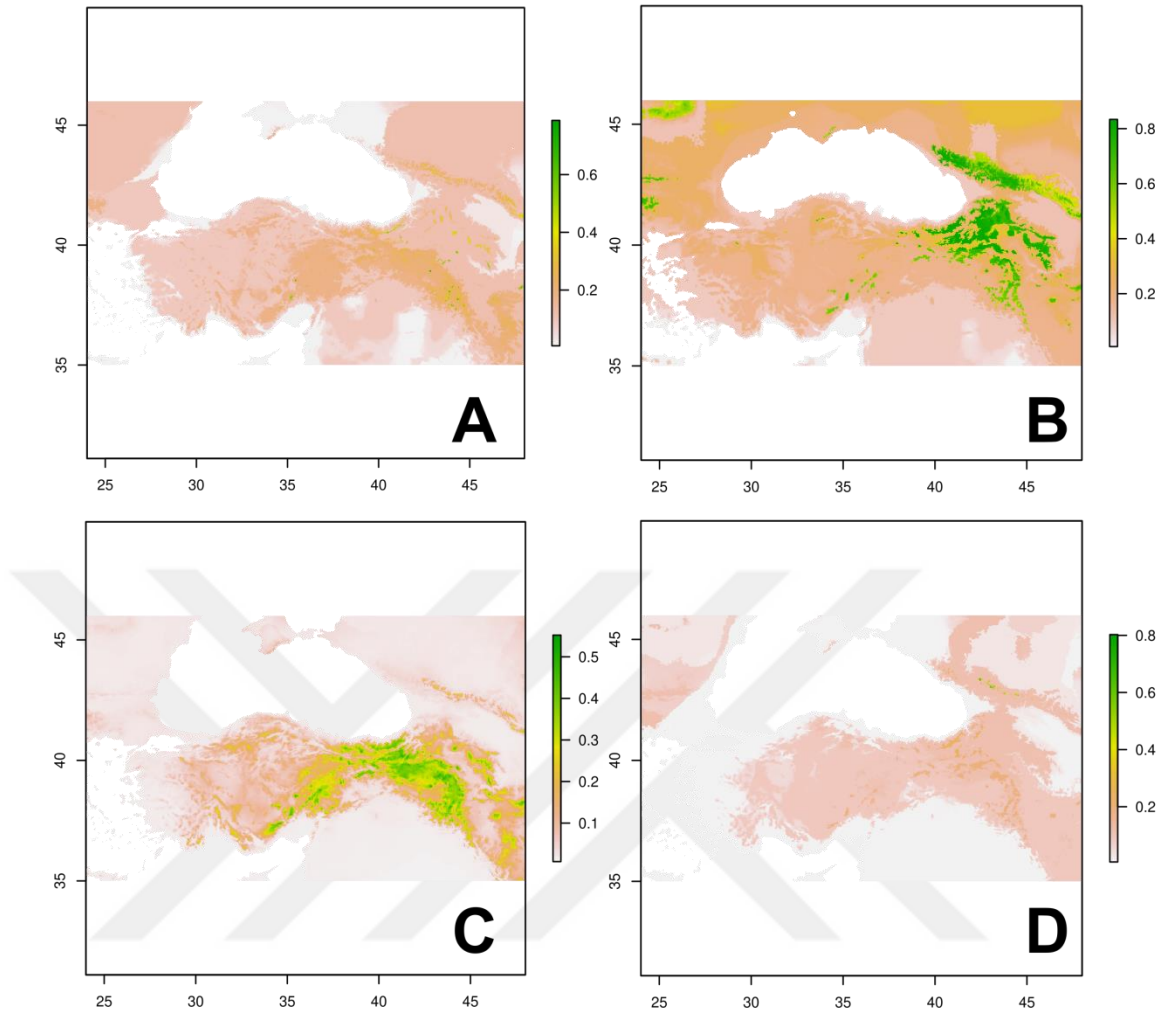
Aparapholidoptera cinsinin moleküler analizlerinde yer alan *A. kosswigi*, *A. karabagi* ve *A. distincta* fenotipik türlerine son buzullararası, son buzul, 1970- 2000 yılları ve 2070 yılı olmak üzere dört ayrı dönem için ekolojik niş modellemesi yapılmıştır (Şekil 4.29 , 4.30 ve 4.31).

A. kosswigi türünün modellemelerine baktığımızda ise son buzullararası, son buzul ve gelecek projeksiyonlarında modellenen tüm alan yüksek olasılıklı iklimsel niş olarak önerilmiştir (Şekil 4.29-A, B ve D). Günümüzde ise Anadolu Diyoganalı'nın kuzeydoğusunda yoğunlaşan, diyagonal boyunca Anti Toroslara doğru ve Kafkaslarda daha az elverişli iklimsel nişler olduğu ortaya konmuştur (Şekil 4.29- C).



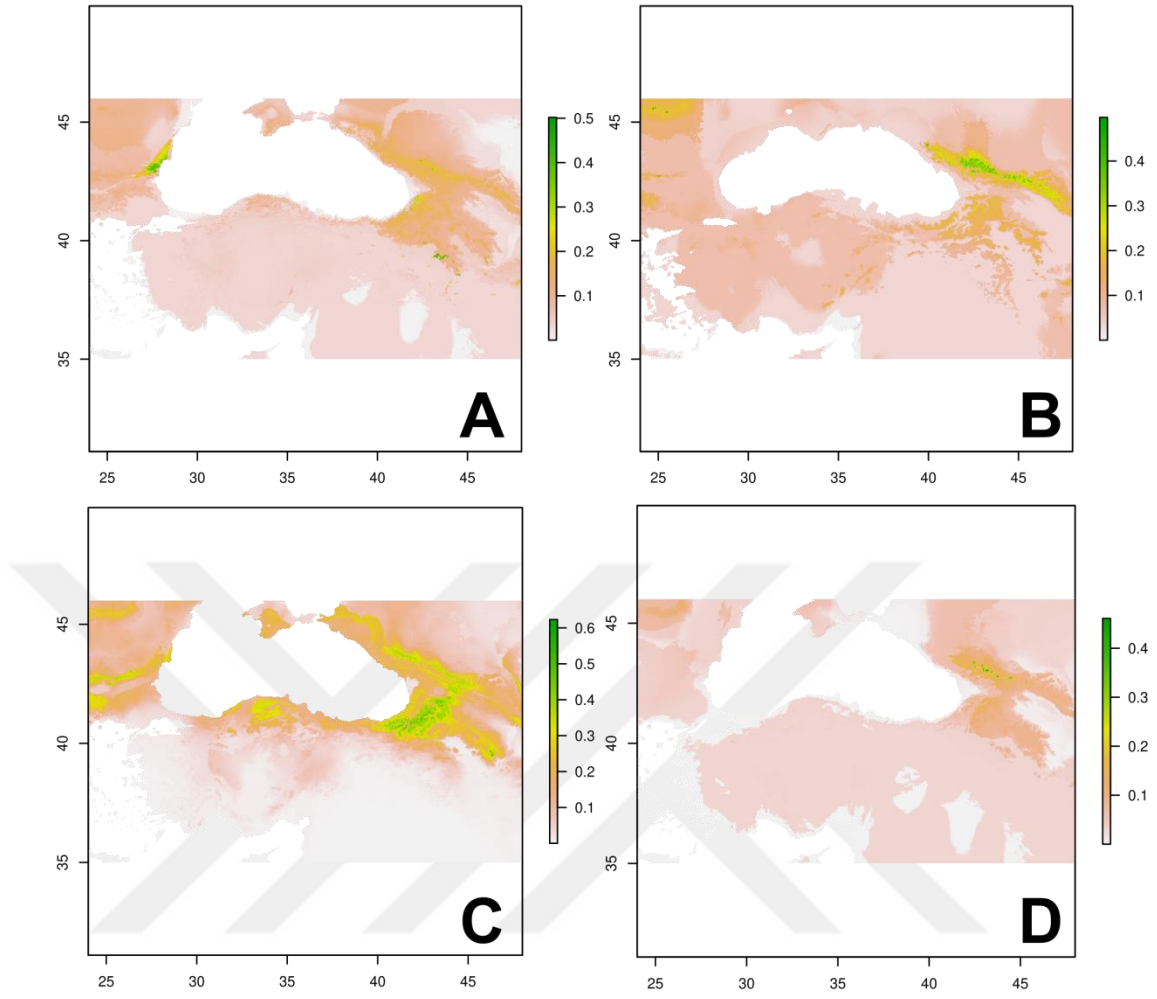
Şekil 4.29. *A. kosswigi* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönemi C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

A. karabagi türünün modellemeleri son buzullararası dönem için Kafkas Dağları, Anadolu Diyagonalı, Toroslar ve Zagroslarda zayıf olasılıklı iklimsel nişler modelleyebilmiştir (Şekil 4.30-A). Soz buzul döneminde ise benzer alanlara ek olarak daha yüksek olasılıklı modeller elde edilmiş ve Kafkaslar, Anadolu Diyagonalı'nın kuzeyi ile Zagros'larda yoğunlaşmıştır (Şekil 4.30-B). Bunlara ek olarak, Karadeniz ve Balkan dağlarında parçalı nişler bulunmuştur. Günümüzde ise Kafkaslarda daralma, Anadolu Diyagonalı'nda yoğunlaşma ve Zagroslara doğru genişleme bulunmuştur. (Şekil 4.30-C). Gelecek projeksiyonlarında ise daralarak Kafkas dağlarında elverişli nişlerin yüksek olasılıkla bulunacağı modellenirken, yükselti hattındaki diğer alanlar nişler ise düşük olasılıklı olarak modellenmiştir (Şekil 4.30-D).



Şekil 4.30. A. karabagi türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönemi C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

A. distincta türünün modellemeleri son buzullararası dönemde Balkanlarda, Anadolu Diyagonali'nin kuzey bölümündeki yükseltilerde ve Kafkas dağlarında parçalı şekilde uygun iklimsel nişler bulunduğu ortaya konmuştur (Şekil 4.31-A). Soz buzul döneminde ise bu alanlara ek olarak yayılışın genişleyerek Anadolu Diyagonali boyunca ve Toroslardaki zirvelerde de elverişli nişlerin bulunduğu saptanmıştır (Şekil 4.31-B). Günümüzde yoğunlukla Orta Karadeniz, Anadolu Diyagonali'nin Kuzey doğu bölümünde ve Kafkas dağlarına doğru devam eden yükselti hattında yoğunlukla uygun iklimsel nişler olduğu bulunmuştur (Şekil 4.31-C). Bununla birlikte Balkan dağlarında da günümüz iklim modellerine göre uygun nişler saptanmıştır. Gelecek projeksiyonlarında ise daralarak Kafkas dağlarındaki yükseltilerde elverişli nişlerin bulunacağı modellenmiştir (Şekil 4.31-D).



Şekil 4.31. *A. distincta* türünün A) Son buzullararası dönem B) Son buzul dönem C) 1970-2000 yılları ve D) 2070 yılı iklim verilerine göre ekolojik niş modellemesi dağılımları (x ve y eksenleri koordinatları, her görselin sağında yer alan renk skalası ise iklimsel nişleri en yüksek olasılıklı olan yeşilden en düşük olan beyaza doğru göstermektedir.)

5. TARTIŞMA

Tez kapsamında Toros Yolu (Çıplak 2008) olarak tanımlanan biyocoğrafik öznenin türleşmedeki rolünü test etmek amaçlanmıştır. Bu amaçla seçilen model grup *Parapholidoptera* + *Aparapholidoptera* (tez öncesinde tek cins olarak kabul edilmekteydi) esas olarak Toros Yolu boyunca bir yayılışa sahip olsalar da, yayılışları az sayıda türle Levant coğrafyasına taşmaktadır. Ancak, çalışmaya dahil edilmeyen az sayıda tür olmasına karşın çalışmaya dahil edilen türler coğrafi temsiliyeti sağlayacak niteliktedir.

Yayılış alanı Anadolu buzul sığınağı olan *P. belen*, *P. yarpuzi*, *P. syriaca* ve *P. yoruka* hariç tüm türler örneklenmiştir. Bu türlerden *P. belen* Karadeniz *P. spinulosa*-Kastamonu ile, *P. yarpuzi* ve *P. syriaca* türleri ise *P. signata* alttür grubu ile ve *P. yoruka* ise *P. bolkarensis* türleri ile fenotipik olarak benzerdir (Çıplak 2000; Ünal 2006, 2018). *P. yoruka* türünün sadece müze materyalinden bilindiğini (Çıplak 2000) ve taze materyalinin edinilemediğini de not etmek gerekir. Toros Yolu ile bağlantılı Levant bölgesi yükseltilerinde yayılış gösteren ve çalışmaya dahil edilmemiş *P. noxia* ve *P. punctifrons* türleri ise fenetik olarak ayrı türler olmasına karşın cinsin halen en kapsamlı sistematik ve filogenetik çalışması Çıplak (2000)' de *P. signata* ile yakın akraba olarak önerilmiştir. Bu revizyondan sonra eklenen iki tür *P. kalashiani* ve *P. willemsei* Ermenistan ve Suriye'den kaydedilmiş olup yine *P. signata* benzeri özellikler ile tanımlanmıştır (Massa, Buzzetti ve Fontana 2009; Katbeh Bader ve Massa 2001). Tüm bunlar değerlendirildiğinde tez çalışması örneklem kapsamının Toros Yolu varsayımını test etmek ve cinsin atasal yeri ve çeşitlenmesini tartışmak için yeterli olduğu düşünülmektedir.

5.1. Filogenetik hipotezler

Parapholidoptera ve *Aparapholidoptera* cinslerinin filogenisi tez kapsamında maksimum parsimoni, maksimum olasılık ve Bayes filogenetik çıkarımına dayalı üç farklı yöntem ile test edilerek, her üç yaklaşımın ortaklaştığı noktalar esas alınmak suretiyle güvenilir bir filogenetik yapılandırma amaçlanmıştır (Sullivan ve Joyce 2005). Ayrıca, haplotip ağları ile haplotipler arasındaki ilişki irdelenmiş ve ikincil olarak filogenetik ağaçların ortaya koyacağı sonuçların teyit edilmesi amaçlanmıştır.

Mitokondriyal genler olan COI, ND2 ile çekirdek geni ITS tekil matrisleri ile üretilen filogenetik ağaçlar birbirleriyle uyumlu ve yüksek düğüm destek değerlerine sahip iken ITS filogenetik ağaçları cins içerisindeki ilişkiyi çözememiştir (Şekil 4.4). Tettigonidlerde tür seviyesinde gen karışımı ve tamamlanmamış soy hattı nedeniyle ITS sekanslarının filogenetik olarak yeterince bilgi verici olmadığı başka çalışmalarda da rapor edilmiştir (Çıplak vd. 2021, 2015; Kaya ve Çıplak 2016; Ullrich vd. 2010; Uluar ve Çıplak 2020). Bununla birlikte, mitokondriyal genomun i) haploid olması nedeniyle düşük rekombinasyon oranına sahip olması, ii) oksidatif strese bağlı olarak mutasyon oranının yüksek olması, iii) tamir mekanizmalarının olmaması nedeniyle daha fazla mutasyon biriktirmesi ve iv) efektif popülasyon büyüklüğünün nükleer genlerde N_e iken mitokondriyal genlerde yaklaşık $N_e/4$ olması nedeniyle, mitokondriyal genler aynı cins içerisinde yer alan soy hatlarının filogenisini test etmekte daha bilgi verici belirteçler veya barkod gen özelliği taşımaktadır (Hebert vd. 2003). Çalışma kapsamında üretilen

veri setlerinde de mitokondriyal genler nükleer genlere göre soy hatları arasındaki akrabalık ilişkilerini daha iyi (yüksek düğüm destek değerleri) çözmüş durumdadır.

Tez kapsamında üretilen filogenetik ağaçlar bir dizi husus bağlamında değerlendirmelere olanak vermektedir. İlki tez çalışmasının başlangıcında *Parapholidoptera* cinsi *P. castaneoviridis* ve *P. distincta* olmak üzere iki tür grubu içermektedir. Tez sürecinde, Pholidopterini tribusu kapsamlı ve kısmen tez verilerinin kullanıldığı bir çalışmada (Çıplak vd. 2021; 2022) bu iki tür grubunun monofiletik olmadığı ortaya konmuş ve *P. distincta* tür grubu *Aparapholidoptera* cinsi adıyla ayrı bir cins olarak tanımlanmıştır. Bu çalışma ile *Parapholidoptera* cinsi *P. castaneoviridis* grubu ile sınırlı hale gelmiştir. Belirtilen bu husus tez çalışmasının ortaya koyduğu ilk yeni bulgu olarak düşünülmüştür. Filogenetik bulguların ortaya koyduğu diğer bir durum, cinsin fenotipik temelli olarak önerilen filogenisi (Çıplak 2000) ile moleküler verilerle hesaplanan filogeninin uyuşmamasıdır. Moleküler filogenetik ağaçların önerdikleri K1, K2 ve hatta K2-1 ve K2-2 kladlarının hiç birinin Çıplak (2000) tarafından önerilen kladlarla, özellikle tür grup ve altgrupları bağlamında, örtüşmemesidir. Fenotipik özellikleri ile *P. spinulosa* olarak teşhis edilen (cinsin revizyonu tez danışmanı tarafından) örneklerin beş ayrı filogenetik birim oluşturması ve bunların yukarıda tanımlanan K1, K2, K2-1 ve K2-2 içine dağılmış olması, verilerin ortaya koyduğu en çarpıcı sonuçlardan biridir. Üretilen filogenetik ağaçlar fenotipik türler için çarpıcı sonuçlara işaret etmiştir. Bunlardan ilki çalışmaya dahil edilen türlerden sadece beş tanesinin (*P. bolkarensis*, *P. flexuosa*, *P. grandis*, *P. antaliae* ve *P. salmani*) monofiletik olarak çıkmış olmasıdır. Bunlardan *P. salmani* birden fazla genetik tür olarak önerilen ayrı alt kladlar olarak şekillenmiştir. Ayrıca, *P. flexuosa* tek haplotiple çalışmaya dahil edilmiştir. Diğer türlerin tamamı ise moleküler verilerle üretilen ağaçlarca polifiletik veya parafiletik olarak önerilmiş ve tür monofilileri desteklenmemiştir. Aşağıda türlerin tekil monofilisi için tartışıldığı gibi, fenotipik ve moleküler karakterlerle üretilen ağaçların çelişkili filogenilere işaret etmesi, grup için tanımlanmış morfolojik özelliklerin homoplasiler taşıdığına işaret olarak düşünülmüştür. Pholidopterini tribusu içinde yavaş ve hızlı çeşitlenme dönemleri olduğu ve hızlı çeşitlenme dönemleri ile bağlantılı olarak homoplasinin yaygın olduğu rapor edilmiş (Çıplak vd. 2021) ve bu durumun *Parapholidoptera* için de geçerli olduğu tez çalışması ile ortaya konmuştur. Her ne kadar, bu tez kapsamında bir taksonomik karar verme hedeflenmemişse de moleküler filogeniler, cins içinde tanımlanmış olan tür grup ve altgruplarının yeniden düzenlenmesi gerekliliğine işaret etmektedir.

Aparapholidoptera cinsi açısından değerlendirildiğinde, yukarıda belirtildiği gibi, *Parapholidoptera distincta* tür grubunun (Çıplak 2000) bağımsız bir filogenetik grup olduğu için, *Aparapholidoptera* adıyla, bir cins olarak kabul edilmesi tez çalışması ile varılan sonuçlardan biridir. Cins içi çeşitlilik bağlamında değerlendirildiğinde en çarpıcı sonuç üç ayrı genin önerdiği ağaçların uyuşmamasıdır. COI ağacı *A. karabagi* ve *A. distincta* fenotipik türlerini monofiletik olarak vermiş, *A. kosswigi* türünü ise iki ayrı klad halinde ve bunlardan biri bazal klad oluşturur iken diğeri *A. karabagi* ile kardeş grup oluşturmaktadır. ND2 ağacı ise her üç türü bağımsız birer klad olarak önermekte, ancak *A. kosswigi* yine iki ayrı alt klad oluşturduğuna işaret etmektedir. Ancak, COI+ND2 veri seti ile üretilen MTM ağacı bazal trikotomi ile üç klad önerir ve bunlardan biri *A. karabagi* + *A. distincta* iken diğer ikisi *A. kosswigi* fenotipik türünü temsil etmektedir. ITS çözümsüz bir ağaç önerdiğinden mitokondriyal genlerin çelişkili

ağaçlarına yönelik bir çözüm için bilgi verici değildir (Şekil 4.12). Filogenetik bulguların tümü birlikte değerlendirildiğinde, cins içi çeşitliliğin fenotipik olarak oluşturulmuş taksonomik kompozisyonu ve de Çıplak (2000)'de verilen *P. distincta* grubu iç filogenisinin desteklenmediği saptaması yapılabilir. Ek olarak, *A. kosswigi* türünün tek tür olmadığını not etmek gerekir.

Bu durumu açıklamak üzere cinsin üyelerinin yayılışına ve taksonomik geçmişine bakmak gerekmektedir. Grup içerisindeki soy hatları Anadolu Diagonalı'nın kuzeydoğusunda, benzer habitatlarda ve *Parapholidoptera* ile kıyaslandığında oldukça dar bir alanda yayılış göstermektedir. Bu nedenle iki olası açıklama söz konusudur. İlki, grup içi politomik filogeni bulgusu cinsin yayılışı ile ele alındığında “tamamlanmamış soy hattı” (incomplete lineage sorting) olasılığını akla getirmektedir. İkincisi Pleistosen iklim döngüleri ile neden olunan parçalanmış atasal populasyonlarının geçici izolasyon süreçlerinde farklılaşma ve sonrasında ikincil temas sağlandığında gen karışımının gerçekleşmesidir. İkinci olasılığı destekleyen iki durum vardır. İlki, aynı türe ait bazı haplotiplerin farklılığına işaret eden derin dallanmanın görülmesidir (örneğin *A. kosswigi* türüne ait Rize ve Erzurum-1 ait birer haplotipin ayrı bir kladda çıkması gibi). İkincisi, *Aparapholidoptera* ile aynı alanda yayılış gösteren bazı tettigoniid soy hatlarında, örneğin *Psorodonotus venosus* tür grubu (Kaya ve Çıplak 2016) ve *Poecilimon bosphoricus* tür grubu (Çıplak vd. 2023), güçlü hibritleşme işaretlerinin olmasıdır. Cinsin filogenisine dair daha kapsamlı çıkarımların yapılabilmesi adına cinsin tüm türlerinin ve olası tüm populasyonlarının geniş hacimli moleküler verilerle filogenetik olarak incelenmesi gerektiği kanısındayız. Bu moleküler perspektifin fenotipik karakterlerin evrimi ile birlikte ele alınması ise atasal duruma dair çıkarımlar yapılmasında da kuvvetli veriler ortaya koyacaktır.

5.2. Çeşitlenme zamanı

Parapholidoptera ve *Aparapholidoptera* cinslerinin çeşitlenme zamanları Anadolu buzul sığınağında Toros Yolu yükselti hattının bir biyocoğrafik koridor ve sığınak içi sığınak olarak işlevini tartışmamıza olanak sağlamıştır. Pholidopterini iç soy hatlarının, yani cinslerin çeşitlenmesinin birincil olarak iklimsel değişimlerle ilişkili olduğu varsayılmıştır (Çıplak vd. 2022). Bu bağlamda, Miyosen İklim Optimumu'nda (17-15 myö) geniş bir yayılıma sahip olan atasal populasyonun takip eden kademeli soğuma ile birlikte (Miyosen İklim Geçisi, 14.7-13.8 myö) oluşan parçalı populasyonları cinslerin atasal kökenini teşkil ettiği savunulmuştur (Çıplak vd. 2022).

Parapholidoptera cinsinin son ortak atası Tortonian bitimine denk gelecek şekilde 7.89 my öncesine tarihlendiği ve Messiniyen'deki ısınma ile birlikte çeşitlenmeye başladığı savı (Çıplak vd. 2022) tez çalışması kapsamında elde edilen verilerle de desteklenmiştir (Şekil 4.7). Anadolu ve komşu coğrafyalarda pek çok orthopter soy hattının çeşitlenmesinin Mesiniyen dönemine denk gelmesi (Borissov vd. 2020; Çıplak vd. 2015; Kaya vd. 2013) çalışmamızda saptanan durumun bir genel örüntü olduğuna işaret etmektedir. Özellikle ılıman kuşaktaki yüksek rakımlarda Pliyosen-Pleistosen iklim döngülerinde ardışık buzul ve buzullar arası dönemlerde meydana gelen çevresel değişimlerin soğuk adapte soy hatlarının çeşitlenmesinde rol oynadığı bilinmektedir (Knowles 2000, 2001; Schoville vd. 2012; Schoville vd. 2019). Soy hatlarının çeşitlenmesinde ve çeşitlenme hızında iklimsel döngülerin başat rol oynadığı, bu çalışmaya konu olan *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinsleri ile

üretilen bulgularla da desteklenmektedir. LTT analizi sonucu üretilen grafik Messiniyen ve Pliyosen’de cins içi çeşitlenmenin hızlandığının göstergesidir. Bu zamana kadar cins içerisinde devam eden çeşitlilik Pliyosen itibarıyla hızlanarak bağımsız soy hatlarının evrimleşmesine işaret ederken Pleistosen ve son dört buzul dönemde tür içi çeşitliliğin arttığı periyotlar olarak görülmektedir.

Parapholidoptera cinsi içerisindeki bağımsız soy hatlarının çeşitlenme zamanlarına bakıldığında da iklimsel olaylarla örtüşmeler dikkat çekmektedir. Cinsin K1, K2-1 ve K2-2 ana kladlarının yakınsak son ortak atalarının Pliyosen dönemine denk gelmesi ve tür sınırlarını test analizlerinin tür olarak önerdiği hemen tüm türlerin yakınsak son ortalarının Orta Pleistosen Geçiş (1.1-0.8 my dönemi) sonrasına denk gelmesi iklim döngülerinin çeşitlenmeyi tetikleyen ana faktörler olduğuna işaret etmektedir. İklimsel dalgalanmalara paralel olarak çeşitlenen bu soy hattı ulaştığı yüksek rakımlarda izole populasyonlar halinde - muhtemelen bulunduğu yükselti hattında tampon bölge içerisinde aşağı-yukarı yönlü (dikey) yayılış değişimleri ile hayatta kalmıştır (Hewitt 1996; Kaya vd. 2012; Kaya ve Çıplak 2016, 2017).

Yukarıda tanımlanan genel duruma ek olarak bazı alt kladların çeşitlenmesi ayrıca değerlendirilmeye değerdir. Moleküler saat analizlerine göre cinsin düşük rakım (< 500m) yayılışı gösteren *P. castaneoviridis* kladının (*P. castaneoviridis*-Kırklareli, *P. castaneoviridis*-Adapazarı ve *P. flexuosa* türlerini içeren) Pliyosen sonu itibarıyla çeşitlendiği, olasılıkla Anadolu kökenli olan atasal formun önce Boğazlar sisteminin batısına ulaştığı ve sonra Trakya kökenli formun tekrar Anadolu’ya yayıldığına işaret etmektedir (*P. flexuosa* ve *P. castaneoviridis*-Kırklareli’nin ayrılması ile işaret edildiği gibi). Boğazlar sisteminin dinamik jeolojik tarihinin canlıların bölgedeki çeşitlenmesindeki aktif rolü başka orthopter grupları için de rapor edilmiş ve hatta bu durum Anadolu-Balkan filocoğrafik fayı olarak tanımlanmıştır (Korkmaz vd. 2014; Chobanov vd. 2016).

P. salmani fenotipik türü tipik olarak Pleistosen türleşmesi örüntüsü göstermektedir (Şekil 4.7). Ortak atası 2.57 my öncesine tarihlenen klad buzul-buzullar arası dönemlerde izole kalan populasyonlar ile çeşitlenmiş ve iki ayrı Sivas lokalitesinden elde edilen haplotipler ile Ordu ve Tokat haplotipleri olmak üzere son dört buzul dönemde çeşitlenen dört bağımsız evrimsel soy hattına evrimleşmiş görünmektedir.

P. signata fenotipik türünün içinde yer aldığı klad 1.91 my önce ortak bir atayı paylaşmaktadır. *P. signata* haplotiplerinin ABGD ve bPTP analizlerince tek tür, ASAP ve GMYC analizlerinde dört tür olarak önerilmesi dikkat çekicidir. *P. signata* düğümünde COI ve ND2 filogenilerindeki uyumsuzluk ve BEAST analizinin son olasılık (posterior probability) da düğümün destek almaması nedeniyle düğüm polifiletik olarak şekillenmektedir. Bu düğümdeki çeşitlenme örüntüsü de Pleistosen ve son dört buzul döneme işaret etmektedir. Anadolu Diagonalı boyunca yayılış gösteren *P. signata* türünün yükselti hattı boyunca uzanarak kuzeyde Kafkaslardaki populasyonlarla gen alışverişinde olduğu ve tamamlanmamış soy hattı (incomplete lineage sorting) ya da atasal polimorfizme işaret ettiği öne sürülebilir. Antalya haplotiplerinin Malatya haplotipi ayrılmasında yine güneyde Levant’taki akraba populasyonlar ile ikincil temasların olduğu şeklinde yorumlanabilir. Toros Yolu varsayımını destekler nitelikteki bu bulgular ancak komşu populasyonlardan örneklerin

moleküler filogenetik analizlere dahil edilmesi ve hem fenotipik hem filogenetik tür sınırlarının test edilmesi ile daha güvenilir hipotezler kurulmasına imkan verecektir.

P. indistincta, *P. grandis*, *P. antaliae* ve *P. bolkarensis* türleri Güney Toroslar ve Anti Toroslarda yayılış göstermekte ve çeşitlenmelerinde son dört buzul dönemin etkili olduğu görülmektedir. Bu bulgular dağ zirvelerinde ya da yüksek rakımda izole kalan soğuk seven populasyonların buzul-buzullar arası dönemde bulundukları yükselti boyunca tampon bölgelerde dikey yayılış değişimleri ile hayatta kaldığını yönündeki ılıman kuşak dağcıl türleri için öngörülen varsayımı desteklemektedir (Hewitt 1996; Kaya vd. 2012; Çıplak 2008; Kaya ve Çıplak 2016, 2017; Özüdoğru vd. 2020, 2022; Hampe ve Petit 2005; Carstens ve Knowles 2007). Düşük rakımda çeşitlenen *P. antaliae* türünün Pliyosen'deki *P. grandis* ile paylaştığı soğuk seven ortak atadan köken alması ve son 0.59 myö tür içi çeşitlenmeye başlaması populasyonların değişen ekolojik tercihlerine göre Güney Torosların sahip olduğu sığınak özelliğinin ve habitat çeşitliliğinin kanıtı niteliğindedir.

Tamamı yüksek rakım yayılış gösteren *Aparapholidoptera* için cins içi çeşitlenme Miyosen sonu, tür içi çeşitlenme ise Pliyosen ve Pleistosen dönemleriyle örtüşmüştür (Şekil 4.15). Atasal düğümler her iki cinste de Tortonian dönem içerisinde yer almaktadır.

İklimsel dalgalanmalara paralel olarak izole dağ zirvelerinde birbirinden ayrı kalan populasyonların ılıman dönemlerde yayılışlarını genişleterek çeşitlenmeleri soğuk adapte soy hatlarının evriminde sıklıkla kaydedilen bir veri olmasına karşın Anadolu ve özelinde Toros Yolu hipotezinin sınanması adına ayrı bir önem teşkil etmektedir. Orta Anadolu Platosu'nun 11 my önceki yükselişini, yaklaşık 8 my öncesine tarihlenen, günümüzde Toros Yolu'nun bileşenlerini oluşturan, Anadolu'daki tektonik dağ sıralarının yükselişi takip etmiştir (Meijers vd. 2018). Buna göre, bulgular *Parapholidoptera* cinsinin Toros Yolu üzerindeki atasal stoktan evrimleşmiş olabileceğine dair hipotezi destekler niteliktedir. *Aparapholidoptera* cinsi ise olasılıkla Anadolu'nun kuzeydoğusunda yer alan atasal populasyondan köken almış ve Anadolu Diyagonali'nin kuzey yarısı boyunca çeşitlenmiştir.

5.3. Çeşitlenmenin coğrafyası

Parapholidoptera cinsinin Toros Yolu çeşitlenmesine işaret eden zaman ağaçları atasal populasyonun tahminlenmesi için biyocoğrafya analizlerine tabi tutulmuştur. Tarihsel biyocoğrafya analizinin bulguları (DIVALIKE+J) çeşitlenmenin boş alanlara olan dispersal (jump dispersal, J) ve allopatrik türleşme yoluyla olduğunu önermektedir (Çizelge 4.5). Bu durum lokal populasyonlar demografik genişleme yaşamış olsa dahi uzun buzul dönemler (yaklaşık 100,000 yıl) ve kısa jenerasyon süresinin (1 yıl; Clemente vd. 1991) genetik farklılığın birikimi yönünde bir evrimsel kuvvet uyguladığını göstermektedir (Ortego vd. 2021). Elde edilen bulgular, Toros Yolu'nun kompleks topografyasının ardışık buzul ve buzullar arası dönemlerde tekil zirvelerde izole kalan populasyonların farklılaşarak bağımsız birer evrimsel soy hattı olarak şekillenmesinde etkili olduğu yönündeki varsayımı desteklemektedir. Bununla birlikte, uzun mesafeli dispersalleri ifade eden jump dispersal (+J; sıçramalı yayılış) kısa kanatlı orthopter gruplarından biri olan *Parapholidoptera* için çok olası bir çıkarım olarak görülmemektedir (Ortego vd. 2021). Bu bulgu daha ziyade tüm bölgede yayılışa sahip

atasal populasyonun bölgesel yok oluşlarını ve akabindeki allopatrik türleşmeyi yansıtmaktadır (Çıplak 2004a; Çıplak vd. 2005; Çıplak 2008). Toros Yolu'nun heterojen topografyası kimi zaman bariyer kimi zaman da koridor olarak işlev görmüştür. Dağcıl habitatların bu ortak özelliği, barındırdıkları yüksek endemizmin temel nedenlerinden birini teşkil etmektedir (Antonelli vd. 2018).

Analizler sonucunda *Parapholidoptera* cinsinin atasal köken yeri olarak Orta Merkez Anadolu ve Anti Toroslar olarak iki bölgeyi birden kapsayan alan önerilmiştir (Şekil 4.8). Bulgular geniş bir atasal alan önermesine karşın Toros Yolu boyunca çeşitlenen soy hatlarının yer aldığı klad olan K2 kladının Anti Toroslar atasal alanına işaret etmiştir. Binboğa Dağları, Amanoslar ve Güney doğu Toroslarla birlikte Anadolu Diyagonalı'nın güneydoğu sınırını belirleyen Anti Toroslar bölgesi farklı soy hatlarının atasal köken yeri olarak önerilmiştir (Çıplak 2004; Özüdoğru vd. 2022). Maraş Üçgeni (Çıplak 2008) olarak da tanımlanan bu bölge güncel olarak zengin bir biyoçeşitlilik barındırmaktadır (Mutun 2010, 2011). Bölgenin tarihsel coğrafi arka planı güncel fay hatlarının da yansıttığı üzere Afrika- Arabistan- Avrasya plakalarının Anadolu'daki çakışma noktasını teşkil etmektedir (Chorowicz vd. 1994; Seyitoğlu vd. 2022). Biyocoğrafya çalışmaları da bölgenin tektonik tarihinin ve dağlık coğrafyasının biyoçeşitliliğin evrimine olan etkisini ortaya koymaktadır. *Andricus caputmedusae* ve *Andricus lucidus* türlerinin tür içi varyasyonlarının incelendiği filogenetik çalışmalar da Maraş üçgeni olarak tanımlanan bölgedeki populasyonların en yüksek tür içi çeşitliliğe sahip olduğunu ortaya koymuştur (Çıplak vd. 1993; Mutun 2010, 2011). Anti Toroslardaki atasal populasyon Mesiniyen'de Toros Yolu boyunca güney ve batıya doğru disperse olmuştur. Özellikle Pliyosen'e tarihlenen Marmara, Kuzey Anadolu ve Ege soy hatlarının jump dispersal ile kurulduğu bulgusu Ege'deki parçalı yükselti hatlarının Pliyosen iklim döngülerindeki bariyer etkisini ortaya koymaktadır.

5.4. Niş evrimi ve ekolojik niş modellemesi

Her bir varlık verilerinin 19 biyoiklimsel değişkene ait değeri temel bileşenler analizine tabi tutularak niş evrimindeki katkıları değerlendirilmiştir. Bu nedenle niş evrimine ilişkin bulgular doğrudan soy hatlarının sıcaklık ve yağış gibi çevresel isteklerine dair çıkarımlar yapmak yerine biyoiklimsel değişkenler bağlamında toplam varyasyona olan etkisini göstermektedir. Böylelikle her bir biyoiklimsel değişken içerisinde varyasyonu en iyi açıklayanlar tespit edilmiş ve filogenetik bir sinyal içerip içermediği değerlendirilmiştir.

TBA analizinin temel yaklaşımı çok değişkenli bir veri setindeki değişkenleri toplam varyasyonu açıklamadaki etkinliklerine (katkılarına) göre gruplandırarak sadeleştirmeyi ve dolayısıyla daha az değişkenle çıkarımlar yapılmasını sağlamaktadır (Pearson 1991). Buna göre ortalama sıcaklık ve yağış ile ilişkilenen beş değişken (karakter) tespit edilmiştir. Bu beş karakterden üçünün atasal durumdan değişmediğini varsayan OU, ikisinin ise rastgele çeşitlendiğini varsayan BM modeli ile açıklandığı bulunmuştur. Ek bir karakter olarak analiz edilen bulundukları ortalama rakım ise BM evrimsel modeli ile açıklanmıştır. Filogenetik sinyal taşıyan tek karakter ise mevsimsellik ile ilişkili olup BM evrimsel modeline sahip bulunmuştur (Çizelge 4.8). Elde edilen bu bulgu, soy hatlarının çeşitlenmesinde mevsimsel sıcaklık ve yağış ortalamalarının belirleyici olduğuna işaret etmektedir. Mevsimsellik organizmanın yumurta bırakma ve yumurtadan çıkma gibi fenolojik döngüsünü etkilediği için uyum

başarısı (fitness) için de belirleyicidir. İklim döngüleri ile çeşitlendiğini ortaya koyduğumuz *Parapholidoptera* soy hatları için bu bulgular da çeşitlenme zamanları ile uyumludur (Şekil 4.16). Pleyistosendeki ortak atadan çeşitlenen kardeş türler olan *P. antaliae* ve *P. grandis*'in birbirine kuş uçuşu yakın alanlarda düşük ve yüksek rakım türleri olması Toros Yolu'nun yarattığı yükselti farkının türleşmede ve ekolojik çeşitlenmede etkin olduğunu göstermektedir. Bu durum, dağcıl heterojen bir topografyada yayılış gösteren pek çok soy hatının evrimsel dinamikleri ile benzer bir örüntü sergilemektedir (Wu vd. 2013; van Els vd., 2021).

Akraba grupların filogenetik ilişkileri ile niş örüntüleri arasındaki ilişki filocoğrafik hipotezleri sınamak açısından önemli bir perspektif sunmaktadır (Knowles vd. 2007; McCormack vd. 2010; Alvarado-Serrano ve Knowles 2014). Bununla birlikte dar yayılışlı türlere dair yapılan projeksiyonlar tanımlanan kısıtlı ekolojik veri nedeniyle çeşitli zaafllara sahiptir (Pearson vd. 2007). Lokal endemik olan *P. indistincta*, *P. cf. spinulosa* Kastamonu ve *P. cf. spinulosa* Ordu ve soy hatlarının bulguları bu nedenle bilgi verici olmamıştır (Şekil 4.23, 4.27 ve 4.28). Bu handicap düşük örneklem sayısı ile yapılan modelleme sonuçlarında da benzer bir durum yaratmaktadır (Stockwell ve Peterson 2002). Örneğin *P. bolkarensis* ve *P. georgiae* türünün modellerinde olduğu gibi güncel elverişli iklimsel nişlere göre yapılan projeksiyonların herhangi bir çıkarım yapmaya olanak sağlamadığı görülmüştür (Şekil 4.18 ve 4.21).

Yapılan niş modellemelerinde beklenen bulgu soğuk adapte soy hatları için sıcak dönemler olan son buzullararası, günümüz ve gelecek modellerinde uygun iklimsel nişlerde daralma ya da kuzey yönlü yayılış, son buzul dönemde ise genişleme ya da güney yönlü yayılış olması yönündedir (Hewitt 1996). Elde edilen bulgulara göre, yüksek rakım türü olan *P. grandis* ve *P. spinulosa* (Adana ve Kahramanmaraş lokaliteleri) türleri beklenen durumu desteklemektedir (Şekil 4.22 ve 4.26). Buna göre *P. grandis* son buzullararası dönemde güneyde Levant bölgesinde olası nişlere sahip iken son buzul dönemde Anadolu'ya doğru kuzey yönlü nişlerin yerleşiminde değişim olduğu görülmektedir. Günümüz ve gelecek ılıman koşullarına dair projeksiyonlarda ise iklimsel nişlerin tekrar kuzeyden süpürüldüğü ve Anadolu'nun güneyinde, batı ve orta Toroslarda yoğunlaştığı ortaya konmuştur. Bir diğer yüksek rakım soy hattı olan *P. salmani* ise son buzul dönemde Anadolu'nun kuzeyinde elverişli nişlere sahipken günümüzde aynı alanlardaki niş bulunma olasılığı daha da düşmüştür. *P. salmani* için günümüz modellemesinde her ne kadar geniş bir alan elverişli gibi görünse de olasılık olarak son buzul döneme göre düşük elde edildiği göz önünde bulundurulmalıdır (Şekil 4.24). Düşük rakımda yayılış gösteren *P. antaliae*, *P. castaneoviridis* ve *P. flexuosa* türleri için ise ılıman dönemlerde genişleme ya da güney yönlü yayılış, soğuk dönemlerde ise daralma ya da kuzey yönlü yayılış beklenmektedir (Hewitt 1996). Bu bağlamda bulgular düşük rakım soy hatlarının ılıman son buzullararası dönem, günümüz ve 2070 projeksiyonlarında son buzul döneme kıyasla hem güneyde hem kuzeyde daha geniş iklimsel nişlere sahiptir (Şekil 4.29, 4.30 ve 4.31). Tüm bu veriler Toros Yolu'nun iklimsel dalgalanmalara paralel olarak hem dikey hem de yatay yayılış değişimlerine imkan verdiğine işaret etmektedir.

İklimsel parametreler kullanılarak yapılan niş modellemesi sonuçları Toros Yolu'nun farklı iklimsel dönemlerde elverişli habitatlar barındırdığını ortaya koymuştur. Bununla birlikte, bulgular çoğunlukla dikey yayılış değişimlerine işaret etse de güneyden kuzeye ve batıya doğru yatay yayılış değişimine dair ipuçları da elde

edilmiştir. Modellemeler sonucunda batı Akdeniz ve Ege bölgesinde elverişli dağcıl habitatların azaldığı bulgusu *Psorodonotus caucasicus* grubuyla yapılan çalışmanın önermesini desteklemektedir (Kaya ve Çıplak 2017).

Canlılar iklim dalgalanmalarına üç farklı şekilde karşılık verebilir i) sığınak alanlara çekilerek ve/veya ekolojik tercihlerinin korunduğu alanlara disperse olarak, ii) oluşan yeni çevresel koşullara *in situ* uyum sağlayarak ve iv) sıklıkla da yok oluş (Çıplak 2008; Mas-Peinado vd. 2022). Bunlar göz önüne alındığı takdirde *Parapholidoptera* cinsinin sığınak içerisindeki çeşitlenmesi, düşük rakım türlerinin olması ve Ege'deki yok oluşlar ile bu üç duruma da örnek evrimsel cevabın olduğu görülmüştür.

Anadolu diyagonalı'nın kuzeyinde 2000 metre ve üzerinde yayılış gösteren *A. kosswigi*, *A. karabagi* ve *A. distincta* için elde edilen modellemelerde ise yüksek rakım soy hatlarına dair beklenen bulgular kısmen elde edilebilmiştir (4.29, 4.30 ve 4.31). Veriler türlerin dar yayılışlarının kuvvetli ekolojik niş modellemesi tahminlerinin yapılabilmesi için uygun olmadığını ortaya koymuştur.

5.5. Taksonomi

Parapholidoptera ve *Aparapholidoptera* cinslerine ilişkin nomenklatürel bir revizyonu bu tez çalışmasının kapsamında planlanmamış olsa da, mitokondriyal veri setleriyle üretilen filogenetik hipotezlerin taksonomik açıdan işaret ettiği önemli sonuçlar vardır. Bu bağlamda tez sürecinde gerçekleşmiş önemli değişikliklerden biri 2021 (Çıplak vd. 2021) öncesi *Parapholidoptera* cinsinin iki ayrı cinsin türlerini içerdiği ve doğal taksonlar haline gelebilmesi için iki ayrı cins olarak kabul edilmesi gerektiğidir. Süreç içinde yayınlanan çalışmalarla (Çıplak vd. 2021, Yahyaoğlu vd. 2022) *Aparapholidoptera* cinsinin hem filogenisi (*Apholidoptera* ile birlikte Pholidopterini tribusunun bir bazal dalını oluşturur) hem de taksonomik kompozisyonu netleşmiş ve dört tür (*P. distincta*, *P. karabagi*, *P. kosswigi* ve *P. ziganensis*) içeren bir cins olarak yerini almıştır. Bu durumda *Parapholidoptera* cinsi Çıplak (2000)'de verilen *P. castaneoviridis* tür grubu ile sınırlı kalmıştır. Çıplak (2000)'de verilen tür listesine daha sonra tanımlanan *P. belen*, *P. yarpuzi* (Ünal 2006, 2018), *P. kalashiani*, *P. willemsei* ve *P. georgiae* (Massa vd. 2009) türlerinin eklenmesi ile cins içerisindeki tür sayısı 18 olmuştur.

Tez çalışması asıl olarak biyocoğrafik bir kapsamla planlanmış olsa da, çalışılan taksonlar bazında üretilen dizi verilerine uygulanan tür sınırları test analizleri bağımsız evrimsel soy hatlarının belirlenmesini ve taksonomik kararlara yardımcı olacak sonuçlar elde edilmesini olası kılmıştır. Bu bağlamda, dizi verilerine uygulanan ağaç ve uzaklık temelli dört ayrı analiz yaklaşımının tümü ile elde edilen tür sayısı fenotipik tür sayısından çok daha fazladır (Şekil 4.7). *Parapholidoptera* için, 11 fenotipik tür ile yapılan tür sınırlarının testi analizlerince 18 ile 28 arasında değişmektedir. Bazı tür sınırları testlerinin fazla tür önerme olasılıkları dikkate alınarak, hem tüm analizlerin uyduğu hem de minimum tür sayısı yaklaşımı ile bakıldığında, sadece fenotipik *P. bolkarensis*, *P. flexuosa*, *P. grandis*, *P. antaliae* ve *P. indistincta* türleri genetik/istatistiksel testlerle teyit edilmiştir. Ancak, *P. flexuosa* türü *P. castaneoviridis*

kladını parafletik konuma düşürdüğünden, testlerin uyumla önerdiği şekilde klad içerisinde en az üç ayrı türün varlığı kabul edilmelidir. *P. salmani* fenotipik türü monofletik bir grup oluştursa da, tüm analizler konsensüsle dört ayrı tür olarak önermektedir. *P. spinulosa* türünün analizlerin tümü tarafından yüksek istatistiksel desteklerle en az beş farklı tür olarak önerilmesi olasılıkla tezin en çarpıcı bulgularından biridir. Bu türün fenotipik olarak da varyasyonel olduğunun rapor edildiğini (Çıplak 2000) not etmek gerekir. Ünal (2006) tarafından tanımlanan *P. belen* (Bolu, Göynük) türü fenotipik özellikleri ile *P. spinulosa*'ya benzer özellikler taşıdığından bu türün Kastamonu kladının *P. belen* türü olma olasılığı Bolu'dan alınan örneklerle kontrol edilmelidir.

P. signata kladı hem filogenetik hem de taksonomik olarak ilginçlikler arz etmektedir. *P. signata* olarak teşhis edilen örnekler bazı analizlerde tek tür olarak önerilirken bazılarında daha fazla tür olarak önerilmektedir. Klad bakımından ilginç olan *P. georgiae* haplotipinin filogenetik olarak *P. signata* fenotipik türünün bir iç dalı olmasına karşın tüm analizlerce bağımsız bir tür olarak önerilmesidir. *P. georgiae*'nin ayrı bir tür olarak kabul edilmesi durumunda *P. signata* türü parafletik duruma düşmektedir. Diğer bir ilginçlik uzak lokaliteleri temsilen analize dahil edilen örneklerin (Malatya ve Antalya) aynı alt klad içinde yer almalarıdır. *P. signata*'nın esas olarak Anadolu Diyagonalı boyunca Levant'tan Kafkasya'ya uzanan dağ sırasında yayılış gösteren bir soy hattının üyesi olması (bakınız Çıplak 2000; ayrıca Ünal 2018; Massa vd. 2009), daha önce Anadolu'nun batısından kayıt edilmemiş olması ve geniş mesafede bir ara bölgeden bilinmemesi nedeniyle bu durum verilerle açıklanabilir değildir. Ancak bir yakın zaman bir taşınma ile batıya ulaştığı söylenebilse de böyle bir durum daha önce Pholidopteri için rapor edilmiş değildir.

Tez verilerinin *Aparapholidoptera* cinsinin taksonomisine ilişkin işaret ettikleri, hem tür sınırları testleri hem de farklılaşma zamanları bağlamında değerlendirilebilir. Genetik-istatistiksel temelli tür sınırlarını test analizleri 3 ile 10 arası farklı sayıda tür önermiştir. Üç tür öneren ASAP analizinin taksonomik kompozisyonu mevcut fenetik taksonomi ile (*A. kosswigi*, *A. karabagi* ve *A. distincta*) uyudur. Ancak, *Aparapholidoptera* içi çeşitlenme zamanı ve ASAP tarafından önerilen türler dikkate alındığında bu türlerin yaşı 5 milyon yıldan fazladır. Böyle bir bulgu hem *Parapholidoptera* (bkz. yukarıdaki tartışma) hem de diğer birçok orthopter soy hattı için saptanan yaştan çok fazladır (Kaya ve Çıplak 2016, 2017; Chobanov vd. 2016; Uluar vd. 2023). Tür statüleri ayrıca değerlendirmeyi gerektirse de, tez kapsamında elde edilmiş genetik veriler mevcut taksonomik durumun cins içi çeşitliliği tanımlar nitelikte olmadığını göstermektedir. Bu durum özellikle *A. kosswigi* için belirgindir. Bu türün iki Erzurum popülasyonunun oldukça farklılaşmış olduğuna işaret etmektedir. Hatta, aynı türün Rize (tek haplotip) popülasyonu da oldukça farklılaşmış görünmektedir. Bu nedenle ASAP dışındaki tür sınırlarının testi analizleri *A. kosswigi*'yi 3 veya daha fazla sayıda tür olarak önermektedir. Benzer bir durum kısmen *A. karabagi* için de geçerlidir. *A. distincta*'nın Artvin ve Ardahan popülasyonları kısmi farklılaşma gösterse de, GMYC dışındaki tüm testler tek tür önermektedir. Bulguların *Aparaholidoptera* için ortaya koyduğu en önemli sonuç dar bir alanda oldukça eski ve zengin bir biyoçeşitliliğin biriktiğidir. Fakat, kullanılan veri setleri çelişkili sonuçlar ürettiğinden ancak daha hacimli veri setleri ile durumun netleştirilebilir.

6. SONUÇLAR

Anadolu'nun Batı Palearktik'teki buzul sığınak işlevi geniş bir coğrafyanın biyoçeşitliliğinde belirleyici olmuştur. Özellikle Anadolu'daki yükselti hatları dağcıl türler için güney enlemlerde elverişli habitatlar bulunduran alanlar olmuştur. Bu bağlamda, Toros Yolu olarak tanımlanan topografik hat dikkat çekicidir. Kuzeydoğuda Anadolu Diyagonalı'ni teşkil eden yükseltileri kapsayan, Toroslar ile devam ederek güneyde Levant bölgesindeki yükseltilerle ilişkili olan ve Ege'deki kesikli yükselti hattıyla Balkanlar'a doğru devam eden bu hattın bir biyoçeşitlilik rezervi barındırdığı pek çok çalışmayla ortaya konmuştur. Buna karşın, Toros Yolu'nun nasıl işlediği ve biyocoğrafik katkısı kapsamlı olarak ele alınmamıştır. Bu eksikliğe yönelik planlanan doktora tez çalışması kapsamında Anadolu dağcıl biyoçeşitliliğinde Toros Yolu'nun etkisi *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinsleri filoğrafyası üzerinden hem genetik hem de ekolojik açıdan ele alınmıştır.

Moleküler analizler için mitokondriyal COI ve ND2 ile nükleer ITS1-ITS2 genler Sanger dizileme metodu ile diziletilmiş ve veri setleri oluşturulmuştur. Veri setlerinde *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerinden sırasıyla; 10 fenotipik türün 25 popülasyonu ve 3 türün 3 popülasyonu temsil edilmiştir. Tekil genlere ek olarak COI+ND2 (MTM) veri seti oluşturulmuş ve toplamda dört ayrı veri seti üretilmiştir. Moleküler veriler ile; i) cinslerin filogenisi, ii) cinslerin çeşitlenme zamanları, iii) tür sınırları testleri ile genetik türler ve iv) *Parapholidoptera* cinsinin atasal stok popülasyonun yeri tahmin edilmiştir. Anadolu Diyagonalı'nın kuzey yarısında yayılımı gösteren *Aparapholidoptera* cinsine karşın *Parapholidoptera* cinsi tipik Toros Yolu yayılımı göstermektedir ve bu nedenle biyocoğrafya analizlerinde tercih edilmiştir. *Parapholidoptera* cinsinin toplam yayılımı Marmara ve Kuzeybatı Anadolu, Ege, Güney Toroslar, Anti Toroslar, Orta Kuzey Anadolu ve Aşağı Kafkaslar olarak altı biyocoğrafik alana ayrılarak analiz edilmiştir. Ekolojik analizler ise, Toros Yolu'nun zirveler ve vadilerle bölünmüş girift yapısının çeşitlenmeyi nasıl etkilemiş olabileceğini irdelenmek adına güncel varlık verileri ile *Parapholidoptera* cinsine karakter evrimi testleri ve *Parapholidoptera* ve *Aparapholidoptera* cinslerine ekolojik niş modellemesi yapılmıştır.

Çalışmanın bulguları *P. spinulosa*, *P. castaneoviridis*, *P. signata* ve *A. kosswigi* türlerinin resiprokal monofilisini desteklememiş ve cinsler içerisinde hem fenotipik hem de genetik karakterler ile birlikte taksonomik revizyona ihtiyaç olduğunu ortaya koymuştur. Tür sınırlarının testi analizleri en yalın olarak *Parapholidoptera* için 18, *Aparapholidoptera* için ise 3 genetik tür önermiştir. Zaman ağaçları ile her iki cinsin de Messiniyen'deki ortak bir atadan köken aldığı ve Pleistosen iklim döngülerinin çeşitlenmenin itici gücü olduğu bulunmuştur. Biyocoğrafya analizleri, cinsin Orta Kuzey Anadolu ve Anti Torosları kapsayan alanda bulunan bir atasal stok popülasyondan köken aldığını önermiştir. Uç dallara doğru gelindiğinde Orta Kuzey Anadolu soy hattı kendi içerisinde çeşitlenirken, Anti Toroslar soy hattı Toros Yolu üzerindeki diğer tüm popülasyonların kurucusu olmuştur. Temel bileşenler analizi ile biyoiklimsel parametrelerin varyasyonu açıklayan ilk beş değişkeni ve rakım olmak üzere altı ekolojik karakterin, rastgele evrimi tanımlayan BM (Brownian Motion) ve atasal durumun korunduğunu öneren OU (Ornstein-Uhlenbeck) modellerine uygun olarak evrildiğine ve cinsin fenolojik döngüsünün mevsimsellik evrimsel olarak korunduğuna işaret etmiştir. Sıcaklık, yağış, izotermalite ve mevsimsellik biyoiklimsel

değişkenlerini içeren karakterlerden yalnızca mevsimsellik ile ilişkili olan temel bileşende filogenetik sinyal bulunmuştur. Ondokuz biyoiklimsel parametre ile yapılan son buzullararası ve son buzul dönem ile 1970 ve 2070 yılları olmak üzere dörder ayrı ekolojik niş modellemesi sonucunda Toros Yolu'nun hem dikey hem de yatay yayılış değişimlerine sahne olduğu görülmüştür.

Tez çalışmasının ana hedefi Toros Yolu varsayımının sınanması olduğu için taksonomik revizyon çalışmanın kapsamı dışında bırakılmıştır. Çeşitlenme zamanlarına ilişkin bulgular Anadolu'daki pek çok dağcıl soy hattında kaydedilen Pleistosen iklim döngüleriyle allopatrik türleşme yoluyla evrimleşme modelini desteklemiştir. Çeşitlenmenin coğrafyasına dair elde edilen bulgular ise Toros Yolu'nun güney doğusunda ve Anadolu Diyagonalı'nın güney sınırında yer alan Amanos Dağ sırasının Anadolu ile Levant arasındaki faunal/floral alışverişte etkin olduğunu ortaya koymaktadır. Bulgular aynı zamanda Anadolu buzul sığınağının pek çok dağcıl türün atasal köken yeri olabileceği yönündeki varsayımları desteklemiştir. Ekolojik veriler Toros Yolu'nun Anadolu buzul sığınağı içerisinde çok çeşitli iklimsel nişler barındırdığına dikkat çekmiştir. Toros Yolu'nun dikey yayılış değişimleri ile Anadolu içerisindeki biyoçeşitliliğin korunmasında hem de yatay yayılış değişimlerle komşu coğrafyalarla olan faunal alışverişte etkin rol oynadığı görülmüştür.

Toros Yolu varsayımının sınanması hem Anadolu hem de Batı Palearktik biyocoğrafi örüntülerinin anlaşılmasında önemli bir yer tutmaktadır. Toros Yolu'nun dağcıl organizmaların evrimini çalışmak açısından oldukça uygun bir model olduğu görülmektedir. Komünite düzeyinde hacimli genetik veriler ile Toros Yolu popülasyonlarının çalışılması içerisinde bulunduğumuz ılıman kuşakta soğuğa adapte türlerin evrimsel cevaplarının anlaşılması adına da önemli olacaktır.

7. KAYNAKLAR

- Aksu, A. E., Hall, J., ve Yaltırak, C. 2021. Miocene–Quaternary tectonic, kinematic and sedimentary evolution of the eastern Mediterranean Sea: A regional synthesis. *Earth-Science Reviews*, 220: 103719.
- Allouche, O., Tsoar, A., ve Kadmon, R. 2006. Assessing the accuracy of species distribution models: prevalence, kappa and the true skill statistic (TSS). *Journal of Applied Ecology*, 43: 1223-1232.
- Alvarado-Serrano, D. F., ve Knowles, L. L. 2014. Ecological niche models in phylogeographic studies: Applications, advances and precautions. *Molecular Ecology Resources*, 14: 233-248.
- Anastasakis, G., Piper, D. J., Dermitzakis, M. D., ve Karakitsios, V. 2006. Upper Cenozoic stratigraphy and paleogeographic evolution of Myrtoon and adjacent basins, Aegean Sea, Greece. *Marine and Petroleum Geology*, 23: 353-369.
- Antonelli, A., Kissling, W. D., Flantua, S. G. A., Bermúdez, M. A., Mulch, A., Muellner-Riehl, A. N., Kreft, H., Linder, H. P., Badgley, C., Fjeldså, J., vd. . 2018. Geological and climatic influences on mountain biodiversity. *Nature Geoscience*, 11: 718-725.
- Atalay, I. 2006. The effects of mountainous areas on biodiversity: a case study from the northern Anatolian Mountains and the Taurus Mountains. *Grazer schriften der geographie und Raumforschung*, 41: 17-26.
- Avice, J. C. 2000. *Phylogeography: the history and formation of species* (Harvard university press).
- Avice, J. C. 2009. Phylogeography: Retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*, 36: 3-15.
- Bader, A. K., ve Massa, B. 2001. Errata: Tettigoniidae (Orthoptera) from Jordan with description of new species and redescription of less known species. (J. Orthoptera Res. 10(1): 25–37). *Journal of Orthoptera Research*, 10: 376-377.
- Badgley, C., Smiley, T. M., Terry, R., Davis, E. B., DeSantis, L. R. G., Fox, D. L., Hopkins, S. S. B., Jezkova, T., Matocq, M. D., Matzke, N., vd. . 2017. Biodiversity and Topographic Complexity: Modern and Geohistorical Perspectives. *Trends in Ecology and Evolution*, 32: 211-226.
- Bolívar, I. 1899. *Orthoptères du voyage de M. Martinez Escalera dans l'Asie Mineure*.
- Bond, D. P., ve Grasby, S. E. 2017. On the causes of mass extinctions. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 478: 3-29.
- Borissov, S. B., Bobeva, A., Çiplak, B., ve Chobanov, D. 2020. Evolution of *Poecilimon jonicus* group (Orthoptera: Tettigoniidae): a history linked to the Aegean Neogene paleogeography. *Organisms Diversity & Evolution* 2020 20:4, 20: 803-819.
- Brunner, C. 1861. *Nonnulla orthoptera europea: nova vel minus cognita* (FA Brockhaus).

- Burleigh, J. G., ve Mathews, S. 2007. Assessing among-locus variation in the inference of seed plant phylogeny. *International Journal of Plant Sciences*, 168: 111-124.
- Burmeister, H. C. C. 1839. Handbuch der Entomologie. Zweiter Band. Besondere Entomologie. *Zweite Abtheilung. Kaukerfe. Gymnognatha.*(Zweite Hälfte: 751-757.
- Butler, M. A., ve King, A. A. 2004. Phylogenetic Comparative Analysis: A Modeling Approach for Adaptive Evolution. *Am. Nat*, 164: 683-695.
- Chatterjee, S., ve Hadi, A. S. 2006. *Regression analysis by example* (John Wiley & Sons).
- Chobanov, D. P., Kaya, S., Grzywacz, B., Warchałowska-Śliwa, E., ve Çıplak, B. 2017. The Anatolio-Balkan phylogeographic fault: a snapshot from the genus *Isophya* (Orthoptera, Tettigoniidae). *Zoologica Scripta*, 46: 165-179.
- Chorowicz, J., Luxey, P., Lyberis, N., Cavalho, J., Parrot, J.-F., Yurur, T., ve Gundogdu, N. 1994. The Maraş Triple Junction (southern Turkey) based on digital Elevation Model and satellite imagery interpretation. *Journal of Geophysical Research*, 992: 20225-20242.
- Cigliano, M. M., Braun, H., Eades, D. C., ve Otte, D. 2019. Orthoptera Species File Online. Version 5.0/5.0.[Son erişim tarihi: 10.04.2023].
- Clark, P. U., Archer, D., Pollard, D., Blum, J. D., Rial, J. A., Brovkin, V., Mix, A. C., Pisias, N. G., ve Roy, M. 2006. The middle Pleistocene transition: characteristics, mechanisms, and implications for long-term changes in atmospheric pCO₂. *Quaternary Science Reviews*, 25: 3150-3184.
- Çıplak, B. 2000. Systematics and phylogeny of *Parapholidoptera* (Orthoptera: Tettigoniidae: Tettigoniinae). *Systematic Entomology*, 25: 411-436.
- Çıplak, B. 2003. Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: The importance of the Anatolian Taurus Mountains in biodiversity and implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 12: 47-64.
- Çıplak, B. 2004a. Biogeography of Anatolia: the marker group Orthoptera. *Mem. Soc. Entomol. Ital*, 82: 357-372.
- Çıplak, B. 2004b. Systematics, phylogeny and biogeography of *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae): evolution within a refugium. *Zoologica Scripta*, 33: 19-44.
- Çıplak, B. 2008. Insect Ecology and Conservation in Fattorini (ed.) (Kerela: Research Signpost).
- Çıplak, B., Demirsoy, A., ve Bozcuk, A. N. 1993. Distribution of Orthoptera in Relation to the Anatolian Diagonal in Turkey. *Articulata*, 8: 1-20.
- Çıplak, B., Demirsoy, A., ve Yalım, B. 1999. Türkiye Orthoptera (Düzkanatlılar,Çekirgeler) Faunası in, A. Demirsoy.
- Çıplak, B., Heller, K. G., ve Willemse, F. 2010. Phylogeny and biogeography *Eupholidoptera* Mañan (Orthoptera, Tettigoniidae): morphological speciation in correlation with the geographical evolution of the eastern Mediterranean. *Systematic Entomology*, 35: 722-738.

- Çıplak, B., Kaya, S., Boztepe, Z., ve Gündüz, İ. 2015. Mountainous genus *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae): autochthonous survival across several glacial ages via vertical range shifts. *Zoologica Scripta*, 44: 534-549.
- Çıplak, B., Mol, A., Sirin, D., Zeybekoglu, U., Sait, M., Source, T., ve Transactions. 2005. The Demokidovi-Like Short Winged *Glyptobothrus* (Orthoptera, Gomphocerinae, *Chorthippus*) of Anatolia with Description of Two New Species: From Balkans to Caucasus through Southern Anatolia. 131: 463-489.
- Çıplak, B., Yahyaoğlu, Ö., ve Uluar, O. 2021. Revisiting Pholidopterini (Orthoptera, Tettigoniidae): Rapid radiation causes homoplasy and phylogenetic instability. *Zoologica Scripta*, 50: 225-240.
- Çıplak, B., Yahyaoğlu, Ö., Uluar, O., Doğan, Ö., Başibüyük, H. H., ve Korkmaz, E. M. 2022. Phylogeography of Pholidopterini: Revising molecular clock calibration by Mid-Aegean Trench. *Insect Systematics & Evolution*, 53(5), 515-535.
- Darriba, D., Taboada, G. L., Doallo, R., ve Posada, D. 2012. JModelTest 2: More models, new heuristics and parallel computing. *Nature Methods*, 9: 772.
- Davis, P. H. 1965. *Flora of Turkey and the East Aegean Islands, Volume 1* (Edinburgh University Press).
- Davis, P. H. 1971. Distribution patterns in Anatolia with particular reference to endemism. *Plant Life of South west Asia*.
- Demirsoy, A. 1999. *Genel ve Türkiye Zoocoğrafyası" Hayvan Coğrafyası"* (Meteksan).
- Dermitzakis, M. 1990. Paleogeography, geodynamic processes and event stratigraphy during the Late Cenozoic of the Aegean area. *Atti Convegno Lincei*, 85: 263-288.
- Dimitrov, D., Bolzern, A., ve Arnedo, M. 2022. Bringing *Tegenaria boitanii* stat. rev. back to life with a review of the *Tegenaria percuriosa* -complex (Araneae: Agelenidae), description of a new species and insight into their phylogenetic relationships and evolutionary history. *Systematics and Biodiversity*, 20: 1-18.
- Dinç, S., ve Mutun, S. 2019. Tracing imprints of past climatic fluctuations and heterogeneous topography in *Cynips quercusfolii* (Hymenoptera: Cynipidae) in Turkey. *European Journal of Entomology*, 116: 141-157.
- Dormann, C. F., Elith, J., Bacher, S., Buchmann, C., Carl, G., Carré, G., Marquéz, J. R. G., Gruber, B., Lafourcade, B., ve Leitão, P. J. 2013. Collinearity: a review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. *Ecography*, 36: 27-46.
- Felsenstein, J. 1973. Maximum-likelihood estimation of evolutionary trees from continuous characters. *American journal of human genetics*, 25: 471.
- Felsenstein, J. 1981. A likelihood approach to character weighting and what it tells us about parsimony and compatibility. *Biological Journal of the Linnean Society*, 16: 183-196.
- Fick, S. E., ve Hijmans, R. J. 2017. WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International journal of climatology*, 37: 4302-4315.

- Fielding, A. H., ve Bell, J. F. 1997. A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence/absence models. *Environmental conservation*, 24: 38-49.
- Fujisawa, T., ve Barraclough, T. G. 2013. Delimiting species using single-locus data and the Generalized Mixed Yule Coalescent approach: a revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic Biology*, 62: 707-724.
- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S., ve Hurst, G. D. D. 2009. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular Ecology*, 18: 4541-4550.
- Görür, N., ve Tüysüz, O. 2001. Cretaceous to Miocene Palaeogeographic Evolution of Turkey: Implications for Hydrocarbon Potential. *Journal of Petroleum Geology*, 24: 119-146.
- Guisan, A., Edwards Jr, T. C., ve Hastie, T. 2002. Generalized linear and generalized additive models in studies of species distributions: setting the scene. *Ecological Modelling*, 157: 89-100.
- Gündüz, İ., Jaarola, M., Tez, C., Yeniyurt, C., Polly, P. D., ve Searle, J. B. 2007. Multigenic and morphometric differentiation of ground squirrels (Spermophilus, Scuridae, Rodentia) in Turkey, with a description of a new species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43: 916-935.
- Gür, H. 2013. The effects of the Late Quaternary glacial-interglacial cycles on Anatolian ground squirrels: Range expansion during the glacial periods?, *Biological Journal of the Linnean Society*, 109: 19-32.
- Harmon, L. J., Losos, J. B., Jonathan Davies, T., Gillespie, R. G., Gittleman, J. L., Bryan Jennings, W., Kozak, K. H., McPeck, M. A., Moreno-Roark, F., ve Near, T. J. 2010. Early bursts of body size and shape evolution are rare in comparative data. *Evolution*, 64: 2385-2396.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., ve Dewaard, J. R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270: 313-321.
- Heller, K.-G., Hemp, C., Liu, C., ve Volleth, M. 2014. Taxonomic, bioacoustic and faunistic data on a collection of Tettigonioidae from Eastern Congo (Insecta: Orthoptera). *Zootaxa*, 3785: 343-376.
- Hesselbarth, G. 1995. *Die Tagfalter Der Türkei: Unter Berücksichtigung Der Angrenzenden Länder* (S. Wagener).
- Hewitt, G. 2000. The genetic legacy of the quaternary ice ages. *Nature*, 405: 907-913.
- Hewitt, G. M. 1996. Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*, 58: 247-276.
- Hewitt, G. M. 1999. Post-glacial re-colonization of European biota. *Biological Journal of the Linnean Society*, 68: 87-112.
- Hewitt, G. M. 2004. Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary. In, 183-195.

- Hijmans, R. J., Cameron, S., Parra, J., Jones, P., Jarvis, A., ve Richardson, K. 2015a. WorldClim-Global Climate Data. Free Climate Data for Ecological Modeling and GIS. In.
- Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G., ve Jarvis, A. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology: A Journal of the Royal Meteorological Society*, 25: 1965-1978.
- Hijmans, R. J., Phillips, S., Leathwick, J., Elith, J., ve Hijmans, M. R. J. 2017. Package ‘dismo’. *Circles*, 9: 1-68.
- Hijmans, R. J., Van Etten, J., Cheng, J., Mattiuzzi, M., Sumner, M., Greenberg, J. A., Lamigueiro, O. P., Bevan, A., Racine, E. B., ve Shortridge, A. 2015b. Package ‘raster’. *R package*, 734: 473.
- Huson, D. H., ve Bryant, D. 2005. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution*, 23: 254-267.
- Kaltenbach, A. 1971. Geographische Verbreitung und Artenverteilung der Decticinae in der paläarktischen Region. *Annalen des Naturhistorischen Museums in Wien*, 75: 453-459.
- Katoh, K., ve Standley, D. M. 2013. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: Improvements in performance and usability. *Molecular Biology and Evolution*, 30: 772-780.
- Kaya, S., Boztepe, Z., ve Çıplak, B. 2013. Phylogeography of *Troglophilus* (Orthoptera: Troglophilinae) based on Anatolian members of the genus: Radiation of an old lineage following the Messinian. *Biological Journal of the Linnean Society*, 108: 335-348.
- Kaya, S., Boztepe, Z., ve Çıplak, B. 2015. Phylogeography of the *Poecilimon luschani* species group (Orthoptera, Tettigoniidae): A radiation strictly correlated with climatic transitions in the Pleistocene. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 173: 1-21.
- Kaya, S., ve Çıplak, B. 2016. Budding speciation via peripheral isolation: the *Psorodonotus venosus* (Orthoptera, Tettigoniidae) species group example. *Zoologica Scripta*, 45: 521-537.
- Kaya, S., ve Çıplak, B. 2017. Phylogeography and taxonomy of the *Psorodonotus caucasicus* (Orthoptera, Tettigoniidae) group: independent double invasion of the Balkans from the Caucasus. *Systematic Entomology*, 42: 118-133.
- Kaya, S., Gündüz, I., ve Çıplak, B. 2012. Estimating effects of global warming from past range changes for cold demanding refugial taxa: A case study on South-west Anatolian species *Poecilimon birandi*. *Biologia*, 67: 1152-1164.
- Kluge, A. G., ve Farris, J. S. 1969. Quantitative phyletics and the evolution of anurans. *Systematic Biology*, 18: 1-32.
- Knowles, L. L., ve Carstens, B. C. 2007. Delimiting species without monophyletic gene trees. *Systematic Biology*, 56: 887-895.

- Knowles, L. L., Carstens, B. C., ve Keat, Marcia L. L. 2007. Coupling Genetic and Ecological-Niche Models to Examine How Past Population Distributions Contribute to Divergence. *Current Biology*, 17: 940-946.
- Komac, B., Esteban, P., Trapero, L., ve Caritg, R. 2016. Modelization of the Current and Future Habitat Suitability of *Rhododendron ferrugineum* Using Potential Snow Accumulation. *PLOS ONE*, 11: e0147324.
- Korkmaz, E. M., Lunt, D. H., Çıplak, B., Değerli, N., ve Başibüyük, H. H. 2014. The contribution of Anatolia to European phylogeography: the centre of origin of the meadow grasshopper, *Chorthippus parallelus*. *Journal of Biogeography*, 41: 1793-1805.
- Korkmaz, E. M., Sari, M., ve Başibüyük, H. H. 2010. Genetic Structure of *Chorthippus parallelus* (Orthoptera: Acrididae: Gomphocerinae) Populations in Anatolia: A Stable Rear Edge Population. *Annals of the Entomological Society of America*, 103: 625-634.
- Kosswig, C. 1955. Zoogeography of the near East. *Systematic Zoology*, 4: 49-73.
- La Greca, M. 1999. Biogeography of the palaearctic *Pamphagidae* (Orthoptera). *Memorie della Società entomologica italiana*, 77: 123-159.
- Knowles, L. L. 2000. Tests of Pleistocene speciation in montane grasshoppers (genus *melanoplus*) from the sky islands of western North America. *Evolution*, 54: 1337-1348.
- Knowles, L. L. 2001. Did the pleistocene glaciations promote divergence? Tests of explicit refugial models in montane grasshoppers. *Molecular Ecology*, 10: 691-701.
- Landis, M. J., Matzke, N. J., Moore, B. R., ve Huelsenbeck, J. P. 2013. Bayesian analysis of biogeography when the number of areas is large. *Systematic Biology*, 62: 789-804.
- Lanfear, R., Frandsen, P. B., Wright, A. M., Senfeld, T., ve Calcott, B. 2017. Partitionfinder 2: New methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 34: 772-773.
- Ma, C., Liu, C., Yang, P., ve Kang, L. 2009. The complete mitochondrial genomes of two band-winged grasshoppers, *Gastrimargus marmoratus* and *Oedaleus asiaticus*. *BMC Genomics*, 10: 156.
- Maran, J. 1953. Contribution to the knowledge of the genus *Pholidoptera* Wesm. *Acta Entomologica Musei Nationalis Pragae*, 27: 209-221.
- Massa, B., Buzzetti, F. M., ve Fontana, P. 2009. New and little known species of the genus *Parapholidoptera* Maran (Insecta, Orthoptera). *Deutsche Entomologische Zeitschrift*, 56: 243-249.
- Matzke, N. J. 2014. Model selection in historical biogeography reveals that founder-event speciation is a crucial process in island clades. *Systematic Biology*, 63: 951-970.

- McCormack, J. E., Zellmer, A. J., ve Knowles, L. L. 2010. Does niche divergence accompany allopatric divergence in *Aphelocoma* jays as predicted under ecological speciation?: Insights from tests with niche models. *Evolution*, 64: 1231-1244.
- Medail, F., ve Quezel, P. 1999. Biodiversity Hotspots in the Mediterranean Basin: Setting Global Conservation Priorities. *Conservation Biology*, 13: 1510-1513.
- Meijers, M. J. M., Brocard, G. Y., Cosca, M. A., Lüdecke, T., Teyssier, C., Whitney, D. L., ve Mulch, A. 2018. Rapid late Miocene surface uplift of the Central Anatolian Plateau margin. *Earth and Planetary Science Letters*, 497: 29-41.
- Meulenkaamp, J. E., ve Sissingh, W. 2003. Tertiary palaeogeography and tectonostratigraphic evolution of the Northern and Southern Peri-Tethys platforms and the intermediate domains of the African–Eurasian convergent plate boundary zone. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 196: 209-228.
- Miller, M. A., Pfeiffer, W., ve Schwartz, T. 2010. Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. In *2010 gateway computing environments workshop (GCE)*, 1-8. Ieee.
- Minh, B. Q., Schmidt, H. A., Chernomor, O., Schrempf, D., Woodhams, M. D., Von Haeseler, A., ve Lanfear, R. 2020. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, 37: 1530-1534.
- Mugleston, J. D., Naegle, M., Song, H., ve Whiting, M. F. 2018. A Comprehensive Phylogeny of Tettigoniidae (Orthoptera: Ensifera) Reveals Extensive Ecomorph Convergence and Widespread Taxonomic Incongruence. *Insect Systematics and Diversity*, 2.
- Mutun, S., ve Atay, G. 2015. Phylogeography of *Trigonaspis synaspis* (Hymenoptera: Cynipidae) from Anatolia based on mitochondrial and nuclear DNA sequences. *European Journal of Entomology*, 112: 259.
- Mutun, S., Dinç, S., ve Çimen, E. 2019. Population genetic structure and phylogeography of the oak gall wasp *Andricus chodjii* (Hymenoptera: Cynipidae) in Turkey as inferred from mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Zoology in the Middle East*, 65: 245-255.
- Naimi, B., ve Araújo, M. B. 2016. sdm: a reproducible and extensible R platform for species distribution modelling. *Ecography*, 39: 368-375.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 106: 283-292.
- Nguyen, L. T., Schmidt, H. A., Von Haeseler, A., ve Minh, B. Q. 2015. IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 32: 268-274.
- Noroozi, J., Zare, G., Sherafati, M., Mahmoodi, M., Moser, D., Asgarpour, Z., ve Schneeweiss, G. M. 2019. Patterns of Endemism in Turkey, the Meeting Point of Three Global Biodiversity Hotspots, Based on Three Diverse Families of Vascular Plants. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 7: 159.

- Okay, A. I. 2008. Geology of Turkey: a synopsis. *Anschnitt*, 21: 19-42.
- Oosterbroek, P., ve Arntzen, J. W. 1992. Area-cladograms of Circum-Mediterranean taxa in relation to Mediterranean palaeogeography. *Journal of Biogeography*: 3-20.
- Ortego, J., Gutiérrez-Rodríguez, J., ve Nogueras, V. 2021. Demographic consequences of dispersal-related trait shift in two recently diverged taxa of montane grasshoppers. *Evolution*, 75: 1998-2013.
- Otto-Bliesner, B. L., Marshall, S. J., Overpeck, J. T., Miller, G. H., Hu, A., ve members, C. L. I. P. 2006. Simulating Arctic climate warmth and icefield retreat in the last interglaciation. *Science*, 311: 1751-1753.
- Öztürk, P. N., ve Çıplak, B. 2019. Phylomitogenomics of Phaneropteridae (Orthoptera): Combined data indicate a poorly conserved mitogenome. *International journal of biological macromolecules*, 132: 1318-1326.
- Özüdoğru, B., Karacaoğlu, Ç., Akaydın, G., Erik, S., Mummenhoff, K., ve Sağlam, İ. K. 2022. Ecological specialization promotes diversity and diversification in the Eastern Mediterranean genus *Ricotia* (Brassicaceae). *Journal of Systematics and Evolution*, 60: 331-343.
- Özüdoğru, B., ve Mummenhoff, K. 2020. Phylogenetic and biogeographical history confirm the anatolian origin of bornmuellera (Brassicaceae) and clade divergence between anatolia and the balkans in the plio-pleistocene transition. *Turkish Journal of Botany*, 44: 593-603.
- Parmakelis, A., Dimitriadou, D., Gkigkiza, E., Karampatsou, L., Stathi, I., Fet, V., Yağmur, E. A., ve Kovařík, F. 2022. The evolutionary history of the relict scorpion family Iuridae of the eastern Mediterranean. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 177: 107622.
- Pearson, R. G., Raxworthy, C. J., Nakamura, M., ve Townsend Peterson, A. 2007. ORIGINAL ARTICLE: Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. *Journal of Biogeography*, 34: 102-117.
- Pereira, R. J., Ruiz-Ruano, F. J., Thomas, C. J., Pérez-Ruiz, M., Jiménez-Bartolomé, M., Liu, S., de la Torre, J., ve Bella, J. L. 2021. Mind the numt: Finding informative mitochondrial markers in a giant grasshopper genome. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 59: 635-645.
- Phillips, S. B., Aneja, V. P., Kang, D., ve Arya, S. P. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190: 231-259.
- Pons, J., Barraclough, T. G., Gomez-Zurita, J., Cardoso, A., Duran, D. P., Hazell, S., Kamoun, S., Sumlin, W. D., ve Vogler, A. P. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*, 55: 595-609.
- Puillandre, N., Brouillet, S., ve Achaz, G. 2021. ASAP: assemble species by automatic partitioning. *Molecular Ecology Resources*, 21: 609-620.

- Puillandre, N., Lambert, A., Brouillet, S., ve Achaz, G. 2012. ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular Ecology*, 21: 1864-1877.
- Rahbek, C., Borregaard, M. K., Antonelli, A., Colwell, R. K., Holt, B. G., Nogues-Bravo, D., Rasmussen, C. M. Ø., Richardson, K., Rosing, M. T., Whittaker, R. J., vd. . 2019. Building mountain biodiversity: Geological and evolutionary processes. *Science*, 365: 1114-1119.
- Ramme, W. 1930a. Neue Orthoptera aus Westasien (Acrid. et Tettigon.). *Mitteilungen aus dem Zoologischen Museum in Berlin*, 16: 394-396.
- Ramme, W. 1930b. Revisionen und neubeschreibungen in der gattung *Pholidoptera* Wesm.(Orth., Tettigon.) (In Kommission bei R. Friedländer).
- Ramme, W. 1932. *Beiträge zur kenntnis der palaearktischen orthopterenfauna (Tettig. et Acrid.)*.
- Ramme, W. 1951. *Zur Systematik, Faunistik und Biologie der Orthopteren von Südost-Europa und Vorderasien* (Akademie-Verlag).
- Ree, R. H., ve Smith, S. A. 2008. Maximum likelihood inference of geographic range evolution by dispersal, local extinction, and cladogenesis. *Systematic Biology*, 57: 4-14.
- Ronquist, F. 1996. Matrix representation of trees, redundancy, and weighting. *Systematic Biology*, 45: 247-253.
- Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M. A., ve Huelsenbeck, J. P. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61: 539-542.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., ve Sánchez-Gracia, A. 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34: 3299-3302.
- Sağlam, I. K., Küçükyıldırım, S., ve Çağlar, S. S. 2014. Diversification of montane species via elevation shifts: The case of the Kaçkar cricket *Phonochorion* (Orthoptera). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 52: 177-189.
- Sarikaya, M. A., Çiner, A., ve Zreda, M. 2011a. Chapter 30 - Quaternary Glaciations of Turkey in Ehlers, Gibbard ve Hughes (eds.), *Developments in Quaternary Sciences* (Elsevier).
- Sarikaya, M. A., Çiner, A., ve Zreda, M. 2011b. Quaternary glaciations of Turkey. *Developments in Quaternary Science*, 15: 393-403.
- Schoville, S. D., Bougie, T. C., Dudko, R. Y., ve Medeiros, M. J. 2019. Has past climate change affected cold-specialized species differentially through space and time?, *Systematic Entomology*, 44: 571-587.
- Schoville, S. D., Roderick, G. K., ve Kavanaugh, D. H. 2012. Testing the 'Pleistocene species pump' in alpine habitats: Lineage diversification of flightless ground

- beetles (Coleoptera: Carabidae: Nebria) in relation to altitudinal zonation. *Biological Journal of the Linnean Society*, 107: 95-111.
- Seyitoğlu, G., Tunçel, E., Kaypak, B., Korhan, E., ve Gökkaya, E. 2022. The Anatolian Diagonal: a broad left-lateral shear zone between the North Anatolian Fault Zone and the Aegean/Cyprus arcs. *Türkiye Jeoloji Bülteni*, 65: 93-116.
- Simon, C., Frati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Liu, H., ve Flook, P. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Annals of the Entomological Society of America*, 87: 651-701.
- Song, H., Amédégnato, C., Cigliano, M. M., Desutter-Grandcolas, L., Heads, S. W., Huang, Y., Otte, D., ve Whiting, M. F. 2015. 300 million years of diversification: Elucidating the patterns of orthopteran evolution based on comprehensive taxon and gene sampling. *Cladistics*, 31: 621-651.
- Song, H., Moulton, M. J., ve Whiting, M. F. 2014. Rampant nuclear insertion of mtDNA across diverse lineages within Orthoptera (Insecta). *PLOS ONE*, 9: e110508.
- Suchard, M. A., Lemey, P., Baele, G., Ayres, D. L., Drummond, A. J., ve Rambaut, A. 2018. Bayesian phylogenetic and phylodynamic data integration using BEAST 1.10. *Virus evolution*, 4: vey016.
- Sullivan, J., ve Joyce, P. 2005. Model selection in phylogenetics. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*, 36: 445-466.
- Swofford, D. L. 2001. Paup*: Phylogenetic analysis using parsimony (and other methods) 4.0. B5.
- Şekercioğlu, Ç. H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö. E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Yokeş, M. B., Soyumert, A., İpekdağ, K., vd. . 2011. Turkey's globally important biodiversity in crisis. *Biological Conservation*, 144: 2752-2769.
- Şengör, A. C., ve Yilmaz, Y. 1981. Tethyan evolution of Turkey: a plate tectonic approach. *Tectonophysics*, 75: 181-241.
- Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust-Saucy, A. G., ve Cosson, J. F. 1998. Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology*, 7: 453-464.
- Tamura, K., Stecher, G., ve Kumar, S. 2021. MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38: 3022-3027.
- Ullrich, B., Reinhold, K., Niehuis, O., ve Misof, B. 2010. Secondary structure and phylogenetic analysis of the internal transcribed spacers 1 and 2 of bush crickets (Orthoptera: Tettigoniidae: Barbitistini). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 48: 219-228.
- Uluar, O., ve Ciplak, B. 2020. Evolution, characterization and phylogenetic utility of ITS2 gene in Orthoptera and some Polyneoptera: Highly variable at the order level and highly conserved at the species level. *Zootaxa*, 4780.1.2.

- Uluar, O., Yahyaoğlu, Ö., Başbüyük, H. H., ve Çıplak, B. 2023. Taxonomy of the rear-edge populations: the case of genus *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae). *Organisms Diversity & Evolution*, 1-21.
- Uvarov, B. 1921a. The geographical distribution of Orthopterous insects in the Caucasus and in Western Asia. In *Proceedings of the Zoological Society of London*, 447-472. Wiley Online Library.
- Uvarov, B. P. 1921b. The geographical distribution of orthopterous insects in the Caucasus and in Western Asia. In, 447-472. Wiley Online Library.
- Ünal, M. 2006. Tettigoniidae (Orthoptera) from Turkey and the Middle East. *Transactions of the American Entomological Society (1890-)*, 132: 157-203.
- Ünal, M. 2011. Turkish Orthoptera Site (TOS). Homepage: <http://www.orthoptera-tr.org> (retrieval date 22.01. 2016).
- Ünal, M. 2018. Tettigoniinae (Orthoptera: Tettigoniidae) from Turkey with key to genera and descriptions of six new species. *Zootaxa*, 4432: 1-66.
- Vaidya, G., Lohman, D. J., ve Meier, R. 2011. SequenceMatrix: concatenation software for the fast assembly of multi-gene datasets with character set and codon information Gaurav. *Cladistics*, 27: 171-180.
- van Els, P., Herrera-Alsina, L., Pigot, A. L., ve Etienne, R. S. 2021. Evolutionary dynamics of the elevational diversity gradient in passerine birds. *Nature Ecology & Evolution*, 5: 1259-1265.
- Veith, M., Schmidler, J. F., Kosuch, J., Baran, I., ve Seitz, A. 2003. Palaeoclimatic changes explain Anatolian mountain frog evolution: A test for alternating vicariance and dispersal events. *Molecular Ecology*, 12: 185-199.
- Yahyaoğlu, Ö., Uluar, O., ve Çıplak, B. 2022. The genus *Apholidoptera* of Pholidopterini (Orthoptera, Tettigoniidae): Molecular phylogeny confirms the generic status. *Zootaxa*, 5120(1), 143-150.
- Watanabe, S., Hajima, T., Sudo, K., Nagashima, T., Takemura, T., Okajima, H., Nozawa, T., Kawase, H., Abe, M., ve Yokohata, T. 2011. MIROC-ESM 2010: Model description and basic results of CMIP5-20c3m experiments. *Geoscientific Model Development*, 4: 845-872.
- Webb, T., ve Bartlein, P. J. 1992. Global changes during the last 3 million years: climatic controls and biotic responses. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 23: 141-173.
- Wheeler, D. C. 2007. Diagnostic tools and a remedial method for collinearity in geographically weighted regression. *Environment and planning A*, 39: 2464-2481.
- White, T. J., Bruns, T., Lee, S., ve Taylor, J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. *PCR protocols: a guide to methods and applications*, 18: 315-322.
- Wu, Y., Colwell, R. K., Rahbek, C., Zhang, C., Quan, Q., Wang, C., ve Lei, F. 2013. Explaining the species richness of birds along a subtropical elevational gradient in the Hengduan Mountains. *Journal of biogeography*, 40: 2310-2323.

- Xia, X. 2018. DAMBE7: New and improved tools for data analysis in molecular biology and evolution. *Molecular Biology and Evolution*, 35: 1550-1552.
- Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P., ve Stamatakis, A. 2013. A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29: 2869-2876.
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J., ve Shi, F. 2017. Towards a higher-level Ensifera phylogeny inferred from mitogenome sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 108: 22-33.



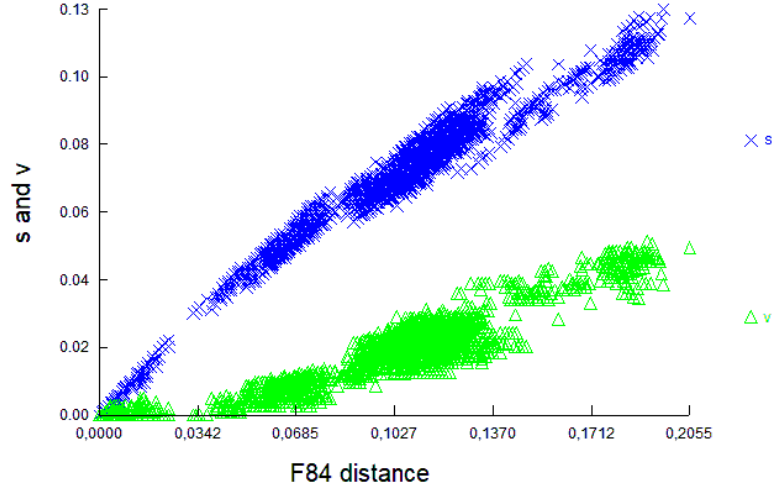
8. EKLER

EK-1: Moleküler analizlerde çalışılan örneklerin lokalite listesi

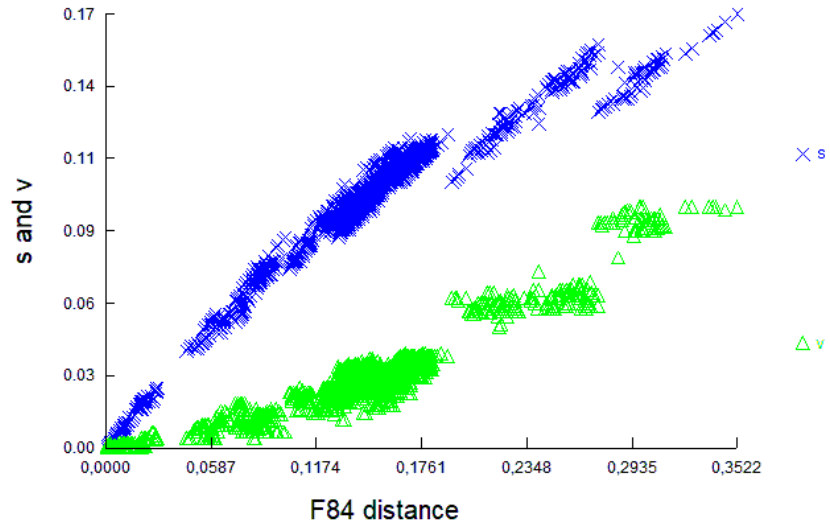
Cins	Tür	Lokalite	Leg.	Rakım (m, metre)
<i>Parapholidoptera</i>	<i>antaliae</i>	Türkiye; Antalya, Gazipaşa	Battal ÇIPLAK	131
		Türkiye; Mersin, Anamur		120
	<i>grandis</i>	Türkiye; Antalya İbradı Derebucak Köyü Yolu,		1557
	<i>bolharensis</i>	Türkiye; Niğde, Ulukışla		2554
		Türkiye; Niğde, Darboğaz		2316
	<i>castaneoviridis</i>	Türkiye; Adapazarı, Geyve		174
		Türkiye; Kırklareli, Çukurpınar		476
		Türkiye; Kırklareli, Dereköy		476
	<i>flexuosa</i>	Türkiye; Manisa, Salihli		75
	<i>salmani</i>	Türkiye; Sivas, Suşehri, Aksu Köyü		1907
		Türkiye; Ordu, Mesudiye, Beyağaç köyü		1458
		Türkiye; Tokat, Çamlıbel Geçidi		1649
		Türkiye; Çamlıbel-Tokat yolu		1540
		Türkiye; Sivas, Zara		1350
	<i>signata</i>	Türkiye; Malatya, Arguvan		1335
		Türkiye; Antalya, Döşemealtı		150
		Türkiye; Erzurum, Uzundere, Dikyar		2121
		Türkiye; Erzincan, Tunceli-Pülümür yolu		1697
		Türkiye; Kars, Kağızman		1855
		Türkiye; Sivas, Zara		1802
	<i>spinulosa</i>	Türkiye; Adana, Saimbeyli, Bozoğlan tepe		2123
		Türkiye; Adana, Saimbeyli, Saksığan boğazı		1550

Aparapholidoptera	<i>cf. spinulosa</i> -Kahramanmaraş	Türkiye; Kahramanmaraş Keklikoluk Köyü (K.maraş-1 ve 2)	John MULDER	2450
	<i>cf. spinulosa</i> -Kastamonu	Türkiye; Kastamonu, Ilgaz		1758
		Türkiye; Kastamonu, Şenpazar-Ağlı Yolu		867.5
		Türkiye; Kastamonu, Cide Yolu		407
		Türkiye; Kastamonu, Cide, Velibeyli mevkii		695.5
	<i>cf. spinulosa</i> -Ordu	Türkiye; Ordu, Akkuş Gökçayır		1149
		Türkiye; Ordu Mesudiye, Topçam		1203
		Türkiye; Ordu, Mesudiye, Beyağaç köyü		1458
	<i>indistincta</i>	Türkiye; Adana, Saimbeyli, Saksığan boğazı		1550
	<i>georgiae</i>	Gürcistan; Kvemo Kartli		500
	<i>distincta</i>	Türkiye; Bayburt, Soğanlı geçidi	Battal ÇIPLAK	2358
		Türkiye; Ardahan, Hanak (Ardahan-1)		2046
		Türkiye; Ardahan, Yalnızçam yolu (Ardahan-2)		1980
		Türkiye; Artvin, Ardanuç		1708
		Türkiye; Artvin, Şavşat		1642
	<i>karabagi</i>	Türkiye; Bayburt, Soğanlı geçidi		2358
		Türkiye; Erzurum, Palandöken (Erzurum-3)		2767
		Türkiye; Erzincan, Pöske dağı		2000
		Türkiye; Bayburt, Kap geçidi		2417
	<i>kosswigi</i>	Türkiye; Rize, İspir-İkizdere yolu		2190
		Türkiye; Erzurum, Uzundere, Dikyar köyü (Erzurum-1)		2121
		Türkiye; Erzurum, Oltu, Yayla geçidi (Erzurum-2)		2248

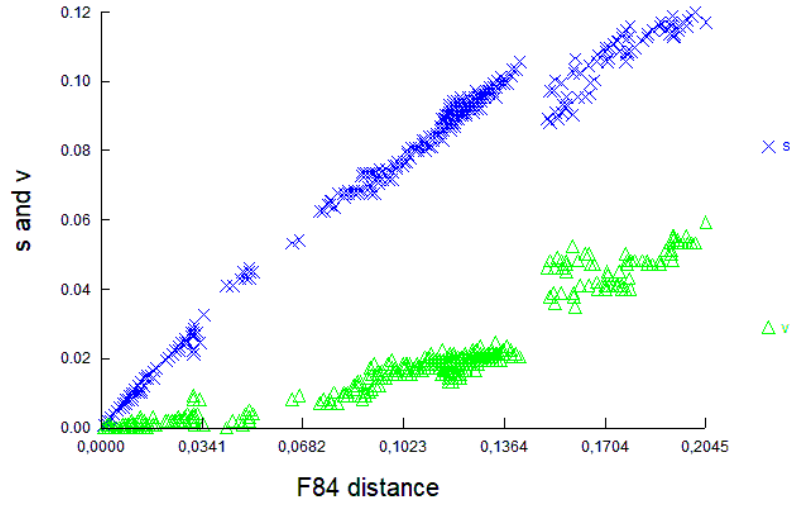
EK-2: Dambe analizleri sonucu elde edilen baz doygunluğu grafikleri



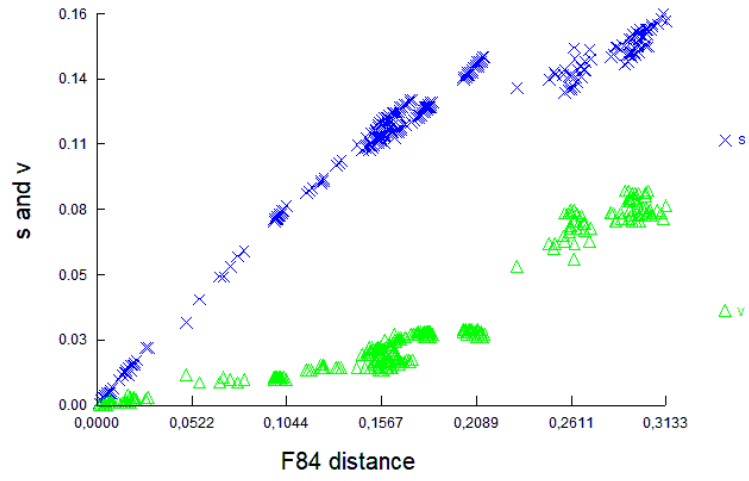
Ek2-Şekil 1: *Parapholidoptera* COI matrisinin baz doygunluğu grafiği



Ek2-Şekil 2: *Parapholidoptera* ND2 matrisinin baz doygunluğu grafiği



Ek2-Şekil 3: *Aparapholidoptera* COI matrisinin baz doygunluğu grafiği



Ek2-Şekil 3: *Aparapholidoptera* ND2 matrisinin baz doygunluğu grafiği

EK-3: Ekolojik niş modellemesi analizlerinde kullanılan varlık verileri tablosu

Cins	Tür	DDLON	DDLAT	
<i>Parapholidoptera</i>	<i>antaliae</i>	32,019	36,627	Çıplak 2000
		32,572	36,172	
		32,655	36,105	
		32,363	36,229	
		32,446	36,426	
	<i>bolkarensis</i>	34,578	37,466	Çıplak 2000; Şirin 2014; Ünal 2018
		34,594	37,424	
		34,569	37,386	
		34,562	37,419	
		34,720	37,463	
	<i>castaneoviridis</i>	28,695	39,068	Çıplak 2000; Iorgu 2017; Ünal 2006; Mol vd. 2016; Warchalowska-Sliwa vd. 2017; Ünal 2018
		27,592	41,735	
		27,645	39,369	
		26,791	40,954	
		26,612	41,641	
		27,474	41,793	
		29,468	40,550	
		29,459	40,527	
		26,948	39,628	
		25,600	40,454	
		28,486	44,917	
		27,095	40,720	
		27,402	41,889	

		27,468	41,819	
	<i>flexuosa</i>	28,175	37,739	Çıplak 2000; Ünal 2018
		28,075	38,275	
		27,456	38,567	
		28,076	38,567	
	<i>georgiae</i>	46,434	41,212	Massa 2009
		45,374	41,447	
	<i>grandis</i>	31,466	37,179	Çıplak, 2000; Ünal 2018; Taylan 2019; Warchalowska-Sliwa vd. 2017
		31,697	37,128	
		31,617	37,148	
		31,534	37,080	
	<i>indistincta</i>	43,737	49,911	Çıplak 2000; Şirin 2014
		36,501	38,008	
		36,833	38,104	
		35,804	37,983	
		36,470	38,043	
		37,523	37,972	
		36,047	37,910	
		36,594	38,328	
		36,505	38,234	
		37,415	37,746	
	<i>salmani</i>	36,479	40,078	Çıplak 2000; Ünal 2018; Şirin 2014
		38,385	39,854	
		36,562	40,257	
		36,504	39,961	
		37,829	40,151	

		38,423	39,875	
		37,873	40,583	
		34,765	37,260	
		34,452	36,837	
		36,750	38,290	
		35,836	37,974	
		36,197	36,495	
		38,495	39,266	
		35,846	37,621	
		38,607	39,175	
		38,595	39,147	
		34,578	37,166	
		34,549	36,960	
	<i>signata</i>	38,188	38,766	Çıplak 2000; Massa 2009; Ünal 2006; Warchalowska-Sliwa vd. 2017
		37,939	38,807	
		38,510	39,247	
		38,504	39,239	
		34,169	36,706	
		34,562	37,130	
		26,849	39,716	
		38,266	38,787	
		30,713	37,212	
		36,160	38,088	
		38,588	39,146	
		40,501	39,887	
		38,032	40,099	

		38,354	38,907	
		43,282	40,080	
		30,530	36,529	
		26,946	39,664	
	<i>spinulosa-Adana</i>	36,499	38,482	Çıplak 2000; Ünal 2006; 2018; Mol vd. 2016
		36,020	38,211	
		36,820	38,091	
		34,442	38,109	
		37,415	37,740	
		36,160	38,088	
	<i>cf. spinulosa-Kastamonu</i>	33,193	39,899	AUZM
		33,734	41,083	
		33,718	41,618	
		36,068	41,492	
		33,758	41,057	
		33,683	40,965	
		34,661	40,740	
		34,270	40,925	
		34,371	40,778	
		35,225	40,381	
		35,274	40,474	
		35,192	40,281	
		35,430	40,918	
		35,792	40,447	
		35,427	40,674	
		35,463	40,698	

		35,860	40,761	
		36,012	40,668	
		36,003	40,667	
		36,154	40,615	
		36,155	40,624	
		36,265	40,594	
		35,657	40,297	
		35,509	40,288	
		33,293	41,434	
		33,0339	41,513	
	<i>cf. spinulosa-Ordu</i>	36,962	40,594	
		37,018	40,447	
		37,035	40,751	
		37,779	40,603	
		37,873	40,583	
		37,785	40,405	
		38,372	40,553	
<i>Aparapholidoptera</i>	<i>distincta</i>	42,391	41,062	AUZM; Çıplak 2000; Ünal 2006; Mol vd. 2016; Warchalowska-Sliwa vd. 2017
		42,339	41,206	
		40,764	40,740	
		40,790	40,732	
		46,340	39,507	
		44,373	41,698	
		43,528	41,747	
		43,400	41,835	
		47,654	42,557	

		41,226	41,226	
	<i>karabagi</i>	40,516	40,070	AUZM; Ünal 2018; Taylan 2019; Mol vd. 2016
		40,622	39,986	
		38,385	39,854	
		40,506	40,036	
		40,232	40,528	
		41,172	39,498	
		39,822	41,300	
		36,550	40,264	
		40,528	40,026	
	<i>kosswigi</i>	42,599	40,333	AUZM; Mol vd. 2016
		41,300	39,822	
		41,472	40,208	
		41,464	40,586	

ÖZGEÇMİŞ

ÖZGÜL YAHYAOĞLU

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Doktora	Akdeniz Üniversitesi
2017-	Fen Fakültesi, Biyoloji ABD, Antalya
Yüksek Lisans	Hacettepe Üniversitesi
2012-2015	Fen Fakültesi, Uygulamalı Biyoloji ABD, Ankara
Lisans Yan dal	Hacettepe Üniversitesi
2010-2012	Edebiyat Fakültesi, Antropoloji Bölümü, Ankara
Lisans Ana dal	Hacettepe Üniversitesi
2008-2012	Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Ankara

ESERLER

Uluslararası hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

- 1- Karakaş, M. Y., Yahyaoğlu, Ö. Uluar, O., Budak, M., & Çıplak, B. (2023). Mitochondrial genome of *Poecilimon cretensis* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae): Strong phylogenetic signals in gene overlapping regions. *Zootaxa*, 5263(1), 141-147.
- 2- Uluar, O., Yahyaoğlu, Ö., Başibüyük, H. H., & Çıplak, B. (2023). Taxonomy of the rear-edge populations: the case of genus *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae). *Organisms Diversity & Evolution*, 1-21.
- 3- Uluar, O., Yahyaoğlu, Ö., & Çıplak, B. (2022). Anatolian endemic genus *Bolua* (Orthoptera: Tettigoniidae: Tettigoniinae): genetic and phenotypic data indicate inconsistent diversity and evolutionary patterns. *Zootaxa*, 5195(3), 224-240.
- 4- Çıplak, B., Yahyaoğlu, Ö., Uluar, O., Doğan, Ö., Başibüyük, H. H., & Korkmaz, E. M. (2022). Phylogeography of *Pholidopterini*: Revising molecular clock calibration by Mid-Aegean Trench. *Insect Systematics & Evolution*, 53(5), 515-535. DOI: <https://doi.org/10.1163/1876312X-bja10033>

- 5- Yahyaoğlu, Ö., Uluar, O., & Çıplak, B. (2022). The genus *Apholidoptera* of *Pholidopterini* (Orthoptera, Tettigoniidae): Molecular phylogeny confirms the generic status. *Zootaxa*, 5120(1). DOI: 143-150. 10.11646/zootaxa.5120.1.9
- 6- Sarıbaş, D., Kaymak, N., Yahyaoğlu, Ö., & Çıplak, B. (2022). Invasive *Coptodon* (Perciformes: Cichlidae) in southwest Turkey: Species identification using sequence data. *Ege Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 39(2). DOI: 135-144. 10.12714/egejfas.39.2.07
- 7- Uluar, O., Yahyaoğlu, Ö., Çıplak, B. (2021). Review of *Uvarovistia* (Orthoptera: Tettigoniidae; Tettigoniinae): genetic data indicate a new cryptic species, *Uvarovistia munzurensis* sp. n. *Zootaxa*, 4952(1), 152-168. DOI: 10.11646/zootaxa.4952.1.9
- 8- Çıplak, B., Yahyaoğlu, Ö., Uluar, O. (2021). Revisiting *Pholidopterini* (Orthoptera, Tettigoniidae): Rapid radiation causes homoplasy and phylogenetic instability. *Zoologica Scripta*, 50(2), 225-240. DOI: <https://doi.org/10.1111/zsc.12463>
- 9- Kaya, S., Chobanov, D., Heller, K. G., Yahyaoğlu, Ö. , Uluar, O., Çıplak, B., (2018). Review of *Poecilimon* species with inflated pronotum: description of four new taxa within an acoustically diverse group. *Zootaxa*, 4462(4), 451-482. DOI: <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4462.4.1>