

**DEREKUŞUNUN (*Cinclus cinclus*) DAĞILIM  
DİNAMİKLERİNİN FİLOCOĞRAFYA VE EKOLOJİK NİŞ  
MODELİ İLE ARAŞTIRILMASI**

**INVESTIGATION OF THE DISTRIBUTION DYNAMICS  
OF WHITE-THROATED DIPPER (*Cinclus cinclus*) BY  
PHYLOGEOGRAPHY AND ECOLOGICAL NICHE  
MODELLING**

**SİNEM ÖZCAN**

**PROF. DR. UTKU PERKTAŞ**

**Tez Danışmanı**

Hacettepe Üniversitesi

Lisansüstü Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönetmeliğinin

BİYOLOJİ Anabilim Dalı için Öngördüğü

YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak hazırlanmıştır.

2022

Emek veren herkesin karřılıđını alması dileđiyle...

## ÖZET

### DEREKUŞUNUN (*Cinclus cinclus*) DAĞILIM DİNAMİKLERİNİN FİLOCOĞRAFYA VE EKOLOJİK NİŞ MODELİ İLE ARAŞTIRILMASI

Sinem ÖZCAN

Yüksek Lisans, Biyoloji Bölümü

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Utku PERKTAŞ

Ağustos 2022, 40 sayfa

Dünyada gerçekleşen küresel iklim değişimine canlılar farklı biyolojik cevaplar vermektedirler. Son buzul ve buzullar arası dönemler özellikle Palearktik Bölge’de dağılım gösteren türlerin günümüz dağılımlarını oluşturmasında büyük önem taşımaktadır. Bu noktadan hareketle birçok çalışma küresel ısınmanın da türlerin dağılımını etkileyeceğini göstermektedir. Küresel iklim değişiminin en önemli etkisi tür dağılımındaki değişimler olarak değerlendirildiği için, bu durumun birçok tür açısından test edilmesi artık kaçınılmaz bir gereksinimdir.

Bu tez çalışmasında Palearktik Bölge’de geniş bir dağılıma sahip, akarsulara bağımlı bir tür olan Derekuşu (*Cinclus cinclus*) model organizma olarak ele alınmıştır. Türün dağılımı geçmiş dönemler (Son Buzullar Arası, Son Buzul Maksimumu, Orta Holosen) için ekolojik niş modelleme ile tahminlenmiş ve geçmiş hakkında çıkarımların güçlenmesi için daha önce yayınlanmış mitokondrial DNA dizileri ile (Kontrol bölgesi, ND2, Cyt-b gen bölgeleri) Bayes temelli demografik analizler gerçekleştirilip sonuçları birleştirilerek tarihsel sığınakları tespit etmek amaçlanmıştır. Aynı zamanda türün

gelecekteki olası karbon salınımı senaryolarına göre dağılabileceği alanlar da ekolojik niş modelleme ile tahmin edilmiştir.

Sonuçlar, demografik analizler ile ekolojik niş modeli tahminlerinin tutarlı olduğunu göstermiştir. Son Buzul Maksimumundan sonra etkin popülasyon büyüklüğünde bir artış olmuş ve Son Buzullar arası dönemde dikkat çeken allopatrik bir Kafkas bölgesi sığınağı bulunmuştur. Bu çalışma, Pleistosen döneminde farklı zaman dilimlerinde gerçekleşen iklimsel salınımlar sırasında çoklu sığınakların kanıtlarını göstermektedir. Gelecek iklim senaryolarına bakıldığında tür oldukça geniş bir alanda dağılım göstermesinden dolayı dramatik bir daralma yaşanmamış fakat alansal olarak bir daralma göstermiştir.

**Anahtar Kelimeler:** Biyocoğrafya, Hayvan coğrafyası, Tür dağılımları, Tarihsel biyocoğrafya, Filocoğrafya, İklim değişimi, Derekuşu, *Cinclus cinclus*

## **ABSTRACT**

### **INVESTIGATION OF THE DISTRIBUTION DYNAMICS OF WHITE- THROATED DIPPER (*Cinclus cinclus*) BY PHYLOGEOGRAPHY AND ECOLOGICAL NICHE MODELLING**

**Sinem ÖZCAN**

**Master of Sciences, Department of Biology**

**Supervisor: Prof. Dr. Utku PERKTAŞ**

**August 2022, 40 pages**

The living organisms give various biological responses to global climate change. The periods between the Last Glacial and the Interglacial have dramatic effect on the species distribution, especially in the Palearctic Region. When the researchers examined the situation from this point of view, in their work, they showed that global warming will have effects on the species distribution. The supreme impact of global climate change is accepted as the species distribution, and that's why the situation of global warming needs to be examined for the various biological species.

In this thesis, the white-throated dipper (*Cinclus cinclus*) is taken as a model organism. As known, white-throated dippers have a wide distribution in the Palearctic Region, and they depend on the streams. The distribution of the species was estimated by ecological niche modeling for past periods (the Last Interglacial, the Last Glacial Maximum, the Mid-Holocene) and Bayesian-based demographics with previously published mitochondrial DNA sequences (control region, ND2, Cyt-b gene regions) analyzed to

strengthen historical inferences. It is aimed to identify historical refugial areas by performing analyzes and combining the results. Simultaneously, the areas where the species may disperse according to possible future carbon emission scenarios were also estimated by ecological niche modeling.

The results indicated that demographic analyzes and ecological niche model predictions were consistent. There was an increase in effective population size after the Last Glacial Maximum. And, a notable allopatric Caucasian refugial area was found during the last Interglacial period. This study shows evidence of multiple refugia during climatic oscillations that occurred in different periods during the Pleistocene epoch. Based on the future climate scenarios, there has not been a dramatic shrinkage due to the wide distribution of the species (white-throated dipper), but the narrower area is the case.

**Keywords:** Biogeography, Animal geography, Species distribution, Historical biogeography, Phylogeography, Climate change, White-Throated dipper, *Cinclus cinclus*.

## TEŞEKKÜR

Öncelikle birbirini destekleyen insanlardan oluşan güzel laboratuvarına beni dahil ettiği, tez konumun belirlenmesinde ve sonrasında gösterdiği yardımlar ve desteği ile makale sürecindeki büyük emeği için danışmanım Prof. Dr. Utku PERKTAŞ'a çok teşekkür ederim. Lisans döneminde beni ekibine dahil ederek akademik bakış açımına katkı sağlayan ve bana inanan, danışmanım ile tanışmama vesile olan Dr. Öğr. Üyesi Banu Şebnem ÖNDER'e teşekkürü bir borç bilirim. Jüri üyelerine değerli bilgi paylaşımları ve katkıları için teşekkür ederim.

TÜBİTAK Bilim İnsanı Destekleme Daire Başkanlığı'na (BİDEB) 2210-A Genel Yurt İçi Yüksek Lisans Bursu ile maddi destek sağladığı ve başarılı olduğumu hissettirerek motive ettiği için teşekkür ederim.

Bu süreçte bilgilerini paylaşmaktan çekinmeyen desteğini çokça hissettiğim, sorularımın her birine büyük bir sabırla cevap veren, bilgisayarımın yetmediği yerlerde bilgisayarımı bile işgal etmeme müsaade eden çok şey öğrendiğim sevgili Arş. Gör. Can ELVERİCİ'ye, pandemi süreci gibi şanssız bir döneme denk gelsek de bu süreç boyunca hem arkadaşlığı hem laboratuvar arkadaşı olarak yardımını ve desteğini hissettiğim, beyin fırtınaları yaptığım, sevgili Özge YAYLALI'ya, bir arada çok vakit geçirme şansımız olmasa da beni yalnız bırakmayan, motive eden sevgili Merve YILDIZBAŞ'a ve yine destek olan Lider SİNAV'a çok teşekkür ederim.

Bu süreçteki en büyük destekçim olan sevgili aileme de teşekkürü borç bilirim; tüm bu süreç boyunca maddi manevi olarak her zaman yanımda olan ve beni hayatım boyunca destekleyen canım anneme, hiçbir zaman yalnız olmadığımı bildiğim, desteğini varlığını her zaman yanımda hissettiğim canım ablam Gizem'e, süper kahraman gibi beni her zaman her yere yetiştiren, destekleyen abim Burak'a, motivasyon konuşmaları ve güzel portakalları ve zeytinleriyle beni motive eden, beni destekleyen sevgili babama ve beni her zaman güldüren Maya'ya en büyük teşekkürü etmek isterim.

Benim için arkadaştan öte olan kız kardeşlerim Merve ve Melis TEMEL'e de yardım ve destekleri için çok teşekkür ederim. Beni destekleyen sevgili Pınar KARALI ile Mehtap DOĞAN'a ve bu bir sayfaya sığdıramadığım destek olan herkese teşekkür ederim.

Ağustos 2022, Ankara

# İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT .....	iii
TEŞEKKÜR .....	v
İÇİNDEKİLER.....	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	x
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	xi
1. GİRİŞ .....	1
2. GENEL BİLGİLER.....	3
2.1. Niş Kavramı ve Ekolojik Niş Modelleme Yaklaşımı.....	3
2.2. Filocoğrafya .....	4
2.3. Tür Hakkında Genel Bilgiler.....	4
3. YÖNTEMLER .....	7
3.1. Ekolojik Niş Modelleme .....	7
3.1.1. Varlık Verilerinin Elde Edilmesi ve Düzenlenmesi .....	7
3.1.2. Çevresel Verilerinin Elde Edilmesi ve Düzenlenmesi .....	8
3.1.3. Modelleme.....	10
3.2. Filocoğrafi Analiz .....	11
4. SONUÇLAR VE TARTIŞMA.....	13
4.1. Sonuçlar.....	13
4.1.1. Ekolojik Niş Modeli .....	13
4.1.2. Filocoğrafi Analiz .....	22
4.2. Tartışma.....	23
5. YORUM .....	27
6. KAYNAKLAR.....	29



EKLER.....	35
EK 1 – NCBI Eriřim Numaraları ve Lokasyonlar Tablosu .....	35
EK 2 – Seilen En İyi Modelin zellikleri.....	35
EK 3 – Model Sonucunda Oluřan evresel Verisinin Cevap Eėrileri .....	35
EK 4 – Model ıktı Haritalarının Ham Halleri .....	36
EK 4 – Tezden Tretilmiř Yayınlar.....	38
EK 6 – Tez alıřması Orjinallik Raporu.....	39
ZGEMİř .....	40

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.	<i>Cinclus cinclus</i> 'un varlık verileriyle dağılımını gösteren harita. ....5
Şekil 2.	Sağda tekrar eden veriler silinmeden önce türün dağılımı haritanın bir kesiti üzerinde gösterilmektedir. Solda ise harita üzerinde aynı alanda türün tekrar eden noktaları silinmiş ve 25 km seyreltilerek otokorelasyonu sağlanmış hali gösterilmiştir. ....8
Şekil 3.	Türün elde edilen genetik verileri noktalarının coğrafi dağılımı. Harita ve sağ üst köşedeki haplotip ağı Hourlay ve arkadaşları [29] makalesine uygun olarak yeniden görselleştirilerek düzenlenmiştir. Dağılım haritasında <i>Cinclus cinclus</i> 'un kışlama ve üreme alanları birlikte değerlendirilmiştir.12
Şekil 4.	MaxEnt modeli ortalama AUC değeri ve ROC eğrisi sonucu. ....14
Şekil 5.	Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen günümüz için uygun dağılım alanı.....15
Şekil 6.	Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen Orta Holosen'deki uygun dağılım alanı.....16
Şekil 7.	Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen Son Buzul Dönem için uygun dağılım alanları. ....17
Şekil 8.	Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen Son Buzullar Arası Dönemi için uygun dağılım alanları. ....18
Şekil 9.	Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen 2050 yılı senaryolarına göre uygun dağılım alanı. (a); rcp_26 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (b); rcp_45 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (c); rcp_85 sera gazı senaryosuna göre elde edilen gelecek modelidir. ....20
Şekil 10.	Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen 2070 yılı modellerine göre uygun dağılım alanları. (a); rcp_26 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (b); rcp_45 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (c); rcp_85 sera gazı senaryosuna göre elde edilen gelecek modelidir. ....22
Şekil 11.	İstatistiksel parsimoni ağına dayalı üç gen bölgesinin haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiler. ....22
Şekil 12.	<i>Cinclus cinclus</i> gen bölgeleri için elde edilen EBSP grafiği. Derekuşu'nun tür geçmişine göre ortalama etkin popülasyon büyüklüğü değişiklikleri

gösterilmektedir. EBSP, sonuçları %2'ye göre gösterir. İnce çizgiler %95 güven aralığını gösterir..... 23

## ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.	Biyoklimsel deęişkenler ve açıklamaları (WorldClim, 2020 [40]). (* ile gösterilen deęişkenler çalışmaya dahil edilmemiştir.).....	8
Çizelge 2.	İklimsel deęişkenlerin modele yüzdelik katkıları .....	14

## SİMGELER VE KISALTMALAR

### Simgeler

°	Derece
°C	Santigrat Derece
~	Yaklaşık

### Kısaltmalar

AICc	Akaike Bilgi Kriterleri
AUC	Area Under the Curve/ Eğri Altında Kalan Alan
CCSM4	Community Climate System Model
EBSP	Genişletilmiş (Extended) Bayesian Skyline Plot
ENM	Ekolojik Niş Modeli
GBIF	Global Biodiversity Information Facility
HKY+G+I	Hasegawa-Kishino-Yano + Gamma+ invariant sites
IPCC	Hükümetler Arası İklim Değişikliği Paneli
IUCN	International Union for Conservation of Nature
MIROC-ESM	Earth System Model for Interdisciplinary Research on Climate
MPI-ESM-LR	Max Planck Institute Earth System Model
MtDNA	Mitokondrial DNA
NCBI	National Center for Biotechnology Information
Rcp	Representative concentration pathways
TN93+G	Tamura-Nei 93
LQPTH	Linear-Quadratic-Product-Threshold-Hinge

# 1. GİRİŞ

Dünya oluşumundan bugüne sabit bir iklimde olmamış ve birçok farklı iklimsel olayla karşı karşıya kalmıştır. Kıta oluşumu, parçalanması, kıtaların kayması gibi geçmişte yaşanan levha tektoniği olayları, insan faaliyetleri iklim değişikliklerinde etkili olan faktörlerdendir. İklim canlılık için oldukça önemli bir etkidir ve biyoçeşitliliğin üzerinde oldukça etkili bir faktördür. Mikro düzeyden makro düzeye kadar tüm basamakları etkiler. Bu iklimsel olaylardan canlılığı yakın geçmişte en çok etkileyen olaylardan biri de buzul çağlardır. Dünya tarihi boyunca bilindiği gibi birçok buzul ve buzullar arası döneme de şahitlik etmiştir. Son olarak Kuaterner'in ilk dönemi olan Pleistosen'de görülen bu durumu yani yaklaşık 100 bin yıllık döngülerle 10 ila 30 bin yıl süren [1] buzul çağı ve ardından buzullar arası döneme girmesinin nedenini en kabul görmüş şekilde bilim insanı Milutin Milankovitch 1930 senesinde açıklamıştır. "Milankovitch Döngüsü" olarak da adlandırılan buzul çağının görece sıcak ve soğuk dönemler içermesinin nedenleri; yörünge eğikliği yani yörünge'nin elipslik derecesindeki değişimler, eksen eğikliğindeki değişimler ve presesyon diğer adıyla yalpalama hareketinin meydana gelmesi olarak özetlenebilir [2, 3].

Son jeolojik zaman olan 2,59 milyon yıl önce başlayarak günümüze kadar devam eden Kuaterner dönemi buzul ve buzullar arası dönemlerle karakterize olmuş bir dönemdir. Son Buzul Çağı da bu dönem içindeki Geç Pleistosen dönemde yaşanmıştır. İklim dalgalanmaları sebebiyle Son Buzul Çağı sonucunda canlıların dağılımları büyük ölçüde değişmiş, canlılar tekrarlanan bir şekilde aralıklarını kaydırmıştır ve başta ılıman kuşak olmak üzere canlıların günümüz dağılımları, genetik yapısı ve biyoçeşitlilik üzerinde etkili olmuştur [4, 5]. Son Buzul Maksimumunda (23-18 bin yıl) dünyanın üçte biri buzlarla kaplanmış, buz tabakası 52° kuzey enlemine ve permafrost güneye 47° kuzey enlemine kadar inerek Avrupa'nın büyük çoğunluğunu kaplamıştır [6]. Kuzey kesimler güney kesimlere göre iklim değişiminden daha trajik bir şekilde etkilendiğinden o bölgelerde dağılımını değiştiremeyen veya uyum sağlayamayan türlerde daha fazla yok oluş yaşanmış ve güney bölgelere kaçış olmuştur [6]. Buzul dönemlerde "sığınak" olarak adlandırılan görece daha ılıman olan sığınak bölgeler oluşmuş ve canlıların bir kısmı bu

bölgelere sığınarak genetik çeşitliliklerini muhafaza etmişlerdir [7]. Bu bölgeleri saptamak canlıların genetik çeşitliliklerinin yoğun olduğu bölgeleri belirlemek ve koruyabilmek açısından oldukça önemlidir.

Dünyada gerçekleşen küresel iklim değişimlerine canlılar farklı biyolojik cevaplar vermektedirler. Yukarıda da bahsedildiği gibi Son Buzul ve Buzullar Arası Dönemler özellikle Paleartik Bölge’de dağılım gösteren türlerin günümüz dağılımlarını oluşturmasında büyük önem taşıdığı düşünülmektedir. Bu noktadan hareketle birçok çalışma insan kaynaklı etkiler sonucu meydana gelen küresel ısınmanın da türlerin dağılımını etkileyeceğini göstermektedir. IPCC (The Intergovernmental Panel on Climate Change)’nin altıncı raporuna göre insan etkisiyle 1850’lerden günümüze küresel yüzey sıcaklığı 1°C artmış buna bağlı olarak aşırı hava olayları da sıklaşmıştır ve 2030 senesine kadar bu sıcaklığın 1.5°C daha artması beklenmektedir [8]. Küresel iklim değişiminin en önemli etkilerinden biri tür dağılımındaki değişimler olarak değerlendirildiği için, bu durumun birçok tür açısından test edilmesi artık kaçınılmaz bir gereksinimdir. Filocoğrafya ile ekolojik niş modellemesi bir arada çalışılarak; türler için mekânsal ve zamansal çözümler yapmaya, türün iklimsel değişikliklere vermiş olabilecekleri ve verebilecekleri tepkileri anlamamıza, evrimsel tarihleri hakkında çıkarımlar yapmamıza olanak sağlamaktadır (bkz. Perktaş ve arkadaşları [9]). Bu sayede türlerin geçmiş ve gelecekteki iklim değişikliklerine verdikleri dağılım değişiklikleri öngörülebilir ve biyolojik çeşitliliğin korunması adına stratejileri geliştirilebilir.

Derekuşu [*Cinclus cinclus* (Linnaeus, 1758)] ılıman kuşak dahil olmak üzere Paleartik Bölge’de geniş dağılıma sahip bir kuş türüdür. Son buzullar arası ve buzul döngüleri türün dağılımını muhtemelen etkilemiş olabilir. Bu çalışma, türün geçmişi ve geleceği hakkındaki öngörülerini küresel iklim değişimi perspektifi dahilinde ortaya koymayı amaçlamıştır.

## 2. GENEL BİLGİLER

### 2.1. Niş Kavramı ve Ekolojik Niş Modelleme Yaklaşımı

Canlıların nişlerini belirlemedeki temel faktörlerden biri iklimdir ve biyolojik çeşitliliğin dağılımı üzerinde oldukça etkilidir. Niş tanım olarak; organizmanın yaşam ortamının içerisindeki çevresel ve biyolojik etkiler altında hayatta kalabildiği en elverişli ekolojik koşulları ve türün komünitedeki rolünü kapsamaktadır. Niş konseptinin biyoloji literatüründe yer bulması 1917 senesinde Grinnel tarafından bir kuş türü için yapılan çalışma [10] ile gerçekleşmiştir. Grinnell türün dağılımını etkileyen faktörleri temelde iklim, bitki örtüsü gibi çevresel etmenlere dayandırmaktadır [11]. 1927 senesinde ise Elton türün komünitedeki etkilerine odaklanan, biyotik ilişkilere dayandırılan bir niş kavramı ortaya sürmüştür. Hem Grinnel hem de Elton niş kavramı bir arada bir türün dağılımını açıklamak için gerekli unsurları içermektedir. Sonraki yıllarda, Hutchinson nişi; temel niş ve gerçek niş olarak ele alarak iki şekilde incelenebilir kılınmıştır. Temel niş; ideal ortamda canlının meydana getirdiği kuramsal bir niş olarak açıklanabilir, biyotik etkiler göz ardı edilmektedir [2, 12]. Gerçek niş ise; rekabet ve tür etkileşiminin olduğu, sınırsız kaynağın olmadığı türün temel nişine göre daha küçük bir alanda yayıldığı kısıtlayıcı faktörleri barındıran niş kavramıdır [12]. Bu tanımlamalarda coğrafi dağılımı için mekânsal değerlendirmeleri dağılım için belirleyici faktörlere eklememiştir [13]. 2000 yılında Pulliam, 2005 yılında ise Soberon ve Peterson niş kavramına türün ulaşabileceği alanı da ekleyerek bir venn diyagramı oluşturmuşlardır. Bu diyagram üç unsurdan oluşmaktadır bu unsurlar türün dağılım alanlarını şekillendiren, Biyotik, Abiyotik, ve Hareket faktörü yani türün erişebileceği alandır ve BAM diyagramı olarak adlandırılmıştır [13-15].

Türün varlık verisi, çevresel veriler ve türün dispersal kapasitesi kullanılarak türün tahminsel niş modellemesi yapılmaktadır. Küresel iklim değişimlerine bağlı olarak canlıların dağılım alanlarında da değişiklikler görülmektedir. İklim modellemesi sayesinde canlıların geçmiş, günümüz ve gelecekteki iklimsel değişimler sonucunda dağılımdaki değişiklikler modellenerek oluşan bu tahminsel senaryolar değerlendirilebilmektedir. Sonuçlar birçok türün alanında daralma ve yok olma riskiyle karşı karşıya kaldığını da göstermektedir [16, 17]. Bu değerlendirmeler genellikle yüksek çözünürlüklü genetik veriler ve ekolojik niş modellemesi ile mümkün olmaktadır (bkz.



[17-19]). Bu aşamada ekolojik niş modeli ve filocoğrafi analizler bir araya gelerek türün demografik tarihi hakkında daha güçlü çıkarımlar yapılması sağlanmaktadır. Ekolojik niş modellemesi yaygın olarak MaxEnt yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmektedir. Türlerin her zaman yokluk verilerini elde etmek mümkün değildir bu bakımdan sadece varlık verileriyle modelleme yapabilmek maksimum entropi yönteminin tercih edilmesindeki en önemli nedenlerden biridir [20, 21].

## 2.2. Filocoğrafya

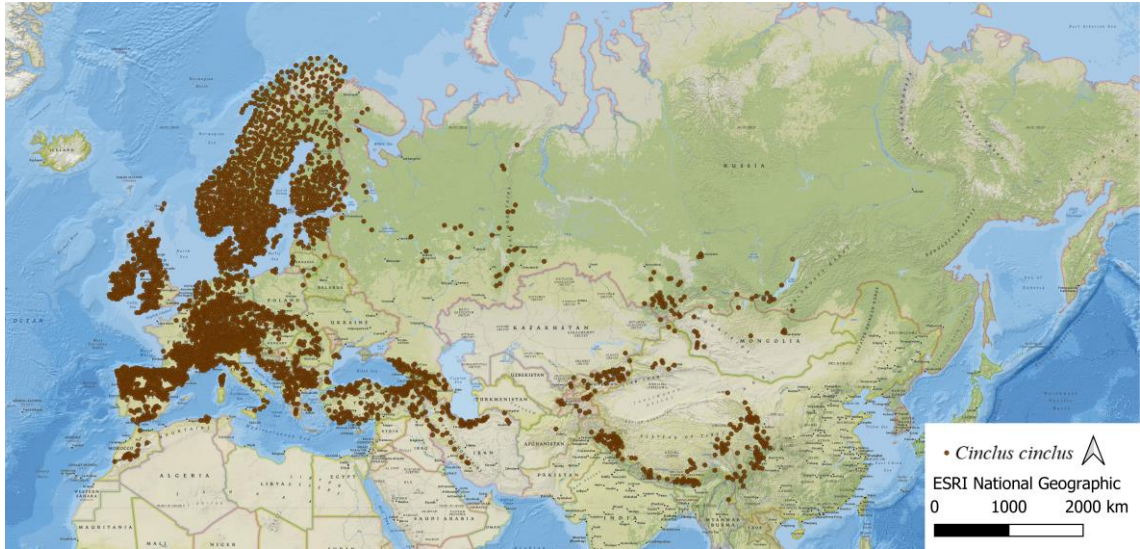
Filocoğrafya, bir terim olarak John Avise tarafından literatüre kazandırılmıştır [22]. Mikro ve makroevrimsel disiplinler, biyocoğrafya, moleküler genetik alanlarının orta noktasında bulunan istatistik ve matematikten yararlanan multidisipliner bir alan olan filocoğrafya soy hatlarının coğrafi dağılımları üzerinde çalışmaktadır [23]. Gelişen moleküler teknikler ve bilgisayar tabanlı programlar sayesinde giderek daha fazla çalışma yapılan büyüyen bir alan olarak günümüzde karşımıza çıkmaktadır. Sıklıkla hayvan mitokondri DNA'sından (mtDNA) elde edilen bilgiler kullanılarak analizler yapılır [2]. MtDNA dairesel bir organel genomu olup, genom büyüklüğü kuşlarda memelilerle benzer olarak yaklaşık 16.3-17.3 baz çifti büyüklüğündedir [24]. Ökaryotlarda enerji üretiminden sorumlu olan, solunum zincirlerinde rol oynayan mitokondri, üretilen reaktif oksijen türlerine maruz kalarak genomu da dahil olmak üzere büyük bir hasar görmektedir. MtDNA replikasyon sisteminin, hasar onarımında etkisi azdır ve bu sebeple mutasyonlar zamanla birikir [25]. Çekirdek DNA'sına göre hızlı evrimleşmesi mayoz bölünme gibi karmaşık genetik olayların gerçekleşmemesi ve maternal olması sebebiyle de evrimsel geçmişte meydana gelen dağılım değişikliklerini göstermede [2] filocoğrafya çalışmalarında tercih edilmektedir. Türün evrimsel tarihi ve demografisi hakkında çıkarımlar yapmamıza olanak sağlayan, niş modellemesi çıkarımlarımızın kuvvetlenmesine katkıda bulunarak tür hakkında hem genetik hem ekolojik tabanlı kuvvetli tahminler yapmamızı mümkün kılarlar.

## 2.3. Tür Hakkında Genel Bilgiler

Ülkemizde Derekuşu veya su karatavuğu olarak bilinen *Cinclus cinclus*, Aves sınıfında yer alan Passeriformes (ötücü kuşlar) takımının, Cinclidae (su karatavuğugiller) familyasının 5 türünden (en az 5 ana sınıfa ayrılmakta olduğu düşünülmektedir) biridir

[26] ve bu türler arasında en geniş dağılıma sahip olan [27] aynı zamanda ülkemizde bulunan tek türdür. 2002 yılında yapılan bir çalışmaya göre sistematik açıdan *Cinclus palasii* ile kardeş türler olduğu tahmin edilmektedir [28]. Türün oldukça karmaşık filocoğrafi yapısı, tür içi genetik çeşitliliğin tür kompleksi resmini ortaya koymaktadır. Bu familya üyeleri ötücü kuşlar arasında yüzme ve dalma özellikleriyle eşsizdir. Paleartik Bölge’de yayılış gösteren bu politipik türün bilinen 13 alttürü vardır. 10’u Batı Paleartikte, 3’ü Doğu Paleartikte dağılım göstermektedir [29]. Bunlar; *C. c. aquaticus*, *C. c. cashmeriensis*, *C. c. caucasicus*, *C. c. cinclus*, *C. c. gularis*, *C. c. hibernicus*, *C. c. leucogaster*, *C. c. persicus*, *C. c. przewalskii*, *C. c. rufiventris*, *C. c. uralensis*, *C. c. minör*; *C. c. olympicus*’dur. *C. c. olympicus* Kıbrıs’ta dağılım göstermektedir ve günümüzde yok olmuştur. Türün alttürleri hakkında tartışmalar söz konusudur.

Tür oldukça geniş bir dağılım alanına sahiptir [29, 30]. Avrupa, Asya, Kuzey Afrika’da yaygın olarak dağılım göstermektedir (Şekil 1).



Şekil 1. *Cinclus cinclus*’un varlık verileriyle dağılımını gösteren harita.

Derekuşu yaklaşık olarak 17 ile 20 cm arasında bir boyuttadırlar. Dişiler 46 ile 72 g arasında değişirken, erkekler 53 ile 76 g ağırlığı arasındadır. Dişiler ve erkekler morfolojik olarak benzerdir, dişilerin kanat boyları ve boyutları erkeklere kıyasla biraz daha küçüktür [31, 32]. Derekuşunun başları koyu kahverengidir. Göğüs kısımları boğazdan itibaren beyazdır, karınları, uçuş tüyleri ve kuyrukları siyahımsı

kahverengindedir. Birçok alttüründe görülen fark genellikle göğüs ve karın arasından anlaşılmaktadır. Genç bireyler oldukça ayırt edilebilir ve belirgindir.

İsimlerinden de anlaşılacağı gibi habitatları hızlı akan, berrak akarsular ve temel besin kaynaklarının bol bulunduğu nehirlerdir. Derekuşu biyoindikatör bir türdür ve kirlenmiş, asitlenmiş akarsularda varlıklarını sürdüremezler [33]. Yüksek irtifalarda yaşarlar, üreme mevsimi dışında bazen yüksek rakımlardan alçaklara, Avrupa'da deniz seviyesine indikleri görülmüştür. Akan su varlığı sürdükçe ve buzlanma olmadığı sürece yüksek rakımlarda kalmayı tercih ederler [31]. Yerleşik tür olarak kabul edilmektedirler [34].

Ana besin kaynaklarının büyük çoğunluğunu suda yaşayan böcekler oluşturmaktadır [34]. Bunlar genellikle larva aşamasında olan trichoptera, ephemoptera ve kayasineği (plecoptera) nimflerinden oluşmaktadır. Bunlar dışında yusufçuk (odonata), sinek larvaları (diptera) gibi böcek ve eklembacaklıları, yumuşakçaları, küçük balıkları ve somon yumurtalarını tükettikleri de gözlemlenmiştir [32]. Çoğunlukla avlanmayı hızlı akan sulara dalarak gerçekleştirmektedirler [31, 34].

Yayılış alanı oldukça geniş bir tür olduğu için üreme dönemleri de buldukları bölgeye göre değişiklik göstermektedir. Şubat ayından ağustos ayına kadar bölgeye bağlı olarak üreme görülebilir. Nadiren bazı erkek bireyler hariç tek eşlilik (monogamous/monogam) hakimdir. Yuvalar uçurumlarda bulunan kaya yarıkları, suyun üzerinde veya yakınında bulunan kaya çıkıntıları gibi bölgelerde nadir olarak da ağaçlarda iki cinsiyet tarafından yosun, kuru yapraklar gibi materyallerle yapılmaktadır [31]. Kuluçkada ortalama 3 ila 6 yumurta bulunmaktadır.

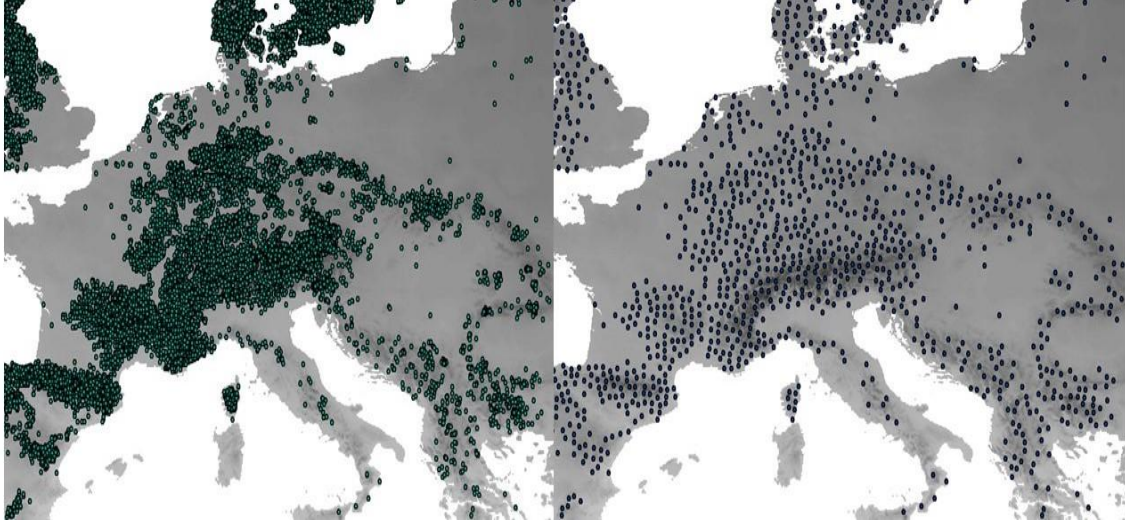
IUCN'nin hazırladığı rapora göre; türün popülasyon trendi düşüş göstermesine rağmen "asgari endişe" içeren türler arasında yer almaktadır. Tür oldukça geniş dağılım alanına ve yüksek nüfus büyüklüğüne sahiptir. Tüm bunlara bağlı olarak nüfus düşüş hızı ve habitat durumları değerlendirildiğinde türün "hassas" kategorisine girecek kriterlerde olmadığı görülmüştür. Yüzde 35'i Avrupa'da dağılış göstermektedir. Bu sebeplerle günümüzde tür için herhangi bir koruma önlemi bulunmamaktadır [35].

## 3. YÖNTEMLER

### 3.1. Ekolojik Niş Modelleme

#### 3.1.1. Varlık Verilerinin Elde Edilmesi ve Düzenlenmesi

*Cinclus cinclus* türü için varlık verileri GBIF (Global Biodiversity Information Facility) çevrimiçi veri tabanından 1990-2021 yıllarını ve sadece koordinat içeren verileri kapsayacak şekilde (n= 372.893) “.csv” (virgülle ayrılmış değerler dosyası) formatında elde edilmiştir [36]. İndirilen bu veri dosyası gereksiz verilerden arındırılarak tür adı, boylam ve enlem bilgilerini içeren “.csv” dosyasına dönüştürülmüştür. Oluşturulan bu dosya tür adıyla açılan dosyanın içerisinde oluşturulan “raw” isimli dosyaya yerleştirilmiştir. Bir Coğrafi Bilgi Sistemi arayüzü olan ArcMap sürüm 10.2.2 içerisindeki SDM toolbox sürüm 2.4 [37] kullanılarak ileriki analiz aşamaları ve ara yüzde varlık verilerinin gözükmesi amacıyla “shapefile” formatına dönüştürülmüştür. Varlık verileri literatürden kontrol edilerek dağılım alanı dışında kalan ve haritada boşluğa düşen veriler (997 veri) düzenlenerek silinmiştir. Veri tabanından elde edilen gözlem verileri bazı noktalarda gözlem alanlarının bulunması ve bazı noktalarda ise birden çok kayıt girilmesi nedeniyle yanlış verileri de içerebilmektedir. Örnekteki bu yanlışlığı ve mekânsal otokorelasyonu azaltmak amacıyla tekrar eden 285.973 nokta tek bir veriye indirilmiştir ve 25 km [38] içindeki 83.020 gözlem verisi aynı bireyin birden çok bu alan sınırı içinde örneklenmiş olabileceği düşüncesiyle mekânsal olarak seyreltilmiştir. Şekil 2’de seyrelme işlemi öncesi ve sonrası gösterilmektedir. Tüm bu veri elemesi işlemi sonrasında ekolojik niş modelleme için toplamda 2.903 veri noktası elde edilmiştir.



Şekil 2. Sağda tekrar eden veriler silinmeden önce türün dağılımı haritanın bir kesiti üzerinde gösterilmektedir. Solda ise harita üzerinde aynı alanda türün tekrar eden noktaları silinmiş ve 25 km seyreltilerek otokorelasyonu sağlanmış hali gösterilmiştir.

### 3.1.2. Çevresel Verilerinin Elde Edilmesi ve Düzenlenmesi

Çevresel verilerin düzenlenmesi için tür dosyası içerisine “Climate” adında bir dosya açılmıştır. Geçmiş (Son Buzul Maksimumu, Son Buzullar Arası dönem ve Orta-Holosen), Günümüz (1960-1990) ve Gelecek (2050 ve 2070) için aylık sıcaklık ve yağıştan türetilen 19 biyoiklimsel veri setleri [39] (Çizelge 1) WorldClim 1.4 veri tabanı üzerinden indirilmiştir ve açılan iklim dosyasına ham halleriyle kaydedilmiştir.

Çizelge 1. Biyoiklimsel değişkenler ve açıklamaları (WorldClim, 2020 [40]). (\* ile gösterilen değişkenler çalışmaya dahil edilmemiştir.)

Biyoiklimsel değişken	Açıklaması
BIO1	Yıllık ortalama sıcaklık
BIO2	Ortalama diurnal aralık (Aylık ortalama (max.sıc. – min.sıc.))
BIO3	İzotermalite (BIO2/BIO7) ( $\times 100$ )
BIO4	Sıcaklığın mevsimselliği (standart sapma $\times 100$ )

BIO5	En sıcak ayın maksimum sıcaklığı
BIO6	En soğuk ayın minimum sıcaklığı
BIO7	Yıllık ortalama sıcaklık aralığı (BIO5-BIO6)
BIO8*	En yağışlı çeyreğin ortalama sıcaklığı
BIO9*	En kurak çeyreğin ortalama sıcaklığı
BIO10	En sıcak çeyreğin ortalama sıcaklığı
BIO11	En soğuk çeyreğin ortalama sıcaklığı
BIO12	Yıllık ortalama yağış miktarı
BIO13	En yağışlı ayın yağış miktarı
BIO14	En kurak ayın yağış miktarı
BIO15	Yağış mevsimselliği (Varyasyon katsayısı)
BIO16	En yağışlı çeyreğin yağış miktarı
BIO17	En kurak çeyreğin yağış miktarı
BIO18*	En sıcak çeyreğin yağış miktarı
BIO19*	En soğuk çeyreğin yağış miktarı

Bu iklimsel değişkenlerden Bio 8, Bio 9, Bio 18 ve Bio 19 çeşitli anormalliklere sebebiyet verdiği için çalışmaya dahil edilmemiştir [41, 42]. Son Buzul Maksimumu (~ 22 bin yıl önce) ve Orta-Holosen (~ 6 bin yıl önce) için üç küresel iklim modeli olarak CCSM4, MIROC-ESM ve MPIESM-P 2.5dk çözünürlükte indirilmiştir. Bu iklim modellerinin ve 2.5 dk. çözünürlüğün seçilme nedeni modellenecek dönemler arasında ortak olarak bu çözünürlükte veri bulunması ve bu sebeple kıyaslanabilir ve eşleştirilebilir olmalarıdır. Bunun yanında veri boyutu ve alanı çok büyük olduğundan dolayı da bu çözünürlük tercih edilmiştir. Son Buzullar Arası dönem (~130 bin yıl önce) için yalnızca 30 sn. çözünürlüklü veri bulunduğundan dolayı bu veri indirildikten sonra diğer verilerle uyumlu olması amacıyla 2.5 dk. çözünürlüğe dönüştürülerek kullanılmıştır. Gelecek (2050 ve 2070) için yine üç küresel iklim modeli (CCSM4, MIROC-ESM, MPI-ESM-LR) rcp 26, rcp 45 ve rcp 85 sera gazı senaryosunu kapsayacak şekilde 2.5 dk çözünürlükte “.bi” formatında indirilmiştir. Biyoiklimsel verilerle birlikte yükseklik verisi de yine Worldclim [40] üzerinden indirilmiş ve modellemeye dahil edilmiştir.

Tüm bu biyoiklimsel değişkenler ve yükseklik verisi alan olarak tüm dünyayı kapsamaktadır, bu sebeple analizlere geçmeden önce her biri türün dağılım alanına uygun olarak 21° ile 73° kuzey enlemi, 14° batı ile 119° doğu boylamını içerecek şekilde kırılmış ve “.bi” formatında indirilen veriler MaxEnt’te kullanılabilen format olan ASCII formatına (.asc) çevrilerek iklim için açılan dosyaya kaydedilmiştir. Kesilen tüm bu “.asc” formatındaki dosyalar referans koordinat sistemi olarak kullanılan WGS84 olarak tanımlanmıştır. *C.cinclus*’un günümüz varlık verileri analiz için kullanılmak üzere türün dispersal kapasitesi belirlenerek [43], yaklaşık 200 km olacak şekilde 2 ° (222 km) uzaklıkta Qgis versiyon 3.10 programı kullanılarak yeniden kesilmiş ve “.asc” formatında yeni bir dosya oluşturularak kaydedilmiştir. Oluşturulan her dosya referans koordinat sistemine göre tanımlanmıştır. Değişkenler arasındaki korelasyon, dört farklı korelasyon katsayılarına göre (0.60,0.70,0.80,0.90) test edilerek iklimsel veri seti oluşturulmuştur. Korelasyon katsayılarına göre 0.60; Bio 4, Bio 14; yükseklik, Bio 1 ve Bio12’yi, 0.70 tüm bu değişkenlere ek olarak Bio 15’i, 0.80 ek olarak Bio 2 ve Bio 3’ü son olarak 0.90’da da 0.80’e ek olarak Bio 5 ve Bio 13’ü içermektedir. Bu veri setleri türün dağılımını etkileyen en önemli biyoiklimsel faktörleri kapsamaktadır. Yapılan tüm bu işlemler aksi belirtilmediği takdirde ArcGis 10.2.2 sürümü, SDM Toolbox 2.4 kullanılarak yapılmıştır.

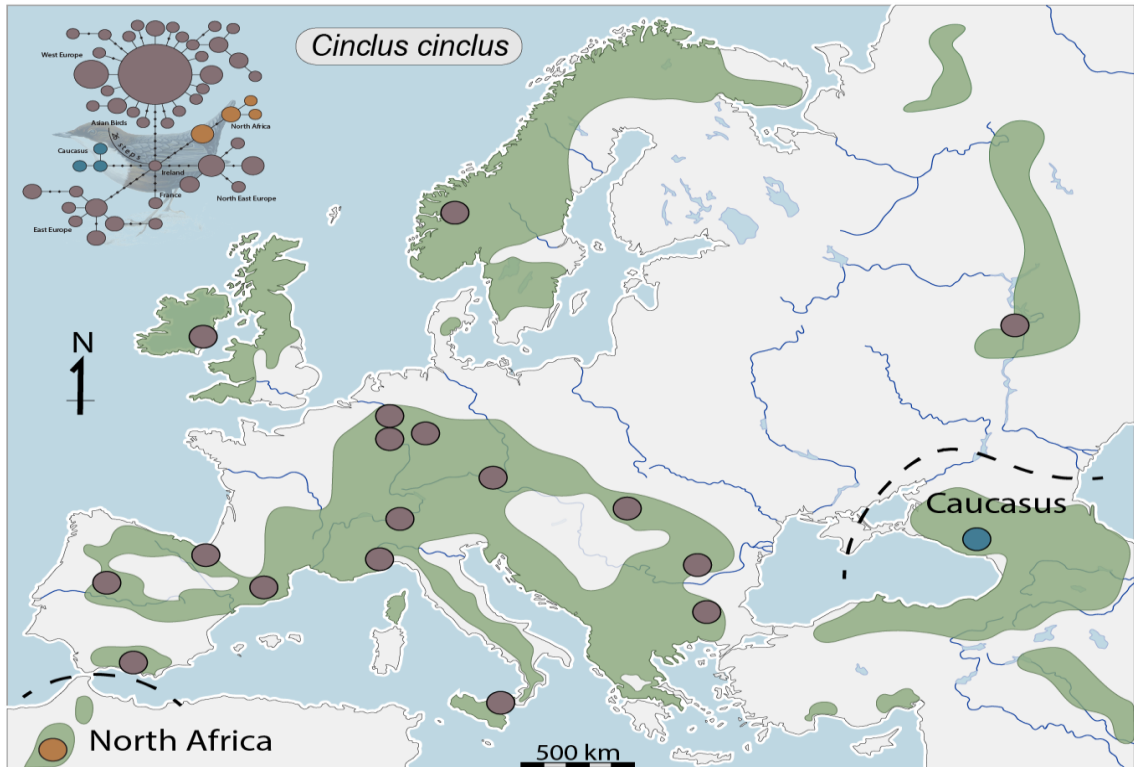
### 3.1.3. Modelleme

Geçmiş ve gelecekte türün dağılımını modelleyebilmek için R sürüm 4.0.5 programında [44] KUENM paketinin 1.1.7 sürümü kullanılmıştır. ENM aşamaları bu pakete uygun olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. MaxEnt ve R programlarından yararlanan bu paket model kalibrasyonu sağlamaya, “kuenm\_cal” işleviyle çok sayıda model oluşturularak “kuenm\_ceil” işleviyle aralarından en iyi modelin değerlendirilerek seçilmesine yani en uygun parametre kombinasyonlarının, sonuç modelinin oluşturulmasına ve değerlendirilmesine, olanak sağlamaktadır [45, 46]. Ekolojik niş modellemesi için MaxEnt sürüm 3.4.4 [21, 47] algoritması kullanılmıştır. İklim varlık ve analiz verilerinin bulunduğu tür için oluşturulan dosyaya KUENM\_WD adında yeni bir dosya açılarak içerisine türün dağılımına göre belirlenmiş koordinatlara göre kesilmiş verileri barındıran “G\_variables” adında bir dosya oluşturulmuştur. Ardından içerisi korelasyon katsayılarına göre dört dosya olacak şekilde düzenlenmiştir ve bu dosyalara uygun biyoiklimsel veriler yerleştirilmiştir. “M\_variables” adında bir başka dosya daha

oluşturularak içine yine korelasyon katsayılarına göre adlandırılmış dört dosya barındıran türün dağılabileceği sınır olan 200 km'ye göre kesilmiş iklim verileri yerleştirilmiştir. Yine KUENM\_WD dosyası içerisine modelleme eğitimi ve testini sağlamak amacıyla türün üç bölüme dağılım koordinatlarını içeren “.cvs” formatlı veriler yerleştirilmiştir. Çıkan en iyi model Akaike kriterine göre belirlenerek, arasından en yüksek AUC değerine sahip model seçilmiştir. Elde edilen modeller değerlendirilmeleri için ortalamaları QGIS sürüm 3.10.8 üzerinde bulunan “raster calculator” ile hesaplanıp görsellikleri düzenlenmiştir. Km hesaplaması yapılabilmesi için ortalaması alınan modeller eşik değere göre yeniden düzenlenerek SDM toolbox üzerinden dağılımsal farklılıklar ölçülmüştür.

### 3.2. Filocoğrafi Analiz

Filocoğrafi analiz için mtDNA'nın Cytb, ND2 ve D-loop bölgeleri kullanılmıştır. Bu bölgelerin dizileri NCBI (National Center for Biotechnology Information) veri tabanından elde edilmiştir (Erişim numaraları için bkz. Ek 2). İndirilen verilerin lokasyonları Şekil 3'te gösterilmiştir.





Şekil 3. Türün elde edilen genetik verileri noktalarının coğrafi dağılımı. (Harita ve sağ üst köşedeki haplotip ağı Hourlay ve arkadaşları [29] makalesine uygun olarak yeniden görselleştirilerek düzenlenmiştir.) Dağılım haritasında *Cinclus cinclus*'un kışlama ve üreme alanları birlikte değerlendirilmiştir.

Üç gen bölgesinin haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri araştırmak ve görselleştirmek için PopART sürüm 1.7 [48] kullanarak TCS sürüm 1.21'de [49] uygulanan istatistiksel yaklaşımı kullanarak haplotip ağı oluşturulmuştur. MtDNA belirteçleri için Mega sürüm 11.0.11 [50] programı kullanılarak en uygun mutasyon modeli belirlenmiştir. Minimum doğrulanmış Akaike değerine sahip model en uygun model olarak seçilmiştir. Bu işlem her bir gen bölgesi için tekrar edilmiştir. Cyt-b için TN93+G (AICc= 4267.96), ND2 için HKY (AICc= 3632.55), Kontrol bölgesi için HKY+G+I (AICc= 3631.76) en uygun model olarak belirlenmiştir.

Sonraki aşamada BEAUti sürüm 2 kullanılarak her bir gen bölgesi için mutasyon modeli (substitution model) olarak belirlenen bu modeller tercih edilmiş, Derekuşu için nesil başına bir yıl [34] ve var sayılan mutasyon oranına sahip saat tipi (clock type) olarak sabit saat (strict clock) seçilmiştir (Cyt-b için, yaygın olarak kullanılan oran milyon yılda %2 [51, 52]). MCMC (Markov Chain Monte Carlo) zincir uzunluğu 50 milyonluk bir zincirle bir BEAST girdi dosyası elde edilmiştir. Oluşturduğumuz bu dosya ile BEAST 2'de [53] uygulanan "Genişletilmiş (Extended) Bayesian Skyline Plot (EBSP)" analizini [54] kullanarak Dere Kuşu için zaman içinde etkin popülasyon büyüklüğündeki dalgalanmalar değerlendirilmiştir. Üç bağımsız EBSP analizi gerçekleştirmiş olup sonuçlar Tracer sürüm 1.7.2 [55] uygulaması kullanılarak görselleştirilmiştir. Parametreler için etkin örnek boyutu analiz sonuçlarında 200'ü aşmıştır.

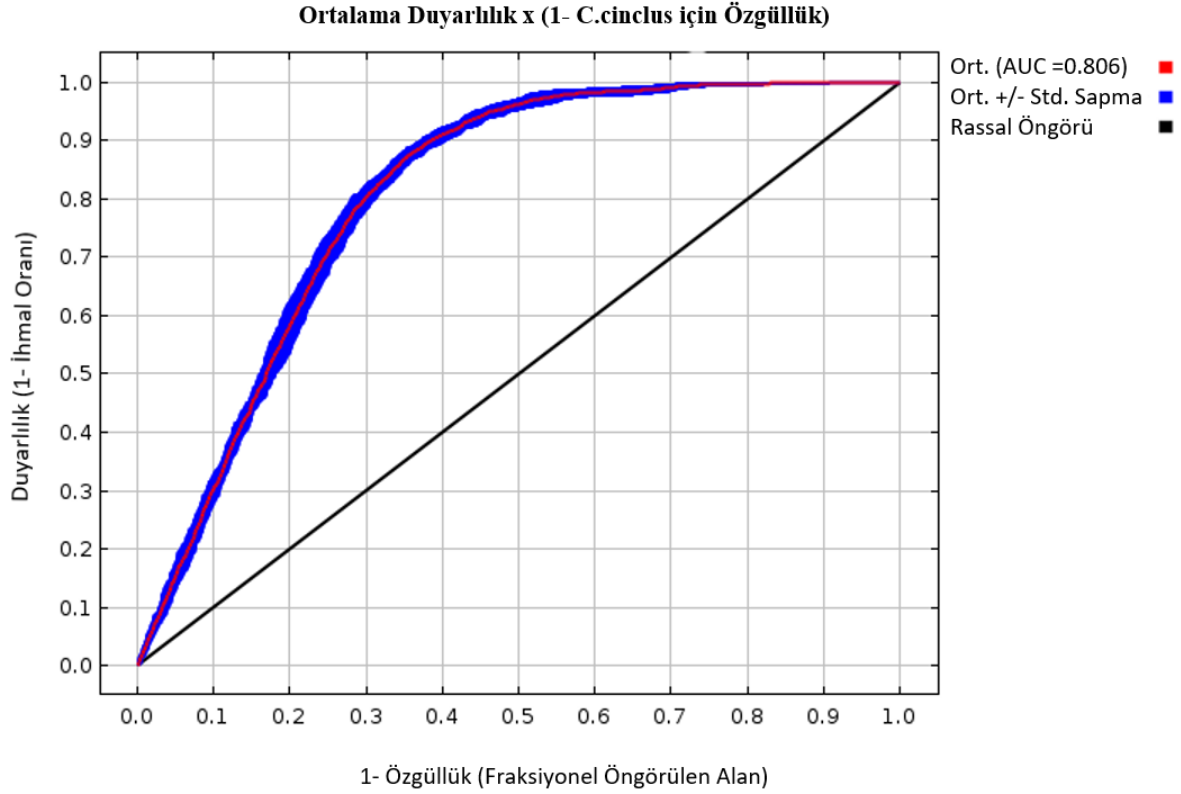
## 4. SONUÇLAR VE TARTIŞMA

### 4.1. Sonuçlar

#### 4.1.1. Ekolojik Niş Modeli

2.903 varlık verisi Maxent 3.4.4 sürümü kullanılarak Son Buzul Maksimumu, Son Buzullar Arası, Orta Holosen, Günümüz, 2050, 2070 için modellenmiştir. Modelleme için R üzerinde Kuenm sürüm 1.1.7 paketi kullanılmıştır. İlk olarak “kuenm\_cal” işlevi ile 12 düzenleme çarpanı (0.2, 0.5, 1, 1.5, 2, 2.5, 3, 3.5, 4, 4.5, 5, 8) ayarının tüm kombinasyonlarını yansıtan parametrelere sahip 1488 aday model oluşturulmuş daha sonra oluşan aday modeller “kuenm\_ceval” işleviyle, 31 özellik sınıfı kombinasyonu (l, q, p, t, h, lq, lp, lt, lh, qp, qt, qh, pt, ph, th, lqp, lqt, lqh, lpt, lph, lth, qpt, qph, qth, pth, lqpt, lqph, lqth, lpth, lqpth) ve 4 farklı çevresel değişken kümesi (060, 070, 080, 090) altında doğrulanmış Akaike bilgi kriteri (AICc) temel alınarak değerlendirilmiştir. Aday modellerin hepsi istatistiksel olarak anlamlı bulunmuştur fakat AICc kriterlerini karşılayan istatistiksel olarak anlamlı yalnızca bir model seçilmiştir. Bu model 0.5 düzenleme çarpanına sahip “pth” özellik sınıfı kombinasyonunda olan 0.90 çevresel değişken sınıfına ait modeldir.

10 tekrarlı MaxEnt algoritması sonucunda oluşan modellere ait “The area under the ROC curves” (AUC) değeri 0.806 ve standart sapma 0.008 olarak elde edilmiştir (Şekil 3). AUC değerinin 0.5’ten büyük olması rastgele bir tahminlemeden daha iyi olduğunu göstermektedir ve 1’e yaklaştıkça güvenilirliği artmaktadır [56].



Şekil 4. MaxEnt modeli ortalama AUC değeri ve ROC eğrisi sonucu.

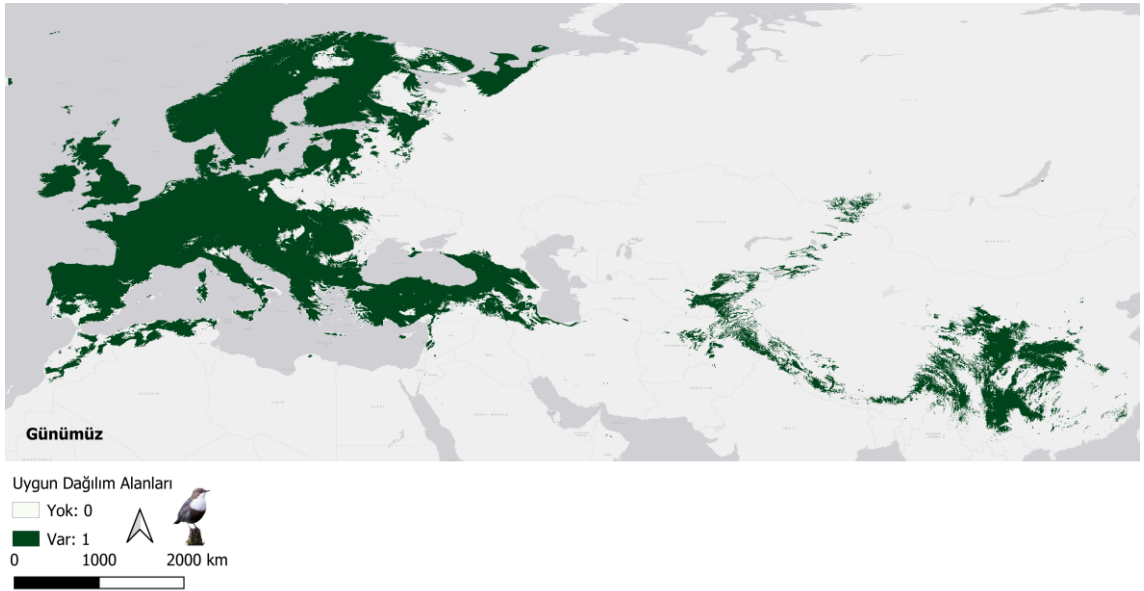
Biyoiklimsel değişkenlerden yüzde olarak modele en fazla katkısı olan değişken yüzde 31 ile “Sıcaklığın mevsimselliği” iklimsel değişkenidir. Sıcaklığın mevsimselliğini “En kurak ayın yağış miktarı”, “Yıllık ortalama yağış”, “Yıllık ortalama sıcaklık”, “En sıcak ayın maksimum sıcaklığı”, “Yükseklik”, “İzotermalite”, “Ortalama dırnual aralık”, “Yağış mevsimselliği” ve son olarak “En yağışlı ayın yağış miktarı” takip etmektedir. Yüzdeler etkileri Çizelge 2’de gösterilmektedir.

Çizelge 2. İklimsel değişkenlerin modele yüzdeler katkılarını

İklimsel Değişken	% Katkı
Bio 4	31
Bio 14	20.6
Bio 12	19.8

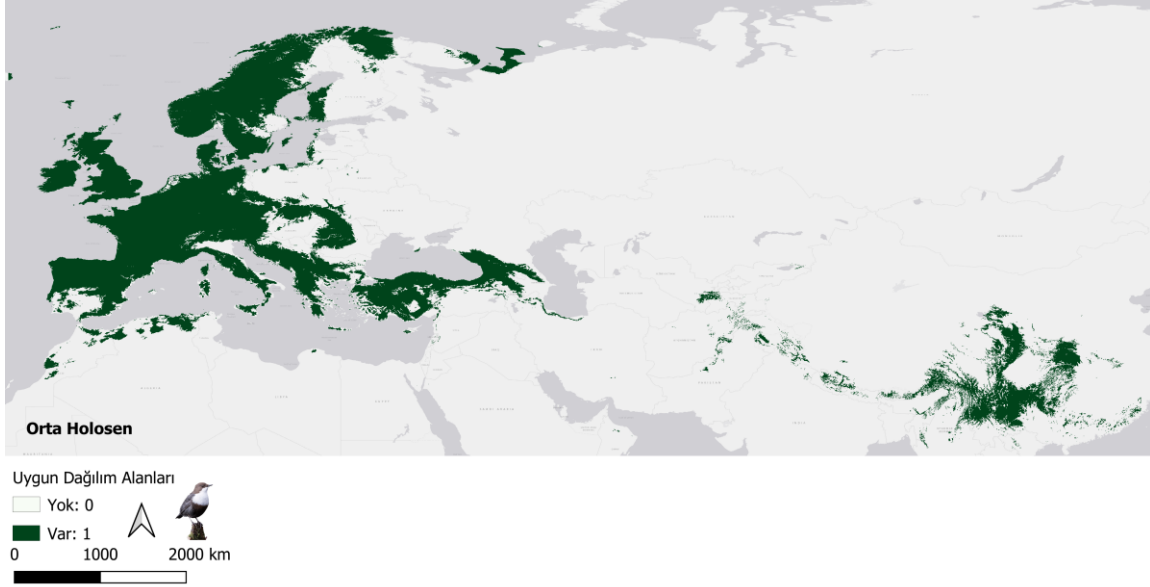
Bio 1	9.2
Bio 5	8.2
Yükseklik	3.7
Bio 3	3.7
Bio 2	1.6
Bio 15	1.6
Bio 13	0.5

Worldclim 1.4 veri tabanından alınan 1960-1990 arasını kapsayan biyoiklimsel değişkenler ve 1990-2021 senelerini kapsayan varlık verileri ile yapılan bu model türün literatürde var olan günümüz dağılımıyla uyumluluk göstermektedir (Şekil 4). Tür günümüzde oldukça geniş bir alana dağılmakta olup (7.671.043 km<sup>2</sup>) özellikle Batı Palearktik Bölge’de ve Anadolu’da, Kafkaslar Bölgesinde, Kuzey Afrika’da, Asya’da kısmen parçalanmış halde dağılım gösterdiği görülmektedir. Model türün mevcut dağılımıyla tutarlı bir şekilde popülasyonları tahminlemiştir.



Şekil 5. Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen günümüz için uygun dağılım alanı.

Yaklaşık 6 bin yıl önce, Orta Holosen dönemine bakıldığında tür günümüz dağılımına henüz ulaşamamış ve daha dar bir dağılım göstermektedir (5.258.628 km<sup>2</sup>) (Şekil 5).



Şekil 6. Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen Orta Holosen'deki uygun dağılım alanı.

Son Buzul Dönemi için yapılan model çalışması sonucu elde edilen harita (Şekil 6) ile günümüz olarak kabul edebileceğimiz harita (Şekil 4) karşılaştırıldığında, türün günümüze kıyasla dar bir dağılım alanına sahip olduğu (6.979.053 km<sup>2</sup>), güney bölgelerde önemli bir daralma gözlenmezken, türün buz tabakasının güneyine kaydığı gözlenmiştir.



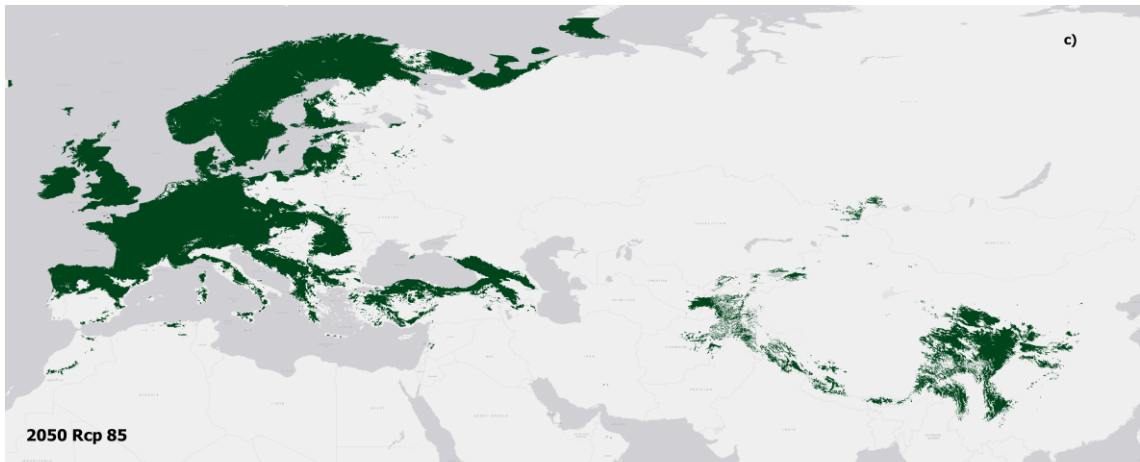
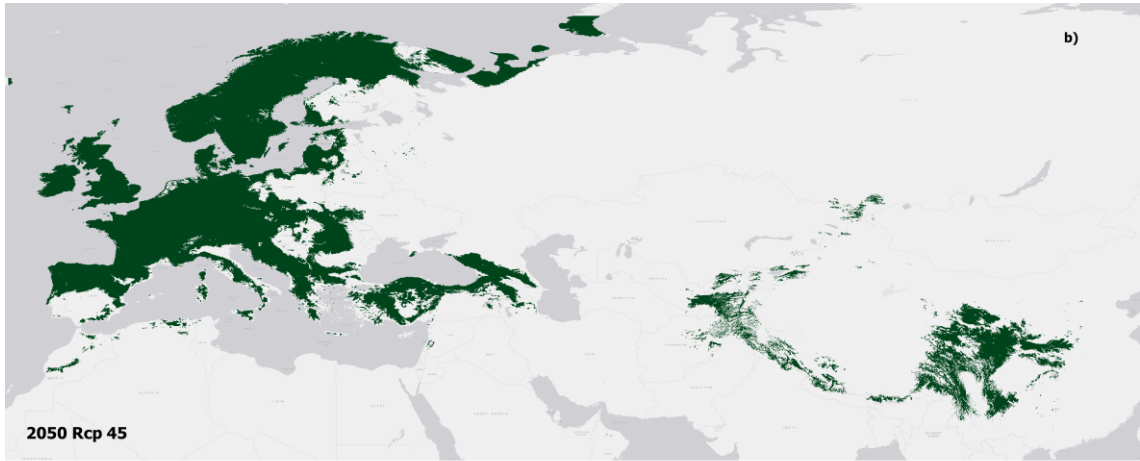
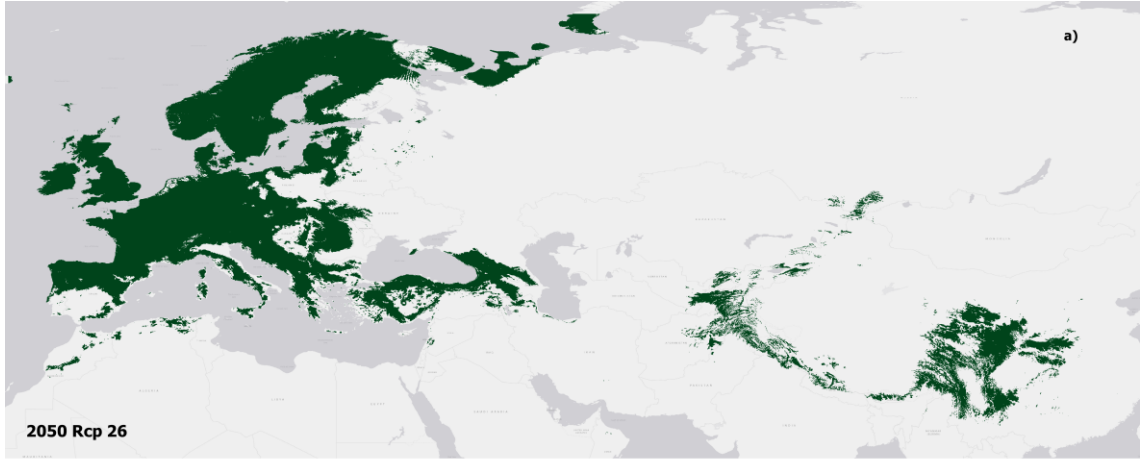
Şekil 7. Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen Son Buzul Dönem için uygun dağılım alanları.

Buzul dönemde güneye doğru dağılım gösteren tür Son Buzullar Arası dönemde kuzeye doğru ilerlemiş fakat türün dağılım alanının en az olduğu dönem bu dönemdir (2.026.965 km<sup>2</sup>) (Şekil 7). Tür bu dönemde İskandinavya'nın kıyı kesimlerinde, Britanya, İber'in kuzey kesimi, Avrupa'nın batı kesimlerinde yoğunlukla uygun alan bulurken, İtalya, Yunanistan, Kafkaslar, Anadolu'da kıyı kesimlerde, Kuzey Afrika'da ve Güneydoğu Asya'da oldukça küçük bir alanda uygun dağılım alanına sahiptir.



Şekil 8. Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen Son Buzullar Arası Dönemi için uygun dağılım alanları.

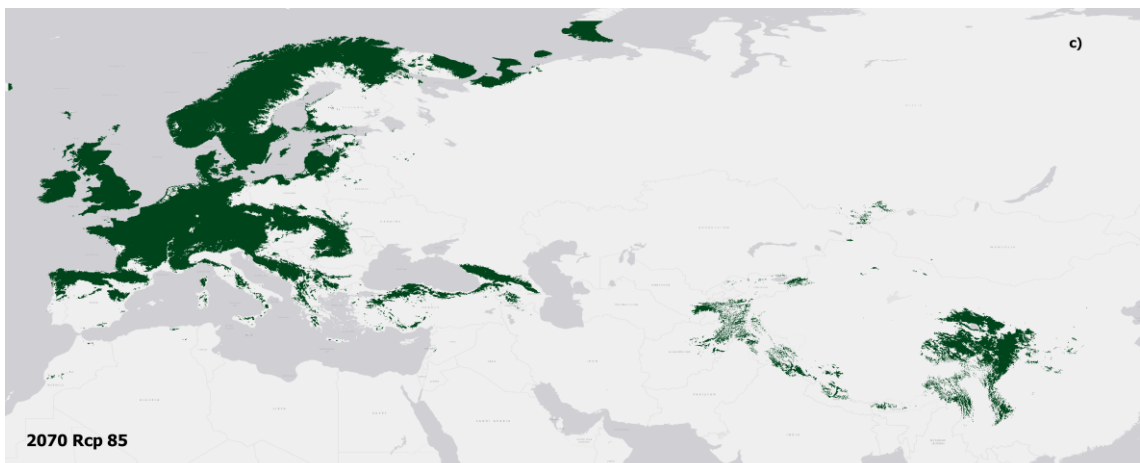
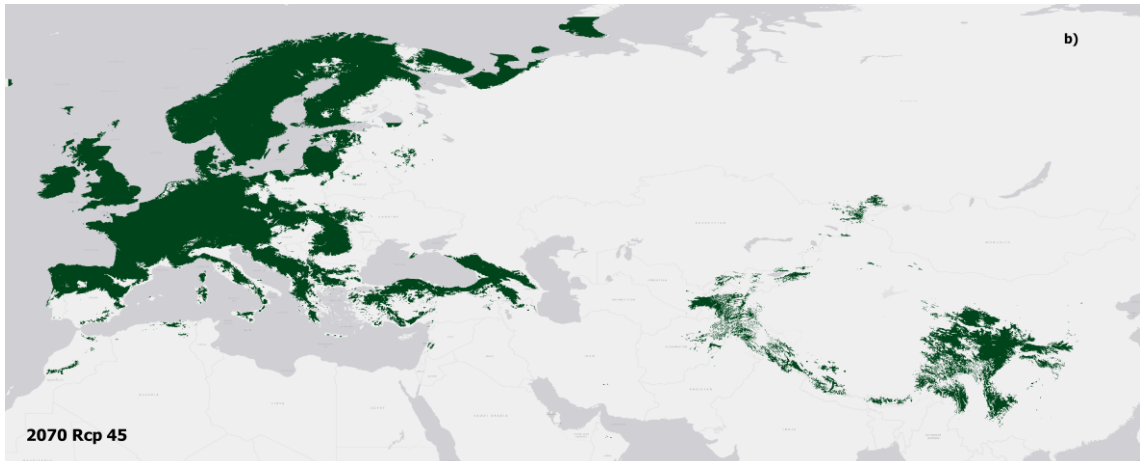
Gelecek dönemlere bakıldığında 2050 yılı senaryolarında türün dağılım alanının kademeli bir şekilde azaldığı görülmektedir (Şekil 8). Tür, en iyi senaryo olarak adlandırabileceğimiz rcp 26 sera gazı salınım senaryosunda da en kötü olarak adlandırabileceğimiz rcp 85 sera gazı salınım senaryosunda da alanında daralma göstermektedir (rcp 26; 6.191.282 km<sup>2</sup>, rcp 45; 5.797.730 km<sup>2</sup>, rcp 85; 5.238.965 km<sup>2</sup>).





Şekil 9. Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen 2050 yılı senaryolarına göre uygun dağılım alanı. (a); rcp\_26 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (b); rcp\_45 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (c); rcp\_85 sera gazı senaryosuna göre elde edilen gelecek modelidir.

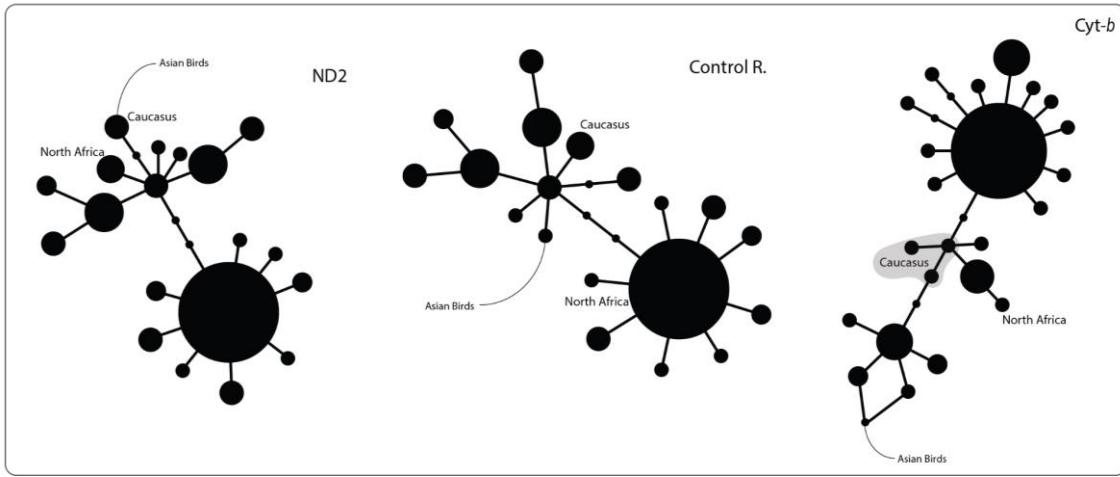
Yine 2070 yılı senaryolarına bakıldığında da benzer bir durum söz konusudur (Şekil 9) (rcp 26; 6.174.905 km<sup>2</sup>, rcp45; 5.488.498 km<sup>2</sup>, rcp 85; 4.157.418 km<sup>2</sup>).



Şekil 10. Derekuşunun modelleme sonucunda elde edilen 2070 yılı modellerine göre uygun dağılım alanları. (a); rcp\_26 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (b); rcp\_45 sera gazı senaryosuna göre elde edilen model, (c); rcp\_85 sera gazı senaryosuna göre elde edilen gelecek modelidir.

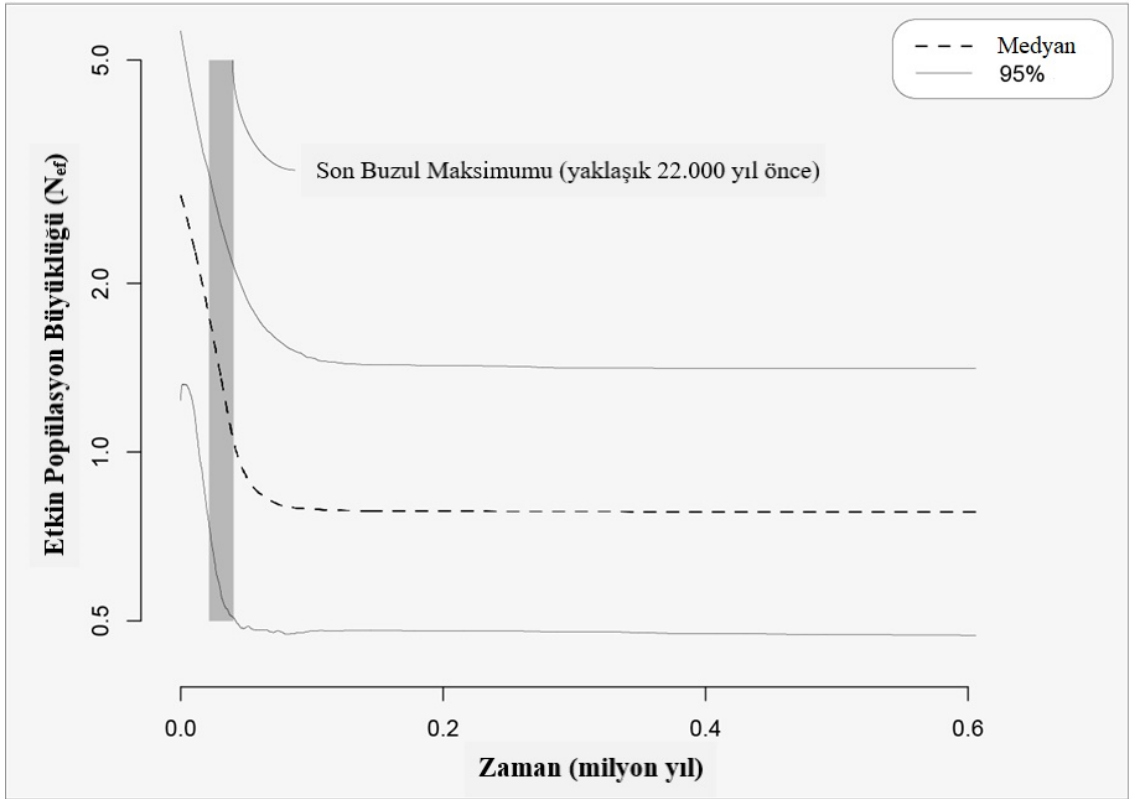
#### 4.1.2. Filocoğrafi Analiz

Her gen için oluşturulan haplotip ağları, yıldız şeklinde bir ağ yapısı göstermiştir (Şekil 10) ve Derekuşu bu şekle göre popülasyon genişlemesi göstermiştir.



Şekil 11. İstatistiksel parsimoni ağına dayalı üç gen bölgesinin haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiler.

Analiz sonucunda her bir gen için "Genişletilmiş (Extended) Bayesian Skyline Plot (EBSP)" oluşturulmuştur. Şekil 11'de görüldüğü gibi Son Buzul Maksimumundan hemen önce başlayan ve bu dönemden sonra devam eden etkin popülasyon artışı söz konusudur.



Şekil 12. *Cinclus cinclus* gen bölgeleri için elde edilen EBSP grafiği. Derekuşu'nun tür geçmişine göre ortalama etkin popülasyon büyüklüğü değişiklikleri gösterilmektedir. EBSP, sonuçları %2'ye göre gösterir. İnce çizgiler %95 güven aralığını gösterir.

#### 4.2. Tartışma

Filocoğrafi çalışmaların tür dağılım modellemeleri ile birleştirilmesi, iklim değişiminin farklı organizmalara ait türlerin tarihsel biyocoğrafya desenlerini nasıl etkilediğini göstermiştir (bkz. [57], [58], [54]). Bu çalışmaya konu olan, Palearktik Bölgede geniş dağılıma sahip bir kuş türü olan dere kuşunun daha önce ortaya konan filocoğrafi deseninin [29] tür dağılım modelleriyle [yani, ekolojik niş modellemesi yaklaşımıyla, bkz. Peterson [59]] birleştirilmesi, bu türün tarihsel ve “modern” iklim değişimine nasıl cevaplar vereceğini öngörmek açısından önemlidir.

Derekuşunun filocoğrafi sonuçları [29] Batı Avrupa popülasyonları arasında zayıf bir genetik farklılaşma olduğunu ortaya koymuştur. Ancak, genetik farklılaşmanın olduğu haplogruplar arasında tarihsel olarak gen akışı olduğu da aşikardır ve coğrafi olarak

yaygın haplotiplerin bu haplogruplar içindeki varlığı söz konusu durumu desteklemektedir [29, 60]. Bununla birlikte, geniş coğrafi ölçek ve mevcut mtDNA veri seti, Palearktik Bölge’de dere kuşlarının popülasyonları içinde coğrafi olarak belirgin soy hatlarının varlığını net bir şekilde göstermiştir: (i) Batı Avrupa soy hattı, (ii) Doğu Avrupa soy hattı, (iii) Kuzey-Doğu Avrupa soy hattı, (iv) Fas soy hattı ve (v) Kafkas soy hattı. Bu şekilde ortaya konan belirgin coğrafi farklılaşma örüntüsü Avise [23] tarafından tanımlanan filocoğrafi modellerden ilkinde uygun bir desen göstermektedir; ancak hala bazı haplogruplar için tamamlanmamış farklılaşma desenleri (incomplete lineage sorting) de söz konusudur.

Elde edilen bu filocoğrafi yapı Palearktik Bölge’de üreyen kuş türleri arasında sıra dışı bir duruma da işaret etmektedir. Bugüne kadar kuşlar üzerine yapılan filocoğrafi analizler hiçbir zaman bu denli fazla soy hattının varlığına işaret etmemiştir [61-63]. Geniş dağılıma sahip ispinoz (*Fringilla coelebs*) popülasyonları üzerine gerçekleştirilen filocoğrafi analizler genetik yapılanmanın türün Palearktik Bölge’deki dağılım alanında olmadığını göstermiştir [54, 64]. Benzer şekilde, florya (*Chloris chloris*) popülasyonları ile gerçekleştirilen bir başka filocoğrafi çalışma ispinoza benzer bir durumu ortaya koymuştur [65]. Bu iki örnekte de türlerin popülasyonları arasında belirgin bir farklılaşma görülmezken, düşük genetik çeşitlilik deseni türlerin dağılım alanının genelinde dikkat çekmiştir. Bu durum, birçok çalışmada olduğu gibi, iklim değişimine bağlı yakın zamanlı popülasyon genişlemesine işaret eden sinyallerden biri olarak kabul edilebilir. Benzer durum Derekuşu için de geçerli olmuştur. Önceki çalışmalarda ortaya çıkan popülasyonlar arasındaki yakın zamanlı genetik farklılaşma zamanları, bu çalışmanın kapsamı dahilinde gerçekleştirilen ekolojik niş modeli sonuçlarıyla uyumlu olmuştur. Avise ve Walker [66] Pleistosen iklim koşullarının filocoğrafi ayrımlar açısından önemine dikkat çekmiştir. Tam bu nedenle, Derekuşunun ekolojik niş modeli sonuçları Avise ve Walker’ın [66] yaklaşımını doğrular nitelikte sonuçlarla, Derekuşunun Son Buzul Maksimumu yaşanırken Palearktik Bölge’de birden fazla sığınağa çekildiğini göstermiştir. Hourlay ve arkadaşları tarafından ortaya konan haplotip ilişkileri [bkz. [29], Şekil 2] incelendiğinde coğrafi olarak birbirinden ayrılan soy hatları arasında mutasyon birikimlerinin Asya’daki soy hatları dışında çok yüksek olmadığı ve atasal olarak kabul edilebilecek haplotiplerden en olası olanının da dağılım alanı içinde İrlanda’da bulunduğu ortaya konmuştur. Bu durum Avrupa’nın güneyinde kesikli bir dağılım göstermeyen,

hatta İngiltere ve İrlanda'nın güney kıyılarına kadar uzanan, buzullardan etkilenmeyen büyük bir sığınağın varlığına işaret etmektedir.

Tür için ekolojik niş modelleri, benzer çalışmalarda belirtildiği gibi (bkz. [9, 67]) türün tüm popülasyonları için ortaya konmuş, soy hatları ölçeğinde değerlendirilmemiştir. Bu durum filocoğrafi sonuçlarla ekolojik niş modeli sonuçlarını karşılaştırabilir düzeye getirmiştir. Elde edilen niş modeli sonuçları ılıman kuşak türleri için “daralma-genişleme” olarak bilinen biyocoğrafi modeli [6] destekler niteliktedir. Elde edilen öngörü haritaları, iklimsel açıdan uygun alanların son buzul maksimumu sırasında Avrupa'nın güneyinde kesikli olmayan, sürekli dağılım gösteren bir alanın varlığına işaret eder niteliktedir. Ayrıca, Asya popülasyonları ise allopatrik bir duruma işaret etmektedir. Genel olarak ekolojik niş modeli öngörülerini türün mevcut filocoğrafi modelini desteklemektedir. Bu modele benzer bir durum Avrupa'nın yerli ağaçkakanlarından yeşil ağaçkakan için de geçerlidir [18, 63]).

MtDNA genlerine ait Bayes tabanlı demografi analizleri ise son buzul maksimumu sonrası etkin popülasyon büyüklüğünde belirgin bir artışa dikkat çekerek, “daralma-genişleme” modelini desteklemiştir. Buradaki tarihlendirme için moleküler saat yaklaşımı mtDNA için bilinen mutasyon oranları ile gerçekleştirilmiştir (örnek için bkz. [51]). Bayes tabanlı analizlerle elde edilen sonuçlar daha önceki çalışmalarla ortaya konan değerlendirmeleri desteklemesi yanı sıra, dere kuşu için ilk defa kullanılması nedeniyle bu çalışmaya da özgünlük kazandırmıştır.

Derekuşu dağılım alanı içinde büyük ölçüde yerli özellik gösteren, çok fazla göçmen özellik göstermeyen, akarsulara bağımlı ötücü bir kuş türüdür [31]. Bu özelliği dikkate alındığında, dere kuşunun, ılıman kuşakta yerli ancak çok fazla hareket etmeyen kuş gruplarına benzer tarihsel demografi desenleri göstermesi beklenebilir. Avrupa'da yaygın dağılım gösteren baykuş türleriyle yapılan filocoğrafi çalışmalar ise dere kuşuna benzer tarihsel demografi desenlerini destekler niteliktedir [51, 68]. Brito [51] ile Pellegrino ve arkadaşları [68], alaca baykuş (*Tyto alba*) ve kukumav (*Athene noctua*) için Avrupa içinde farklı haplogruplar tanımlamışlar ve Avrupa'nın güney enlemlerinde yüksek genetik çeşitlilik desenleri olduğunu ortaya koymuşlardır. Demografi analizleri ile bu

genetik çeşitlilik desenlerini analiz ettiklerinde ise Son Buzul Maksimumu sonrası her iki türün etkin popülasyon büyüklüğünde belirgin bir artışa dikkat çekmişlerdir. Artışın en önemli nedeni ise buzul çağının bitimiyle birlikte türlerin dağılım alanındaki habitat uygunluğunda görülen değişimler olarak belirtilmiştir.

Buzul sonrası genişleme modelini anlamak için buzul çağı öncesi, buzul çağı ve Son Buzul Maksimumu sonrasında uygun habitatların mevcudiyeti dikkate alınmalıdır [69]. Derekuşunun Son Buzullar Arası dönemde günümüze göre dar dağılım göstermesinin nedeni, 130 bin yıl önceki ortalama sıcaklıkların günümüzden yaklaşık 4.3 santigrat derece yüksek olmasına bağlanabilir [70]. Derekuşu dağılımını akar suların Buzul Maksimumu sonrasında gerçekleşen evrimi kesinlikle etkilemiştir; 130 bin yıl önce ortaya çıkan dar dağılım öngörüsü bu durumu desteklemektedir. Dolayısıyla artan sıcaklıklarla Dünya genelinde yaygın bir şekilde görülmesi beklenen kuraklık problemi ise bu türün dağılımını etkileyecektir. Bu durum bir nevi son buzul maksimumu yaşanırken görülen daralmaya benzer bir dağılım küçülmesinin yaşanacağına da işaret edebilir. Elde edilen dağılım modelleri türün gelecek (2050 ve 2070) dağılım desenlerinin özellikle Avrupa'nın güney enlemlerinde bu öngörüü desteklediğini göstermektedir.

Sonuç olarak, Derekuşunun geçmişine dair filocoğrafi bulgular ve ekolojik öngörüler, günümüzde yaşadığımız iklim krizinin özellikle akarsulara bağımlı biyoçeşitlilik bileşenlerini nasıl etkileyeceğine dair önemli ipuçları vermektir. Dolayısıyla, bu çalışmada kullanılan metodolojik bakış açılarının dünya genelinde genetik çeşitlilik desenleri bilinen dar ve geniş dağılıma sahip birçok tür için uygulanması Antroposen dönemde biyoçeşitliliğin içinde olduğu krizi anlamak ve bu çeşitliliğin geleceğini öngörmek açısından oldukça önemlidir.

## 5. YORUM

*Cinclus cinclus* oldukça geniş bir dağılıma sahip olan ve nehirlere bağımlı olan ılıman bir türdür. Türün Son Buzul Maksimumu boyunca güney sığınakları olarak kabul görmüş alanda dağılım göstermesi bu alanların biyoçeşitlilik açısından önemini bir kez daha vurgulamaktadır. Böylesi geniş bir dağılıma sahip olan bir türün bile gelecek iklim senaryolarının en iyi senaryo olarak kabul edilebilecek senaryoda dahi daralması birçok türün gelecek için tehlike altında olduğunu ve dar dağılımlı türlerin yok olma tehlikesiyle yüz yüze geleceği şeklinde yorumlanabilir.

İklimsel değişkenler dışında Derekuşu nehirlere bağımlı yaşar. Besinlerini akış hızı yüksek nehir üzerinden sağlar, günümüzde antropojenik etkiler nehir akışını azaltarak türün dağılımının kısıtlanmasında etkili olabilir. Bu etki ile artan endüstriyel faaliyetler sonucu iklimle birlikte su kalitesini ve akış hızını değiştirmektedir. Biyoindikatör tür olduklarından sularda meydana gelen kirlenme, pestisitlere bağlı kirlenmeler, asitlenme yine türün o bölgede yaşamasını engelleyecek faktörler arasındadır. CO<sub>2</sub> miktarındaki yükselme ve kirlilik büyük su kütlelerince emilerek pH seviyelerinde hızla değişime sebep olabilmektedir [71]. pH seviyesi düşen akarsularda türün popülasyonları azaldığı tespit edilmiştir [72]. İklimsel değişkenler dışında meydana gelen bu parametreler türün ekolojik niş modellemesinde tahminlenen dağılım alanından özellikle gelecek tahminleri için daha dar bir dağılıma sahip olmasına neden olabilir.

Türün sadece nehirlerin bulunduğu alanlarda dağılım gösterdiği bilinmekte olup bu durum göz önünde bulundurularak nehirler hakkında da çeşitli çıkarımlar yapılabilir. Son Buzul Maksimumunda aşağı enlemlere kadar inen buzul tabakası orada bulunan nehirlerin donmasına dolayısıyla besin kaynağını nehirlerden sağlayan Derekuşunun kuzey bölgelerden güney enlemlere inmesinin nedenlerinden biri olarak gösterilebilir. Son Buzul Maksimumu döneminde buzulların oluşması güneydeki nehirleri daha çok besleyerek o bölgede türün dağılım alanını etkilemiş olabilir. Buzul dönemin sona ermesi ardından eriyen buzullar nehirleri beslemiş ve türün dağılım alanını ve popülasyon büyüklüğünü arttırmasına neden olmuş olabilir. Orta-Holosen dönemine bakıldığında bu durumu destekler niteliktedir. Son Buzullar Arası dönemde ise dağılım alanı güneye doğru artmasına rağmen türün popülasyon büyüklüğü oldukça az olduğu görülmüştür. Gelecek



iklim senaryolarına bakıldığında iklim deęişiklięi sonucunda, türün daęılım alanında gözükten daralmanın nehirlerin daęılımını da etkileyebileceęi o bölgedeki nehirlerin kurumasiyla sonuçlanabileceęi çıkarımı yapılabilir.

Burada dahil edilen filogenetik analizler, Derekuşunun daęılımı boyunca birçok filogenetik dal ve soyun varlığını ve Kafkas bölgesinin ve muhtemelen eski bir sığınak olarak Anadolu'nun önemli rolünü ortaya koymuştur. Derekuşunun nispeten düşük tür içi çeşitlilięi, bu türün geç Pleistosen olaylarındaki deęişikliklerden önemli ölçüde etkilendiğini düşündürmektedir. Son Buzul Maksimumu şüphesiz Avrupa'da önemli bir rol oynadı. Öte yandan, Son Buzullar Arası muhtemelen Kafkasya ve Kuzey Afrika'daki popülasyonların izolasyonunda rol oynamıştır. Ancak Anadolu, Derekuşu için hala bilinmeyen bir coğrafya olarak kalmaktadır. Türün evrimsel tarihini tam olarak aydınlatmak için daha fazla genetik/genomik veriye ihtiyaç vardır.

## 6. KAYNAKLAR

- [1] S.G. Philander, Encyclopedia of global warming and climate change: AE, Sage **2008**.
- [2] C.B. Cox, P.D. Moore, R.J. Ladle, Biogeography: an ecological and evolutionary approach, John Wiley & Sons **2016**.
- [3] E. Jansen, J. Overpeck, K.R. Briffa, J.-C. Duplessy, F. Joos, V. Masson-Delmotte, D. Olago, B. Otto-Bliesner, W.R. Peltier, S. Rahmstorf, Palaeoclimate, **2007**.
- [4] G. Hewitt, The genetic legacy of the Quaternary ice ages, Nature, 405 (**2000**) 907-913.
- [5] G.M. Hewitt, Speciation, hybrid zones and phylogeography—or seeing genes in space and time, Molecular ecology, 10 (**2001**) 537-549.
- [6] G.M. Hewitt, Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary, Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 359 (**2004**) 183-195.
- [7] K.D. Bennett, J. Provan, What do we mean by ‘refugia’?, Quaternary Science Reviews, 27 (**2008**) 2449-2455.
- [8] IPCC, : Summary for Policymakers. In: Climate Change 2021: The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change, in: V. [Masson-Delmotte, P. Zhai, A. Pirani, S. L. Connors, C. Péan, S. Berger, N. Caud, Y. Chen, L. Goldfarb, M. I. Gomis, M. Huang, K. Leitzell, E. Lonnoy, J.B.R. Matthews, T. K. Maycock, T. Waterfield, O. Yelekçi, R. Yu and B. Zhou (eds.)] (Ed.) Cambridge University Press. In Press., **2021**.
- [9] U. Perktaş, T.N. De Silva, E. Quintero, Ç. Tavşanoğlu, Adding ecology into phylogeography: ecological niche models and phylogeography in tandem reveals the demographic history of the subalpine warbler complex, Bird Study, 66 (**2019**) 234-242.
- [10] J. Grinnell, The niche-relationships of the California Thrasher, The Auk, 34 (**1917**) 427-433.
- [11] J. Grinnell, Field tests of theories concerning distributional control, The American Naturalist, 51 (**1917**) 115-128.

- [12] P.B. Pearman, A. Guisan, O. Broennimann, C.F. Randin, Niche dynamics in space and time, *Trends in ecology & evolution*, 23 (2008) 149-158.
- [13] A.T. Peterson, J. Soberón, R.G. Pearson, R.P. Anderson, E. Martínez-Meyer, M. Nakamura, M.B. Araújo, *Ecological niches and geographic distributions*, Princeton University Press 2011.
- [14] J. Soberon, A.T. Peterson, Interpretation of Models of Fundamental Ecological Niches and Species' Distributional Areas, *Biodiversity Informatics*, 2 (2005).
- [15] H.R. Pulliam, On the relationship between niche and distribution, *Ecology Letters*, 3 (2000) 349-361.
- [16] U. Perktaş, H. Gür, İ.K. Sağlam, E. Quintero, Climate-driven range shifts and demographic events over the history of Kruper's nuthatch *Sitta krueperi*, *Bird Study*, 62 (2015) 14-28.
- [17] U. Perktaş, C. Elverici, Climate-driven range shifts of the Sharp-tailed Grouse *Tympanuchus phasianellus*, *Acta Ornithologica*, 54 (2020) 213-222.
- [18] U. Perktaş, H. Gür, E. Ada, Historical demography of the Eurasian green woodpecker: integrating phylogeography and ecological niche modelling to test glacial refugia hypothesis, *Folia Zoologica*, 64 (2015) 284-295.
- [19] S. Menon, Z.-U. Islam, J. Soberon, A.T. Peterson, Preliminary analysis of the ecology and geography of the Asian nuthatches (Aves: Sittidae), *The Wilson Journal of Ornithology*, 120 (2008) 692-699.
- [20] J. Elith, S.J. Phillips, T. Hastie, M. Dudík, Y.E. Chee, C.J. Yates, A statistical explanation of MaxEnt for ecologists, *Diversity and Distributions*, 17 (2011) 43-57.
- [21] S.J. Phillips, R.P. Anderson, R.E. Schapire, Maximum entropy modeling of species geographic distributions, *Ecological modelling*, 190 (2006) 231-259.
- [22] J.C. Avise, *Phylogeography: retrospect and prospect*, *Journal of Biogeography*, 36 (2009) 3-15.
- [23] J.C. Avise, *Phylogeography: the history and formation of species*, Harvard university press 2000.
- [24] G.F. Shields, K.M. Helm-Bychowski, *Mitochondrial DNA of birds*, *Current ornithology*, Springer 1988, pp. 273-295.
- [25] D.L. Nelson, A.L. Lehninger, M.M. Cox, *Lehninger principles of biochemistry*, Macmillan 2008.

- [26] S. Ormerod, S. Tyler, Family Cinclidae (Dippers), in: A.E. Josep del Hoyo, David A Christie (Ed.) Handbook of the Birds of the World, Lynx Edicions, Barcelona, **2005**, pp. 332-355.
- [27] F. d'Amico, G. Hémery, Time–activity budgets and energetics of Dipper *Cinclus cinclus* are dictated by temporal variability of river flow, Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Molecular & Integrative Physiology, 148 (**2007**) 811-820.
- [28] G. Voelker, Molecular phylogenetics and the historical biogeography of dippers (*Cinclus*), Ibis, 144 (**2002**) 577-584.
- [29] F. Hourlay, R. Libois, F. D'Amico, M. Sarà, J. O'Halloran, J.R. Michaux, Evidence of a highly complex phylogeographic structure on a specialist river bird species, the dipper (*Cinclus cinclus*), Molecular Phylogenetics and Evolution, 49 (**2008**) 435-444.
- [30] F. Campos, M.Á. Hernández, J. Arizaga, T. Santamaría, L. Corrales, The White-throated Dipper *Cinclus cinclus* subspecies in Spain, Ringing & Migration, 25 (**2010**) 3-6.
- [31] S. Ormerod, S. Tyler, and D. A. Christie, White-throated Dipper (*Cinclus cinclus*), version 1.0. , in: A.E. J. del Hoyo, J. Sargatal, D. A. Christie, and E. de Juana (Ed.) In Birds of the World Cornell Lab of Ornithology, Ithaca, NY, USA. <https://doi.org/10.2173/bow.whtdip1.01>, **2020**.
- [32] G. Moreno-Rueda, A. Salvador Milla, Mirlo acuático–*Cinclus cinclus* (Linnaeus, 1758), (**2016**).
- [33] A. Sorace, P. Formichetti, A. Boano, P. Andreani, C. Gramegna, L. Mancini, The presence of a river bird, the dipper, in relation to water quality and biotic indices in central Italy, Environmental Pollution, 118 (**2002**) 89-96.
- [34] S. Tyler, S. Ormerod, The Dippers, T & AD Poyser, **1994**.
- [35] B. International., *Cinclus cinclus*., The IUCN Red List of Threatened Species 2018: e.T22708156A131946814., **2018**.
- [36] GBIF 2021, [www.GBIF.org](http://www.GBIF.org) GBIF Occurrence Download <https://doi.org/10.15468/dl.kaqkrd>. Erişim Tarihi: **11 Kasım 2021**.
- [37] J. Brown, SDMtoolbox: a python-based GIS toolkit for landscape genetic, biogeographic and species distribution model analyses. Methods Ecol. Evol. 5, 694–700, (**2014**).

- [38] S. Tyler, S. Ormerod, J. Lewis, The post-natal and breeding dispersal of Welsh Dippers *Cinclus cinclus*, *Bird Study*, 37 (1990) 18-22.
- [39] R.J. Hijmans, S.E. Cameron, J.L. Parra, P.G. Jones, A. Jarvis, Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas, *International Journal of Climatology*, 25 (2005) 1965-1978.
- [40] <https://worldclim.org/data/bioclim.html>. Erişim Tarihi: **21 Mart 2022**
- [41] L.E. Escobar, A. Lira-Noriega, G. Medina-Vogel, A.T. Peterson, Potential for spread of the white-nose fungus (*Pseudogymnoascus destructans*) in the Americas: use of Maxent and NicheA to assure strict model transference, *Geospatial health*, 9 (2014) 221-229.
- [42] L.P. Campbell, C. Luther, D. Moo-Llanes, J.M. Ramsey, R. Danis-Lozano, A.T. Peterson, Climate change influences on global distributions of dengue and chikungunya virus vectors, *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 370 (2015) 20140135.
- [43] M.-Á. Hernández, M.-Á. Rojo, T. Santamaría, S. Dias, F. Campos, Bird ringing and molecular genetics: two complementary ways for describing the movements of White-throated Dippers *Cinclus cinclus*, *Ardea*, 106 (2018) 193-202.
- [44] R Core Team, R: A language and environment for statistical computing, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2021.
- [45] M.E. Cobos, A.T. Peterson, N. Barve, L. Osorio-Olvera, kuenm: an R package for detailed development of ecological niche models using Maxent, *PeerJ*, 7 (2019) e6281.
- [46] <https://github.com/marloncobos/kuenm>. Erişim Tarihi: **3 Kasım 2021**
- [47] M.D. Steven J. Phillips, Robert E. Schapire., [Internet] Maxent software for modeling species niches and distributions (Version 3.4.1). Url: [http://biodiversityinformatics.amnh.org/open\\_source/maxent/](http://biodiversityinformatics.amnh.org/open_source/maxent/). Erişim tarihi: **15 Mart 2022**.
- [48] J.W. Leigh, D. Bryant, POPART: full-feature software for haplotype network construction, *Methods in Ecology and Evolution*, 6 (2015) 1110-1116.
- [49] M. Clement, D. Posada, K.A. Crandall, TCS: a computer program to estimate gene genealogies, *Molecular ecology*, 9 (2000) 1657-1659.
- [50] K. Tamura, G. Stecher, S. Kumar, MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11, *Molecular Biology and Evolution*, 38 (2021) 3022-3027.

- [51] P.H. Brito, The influence of Pleistocene glacial refugia on tawny owl genetic diversity and phylogeography in western Europe, *Molecular Ecology*, 14 (2005) 3077-3094.
- [52] S.L. Pereira, A.J. Baker, A mitogenomic timescale for birds detects variable phylogenetic rates of molecular evolution and refutes the standard molecular clock, *Molecular biology and evolution*, 23 (2006) 1731-1740.
- [53] R. Bouckaert, J. Heled, D. Kühnert, T. Vaughan, C.-H. Wu, D. Xie, M.A. Suchard, A. Rambaut, A.J. Drummond, BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis, *PLoS computational biology*, 10 (2014) e1003537.
- [54] U. Perktaş, A.T. Peterson, D. Dyer, Integrating morphology, phylogeography, and ecological niche modeling to explore population differentiation in North African Common Chaffinches, *Journal of Ornithology*, 158 (2017) 1-13.
- [55] A. Rambaut, A.J. Drummond, D. Xie, G. Baele, M.A. Suchard, Posterior Summarization in Bayesian Phylogenetics Using Tracer 1.7, *Systematic Biology*, 67 (2018) 901-904.
- [56] J. Franklin, Mapping species distributions: spatial inference and prediction, Cambridge University Press 2010.
- [57] L.J. Rissler, J.J. Apodaca, Adding More Ecology into Species Delimitation: Ecological Niche Models and Phylogeography Help Define Cryptic Species in the Black Salamander (*Aneides flavipunctatus*), *Systematic Biology*, 56 (2007) 924-942.
- [58] E. Waltari, R.J. Hijmans, A.T. Peterson, Á.S. Nyári, S.L. Perkins, R.P. Guralnick, Locating Pleistocene Refugia: Comparing Phylogeographic and Ecological Niche Model Predictions, *PLOS ONE*, 2 (2007) e563.
- [59] A.T. Peterson, Predicting Species' Geographic Distributions Based on Ecological Niche Modeling, *The Condor*, 103 (2001) 599-605.
- [60] B. Lauga, C. Cagnon, F. D'Amico, S. Karama, C. Mouchès, Phylogeography of the white-throated dipper *Cinclus cinclus* in Europe, *Journal of Ornithology*, 146 (2005) 257-262.
- [61] R.M. Zink, S.V. Drovetski, S. Questiau, I.V. Fadeev, E.V. Nesterov, M.C. Westberg, S. Rohwer, Recent evolutionary history of the bluethroat (*Luscinia svecica*) across Eurasia, *Molecular Ecology*, 12 (2003) 3069-3075.

- [62] L. Kvist, K. Viiri, P.C. Dias, S. Rytönen, M. Orell, Glacial history and colonization of Europe by the blue tit *Parus caeruleus*, *Journal of Avian Biology*, 35 (2004) 352-359.
- [63] U. Perktas, G.F. Barrowclough, J.G. Groth, Phylogeography and species limits in the green woodpecker complex (Aves: Picidae): multiple Pleistocene refugia and range expansion across Europe and the Near East, *Biological Journal of the Linnean Society*, 104 (2011) 710-723.
- [64] C.K. Griswold, A.J. Baker, Time to the most recent common ancestor and divergence times of populations of common chaffinches (*Fringilla coelebs*) in Europe and North Africa: insights into Pleistocene refugia and current levels of migration, *Evolution*, 56 (2002) 143-153.
- [65] J. Merilä, M. Björklund, A.J. Baker, Historical demography and present day population structure of the greenfinch, *carduus chloris* —an analysis of mtDNA control-region sequences, *Evolution*, 51 (1997) 946-956.
- [66] J.C. Avise, D.E. Walker, Pleistocene phylogeographic effects on avian populations and the speciation process, *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 265 (1998) 457-463.
- [67] H. Gür, The effects of the Late Quaternary glacial–interglacial cycles on Anatolian ground squirrels: range expansion during the glacial periods?, *Biological Journal of the Linnean Society*, 109 (2013) 19-32.
- [68] I. Pellegrino, A. Negri, M. Cucco, N. Mucci, M. Pavia, M. Šálek, G. Boano, E. Randi, Phylogeography and Pleistocene refugia of the Little Owl *Athene noctua* inferred from mt DNA sequence data, *Ibis*, 156 (2014) 639-657.
- [69] K. Klein Goldewijk, A. Beusen, G. Van Dreht, M. De Vos, The HYDE 3.1 spatially explicit database of human-induced global land-use change over the past 12,000 years, *Global Ecology and Biogeography*, 20 (2011) 73-86.
- [70] P.S. Wilcox, C. Honiat, M. Trüssel, R.L. Edwards, C. Spötl, Exceptional warmth and climate instability occurred in the European Alps during the Last Interglacial period, *Communications Earth & Environment*, 1 (2020) 1-6.
- [71] A. Srivastava, A. Cano, Analysis and forecasting of rivers pH level using deep learning, *Progress in Artificial Intelligence*, (2021) 1-11.
- [72] S.J. Tyler, S.J. Ormerod, A review of the likely causal pathways relating the reduced density of breeding dippers *Cinclus cinclus* to the acidification of upland streams, *Environmental Pollution*, 78 (1992) 49-55.

## EKLER

### EK 1 – NCBI Erişim Numaraları ve Lokasyonlar Tablosu

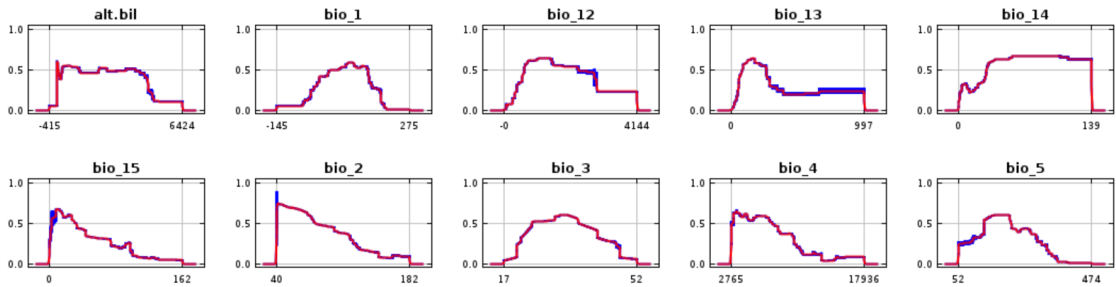
Gen bölgesi	Erişim numarası	Lokasyonlar
<b>Cytb</b>	AM502078.1 AM502182.1	– Güney Doğu İrlanda, İspanya, Fransa, Belçika, Lüksemburg, Almanya,
<b>ND2</b>	AM695642.1 AM695747.1	– İsviçre, Çek Cumhuriyeti, İtalya, Fas, Macaristan, Romanya, Bulgaristan, Norveç, Letonya, Rusya (Urallar),
<b>D-loop (Kontrol Bölgesi)</b>	AM690099.1 AM690204.1	– Rusya (Kafkaslar), Rusya (Tuva Cumhuriyeti), Kazakistan

\*Daha detaylı lokasyon ve örneklem bilgisi için Hourlay ve arkadaşları [29] Ek 1'e bakınız.

### EK 2 – Seçilen En İyi Modelin Özellikleri

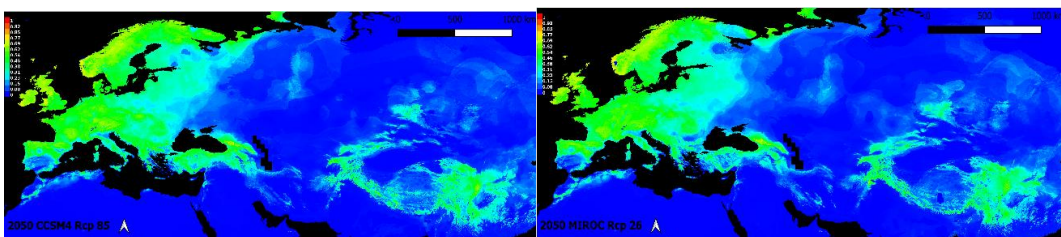
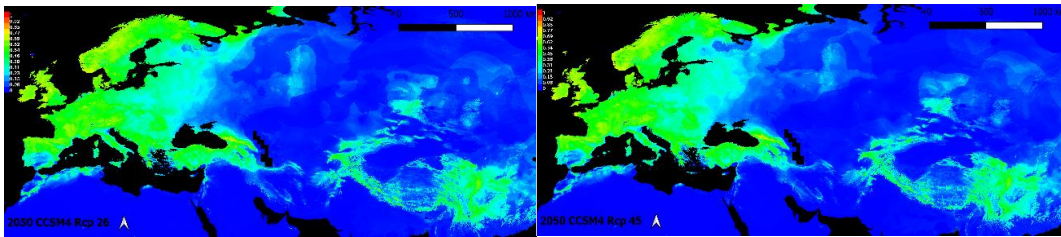
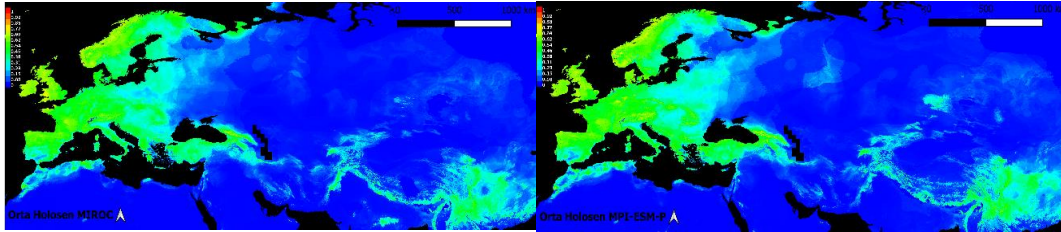
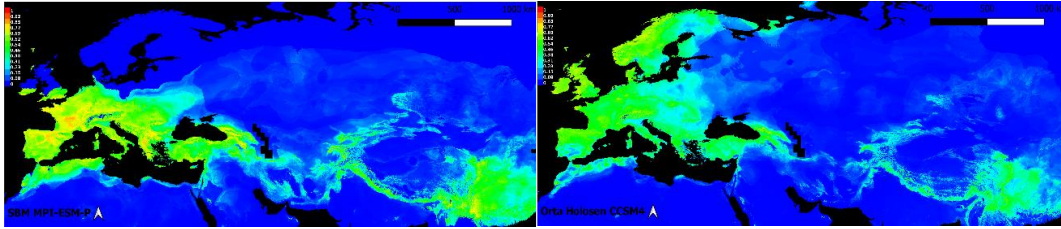
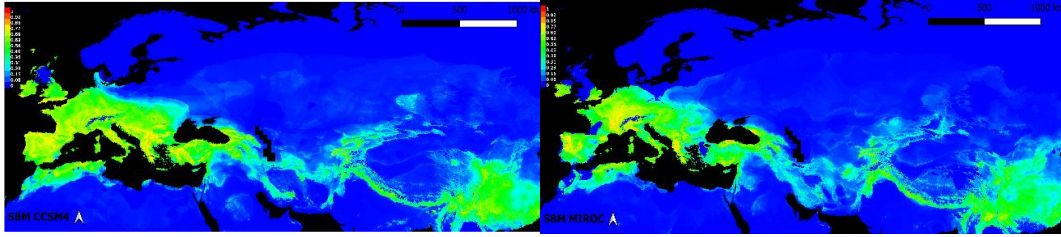
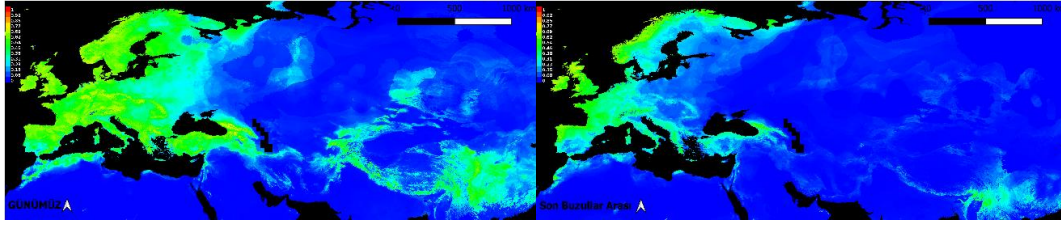
Model	Ort. AUC Oranı	Kısmi ROC	%5 İhmal Oranı	AICc	Delta AICc	W_AICc
M_0.5_F_pth_090	1.573	0	0.025	78735.49	0	0.865

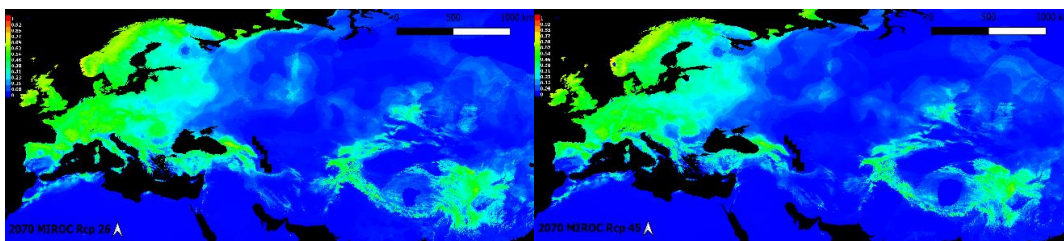
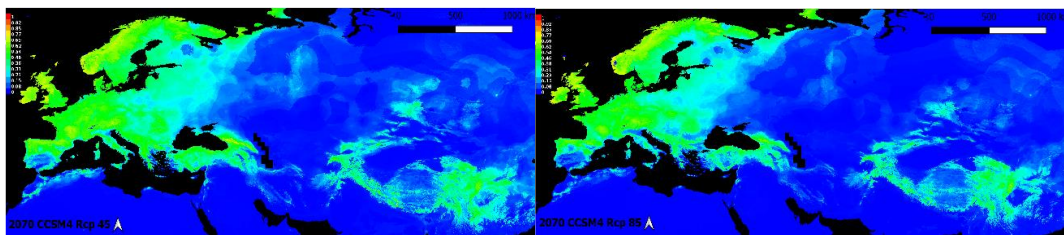
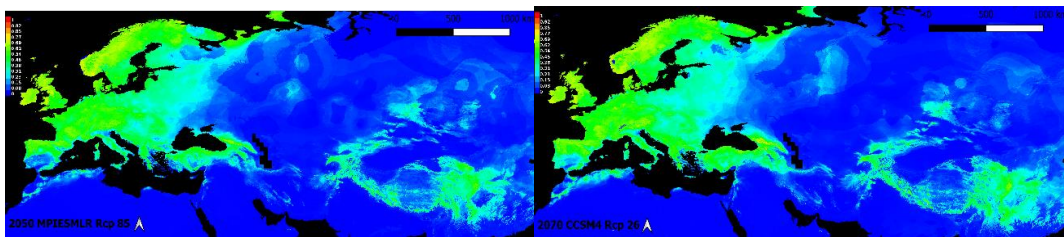
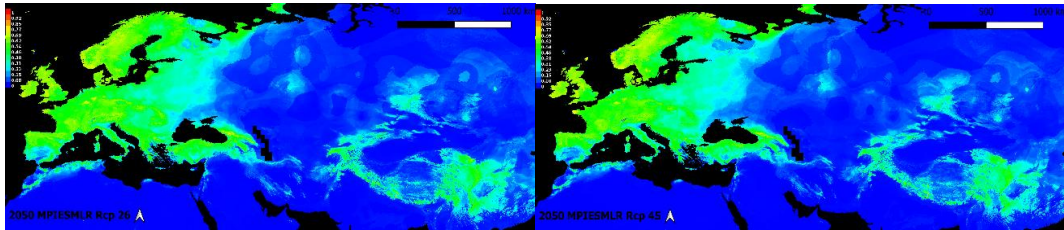
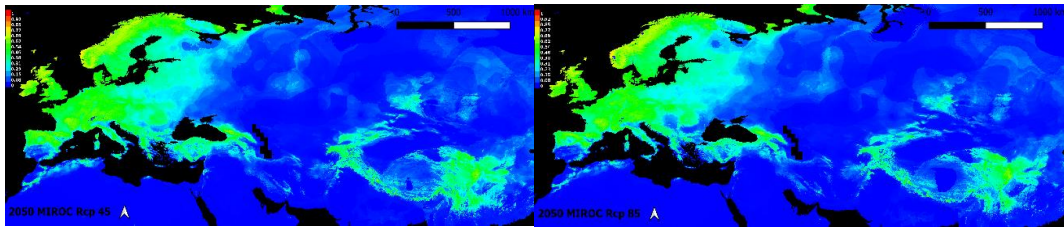
### EK 3 – Model Sonucunda Oluşan Çevresel Verisinin Cevap Eğrileri





## EK 4 – Model Çıktı Haritalarının Ham Halleri





#### **EK 4 – Tezden Türetilmiş Yayınlar**

S. Özcan, C. Elverici, Ö. Yaylalı, U. Perktaş, From the past to the present: Demographic history shows the evidence for multiple refugia at different time scales during Pleistocene climatic oscillations for white-throated dipper (*Cinclus cinclus*). Biological Journal of the Linnean Society. (Değerlendiriliyor)

S. Özcan, C. Elverici, Ö. Yaylalı, U. Perktaş, Ecological niche modelling and phylogeography to reveal climate driven range shifts of white-throated dipper *Cinclus cinclus* – Ecology And Evolutionary Biology Symposium 2022, Ankara. Poster sunumu (Kabul edildi)