



**T.C.  
AKSARAY ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

**ANADOLUNUN GÜNEYİNDE YAYILIŞ GÖSTEREN *Anatololacerta*  
CİNSİNİN MOLEKÜLER BELİRTEÇLER KULLANILARAK TÜRLER  
ARASINDAKİ FARKLILAŞMA MİKTARININ TESPİTİ VE TAKSONOMİK  
DURUMUNUN BELİRLENMESİ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**KAMİL CANDAN**

**DANIŞMAN**

**Doç. Dr. TOLGA KANKILIÇ**

**AKSARAY, 2013**

**T.C.**  
**AKSARAY ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**  
**KABUL ve ONAY BELGESİ**

Kamil CANDAN'ın “Anadolu’nun Güneyinde Yayılış Gösteren *Anatololacerta* Cinsinin Moleküler Belirteçler Kullanılarak Türler Arasındaki Farklılaşma Miktarının Tespiti ve Taksonomik Durmunun Belirlenmesi” başlıklı lisansüstü tez çalışması, aşağıdaki jüri tarafından Biyoloji Anabilim Dalında **YÜKSEK LİSANS** tezi olarak kabul edilmiştir.

İmza

**Danışman** : Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ (Aksaray Üniversitesi)

**Üye** : Prof. Dr. Çetin ILGAZ (Dokuz Eylül Üniversitesi)

**Üye** : Yrd. Doç. Dr. Mehmet Karaca (Aksaray Üniversitesi)

Tezin Savunulduğu Tarih : 20/12/2013

|                                             |          |               |
|---------------------------------------------|----------|---------------|
| Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu’ nun | tarih ve | sayılı kararı |
| ile onaylanmıştır.                          |          |               |

Doç. Dr. Selçuk REİS  
Enstitü Müdürü

## ÖNSÖZ

Tez çalışmam boyunca görüş ve fikirleri ile bu çalışmanın olgunlaşmasını sağlayan, her türlü probleme karşı içtenlikle yardımda bulunan ve desteklerini hep hissettiğim danışman hocalarım Doç. Dr. Tolga KANKILIÇ'a ve Yrd. Doç. Dr. Özgür GÜÇLÜ'ye çok teşekkür ederim.

Ayrıca arazi çalışmaları sırasında birlikte bulunduğumuz ve bilimsel gelişimime katkıda bulunan, her zaman maddi ve manevi olarak desteklerini esirgemeyen değerli hocalarım Prof. Dr. Yusuf KUMLUTAŞ, Prof. Dr. Çetin ILGAZ ve Öğr. Gör. Dr. Salih Hakan DURMUŞ'a, laboratuvar çalışmalarımı gerçekleştirmem için gerekli imkanları sağlayan, bilgi ve birikiminden yararlandığım değerli hocam Prof. Dr. Bülent BOZDOĞAN'a, arazi çalışmaları ve analizlerde yardımını aldığım Dr. Panagiotis KORNILIOS'a içtenlikle teşekkür ederim.

Tez çalışmam süresince laboratuvar çalışmalarına katkıda bulunan birlikte çalıştığım dostlarım Ekrem TINAZ, Mehmet ÖZTÜRK ve Sahra KARDEŞ'e, aynı zamanda arazi çalışmalarında da yardımını aldığım Nurettin BEŞER'e teşekkür ederim.

Hayatımın her döneminde arkamda duran, aldığım her kararı destekleyen ve daha küçük yaşlarda hayalini kurduğum bu günlerin gerçek olmasını sağlayan Annem Fatma CANDAN ve Babam Mesut CANDAN'a, benden daha iyi bir biyolog olacağını umduğum Kardeşim Çağlar CANDAN'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Bu tez çalışması TÜBİTAK tarafından 112T269 numaralı proje ile desteklenmiştir.

Bilinmeyi bulmanın peşine düşenlerin bu yoldan vazgeçmemeleri umuyla...

## İÇİNDEKİLER DİZİNİ

|                                                                                 | Sayfa No |
|---------------------------------------------------------------------------------|----------|
| ÖNSÖZ.....                                                                      | i        |
| ÖZET.....                                                                       | iv       |
| ABSTRACT.....                                                                   | v        |
| ŞEKİLLER DİZİNİ.....                                                            | vi       |
| ÇİZELGELER DİZİNİ.....                                                          | vii      |
| SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....                                             | viii     |
| 1. GİRİŞ.....                                                                   | 1        |
| 1.1. Kertenkelelerin Kökeni ve Filogenisi .....                                 | 1        |
| 1.2. Lacertid’lerin Evrimsel Durumu .....                                       | 2        |
| 1.3. Anadolu’nun Biyolojik Önemi .....                                          | 6        |
| 1.4. <i>Anatololacerta</i> (Arnold, Arribas, Carranza, 2007) .....              | 8        |
| 1.4.1. Morfoloji .....                                                          | 9        |
| 1.4.2. Habitat .....                                                            | 12       |
| 1.4.3. Üreme ve beslenme .....                                                  | 13       |
| 1.4.4. Yayılış .....                                                            | 13       |
| 1.5. Moleküler Belirteçler .....                                                | 15       |
| 1.5.1. Mitokondriyal DNA (mtDNA) .....                                          | 15       |
| 1.5.2. Çekirdek DNA (nDNA) .....                                                | 16       |
| 1.6. Genetik Farklılaşma .....                                                  | 18       |
| 1.7. Filogenetik Çıkarımın Mantığı .....                                        | 18       |
| 1.8. Filogenetik Soy Hattı İçin Analiz Yöntemleri .....                         | 19       |
| 2. LİTERATÜR ÖZETİ.....                                                         | 22       |
| 3. MATERYAL VE YÖNTEM.....                                                      | 31       |
| 3.1. Araştırma Bölgesinin Tanıtımı .....                                        | 31       |
| 3.2. Örneklerin Toplanması .....                                                | 31       |
| 3.3. DNA Ekstraksiyonu .....                                                    | 35       |
| 3.3.1. Standart fenol/kloroform DNA ekstraksiyon metodu .....                   | 35       |
| 3.3.2. Invitrogen DNA ekstraksiyon kiti ile izolasyon .....                     | 36       |
| 3.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ve Reaksiyon Koşulları .....             | 36       |
| 3.4.1. Mitokondriyal DNA 16S rRNA gen bölgesinin PCR reaksiyonu koşulları ..... | 36       |
| 3.4.2. Çekirdek DNA C-mos gen bölgesinin PCR reaksiyonu koşulları .....         | 37       |
| 3.5. Elektroforez .....                                                         | 37       |
| 3.6. Sekans Analizi .....                                                       | 38       |
| 3.7. Verilerin Analizi .....                                                    | 38       |

|                                                                                       |           |
|---------------------------------------------------------------------------------------|-----------|
| <b>3.7.1. DNA dizilerinin hizalanması .....</b>                                       | <b>38</b> |
| <b>3.7.2. Haplotip ve nükleotit çeşitliliği .....</b>                                 | <b>38</b> |
| <b>3.7.3. Genetik uzaklığın tespiti.....</b>                                          | <b>39</b> |
| <b>3.7.4. DNA değişim modelinin tespiti .....</b>                                     | <b>39</b> |
| <b>3.7.5. Maksimum olasılık (ML) ve bayesian (BMCMC) analiz .....</b>                 | <b>39</b> |
| <b>4. BULGULAR.....</b>                                                               | <b>41</b> |
| <b>4.1. mtDNA 16S rRNA ve nDNA C-mos Genlerinin Sekans Analizi .....</b>              | <b>41</b> |
| <b>4.1.1. DNA dizilerinin hizalanması .....</b>                                       | <b>41</b> |
| <b>4.1.2. Haplotip dağılımı .....</b>                                                 | <b>41</b> |
| <b>4.1.3. Haplotip (Hd) ve nükleotit (π) çeşitliliği .....</b>                        | <b>41</b> |
| <b>4.1.4. Uzaklık metodu ile filogenetik ağaç oluşturulması (Neighbor-joining) ..</b> | <b>42</b> |
| <b>4.1.5. Maksimum olasılık (ML) analizi ile oluşturulan filogenetik ağaç .....</b>   | <b>43</b> |
| <b>4.1.6. Bayesian analizi sonucu oluşturulan filogenetik ağaç .....</b>              | <b>46</b> |
| <b>5. TARTIŞMA VE SONUÇLAR.....</b>                                                   | <b>48</b> |
| <b>KAYNAKLAR.....</b>                                                                 | <b>51</b> |
| <b>EKLER .....</b>                                                                    | <b>63</b> |
| <b>ÖZGEÇMİŞ .....</b>                                                                 | <b>65</b> |

## ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

Anadolu'nun Güneyinde Yayılış Gösteren *Anatololacerta* Cinsinin Moleküler Belirteçler Kullanılarak Türler Arasındaki Farklılaşma Miktarının Tespiti ve Taksonomik Durmunun Belirlenmesi

KAMİL CANDAN

T.C.

Aksaray Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü  
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman : Doç. Dr. TOLGA KANKILIÇ  
İkinci Danışman : Yrd. Doç. Dr. ÖZGÜR GÜÇLÜ

Avrupa, Asya ile Afrika boyunca yayılış gösteren *Lacertidae* (Oppel, 1811) familyasına giren günümüzde yaklaşık 280 tür vardır. Bu familya içerisinde yer alan ve dağılışı sahasının büyük bir bölümü ülkemiz sınırları içerisinde kalan *Anatololacerta* (Arnold, Arribas ve Carranza, 2007) cinsi, *Anatololacerta danfordi* (Günther, 1876) (Mersin ve Adana civarında), *Anatololacerta anatolica* (Werner, 1902) (Batı Anadolu'da Menderes Nehri'nin kuzeyi ile birlikte Yunanistan'ın Samos Adası'nda) ve *Anatololacerta oertzeni* (Werner, 1904) (Batı Toroslar ve Büyük Menderes Nehri'nin güneyi ile birlikte, Yunanistan'ın Ikaria, Rodos ve etrafındaki adalarda) olmak üzere 3 tür içermektedir.

Söz konusu cinsin özellikle alttür ayrımı başta olmak üzere taksonomik durumu oldukça karışık olup, bu durum birçok tartışmayı da beraberinde getirmektedir. *Anatololacerta* cinsinin taksonomisi üzerine var olan çalışmaların pek çoğu morfolojik karakterlere dayalı olup bu cinse ait populasyonların genetik yapısını belirlemeye yönelik fazla çalışma bulunmamaktadır. Bu çalışma ile Batı Toroslar'da yayılış gösteren *A. oertzeni* ve *A. danfordi* populasyonlarının genetik yapısı ve bu iki türün varlığının tespit edildiği aynı lokalitelerdeki bireylerin taksonomik durumu ortaya konulmaya çalışılmıştır. Bu amaçla, mitokondriyal DNA'nın 16S rRNA (ribozomal RNA) gen bölgesi ve çekirdek DNA'nın C-mos (oosit olgunlaştırıcı faktör) gen bölgesi kullanılmıştır.

Mitokondriyal DNA'nın 16S rRNA gen bölgesi için 18 haplotip bulunurken, nDNA'nın C-mos gen bölgesi için 8 haplotip bulunmuştur. Filogenetik yaklaşım için gerçekleştirilen maksimum olasılık ve bayesiyan analizleri neticesinde genetiksel olarak dört farklı grup ortaya çıkmıştır. *A. danfordi* ve *A. ozertzeni* ile birlikte iki yeni soy hattının varlığı tespit edilmiş ve bu yeni gruplardan birinin Korkuteli'nde (Antalya), diğerinin ise Akseki (Antalya), Sertavul Geçidi (Karaman), Avsallar (Antalya), Gazipaşa (Antalya), Manavgat (Oymapınar Barajı-Antalya), Konaklı (Antalya) ve Gülnar'da (Mersin) olduğu ortaya çıkmıştır.

2013, 66 Sayfa

**Anahtar Kelimeler :** *Anatololacerta*, mtDNA, nDNA, Populasyon Genetiği, Sistemik, Moleküler Filogeni.

## ABSTRACT

Master of Science Thesis

Determination of the Taxonomic Status of *Anatololacerta* spp. Which Distributed in Southern Anatolia and Differentiation Between Its Species by Using Molecular Markers

KAMİL CANDAN

T.R.

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

Supervisor : Assoc. Prof. Dr. TOLGA KANKILIÇ

Co-Supervisor : Assist. Prof. Dr. ÖZGÜR GÜÇLÜ

The lizard family *Lacertidae* Oppel, 1811, one of the largest families of squamate reptiles, consists of about 280 species and spreads through Eurasia and Africa. Recently, *Anatololacerta*, mainly distributes in Turkey, was morphologically split into three species; *Anatololacerta danfordi* (Günther, 1876) (Mersin and Adana province), *Anatololacerta anatolica* (Werner, 1902) (north of River Menderes and island of Samos of Greece) and *Anatololacerta oertzeni* (Werner, 1904) (western Taurus, south of River Menderes and islands of Ikaria and Rhodos of Greece).

There are a lot of debates, especially its subspecies status about taxonomic status of *Anatololacerta*. Most of the taxonomic studies were based on morphology and there was a few studies on population genetics of *Anatololacerta*. The aim of the study was provide data on the genetic structure of *Anatololacerta* and evaluate taxonomic status of populations situated on western Taurus, Turkey. For this purpose, mitochondrial DNA 16S (ribosomal RNA) and nuclear DNA C-mos (Oocyte mutaration factor) sequences were used.

18 and 8 haplotypes for mtDNA 16S rRNA and C-mos gene regions were identified respectively. Phylogenetic analyses were carried out using Maximum Likelihood (ML) and Bayesian Inference (BI) methods. The phylogenetic relationships pointed out four lineages of *Anatololacerta*. This genetic structuring show us to evaluate the two populations as an “new clades”, one of them is from Korkuteli (Antalya), the other one is from Akseki (Antalya), Sertavul Pass (Karaman), Avsallar (Antalya), Gazipaşa (Antalya), Manavgat (Oymapınar Dam-Antalya), Konaklı (Antalya) and Gülnar (Mersin) except *A. danfordi* and *A. oertzeni* which have been morphologically identified.

**2013, 66 Pages**

**Keywords** : *Anatololacerta*, mtDNA, nDNA, Population Genetics, Systematics, Molecular Phylogeny.

## ŞEKİLLER DİZİNİ

|                                                                                                                       | Sayfa No |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------|
| Şekil 1.1. Squamatların morfolojiye dayalı taksonomisi .....                                                          | 2        |
| Şekil 1.2. Rag-1 ve C-mos gen bölgelerinin analizi sonucu elde edilen<br>ML filogramı .....                           | 3        |
| Şekil 1.3. Lacertidae taksonomisinin genel durumu .....                                                               | 4        |
| Şekil 1.4. 4522 baz mtDNA verisinin (Fu, 2000) yeniden analizi sonucu<br>oluşturulan ML ağacı .....                   | 5        |
| Şekil 1.5. 1014 baz mtDNA verisinin (Harris, 1998) yeniden analizi<br>sonucu oluşturulan ML ağacı .....               | 6        |
| Şekil 1.6. <i>Anatololacerta</i> cinsine ait bir bireyin genel görünümü .....                                         | 9        |
| Şekil 1.7. <i>Anatololacerta oertzeni</i> türüne ait bir bireyin genel görünümü..                                     | 10       |
| Şekil 1.8. <i>Anatololacerta oertzeni</i> türüne ait bir bireyin alttan görünümü..                                    | 10       |
| Şekil 1.9. <i>Anatololacerta danfordi</i> türüne ait bir bireyin genel görünümü..                                     | 11       |
| Şekil 1.10. <i>Anatololacerta danfordi</i> türüne ait bir bireyin alttan görünümü.                                    | 11       |
| Şekil 1.11. <i>Anatololacerta</i> cinsine ait bireylerin tipik biyotopları .....                                      | 12       |
| Şekil 1.12. <i>Anatololacerta</i> cinsinin IUCN verilerine göre yayılış alanları ...                                  | 14       |
| Şekil 3.1. Çalışmada kullanılan örneklerin toplandığı lokaliteler .....                                               | 32       |
| Şekil 4.1. 16S rRNA ve C-mos gen bölgelerinin birlikte analizi sonucu<br>elde edilen NJ ağacı .....                   | 43       |
| Şekil 4.2. 16S rRNA gen bölgesinin ML analizi sonucu elde edilen<br>filogenetik ağaç .....                            | 45       |
| Şekil 4.3. 16S rRNA ve C-mos gen bölgelerinin birlikte ML analizi<br>sonucu elde edilen filogenetik ağaç .....        | 46       |
| Şekil 4.4. 16S rRNA ve C-mos gen bölgelerinin birlikte Bayesiyan<br>analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç ..... | 47       |



## ÇİZELGELER DİZİNİ

|                                                                                                                  | Sayfa No |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------|
| <b>Çizelge 3.1.</b> Çalışmada kullanılan örnekler, lokaliteleri ve haplotiplerin gen bankası kodu .....          | 33       |
| <b>Çizelge 3.2.</b> Mitokondriyal DNA 16S rRNA gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri ..... | 37       |
| <b>Çizelge 3.3.</b> nDNA C-mos gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri .....                 | 37       |
| <b>Çizelge 4.1.</b> Populasyonlara göre haplotip (Hd) ve nükleotit çeşitliliği ( $\pi$ )                         | 42       |

## SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

|              |                                                                                          |
|--------------|------------------------------------------------------------------------------------------|
| <b>EDTA</b>  | Etilen Diamin Tetraasetik Asit                                                           |
| <b>Hd</b>    | Haplotip Çeşitliliği                                                                     |
| <b>IUCN</b>  | The International Union for Conservation of Nature<br>(Uluslararası Doğa Koruma Birliği) |
| <b>mtDNA</b> | Mitokondriyal DNA                                                                        |
| <b>MYÖ</b>   | Milyon Yıl Önce                                                                          |
| <b>N</b>     | Birey Sayısı                                                                             |
| <b>nDNA</b>  | Çekirdek DNA                                                                             |
| <b>SDS</b>   | Sodyum Dodesil Sülfat                                                                    |
| <b>π</b>     | Nükleotit Çeşitliliği                                                                    |





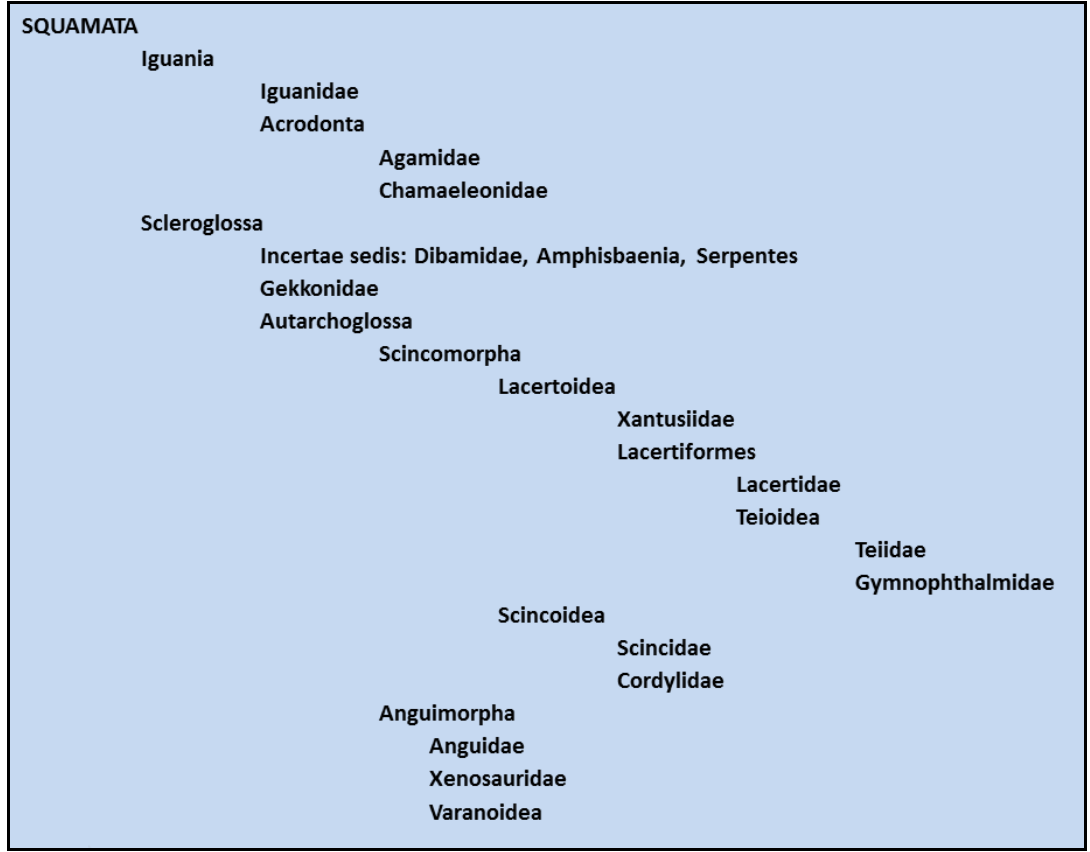
# 1. GİRİŞ

## 1.1. Kertenkelelerin Kökeni ve Filogenisi

Fosil kayıtlardan anlaşıldığı üzere, amniyotlar günümüzden yaklaşık 300 milyon yıl önce (MYÖ) ortaya çıkmışlar ve 250 MYÖ'ye kadar da temel grupları olan memeliler, kuşlar, timsahlar, kaplumbağalar, squamatlar ve sphenodontidler olarak çeşitlenmişlerdir (Carroll, 1987; Laurin ve Reisz, 1995).

Squamatlar kertenkele olarak adlandırılan tüm sürüngenler ile bacaksızlar olarak bilinen; yılanlar, Amphisbaenian'lar ve Dibamid'leri içermektedir. Bu grubun en yakın akrabasının Yeni Zelanda'daki Tuatara'lar olduğu kabul görmektedir (Reynoso, 2000; Evans vd., 2001).

Morfolojik karakterlere dayalı çalışmalara bakıldığında squamatlar içerisinde Anguimorpha, Iguania ve Scleroglossa gibi grupların taksonomik durumu netlik kazanmıştır (Estes vd., 1988; Lee, 1998; Reynoso, 1998; Lee ve Caldwell, 2000). Iguania ve Scleroglossa grupları arasında dikotomik (iki temel grup) bir durum söz konusudur (Şekil 1.1). Diğer yandan, günümüze kadar yapılan çalışmalarda squamatlar içine giren çoğu grubun taksonomik durumları netlik kazanmamıştır. Örneğin bacaksızlar kladını taksonomik olarak değerlendirirken açık ve net ifadeler kullanmak her zaman zor olmuştur. Çünkü bacaksız formlarda çok sayıda morfolojik karakter bulunmamaktadır. Bu tip canlılarda kazıcı bir yaşam tarzı hakimdir ve kranial morfolojileri kazıcı olmayan squamatlara göre çeşitli değişikliklere uğramıştır (Lee, 1998; Lee ve Caldwell, 1998; Zaher ve Rieppel, 1999). Bununla birlikte, yaklaşık 2900'ün üzerinde tür içeren ve Antartika dışında tüm karalarda ve çok farklı habitatlarda yayılış gösteren yılanlar için de durum pek farklı değildir (Pough vd., 2004). Amphisbaenian grubuna bakıldığında ise çok daha benzer bir durum söz konusudur. Bu grup üyeleri tamamen kazıcı yapıdadır ve Güney Amerika'dan Kuzey Afrika'ya kadar geniş bir dağılış alanına sahiptirler. Her ne kadar bacaksız olan yılanlar, Amphisbaenian'lar ve Dibamid'ler filogenetik olarak kendilerini diğer squamatların dışına koysa da, çok sayıda araştırmacı bu üç grubun kertenkeleler ile aynı atasal soydan geldiğini düşünmektedir (Estes vd., 1988; Lee ve Caldwell, 2000; Townsend vd., 2004).



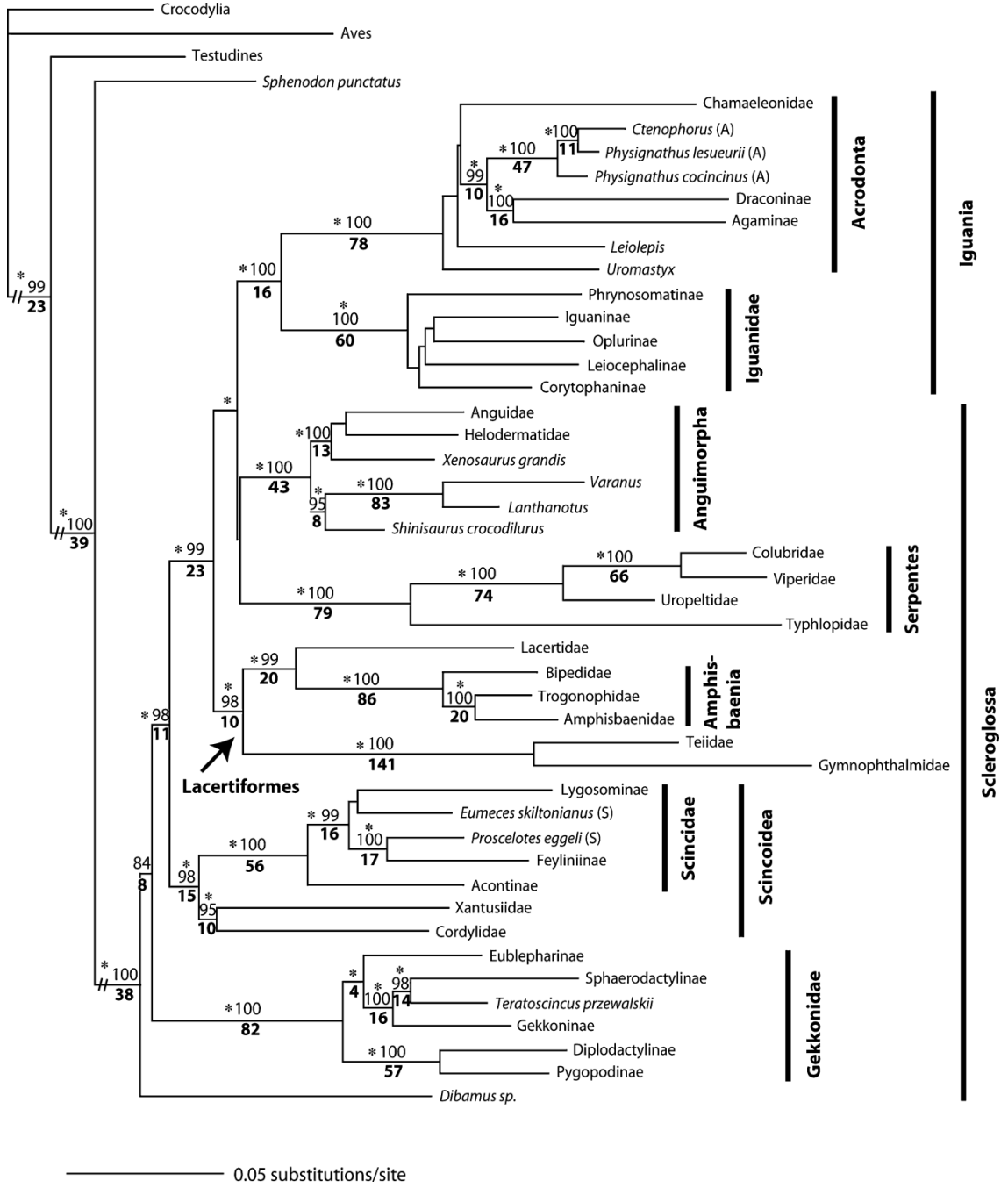
**Şekil 1.1.** Squamatların morfolojiye dayalı taksonomisi (Townsend vd., 2004)

Townsend vd., (2004), gerçekleştirdikleri çalışmada, yılanlar, Amphisbaenian'lar ve kertenkeleler arasında taksonomik açıdan bir yakınlık olabileceğini ortaya koymuşlardır (Şekil 1.2). Araştırmacılar gerçekleştirdikleri filogenetik çalışmalarda squamat grubuna giren taksonları belirlemeye çalışmışlardır. Buna göre, Iguania grubunun Scleroglossa grubu ile kardeş takson olduğu, Dibamid kertenkelelerin ise squamatların içerisinde diğerlerinden ayrılan ilk grup olduğu tespit edilmiştir. Günümüze kadar Scleroglossa içinde yer alan bazı taksonlar hariç hemen hemen bütün squamat familyalarının monofiletik oldukları belirlenmiştir (Townsend vd., 2004).

## 1.2. Lacertid'lerin Evrimsel Durumu

Lacertidae familyası Avrupa, Asya ve Afrika'da yayılış gösteren yaklaşık 280 tür içermektedir. Morfolojik karakterlere dayalı çalışmalara göre paleartik ile oryental grup ilkel form olarak tanımlanmıştır (Arnold, 1989). Lacertidae grubu muhtemelen ilk olarak Gallotiinae üyelerinin Kuzey-Batı Afrika ve Kanarya Adaları'na ulaşması ve

Eremiadini atasal formunun Afrika'ya istila etmesiyle Avrupa ana karasına yerleşmiştir (Arnold vd., 2007).



Şekil 1.2. Rag-1 ve C-mos gen bölgelerinin analizi sonucu elde edilen ML filogramı (Townsend vd., 2004)

Lacertini günümüz Avrupa coğrafyasında yayılmış durumdadır. Grubun geneline bakıldığında özellikle 3 takson grubu geniş bir yayılış alanına sahiptir: *Lacerta-Timon*; *Algyroides* ve *Podarcis*. Tüm Avrupa Lacertid'leri kendi içlerinde farklı taksonların

aynı bölgeyi işgal etmesiyle kesintiye uğratılan tekrarlı bir dağılış göstermektedirler (Arnold vd., 2007).

Günümüzde kullanılan moleküler belirteçler, Lacertid'lerin evrimsel ilişkileri açısından morfolojik karakterlere ek katkı sağlamış ve grubun taksonomisinin anlaşılmasında güçlü kanıtlar ortaya koymuştur. Son yıllarda gerçekleştirilen bu moleküler analizler ile birlikte grubun Amphisbaenia ile kardeş grup olduğu ileri sürülmektedir (Townsend vd., 2004, Vidal ve Hedges, 2004).

DNA dizi analizleri Lacertidae familyasının Gallotiinae ve Lacertinae olmak üzere iki alt familyaya ayrıldığını ortaya koymuştur. Bunlardan Lacertinae alt familyası, Afrika, Güneybatı ile Orta Asya'da yayılış gösteren Eremiadini ve Avrupa, Kuzeybatı Afrika ile Doğu Asya'da yayılış gösteren Lacertini olarak iki farklı monofiletik gruba (Tribus) ayrılmıştır (Şekil 1.3).

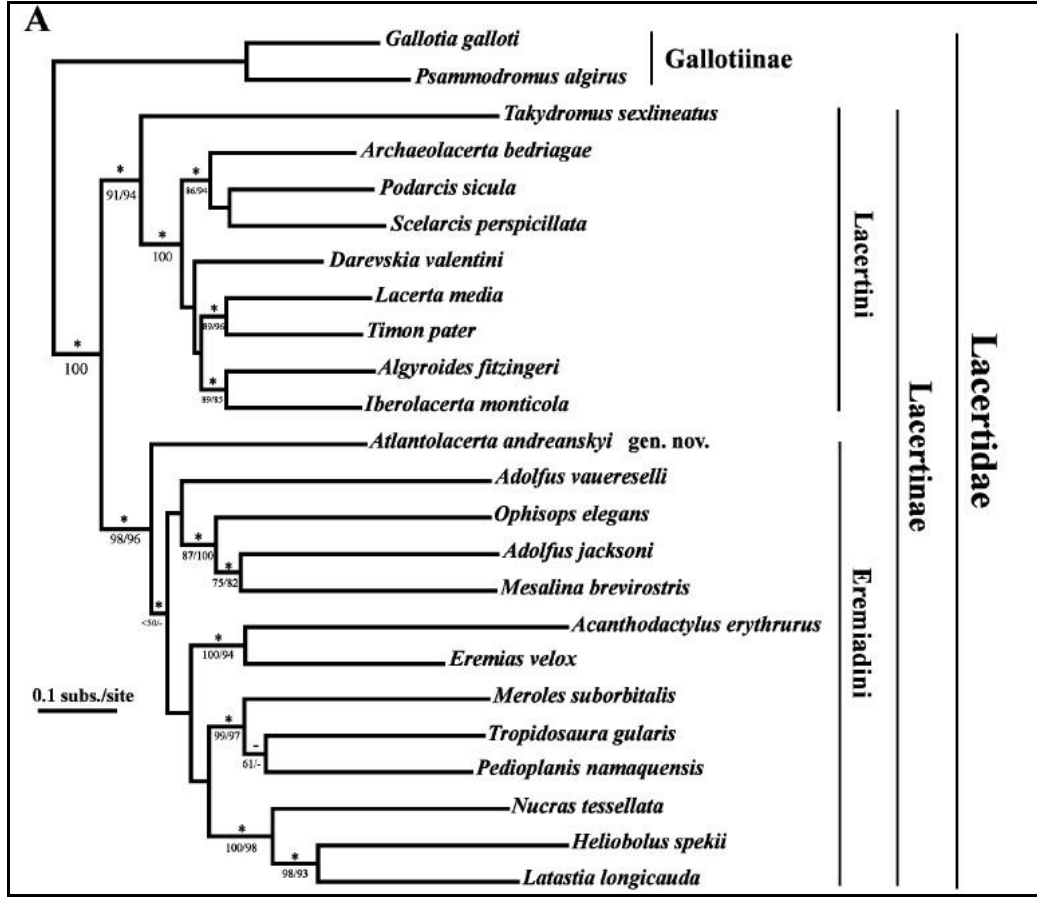
|              |                                           |
|--------------|-------------------------------------------|
| Alem:        | Animalia                                  |
| Şube:        | Chordata                                  |
| Sınıf:       | Reptilia                                  |
| Takım:       | Squamata                                  |
| Familya:     | Lacertidae                                |
| Alt Familya: | Lacertinae                                |
| Tribus:      | Lacertini ( 4-10 cins, yaklaşık 108 tür ) |
| Tribus:      | Eremiadini ( 18 cins, yaklaşık 155 tür )  |

**Şekil 1.3.** Lacertidae taksonomisinin genel durumu (Arnold vd., 2007)

Lacertidae familyası üzerine hem morfolojik hem de moleküler verilerin kullanıldığı ilk çalışma Harris vd., (1998), tarafından gerçekleştirilmiştir. Araştırmacılar 49 takson üzerinden yaptıkları çalışmada mitokondriyal DNA'nın toplam 1049 baz çiftini (sitokrom b, 12S rRNA ve 16S rRNA) kullanarak Lacertidae üyelerinin taksonomik durumu hakkında önemli bilgiler vermişlerdir. Fu (2000), mtDNA'nın 4708 baz uzunluğundaki (sitokrom b, 12S rRNA, 16S rRNA ve COI) kısmı ile 26 takson arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymuştur. Arnold vd., (2007), Harris ve Fu'nun kullandığı DNA veri setlerini tekrar analiz ederek familya içindeki filogenetik ilişkiyi



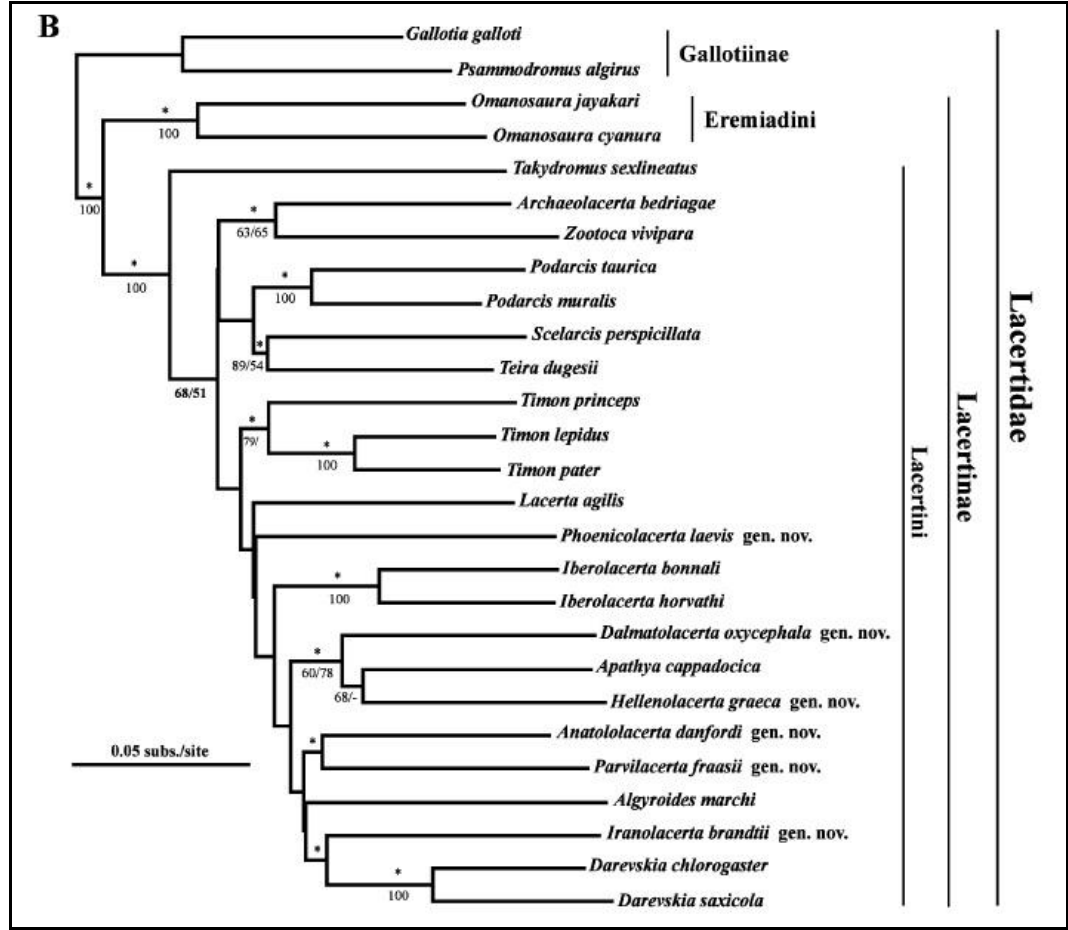
yeniden ortaya koymuşlardır Buna göre, Gallotiinae (Gallotia+Psammodromus) grubu geriye kalan Lacertidae üyeleri ile kardeş taksondur (Şekil 1.4 ve Şekil 1.5). Ayrıca bu çalışma ile Lacertidae üyelerinin yaklaşık 12 ile 15 milyon yıl önce çeşitlendiği hesaplanmıştır.



**Şekil 1.4.** 4522 baz mtDNA verisinin (Fu, 2000) yeniden analizi sonucu oluşturulan ML ağacı (Arnold vd., 2007)

Mayer ve Pavlicev (2007), çekirdek DNA'nın Rag-1 ve C-mos gen bölgelerini kullanarak gerçekleştirdikleri çalışma ile Arnold vd., (2007), tarafından ortaya konulan bulguları desteklemişlerdir.

Kapli vd., (2011), gen bankasından temin ettikleri Lacertidae familyasına dahil 40 cinse ait dört mitokondriyal gen (16S rRNA, 12S rRNA, cyt b ve COI) ve iki nüklear gen (C-mos ve Rag-1) dizilerini tekrar analiz etmişlerdir. Ana taksonomik kategorilerde Mayer ve Pavlicev (2007), ve Arnold vd., (2007), tarafından ortaya konulan sonuçları doğrulamışlardır.



**Şekil 1.5.** 1014 baz mtDNA verisinin (Harris, 1998) yeniden analizi sonucu oluşturulan ML ağacı (Arnold vd., 2007)

### 1.3. Anadolu'nun Biyolojik Önemi

Anadolu'nun da içerisinde yer aldığı Akdeniz Havza'sı dünya üzerinde biyoçeşitliliğin yüksek olduğu bölgelerden birisi olarak bilinmektedir ve üç farklı "hotspot" yani sıcak noktayı içermektedir (Akdeniz, Kafkasya ve İran-Anadolu) (Myers vd., 2000; Mittermeier vd., 2004; Salvi vd., 2010). Bölgenin bu denli önemli bir biyolojik çeşitliliği üzerinde barındırması sahip olduğu kompleks bir jeolojik tarih ve paleocoğrafik evrimi ile ilişkilendirilmektedir (Cavazza ve Wezel, 2003).

Akdeniz karası düşünüldüğünde yükseklik ve yüzey farklılıklarının çok sayıda farklı habitat tiplerini ortaya çıkardığı görülmektedir (Salvi vd., 2010). Bu farklı habitat sistemi içinde Güney Avrupa omurgalı faunasının Orta ve Kuzey Avrupa'ya kıyasla daha fazla tür zenginliği içerdiği ve endemizm oranının yüksek olduğu görülmektedir (Meliadou ve Troumbis, 1997; Baquero ve Telleria, 2001). Birçok çalışmada bu durum

Pleistosen döneminde ortaya çıkan bir buzul süreçlerinin sonucu olarak gösterilmektedir (Hewitt, 1996; 1999; Taberlet vd., 1998). Bu hipoteze göre, Avrupa'nın güneyindeki bazı bölgelerin buzul çağlarında türler için sığınak oluşturması ve bu sayede yok olma oranını düşük tutmasından kaynaklanmaktadır. Diğer bir hipotezde ise, bölgenin kompleks topografyasına dikkat çekilmekte ve çok sayıda dağ sırasının kolonileşme olayına izin verecek şekilde popülasyonların yerleşebileceği habitat ayrımını sağladığı ileri sürülmektedir (Garcia-Barros vd., 2002). Bu şekilde, bir yandan buzul çağlarında sığınak görevi gören Güney Avrupa diğer yandan kolonileşme sayesinde barındırdığı türlerin çeşitlenmesinde etkin bir rol almıştır.

Fakat her ne kadar bu sığınak sistemi günümüz türlerinin şuan ki coğrafik dağılımlarının en geçerli açıklaması gibi görünse de özellikle bazı gruplar için tek başına yeterli değildir (Crochet vd., 2004). Örneğin sıcak kanlı omurgalı türleri arasındaki genetik ayrım Pleistosen'den önceye dayanmaktadır ve farklı bir açıklama gerektirmektedir (Avise vd., 1998; Johns ve Avise, 1998).

Avrupa'nın güneyinde yer alan Anadolu geçmişten günümüze Asya, Avrupa ve Orta Doğu arasında türlerin dağılımı açısından kimi zaman bir köprü, kimi zaman ise bir bariyer olarak davranmıştır. Bazı periyotlarda türler için doğal bir geçiş yolu sağlarken, biyolojik tarihin bazı dönemlerinde ise bir vikaryant ajan olarak ortaya çıkmaktadır (Tchernov, 1992; Kornilios vd., 2011). Örneğin; Kvarterner devrinde buzul dönemlerde popülasyonları saklarken, buzularası dönemlerde bunların Trakya yardımı ile Avrupa'ya ve Kafkas'lara hareket etmelerine olanak vermiştir (Hewitt, 2001). Bu periyotlarda tekrarlayan sıcaklık dalgalanmaları Anadolu popülasyonlarını güneyden kuzeye ve tam tersi yönde itmiştir (Çıplak, 2003; Kornilios vd., 2011).

Anadolu ve aslında köken aldığı Ege Levhası, Tetis ve Paratetis ile sürekli ilişki içinde uzun bir paleocoğrafik tarihe sahiptir. Paleojen-Eosen döneminde Ege Tetise gömülü halde bir takımadalar durumundaydı. Eosen-Oligosen'e gelindiğinde ise (yaklaşık 34 MYÖ), Paratetis şekillenmeye başlamış, Anadolu'nun Asya ile bağlantısı kurulmuştur. Bu sırada Avrupa ile herhangi bir bağlantısı yoktur ve Orta Doğu ortaya çıkmamıştır. Bu aşamadan sonra, tektonik hareketler ile hayvanların coğrafik dağılımını ve evrimini etkileyen çok sayıda bağlantı ve bu bağlantıların kopması olayı Anadolu, Avrupa, Asya ve Afrika arasında gerçekleşmiştir. Belli periyotlarda (örneğin 20-23 MYÖ) Anadolu bir ada iken, bazı dönemlerde ise (16 ve 13.5 MYÖ) kıtasal yakınlaşmalar ile Avrupa ve

Asya arasında bir köprüye dönüşmüştür (Rögl, 1999; Koufos vd., 2005; Kornilios vd., 2011).

Aynı zamanda şiddetli iklimik değişimler de bu alanda yaşayan hayvanların biyocoğrafik ve evrimsel hikayesinde anahtar bir rol oynamaktadır. İklimatik dalgalanmalar daha nemli ve daha kuru koşullar arasında habitat ve büyük biotaların periyodik modifikasyonlarında tekrarlayan değişimlerin oluşmasını sağlarlar (Rognon, 1993; Anhuf, 2000; Prentice ve Jolly, 2000; Douady vd., 2003; Schuster vd., 2006).

Tüm bu nitelikler Anadolu'yu hayvan ve bitki çeşitliliğinin oluşması ve sürdürülmesinde önemli bir rol oynayan biyolojik olarak farklı bir bölgeye dönüştürmektedir.

#### **1.4. *Anatololacerta* (Arnold, Arribas, Carranza, 2007)**

*Zootoca danfordi* Günther, 1876

Sinonimler: *Lacerta danfordi* Engelmann, 1993

*Archaeolacerta danfordi* Sindaco vd., 2000

*Anatololacerta danfordi* Arnold vd., 2007

Alt türler: *Anatololacerta danfordi danfordi* Günther, 1876

*Anatololacerta danfordi bileki* Eiselt ve Schmidtler, 1986

*Lacerta anatolica* Werner, 1902

Sinonimler: *Lacerta danfordi anatolica* Langerwerf, 1981

*Anatololacerta anatolica* Arnold vd., 2007.

Alt türler: *Anatololacerta anatolica anatolica* Werner, 1900

*Anatololacerta anatolica aegaea* Eiselt ve Schmidtler, 1986

*Lacerta oertzeni* Werner, 1904

Sinonimler: *Lacerta danfordi oertzeni* Engelmann, 1993

*Anatololacerta oertzeni* Arnold vd., 2007

Alt türler: *Anatololacerta oertzeni oertzeni* Werner, 1904

*Anatololacerta oertzeni budaki* Eiselt ve Schmidtler, 1986

*Anatololacerta oertzeni finikensis* Eiselt ve Schmidtler, 1986

*Anatololacerta oertzeni ibrahimi* Eiselt ve Schmidtler, 1986

#### 1.4.1. Morfoloji

*Anatololacerta* cinsine ait bireylerin vücut boyları 25 cm ile 40-45 cm arasında değişebilmektedir. Gövdenin sırt yüzü açık mavimsi yeşilden açık kahverengine kadar değişir. Ayrıca gövdenin yan kısımlarında birer şerit mevcuttur ve bu şeritler burun delikleri arkasından başlayarak bacak kaidelerine kadar devam eder (Şekil 1.6, 1.7 ve 1.9). Gövde altı ise, sırt ortasının rengine yakın olup daha açıktır (Şekil 1.8 ve 1.10). Erginlerde başın üstü kahverengi yeşildir. Üreme dönemini olan İlkbahar ve yaz başında ise kırmızı bir renk alır. Başları simetrik plaklarla örtülüdür. Serbest göz kapakları vardır ve göz bebekleri yuvarlaktır. Kulak delikleri her zaman mevcuttur. Dilleri uzunca ve uçları çatallıdır. Karın kısmında uzunlamasına ve enine plaklar mevcuttur. Arka bacakların alt kısmında femoral delikler bulunur. Bu femoral deliklerin sayısı 18-25 arasında değişebilmektedir. Erginlerde eşeyssel dimorfizm görülmektedir ve erkekler genellikle dişilerden daha büyüktür (Başoğlu ve Baran, 1998; Baran vd., 2012).



**Şekil 1.6.** *Anatololacerta* cinsine ait bir bireyin genel görünümü

Erginlerde yedi adet premaksillar diş bulunurken, hiçbirisi pterigoid dişe sahip değildir. Premaksillanın nasal çıkıntısı incedir. Postfrontal ve postorbital kemikler ayrılmış ve neredeyse aynı uzunluktadırlar. Supraocular osteoderm ise erişkinlerde genellikle bütündür. Presacral vertebralar (omur) erkeklerde 26-27, dişilerde ise 27 adettir. Yedi ya da sekiz adet omur kaburgaya bağlıdır. İnterclavikulanın yan kolları sagittal aksise kadar

hemen hemen diktir. Sternal fontanel ovaldir. Kuyruk omurları C-tipidir (Başoğlu ve Baran, 1998; Arnold vd., 2007).



Şekil 1.7. *Anatololacerta oertzeni* türüne ait bir bireyin genel görünümü



Şekil 1.8. *Anatololacerta oertzeni* türüne ait bir bireyin alttan görünümü





**Şekil 1.9.** *Anatololacerta danfordi* türüne ait bir bireyin genel görünümü



**Şekil 1.10.** *Anatololacerta danfordi* türüne ait bir bireyin alttan görünümü

#### 1.4.2. Habitat

*Anatololacerta* cinsine dahil örneklere dere kenarları gibi su kaynaklarının çevresindeki kayalık zeminler ve taş duvarlarda rastlamak mümkündür (Şekil 1.11). Çalı tipi bitkilerin kapladığı kayalıklar bu canlıların yuva tercihinde ilk sıradadır. Deniz seviyesinde bulunabildikleri gibi 1500 m. yükseklere kadar çıkabilirler (Baran vd., 2012).



Şekil 1.11. *Anatololacerta* cinsine ait bireylerin tipik biyotopları

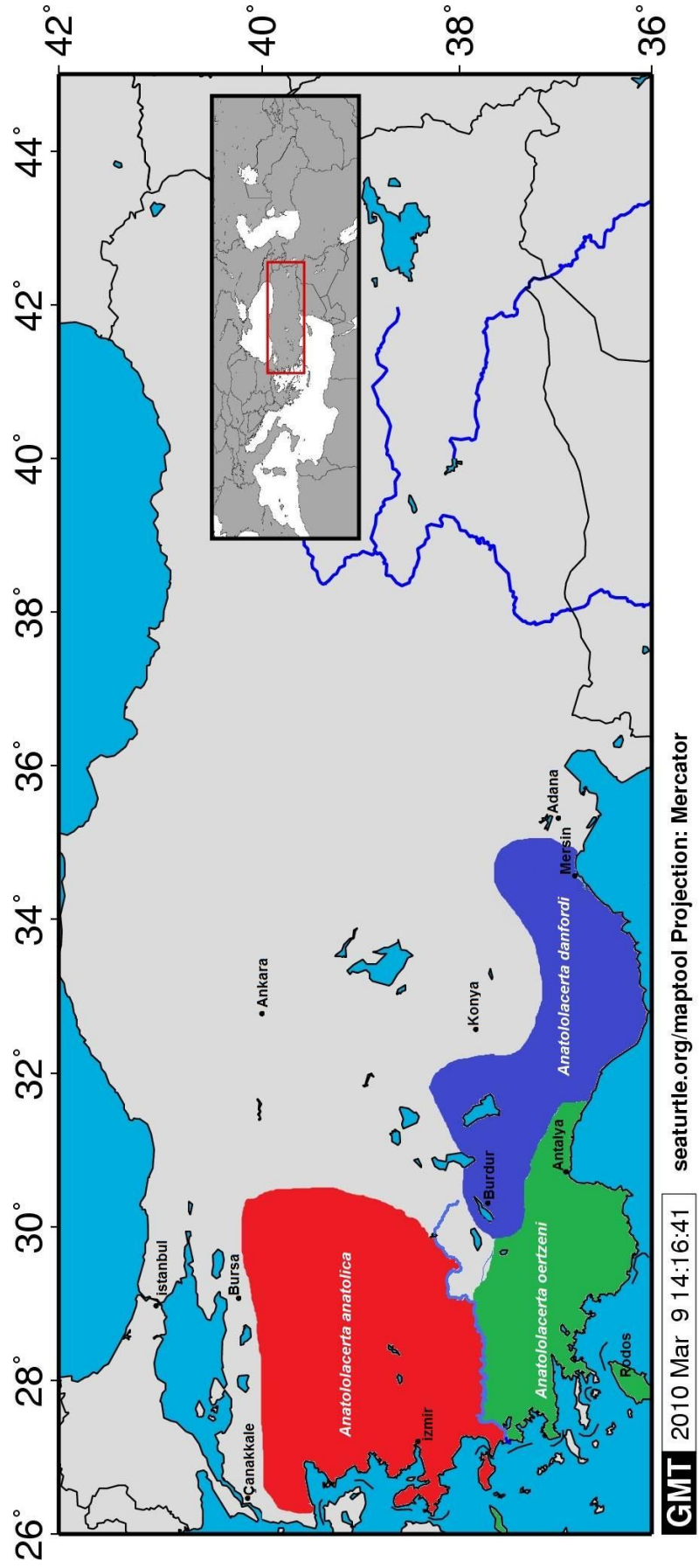


#### 1.4.3. Üreme ve beslenme

Nisan, Mayıs ve özellikle yüksek lokalitelerde Haziran aylarında gerçekleşen çiftleşmenin ardından bir dişi ortalama 3-8 yumurta bırakır. Üreme sezonunda baş altı ve boyun tuğla kırmızısı rengi alırken, nadiren erkeklerde mavimsi olduğu bireyler de vardır. Beslenme diyetini genellikle böcek türleri oluşturur (Başoğlu ve Baran, 1998; Baran vd., 2012).

#### 1.4.4. Yayılış

*A. oertzeni*, Türkiye'nin Güneybatı kıyı kesiminde Büyük Menderes Nehri'nin güney kısmı ile Rodos, Ikaria ve civarındaki adalarda yer almaktadır. *A. danfordi* ise, Türkiye'nin güney kesimindeki Mersin ve Adana civarında yayılışa sahiptir. Şekil 1.12'de verilen ve IUCN tarafından oluşturulan yayılış haritasında gösterilmemesine rağmen Adana'nın kuzeyinde yer alan Kozan-Feke-Saimbeyli lokaliteleri de *A. danfordi*'nin dağılış sahası içinde yer almaktadır.



Şekil 1.12. *Anatololacerta* cinsinin IUCN verilerine göre yayılış alanları

## 1.5. Moleküler Belirteçler

### 1.5.1. Mitokondriyal DNA (mtDNA)

İnsan ve hayvan mtDNA'sı yaklaşık olarak 17 kb. uzunluğunda ve halkasal olup, bütün genomun yaklaşık %1'inden daha azını oluşturmaktadır (Davidson vd., 1989). Hayvanlarda mtDNA 13 protein kodlayan gen, 22 transfer RNA ve 2 ribozomal RNA (12S: omurgalılarda yaklaşık 900 baz çifti ve 16S: omurgalılarda yaklaşık 1600 baz çifti) bölgesi içermektedir. Aynı zamanda replikasyon ve transkripsiyon başlangıcı için bir de kontrol bölgesi (*D-loop*) mevcuttur. Sitokrom b, sitokrom c oksidaz'ın 3 alt birimi (Cyt c I, II, III), ATP sentetaz'ın 2 alt birimi (ATPaz 6 ve 8) ve NADH dehidrojenaz'ın 7 alt birimi (ND1, 2, 3, 4, 4L, 5, 6) protein kodlayan genlerdir. Bu genlerden sitokrom oksidaz ve sitokrom b'yi kodlayan genler en fazla korunmuş bölgeler iken, NADH dehidrojenaz ve ATPaz genleri yüksek oranda farklılık göstermektedir.

Mitokondriyal tRNA genleri ise mitokondriyal genin kendi içerisinde korunmuş yapılarına rağmen çekirdek tRNA genleri ile karşılaştırıldığında 100 kez daha hızlı evrimleşmektedir (Brown vd., 1982; Meyer, 1993). Mitokondriyal DNA içerisindeki bu korunaklı durumu sayesinde polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) için gerekli olan primerler kolayca dizayn edilebilmektedir. Fakat baz uzunluklarının kısa olmasından dolayı filogenetik çalışmalarda çok fazla tercih edilmezler.

Mitokondriyal DNA'nın popülasyon genetiği çalışmalarında kullanılmasının birçok sebebi vardır. Bunlardan ilki, mutasyon oranının yüksek olmasıdır. Özellikle popülasyon genetiği ve filogenetik gibi genom üzerindeki farklılıkların karşılaştırılmasına dayalı alanlarda mutasyon oranlarının durumu önemlidir. Mutasyona bağlı değişimler canlı grupları arasında değişkenlik gösterdiği gibi, genom üzerindeki farklı bölgelerde de değişik sıklıklarda rastlanılmaktadır. Örneğin, nükleer DNA ile karşılaştırıldığında mtDNA'nın daha yüksek mutasyona sahip olduğu görülmektedir ve bu durum herhangi bir mutasyon sırasında daha etkisiz-zayıf bir tamir mekanizmasına sahip olmasına bağlanmaktadır (Crozier ve Crozier, 1993). Mitokondrinin iç zarında meydana gelen oksidatif fosforilasyon sonucunda açığa çıkan oksijen radikalleri mtDNA üzerinde mutasyonlar oluşturmaktadır. Öyle ki, bu radikallerin etkisiyle O6-metilguanin, Timinle eşleşerek C:G çiftlerinin T:A çiftleri ile yer değiştirmesine yol

açar. Oysa bir tamir mekanizmasının var olduğu hücrelerde O6-metiltransferaz enzimi metil grubunu bir sistein yan zincirine taşıyarak hücre membranından uzaklaştırır ve bu tarz bir mutasyonun önüne geçer (Crozier ve Crozier, 1993; Klug vd., 2006). Nedeni ne olursa olsun, mtDNA bu yüksek mutasyon oranı sebebiyle hem populasyonlar arası hem de populasyon içi genetik polimorfizm oluşturmaktadır. İşte bu polimorfik bölgeler populasyon genetiği ve evrimsel analiz çalışmaları için uygun veriler sağlamaktadır.

Mitokondriyal DNA, daha karmaşık bir yapıda olan nüklear genom ile karşılaştırıldığında küçük boyutlu yapısı sayesinde kolay analize imkan verir. Ayrıca yine çekirdek DNA'sından farklı olarak hücre içinde çok sayıda kopya DNA içermesi sebebiyle özellikle hayvan dokularından yeterli miktarda DNA izole edilebilir (Rokas vd., 2003). Farklı hayvan türlerinde mitokondriyal genlerin bazılarında farklılıklar olsa da; tüm yapısı, boyutu ve genlerin düzenlenişi yönünden nispeten korunmuştur (Crozier ve Crozier, 1992). Ayrıca, birçok hayvanda mtDNA sadece anneden kalıtılmaktadır ve barındırdığı sekansın büyük bir kısmı haploittir (*unique*). Çekirdek DNA'sındaki gibi kodlanmayan gen bölgeleri (intron) içermez ve böylece farklı türler arasında karşılaştırma yapılması daha kolaydır (Brown, 1985). Evrimsel değişikliğe karşı nispeten direnç gösteren ribozomal RNA'nın 12S ve 16S genleri günümüzden yaklaşık 150 MYÖ çeşitliliğini göstermek açısından önemli genlerdir (Mindell ve Honeycutt, 1990).

Mitokondriyal DNA sürüngenlerin taksonomik durumunun açıklığa çıkarılmasında ve filogenetik durumlarının yapılandırılmasında çok sayıda çalışmada kullanılmıştır (Poulakakis vd., 2003; Ahmadzadeh vd., 2013; Güçlü vd., 2013; Kyriazi vd., 2013).

### **1.5.2. Çekirdek DNA (nDNA)**

Çekirdek genomu protein-kodlayan, RNA-kodlayan ve protein-kodlamayan bölgelerden oluşmakta ve birbirinden bağımsız çeşitli moleküler belirteçler sunmaktadır. Bu bölgelerden protein kodlamayan (intron) ve rRNA kodlayan bölgelerin Loop kısımları genellikle daha hızlı değişime uğramaktadırlar ve bu sebeple potansiyel olarak yakın akraba türlerin karşılaştırılması için daha kullanışlı olmaktadır (Weibel ve Moore, 2002; Dolman ve Phillips, 2004; Gaines vd., 2005; Willows-Munro vd., 2005; Sequeira vd., 2006). Ancak bu bölgeler genellikle baz uzunluğu varyasyonu göstermektedir ve özellikle yüksek taksonlarda bunlara ait sekansların hizalanması güçleşmektedir

(Matthee vd., 2001; Sequeira vd., 2006). Bu durumun aksine protein kodlayan bölgeler, çok daha az baz uzunluğu varyasyonu barındırırlar ve kolayca hizalanabilirler (Boekhorst ve Snel, 2007).

Protein kodlayan bölgelerin kullanımı için de bazı olumsuzluklar mevcuttur. Bunlardan en önemlisi bu genler içindeki intron bölgeleridir. Öyle ki, birkaç yüz bazlık bir ekzon bölgesi için tasarlanmış bir primer çifti birkaç bin bazlık intron bölgesini de kapsayabilir (Townsend vd., 2008). Diğer bir sorun ise, paralog gen kopyalarını saptama güçlüğüdür. Bu paraloglar bazı takson gruplarında çoğaltılsa da, gen ağaçları doğru tür tarihlerini yansıtmayabilir ve yanıltıcı bir filogeni ortaya çıkarabilir (Maddison, 1997; Mitchell ve Wen, 2004; Sword vd., 2007). Son bir engel de, çekirdek genomunun tüm boyutudur. Bu gibi güçlükler nedeni ile çok sayıda çalışmada çekirdek genomu için C-mos ve Rag-1 gibi “stok” genler kullanılmıştır (Murphy vd., 2001; Bardeleben vd., 2005; Vidal ve Hedges, 2005; Li vd., 2007; Roelants vd., 2007). “Stok” genler intron içermezler ve tek bir ekzondan oluşurlar.

Nüklear genler omurgalıları sistematiğinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Çok sayıda nüklear gen, sınıf ve ordolar arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak için kullanılmaktadır (Graybeal, 1994; Groth ve Barrowclough, 1999; Madsen vd., 2001; Matthee vd., 2001; Murphy vd., 2001). Bu genler yaklaşık 300 MYÖ’sine kadar filogenetik analiz yapılmasını olası kılmaktadırlar.

Mitokondriyal DNA ile karşılaştırıldığında, nüklear protein kodlayan genlerin ve intronların evrimsel gelişme eğilimi daha yavaştır (Birks ve Edwards, 2002; Caccone vd., 2004; Engstrom vd., 2004; Fujita vd., 2004). Dolayısıyla bu genler üzerinde homoplasiye rastlamak daha az olasıdır. Familya gibi taksonomik kategorilerde filogenetik ayırım yapmak için homoplasinin etkisini en aza indirmek gerekmektedir. Bu da nüklear belirteçleri daha hızlı evrimleşen mtDNA’ya göre bu takson düzeylerinde daha kullanışlı yapmaktadır.

C-mos geni intron (protein kodlamayan kısımlar) içermeyen ve omurgalılarda hücre siklusunun regülasyonunda gerekli olan serin/teronin kinaz kodlayan bir gendir (Gebauer ve Richter, 1997; Sagata, 1997). Yavaş evrimleşmesi yüzünden ilk olarak Graybeal (1994), ve daha sonra Lovette ve Bermingham (2000), tarafından moleküler bir belirteç olarak kullanılabileceği önerilmiştir. Filogenetik araştırmalarda hem tek

başına hem de çoklu lokus karşılaştırmalarında kullanılmaktadır (Pavlicev ve Mayer, 2006). Kuşlar üzerine (Cooper ve Penny, 1997; Butorina ve Solovenchuk, 2004; Overton ve Rhoads, 2004; Voelker ve Spellman, 2004) ve sürüngenler (Saint vd., 1998; Harris vd., 2001; Brehm vd., 2001; Carranza vd., 2002; 2004; Townsend vd., 2004; Kapli vd., 2012; Kornilios vd., 2013) çok sayıda çalışmada kullanılmış ve bir çok veri seti oluşturulmuştur.

C-mos geni kısmi sekansı squamatların taksonomik ilişkisini çözmek için ilk defa Harris vd., (1999; 2001) tarafından kullanılmıştır. Townsend vd., (2004), squamat sürüngenlerin filogenisi için hem mtDNA hem de çekirdek DNA'sını kullanmışlardır. Carranza vd., (2004) ise, C-mos genini mtDNA ile beraber kullanarak Lacertinae grubunun taksonomik ilişkisini araştırmıştır.

## **1.6. Genetik Farklılaşma**

Türlerin genetik yapısında meydana gelen değişimler türleşmenin temel yapı taşlarındandır. Populasyonların genetik metaryalinde barındırdıkları farklı alleller gen havuzlarının oluşmasını, çeşitlenmesini ve devamlılığını sağlamaktadır. Gen havuzları populasyonların varlığını devamlı kılacak önemli etmenlerden biridir. Populasyonların genetik yapılarındaki değişiklik aynı populasyonun bireyleri arasında olabildiği gibi, aynı tür içinde farklı populasyonlar arasında da olabilir. Her iki şekilde de genetik farklılığın miktarının tespiti türlerin evrimsel geçmişi hakkında bilgi sahibi olmamızı sağlar. Aynı zamanda türlerin genetik yapısının ortaya çıkarılması ve populasyonlar arası genetik aktarımın tespiti genetik zenginliklerinin korunması açısından önemlidir (Allendorf ve Luikard, 2007; Hamilton, 2009).

## **1.7. Filogenetik Çıkarımın Mantığı**

Akrabalık ilişkilerinin ortaya konmasında ortak özelliklere dayalı bir mantık yürütülür ve en yakın akraba taksonların en fazla ortak özelliği barındırması beklenmektedir. Bu ortak özellik bir morfolojik karakter olabildiği gibi, moleküler düzeyde bir genin nükleotit dizisi de olabilir. Burada önemli olan, kullanılacak olan karakterin filogenetik bir ağaç oluşturmada kullanışlı bir homolojiye sahip olup-olmadığıdır (Felsenstein, 2004; Freeman ve Herron, 2007)

Kullanışlı olduğu bilinen ya da tahmin edilen homolojiler “sinapomorfi” olarak adlandırılırlar. Bir sinapomorfi ilgili türün ortak atasında da var olmalıdır ki, bu da bu atadan türemiş her tür için bu karakteri barındırdığı anlamına gelmektedir. Fakat her zaman seçilen karakter doğru bir homoloji olmayabilir. Bazı morfolojik karakterler benzer olsalar da birbirinden bağımsız bir süreçle evrimleşmiş olabilirler. Konvergent evrim olarak bilinen bu durumda bu tip bir morfolojik karakter sinapomorfi olarak nitelendirilemez (Felsenstein, 2004; Freeman ve Herron, 2007). Aynı şekilde moleküler düzeyde böyle bir durumla karşılaşılabilir. Bir mutasyon sonucu nükleotit dizisinde meydana gelen bir değişim, sonraki kuşaklarca aktarılacak türemiş bir özelliktir. Fakat aynı baz üzerinde tekrar gerçekleşecek olan bir mutasyon bu diziyi eski haline döndürecektir. Bu şekilde DNA üzerinde meydana gelen değişimler geriye dönüş (*reversal*) olarak isimlendirilir. Konvergent evrim ve geriye dönüş homoplasi olarak anılırlar (Page ve Holmes, 1998; Futuyma, 2005; Freeman ve Herron, 2007).

Filogenetik çıkarımda sinapomorfiler daha güvenilir sonuca yöneltirken, homoplasiler daha yanıltıcı bir sonuç verirler (Freeman ve Herron, 2007). Herhangi bir karakterin doğru homoloji olup olmadığı ise, parsimoni analizi ile sınırlanır. Parsimoni, oluşturulabilecek tahmini ağaçlar içerisinde seçilen karakterler bakımından en az değişimi içereni seçme eğilimidir. En az değişimin olduğu ağaç en güvenilir ağaç olarak kabul görür. Fakat parsimoni yanılmaz değildir ve homoplasik karakteri tam olarak elemek genelde mümkün değildir. En doğru sonuca ulaşmak için en etkili yol sadece birkaç karakteri kullanmak yerine çok sayıda karakteri dikkate almaktır (Page ve Holmes, 1998; Felsenstein, 2004).

### **1.8. Filogenetik Soy Hattı İçin Analiz Yöntemleri**

Bir filogenetik soy hattı oluşturulması için yaygın olarak kullanılan 3 analiz tipi vardır. İlki, genetik uzaklığı analiz etmektir. Bu tip bir analiz için DNA dizilerinin her birinin diğerleri ile karşılaştırılması gerekmektedir. % olarak daha az farklı olanlar birlikte gruplanırken, % olarak en farklı olan dizi bu ağacın dış grubu (*outgroup*) olarak köklenecektir (Swofford vd., 1996). Buradaki önemli noktalardan biri, bu farklılığın doğmasına sebep olan değişimin özgün bir model ile değerlendirilmesi gerektiğidir. Nitekim aynı pozisyonda meydana gelen çoklu yer değişimleri ve transisyon ile transversiyon değişimlerinin sıklık farklılıkları formülize edilerek sınanmalıdır (Kimura, 1980; Wakely, 1996). Bu tip bir uzaklık verisinden bir sonuç ağacı elde etmeye yarayan

en yaygın algoritma Saitou ve Nei (1987), tarafından geliştirilen *Neighbor-joining* metodudur (Levy vd., 2006).

Uzaklık metodu filogenetik çalışmalarında kullanılmaya başlanılan ilk önemli yöntemdir. Fakat zaman içerisinde yerini önce Maksimum Parsimoni ve daha sonra diğer biz analiz yöntemi olan Maksimum Olasılık (*likelihood*) yöntemlerine bırakmıştır. Bu metodların her ikisi de temelde her bir çiftin ikili uzaklıkları yerine direk olarak tüm sekansları dikkate almaktadırlar. Fakat Maksimum Parsimoni analizi en az evrimsel değişimin olduğu ağacı (ya da ağaçları) seçerken, Maksimum Olasılık (ML) ise tüm ağaçlar içinden eldeki veri ile oluşturulabilecek en muhtemel ağacı (ya da ağaçları) seçer (Page ve Holmes, 1998). Bu sebeple ML analizi üçüncü bir tip olan nükleotit değişimi analizi olarak bilinmektedir. Maksimum Olasılık analizinin etkin şekilde gerçekleştirilebilmesi için üç temel unsur vardır. Bunlardan ilki ve en önemlisi bu analize sokulacak olan DNA dizisinin evrimine uygun bir model belirlenmelidir. Bu tip bir analiz atasal türden diğerlerine gerçekleşen bir değişimi takip eder. Bu değişim farklı frekanslarda ve olasılıklarda (A'nın G'ye değişimi, A'nın C'ye değişiminden daha kolaydır) gerçekleşir. Bu sebeple her bir veri seti için (gen ya da tür olabilir) uygun bir modelin tespit edilmesi gerekir. Bununla birlikte analiz sırasında referans olarak kullanılacak bir ağaç tespit edilmeli ve gözlenen bir veri seti oluşturulmalıdır (Page ve Holmes, 1998).

Maksimum Olasılık analizi son yıllarda araştırmacılar tarafından Maksimum Parsimoniye göre daha fazla tercih edilir olmuştur. Çünkü Parsimoni analizi için kullanışlı olan karakterler (sinapomorfi) dizi üzerindeki mutasyonlardır. Fakat tür içi ya da yakın türler arasında çok az parsimonik karakterler var olduğu (ki var olan mutasyonların da homoplasi olup olmadığının tespiti zor olduğu) için bu tarz bir grup çalışılırken çözümlenemeyen bir ilişki ya da genellikle politomi ortaya çıkmaktadır (Felsenstein, 2004; Freeman ve Herron, 2007).

Nükleotit değişimi analizi için Huelsenbeck ve Ronquist (2001), tarafından geliştirilen Bayesiyan yaklaşımı hem filogenetik ağaç çıkarımında hem de dalların ayırım zamanının hesaplanmasında yeni bir bakış açısı yaratmıştır ve son yıllarda çok sayıda çalışmada tercih edilen popüler bir metod haline almıştır (Kapli vd., 2012; Kornilios vd., 2013; Güçlü vd., 2013). *Bayesian Markov Chain Monte Carlo* (BMCMC) algoritması kullanarak bir bilgisayar programında (Mr.Bayes) yürütülen analiz yine bir karakter değişim modeli altında, bir yandan gözlenen verinin oluşturduğu olasılıkları



hesaplarken, diğer yandan her bir olası ağaç topolojisini değerlendirmektedir. Bu şekilde, en yüksek olabilirliğe sahip olan ağacın tespiti gerçekleşir (Huelsenbeck vd., 2001).

Parsimoni (MP) ve nükleotit değişimi (ML, Bayes) analizleri atasal formun karakterlerini bilmeyi gerektirir. Bu sebeple bu tip analizlerde atasal form ya da buna en yakın tür dış grup olarak kullanılır (Felsenstein, 2004).

MP ya da ML/Bayes yaklaşımlarından herhangi birini kullanarak oluşturulan filogenetik bir ağaç için ortaya çıkan dalların kullanılan veri ile desteklendiği ne kadar doğrudur? Bu soru araştırmacılar tarafından dalların güvenilirliği konusunda şüpheleri gidermek için kullanılan bir başka istatistiksel değerlendirmeyi ortaya çıkarmıştır (Bremer, 1994; Swafford, 1996; Huelsenbeck ve Rannala, 1997; Freeman ve Herron, 2007). “Bootstrap” olarak bilinen test (Felsenstein, 1985), her seferinde DNA dizisi (başka bir karakter de olabilir) üzerindeki bir bazı rastgele seçerek bunu ilk baz olarak kullanır. Daha sonra bir başka baz için yine rastgele bir seçim yaparak ikinci bir veri seti oluşturmuş olur. Böylece tekrarlı bir örnekleme yoluyla orijinal veri setinin rastgele bir örneklenmesi yapılmış olur. İşte bu yeni veri seti ile her bir dalın ortaya çıkma yüzdesi hesaplanır. Her *bootstrap* örneğinde bir dal ne kadar fazla açığa çıkmış ise, bu dalın ayrılması ile ilgili güvenimiz artar (Felsenstein, 2004).

## 2. LİTERATÜR ÖZETİ

Lacertidae familyası yaklaşık 280 türden oluşmaktadır ve Avrupa, Asya ile Afrika boyunca yayılış göstermektedirler (Mayer ve Bischoff, 1996; Arnold, 1997; Arribas, 1997; Arnold vd., 2007). Ülkemizde Lacertidae familyasına dahil 38 tür (*Acanthodactylus* (3) ; *Anatololacerta* (3); *Apathya* (1); *Darevskia* (13); *Eremias* (3); *Lacerta* (6); *Mesalina* (1); *Ophisops* (1); *Parvilacerta* (1); *Phoenicolacerta* (2); *Podarcis* (3); *Timon* (1) ) olduğu bilinmektedir (Baran ve Atatür, 1998; Baran vd., 2012).

Bu familya içerisinde yer alan ve Anadolu'da yayılışa sahip olan *Anatololacerta* grubunun bireyleri ilk olarak Günther (1876), tarafından Bolkar Dağı'ndan (Mersin) toplanmıştır. Günther incelediği bu örnekleri *Zootoca danfordi* şeklinde tanımlamıştır.

Bedriaga (1879), tarafından yapılan çalışmada *Z. danfordi* türü *Lacerta* cinsine dahil edilmiştir.

Boulenger (1881), British Museum'da yer alan söz konusu türe ait örneklerle detaylı bir morfolojik çalışma gerçekleştirmiştir. Bu çalışma söz konusu türün, *L. laevis* ve *L. muralis* türlerinden farklılıklarını açıkça belirtmiş ve bu grubun ayrılığına katkı sağlamıştır.

Werner (1902), Gökçekısıık'tan (Eskişehir) elde ettiği örnekleri başın sivri olması, ventral plakların 8 tane boyuna sıralı oluşu ve femoral deliklerin 20'nin altında olması gibi morfolojik nitelikleri açısından farklı bularak, *Lacerta anatolica* ismiyle yeni bir tür olarak ele almıştır.

Barbaour (1914), günümüz coğrafyasında Ürdün'de yer alan Petra, Suriye-Lübnan sınırındaki Hermon Dağı ve Adana'dan yakaladığı örnekleri incelemiş ve Adana örneğinin Günther tarafından tanımlanan *L. danfordi*'ye çok daha benzer olduğunu belirtmiştir.

Tölg (1919), Nur Dağları'nın amfibi ve sürüngenleri ile ilgili çalışmasında *L. danfordi* türünün de bölgede bulunduğuna işaret etmiştir.

Cyren (1941), Kazdağı'ndan toplayarak incelediği örneklerin Werner (1902), tarafından *L. anatolica* türünün tip lokalitesi olarak verilen Gökçekısıık örnekleri ile uyumlu olduğunu belirterek, bu bölgede yayılış gösteren *L. anatolica*'nın ayrı bir tür olarak değerlendirilmesi gerektiğine işaret etmiştir.

Bird (1936), Bolkar Dağları, Kayseri, Antalya, Burdur'dan kertenkele örneklerini *L. danfordi* türüne dahil ederken, Eskişehir yakınlarından elde ettiği örnekleri ise *L. anatolica* olarak ele almıştır.

Bodenheimer (1944), Gökçekısıık, Kürkçü (Eskişehir) ve Burdur örneklerini *L. anatolica* olarak değerlendirmiş, buna karşılık Beyşehir Gölü civarı (Konya), Isparta ve Burdur örneklerini ise *L. danfordi* olarak ele almıştır.

Mertens (1952), Bozdağ'dan (Ödemiş, İzmir) incelemiş olduğu örnekleri göz önünde bulundurarak, *L. anatolica*'yı *L. danfordi*'nin bir alt türü olarak değerlendirmiştir.

Capocaccia (1955), Rodos Adası kertenkelelerini incelediği çalışmasında, *L. danfordi*'nin bu adadaki varlığına işaret ederek, *L. danfordi* ve *L. anatolica* türlerinin genel bir tartışmasını (foliosis özellikleri ve vücut ölçüm ve oranlarını dikkate alarak) gerçekleştirmiştir.

Wettstein (1956), Ege Bölgesi'nin herpetofaunası üzerine yaptığı çalışmasında bu bölgeden elde ettiği örnekleri *L. d. anatolica* olarak kabul etmiştir. Aynı araştırmacı (1965), Rodos Adası örneklerini *L. d. pelasgiana*, Pentanissos Adaları'ndaki örnekleri de *L. d. pentanisiensis* olarak değerlendirmiş ve söz konusu bu iki grup arasındaki morfolojik karşılaştırmalara değinmiştir. Son olarak araştırmacı (1967), *danfordi* grubunun kompleks yapısını aydınlatmaya yönelik detaylı bir çalışma gerçekleştirmiş ve söz konusu çalışmasında bu gruba ait olduğunu belirttiği *graeca*, *oertzeni*, *pelasgiana*, *pentanisiensis*, *danfordi*, *kulzeri* ve *anatolica* alt türlerinin karşılaştırmalı morfolojisini vermiştir. Araştırmacı *L. danfordi*'nin Anadolu'nun güneydoğusunda, *anatolica* formunun ise kuzeybatısında yayılış gösterdiğine işaret etmiştir.

Eiselt ve Pretzmann (1966), *L. d. anatolica*'nın Bilecik'deki varlığına işaret etmişlerdir.

Darewski (1972), Uludağ örneklerini *L. d. anatolica* olarak kabul etmiştir.

Clark ve Clark (1973), tarafından gerçekleştirilen ve Türkiye amfibi ve sürüngenleri üzerine kapsamlı bir değerlendirme yapılan çalışmada, araştırmacılar Yeşilova'nın (Burdur) 15 km batısı ve Karamanlı'nın (Burdur) 15 km kuzey doğusundan yakaladıkları kertenkele örneklerini *L. danfordi* olarak ele almışlardır. Ayrıca benzer kertenkele örneklerine Yunanistan'ın Rodos ve Ikaria adalarında da rastladıklarını belirtmişlerdir.

Rüdiger (1974), Symi Adası'ndan (Yunanistan) değerlendirdiği örnekleri, *L. danfordi*'nin yeni bir alt türü olarak ele almış ve *L. d. quanttaylori* şeklinde isimlendirmiştir.

Andren ve Nilson (1975), 1968-1973 yılları arasında Türkiye'de yürüttükleri herpetofaunal gözlemlerinde, Xanthos Harabeleri (Muğla) ve Çıglıkara'dan (Elmalı, Antalya) topladıkları örnekleri *L. d. danfordi* alttürüne dahil ederlerken, Bozdağ (Ödemiş, İzmir) örneklerini ise, *L. d. anatolica* alttürü olarak ele almışlardır.

Budak (1976), Büyük Menderes Nehri'nin güneyinde kalan bölgeden topladığı 126 örnek ile morfolojik düzeyde kapsamlı bir çalışma gerçekleştirmiştir. Bu çalışmanın sonucunda, bu bölge popülasyonunu yeni bir ırk olarak tanıtmış ve *L. d. pelasgiana* olarak isimlendirmiştir. Ayrıca, kuzeybatı popülasyonlarını *L. d. anatolica*, Doğu Akdeniz'deki Bolkar Dağları ve civarındaki popülasyonları da *L. d. danfordi* olarak değerlendirmiş ve tüm bu alttürler arasındaki coğrafik sınırları ve morfolojik farklılıkları ortaya koymuştur.

Baran (1977), Kükür Köyü (Anamur, Mersin) civarından elde ettiği örnekleri morfolojik özelliklerini göz önünde bulundurarak *L. d. pelasgiana* alttürüne dahil etmiştir.

Baran (1983), Finike ve Kaş civarının herpetofaunasının belirlenmesine yönelik yapmış olduğu araştırmada, Demre ve Muğla'nın 20 km kuzeybatısından yakaladığı kertenkele örneklerinin *L. d. pelasgiana* alttüründen farksız olduğu sonucuna ulaşmıştır.

Franzen (1986), 1984 ve 1986 yılları arasında Anadolu'da gerçekleştirdiği arazi çalışmaları sırasında Demre'den (Antalya) topladığı örnekleri *L. d. pelasgiana* olarak değerlendirmiş, fakat Başoğlu ve Baran'a (1977), atıfta bulunarak renk-desen özellikleri bakımından *L. d. anatolica* ile olan benzerliğine dikkat çekmiştir.

Chondropoulos (1986), Yunanistan'daki sürüngenlerin listesini yayınladığı çalışmasında, *L. d. oertzeni* olarak tanımladığı türü Ikaria ve Samos adalarından verirken, *L. d. pelasgiana* olarak tanımladığı türü ise Simi ve Rodos adalarından göstermiştir. Ayrıca Rodos Adası yakınlarındaki Pentanissos Adaları'ndaki türü *L. d. pentanisiensis* alttürü olarak değerlendirmiştir.

Eiselt ve Schmidtler (1986), tarafından ülkemizin değişik bölgelerinden toplanan kertenkele örnekleri üzerinde yapılan morfolojik düzeyde bir çalışma bu gruba farklı bir bakış açısı kazandırmıştır. Söz konusu çalışma neticesinde *L. danfordi* kompleksi *L. danfordi*, *L. anatolica* ve *L. oertzeni* olmak üzere 3 farklı türe ayrılmıştır. Ayrıca bu türler de *L. d. danfordi*, *L. d. bileki*, *L. a. anatolica*, *L. a. aegaea*, *L. o. oertzeni*, *L. o. pelasgiana*, *L. o. budaki*, *L. o. finikensis* ve *L. o. ibrahimi* olmak üzere dokuz farklı alttür şeklinde değerlendirilmiştir. Bu çalışmadan elde edilen bir diğer sonuç da, söz konusu grubun dağılış sahası içerisinde *L. danfordi* ve *L. oertzeni* arasında iki farklı hibrit durumunun varlığına işaret edilmesidir [(*L. d. bileki* X *L. o. budaki* – Burdur, Isparta, Eğirdir ve *L. d. bileki* X *L. o. ibrahimi* – Beşkonak, Manavgat, Alanya (Antalya), Gülnar (Mersin)] (Ek Şekil 1).

Franzen (1990), Türkiye kertenkeleleri üzerine yaptığı revizyon çalışmasında, bu grubu *L. anatolica* (*L. a. anatolica* ve *L. a. aegaea*), *L. oertzeni* (*L. o. pelasgiana*, *L. o. budaki*, *L. o. finikensis* ve *L. o. ibrahimi*) ve *L. danfordi* (*L. d. danfordi* ve *L. d. bileki*) şeklinde 3 farklı tür olarak değerlendirmiştir.

Baran (1990), Akdeniz şeridi boyunca yer alan adalardaki herpetofaunal inceleme neticesinde, 18 ayrı adadan topladığı kertenkele örneklerinin *L. danfordi* türünden farklı olmadığını belirtmiştir. Araştırmacı, söz konusu grubun taksonomik karışıklığına dikkat çekmiş ve kesin bir sonucun daha ayrıntılı bir karşılaştırma ile ortaya çıkabileceğine vurgu yapmıştır.

Schmidtler vd., (1990), Bolkar Dağları'nın subalpin bölgesinde *L. d. danfordi* alttürünün bulunduğunu belirtmişlerdir.

Kasperek (1990), Köyceğiz Bölgesi'nde *L. oertzeni* türünün varlığına işaret etmiştir.

Ioannides vd., (1994), Samos Adası'nın (Yunanistan) herpetofaunası üzerine yaptıkları çalışmada Eiselt ve Schmidtler'e (1986), atıfta bulunarak bölgede *L. a. aegaea* alttürünün varlığını desteklemişlerdir.

Bosch (1994), Lacertid'lerin çiftleşme davranışları üzerine yaptığı gözlemlerde, *L. danfordi* ve *L. oertzeni* türlerinde, çiftleşme sırasında iki kez kopulasyon gerçekleştiğini ortaya koymuştur.

Schmidtler (1998), Toros Dağları'nın söz konusu bölgede herpetofaunal dağılımı nasıl etkilediğini açıklamaya çalıştığı yayınında, *L. oertzeni* grubunu Likyan, *L. o. ibrahimi* ve *L. d. bileki* gruplarını Pamphylien, *L. d. danfordi* grubunu ise Bolkar olarak isimlendirdiği coğrafik bölgelerde göstermiştir.

Tok (1999), Reşadiye Yarımadası'nda (Datça, Muğla) yer alan kertenkeleler üzerine yaptığı çalışmada bu bölgeden topladığı örnekleri *L. oertzeni* olarak nitelendirmiş ve folidosis, renk-desen ve vücut ölçümleri açısından *L. o. pelasgiana* alt türüne benzediği sonucuna ulaşmıştır.

Baran ve Kumlutaş, (1999), 1991 yılında Köyceğiz Özel Koruma Bölgesi'nden ve 1985 yılında Marmaris Yarımadası civarında yer alan adalardan toplanan örnekleri incelemişlerdir. Toplam 83 bireyin incelendiği çalışmada 4 ayrı *L. danfordi* popülasyonu değerlendirilmiştir. Bu değerlendirme neticesinde Köyceğiz Gölü kanalının doğu ve batısında yer alan popülasyonların supratemporal çizgi açısından açık bir farklılık gösterdiği saptanmıştır.

Baran vd., (2001), Silifke'nin herpetofaunası üzerine yaptıkları çalışmada söz konusu bölgeden 6 bireye ait morfolojik özelliklerden bahsetmişler ve buna dayanarak söz konusu örneklerin, *L. d. pelasgiana*'dan bariz bir farklılık göstermediği sonucuna ulaşmışlardır. Aynı çalışmada, grubun kompleks durumuna dikkat çekilerek, çözüm için daha fazla örnek ve biyokimyasal yöntemlerin kullanılması gerektiği de belirtilmiştir.

Broggi (2002), Yunanistan'ın Symi ve Sesklia adalarındaki herpetofaunik çalışmalarında, *L. o. pelasgiana*'nın varlığını ortaya koymuştur. Ayrıca araştırmacı 2006 yılında Tilos Adası üzerine yaptığı herpetofaunal revizyonda da *L. o. pelasgiana*'nın kaydını paylaşmıştır.

Özdemir ve Baran, (2002), Murat Dağı herpetofaunası üzerine yaptıkları çalışmada *L. danfordi* olarak nitelendirdikleri örneklerin taksonomik değerlendirmesini yapmışlardır. Bu değerlendirme neticesinde kullanılan morfolojik karakterler açısından yakaladıkları örnekler ile *L. d. anatolica* alt türü arasında bir fark bulamamışlardır.

Kumlutaş vd., (2003), Toros Dağları'nın batı kesiminde yer alan farklı lokalitelerden topladıkları 60 örneği foliosis, renk-desen ve vücut ölçümleri bakımından incelemiş ve bu coğrafyada dağılışı gösteren örneklerin *L. d. pelasgiana* ile benzer olduğu sonucuna ulaşmışlardır.

Kumlutaş vd., (2004), Bozdağ'ın amfibi ve sürüngenleri üzerine hazırladıkları listede herhangi bir alttür ayrımı olmaksızın *L. danfordi*'ye de yer vermişlerdir.

Çetin (2005), Dilek Yarımadası (Kuşadası, Aydın), Bozdağ (Ödemiş, İzmir), Pyrene (Söke, Aydın) ve Güzelçamlı (Kuşadası, Aydın) lokalitelerinden elde ettiği *L. anatolica*'nın alt türlerini taksonomik olarak incelemiştir. Araştırmacı değerlendirmeye aldığı morfolojik karakterler neticesinde elde ettiği sonuçların, Eiselt ve Schmidtler'in (1986), çalışmasında verilen sonuçlarla uyumlu olduğunu belirtmiştir. Ayrıca, gerçekleştirdiği sitogenetik çalışma neticesinde, *L. anatolica* türüne ait her iki alttürde de kromozom sayısının  $2n=38$  olduğu sonucuna ulaşmıştır.

Çevik vd., (2006), biri Konya (Tınaztepe), diğer ikisi ise Mersin'den (Çamlıyayla ve Sebil) olmak üzere üç farklı lokaliteden elde ettikleri örnekleri foliosis ve morfometrik karakterler açısından karşılaştırmışlardır. Söz konusu üç popülasyondan, Tınaztepe'deki örneklerin diğer iki popülasyondan farklı olduğunu tespit etmişler ve bu fark sonucunda *L. d. bileki* (Tınaztepe) ve *L. d. danfordi* (Çamlıyayla, Sebil) olmak üzere iki alttürün varlığını kabul etmişlerdir.

Cattaneo (2006), Ege'deki Nisyros Adası'nın herpetofaunasının tespitine yönelik çalışmasında, *L. o. pelasgiana* alttürünün varlığına işaret etmiştir. Araştırmacı diğer bir çalışmasında (Cattaneo, 2011) Marmaris civarındaki kertenkele örneklerini yine *L. o. pelasgiana* alttürüne dahil etmiştir.

Arnold vd., (2007), Lacertini grubu üzerinde hem morfolojik karakterleri hem de moleküler belirteçleri kullanarak kapsamlı bir çalışma gerçekleştirmişlerdir. Araştırmacılar, vücut ölçümleri, kafatası kemiklerinin durumu, Post-kraniyal iskelet, folidosis karakterleri, renk, desen ve hemipenislerin şekli gibi toplam 64 morfolojik karakter ile birlikte kromozom sayısı değerlendirmesini gerçekleştirmişlerdir. Aynı zamanda mtDNA ve nDNA ile yaptıkları analiz ile filogenetik bir yapılandırma oluşturmuşlardır. Araştırmacılar *A. anatolica*, *A. oertzeni* ve *A. danfordi* türlerini içerisine alacak şekilde *Anatololacerta* cinsini tanımlamışlardır

Güçlü ve Olgun, (2008), Büyük Menderes Nehri'nin güneyinde ve kuzeyinde yer alan *L. danfordi* grubunu folidosis karakterleri ve morfometrik ölçümler ile değerlendirmişlerdir. 105 örnek ile yaptıkları çalışma sonucunda, istatistiksel olarak iki ayrı populasyonun varlığını ortaya koymuşlardır. Nehrin kuzeyinde yer alan populasyonun *L. anatolica*, güneyinde yer alanın ise *L. oertzeni* olması gerektiğini savunmuşlardır.

Hür vd., (2008), Kazdağı'ndaki amfibi ve sürüngen türlerine ilişkin araştırmalarında bu gruba ait 7 bireyi incelemişler ve *A. danfordi* olarak vermişlerdir.

Wilson ve Grillitsch, (2009), Simi Adası'nın herpetofaunasında *A. o. pelasgiana*'ya yer vermişlerdir.

Afsar ve Tok, (2011), Sultan Dağları'nın herpetofaunası üzerine yaptıkları çalışmada 27 adet *A. danfordi* örneğini folidosis karakterleri ve morfometrik ölçümler ile değerlendirmişlerdir. Özellikle grubun endemizm durumunu vurgulamışlardır.

Yakın (2012), *A. anatolica* üzerinde yaş tayinini esas alan tez çalışmasında Çanakkale civarından 46 örneği kullanarak bu türün söz konusu bölgedeki varlığına işaret etmiştir.

Bu çalışmaların ışığında söz konusu üç türün dağılışı alanları, *A. anatolica* türü için Yunanistan'ın Samos Adası ile Kuzeybatı Anadolu'nun Aydın sınırına kadar olan batı kesimi, *A. danfordi* türü için Türkiye'nin güney kesimindeki Mersin ve Adana civarı, *A. oertzeni* türü için ise Türkiye'nin Güneybatı kıyı kesiminde Büyük Menderes Nehri'nin güney kısmı ile Rodos, Ikaria ve civarındaki adalar şeklinde ortaya çıkmaktadır (Wettstein, 1967; Eiselt ve Schmidtler, 1986; Kasperek, 1990; Güçlü ve Olgun, 2008).



Günümüzde *Anatololacerta* (Arnold vd., 2007; Pavlicev ve Mayer, 2009) olarak adlandırılan bu grup *Lacertidae* familyası içinde yer almakta olup, hala taksonomik durumu net bir şekilde aydınlatılamamıştır (Mayer ve Arribas, 2003).

Söz konusu grubun kompleks taksonomik durumunun aydınlatılmasına yönelik olarak sınırlı düzeyde örneğin kullanıldığı birkaç moleküler düzeyde çalışma mevcuttur (Mayer ve Pavlicev, 2007; Arnold vd., 2007; Pavlicev ve Mayer, 2009; Kapli vd., 2011).

Mayer ve Pavlicev, (2007), iki nükleer belirteç (Rag-1 ve C-mos gen bölgeleri) kullanarak *Lacertidae* familyası üzerine filogenetik bir çıkarımda bulunmuşlardır. Araştırmacılar analiz sonucu oluşturdukları evrimsel ağaç neticesinde, *Eremiainae* ve *Lacertinae* gruplarının kardeş takson olduklarını göstermişler ve *A. danfordi* (Çamlıyayla, Mersin) ile *Parvilacerta parva* türlerini aynı dalda vermişlerdir.

Arnold vd., (2007), *Lacertini* grubunun taksonomisini yeniden yapılandırdıkları çalışmalarında, mitokondriyal DNA'nın sitokrom b ve 12S rRNA bölgelerini kullanarak gerçekleştirdikleri analiz neticesinde *A. danfordi* türünü *Parvilacerta* cinsine ait türler ile kardeş takson olarak göstermişlerdir. Aynı zamanda araştırmacılar, *Anatololacerta* cinsinin *Timon*, *Iranolacerta*, *Takydromus*, *Darevskia* ve *Lacerta* cinsleri ile yakın akraba olduklarını tespit etmişlerdir.

Pavlicev ve Mayer, (2009), nDNA (Rag-1 ve C-mos) ve mtDNA (12S, 16S ve cyt b) belirteçlerini kullanarak *Lacertinae* grubunu yeniden yapılandırmaya çalışmışlardır. *A. anatolica* (Samos Adası, Yunanistan), *A. oertzeni* (Rodos Adası, Yunanistan) ve *A. danfordi* (Çamlıyayla, Mersin) türlerinin de kullanıldığı analiz sonucunda, söz konusu cins (nüklear genler için) *Parvilacerta* cinsi ile aynı monofiletik grupta yer almıştır. Tüm DNA (nDNA+mtDNA) dizisinin analizi sonucunda ise yine *Parvilacerta* ile yakın gözükmesine rağmen, *Iranolacerta brandtii* türü ile aynı dalı paylaşmıştır.

Kapli vd., (2011), *Lacertidae* familyasının filogenisini yeniden düzenlediği çalışmada, Gen Bankası'ndan sağladıkları iki nükleer ve dört mitokondriyal belirteci kullanarak gerçekleştirdikleri analizler sonucunda *Anatololacerta* cinsini *Apathya* cinsi ile kardeş takson olarak vermişlerdir.

Lacertidae familyasında yer alan türlerin filogenisi üzerine yapılan çalışmalarda hem mtDNA hem de nDNA'nın kullanıldığı görülmektedir. Ancak söz konusu çalışmalara rağmen Lacertidae familyası için cins ve tür düzeyinde revizyonların gerekliliği açıktır (Fu, 1998; 2000; Harris vd., 1998; Mayer ve Pavlicev, 2007; Pavlicev ve Mayer, 2006; 2009; Kapli vd., 2011).

### 3. MATERYAL VE YÖNTEM

#### 3.1. Araştırma Bölgesinin Tanıtımı

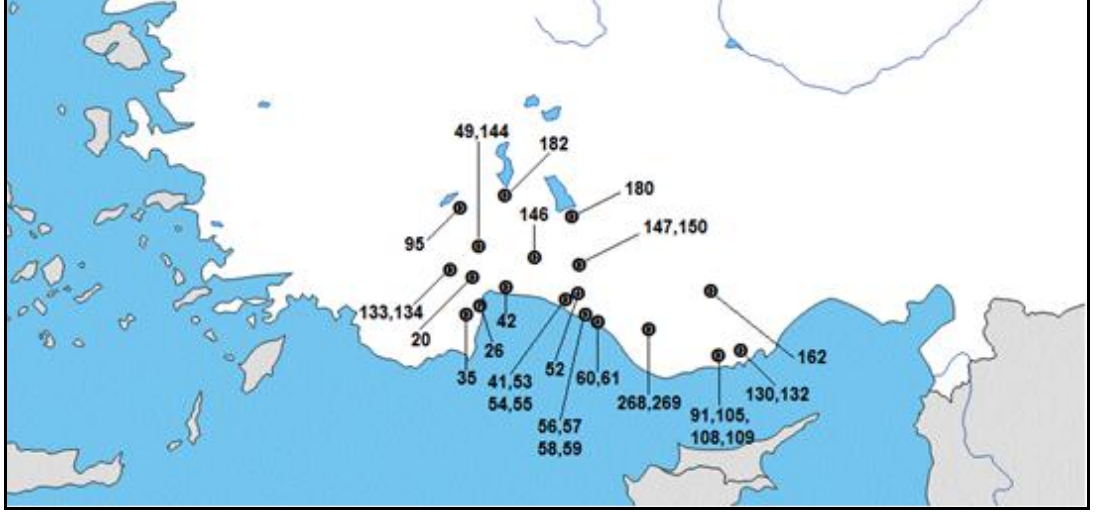
Bölgenin ana çatısını Akdeniz kıyı şeridi boyunca uzanan Toros Dağları oluşturmaktadır. Bu dağlar Alp kıvrım kuşağının ülkemizdeki uzantısıdır. Batı bölümünü Teke Yarımadası ile Antalya Körfezi'nin doğu kesimindeki alan oluştururken, Antalya Körfezi'nin doğusu ile Mersin Körfezi'nin kuzeyi arasındaki bölüm Orta Toroslar olarak adlandırılır. Bey Dağları sahip olduğu 3070 ve 2774 metre zirvelerle Batı Toroslar'ın en yüksek kesimidir. Orta Toroslar'da ise, Bolkar Dağları 3524 m. ve Aladağlar 3756 m. yüksekliklere ulaşan zirveler ile başı çekmektedir. Bölgenin ana iklim karakteri kışların ılık ve yağışlı yazların ise sıcak ve kurak geçmesi şeklindedir. Akdeniz kıyısı boyunca yıllık ortalama sıcaklık 18°C iken, Temmuz sıcaklıkları ortalama 27-28°C civarındadır (Atalay, 2008). *Anatololacerta* cinsinin dağılışı alanı içerisinde yer alan Ege Bölgesi, yer kabuğu kırılmaları ile meydana gelen ovalar ve yükseltilerden oluşmuştur. Bölgenin özellikle batısındaki dağlar kıyı şeridine dik uzanırken, Menteşe Dağları'nın bulunduğu kısımda kuzeybatı-güneydoğu şeklindedir. Batı Ege'de yer alan Bozdağlar 2159 m. ve Aydın Dağları 1819 m. yüksekliklere ulaşan zirveler ile bölgenin yüksek kesimini oluşturmaktadırlar. Daha iç kesimlerde yer alan Emir Dağları 2307 m. ve Murat Dağı 2309 m. yükseklikler ile başı çekmektedirler. Bölgenin batısından iç kesimlere kadar etkili olan iklim Akdeniz iklimidir ve yazlar sıcak ve kurak geçerken kışlar ılık ve yağışlıdır. Bölgenin yıllık ortalama sıcaklığı 17-18°C civarındadır (Atalay, 2008).

#### 3.2. Örneklerin Toplanması

Çalışmada kullanılan örnekler 2012 yılı Eylül ayında ve 2013 yılında Nisan, Mayıs ve Haziran aylarında *Anatololacerta* cinsinin dağılışı sahasına giren Türkiye'nin güney şeridi boyunca toplanmıştır (Şekil 3.1).

Arazi çalışması sırasında eldiven yardımıyla elle yakalanan örnekler bez torbalar içerisinde laboratuvara getirilmiştir. Örneklerle ait renk ve desen özellikleri hayvan canlı iken tespit edilmiş, ayrıca her bir örneğin fotoğrafları çekilmiştir. Örnekler ağzı kapalı bir kap içerisinde eter ile bayıldıktan sonra önceden hazırlanmış uygun tespit karışımının (%96 lik etil alkol) vücut boşluğuna enjekte edilmesiyle tespit edilmişlerdir.

Daha sonra mumlu küvet içine yerleştirilen örnekler, kurumalarını önlemek için alkol ile ıslatılmış pamukla örtüldükten sonra şekil almalarını sağlamak için naylon torba içinde 24 saat süre ile bekletilmiştir. Daha sonra %96'lık alkole alınarak sürekli korunmaları sağlanmıştır.



**Şekil 3.1.** Çalışmada kullanılan örneklerin toplandığı lokaliteler (numaralar müze kodunu belirtmektedir)

Moleküler çalışma için bireylerin kuyruğundan kas doku alınmış ve bu doku örnekleri %98'lik alkol içine konularak -20°C derin dondurucuda saklanmıştır. Bu şekilde doku alınarak kullanılan bireyler Dokuz Eylül Üniversitesi Fauna ve Flora Araştırma ve Uygulama Merkezi'nde saklanmaktadır. Bu çalışmanın gerçekleşebilmesi için Dokuz Eylül Üniversitesi Tıp Fakültesi Hayvan Deneyleri Yerel Etik Kurulu'ndan 03/02/2012 numaralı etik kurul belgesi alınmıştır. Toplanarak kullanılan örneklerle ait ayrıntılı bilgi Çizelge 3.1'de verilmiştir.

**Çizelge 3.1.** Çalışmada kullanılan örnekler, lokaliteleri ve haplotiplerin gen bankası kodu

| Örnek Sayısı (n) | Haplotip Kodu |              | Kod    | Gen Bankası Kodu |          | Koordinat |         |
|------------------|---------------|--------------|--------|------------------|----------|-----------|---------|
|                  | 16S/          | Lokalite     |        | 16S              | C-mos    | N         | E       |
| 1                | ADS2/         | Küçükçaltıca | 26     | KF870838         | KF870861 | 36°47'    | 30°34'2 |
|                  | ADM2          | k (Antalya)  |        |                  |          | 49.7"     | 8.4"    |
| 1                | ADS3/         | Sögütcuması  | 35     | KF870839         | KF870862 | 36°40'    | 30°24'1 |
|                  | ADM3          | (Antalya)    |        |                  |          | 54.2"     | 8.3"    |
| 1                | ADS1/         | Termessos    | 20     | KF870837         | KF870860 | 36°59'    | 30°28'0 |
|                  | ADM1          | (Antalya)    |        |                  |          | 21.1"     | 4.6"    |
| 1                | ADS4/         | Perge        | 42     | KF870840         | KF870863 | 36°57'    | 30°51'1 |
|                  | ADM4          | (Antalya)    |        |                  |          | 40.2"     | 1.1"    |
| 1                | ADS5/         | Korkuteli    | 133    | KF870841         | KF870864 | 37°05'    | 30°09'5 |
|                  | ADM5          | (Antalya)    |        |                  |          | 07.1"     | 3.4"    |
| 1                | ADS5/         | Korkuteli    | 134    | KF870841         | KF870865 | 37°05'    | 30°09'5 |
|                  | ADM6          | (Antalya)    |        |                  |          | 07.1"     | 3.4"    |
| 1                | ADS16/        | Gazipaşa     | 268    | KF870852         | KF870876 | 36°29'    | 32°27'2 |
|                  | ADM17         | (Antalya)    |        |                  |          | 49.6"     | 9.8"    |
| 1                | ADS17/        | Gazipaşa     | 269    | KF870853         | KF870876 | 36°29'    | 32°27'2 |
|                  | ADM17         | (Antalya)    |        |                  |          | 49.6"     | 9.8"    |
| 2                | ADS6/         | Bucak        | 49-144 | KF870842         | KF870867 | 37°20'    | 30°30'0 |
|                  | ADM8          | (Burdur)     |        |                  |          | 08.5"     | 3.6"    |
| 2                | ADS13/        | Konaklı      | 60-61  | KF870849         | KF870871 | 36°35'    | 31°53'1 |
|                  | ADM12         | (Antalya)    |        |                  |          | 22.6"     | 8.6"    |
| 4                | ADS12/        | Avsallar     | 56-57  | KF870848         | KF870870 | 36°38'    | 31°47'0 |
|                  | ADM11         | (Antalya)    | 58-59  |                  |          | 12.4"     | 0.4"    |
| 1                | ADS9/         | Beşkonak     | 146    | KF870845         | KF870873 | 37°13'    | 31°15'5 |
|                  | ADM14         | (Antalya)    |        |                  |          | 17.0"     | 9.9"    |
| 2                | ADS11/        | Oymapınar    | 41-54  | KF870847         | KF870868 | 36°52'    | 31°33'3 |
|                  | ADM9          | B. (Antalya) |        |                  |          | 00.8"     | 2.6"    |
| 2                | ADS11/        | Oymapınar    | 53-55  | KF870847         | KF870869 | 36°52'    | 31°33'3 |
|                  | ADM10         | B. (Antalya) |        |                  |          | 00.8"     | 2.6"    |

**Çizelge 3.1.** Çalışmada kullanılan örnekler, lokaliteleri ve haplotiplerin gen bankası kodu (devam)

| Örnek Sayısı<br>(n) | Haplotip Kodu                  |                              | Kod        | Gen Bankası Kodu |          | Koordinat       |                 |
|---------------------|--------------------------------|------------------------------|------------|------------------|----------|-----------------|-----------------|
|                     | 16S/<br>C-mos                  | Lokalite                     |            | 16S              | C-mos    | N               | E               |
| 1                   | ADS10/<br>ADM9                 | Güzelyalı Köyü<br>(Antalya)  | 52         | KF870846         | KF870868 | 36°53'<br>11.5" | 31°32'4<br>7.4" |
| 2                   | ADS19/<br>ADM20                | Menekşe Deresi<br>(Mersin)   | 91<br>105  | KF870855         | KF870879 | 36°16'<br>42.6" | 33°22'4<br>6.7" |
| 1                   | ADS21/<br>ADM22                | Menekşe Deresi<br>(Mersin)   | 108        | KF870857         | KF870881 | 36°16'<br>42.6" | 33°22'4<br>6.7" |
| 1                   | ADS19/<br>ADM22                | Menekşe Deresi<br>(Mersin)   | 109        | KF870855         | KF870881 | 36°16'<br>42.6" | 33°22'4<br>6.7" |
| 2                   | ADS19/<br>ADM22                | Çamlıca Köyü<br>(Mersin)     | 130<br>132 | KF870855         | KF870881 | 36°20'<br>28.4" | 33°43'0<br>2.0" |
| 1                   | ADS7/<br>ADM7                  | Kurna<br>(Burdur)            | 95         | KF870843         | KF870866 | 37°41'<br>58.4" | 30°20'4<br>2.8" |
| 2                   | ADS14/<br>ADM15                | Akseki<br>(Antalya)          | 147<br>150 | KF870850         | KF870874 | 37°06'<br>23.0" | 31°48'0<br>6.1" |
| 1                   | ADS23/<br>ADM24                | Sertavul Geçidi<br>(Karaman) | 162        | KF870859         | KF870883 | 36°52'<br>44.0" | 33°16'5<br>2.6" |
| 1                   | ADS8/<br>ADM13                 | Eğirdir<br>(Isparta)         | 182        | KF870844         | KF870872 | 37°51'<br>2.6"  | 30°50'2<br>5.2" |
| 1                   | ADS15/<br>ADM16                | Beyşehir<br>(Konya)          | 180        | KF870851         | KF870875 | 37°40'<br>31.6" | 31°24'2<br>2.3" |
|                     | <i>Darevskia<br/>valentini</i> |                              |            | AF206597         | EF632257 |                 |                 |
|                     | <i>Podarcis<br/>muralis</i>    |                              |            | FJ460597         | EF632282 |                 |                 |

Yapılan analizler neticesinde Korkuteli (133, 134), Termessos (20), Küçükçaltıcak (26), Söğütçuması (35) ve Perge (42) örnekleri Batı grubu, Oymapınar Barajı (Manavgat – 41, 53, 54, 55), Avsallar (56, 57, 58, 59), Konaklı (60, 61), Gazipaşa (268, 269), Gülnar (91, 105, 108, 109, 130, 132), Akseki (147, 150) ve Sertavul Geçidi (162) örnekleri

Doğu grubu, Güzelyalı köyü (Manavgat – 52), Beşkonak (146), Eğirdir (182), Burdur (49, 95, 144) ve Beyşehir (180) örnekleri Kuzey grubu olarak değerlendirilmiştir.

### **3.3. DNA Ekstraksiyonu**

Her bir doku örneği steril bisturi ile mekanik olarak parçalanarak 1.5 ml’lik ependorf tüplerine aktarılmıştır. Bu dokulardan hem standart fenol/kloroform DNA ekstraksiyon metodu hem de Invitrogen marka genomik DNA ekstraksiyon kiti kullanılarak DNA izolasyonu yapılmıştır.

#### **3.3.1. Standart fenol/kloroform DNA ekstraksiyon metodu (Sambrook ve Russel, 2001)**

- Parçalanmış dokuların üzerine hücrelerin parçalanması için 700 µl STE (Sodyum/Tris/EDTA), 40 µl %10’luk SDS ve 30 µl Proteinaz-K eklenerek 55°C’de 1 gece inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon sonrası parçalanmış hücrelerin bulunduğu doku tüpüne 700 µl fenol:kloroform:izoamil alkol (25:24:1) çözeltisi eklenerek 5 dk. alt üst edilerek karıştırılmıştır. Daha sonra 12.000 rpm’de 5 dk. santrifüj edilmiştir.
- Santrifüj sonrası tüplerin üst kısmındaki süpernatant tabakası yeni bir ependorfa alınarak üzerine aynı hacimde fenol:kloroform:izoamil alkol eklenerek işlem tekrarlanmıştır.
- Yeniden süpernatant temiz bir ependorfa aktarılmış ve üzerlerine 1:1 hacim olacak şekilde -20°C’de bekletilen izopropanol eklenerek 1 saat -20°C’de inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyondan sonra +4°C ve 13.000 rpm’de 10 dk. santrifüj yapılmıştır.
- Her bir tüpteki izopropanol boşaltılarak dipte oluşan pellet üzerine %70’lik etil alkolden 700 µl eklenerek karıştırılmış ve yine +4°C ve 13.000 rpm’de 10 dk. santrifüj yapılmıştır.
- Santrifüj işleminden sonra tüplerdeki etil alkol boşaltılmıştır.
- Pellet üzerine 80 µl steril distile su ilave edilmiş ve 1 saat boyunca 55°C’de bekletilerek pelletin çözünmesi sağlanmıştır.

### 3.3.2. Invitrogen DNA Ekstraksiyon Kiti ile DNA İzolasyonu

- Parçalanmış dokuların üzerine 180 µl Genomic Digestion Buffer ve 20 µl Proteinaz K eklenerek 55°C’de inkübasyon edilmiştir.
- Elde edilen lizat 13.000 rpm’de 3 dk. santrifüj edilmiş ve süpernatant yeni bir ependorf tüpüne alınmıştır.
- 20 µl RNaz eklenerek vortekslenmiş ve oda sıcaklığında 2 dk. bekletilmiştir.
- 200 µl Genomic Lysis/Binding Buffer ve 200 µl %96’lık etanol eklenerek vortekslenmiştir.
- Bu aşamadan sonra örnekler spin kolonuna alınıp, 10.000 rpm’de 1 dk. santrifüj edilmiştir.
- Kolon boşaltıldıktan sonra, örnek üzerine 500 µl Wash Buffer 1 eklenmiş, 10.000 rpm’de 1 dk. santrifüj edilmiştir.
- Kolon tekrar boşaltılmış ve bu sefer Wash Buffer 2 eklenerek santrifüj işlemi 10.000 rpm’de 3 dk. olacak şekilde tekrarlanmıştır.
- Spin kolonu yeni bir steril ependorf tüpüne konulmuş ve üzerine 80 µl Genomic Elution Buffer eklenmiştir. 2 dk. oda sıcaklığında bekletilmiştir.
- 13.000 rpm’de 1 dk. santrifüj ile spin kolonun filtresine bağlanmış olan DNA ependorf tüpüne toplanmıştır.

### 3.4. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) ve Reaksiyon Koşulları

#### 3.4.1 Mitokondriyal DNA 16S rRNA gen bölgesinin PCR reaksiyonu koşulları

Tüm örnekler için mtDNA’sının 16S rRNA gen bölgesinin 1074 baz çiftlik kısmı Çizelge 3.2’de verilen primerler kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. Çoğaltma işlemi için PCR koşulları; başlangıç denatürasyonu 94°C/5 dakika, 30 döngü 94°C/30 saniye denatürasyon, 60-52°C/30 saniye bağlanma ve 72°C/45 saniye uzama, 72°C/5 dakika son uzama şeklindedir. Reaksiyon karışımı 50ng/2µl kalıp DNA, 10X PCR tampon (Fermentas), 2.5mM/2µl dNTP, 1.5mM/2µl MgCl<sub>2</sub>, 20pmol/0.5µl primer ve 1.0 Unit Taq DNA polimeraz (Fermentas) toplam reaksiyon hacimini 50 µl’ye tamamlayacak şekilde steril distile su ile hazırlanmıştır.



**Çizelge 3.2.** Mitokondriyal DNA 16S rRNA gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri

| Primerler | Primer dizileri (5' – 3')                                        | Uzunluk (baz) |
|-----------|------------------------------------------------------------------|---------------|
| 16S1      | L1921 CCCGAAACCAAACGAGCAA<br>H2568 CTACCTTTGCACGGTTAGGATACCGCGGC | 637           |
| 16S2      | 16Sar CGCCTGTTTATCAAAAACAT<br>16Sbr CCGGTCTGAACTCAGATCACGTT      | 437           |

#### 3.4.2. Çekirdek DNA C-mos gen bölgesinin PCR reaksiyonu koşulları

Tüm örnekler için çekirdek DNA'sının C-mos gen bölgesinin 559 baz çiftlik kısmı Çizelge 3.3'de verilen primer çifti kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. Çoğaltma işlemi için PCR koşulları; başlangıç denatürasyonu 94°C/2 dakika, 35 döngü 94°C/10 saniye denatürasyon, 56°C/15 saniye bağlanma ve 72°C/50 saniye uzama, 72°C/5 dakika son uzama şeklindedir. Reaksiyon karışımı 50ng/2µl kalıp DNA, 10X PCR tampon (Fermentas), 2.5mM/2µl dNTP, 1.5mM/2µl MgCl<sub>2</sub>, 20pmol/0.5µl primer ve 1.0 Unit Taq DNA polimeraz (Fermentas) toplam reaksiyon hacimini 50 µl'ye tamamlayacak şekilde steril distile su ile hazırlanmıştır.

**Çizelge 3.3.** nDNA C-mos gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primer dizileri

| Primerler | Primer dizileri (5' – 3') | Uzunluk (baz) |
|-----------|---------------------------|---------------|
| L1cmos    | CTAGCTTGGTGTCTATAGACTGG   | 559           |
| Hcmos3    | GGTGATGGCAAATGAGTAGAT     |               |

#### 3.5. Elektroforez

PCR işleminden sonra ürünlerin kontrol edilmesi için hem 16S rRNA bölgesi hem de C-mos gen bölgesi için %1'lik agaroz jel kullanılmıştır. Agaroz 0.5X TBE (Tris:Borikası:EDTA) tamponu içinde çözünönceye kadar mikrodalga fırında kaynatılmıştır. Çözünme gerçekleşikten sonra çözelti soğutulmuş ve içine DNA varlığını görünür kılacak 5 µl Safeview (ABM) konulmuştur. Daha sonra yürütme işleminin gerçekleştirileceği elektroforez küvetinin içine dökülmüş ve jelin tamamen donması beklenmiştir. Jel yükleme kuyularını oluşturan taraklar çıkarıldıktan sonra, elektroforez tankına yerleştirilmiştir. Elektroforez tankı yine 0.5X TBE ile jelin yüzeyi kapanacak şekilde doldurulmuştur. Her yürütme işlemi için ilk kuyuya 100 baz çifti (Fermentas) DNA işaretleyicisinden 3 µl, sonraki kuyulara da 2µl/6x Brom-fenol mavisi

ile boyanmış her bir örneğe ait 5 µl PCR ürünü yüklenmiştir. Son kuyuya ise, PCR karışımı hazırlanırken oluşabilecek herhangi bir kontaminasyonun varlığını tespit edebilmek için DNA yerine su konularak gerçekleştirilen PCR ürünü (negatif kontrol) yüklenmiştir. Elektroforez 100 volt'ta 30 dakika süreyle gerçekleştirilmiştir ve tamamlandıktan sonra DNA parçaları UV transilüminatör ile görüntülenmiştir. Jel görüntüleri, jel dokümantasyon sistemi (Vilber Lourmat) kullanılarak kaydedilmiştir.

### **3.6. Sekans Analizi**

Mitokondriyal DNA ve nDNA gen bölgelerinin dizileme analizleri için; ampliconları oluşturan PCR primerleri ile birlikte PCR ürünleri dizileme analizinin yapılması için MacroGen Inc. Firma'sına gönderilmiştir (Seul, Güney Kore). Burada ABI PRISM 3700 DNA otomatik analiz (PE Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) cihazı ile dizileme yapılmıştır. Elde edilen sekanslar National Center of Biotechnology Information'ın (NCBI) web sayfasındaki (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) Nucleotide-nucleotide BLAST programı kullanılarak Gen Bankası'nda yer alan Lacertidae familyası üyelerine ait DNA bölgeleri ile karşılaştırılmıştır.

### **3.7. Verilerin Analizi**

#### **3.7.1. DNA dizilerinin hizalanması**

DNA sekans analizi sonucunda 16S rRNA dizisine ait 1074 baz çiftlik kısım ile C-mos gen bölgesine ait 559 baz çiftlik kısım BioEdit 7.0.9 (Hall, 1999) içerisinde yer alan ClustalW 2.0 (Thompson vd., 1997) programı ile hizalanmıştır. Aynı zamanda görsel olarak da kontrol edilmiştir.

#### **3.7.2. Haplotip ve nükleotit çeşitliliği**

Tüm bireylere ait hem mtDNA hem de çekirdek DNA dizilerinin sahip olduğu ortalama nükleotit içeriği, haplotip sayısı, transisyon, transversiyon ve indel (insersiyon-delesyon) sayıları Mega 5.1 (Tamura vd., 2011) paket programı kullanılarak hesaplanmıştır. Haplotip ve nükleotit çeşitliliği ( $\pi$ ) (Nei, 1987) ise DNAsp 4.2 (Rozas vd., 2003) kullanılarak belirlenmiştir.

### **3.7.3. Genetik uzaklığın tespiti**

Ana filogenetik soy hatları arasındaki genetik mesafe değerleri Kimura-2 parametresine göre Mega 5.1 (Tamura vd., 2011) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Yine aynı program kullanılarak Kimura-2 parametresine göre Neighbor-joining (NJ) ağacı oluşturulmuştur.

### **3.7.4. DNA değişim modelinin tespiti**

Maksimum olasılık (ML) analizi için en iyi DNA değişim modeli Bayesian Information Criteria – BIC (Luo ve ark., 2010) altında Modeltest 3.7 (Posada ve Crandall, 1998) programı kullanılarak belirlenmiştir. 16S rRNA gen bölgesi için en iyi model GTR+G (General Time Reversible, Gamma dağılımı) olarak saptanırken, C-mos gen bölgesi için Kimura-2 en iyi model olarak tespit edilmiştir.

Diğer yandan, Bayesiyan analizi için en iyi DNA değişim modeli Mr.Modeltest 2.3 (Nylander, J.A.A., 2004) programı kullanılarak tespit edilmiştir. 16S rRNA gen bölgesi için en iyi model GTR+G (General Time Reversible, Gamma dağılımı) olarak saptanırken, C-mos gen bölgesi için en iyi model Kimura-2'dir.

### **3.7.5. Maksimum olasılık (ML) ve bayesiyan (BMCMC) analiz**

Maksimum olasılık analizi, PHYML 2.4.4 (Guindon ve Gascuel, 2003) programı kullanılarak 16S rRNA, C-mos ve 16S rRNA+C-mos dizilerine ayrı ayrı uygulanmıştır. Ağaçların güvenilir şekilde oluşturulması için bootstrap değeri 1000 olarak ayarlanmış ve SPR (Subtree pruning-regrafting) methodu kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Aynı zamanda TreePuzzle (Schmidt vd., 2002) programı ile ML ağaçları oluşturulmuştur. Bu analizin gerçekleşmesi için Quartet-puzzling metodu kullanılmıştır.

Bayesiyan filogenetik analizi Mr.Bayes 3.2.1 (Huelsenbeck ve Ronquist, 2001) programında gerçekleştirilmiştir. Bu analiz 16S rRNA ve C-mos bölgeleri için ayrı birer model altında jenerasyon sayısı  $5 \times 10^6$  olacak şekilde aynı anda dört zincirde yapılmıştır. Güvenilir bir sonucun eldesi için olasılık değerleri ve parametre hesapları Tracer (Rambaut ve Drummond, 2004) programı kullanılarak doğrulanmıştır. En geçerli ağacın

tespiti Burn-in %10 kuralına göre hesaplanmış ve ilk  $5 \times 10^3$  ağaç atılarak geriye kalan  $4.5 \times 10^4$  ağaç üzerinde değerlendirme yapılarak belirlenmiştir.

## 4. BULGULAR

### 4.1. mtDNA 16S rRNA ve nDNA C-mos Genlerinin Sekans Analizi

#### 4.1.1. DNA dizilerinin hizalanması

Toplam 34 örneğe ait 16S rRNA ve C-mos gen bölgelerinin dizi analizi yapılmıştır. Öncelikle çalışılan gen bölgelerinin doğruluğunu test etmek amacıyla elde edilen diziler Gen Bankası'nda bulunan Blast uygulaması yoluyla kontrol edilmiştir. Daha sonra dizilerin başlangıç ve son kısımlarındaki örneklerin hepsinde bulunmayan DNA dizileri çıkarılmıştır. Sonuç olarak, 16S rRNA için 1074 bç., C-mos için ise 559 bç.'lik kısımlar üzerinden analizler gerçekleştirilmiştir.

#### 4.1.2. Haplotip dağılımı

Ülkemizdeki dağılışı alanının Batı Toroslar bölümünden toplanan *Anatololacerta* cinsine ait bireylerin 16S rRNA gen bölgesi için 18 haplotip tespit edilirken, C-mos için 8 haplotip bulunmuştur. 16S rRNA geni için tespit edilen haplotipler toplam 62 polimorfik bölge içermektedir. Ayrıca bu haplotiplere ait transisyon/transversiyon oranı (R) 5.579 hesaplanırken, toplam 6 noktada insersiyon/delesyon (indel) tespit edilmiştir. C-mos için ise haplotipler toplam 10 polimorfik bölge içerirken, transisyon/transversiyon oranı (R) 370.819 olarak hesaplanmıştır. C-mos'a ait DNA dizisinde herhangi bir insersiyon/delesyon (indel) bulunmamıştır.

#### 4.1.3. Haplotip (Hd) ve nükleotit ( $\pi$ ) çeşitliliği

Mitokondriyal DNA için Batı örneklerinde (n=6) %73 oranında haplotip çeşitliliği bulunurken, söz konusu değer Doğu (n=21) ve Kuzey (n=7) örnekleri için sırasıyla %88 ve %95 olarak tespit edilmiştir. Tüm populasyonlar için haplotip çeşitliliği ise %94 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.1).

Çekirdek DNA için ise, haplotip çeşitliliği en fazla %80 ile Batı grubunda yer alırken, tüm populasyonlar için %74 olarak saptanmıştır (Çizelge 4.1).

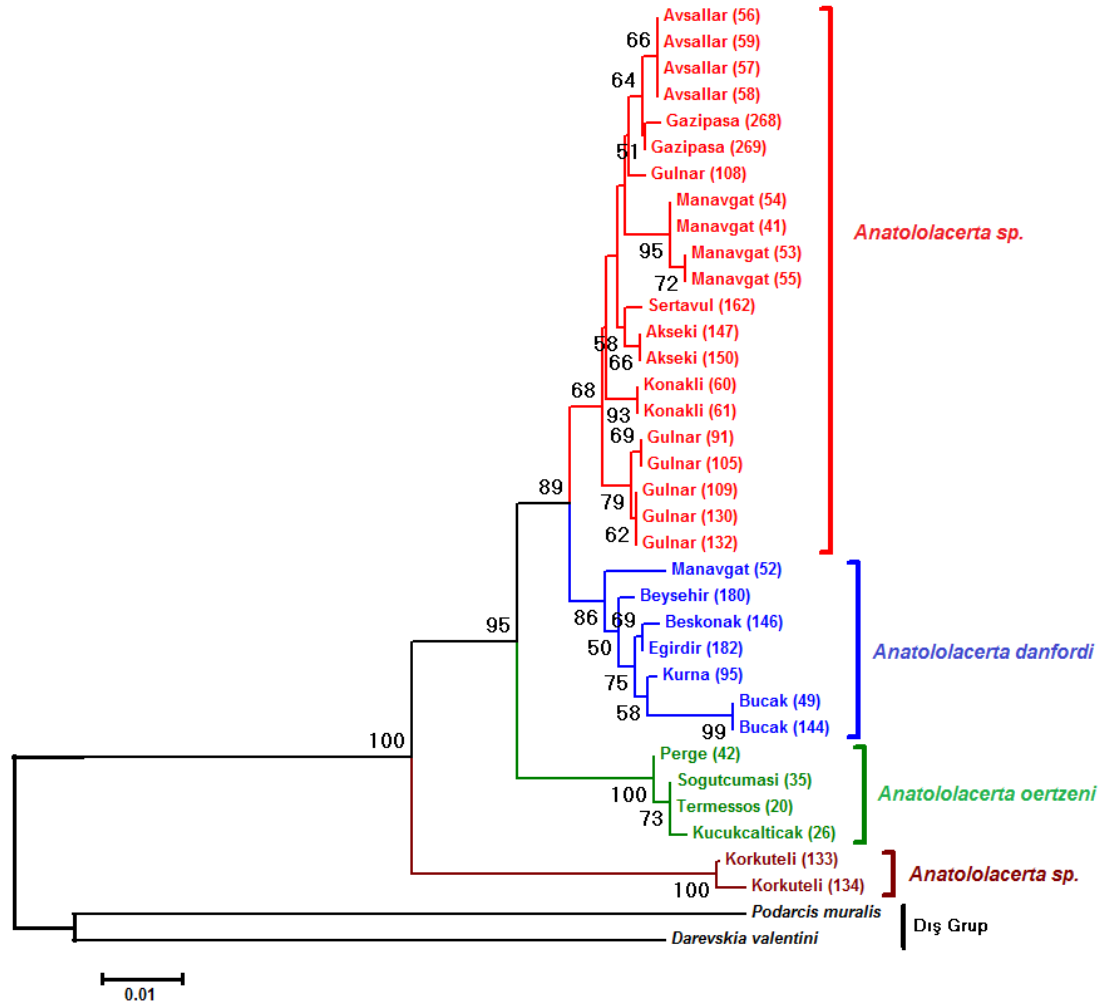
**Çizelge 4.1.** Populasyonlara göre haplotip (Hd) ve nükleotit çeşitliliği ( $\pi$ ) (SD: standart sapma)

| Lokaliteler   | mtDNA       |                                    | nDNA        |                                    |
|---------------|-------------|------------------------------------|-------------|------------------------------------|
|               | Hd          | $\pi \pm SD$                       | Hd          | $\pi \pm SD$                       |
| Batı Grubu    | 0.73        | 0.018 $\pm$ 0.0056                 | 0.80        | 0.003 $\pm$ 0.0010                 |
| Doğu Grubu    | 0.88        | 0.003 $\pm$ 0.0001                 | 0.59        | 0.001 $\pm$ 0.0003                 |
| Kuzey Grubu   | 0.95        | 0.003 $\pm$ 0.0008                 | 0.76        | 0.005 $\pm$ 0.0014                 |
| <b>TOPLAM</b> | <b>0.94</b> | <b>0.011<math>\pm</math>0.0019</b> | <b>0.74</b> | <b>0.003<math>\pm</math>0.0006</b> |

#### 4.1.4. Uzaklık metodu ile filogenetik ağaç oluşturulması (Neighbor-joining)

*Anatololacerta* cinsine ait örnekler için genetik uzaklık metodu kullanılarak Neighbor-joining (NJ) ağacı oluşturulmuştur (Şekil 4.1). Bu ağaca göre *Anatololacerta* cinsi 4 ayrı gruba ayrılmıştır. Batıda Korkuteli grubu bir dalda yer alırken, Termessos, Söğütcuması, Küçükçaltıcak ve Perge örneklerinin bulunduğu grup ayrı bir dalda ortaya çıkmaktadır. Manavgat (Oymapınar Barajı), Konaklı, Avsallar, Gazipaşa, Gülnar, Akseki ve Sertavul Geçidi örnekleri birlikte gruplanmışlardır. Bununla birlikte Burdur, Eğirdir, Beyşehir, Beşkonak ve Manavgat (Güzelyalı köyü) örnekleri ayrı bir grup olarak ortaya çıkmaktadır.

Oluşturulan NJ ağacına göre Korkuteli’nden (Antalya) elde edilen örnekler genetiksel olarak diğer lokalitelerdeki örneklerden çok açık bir şekilde ayrılmaktadır. *A. oertzeni* ve *A. danfordi* örnekleri farklı dallarda ortaya çıkmaktadır. Bununla birlikte Manavgat ve Gülnar arasında bulunan lokalitelere ait örnekler *A. danfordi* örneklerinden farklı bir dalda yer almışlardır. *Anatololacerta* cinsine ait örneklerin toplandığı lokalitelerde tespit edilen haplotipler arasındaki genetik uzaklık değerleri Ek Çizelge 1’de verilmiştir.



**Şekil 4.1.** 16S rRNA ve C-mos gen bölgelerinin birlikte analizi sonucu elde edilen NJ ağacı (Kimura-2 parametre, 1000 bootstrap)

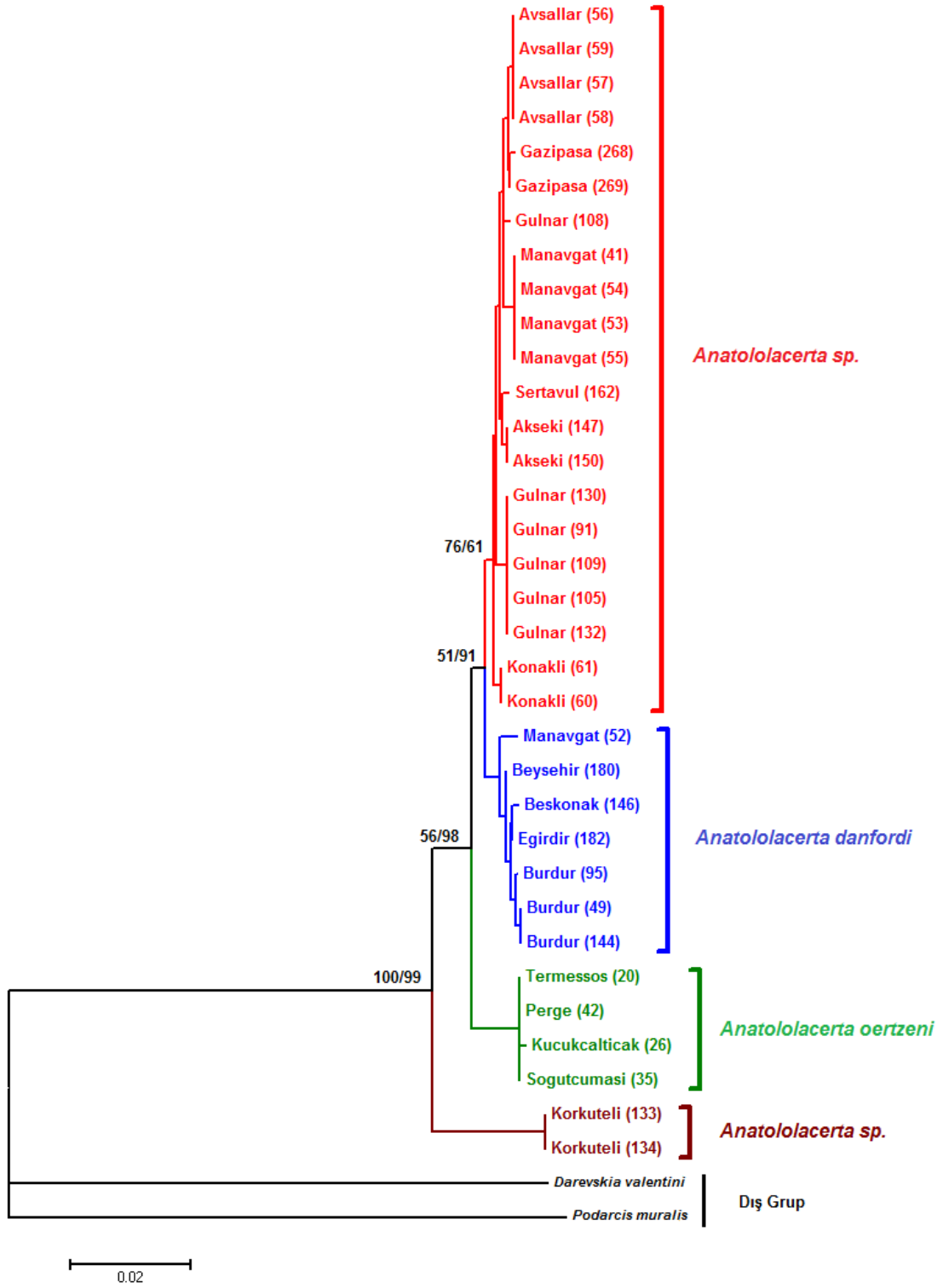
#### 4.1.5. Maksimum olasılık (ML) analizi ile oluşturulan filogenetik ağaç

Nükleotit değişim analizi olarak gerçekleştirilen maksimum olasılık analizi hem 16S rRNA dizisi için hem de 16S rRNA+C-mos toplam dizisi için ayrı ayrı yürütülmüştür. Her iki veri setinin analizi sonucunda 4 farklı soy hattı tespit edilmiştir.

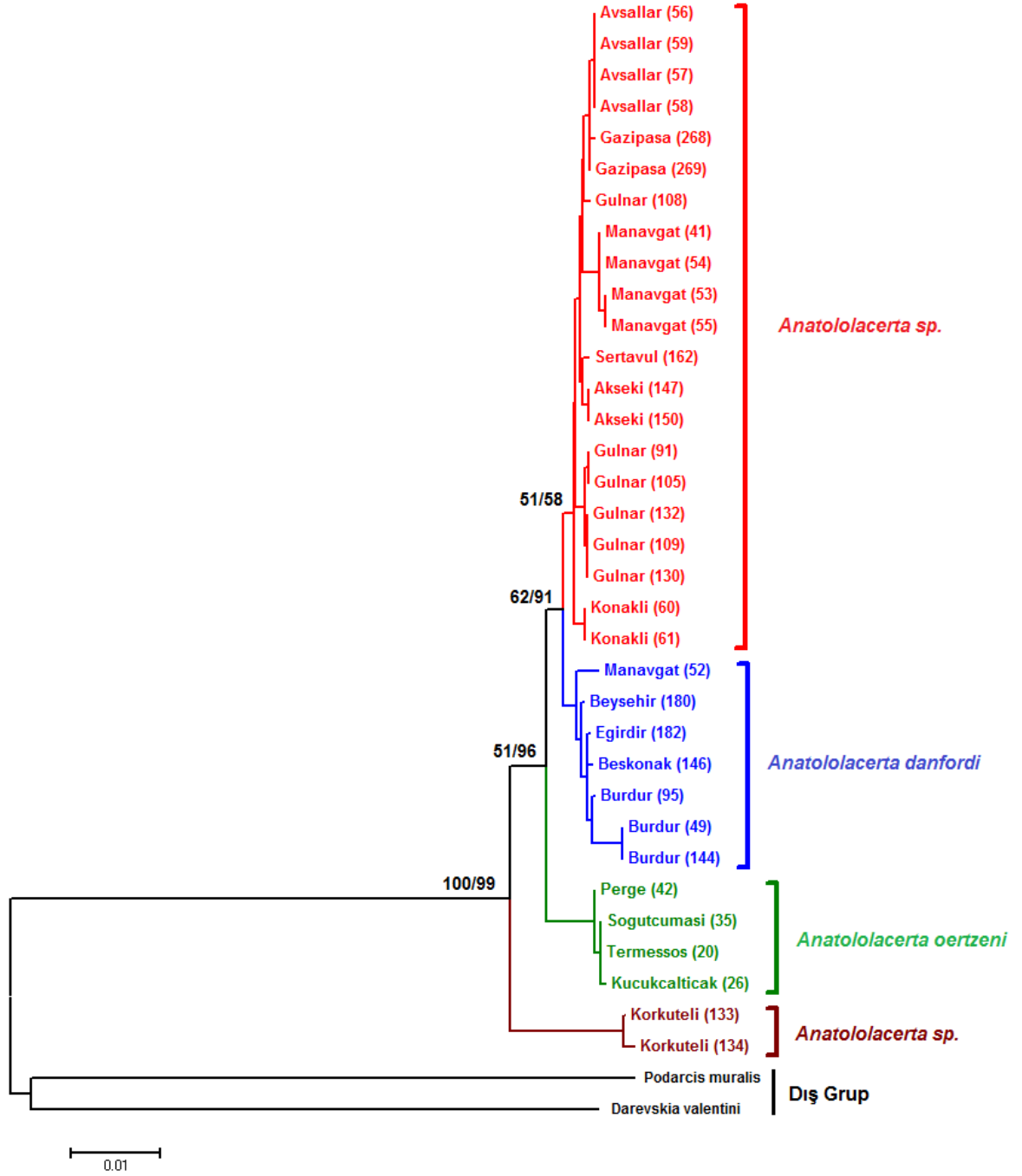
Akseki (Antalya) ve Sertavul Geçidi (Karaman) *A. danfordi* yayılış alanı olarak bilinmesine rağmen, Avsallar (Antalya), Gazipaşa (Antalya), Manavgat (Oymapınar Barajı-Antalya), Konaklı (Antalya) ve Gülnar (Mersin) örnekleri ile birlikte *A. danfordi*'den farklı olarak ayrı bir dalda yer almıştır. Ayrıca Manavgat Nehri'nin doğusunda (Güzelyalı Köyü) yer alan bir örnek batısında yer alan örneklerden farklı olarak *A. danfordi* grubu içinde yer almıştır (Şekil 4.2).

16S rRNA+C-mos toplam dizisinin analizi sonucunda *A. oertzeni* yayılış sahasından elde edilen örnekler aynı grupta yer alarak dallanmışlardır (Şekil 4.3). Fakat yine Korkuteli (Antalya) örnekleri diğer üç gruptan farklı bir dalda yer almışlardır. Akseki (Antalya), Sertavul Geçidi (Karaman), Avsallar (Antalya), Gazipaşa (Antalya), Manavgat (Oymapınar Barajı-Antalya), Konaklı (Antalya) ve Gülnar (Mersin) örnekleri *A. danfordi* ve *A. oertzeni*'den farklı bir dalda gözükmemektedirler. Yine Manavgat Nehri'nin doğusunda (Güzelyalı Köyü) yer alan örnek batısında yer alan kertenkele örneklerinin aksine *A. danfordi* içinde dallanmıştır.





**Şekil 4.2.** 16S rRNA gen bölgesinin ML analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç (Dallar üzerindeki sayılar bootstrap değerleridir, Phym/Treepuzzle)

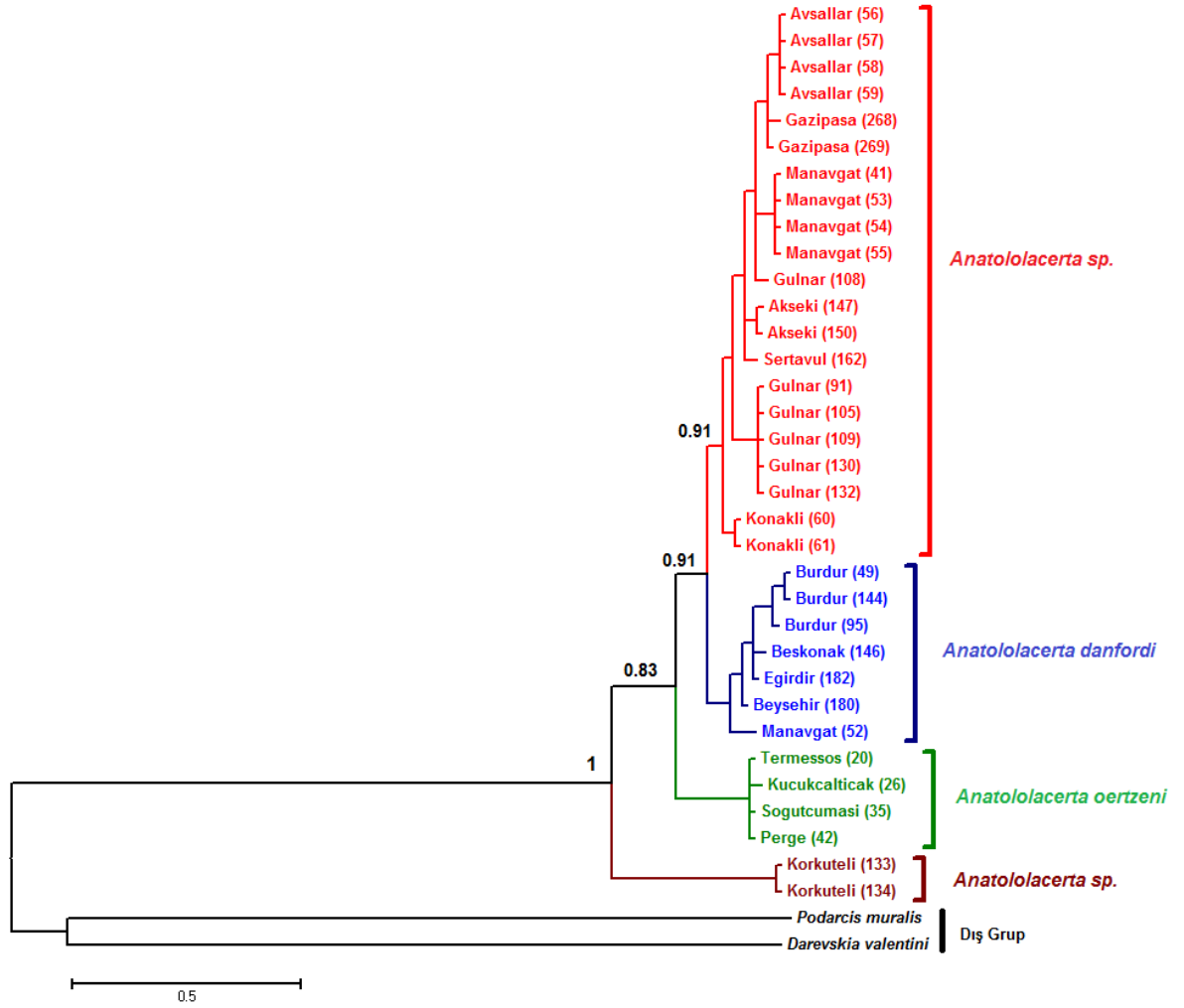


**Şekil 4.3.** 16S rRNA ve C-mos gen bölgelerinin birlikte ML analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç (Dallar üzerindeki sayılar bootstrap değerleridir, Phym/TreePuzzle)

#### 4.1.6. Bayesiyan analizi sonucu oluşturulan filogenetik ağaç

Nükleotit değişim analizi olarak gerçekleştirilen Bayesiyan analizi neticesinde, ortaya çıkan ağaçta 4 ayrı soy hattı gözükmemektedir (Şekil 4.4). Bunlardan Antalya’da yer alan Termessos, Küçükçaltıcak, Söğütçumasi ve Perge’den elde edilen kertenkele örnekleri *A. oertzeni* grubu içinde yer almaktadır. Morfolojik değerlendirmelere göre *A. oertzeni*

yayılış alanında yer alan Korkuteli örnekleri ise, ayrı bir soy hattı olarak ortaya çıkmışlardır. Burdur (Kurna Köyü ve Bucak), Beşkonak (Antalya), Eğirdir (Isparta) ve Beyşehir (Konya) örnekleri aynı dalda yer alarak *A. danfordi* grubunu oluşturmuşlardır. Ayrıca Manavgat Nehri'nin doğusunda (Güzelyalı Köyü) yer alan bir kertenkele örneği de *A. danfordi* soy hattı içerisinde bulunmaktadır.



**Şekil 4.4.** 16S rRNA ve C-mos gen bölgelerinin birlikte Bayesiyan analizi sonucu elde edilen filogenetik ağaç (Dallar üzerindeki sayılar bootstrap değerleridir)

*A. danfordi* yayılış alanında yer alan Akseki (Antalya) ve Sertavul Geçidi'nden (Karaman) elde edilen kertenkele örnekleri *A. danfordi* ve *A. oertzeni*'den farklı olarak Avsallar (Antalya), Gazipaşa (Antalya), Manavgat (Oymapınar Barajı-Antalya), Konaklı (Antalya) ve Gülnar (Mersin) örnekleri ile aynı grupta yer almışlardır.

## 5. TARTIŞMA VE SONUÇLAR

Günümüze kadar *Anatololacerta* cinsine ait türlerin taksonomilerini belirlemeye yönelik gerçekleştirilen kapsamlı çalışma sayısı son derece azdır. Hali hazırda mevcut iki çalışma, bu taksona giren türleri sadece morfolojik yönden ele alan çalışmalardır (Budak, 1976; Eiselt ve Schmidtler, 1986).

Bu çalışmada 19 farklı lokaliteden toplanan 34 örneğe ait mtDNA 16S rRNA ve çekirdek DNA C-mos genleri taranarak *Anatololacerta* cinsine giren taksonların belirlenmesine çalışılmıştır. Örneklerin toplandığı 19 lokalitenin büyük bir bölümünü Eiselt ve Schmidtler, (1986) tarafından *A. danfordi* ve *A.oertzeni* türleri arasında kontak zon (hibrit) olarak belirlenen bölgeler oluşturmaktadır (Ek Şekil 1). Buna bağlı olarak Antalya (Avsallar Köyü-Alanya, Maha Yaylası-Gazipaşa, Oymapınar Barajı-Manavgat, Güzelyalı Köyü-Manavgat, Konaklı-Alanya, Perge-Serik, Termessos, Küçükçaltıcak, Söğütçuması, Irmasan Geçidi, Akseki ve Korkuteli Barajı), Burdur (Kurna Köyü, Bucak), Isparta (Eğirdir), Konya (Beyşehir), Karaman (Sertavul Geçidi) ve Mersin (Menekşe Deresi- Gülnar, Çaltı (Çamlıca) Köyü-Gülnar)’den toplanan *Anatololacerta* spp. örnekleri kullanılmıştır.

Gerçekleştirilen moleküler analizlere göre, Avsallar, Manavgat, Gülnar ve Konaklı örnekleri ayrı soy hattında (Doğu grubu) yer almaktadır (Şekil 4.3, 4.4: bootstrap: 0.91-Bayes; bootstrap: %62-PHYML; bootstrap: %91-TreePuzzle). Eiselt ve Schmidtler, (1986) bu bölgeyi *A. danfordi* ve *A.oertzeni* arasında oluşan bir kontakt bölge olarak değerlendirmiştir (*A. danfordi bileki* X *A.oertzeni ibrahimi*). Bununla birlikte, Eiselt ve Schmidtler, (1986) tarafından *A. d. bileki* olarak ortaya konan Irmasan Geçidi (Akseki) ve Sertavul Geçidi (Karaman) örnekleri Doğu grubu içerisinde yer almaktadır. Ayrıca Eiselt ve Schmidtler, (1986) *A. d. bileki* alttürünün tip lokalitesinin Irmasan Geçidi olduğunu belirtmiştir. Sonuç olarak, Eiselt Schmidtler, (1986) tarafından kontakt zon *A. d. bileki* veya *A. o ibrahimi* olarak belirtilen bölge çalışmamızda bu alttürlerden farklı olarak ayrı bir dal (Doğu grubu) üzerinde toplanmıştır.

Manavgat Nehri’nin batısından (Oymapınar Barajı) elde edilen örnekler ile doğusundan elde edilen bir örnek yapılan analizler neticesinde ayrı soy hatlarında yer almaktadırlar. Eiselt ve Schmidtler, (1986) Manavgat’dan elde edilen örnekleri morfolojik analizler neticesinde *A. danfordi* X *A.oertzeni* kontak zonu içerisinde değerlendirilmiştir.

Çalışmamızda Manavgat Nehri'nin doğusundan elde edilen örnek Eiselt ve Schmidtler'in, (1986) ortaya koyduğu *A. danfordi* dalında tespit edilmekle birlikte nehrin batısından elde edilen örnekler Eiselt ve Schmidtler'in (1986) belirttiği *A. danfordi* veya *A. oertzeni*'den farklı olarak ayrı bir dalda yer almışlardır. Bu durum Manavgat Nehri'nin batısında günümüze kadar ortaya konmayan ayrı bir soy hattının varlığını işaret etmektedir.

Eiselt ve Schmidtler, (1986) Bucak'ın 16 km güneyinden elde ettiği örnekleri *A. o. ibrahimi*, Beşkonak (Antalya)'tan elde edilen örnekleri ise *A. danfordi* X *A. oertzeni* olarak ele almıştır. Bu çalışmada Bayes ve ML analizleri neticesinde Bucak, Kurna Köyü, Beşkonak, Eğirdir ve Beyşehir örnekleri aynı soy hattı içerisinde tespit edilmiştir. Analize dahil edilen iki tane Bucak örneği, Eiselt ve Schmidtler'in, (1986) çalışmasında belirtilen (*A. o. ibrahimi*) durumdan farklılık göstermektedir. Yapılan her iki analizde de Beşkonak'tan elde edilen bir örnek kullanılmıştır. Söz konusu analizler neticesinde bu bölgeden elde edilen örneğin Kurna Köyü-Burdur, Eğirdir-Isparta ve Beyşehir-Konya'dan elde edilen örneklerle birlikte aynı soy hattında olduğu belirlenmiştir. Bu durum, bölgede Eiselt ve Schmidtler, (1986) çalışmasında da belirtildiği gibi *A. danfordi*'nin varlığına işaret etmektedir. Ancak Beşkonak bölgesinden elde edilecek yeni örneklerle yapılacak analizler neticesinde söz konusu bölgenin durumu net bir şekilde ortaya konabilir.

Mevcut çalışmada Bayes ve ML analiz sonuçlarına göre Termessos, Küçükçaltıcak, Perge ve Söğütçuması örnekleri aynı soy hattına dahildir. Elde edilen sonuçlar morfolojik verilere dayanan Eiselt ve Schmidtler, (1986) çalışmasında verilen ayrımla (*A. o. ibrahimi*) uyumludur.

Korkuteli Barajı'ndan elde edilen iki örnek kullanılarak yapılan analizler sonucunda bu bölgenin, bu çalışmada incelenen diğer örneklerden tamamen farklı bir soy hattında olduğu saptanmıştır. Eiselt ve Schmidtler, (1986) Çobanisa'nın 5 km kuzeyi (Korkuteli Elmalı arası) ve Kızılcadağ Köyü, (Korkuteli'nin 25 km güneybatısı) örneklerini *A. o. budaki* olarak ele alınırken, Korkuteli'nin 9 km kuzeybatısındaki örnekleri *A. o. ibrahimi* olarak değerlendirmiştir. Araştırmacılar Korkuteli ve civarında herhangi bir kontak zondan bahsetmedikleri gibi bölgede sadece *A. oertzeni*'nin varlığına işaret etmişlerdir. Bu çalışmada elde edilen sonuçlar bölgede morfolojik olarak bilinen *A. danfordi* ve *A. oertzeni* gruplarından farklı bir grubun varlığına işaret etmektedir.

Mevcut çalışmamızda 16S rRNA ve C-mos belirteçleri söz konusu grupların moleküler düzeyde analizleri aşamasında kullanılmıştır. Günümüzde kertenkele filogenisini konu alan çalışmalarda yukarıda belirtilen moleküler belirteçlere ilaveten sitokrom *b* ve Rag-1 belirteçleri de taksonomik yönden problemli grupların durumlarının ortaya çıkarılmasında ve diğer belirteçlerin verdiği sonuçların güvenilirliğinin arttırılmasında yaygın olarak kullanılmaktadır (Mayer ve Pavlicev, 2007; Pavlicev ve Mayer, 2009; Kapli vd., 2011). Ayrıca yukarıda adı geçen soy hatlarının *Anatololacerta* grubu içerisinde taksonomik düzeyde tür veya alttür olarak değerlendirilebilmesi adına da söz konusu bölgelerden elde edilecek örneklerin morfolojik düzeyde de (foliosis karakterleri ve vücut ölçüm ve oranları ile renk-desen özellikleri) değerlendirilmesi gerekmektedir.

## KAYNAKLAR

- Afsar, M. ve Tok C.V., 2011. The herpetofauna of the Sultan Mountains (Afyon-Konya-Isparta), Turkey, Tr. J. Zool. 35, (4), 491-501.
- Ahmadzadeh, F., Fleck, M., Rödder, D., Böhme, W., Ilgaz, Ç., Harris, D.J., Engler, J.O., Üzümlü, N. ve Carretero, M.A., 2013. Multiple dispersal out of Anatolia: biogeography and evolution of oriental green lizards, Biological Journal of the Linnean Society, 110, 398-408.
- Allendorf, F.W. ve Luikart, G., 2007. Conservation and the Genetics of Populations, Wiley-Blackwell Publishing, 642 pp.
- Andren, C. ve Nilson, G., 1975. Observations on the Herpetofauna of Turkey in 1968-1973, British Journal of Herpetology.
- Anhuf, D., 2000. Vegetational history and climate changes in Africa north and south of the Equator (10°N-10°S) during the Last Glacial Maximum (LGM). In: Southern Hemisphere Palaeo and Neoclimate, p. 225-248, Smolka, P., Volkheimer, W., Eds, Heidelberg, Springer.
- Arnold, E.N., 1989. Towards a phylogeny and biogeography of the Lacertidae: Relationships within an Old-world family of lizards derived from morphology, Bulletin of the British Museum, London (Zoology), 55, 209-257.
- Arnold, E.N., 1997. Interrelationships and evolution of the East Asian Grass lizards, Takydromus (Squamata: Lacertidae), Zoological Journal of the Linnean Society, 119, 267-296.
- Arnold, E.N., Arribas, O. ve Carranza, S., 2007. Systematics of the palaearctic and oriental lizard tribe Lacertini (Squamata: Lacertidae: Lacertinae), with descriptions of eight new genera, Zootaxa, 1430, 1-86.
- Arribas, O.J., 1997. Morfología, filogenia y biogeografía de las lagartijas de alta montaña de los Pirineos, Ph.D. Thesis, Universidad Autónoma de Barcelona, 353 pp., (8 pp and microfiche. Pub. U.A.B.).
- Atalay İ., 2008. Ekosistem Ekolojisi ve Coğrafyası, META.
- Avise, J.C., Walker, D. ve Johns, G.C., 1998. Speciation durations and Pleistocene effects on vertebrate phylogeography, Proc. R. Soc. Lond., B 265, 1707-1712.
- Baquero, R.A. ve Telleria, J.L., 2001. Species richness, rarity and endemism of European mammals: A biogeographical approach, Biodiversity Conserv., 10, 29-44.
- Baran, İ., 1977. Güneydoğu Anadolu'dan Yeni *Lacerta danfordi* materyali hakkında, Ege Üniv. Fen Fak. Dergisi İzmir, Seri B, 1, 325-330.
- Baran, İ., 1983. Güneybatı Anadolu'da Finike ve Kaş civarının Herpetolojisi, Doğa Bilim Dergisi, TBTA Ankara, Seri A, 7, 59-66.
- Baran, İ., 1990. Marmaris ve İskenderun arasındaki adalarımızın herpetofaunası, Doğa-Tr. J. of Zoology, 14, 113-126.

- Baran, İ. ve Atatür, M.K., 1998. Turkish Herpetofauna (Amphibians and Reptiles), Çevre Bakanlığı Ankara, ISBN: 975-7347-38-8, S. 1-214.
- Baran, İ. ve Kumlutaş, Y., 1999. Köyceğiz Özel Koruma Bölgesi *Lacerta danfordi* (Reptilia: Lacertidae) Populasyonu Hakkında, Tr. J. of Zoology, 23 Ek Sayı 1, 7-13.
- Baran, İ., Kumlutaş, Y., Olgun, K., Ilgaz, Ç. ve Kaska, Y., 2001. The Herpetofauna of the Vicinity of Silifke, Tr. J. Zool. 25, 245-249.
- Baran, İ., Ilgaz, Ç., Avcı, A., Kumlutaş, Y. ve Olgun, K., 2012. Türkiye Amfibi ve Sürüngenleri, Tübitak popüler bilim kitapları, 207.
- Barbour, T., 1914. Notes on some reptiles from Sinai and Syria, Proceedings of New England Zoological Club, 5, 73-92.
- Bardeleben, C., Moore, R.L. ve Wayne, R.K., 2005. A molecular phylogeny of the Canidae based on six nuclear loci, Mol. Phylogenet. Evol., 37, 815-831.
- Başoğlu, M. ve Baran, İ., 1977. Türkiye Sürüngenleri, Kısım I. Kaplumbağa ve kertenkeleler, Fen Fak. Kitaplar Serisi, İzmir, No 76, S. 1-260.
- Başoğlu, M. ve Baran, İ., 1998. Türkiye Sürüngenleri, KISIM:1, Ege üniversitesi yayınları, 81.
- Bedriaga, J., 1879. Verzeichnis der Amphibien und Reptilien Vorderasien, Bull. Soc. Imp. Nat., Moscou, 54, 3, 22-52.
- Bird, C.G., 1936. The distribution of the reptiles and amphibians in Asiatic Turkey, with notes on a collection from the vileyets of Adana, Gaziantep and Malatya, Ann. Mag. Nat. Hist., 10, 18, 257-281.
- Birks, S.M. ve Edwards, S.V., 2002. A phylogeny of the megapodes (Aves: Megapodiidae) based on nuclear and mitochondrial DNA sequences, Mol. Phylogenet. Evol., 23, 408-421.
- Bodenheimer, F.S., 1944. Introduction into the knowledge of the amphibia and reptilia of Turkey, Rev. Fac. Sci., İstanbul, Seri B9, 1-78.
- Boekhorst, J. ve Snel, B., 2007. Identification of homologs in insignificant blast hits by exploiting extrinsic gene properties, BMC Bioinform., 8, 7.
- Bosch, H.A.J., 1994. First record of mating plugs in lizards, Amphibia-Reptilia, 15.
- Boulenger, G.A., 1881. On the lizards of the Genera *Lacerta* and *Acanthodactylus*, Proc. Zool. Soc., London.
- Brehm, A., Jesus, J., Pinheiro, M. ve Harris, D.J., 2001. Relationships of scincid lizards (*Mabuya* spp; Reptilia: Scincidae) from the Cape Verde islands based on mitochondrial and nuclear DNA sequences, Mol. Phylogenet. Evol., 19, 311-316.
- Bremer, K., 1994. Branch support and tree stability, Cladistics, 10, 295-304.
- Broggi, M.F., 2002. Herpetological notes on the Dodecanese islands of Symi and Sesklia (Greece), Herpetozoa, 15.



- Brown, W.M., Prager, E., Wang, A. ve Wilson, A.C., 1982. Mitochondrial DNA sequences of primers: Tempo and mode of evolution. *J. Mol. Evol.*, 18, 225-239.
- Brown, W.M., 1985. The mitochondrial genome of animals. In: *Molecular Evolutionary Genetics*, (ed. R. MacIntyre), pp. 95-130, Plenum, New York.
- Budak, A., 1976. Anadolu'da Yaşayan *Lacerta laevis*, *L. danfordi* ve *L. anatolica*'nın Taksonomik Durumları ve Coğrafi Yayılışları Üzerinde Araştırmalar, Ege Üniv. Fen Fak. İlmi Raporlar Serisi, No: 214, Bornova, İzmir, 59.
- Butorina, O.T. ve Solovenchuk, L.L., 2004. The use of c-mos nuclear gene as a phylogenetic marker in Tetraonidae birds, *Russ. J. Genet.*, 40, 1080-1084.
- Caccone, A., Gentile, G., Burns, C.E., Sezzi, E., Bergman, W., Ruelle, M., Saltonstall, K. ve Powell, J.R., 2004. Extreme difference in rate of mitochondrial and nuclear DNA evolution in a large ectotherm, Galápagos tortoises, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 31, 794-798.
- Capocaccia, L., 1955. *Le Lucertole Dell'Isola di Rodi*, Dorian, vol. 2, N. 66.
- Carranza, S., Arnold, E.N., Mateo, J.A. ve Geniez, P., 2002. Relationships and evolution of the North African geckos, *Geckonia* and *Tarentola* (Reptilia: Gekkonidae), based on mitochondrial and nuclear DNA sequences, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 23, 244-256.
- Carranza, S., Arnold, E.N. ve Amat, F., 2004. DNA phylogeny of *Lacerta* (Iberolacerta) and other lacertine lizards (Reptilia: Lacertidae): Did competition cause long-term mountain restriction?, *Syst. Biodivers.*, 2, 57-77.
- Carroll, R.L., 1987. *Heleosuchus*: An enigmatic diapsid reptile from the Late Permian or Early Triassic of southern Africa, *Canadian Journal of Earth Sciences*, 24, 664-667.
- Cattaneo, A., 2006. Contributo alla conoscenza dell'erpetofauna dell'isola egea di nisyros (dodecaneso) (*reptilia*), *Naturalista sicil.*, S. IV, XXX (3-4), pp. 485-494.
- Cattaneo, A., 2011. Risultati di ricerche erpetologiche condotte nell'entroterra di Marmaris (Turchia sud occidentale), *Naturalista sicil.*, S. IV, XXXV (2), pp. 177-199.
- Cavazza, W. ve Wezel, F.C., 2003. The Mediterranean region- A geological primer, *Episodes* 26, 160-168.
- Chondropoulos, B.P., 1986. A Checklist of the Greek Reptiles. I. The Lizards, *Amphibia-Reptilia*, 7, 217-235.
- Clark, R.J. ve Clark, E.D., 1973. Report on a Collection of Amphibians and Reptiles from Turkey, *Occasional Papers of the California Academy of Science*, N.104.
- Crochet, P.A., Chaline, O., Surget-Groba, Y., Debain, C. ve Cheylana, M., 2004. Speciation in mountains: Phylogeography and phylogeny of the rock lizards genus *Iberolacerta* (Reptilia: Lacertidae), *Molecular Biology and Evolution*, 30, 860-866.

- Crozier, R.H. ve Crozier, Y.C., 1992. The cytochrome b and ATPase genes of honeybee mitochondrial DNA, *Molecular Biology and Evolution*, 9, 474-482.
- Crozier, R.H. ve Crozier, Y.C., 1993. The mitochondrial genome of the honeybee *Apis mellifera*: Complete sequence and genome organization, *Genetics*, 133, 97-117.
- Cooper, A. ve Penny, D., 1997. Mass survival of birds across the Cretaceous-Tertiary boundary: Molecular evidence, *Science*, 275, 1109-1113.
- Cyren, O., 1941. Beitrage zur Herpetologie der Balkan-halbinsel, *Mitt. Königl. Naturw. Inst., Sofia*, XIV, 289-328.
- Çetin, T., 2005. *Lacerta anatolica anatolica* ve *Lacerta anatolica aegaea* alt türlerinin taksonomik ve sitogenetik incelenmesi, Yüksek lisans tezi, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Çevik, E., Başkale, E., Kaya, U. ve Turgay, F., 2006. Taxonomic status of some *Lacerta danfordi* (Günther, 1876) populations, *Russian journal of herpetology*, V.13, N.2, 89-92.
- Çıplak, B., 2003. Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-cricket in Turkey: The importance of the Anatolian Taurus Mountains in biodiversity and implications for conservation, *Biodiversity and Conservation*, 12, 47-64.
- Darewski, I.S., 1972. Zur Verbreitung einiger Felseidechsen des Subgenus *Archaeolacerta* in der Türkei, *Heft*, 423, 19-72.
- Davidson, W.S., Birt, T.P. ve Green, J.M., 1989. Organization of the mitochondrial genome from Atlantic Salmon (*Salmo salar*), *Genome*, 32, 340-342.
- Dolman, G. ve Phillips, B., 2004. Single copy nuclear DNA markers characterized for comparative phylogeography in Australian wet tropics rainforest skinks, *Mol. Ecol. Notes*, 4, 185-187.
- Douady, C.J., Catzeflis, F., Raman, J., Springer, M.S. ve Stanhope, M.J., 2003. The Sahara as a vicariant agent, and the role of Miocene climatic events, in the diversification of the mammalian order Macroscelidea (elephant shrews), *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, 100, 8325-8330.
- Eiselt, J. ve Pretzmann, G., 1966. Bericht über eine (zweite) zoologische Sammelreise in Anatolien im Mai/Juni 1965, *Ann. Naturhistor. Mus. Wien*, 69, 169-175.
- Eiselt, J. ve Schmidtler, J.F., 1986. Der *Lacerta danfordi* Komplex (Reptilia: Lacertidae), *Spixiana*, 9, 289- 328.
- Engelmann, W.E., 1993. *Lurche und Kriechtiere Europas*, Neumann Verlag (Radebeul, Germany), 440 pp.
- Engstrom, T.N., Shaffer, H.B. ve Mccord, W.P., 2004. Multiple data sets, high homoplasy, and the phylogeny of softshell turtles (Testudines: Trionychidae), *Systematic Biology*, 53, 693-710.
- Estes, R., Queiroz, K. ve Gauthier, J.A., 1988. Phylogenetic relationships within Squamata, Pages 119-281 in *Phylogenetic relationshipsof the lizard families*, (Estes, R. and Pregill, G., eds.), Stanford University Press, Stanford, California.

- Evans, S.E., Prasad, G.V.R. ve Manhas, B.K., 2001. Rhynchocephalians (Diapsida: Lepidosauria) from the Jurassic Kota Formation of India, Zool. J. Linn. Soc., 133, 309–334.
- Felsenstein, J., 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap, *Evolution*, 39, 783-791.
- Felsenstein, J., 2004. *Inferring Phylogenies*, Sinauer, Sunderland, MA.
- Franzen, M., 1986. Zur winterlichen Aktivität einiger Echsen in der südlichen Türkei, *Herpetofauna*, 8, 45.
- Franzen, M., 1990. Die Eidechsenfauna (Lacertidae) der Türkei, *Die Eidechse*, Heft 1, S. 3-9.
- Freeman, S. ve Herron, J.C., 2007. *Evolutionary Analysis*, Fourth Edition, Pearson Education, Inc.
- Fu, J., 1998. Toward the phylogeny of the family Lacertidae: Implications from mitochondrial DNA 12S and 16S gene sequences (Reptilia: Squamata), *Mol. Phylogenet. Evol.*, 9, 118–130.
- Fu, J., 2000. Toward the phylogeny of the family Lacertidae – Why 4708 base pairs of mtDNA sequences cannot draw the picture, *Biological Journal of the Linnean Society*, 71, 203–217.
- Fujita, M.F., Engstrom, T.N., Starkey, D.E. ve Shaffer, H.B., 2004. Turtle phylogeny: Insights from a novel nuclear intron, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 31, 1031-1040.
- Futuyma, D.J., 2005. *Evolution*, First Edition, Sinauer Associates Inc.
- Gaines, C.A., Hare, M.P., Beck, S.E. ve Rosenbaum, H.C., 2005. Nuclear markers confirm taxonomic status and relationships among highly endangered and closely related right whale species, *Proc. R. Soc. Lond.*, B 272, 533–542.
- Garcia-Barros, E., Gurrea, P., Lucianez, M.J., Cano, J.M., Munguira, M.L., Moreno, J.C., Sainz, H., Sanz, M.J. ve Simon, J.C., 2002. Parsimony analysis of endemism and its application to animal and plant geographical distributions in the Ibero-Balearic region (western Mediterranean), *J. Biogeog.*, 29, 109–124.
- Gebauer, F. ve Richter, J.D., 1997. Synthesis and function of Mos: The control switch of vertebrate oocyte meiosis, *Bioessays*, 19, 23–28.
- Graybeal, A., 1994. Evaluating the phylogenetic utility of genes: A search for genes informative about deep divergences among vertebrates, *Syst. Biol.*, 43, 174–193.
- Groth, J.G. ve Barrowclough, G.F., 1999. Basal divergences in birds and the phylogenetic utility of the nuclear RAG-1 gene, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 12, 115–123.
- Guindon, S. ve Gascuel, O., 2003. A simple, fast and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood, *Syst. Biol.*, 52, 696-704.
- Güçlü, Ö. ve Olgun, K., 2008. Present Status of *Lacerta danfordi* Complex (Günther, 1876) in Southwestern Anatolia, Turkey, *Russian Journal of Herpetology*, Vol. 15, No. 3, 179 – 188.

- Güçlü, Ö., Candan, K., Kankılıç, T., Kumlutaş, Y., Durmuş, S.H., Poulakakis, N. ve Ilgaz, Ç., 2013. Phylogeny of *Trachylepis* sp. (Reptilia) from Turkey inferred from mtDNA sequences, Mitochondrial DNA, Early Online, 1–8.
- Günther, A., 1876. Description of a new species of lizard from Asia Minor, Proc. Zool. Soc., London, 1876, 118.
- Hall, T.A., 1999. BioEdit: A user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT, Nucl. Acids. Symp., Ser. 41, 95-98.
- Hamilton, M.B., 2009. Population Genetics, First Edition, Wiley-Blackwell, Southern Gate, Chichester, West Sussex, PO19 8SQ, UK.
- Harris, D.J., Arnold, E.N. ve Thomas, R.H., 1998. Relationships of lacertid lizards (Reptilia: Lacertidae) estimated from mitochondrial DNA sequences and morphology, Proceedings of the Royal Society of London, B 265, 1939–1948.
- Harris, D.J., Sinclair, E.A., Mercader, N.L., Marshall, J.C. ve Crandall, K.A., 1999. Squamate relationships based on C-mos nuclear DNA sequence, Herpetol. J., 9, 147–151.
- Harris, D.J., Marshall, J.C. ve Crandall, K.A., 2001. Squamate relationships based on C-mos nuclear DNA sequences: Increased taxon sampling improves bootstrap support, Amphibia-Reptilia, 22, 235–242.
- Hewitt, G.M., 1996. Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation, Biol. J. Linn. Soc., 58, 247-276.
- Hewitt, G.M., 1999. Post-glacial recolonization of European biota, Biol. J. Linn. Soc. Lond, 68, 87–112.
- Hewitt, G.M., 2001. Speciation, hybrid zones and phylogeography – or seeing genes in space and time, Mol. Ecol., 10, 537-549.
- Huelsenbeck, J.P. ve Rannala, B., 1997. Phylogenetic methods come of age: Testing hypotheses in an evolutionary context, Science, 276, 227-232.
- Huelsenbeck, J.P. ve Ronquist, F., 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny, Bioinformatics, 17, 754–5.
- Huelsenbeck, J.P., Ronquist, F., Nielsen, R. ve Bollback, J.P., 2001. Bayesian inference of phylogeny and its impact on evolutionary biology, Science, 294, 2310-2314.
- Hür, H., Uğurtaş, İ.H. ve İşbilir, A., 2008. The Amphibian and Reptile Species of Kazdağı National Park, Tr. J. Zool. 32, 359-362.
- Ioannides, Y., Dimaki M. ve Dimitropoulos, A., 1994. The herpetofauna of Samos (Eastern aegaea, Greece), Ann. Musei Goulandris, 9, 445-456.
- Johns, G.C. ve Avise, J.C., 1998. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome b gene, Mol. Biol. Evol., 15, 1481-1490,
- Kapli, P., Poulakakis, N., Lymberakis, P. ve Mylonas, M., 2011. A re-analysis of the molecular phylogeny of Lacertidae with currently available data, Basic and Applied Herpetology, 25, 97-104.

- Kapli, P., Botoni, D., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Avcı, A., Rastegar-Pouyani, N., Fathinia, B., Lymberakis, P., Ahmadzadeh, F. ve Poulakakis, N., 2012. Molecular phylogeny and historical biogeography of the Anatolian lizard *Apathya* (Squamata, Lacertidae), *Mol. Phylogenet. Evol.*, 66, 992-1001.
- Kasperek, M., 1990. Zur Herpetofauna des Beckens von Koycegiz, Tiirkei (Dalyan-Region), *Salamandra*, 26, 155-164.
- Kimura, M., 1980. A simple method for estimating rates of base substitution through comparative studies of nucleotide sequences, *Journal of Molecular Evolution*, 16, 111-120.
- Klug, W.S., Cummings, M.R. ve Spencer, C.A., 2006. *Concepts of Genetics*, 8th Edition, Pearson Education, Inc. Publishing as Prentice Hall, pp. 667.
- Kornilios, P., Ilgaz, Ç., Kumlutaş, Y., Giokas, S., Fraguadakis-Tsolis, S. ve Chondropoulos, B., 2011. The role of Anatolian refugia in herpetofaunal diversity: An mtDNA analysis of *Typhlops vermicularis* Merrem, 1820 (Squamata, Typhlopidae), *Amphibia-Reptilia*, 32, 351-363.
- Kornilios, P., Giokas, S., Lymberakis, P. ve Sindaco, R., 2013. Phylogenetic position, origin and biogeography of Palearctic and Socotran blind-snakes (Serpentes: Typhlopidae), *Mol. Phylogenet. Evol.*, 68, 35–41.
- Koufos, G.D., Kostopoulos, D.S. ve Vlachou, T.D., 2005. Neogene/Quaternary mammalian migrations in Eastern Mediterranean, *Belgian J. Zool.*, 135, 181-190.
- Kumlutaş, Y., Öz, M., Tunç, M.R., Düşen, S. ve Özdemir, A., 2003. Güneybatı Anadolu (29°33° Boyamlar Arası) *Lacerta danfordi* (Reptilia:Lacertidae) Populasyonları Hakkında, *Anadolu Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi, Cilt/Vol. 4, Sayı/No 2*, 165-172.
- Kumlutaş, Y., Özdemir, A. ve Ilgaz, Ç., 2004. The Amphibian and Reptile Species of Bozdağ (Ödemiş), *Tr. J. Zool.* 28, 317-319.
- Kyriazi, P., Kornilios, P., Nagy, Z.T., Poulakakis, N., Kumlutaş, Y., Ilgaz, Ç., Avcı, A., Göçmen, B. ve Lymberakis, P., 2013. Comparative phylogeography reveals distinct colonization patterns of Cretan snakes, *Journal of Biogeography*, 40, 1143–1155.
- Langerwerf, B., 1981. Verzorging en kweek van Danfords berghagedis (*Lacerta danfordi anatolica*), in het buiten- en binnenterrarium, *Lacerta* 39, 9, 136-141.
- Laurin, M. ve Reisz, R.R., 1995. A reevaluation of early amniote phylogeny, *Zoological Journal of the Linnean Society*, 113, 165-223.
- Lee, M.S.Y., 1998. Convergent evolution and character correlation in burrowing reptiles: Towards a resolution of squamate relationships, *Biol. J. Linnean Soc.*, 65, 369–453.
- Lee, M.S.Y. ve Caldwell, M.W., 1998. Anatomy and relationships of *Pachyrhachis problematicus*, a primitive snake with hindlimbs, *Philos. Trans. R. Soc. Lond., Ser. B, Biol. Sci.*, 353, 1521–1552.

- Lee, M.S.Y. ve Caldwell, M.W., 2000. Adriosaurus and the affinities of mosasaurs, dolichosaurs, and snakes, *J. Paleontol.*, 74, 915–937.
- Levy, D.R., Yoshida ve Pachter, Y., 2006. Beyond pairwise distances: Neighbor-joining with phylogenetic diversity estimates, *Molecular Biology and Evolution*, 23, 491-498.
- Li, C., Orti, G., Zhang, G. ve Lu, G., 2007. A practical approach to phylogenomics: The phylogeny of ray-finned fish (Actinopterygii) as a case study, *BMC Evol. Biol.*, 7.
- Lovette, I. ve Bermingham, E., 2000. C-mos variation in songbirds: Molecular evolution, phylogenetic implications, and comparisons with mitochondrial differentiation. *Mol. Biol. Evol.*, 17, 1569–1577.
- Luo, A., Qiao, H., Zhang, Y., Shi, W., Ho, S.Y.W., Xu, W., Zhang, A. ve Zhu, C., 2010. Performance of criteria for selecting evolutionary models in phylogenetics: a comprehensive study based on simulated datasets, *Evolutionary Biology*, 10.
- Maddison, W.P., 1997. Gene trees in species trees, *Syst. Biol.*, 46, 523–536.
- Madsen, O., Scally, M., Douady, C.J., Kao, D.J., DeBry, R.W., Adkins, R., Amrine, H.M., Stanhope, M.J., de Jong, W.W. ve Springer, M.S., 2001. Parallel adaptive radiations in two major clades of placental mammals, *Nature*, 409, 610–614.
- Matthee, C.A., Burzlaff, J.D., Taylor, J.F. ve Davis, S.K., 2001. Mining the mammalian genome for artiodactyl systematics, *Syst. Biol.*, 50, 367– 390.
- Mayer, W. ve Bischoff, W., 1996. Beitrage zur taxonomischen Revision der Gattung *Lacerta* (Reptilia: Lacertidae), Teil 1, *Zootoca*, *Omanosaura*, *Timon* und *Teira* als eigenständige Gattungen, *Salamandra*, 32, 2163–170.
- Mayer, W. ve Arribas, O., 2003. Phylogenetic relationships of the European lacertid genera *Archaeolacerta* and *Iberolacerta* and their relationships to some other *Archaeolacertae* (sensu lato) from Near East, derived from mitochondrial DNA sequences, *J. Zool. Syst. Evol. Research*, 41, 157–161.
- Mayer, W. ve Pavlicev, M., 2007. The phylogeny of the family Lacertidae (Reptilia) based on nuclear DNA sequences: Convergent adaptations to arid habitats within the subfamily Eremiinae, *Mol. Phylogen. Evol.*, 44, 1155–1163.
- Meliadou, A. ve Troumbis, A.Y., 1997. Aspects of heterogeneity in the distribution of diversity of the European herpetofauna, *Acta Oecol.*, 18, 393–412.
- Mertens, R., 1952. Amphibien und Reptilien aus der Türkei, *Rev. Fac. Sci. Univ., İstanbul*, Ser. B, 17, 41-75.
- Meyer, A., 1993. Evolution of mitochondrial DNA of fishes, *Biochemistry and molecular biology of fishes*, Hochachka, P.W., Mommsen, P., Elsevier Press., P. 1–38, Amsterdam.
- Mindell, D.P. ve Honeycutt, R.L., 1990. Ribosomal RNA in vertebrates: Evolution and phylogenetic application, *Annual Review of Ecology and Systematics*, 21, 541–566.

- Mitchell, A. ve Wen, J., 2004. Phylogenetic utility and evidence for multiple copies of Granule-Bound Starch Synthase I (GBSSI) in Araliaceae, *Taxon*, 53, 29–41.
- Mittermeier, R.A., Gil, P.R., Hoffmann, M., Pilgrim, J., Brooks, T., Mittermeier, C.G., Lamoreux, J. ve Fonseca G.A.B., 2004. Hotspots revisited: Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions, CEMEX, Mexico City.
- Murphy, W.J., Eizirik, E., Johnson, W.E., Zhang, Y.P., Ryderk, O.A. ve O'Brien, S.J., 2001. Molecular phylogenetics and the origins of placental mammals, *Nature*, 409, 614–618.
- Myers, N., Mittermeier, R.A., Mittermeier, C.G., Fonseca, G.A.B. ve Kent, J., 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities, *Nature*, 403, 853–858.
- Nei, M., 1987. *Molecular evolutionary genetics*, New York, Columbia.
- Nylander, J.A.A., 2004. Mr.Modeltest v2. Program distributed by the author, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University.
- Overton, L.C. ve Rhoads, D.D., 2004. Molecular phylogenetic relationships based on mitochondrial and nuclear gene sequences for the Todies (Todidae) of the Caribbean, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 32, 524–538.
- Özdemir, A. ve Baran, İ., 2002. Research on the Herpetofauna of Murat Mountain (Kütahya-Uşak), *Tr. J. Zool.* 26, 189-195.
- Page, R.D.M. ve Holmes, E.C., 1998. *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach*, Blackwell publishing.
- Pavlicev, M. ve Mayer, W., 2006. Multiple copies of coding as well as pseudogene c-mos sequence exist in three lacertid species, *J. Exp. Zool. B, (Mol. Dev. Evol.)* 306B, 539–550.
- Pavlicev, M. ve Mayer, W., 2009. Fast radiation of the subfamily Lacertinae (Reptilia: Lacertidae): History or methodical artefact?, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 52, 727–734.
- Posada, D. ve Crandall, K.A., 1998. Modeltest: testing the model of DNA substitution, *Bioinformatics*, 14, 817-818.
- Pough, F.H., Andrews, R.M., Cadle, J.E., Crump, M.L., Savitsky, A.H. ve Wells, K.D., 2004. *Herpetology*, 3rd edition, Prentice Hall, Upper Saddle River, New Jersey.
- Poulakakis, N., Lymberakis, P., Antoniou, A., Chalkia, D., Zouros, E., Mylonas, M. ve Valakos, E., 2003. Molecular phylogeny and biogeography of the wall-lizard *Podarcis erhardii* (Squamata: Lacertidae), *Mol. Phylogenet. Evol.*, 28, 38–46.
- Prentice, I.C. ve Jolly, D., 2000. Mid-Holocene and glacialmaximum vegetation geography of the northern continents and Africa, *J. Biogeogr.*, 27, 507-519.
- Rambaut, A. ve Drummond, A.J., 2004. *Tracer*, Version 1.3., University of Oxford.
- Reynoso, V.H., 1998. Huehuecuetzpalli mixtecus gen. et sp. nov: A basalsquamate (Reptilia) from the Early Cretaceous of Tepexi de Rodriguez, Central Mexico. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. Ser. B Biol. Sci.*, 353, 477–500.

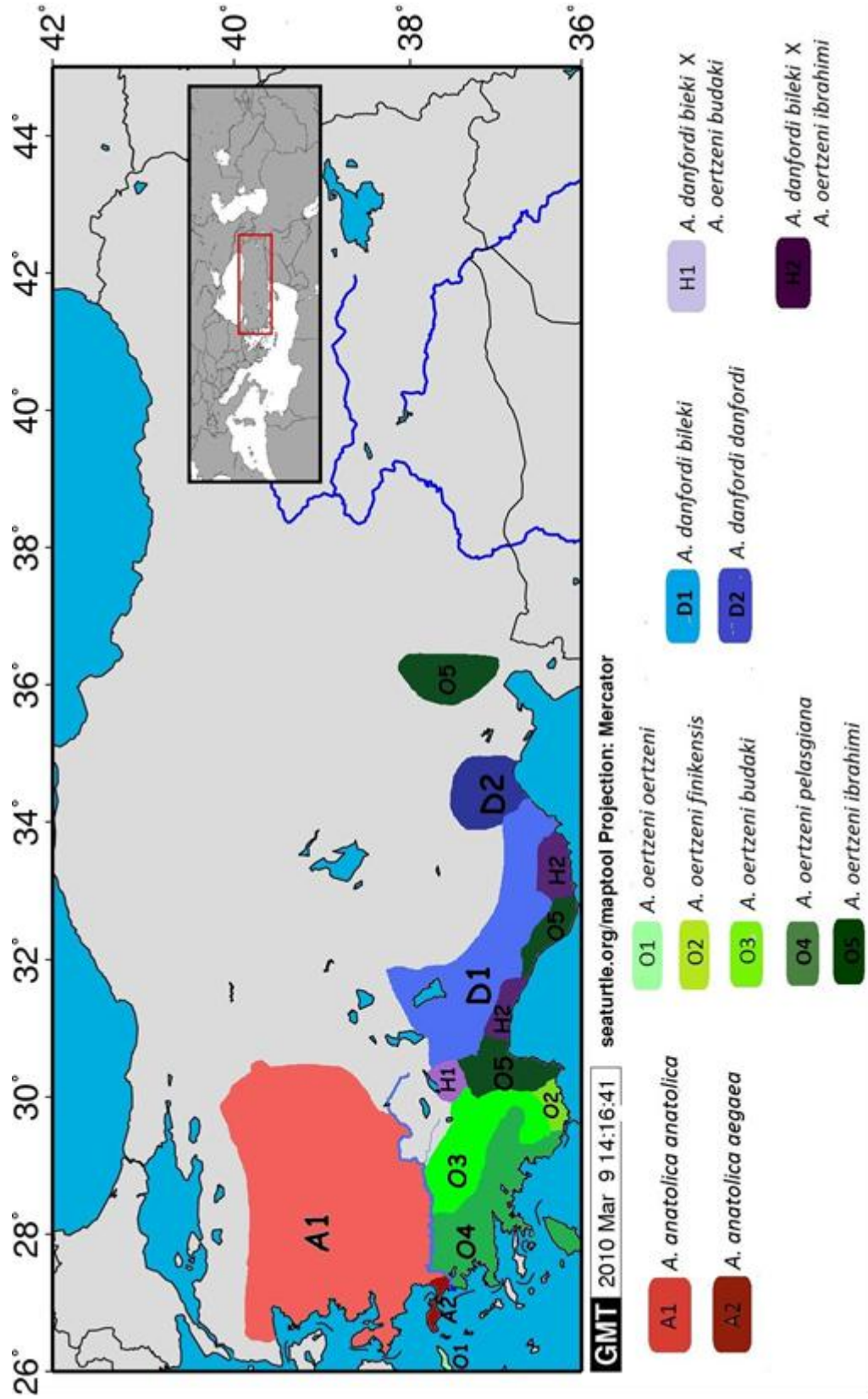
- Reynoso, V.H., 2000. An unusual aquatic sphenodontian (Reptilia: Diapsida) from the Tlayua Formation (Albian), Central Mexico, *J. Paleontol.*, 74, 133–148.
- Roelants, K., Gower, D.J., Wilkinson, M., Loader, S.P., Biju, S.D., Guillaume, K., Moriau, L. ve Bossuyt, F., 2007. Global patterns of diversification in the history of modern amphibians, *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, 104, 887–892.
- Rognon, P., 1993. *Biographie d'un Desert: le Sahara, L'Harmattan*, Paris.
- Rokas, A., Melika, G., Abe, Y., Nieves-Aldrey, J.L., Cook, J.M. ve Stone, G.N., 2003. Lifecycle closure, lineage sorting, and hybridization revealed in a phylogenetic analysis of European oak gallwasps (Hymenoptera: Cynipidae: Cynipini) using mitochondrial sequence data. *Mol. Phylog. Evol.*, 26, 36-45.
- Rozas, J., Sanchez-DelBarrio, J.C., Messeguer, X. ve Rozas, R., 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods, *Bioinformatics*, 19, 2496–7.
- Rögl, F., 1999. Mediterranean and Paratethys palaeogeography during the Oligocene and Miocene, In: *The Evolution of Neogene Terrestrial Ecosystems*, p. 8-22, Agustí, J., Rook, L., Andrews, P., Eds, Cambridge University Press, Cambridge.
- Rüdiger, B., 1974. Resultate der Rhodos – Exkursion, April 1974 Teil I. Eine neue Unterart der Eidechse *Lacerta danfordi* (Günther) 1876 von den südlichen Sporaden, *Miscellaneous Articles in Saurology*, N.3.
- Sagata, N., 1997. What does Mos do in oocytes and somatic cells?, *Bioessays*, 19, 13–21.
- Saint, K.M., Austin, C.C., Donnellan, S.C. ve Hutchinson, M.N., 1998. C-mos, a nuclear marker useful for squamate phylogenetic analysis, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 10, 259-263.
- Saitou, N. ve Nei, M., 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing evolutionary trees, *Molecular Biology and Evolution*, 4, 406-425.
- Salvi, D., Harris, D.J., Bombi, P., Carretero, M.A. ve Bologna, M.A., 2010. Mitochondrial phylogeography of the Bedriaga's rock lizard, *Archaeolacerta bedriagae* (Reptilia: Lacertidae) endemic to Corsica and Sardinia, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 56, 690-697.
- Sambrook, J. ve Russell, D., 2001. *Molecular Cloning: a Laboratory Manual*, 3rd edn. Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory.
- Schmidt, H.A., Strimmer, K., Vingron, M. ve Haeseler A., 2002. TREE-PUZZLE: maximum likelihood phylogenetic analysis using quartets and parallel computing, *Bioinformatics*, 18, 502-504.
- Schmidtler, J.F., Eiselt, J. ve Sigg, H., 1990. Die subalpine herpetofauna des Bolkar-Gebirges (Mittlerer Taurus, SüdTürkei), *Herpetofauna*, 12, 64.
- Schmidtler, J.F., 1998. Verbreitungsstrukturen der herpetofauna im Taurus-Gebirge, Türkei (Amphibia-Reptilia), *Faun. Abh. Mus. Tierkd. Dresden*. 21, N.13.
- Schuster, M., Düringer, P., Ghienne, J.F., Vignaud, P., Mackaye, H.T., Likius, A. ve Brunet, M., 2006. The age of the Sahara desert, *Science*, 311, 821.



- Sequeira, F., Ferrand, N. ve Harris, D.J., 2006. Assessing the phylogenetic signal of the nuclear beta-fibrinogen intron 7 in salamandrids (Amphibia: Salamandridae), *Amphibia-Reptilia*, 27, 409–418.
- Sindaco, R., Alberto V., Giuseppe M.C. ve Marco A.B., 2000. The Reptiles of Anatolia: a Checklist and Zoogeographical analysis, *Biogeographia*, 21, 441-554.
- Swofford, D.L., Olsen, G.J., Waddell, P.J. ve Hillis, D.M., 1996. Phylogenetic inference. In D.M. Hillis, C. Moritz, and B.K.Mable, eds., *Molecular Systematics*, Sunderland, MA, Sinauer, 407-514.
- Sword, G.A., Senior, L.B., Gaskin, J.F. ve Joern, A., 2007. Double trouble for grasshopper molecular systematics: intra-individual heterogeneity of both mitochondrial 12S-valine-16S and nuclear internal transcribed spacer ribosomal DNA sequences in *Hesperotettix viridis* (Orthoptera: Acrididae), *Syst. Entomol.*, 32, 420–428.
- Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust-Saucy, A.G. ve Cosson, J.F., 1998. Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe, *Mol. Ecol.*, 7, 453–464.
- Tajima, F., 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations, *Genetics*, 105, 437–460.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M. ve Kumar, S., 2011. MEGA5: Molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods, *Mol. Bio. Evol.*, 28, 2731–9.
- Tchernov, E., 1992, The Afro-Arabian component in the Levantine mammalian fauna – A short biogeographical review, *Israel J. Zool.*, 38, 155-192.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., Plewniak, F., Jeanmougin, F. ve Higgins, D.G., 1997. The CLUSTAL\_X windows interface: Flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools, *Nucleic Acids Res.*, 25, 4876-4882.
- Tok, C.V., 1999. Reşadiye (Datça) Yarımadası Kertenkeleleri Hakkında (Gekkonidae, Agamidae, Chamaeleonidae, Lacertidae, Scincidae, Amphisbaenidae), *Tr. J. of Zoology* 23 Ek Sayı 1, 157–175.
- Townsend, T.M., Larson, A., Louis, E. ve Macey, J.R., 2004. Molecular phylogenetics of Squamata: The position of snakes, amphisbaenians and dibamids, and the root of the squamate tree, *Systematic Biology*, 53, 735–757.
- Townsend, T.M., Alegre, R.E., Kelley, S.T., Wiens, J.J. ve Reeder, T.W., 2008. Rapid development of multiple nuclear loci for phylogenetic analysis using genomic resources: An example from squamate reptiles, *Mol. Phylogenet. Evol.*, 47, 129–142.
- Tölg, F., 1919. Reptilien und Amphibien aus dem Amanus-Gebirge, Ergebnisse einer mit Unterstützung der Kais. Akademie der Wissenschaften in Wien ausgeführten zoologischen Forschungsreise, *Arch. Naturg.*, Berlin, 85A, 8.
- Vidal, N. ve Hedges, S.B. 2004. Molecular evidence for a terrestrial origin of snakes, *Proceedings of the Royal Society of London, B (Supplement)*, 271, 226–229.

- Vidal, N. ve Hedges, S.B., 2005. The phylogeny of squamate reptiles (lizards, snakes, and amphisbaenians) inferred from nine nuclear proteinencoding genes, C.R. Biol., 328, 1000–1008.
- Voelker, G. ve Spellman, G.M., 2004. Nuclear and mitochondrial DNA evidence of polyphyly in the avian superfamily Muscicapoidea, Mol. Phylogenet. Evol., 30, 386–394.
- Wakely, J., 1996. The excess of transitions among nucleotide substitutions: New methods of estimating transition bias underscore its significance, Trends in Ecology and Evolution, 11, 158-163.
- Weibel, A.C. ve Moore, W.S., 2002. A test of a mitochondrial gene-based phylogeny of woodpeckers (genus Picoides) using an independent nuclear gene, beta-fibrinogen intron 7, Mol. Phylogenet. Evol., 22, 247–257.
- Werner, F. 1900. Beschreibung einer bisher noch unbekannten Eidechse aus Kleinasien *Lacerta anatolica*, Anz. Akad. Wiss. Wien, 25, 269-271.
- Werner, F., 1902. Die Reptilien und Amphibien fauna von Kleinasien, Sitz. Ber.Akad. Wiss., Wien, Math. Nat., Kl. III, I, 1057-1121.
- Werner, F. 1904. Zur Kenntnis der *Lacerta danfordi* GTHR. und der oxycephalen Eidechsen ueberhaupt, Zool. Anz. 27, 254-259.
- Wettstein, O., 1956. Nachtrag zu meiner Herpetologia aegaea, Sitzungaberichte d. mathem.-naturw., KI, Abt. I, 166.
- Wettstein, O., 1965. Ergebnisse der von Dr. O. Paget und Dr. E. Kritscher auf Rhodos durchgeführten zoologischen Exkursionen, Ann. Naturhistor. Mus. Wien, 68, 635-640.
- Wettstein, O., 1967. Ergebnisse Zoologischer Sammelreisen in der Türkei, Versuch einer Klärung des Rassenkreisses von *Lacerta danfordi*, GTHR. 1876. ann., Naturhist. Mus., Wien, 70, 345-356.
- Willows-Munro, S., Robinson, T.J. ve Mathee, C.A., 2005. Utility of nuclear DNA intron markers at lower taxonomic levels: Phylogenetic resolution among nine *Tragelaphus* spp., Mol. Phylogenet. Evol., 35, 624–636.
- Wilson, M.J. ve Grillitsch, H., 2009. The herpetofauna of Simi (Dodecanese, Greece), Herpetozoa 22 (3/4), 99 – 113.
- Yakın, B.Y., 2012. Çanakkale civarında yaşayan *Anatololacerta anatolica* (WERNER, 1902) (REPTILIA: SAURIA: LACERTIDAE) örneklerinde yaş tayini, yüksek lisans tezi, ÇÖMÜ Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Zaher, H. ve Rieppel, O., 1999. The phylogenetic relationships of *Pachyrhachis problematicus*, and the evolution of limblessness insnakes (Lepidosauria, Squamata), Comptes Rendus Acad. Sci., Ser.II-A, 329, 831–837.

**EK Şekil 1.** Eiselt ve Schdmidtler'e (1986), göre *Anatololacerta* cinsinin taksonomik durumu.



Ek Çizelge 1. Örnek toplanan lokalitelerde belirlenen haplotipler arasındaki genetik uzaklık değerleri (Kimura-2 parametre).

|                   |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |          |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |
|-------------------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|----------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
|                   | 0,0006 | 0,0000 | 0,0030 | 0,0006 | 0,0032 | 0,0031 | 0,0032 | 0,0030 | 0,0029 | 0,0030 | 0,0030   | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0027 | 0,0027 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0039 | 0,0041 | 0,0028 | 0,0028 | 0,0028 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 |
| Küçükçatıcak (26) | 0,0006 |        | 0,0006 | 0,0030 | 0,0008 | 0,0032 | 0,0031 | 0,0032 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0031   | 0,0030 | 0,0030 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0027 | 0,0027 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0040 | 0,0041 | 0,0028 | 0,0028 | 0,0028 | 0,0029 | 0,0030 | 0,0030 |        |
| Sığircı (35)      | 0,0000 | 0,0006 |        | 0,0030 | 0,0006 | 0,0032 | 0,0031 | 0,0032 | 0,0030 | 0,0029 | 0,0030   | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0027 | 0,0027 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0039 | 0,0041 | 0,0028 | 0,0028 | 0,0028 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 |        |
| Manavgat (41)     | 0,0144 | 0,0150 | 0,0144 |        | 0,0029 | 0,0026 | 0,0022 | 0,0026 | 0,0021 | 0,0020 | 0,0020   | 0,0007 | 0,0000 | 0,0007 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0012 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0043 | 0,0044 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0019 | 0,0013 | 0,0012 |
| Perge (42)        | 0,0006 | 0,0012 | 0,0006 | 0,0137 |        | 0,0032 | 0,0031 | 0,0032 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0030   | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0030 | 0,0027 | 0,0027 | 0,0028 | 0,0028 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0039 | 0,0041 | 0,0027 | 0,0027 | 0,0028 | 0,0029 | 0,0029 | 0,0029 |        |
| Bucak (49)        | 0,0150 | 0,0156 | 0,0150 | 0,0118 | 0,0144 |        | 0,0015 | 0,0000 | 0,0019 | 0,0017 | 0,0023   | 0,0028 | 0,0026 | 0,0028 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0024 | 0,0024 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0043 | 0,0044 | 0,0024 | 0,0024 | 0,0023 | 0,0018 | 0,0024 | 0,0024 |        |
| Kuma (95)         | 0,0137 | 0,0144 | 0,0137 | 0,0081 | 0,0131 | 0,0037 |        | 0,0015 | 0,0011 | 0,0009 | 0,0017   | 0,0023 | 0,0022 | 0,0023 | 0,0021 | 0,0021 | 0,0021 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0021 | 0,0021 | 0,0019 | 0,0020 | 0,0020 | 0,0020 | 0,0043 | 0,0043 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0012 | 0,0020 | 0,0020 |        |
| Bucak (144)       | 0,0150 | 0,0156 | 0,0150 | 0,0118 | 0,0144 | 0,0000 | 0,0037 |        | 0,0019 | 0,0017 | 0,0023   | 0,0028 | 0,0026 | 0,0028 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0023 | 0,0024 | 0,0024 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0043 | 0,0044 | 0,0024 | 0,0024 | 0,0023 | 0,0018 | 0,0024 | 0,0024 |        |        |
| Beşkonak (146)    | 0,0131 | 0,0137 | 0,0131 | 0,0074 | 0,0125 | 0,0056 | 0,0018 | 0,0056 |        | 0,0006 | 0,0016   | 0,0022 | 0,0021 | 0,0022 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0017 | 0,0017 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0041 | 0,0042 | 0,0017 | 0,0017 | 0,0017 | 0,0010 | 0,0019 | 0,0018 |        |
| Eğirdir (182)     | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0068 | 0,0118 | 0,0049 | 0,0012 | 0,0049 | 0,0006 |        | 0,0015   | 0,0022 | 0,0020 | 0,0022 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0017 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0041 | 0,0042 | 0,0017 | 0,0017 | 0,0017 | 0,0008 | 0,0019 | 0,0018 |        |
| Manavgat (52)     | 0,0137 | 0,0144 | 0,0137 | 0,0068 | 0,0131 | 0,0087 | 0,0049 | 0,0087 | 0,0043 | 0,0037 |          | 0,0022 | 0,0020 | 0,0022 | 0,0020 | 0,0020 | 0,0020 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0021 | 0,0021 | 0,0019 | 0,0021 | 0,0021 | 0,0021 | 0,0042 | 0,0043 | 0,0019 | 0,0019 | 0,0020 | 0,0012 | 0,0021 | 0,0020 |        |
| Manavgat (53)     | 0,0150 | 0,0156 | 0,0150 | 0,0006 | 0,0144 | 0,0125 | 0,0087 | 0,0125 | 0,0081 | 0,0074 | 0,0074   |        | 0,0007 | 0,0000 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0017 | 0,0017 | 0,0013 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0043 | 0,0044 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0015 | 0,0020 | 0,0014 | 0,0013 |
| Manavgat (54)     | 0,0144 | 0,0150 | 0,0144 | 0,0000 | 0,0137 | 0,0118 | 0,0081 | 0,0118 | 0,0074 | 0,0068 | 0,0068   | 0,0006 |        | 0,0007 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0012 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0043 | 0,0044 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0019 | 0,0013 | 0,0012 |
| Manavgat (55)     | 0,0150 | 0,0156 | 0,0150 | 0,0006 | 0,0144 | 0,0125 | 0,0087 | 0,0125 | 0,0081 | 0,0074 | 0,0074   | 0,0000 | 0,0006 |        | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0017 | 0,0017 | 0,0013 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0043 | 0,0044 | 0,0016 | 0,0016 | 0,0015 | 0,0020 | 0,0014 | 0,0013 |        |
| Avsallar (56)     | 0,0137 | 0,0144 | 0,0137 | 0,0031 | 0,0131 | 0,0099 | 0,0074 | 0,0099 | 0,0068 | 0,0062 | 0,0074   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 |        | 0,0000 | 0,0000 | 0,0000 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0011 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0042 | 0,0042 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0019 | 0,0009 | 0,0006 |
| Avsallar (57)     | 0,0137 | 0,0144 | 0,0137 | 0,0031 | 0,0131 | 0,0099 | 0,0074 | 0,0099 | 0,0068 | 0,0062 | 0,0074   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0000 |        | 0,0000 | 0,0000 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0011 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0042 | 0,0042 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0019 | 0,0009 | 0,0006 |
| Avsallar (58)     | 0,0137 | 0,0144 | 0,0137 | 0,0031 | 0,0131 | 0,0099 | 0,0074 | 0,0099 | 0,0068 | 0,0062 | 0,0074   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0000 | 0,0000 |        | 0,0000 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0011 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0042 | 0,0042 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0019 | 0,0009 | 0,0006 |
| Avsallar (59)     | 0,0137 | 0,0144 | 0,0137 | 0,0031 | 0,0131 | 0,0099 | 0,0074 | 0,0099 | 0,0068 | 0,0062 | 0,0074   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0000 | 0,0000 | 0,0000 |        | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0011 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0014 | 0,0042 | 0,0042 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0019 | 0,0009 | 0,0006 |
| Konaklı (60)      | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0031 | 0,0118 | 0,0100 | 0,0062 | 0,0100 | 0,0056 | 0,0049 | 0,0049   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 |        | 0,0000 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0040 | 0,0042 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0011 | 0,0014 | 0,0015 | 0,0013 |
| Konaklı (61)      | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0031 | 0,0118 | 0,0100 | 0,0062 | 0,0100 | 0,0056 | 0,0049 | 0,0049   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0000 |        | 0,0015 | 0,0015 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0040 | 0,0042 | 0,0012 | 0,0012 | 0,0011 | 0,0014 | 0,0015 | 0,0013 |
| Gölnar (91)       | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0043 | 0,0118 | 0,0100 | 0,0074 | 0,0100 | 0,0068 | 0,0062 | 0,0074   | 0,0049 | 0,0043 | 0,0049 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 |        | 0,0000 | 0,0014 | 0,0006 | 0,0006 | 0,0006 | 0,0039 | 0,0040 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0019 | 0,0016 | 0,0015 |
| Gölnar (105)      | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0043 | 0,0118 | 0,0100 | 0,0074 | 0,0100 | 0,0068 | 0,0062 | 0,0074   | 0,0049 | 0,0043 | 0,0049 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0000 |        | 0,0014 | 0,0006 | 0,0006 | 0,0006 | 0,0039 | 0,0040 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0015 | 0,0019 | 0,0016 | 0,0015 |
| Gölnar (108)      | 0,0131 | 0,0137 | 0,0131 | 0,0025 | 0,0125 | 0,0106 | 0,0068 | 0,0106 | 0,0062 | 0,0056 | 0,0068   | 0,0031 | 0,0025 | 0,0031 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0018 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 |        | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0042 | 0,0043 | 0,0010 | 0,0010 | 0,0010 | 0,0018 | 0,0010 | 0,0009 |
| Gölnar (109)      | 0,0131 | 0,0137 | 0,0131 | 0,0037 | 0,0125 | 0,0106 | 0,0068 | 0,0106 | 0,0062 | 0,0056 | 0,0068   | 0,0043 | 0,0037 | 0,0043 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0006 | 0,0006 | 0,0025 |        | 0,0000 | 0,0000 | 0,0040 | 0,0041 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0018 | 0,0014 | 0,0013 |
| Gölnar (130)      | 0,0131 | 0,0137 | 0,0131 | 0,0037 | 0,0125 | 0,0106 | 0,0068 | 0,0106 | 0,0062 | 0,0056 | 0,0068   | 0,0043 | 0,0037 | 0,0043 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0006 | 0,0006 | 0,0025 | 0,0000 |        | 0,0000 | 0,0040 | 0,0041 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0018 | 0,0014 | 0,0013 |
| Gölnar (132)      | 0,0131 | 0,0137 | 0,0131 | 0,0037 | 0,0125 | 0,0106 | 0,0068 | 0,0106 | 0,0062 | 0,0056 | 0,0068   | 0,0043 | 0,0037 | 0,0043 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0006 | 0,0006 | 0,0025 | 0,0000 | 0,0000 |        | 0,0040 | 0,0041 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0013 | 0,0018 | 0,0014 | 0,0013 |
| Korkuteli (133)   | 0,0226 | 0,0233 | 0,0226 | 0,0233 | 0,0220 | 0,0265 | 0,0239 | 0,0265 | 0,0233 | 0,0226 | 0,0239   | 0,0239 | 0,0233 | 0,0239 | 0,0226 | 0,0226 | 0,0226 | 0,0213 | 0,0213 | 0,0201 | 0,0201 | 0,0220 | 0,0207 | 0,0207 | 0,0207 |        | 0,0009 | 0,0041 | 0,0041 | 0,0041 | 0,0041 | 0,0042 | 0,0041 |        |
| Korkuteli (134)   | 0,0239 | 0,0246 | 0,0239 | 0,0233 | 0,0278 | 0,0252 | 0,0278 | 0,0246 | 0,0239 | 0,0239 | 0,0239   | 0,0233 | 0,0239 | 0,0239 | 0,0239 | 0,0239 | 0,0239 | 0,0213 | 0,0213 | 0,0213 | 0,0213 | 0,0233 | 0,0220 | 0,0220 | 0,0220 | 0,0012 |        | 0,0042 | 0,0042 | 0,0042 | 0,0042 | 0,0042 | 0,0042 |        |
| Aliseki (147)     | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0031 | 0,0118 | 0,0100 | 0,0062 | 0,0100 | 0,0056 | 0,0049 | 0,0062   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0018 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0213 | 0,0226 |        | 0,0000 | 0,0008 | 0,0017 | 0,0011 | 0,0010 |
| Aliseki (150)     | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0031 | 0,0118 | 0,0100 | 0,0062 | 0,0100 | 0,0056 | 0,0049 | 0,0062   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0018 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0213 | 0,0226 | 0,0000 |        | 0,0008 | 0,0017 | 0,0011 | 0,0010 |
| Sertavul (162)    | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0031 | 0,0118 | 0,0100 | 0,0062 | 0,0100 | 0,0056 | 0,0049 | 0,0062   | 0,0037 | 0,0031 | 0,0037 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0025 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0018 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0031 | 0,0213 | 0,0226 | 0,0012 | 0,0012 |        | 0,0017 | 0,0012 | 0,0010 |
| Beyşehir (180)    | 0,0125 | 0,0131 | 0,0125 | 0,0056 | 0,0118 | 0,0062 | 0,0025 | 0,0062 | 0,0018 | 0,0012 | 0,0025   | 0,0062 | 0,0056 | 0,0062 | 0,0062 | 0,0062 | 0,0062 | 0,0037 | 0,0037 | 0,0062 | 0,0062 | 0,0056 | 0,0056 | 0,0056 | 0,0056 | 0,0226 | 0,0226 | 0,0049 | 0,0049 | 0,0049 |        | 0,0019 | 0,0018 |        |
| Gazipaşa (268)    | 0,0137 | 0,0144 | 0,0137 | 0,0031 | 0,0131 | 0,0112 | 0,0074 | 0,0112 | 0,0068 | 0,0062 | 0,0074</ |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |        |



## ÖZGEÇMİŞ

**Adı Soyadı** : KAMİL CANDAN

**Doğum Yılı** : 24.07.1987

### Eğitim Bilgileri

**Lisans** : Adnan Menderes Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi  
Biyoloji Bölümü (2006-2011)

### Bilimsel Faaliyetleri

#### a) Yayınlar – SCI – Diğer

Durmuş H., Güçlü Ö., **Candan K.** ve Tınaz E. 2013. Reproductive Biology of the Loggerhead Sea Turtle, CARETTA CARETTA, in Dalyan Beach, Turkey, 2009. Eur. J. Environ. 1:11-15.

Güçlü Ö., **Candan K.**, Kankılıç T., Kumlutaş Y., Durmuş S.H., Poulakakis N. ve Ilgaz Ç. 2013. Phylogeny of Trachylepis sp. (Reptilia) from Turkey inferred from mtDNA sequences. Mitochondrial DNA, Early Online, 1-8.

#### b) Bildiriler – Uluslararası – Ulusal

**Candan K.**, Tınaz E., Güçlü Ö., Kankılıç T. ve Durmuş, S.H. 2012. Göksu Kumsalındaki Çakal (*Canis aureus*) ve Tilki (*Vulpes vulpes*) Populasyonlarının Tespiti ve *Caretta caretta* Yumurtaları Üzerindeki Predasyon Etkilerinin Saptanması. I. Uluslararası Biyoloji Kongresi; 24 – 26 Eylül; Manas Üniversitesi, Bışkek/Kırgızistan.

Eskin Z., **Candan K.**, Tınaz E., Beser N., Apak A., Guclu O. ve Bozdogan, B. 2010. Antibacterial effects of soil bacteria isolated from beach sand at Dalyan, Turkey. American Society For Microbiology.

**Candan K.**, Ilgaz Ç., Kumlutaş Y. ve Durmuş, S.H. 2012. Ay Işığının *Caretta caretta* Ergin Bireylerinin Yuvalama Davranışı Üzerine Etkisi. 4. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu; 11 – 13 Ekim; Onsekiz Mart Üniversitesi; Çanakkale.

Güçlü Ö., **Candan K.**, Durmuş S.H. ve Tınaz E. 2012. 2011 Üreme Döneminde Göksu Kumsalında Yuvalayan *Caretta caretta* Populasyonunun Üreme Ekolojisi. 4. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu; 11 – 13 Ekim; Onsekiz Mart Üniversitesi, Çanakkale.

Tınaz E., Apak A., Beşer N., **Candan K.**, Güçlü Ö., Eskin Z. ve Bozboğan B. 2010. Kum Örneklerinden İzole Edilen Bakterilerin Antimikrobiyal Etkilerinin İncelenmesi. 20. Ulusal Biyoloji Kongresi; 21 – 25 Haziran; Pamukkale Üniversitesi; Denizli.

Tınaz E., **Candan K.**, İlhan T., Cihangir S.İ., Boyacı G. ve Durmuş S.H. 2009. 2009 Üreme Döneminde Dalyan Kumsalında *Caretta caretta* Ergin Dişilerinin Yuvalama Potansiyelinin Değerlendirilmesi ve Popülasyona Yönelik Koruma Tedbirleri. 3. Ulusal Deniz Kaplumbağaları Sempozyumu; 03 – 05 Aralık; Mersin Üniversitesi; Mersin.

### **İletişim Bilgileri**

**E-posta** : kamilcandan@yahoo.com