

**AVRUPA FİLOCOĞRAFI ÖRÜNTÜLERİNDE
ANADOLU'NUN ROLÜ**

**THE ROLE OF ANATOLIA IN EUROPEAN
PHYLOGEOGRAPHIC PATTERNS**

EREN ADA

DOÇ. DR. UTKU PERKTAŞ

Tez Danışmanı

DOÇ. DR. HAKAN GÜR

Eş Danışman

Hacettepe Üniversitesi

Lisansüstü Eğitim-Öğretim ve Sınav Yönetmeliğinin

Biyoloji Anabilim Dalı için öngördüğü

YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak hazırlanmıştır.

2016

EREN ADA'nın hazırladığı “**Avrupa Filocoğrafi Örüntülerinde Anadolu'nun Rolü**” adlı bu çalışma aşağıdaki jüri tarafından **BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**'nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Coşkun TEZ

Başkan

Doç. Dr. Utku PERKTAŞ

Danışman

Yrd. Doç. Dr. Ayşegül BİRAND

Üye

Doç. Dr. C. Can BİLGİN

Üye

Doç. Dr. Çağatay TAVŞANOĞLU

Üye

Bu tez Hacettepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tarafından **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak onaylanmıştır.

Prof. Dr. Salih Bülent ALTEN
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

ETİK

Hacettepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmasında,

- tez içindeki bütün bilgi ve belgeleri akademik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi,
- görsel, işitsel ve yazılı tüm bilgi ve sonuçları bilimsel ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu,
- başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda ilgili eserlere bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunduğumu,
- atıfta bulunduğum eserlerin tümünü kaynak olarak gösterdiğimi,
- kullanılan verilerde herhangi bir tahrifat yapmadığımı,
- ve bu tezin herhangi bir bölümünü bu üniversitede ya da başka bir üniversitede başka bir tez çalışması olarak sunmadığımı

beyan ederim.

28/06/2016

EREN ADA

ÖZET

AVRUPA FİLOCOĞRAFI ÖRÜNTÜLERİNDE ANADOLU’NUN ROLÜ

Eren ADA

Yüksek Lisans, Biyoloji Bölümü

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Utku PERKTAŞ

Eş Danışman: Doç. Dr. Hakan GÜR

Haziran 2016, 80 sayfa

Geçmişteki buzul ve buzullar arası dönemlerin, türlerin bugünkü dağılım alanlarının şekillenmesinde oldukça etkili olduğu, pek çok, çalışma ile gösterilmiştir. Özellikle ılıman kuşaktaki türlerin bu iklim değişikliklerine nasıl cevap verdiği, filocoğrafi çalışmalar için önemli sorulardan biridir. Batı Palearktık bölgede dağılım gösteren türlerin filocoğrafi örüntüleri pek çok çalışmanın konusu olmasına rağmen, Anadolu coğrafyası bu çalışmalar içerisinde kendine yeteri kadar yer bulamamıştır. Bu çalışma da Avrupa ve Anadolu’da dağılım gösteren üç farklı taksonu (*Lepus europaeus*, *Dendrocopos major*, *Lacerta viridis*) karşılaştırmalı olarak inceleyerek, Anadolu’nun iklim değişikliklerindeki rolünü tartışmayı amaçlamaktadır. Bunun için, birbirinden bağımsız iki farklı yöntem olan ekolojik niş modellemesi ve filocoğrafya yöntemleri kullanılmıştır. Ekolojik niş modellemesi ile bu türler için buzul dönemdeki uygun habitatlar ortaya çıkarılmış, filocoğrafya ile türlerin tarihsel demografisi ve iklim değişikliği arasındaki ilişki ortaya konmuştur. Analizler için hem daha önce yayınlanmış hem de bu çalışma kapsamında elde edilmiş yeni veriler kullanılmıştır. Yapılan analizler, Anadolu’nun iklim değişiklikleri süresince Avrupa biyotası için önemli bir sığınak olabileceğini ve kendi içinde de karmaşık biyocoğrafi örüntüleri barındırdığını ortaya koymuştur.

Anahtar Kelimeler: Filocoğrafya, ekolojik niş modellemesi, demografi, mtDNA, Anadolu

ABSTRACT

THE ROLE OF ANATOLIA IN EUROPEAN PHYLOGEOGRAPHIC PATTERNS

Eren ADA

Master of Science, Department of Biology

Supervisor: Associate Professor Utku PERKTAŞ, PhD

Co-supervisor: Associate Professor Hakan GÜR, PhD

June 2016, 80 pages

That the glacial and interglacial periods in the past have been quite influential in today's distribution ranges of species is demonstrated by many studies. The response of species in temperate zones to climate change is one of the most fundamental inquiries of phylogeographic studies. Although the phylogeographic patterns of species that are distributed across the Western Palearctic region have been widely studied, Anatolia constitutes an underresearched part of these studies. This study aims to scrutinize comparatively three different taxa (*Lepus europaeus*, *Dendrocopos major*, *Lacerta viridis*) that are distributed in Europe and Anatolia, and to discuss the role of Anatolia in climate changes. For this, ecological niche modelling and molecular phylogeography are used as methods, which are also different from one another. The suitable habitats for these species in the Last Glacial Maximum are determined by means of ecological niche modelling, and phylogeography has enabled us to reveal the relationship between the historical demography of the species and climate change. Both previously published data and the new data acquired through this study are used for the analyses. The analyses show Anatolia could have not only been an important refugium for European biota during the climate changes but has had complex phylogeographic patterns within itself as well.

Keywords: Phylogeography, Ecological Niche Modelling, demography, mtDNA, Anatolia

TEŐEKKÜR

İÇİNDEKİLER

SAYFA

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER.....	iv
ÇİZELGELER.....	vi
ŞEKİLLER	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR	ix
1. GİRİŞ	1
1.1 Filocoğrafya ve Filocoğrafi Çıkarımlar	2
1.2. Ekolojik Niş Modeli Yaklaşımı	6
1.2.1. Niş Kavramı	6
1.2.2 Ekolojik Niş Modelleri.....	7
1.2.3 Maxent Yaklaşımı	10
1.3 Türler Hakkında Genel Bilgiler	12
1.3.1 Yabani Tavşan (<i>Lepus europaeus</i> Pallas, 1778)	12
1.3.2 Orman Alaca Ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i> Linnaeus, 1758).....	15
1.3.3 Yeşil Kertenkele (<i>Lacerta viridis</i> Laurenti, 1768).....	17
2. YÖNTEMLER	19
2.1. Filocoğrafya Yöntemleri.....	19
2.1.1. Veri Setlerinin Oluşturulması	19
2.1.2. Filogenetik Ağaçların Oluşturulması	22
2.1.3. Demografik Analizler.....	23
2.2. Ekolojik Niş Modellemesi Yöntemleri	24
2.2.1. Çalışma Alanı.....	24
2.2.2. Gözlem Kayıtları	25
2.2.3. İklimsel Değişkenler	31
2.2.4. Modelleme Aşaması.....	32
3. SONUÇ VE TARTIŞMA.....	33
3.1. Filocoğrafi Analiz Sonuçları.....	33

3.1.1. Yabani Tavşan Filocoğrafi Analiz Sonuçları	33
3.1.2. Orman Alaca Ağaçkakanı Filocoğrafi Analiz Sonuçları.....	37
3.1.3. Yeşil Kertenkele Filocoğrafi Analiz Sonuçları	39
3.2. Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları	43
3.2.1. Yabani Tavşan Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları	43
3.2.2. Orman Alaca Ağaçkakanı Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları.....	46
3.2.3 Yeşil Kertenkele Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları	48
3.3. Tartışma	51
KAYNAKLAR.....	56
EKLER	66
ÖZGEÇMİŞ.....	80

ÇİZELGELER

Çizelge 1: İnternet üzerinden kullanıma açık olan veri depolarından bazıları.....	8
Çizelge 2: Sıklıkla kullanılan çevresel veri setlerinden bazıları.....	9
Çizelge 3: Biyoiklimsel değişkenler ve açıklamaları	10
Çizelge 4: İnternet üzerinden kullanıma açık olan tür dağılım algoritmalarından bazıları	11
Çizelge 5: Filocoğrafi analizlerde kullanılan veri setleri.....	20
Çizelge 6: Yabani tavşanın filogenetik analizleri için kullanılan dış gruplar	22
Çizelge 7: Yeşil kertenkelenin filogenetik analizleri için kullanılan dış gruplar	23
Çizelge 8: Demografik analizler için kullanılan mutasyon modelleri ve MCMC uzunlukları ..	24
Çizelge 9: Yabani tavşan için oluşturulan veri setinin tanımlayıcı istatistikleri	33
Çizelge 10: Yeşil kertenkele için oluşturulan veri setinin tanımlayıcı istatistikleri	398

ŞEKİLLER

Şekil 1: Filocoğrafyanın bilim dalları arasındaki konumu	2
Şekil 2: Hewitt'e göre SBM sonrası bazı türlerin Avrupa'yı kolonizasyon rotaları	4
Şekil 3: Yabani tavşanın (<i>Lepus europaeus</i>) dağılım alanı	14
Şekil 4: Orman alaca ağaçkakanının (<i>Dendrocopos major</i>) dağılım alanı.....	16
Şekil 5: Yeşil kertenkelenin (<i>Lacerta viridis</i>) dağılım alanı	18
Şekil 6: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) örneklem haritası	20
Şekil 7: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) örneklem haritası.....	201
Şekil 8: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) örneklem haritası.....	21
Şekil 9: Çalışma alanı	24
Şekil 10: Yabani tavşanın (<i>Lepus europaeus</i>) ham gözlem kayıtları	26
Şekil 11: Yabani tavşanın (<i>Lepus europaeus</i>) seyreltilmiş gözlem kayıtları	27
Şekil 12: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) Gaussian Kernel Yoğunluğu.....	27
Şekil 13: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) ham gözlem kayıtları.....	28
Şekil 14: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) seyreltilmiş gözlem kayıtları	29
Şekil 15: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) Gaussian Kernel Yoğunluğu	29
Şekil 16: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) ham gözlem kayıtları	30
Şekil 17: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) seyreltilmiş gözlem kayıtları.....	30
Şekil 18: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) Gaussian Kernel Yoğunluğu.....	31
Şekil 19: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) için oluşturulan parsimoni ağacı ve soy hatlarının coğrafi konumu.....	34
Şekil 20: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) için oluşturulan Bayesian ağacı	35
Şekil 21: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) Avrupa soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi.....	36
Şekil 22: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) Trakya – Ortadoğu soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi.....	37
Şekil 23: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) haplotip ağı.....	38
Şekil 24: Orman alaca ağaçkakanında (<i>Dendrocopos major</i>) zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi.....	38
Şekil 25: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) için oluşturulan Bayesian ağacı	40
Şekil 26: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) için oluşturulan parsimoni ağacı	41

Şekil 27: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) Anadolu soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi.....	42
Şekil 28: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) Avrupa soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi.....	42
Şekil 29: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) Adriyatik soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi.....	43
Şekil 30: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) günümüz model sonuçları.....	44
Şekil 31: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) CCSM-4 modeline göre SBM model sonuçları...	44
Şekil 32: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) MIROC-ESM modeline göre SBM model sonuçları	45
Şekil 33: Yabani tavşan (<i>Lepus europaeus</i>) MPI-ESM-P modeline göre SBM model sonuçları.....	45
Şekil 34: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) günümüz model sonuçları	46
Şekil 35: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) CCSM-4 modeline göre SBM model sonuçları	47
Şekil 36: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) MIROC-ESM modeline göre SBM model sonuçları	47
Şekil 37: Orman alaca ağaçkakanı (<i>Dendrocopos major</i>) MPI-ESM-P modeline göre SBM model sonuçları	48
Şekil 38: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) günümüz model sonuçları.....	49
Şekil 39: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) CCSM-4 modeline göre SBM model sonuçları...	49
Şekil 40: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) MIROC-ESM modeline göre SBM model sonuçları.....	50
Şekil 41: Yeşil kertenkele (<i>Lacerta viridis</i>) MPI-ESM-P modeline göre SBM model sonuçları.....	50

SİMGELER VE KISALTMALAR

SİMGELER

π pi - Nükleotid Çeşitliliği

KISALTMALAR

AUC	Area Under the Curve
CBS	Coğrafi Bilgi Sistemleri
CCSM4	Community Climate System Model
GBIF	Global Biodiversity Information Facility
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
MIROC-ESM	Earth System Model for Interdisciplinary Research on Climate
MPI-ESM-P	Earth System Model of Max Planck Institute of Meteorology
mtDNA	Mitokondriyal DNA
ND2	NADH Dehydrogenase 2
nuDNA	Çekirdek DNA'sı
ROC	Receiver Operating Characteristic
SBM	Son Buzul Maksimumu

1. GİRİŞ

Dünya üzerinde yaşayan canlıların sayısı ve çeşitliliği, doğa bilimcileri için her zaman bir merak konusu olmuştur. Buzullardan tropiklere, soğuk ve karanlık okyanuslardan çok sıcak su kaynaklarına ve hatta yer kabuğunun kilometrelerce altındaki kayalıklara kadar dünyanın neredeyse her yerinde canlılığa rastlamak mümkündür. Günümüzde bu çeşitliliğin yalnızca 2 milyona yakını sınıflandırılmış olup, çok büyük bir kısmının da henüz keşfedilmediği bilinmektedir [1]. Fakat bu canlıların büyük bir kısmı, sadece belirli ve görece dar bir bölgede yaşamını sürdürmektedir. Canlıların bu dağılım örüntülerini araştıran bilim dalı ise biyocoğrafyadır.

Biyocoğrafya, biyoçeşitliliğin uzamsal örüntülerini anlamaya çalışan bir bilim dalıdır ve cevap üretmeye çalıştığı bazı sorular şu şekilde sıralanabilir:

- Bir türün ya da daha yüksek bir taksonomik grubun dağılım alanı neden şu anda bulunduğu alan ile sınırlıdır?
- Bir türün dağılımını sınırlayan faktörler içerisinde iklimin, topoğrafyanın ve diğer organizmalarla ilişkisinin rolü nedir?
- İlgili türün en yakın akrabaları hangi türlerdir ve nerelerde dağılım gösterir?
- Kıtaların hareketi, Pleistosen buzulları ve yakın geçmişteki iklim değişiklikleri gibi tarihsel olaylar, türlerin dağılımını nasıl etkilemiştir [2]?

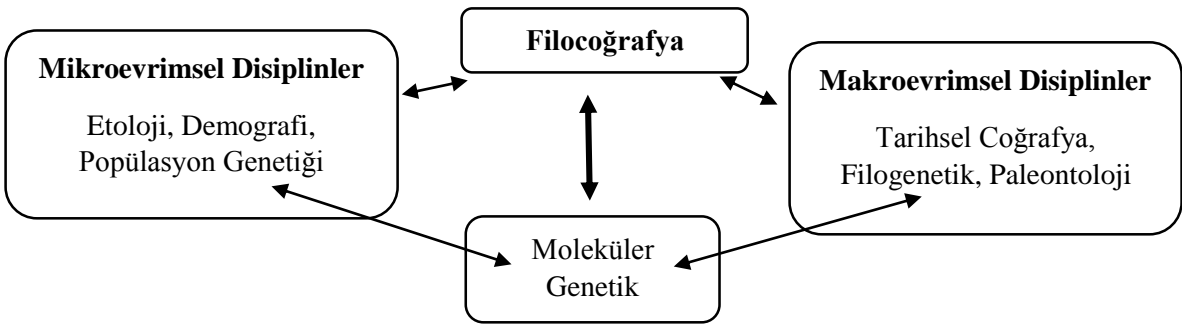
Moleküler tekniklerin gelişmesi ile türlerin dağılımları kadar tür içerisindeki farklılıkları inceleyen çalışmaların sayısında da artış olmuştur. Bu farklılıkları, biyocoğrafya perspektifiyle inceleyen bir alan olan filocoğrafyanın ortaya çıkışı da bu döneme denk gelmektedir [3]. Filocoğrafi çalışmaların önemli odak noktalarından biri, geçmiş iklim değişikliklerinin türlerin bugünkü dağılımına ve genetik yapısına nasıl bir etki bıraktığıdır. Bu alanda yapılan çalışmalar, ilerideki bölümlerde ayrıntılı bir şekilde incelenecektir.

Moleküler yöntemlerin yanı sıra, bilgisayar bilimindeki gelişmeler de filocoğrafyaya önemli katkılar sunmuştur. Özellikle bilgisayar destekli istatistiksel yaklaşımlar ve ekolojik niş modelleri, filocoğrafi çalışmalar için değerli girdiler sağlamaktadır. Günümüzde moleküler verilerin ve tür dağılım modellerinin bir arada kullanıldığı çalışmalar ile türlerin filocoğrafi örüntülerine dair oldukça güçlü çıkarımlar yapılabilmektedir [4].

1.1 Filocoğrafya ve Filocoğrafi Çıkarımlar

Filocoğrafya, soy hatlarının coğrafi dağılımını ve genetik çeşitliliğin coğrafi varyasyonunu inceleyen bir bilim dalıdır. Filocoğrafya terimi, ilk kez 1987’de bilimsel literatüre girmiştir [3]. Görece yeni bir alan olan filocoğrafya, moleküler genetik, popülasyon genetiği, paleontoloji, jeoloji, coğrafya, evrimsel biyoloji gibi pek çok bilim dalından elde edilen verilere ihtiyaç duyar. Bu özelliği, filocoğrafyayı mikroevrimsel ve makroevrimsel disiplinlerin kesişim noktasında önemli bir yerde konumlandırır (Şekil 1).

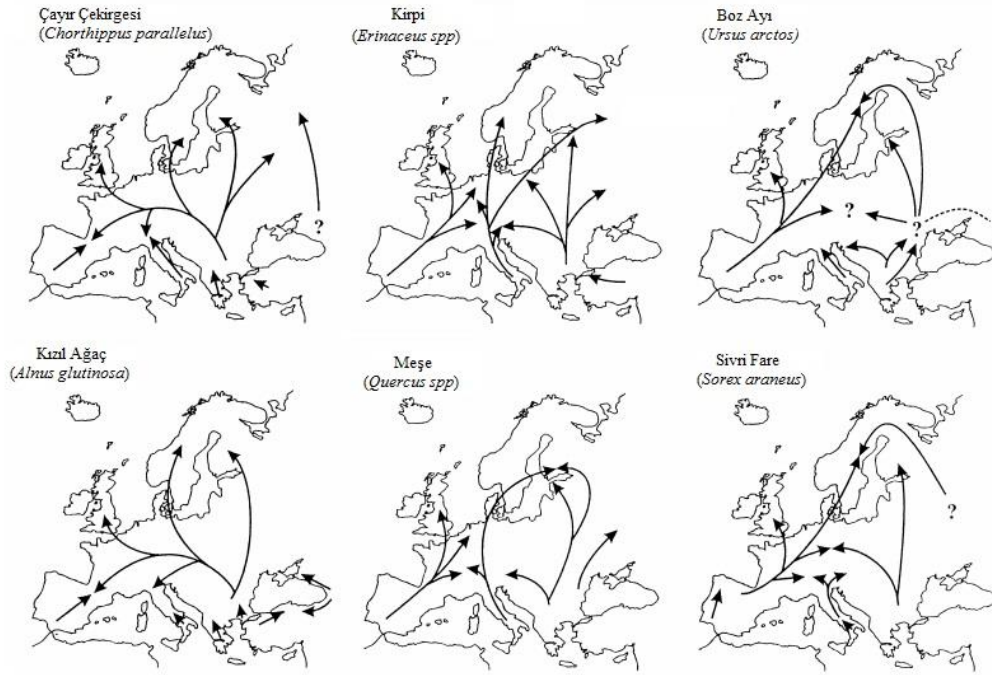
Filocoğrafyanın tarihi, 1980’li yıllara kadar uzanmaktadır. Bu yıllarda tür düzeyinde genetik uzaklıkların ölçülmesi için allozim elektroforez yöntemi sıklıkla kullanılmaktaydı [5, 6]. Ancak popülasyon genetiği ile sistematik çalışmaları arasında kopukluklar vardı. Bu durum, Avise ve ekibinin [3] yayınladığı bir araştırma ile değişmeye başladı. Avise ve ekibine göre, filogenetik yöntemler, popülasyon genetiği ve sistematikğin ortak bir noktada buluşabildiği bir alan sağlamaktaydı. Bu çalışmada “tür içi filocoğrafya” terimini ortaya atmışlardı. Bu terim, moleküler belirteçler ile oluşturulan tür içi filogenetik grupları ve onların coğrafi dağılımlarına işaret etmekteydi. Filocoğrafya, bu anlamda bu bilim dalları arasında bir bağlantı kurmaktadır. Bu tarihi çalışmayı izleyen yıllarda, filocoğrafi çalışmalar hızlı bir artış göstermiştir. Örneğin, 1988-1997 yılları arasındaki bilimsel literatürde “filocoğrafya” temelli çalışmaların sayısı 115 iken, 1998-2007 yılları arasında bu sayı 3048’e ulaşmıştır [7].



Şekil 1: Filocoğrafyanın bilim dalları arasındaki konumu [8]

1990'lı yılların başında DNA dizileme teknolojilerinin gelişmesiyle birlikte, filocoğrafi çalışmalarda mitokondriyal DNA (mtDNA) ve kloroplast DNA'sı (cpDNA) verileri yaygın bir biçimde kullanılmaya başlandı [9-11]. Günümüzde yürütülen filocoğrafi çalışmalarda da ağırlıklı olarak mtDNA verileri kullanılmaktadır. Mitokondri, ökaryot hücrelerde enerji üretiminden sorumlu bir organeldir ve toplam uzunluğu yaklaşık 16.569 baz çifti olan dairesel bir genomu sahiptir. Pek çok hayvanda bu genom 16 gen içermektedir. mtDNA'nın dört temel özelliği, onu filocoğrafya çalışmaları için çok uygun bir moleküler belirteç yapmaktadır [3, 12]. Bu özelliklerden ilki, mtDNA'da meydana gelen mutasyonların birikme oranının çekirdek DNA'sına (nuDNA) göre 10 kat daha fazla olmasıdır [13]. Bu durumun sebebi, mtDNA'da DNA tamir mekanizmalarının nuDNA'daki kadar incelikli olmamasıdır. İkinci özellik, mtDNA'nın neredeyse her canlıda herhangi bir rekombinasyona uğramadan anasal kalıtım yoluyla aktarılmasıdır. Üçüncü özellik ise, mtDNA'nın etkin popülasyon büyüklüğünün tek eşey üzerinden kalıtılması nedeniyle nuDNA'ya göre 4 kat daha düşük olmasıdır. Son olarak, etkin popülasyon büyüklüğünün küçük olması, genetik sürüklenmenin mtDNA'yı, nuDNA'ya göre 4-10 kat daha fazla etkilemesine yol açar. Tüm bu özellikler mtDNA'yı yakın türler arasında ya da tür içi farklılaşmalara yönelik filocoğrafi çalışmalar için önemli bir belirteç haline getirir [14-16].

mtDNA moleküler belirteci ile şekillendirilen filocoğrafi çalışmaların bazıları Avrupa'da genetik çeşitliliğin coğrafi varyasyonuna ilişkin bazı sonuçlar ortaya koymuş ve bu sonuçlar Avrupa'nın biyocoğrafyası hakkında önemli tartışmaların geliştirilmesini sağlamıştır. Özellikle, buz kütlelerinin oldukça yüksek bir seviyeye ulaştığı SBM döneminin (yaklaşık 22.000 yıl önce) Avrupa ve Amerika'daki türlerin günümüz dağılımlarına büyük oranda etki ettiği bilinmektedir [17, 18]. Paleontolojik ve palinolojik kayıtlar, bu dönemde özellikle ılıman kuşak türlerinin iklimsel koşulların daha elverişli olduğu güney bölgelerdeki sığınaklarda hayatta kaldıklarını göstermiştir [19, 20]. Günümüzde Avrupa'da dağılım gösteren pek çok türün, SBM döneminde sığınaklara çekildikten sonra, iklimin daha uygun hale gelmesi ile Avrupa'yı yeniden kolonize ettiği düşünülmektedir (Şekil 2). Bu örüntü, daralma-genişleme modeli olarak da adlandırılmaktadır [21, 22].



Şekil 2: Hewitt'e [24] göre SBM sonrası bazı türlerin Avrupa'yı kolonizasyon rotaları

Yapılan çalışmalar, güney sığınaklardan kuzey bölgeleri tekrar kolonize eden pek çok popülasyonda bu daralma-genişleme modelinin bir takım genetik etkileri olduğunu göstermektedir. Örneğin, bu tür kolonizasyon süreçlerinde popülasyonların bir dizi darboğaz geçirebileceği ve genetik çeşitlilik kaybına uğrayabileceği ortaya çıkarılmıştır [17, 23].

Bir popülasyonun daralma-genişleme modeli gösterip göstermediği, temel olarak genetik çeşitlilik seviyesindeki ve örüntülerindeki iki işaret sayesinde tahmin edilebilir [25]. İlk olarak, buzul dönemini sığınaklarda geçirmiş bir popülasyonun, sonradan kolonize edilmiş coğrafyadaki popülasyona nazaran daha yüksek bir genetik çeşitlilik biriktirmiş olması beklenir [21, 26]. Bu durum, aynı zamanda “güney çeşitliliği ve kuzey saflığı” olarak da bilinir [22]. İkinci işaret ise, uzun süre coğrafi olarak ayrıksı sığınaklarda bulunan popülasyonların genetik açıdan birbirinden farklılaşma göstermesidir.

Bu temelde yapılan filocoğrafi çalışmalar, SBM döneminde Avrupa biyotası için genel olarak İber Yarımadası, İtalya ve Balkanları sığınak olarak tanımlamıştır [17, 21]. Ancak bu

sığınaklara ek olarak, Anadolu'nun Avrupa biyotası için önemli bir sığınak olabileceği fikri de öne sürülmüştür [17, 27-31].

Hewitt'in [22] Batı Palearktık'ın büyük bir bölümünde dağılım gösteren çayır çekirgesi (*Chorthippus parallelus*) üzerine yaptığı çalışmalar, bu konuda önemli bir yer tutmaktadır. Bu çalışma, çayır çekirgesinin SBM döneminde Avrupa'da üç farklı sığınağa (İspanya, İtalya, Anadolu-Balkanlar) çekildiğini göstermiştir. Yapılan analizler, İspanya ve İtalya popülasyonlarının Orta Avrupa popülasyonlarından oldukça farklı bir genetik yapı sergilediğini, Orta Avrupa'nın muhtemel bir Anadolu sığınağından tekrar kolonize edilmiş olabileceğini ortaya çıkarmıştır. Bu çalışmadan uzun bir süre sonra, Korkmaz ve ekibi [28] mtDNA ve nuDNA belirteçlerini kullanarak yeni bir çalışma yapmışlardır. Bu çalışma ile birlikte Hewitt'in [22] ulaştığı sonuçlar büyük oranda doğrulanmıştır. Bu çalışma, çayır çekirgesi özelinde hem Anadolu'nun Avrupa biyotasındaki yerini tartışmakta hem de Anadolu'nun kendi içindeki durumunu ortaya çıkarmaktadır. Yine bu çalışma, Hewitt'in [22] İspanya ve İtalya popülasyonları konusundaki hipotezlerini doğrulamakla kalmamış, Anadolu popülasyonlarının da yüksek bir genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ve Orta-Kuzey Avrupa popülasyonlarının kaynak popülasyonu olduğunu göstermiştir. Aynı zamanda İstanbul ile Çanakkale Boğazı'nın, türün Avrupa'yı kolonize etme sürecinde bir engel teşkil etmediğini ortaya koymuştur. Burada dikkat çeken bir diğer nokta ise Anadolu popülasyonunun kendi içindeki farklılıklarıdır. İncelenen moleküler belirteçlerdeki mutasyon örüntüleri (insersiyon ve delesyonlar), örneklenen bütün bireyleri dört farklı gruba ayırmıştır. Bu gruplardan ikisi sadece Anadolu'da gözlenmektedir. Bir grup Anadolu diyagonalinin batısında yer alırken, diğeri doğusunda yer almıştır. Üçüncü grup türün dağılım alanının sadece güney enlemlerinde görülürken, dördüncü grup bütün dağılım alanında görülmektedir. Bu durum, Anadolu diyagonalinin bir bariyer görevi gördüğünü göstermektedir. Bu, ayrıca Anadolu'nun kendi içindeki iklimsel ve topoğrafik çeşitliliğin bir sonucu olarak da karşımıza çıkmaktadır.

Sığınak görevi gören coğrafi bölgelerde yürütülen araştırmalar, bu bölgelerin bir bütün halinde ya da kendi içinde farklı bölgelerin sığınak olarak kullanılmış olabileceğini öne sürmüş ve bu durum "sığınak içinde sığınak" modeli olarak tanımlanmıştır [32]. Anadolu coğrafyası da topoğrafik ve iklimsel açıdan homojen bir coğrafya değildir [33]. Bu sebeple, Anadolu'nun bazı türler için bir bütün olarak sığınak görevi gördüğünü ortaya çıkaran çalışmaların yanı sıra, Anadolu'nun kendi içindeki sığınaklara dikkat çeken çalışmalar da yapılmaktadır.

Perktaş ve ekibinin [30] Anadolu sıvacı kuşu (*Sitta krueperi*)'nun filocoğrafyası üzerine yaptıkları çalışma, Anadolu'nun kendi içinde barındırdığı sığınakların tanımlanması için önemli bir örnek teşkil etmektedir. mtDNA sitokrom oksidaz I (COI) bölgesi üzerinden şekillendirilen bu çalışma, Anadolu sıvacı kuşunun son buzullar arası dönemde Anadolu'nun güney bölgelerini sığınak olarak kullandığını ortaya koymuştur. Yapılan istatistiksel ve demografik analizler de bu popülasyonun SBM döneminden önce popülasyon büyüklüğünü arttırdığı sonucunu desteklemiştir.

1.2. Ekolojik Niş Modeli Yaklaşımı

1.2.1. Niş Kavramı

Ekolojik niş modelinin anlaşılması için öncelikle ekolojik niş tanımı üzerinde durulması gerekmektedir. Farklı tanımlar olmakla birlikte, temel olarak ekolojik niş, türün sabit popülasyon büyüklüğünü koruyabildiği bütün çevresel koşulların bir bütünü olarak tanımlanabilir [34]. Ekolojik niş modelleri, köken itibarı ile Hutchinson'un [35] "potansiyel" ve "gerçekleşen" niş kavramıyla ilişkilidir. Hutchinson'a göre "potansiyel" niş, bir türün başka bir türle rekabet halinde olmadan var olabileceği 'çok boyutlu ve yüksek yoğunluklu' bir uzayı tanımlarken; "gerçekleşen" niş ise bir türün başka bir türle rekabeti ya da ilişkisi sonucu daha sınırlı haldeki nişi tanımlar. "Potansiyel" niş, "gerçekleşen" nişi kapsar. Ekolojik niş modellerinin, Hutchinson'un [35] tanımladığı potansiyel nişi mi yoksa gerçekleşen nişi mi yansıttığı konusunda da çeşitli tartışmalar vardır. Soberón ve Peterson [36], niş modellerinin türün yaklaşık olarak potansiyel nişini gösterdiğini öne sürerken, bazı araştırmacılar ise tür-iklim ilişkilerini tahmin etmek için kullanılan tür dağılım modellerinin iklimsel olmayan etmenler tarafından da kısıtlandığını söyleyerek, modellerin türün gerçekleşen nişini yansıttığını öne sürmektedirler [37, 38]. Fakat niş modellemelerinde potansiyel ve gerçekleşen niş ayrımının kullanışlı olup olmadığı da sorgulanmaktadır. Chase ve Leibold [39] tarafından niş, türün hayatta kalabilmesine yetecek minimum gereksinimleri karşılayarak, popülasyondaki doğum oranının ölüm oranına eşit ya da büyük olmasına olanak sağlayan çevresel koşullar olarak tekrar tanımlanmıştır. Bu niş kavramı, model uygulamaları için daha kullanışlı gözükse de modellemenin türüne göre hâlâ tartışmaya açıktır [40].

1.2.2 Ekolojik Niş Modelleri

Türlerin dünya üzerinde nasıl dağıldıkları sorusu, uzun zamandır biyocoğrafya ve ekoloji çalışan bilim insanlarının cevap aradığı temel soru olmuştur. İklimsel ve fiziksel faktörlerin, belirli ölçülerde tür dağılımlarına etki ettiği bilinmesine rağmen, bu etkilerin boyutlarını ortaya koymak için çok çeşitli çalışmalar süregelmektedir. Yaklaşık otuz yıldır, türlerin potansiyel nişi ya da bu potansiyel nişin alt kümelerini (gerçekleşen niş gibi) ortaya çıkarmak için geliştirilen matematiksel teknikler sıklıkla kullanılmaktadır. Bu tekniklerden birisi de, ekolojik niş modelleme tekniğidir [36].

İstatistiksel temellere dayanan ekolojik niş modellemeleri, tür gözlem kayıtlarını ve çevresel değişkenleri kullanarak, tür-iklim ilişkilerini tahminleyen deneysel modellerdir [37]. Özellikle son 25 yıldır oldukça yaygın olarak kullanılan niş modelleri, melezleşme [41], türleşme [42, 43] vb. gibi çalışmalarda kullanılmıştır. Filocoğrafyanın türlerin dağılım örüntüleri ile ilgilenmesi sebebiyle, tür dağılım modelleri de bu alan için önemli bir araç olagelmıştır. Tür dağılım modelleri ve filocoğrafya, bu örüntüleri ortaya çıkarmak için birbirinden bağımsız, fakat birbirini tamamlayıcı bilgiler üretebilmektedir. Bu iki bağımsız yaklaşımı birlikte kullanan çalışmalar, biyocoğrafî örüntüleri ortaya çıkarmak açısından oldukça güçlüdür [4]. Bu sebeple, modellemeler biyocoğrafya, koruma biyolojisi, ekoloji, paleoekoloji ve yaban hayatı çalışmalarında oldukça sık kullanılmaktadır [40].

Niş modellerinin temel girdilerinden biri, türlerin koordinat düzlemi üzerindeki varlık-yokluk verileridir. Günümüzde kullanılmakta olan modelleme yaklaşımlarının bir kısmı varlık ve yokluk verisini birlikte kullanırken, bir kısmı da sadece varlık verisini kullanmaktadır (Çizelge 4).

Türlerin coğrafi uzamda “yok” verisini elde etmek zor olsa da, günümüzde “var” verilerine ulaşmak oldukça kolaydır. Özellikle herbaryumlar, doğa tarihi müzeleri ve çevrimiçi veri depoları, ekolojik niş modellemeleri için oldukça verimli bir şekilde kullanılmaktadır [4]. Çizelge 1’de çevrim içi kullanıma açık veri depolarından birkaç örnek verilmiştir. Her iki veri tipiyle de çalışan modellemeler üzerinde yapılan araştırmalar [44] sadece varlık verisiyle çalışan modellemelerin, test edilen türler için daha etkili olduğunu ortaya koymuştur. Bu sebeplerden dolayı sadece varlık verisini kullanan modellerin kullanımı oldukça yaygındır [45].

Çizelge 1: İnternet üzerinden kullanıma açık olan veri depolarından bazıları [4].

İsim	Taksona özel	Coğrafi kapsam	URL
Global Biodiversity Information Facility (GBIF)	Hayır	Küresel	www.gbif.org/
World Information Network on Biodiversity	Hayır	Küresel	www.conabio.gob.mx
European Natural History Specimen Information Network (ENHSIN)	Hayır	Avrupa	www.nhm.ac.uk/research-curation/projects/ENHSIN
Australian Biodiversity Information Facility (ABIF)	Hayır	Avustralya	www.abif.org
The Biota of Canada Information Network (CBIF)	Hayır	Kanada	www.cbif.gc.ca
HerpNet	Evet-Sürüngen ve amfibiler	Küresel	www.herpNet.org
Ornithological Information System (ORNIS)	Evet-Kuşlar	Küresel	www.ornisnet.org

Ekolojik niş modellemesi için gerekli olan bir diğer girdi ise çevresel değişkenlerdir. Bunlar, iklimsel değişkenler olabileceği gibi, yükseklik, yer örtüsü, toprak türü gibi farklı değişkenler de olabilir. Bu değişkenleri içeren veri setleri, kullanıcılar tarafından coğrafi bilgi sistemleri (CBS) programları kullanılarak oluşturulabileceği gibi internet üzerinden hazır bir şekilde sunulan veri setleri de kullanılabilir. Günümüzde internet üzerinden veri seti sunan pek çok kurum ve kuruluş vardır. Bunlardan bazıları Çizelge 2’de gösterilmiştir.

Çizelge 2: Sıklıkla kullanılan çevresel veri setlerinden bazıları [4].

Veri Seti	Açıklama	Kaynak	URL
WORLDCLIM	Karasal alanlar için birleştirilmiş iklim katmanları	Hijmans ve ark. (2005)	www.worldclim.org
SRTM 90m DEMs	Karasal alanlar için 90m çözünürlüklü dijital yükseklik verisi	The Consultative Group for International Agriculture Research's Consortium for Spatial Information (CGIAR-CSI)	srtm.csi.cgiar.org
Çeşitli veri setleri	Günümüz küresel iklimi, çevresel değişkenler ve gelecek iklim senaryoları	Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC)	www.ipcc.ch
HYDRO1k	Küresel topoğrafik veriler (örn. kanallar, havzalar vs.)	United States Geological Service (USGS)	edc.usgs.gov/products/elevation/gtopo30/hydro/index

Günümüzde oldukça sık kullanılan veri setlerinden biri WorldClim-Global Climate Data'dır [46, 47]. WorldClim veri tabanında farklı çözünürlüklerde ve farklı modelleme yöntemleri ile oluşturulmuş iklimsel veriler bulunmaktadır. Bu veriler, 1950-2000 arasında, küresel ve bölgesel meteoroloji istasyonlarından toplanan iklim verileri ile oluşturulmuştur. WorldClim'de ayrıca SBM dönemi için de veri vardır. Bu veriler üç farklı genel sirkülasyon (GCM) modelinden elde edilmiştir: CCSM4 (Community Climate System Model), MIROC-ESM (Earth System Model for Interdisciplinary Research on Climate) ve MPI-ESM-P (Earth System Model of Max Planck Institute of Meteorology). Buradaki değişkenler, 19 farklı iklimsel değişkeni içermektedir. Bu değişkenler, Çizelge 3'te gösterilmiştir.

Çizelge 3: Biyoiklimsel değişkenler ve açıklamaları

Biyoiklimsel Değişkenler	Açıklama
BIO1	Yıllık ortalama sıcaklık
BIO2	Ortalama diurnal aralık (aylık ortalama (maks. sıcaklık – min. sıcaklık))
BIO3	İzotermalite (BIO2/BIO7) (*100)
BIO4	Sıcaklık mevsimselliği
BIO5	En sıcak ayın maksimum sıcaklığı
BIO6	En soğuk ayın minimum sıcaklığı
BIO7	Yıllık ortalama sıcaklık aralığı
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 yağış
BIO13	En yağışlı ayın yağış miktarı
BIO14	En kurak ayın yağış miktarı
BIO15	Yağış mevsimselliği
BIO16	En yağışlı çeyreğin yağış miktarı
BIO17	En kurak çeyreğin yağış miktarı
BIO18	En sıcak çeyreğin yağış miktarı
BIO19	En soğuk çeyreğin yağış miktarı

1.2.3 Maxent Yaklaşımı

Niş modellemelerinde temel girdiler olan tür gözlem kayıtları ve çevresel değişkenler elde edildikten sonra, bu verileri uygun şekilde işleyecek bir algoritma gerekmektedir. Çizelge 4’te gösterilen algoritmalar içerisinde bugün yaygın olan kullanılan önemli modelleme algoritmalarından biri de Maxent algoritmasıdır.

Maxent, tamamlanmamış veriler üzerinden tahminlerde bulunmak için geliştirilmiş bir makine öğrenme algoritmasıdır. Maxent, maksimum entropi yaklaşımı ile elde edilmiş olasılık dağılımını kullanarak hedef bölge için bir olasılık dağılımı hesaplar. Burada hedef bölgeden kastedilen ise elimizde dağılım verisi olmayan bölgelerdir [48].

Maxent, çıktı verisini ham, kümülatif ve lojistik formatta oluşturabilir [49]. Maxent'in birincil çıktısı ham değerler olmasına rağmen, bu verilerin anlaşılabilirliği daha güçtür. Kümülatif veri formatı, her bir lokasyon için ilgilenilen türün bulunma olasılığını bir ölçek üzerinden verir. Bu ölçek, 0-1 arasındadır ve bu çıktı formatı, CBS programları aracılığı ile daha anlaşılabilir olmaktadır [48]. Ancak bu çıktı türü, CBS programları ile açıldığında katmanlardaki olasılık değerlerinin hepsi birbiri ile orantılı olmamaktadır. Bu yüzden yine 0-1 aralığında değer veren ve çıktı değerlerindeki farklılığı daha doğru bir biçimde yansıtan lojistik format daha kullanışlı bulunmaktadır [45].

Çizelge 4: İnternet üzerinden kullanıma açık olan tür dağılım algoritmalarından bazıları [4]

Algoritma	Açıklama	(X, Y) Girdi*	Yazılım	URL	Referans
BIOCLIM	Zarf Model	V	DIVA-GIS	www.diva-gis.org	[50][51]
Domain	Gower Distances	V	DIVA-GIS	www.diva-gis.org	[52]
GARP	Genetik Algoritma	V	DESKTOPGARP	www.nhm.ku.edu/desktopgarp/index.html	[53]
Generalized additive model (GAM)	Regresyon	V-Y	GRASP	www.unine.ch/cscf/grasp/	[53]
MAXENT	Maksimum Entropi	V	MAXENT	www.cs.princeton.edu/~scha/scha/maxent	[48]

*V: Yalnızca varlık; V-Y: varlık ve yokluk

Maxent yaklaşımındaki önemli noktalardan biri de model değerlendirmesidir. Seçilen modelin uygunluk ya da doğruluğunun da değerlendirilmesi gerekmektedir. Bu iki farklı yol ile yapılabilir. Birincisi; bu değerlendirmeyi “alıcı işlem karakteristiği” (ROC eğrisi - Receiver Operating Characteristic) aracılığıyla, ikincisi ise eşik değeri yaklaşımı ile yapmaktır [45]. ROC grafiği, “hassasiyetin” “1 – özgünlüğe” oranını gösteren bir grafikdir. Burada hassasiyet, verinin ne kadar iyi bir şekilde “var” verilerini tahmin ettiği anlamına gelirken, özgünlük ise doğru bir biçimde tahmin edilmiş olan “yok” verisinin ölçüsünü verir [54]. Modelin iyi olup

olmadığı, bu ROC grafiğindeki eğrinin altında kalan değerlerden anlaşılabilir [55]. Bu eğri AUC (Eğrinin altında kalan alan; Area Under Curve) değeri olarak da bilinir. 0.5'e yakın AUC değerleri şansa bağlı olarak beklenen dağılıma yakın bir değere işaret ederken, 1'e yakın değerler ise modelin çok daha başarılı olduğuna işaret eder. Eğer 0.5'ten daha düşük değerler elde edilirse, bu model başarısının şansa bağlı olarak beklenen değerden de daha kötü olduğu anlamına gelir [56].

Model değerlendirmenin ikinci bir yolu ise, bir eşik değeri seçmektir. Bu eşik değeri, "hassasiyeti" maksimumda tutarken "özgüllüğü" minimumda tutarak belirlenir [48]. Bu yaklaşımda, uygun olan eşik değerini seçmek oldukça zor olduğundan, model sonuçlarını AUC yöntemi ile değerlendirmek daha sık tercih edilmektedir [45]. AUC değerlerinin değerlendirme aralıkları, ufak da olsa farklılık gösterebilmektedir. Örneğin, Swets'e göre [57] $AUC > 0.9 = \text{çok iyi}$, $AUC: 0.7-0.9 = \text{iyi}$, $AUC: < 0.7 = \text{kötü}$ olarak değerlendirilirken, Gassó ve ekibi [58] çalışmalarında bu değerleri şu şekilde değerlendirmiştir: $AUC > 0.9 = \text{çok iyi}$, $0.8 < AUC < 0.9 = \text{iyi}$, $AUC < 0.8 = \text{kötü}$.

1.3 Türler Hakkında Genel Bilgiler

1.3.1 Yabani Tavşan (*Lepus europaeus* Pallas, 1778)

Yabani tavşan (*Lepus europaeus* Pallas, 1778), Mammalia sınıfı, Lagomorpha takımından Leporidae familyasının *Lepus* cinsine ait bir türdür. Lagomorpha takımı 2 familya, 13 cins ve 93 tür ile temsil edilmektedir. Bu cinslerden biri olan *Lepus* cinsi ise 32 türe sahiptir [59]. Yabani tavşan ise 16 farklı alttür ile temsil edilir: *Lepus europaeus caspicus*, *L. e. connori*, *L. e. creticus*, *L. e. cyprius*, *L. e. cyrensis*, *L. e. europaeus*, *L. e. hybridus*, *L. e. judeae*, *L. e. karpathorum*, *L. e. medius*, *L. e. occidentalis*, *L. e. parnassius*, *L. e. ponticus*, *L. e. rhodius*, *L. e. syriacus* ve *L. e. transsylvanicus* [60].

Yabani tavşan, genellikle küçük memeli olarak adlandırılmasına rağmen Lagomorpha takımının en büyük üyelerinden biridir. Ağırlığı 3-5 kg, boyu ise 45-70 cm arasında değişebilir [61, 62]. Göğsündeki ve yan kısımlarındaki kürkü sarımsı-kahverengiden grimsi-kahverengiye değişen bir renge, daha üst kısımlar daha koyu bir renge sahiptir. Karın bölgesi ise daha çok gri-beyazdır. Kulaklarının uç kısımları siyahtır. Kış dönemlerinde kürkü daha grimsi bir hal alır [61]. Yüksek adaptasyon yeteneği ile çok farklı habitatlara uyum sağlayan yabani tavşan, seyrek çalılık bulunan açık arazilerde, fundalıklarda, Alpin çayırlıklarda, yaprak döken ve her

dem yeşil ormanlık alanlarda, bozkır ve çöl benzeri habitatlarda yaşayabilir [61]. Deniz seviyesinden 2300 metre yüksekliğe kadar bulunabilir [63]. Genel olarak yabani otlar ile beslenmeyi tercih eder, fakat yoğun tarım baskısının olduğu habitatlarda tarım ürünleri ile beslendiği bilinmektedir [64].

Çek Cumhuriyeti'nde Pikula ve ekibinin [65] yaptığı bir araştırmaya göre, ortalama tavşan yoğunluğunun en yüksek olduğu habitatlar, yüksekliğin 0-200 metre, yıllık kar örtüsünün 40-60 gün, ortalama yıllık yağışın 450-700 mm, ortalama yıllık hava sıcaklığının $>10^{\circ}\text{C}$ olduğu habitatlar olarak tanımlanmıştır. Yabani tavşan, genellikle gececi bir türdür. Ancak, yüksek enlemlerde ve üreme dönemlerinde öğlen saatlerinde de beslenmeye başlayabilir. Geceleri beslenirken, gündüz saatlerini saklanarak geçirir. Beslenirken bir gecede 15 km. kadar yol kat edebilir. Doğal hayatta ortalama ömürleri 3-4 yıldır, fakat 12 yıla kadar yaşamış bireyler tespit edilmiştir. [61, 62, 66].

Üreme dönemleri oldukça uzundur. Aralık-Ocak ayında başlayan üreme dönemi, Temmuz-Ağustos gibi son bulur. Üreme davranışının en yüksek seviyeye ulaştığı dönem Mayıs ayı civarındadır [67]. Ortalama gebelik süresi 40-42 gündür. Genellikle yılda 3 yavru yaparlar, fakat çeşitli kaynaklara göre bu sayı 4 ile 13 arasında değişir [68].

Yabani tavşan, Paleartik bölgede geniş bir dağılıma sahiptir. Dağılımı İspanya'nın kuzeyinden İngiltere ve Güney İskandinavya'ya, Orta Doğu'nun güney ve kuzey bölümlerine hatta Orta Asya'ya kadar uzanır (Şekil 3). Ancak, yabani tavşan aynı zamanda önemli bir av hayvanı olması sebebi ile pek çok ülkeye insanlar tarafından taşınmıştır. Bu ülkeler, Arjantin, Avustralya, Barbados, Brezilya, Kanada, Şili, Falkland Adaları, Yeni Zelanda (güney ve kuzey adaları), R union, İngiltere ve Amerika Birleşik Devletleri'dir [63].



Şekil 3: Yabani tavşanın (*Lepus europaeus*) dağılım alanı (türün insan eliyle sokulan dağılım alanları şekilde gösterilmemiştir) [63].

Lepus, geleneksel olarak taksonomisi zor ve tartışmalı bir grup olagelmıştır [69][70][71]. Petter [69][72], *Lepus europaeus* ve Afrika kıtasında dağılım gösteren *Lepus capensis*'in aslında tek bir tür olduğu hipotezini öne sürmüştür. Yakın zamanda yapılan çekirdek gen havuzu incelemeleri, bu hipotezin geçerli olabileceğini ortaya çıkarmıştır [73]. Ancak hemen ardından yapılan bir çalışma, mtDNA gen havuzunun bu iki grup arasında önemli derece farklılaşmış olduğunu ve farklı türler olarak değerlendirilebileceğini öne sürmüştür [74]. Daha sonra, bu iki grup arasındaki genetik farklılaşmanın, gerçek bir farklılaşmadan ziyade coğrafi uzaklığa bağlı bir farklılaşma olabileceği ve bu iki gruba ait popülasyonların kesiştiği yerlerde gen akışı olabileceği ortaya çıkarılmıştır [75]. Yine aynı yıl yayınlanan bir çalışmada [76], bu iki grubun bir tür kompleksi olup olmadığının netleşmesi için hem nuDNA hem de mtDNA belirteçleri ile birlikte fenotipik ve morfometrik verilerin de beraber değerlendirilerek kapsamlı bir çalışma yapılması gerektiği tartışılmıştır. *L. europaeus* ve *L. capensis* şu anda iki farklı tür olarak ele alınmaktadır.

Bugüne kadar, yabani tavşanın filocoğrafyası hakkında da pek çok çalışma yapılmıştır. Kasapidis ve ekibinin [77] yaptığı çalışma, son buzul dönemi için biri Balkanlar biri Anadolu olmak üzere iki olası buzul sığınağına işaret etmiştir. Bu çalışmada Anadolu kıyılarındaki

Yunan adalarından örnekleme olmasına rağmen Anadolu'dan hiç örnekleme yapılmamıştır. Ardından Stamatis ve ekibi [78] ile Sert ve ekibi [79] Anadolu coğrafyasından da örneklem yaparak türün filocoğrafyasını yeniden tartışmışlardır. Bu iki çalışma da yabani tavşanın Anadolu'da yüksek genetik çeşitlilik barındırdığını ortaya çıkarmıştır. Bunun yanı sıra, Avrupa'daki popülasyonların Balkanlarda tanımlanan bir sığınaktan köken aldığı da öne sürülmüştür [77, 78].

1.3.2 Orman Alaca Ağaçkakanı (*Dendrocopos major* Linnaeus, 1758)

Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major* Linnaeus, 1758), Aves sınıfı, Piciformes takımı, Picidae familyasından *Dendrocopos* cinsine ait bir ağaçkakan türüdür. Orman alaca ağaçkakanının taksonomisi hakkında, pek çok kuş türünde de olduğu gibi, tam bir uzlaşma yoktur. Kimi araştırmacılar 14 alttür olduğunu öne sürerken [80] kimileri de 27 alttür olduğunu öne sürmüştür [81]. Morfoloji ve renklenme farklılıkları göz önüne alınarak tanımlanmış 14 alttürü şunlardır: *D. m. major*, *D. m. brevirostris*, *D. m. kamtschaticus*, *D. m. pinetorum*, *D. m. hispanus*, *D. m. harterti*, *D. m. canariensis*, *D. m. thanneri*, *D. m. mauritanus*, *D. m. numidus*, *D. m. poelzami*, *D. m. japonicus*, *D. m. stresemanni*, *D. m. cabanisi*.

Yaklaşık 70-100 gr ağırlığında ve 20-25 cm boyunda, alacalı bir renge sahip olan orman alaca ağaçkakanı, omuz kısımlarındaki oval beyazlık ve kuyruk altındaki kırmızılık sayesinde benzer ağaçkakan türlerinden kolayca ayırt edilebilmektedir. Ayrıca erkek bireylerin kafalarının arka kısmındaki kırmızı leke, bu türün tanınması için önemli bir işarettir [82]. Her türlü ağaçlık arazide ve ormanlarda (sadece geniş yapraklı ağaçların oluşturduğu ormanlar, ibre yapraklı ormanlar vs.), park ve bahçeler gibi pek çok habitatta barınabilen orman alaca ağaçkakanı, deniz seviyesinden 2000 m'ye kadar çeşitli yüksekliklerde yaşayabilir. Beslenme şekli oldukça çeşitlidir ve mevsimsel farklılıklar gösterebilir. Genellikle ağaç kovuklarındaki böcek larvaları ve erişkin böcekler ile beslenirler. Ayrıca bitkisel diyetlerinde yağca zengin olan ibre yapraklıların tohumları ve kabuklu yemişler de yer alır. Üreme dönemleri genellikle Nisan ayının ortalarından, Temmuz ayına kadar sürer. Yuva için ölü ya da yaşayan bir ağacın gövdesinde (yerden ortalama 8-10 m yükseklikte) 25-35 derinliğinde bir yuva oyulur. Oyma işlemini çoğunlukla erkek birey yapar ve yuvada genellikle 5-6 yumurta olur. Orman alaca ağaçkakanları, genel olarak yerleşiktir ve göç davranışında bulunmaz. Ancak kuzeydeki

popülasyonlar, yetersiz besin durumunda “işgalci” (eruptive) göç davranışlarında bulunabilirler. Erişkin bireylerin, 100 km’nin üzerinde dispersal mesafeleri vardır ve bu mesafe 600 km’ye kadar çıkabilmektedir [83]. Dağılım alanı oldukça geniştir. Avrupa kıtasının tamamı dahil, Çin’e kadar uzanan bir coğrafyada dağılım göstermektedir (Şekil 4).



Şekil 4: Orman alaca ağaçkakanının (*Dendrocopos major*) dağılım alanı [83]

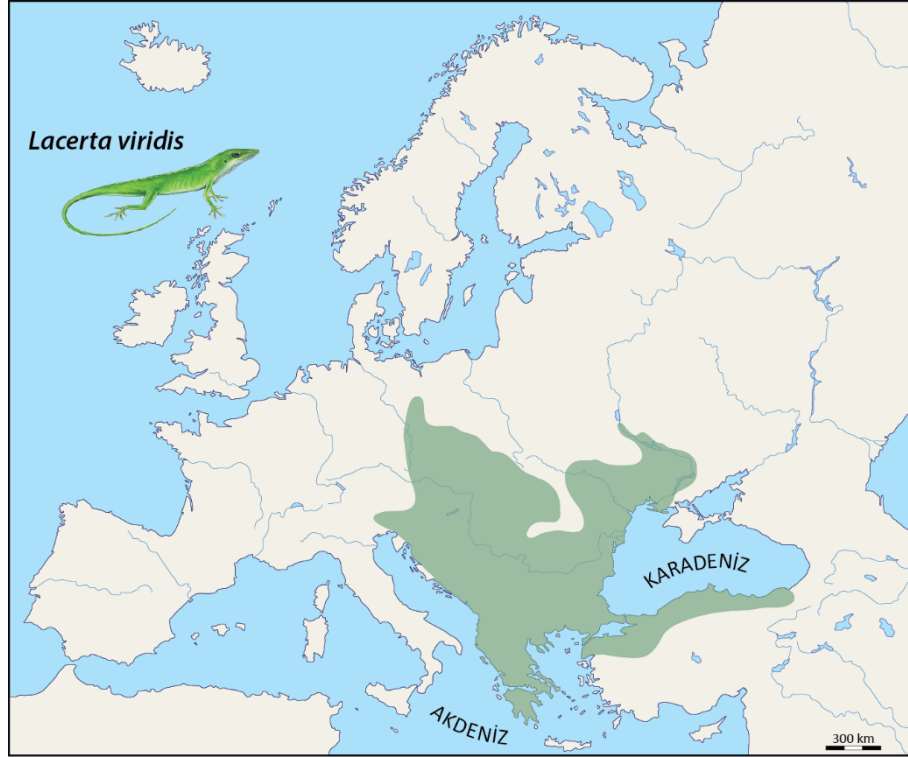
Yakın zaman önce yapılan geniş kapsamlı filocoğrafi analizler, türün taksonomisi hakkında yeni gelişmeler sunmuştur. Dağılım alanının büyük bölümden elde edilen mtDNA verileri ile yapılan incelemeler, gerçekte *Dendrocopos major*’un 4 farklı filogenetik tür ile temsil edilebileceğini öne sürmüştür. Bu türler *Dendrocopos major*, *Dendrocopos poelzami*, *Dendrocopos japonicus* ve *Dendrocopos cabanisi* olarak belirtilmiştir [84]. Yine bu çalışmada, İber Yarımadası, Kursk ve Kuzey Afrika bölgelerinin diğer bölgelere nazaran yüksek genetik çeşitlilik barındırdığı ve bu bölgelerin olası sığınaklar olabileceği öne sürülmüştür.

1.3.3 Yeşil Kertenkele (*Lacerta viridis* Laurenti, 1768)

Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis* Laurenti, 1758), Reptilia sınıfı, Squamata takımı, Lacertidae familyasından *Lacerta* cinsine bağlı büyük bir kertenkele türüdür. Burun ucundan kloak açıklığına yaklaşık 15 cm uzunluğundadır ve kuyruğuyla birlikte 40 cm'ye varan uzunlukta olabilir [85]. Yeşil kertenkele için bugüne kadar beş alttür tanımlanmıştır. Bunlar *L. v. viridis*, *L. v. meridionalis*, *L. v. guentherpetersi*, *L. v. paphlagonica* ve *L. v. infrapunctata*'dır. Bunun yanında Böhme ve ekibi [86] tarafından yapılan bir filocoğrafi çalışmada Balkan Yarımadası'nın batı kıyılarında farklı bir soy hattı daha bulunmuştur.

Dağılım alanı, İtalya'nın kuzeydoğusu ve Almanya'nın doğusundan başlayarak Balkanlar, Ukrayna'nın güneyi ve Türkiye'nin Karadeniz sahillerine kadar uzanır (Şekil 5). Bunun haricinde Amerika Birleşik Devletleri'nin Kansas eyaletine de insan eliyle taşınmıştır. Habitat tercihi geniştir; çalılık ve açık ağaçlık alanlarda, ormanlarda, meyve tarımı yapılan bağlarda vb. ortamlarda yaşayabilir ve oyukları ve çalılıkları saklanmak için kullanır [87]. Yapılan çalışmalar, genellikle erkek bireylerin disperse olduğunu ve bu dispersal mesafesinin de yaklaşık 5 km olduğunu ortaya koymuştur [88, 89].

Lacerta cinsinin taksonomisi oldukça karışık bir geçmişe sahiptir. Bu cins günümüzde dokuz tür ile temsil edilmektedir: *Lacerta agilis*, *Lacerta media*, *Lacerta mostoufi*, *Lacerta pamphylica*, *Lacerta schreiberi*, *Lacerta strigata*, *Lacerta tirilineata*, *Lacerta bilineata* ve *Lacerta viridis* [90-92]. Bu türlerden ikisi olan *Lacerta viridis* ve *Lacerta bilineata* yakın geçmişe kadar aynı türler olarak değerlendiriliyordu, ancak daha sonra üreme başarıları üzerine yapılan araştırmalar ve moleküler incelemeler ile bu iki grubun farklı türler olduğu ortaya çıkarılmıştır [93, 94]. Gerçekte morfolojik olarak bu türleri ayırt etmek zordur ve tanımlayıcı karakter olarak yavruların renkleri kullanılır [90, 93]. Bu iki türün, dağılımlarının kesiştiği alanda (Kuzeydoğu İtalya ve çevresinde) bir melezleşme bölgesi oluşturduğu da düşünülmektedir [90, 95].



Şekil 5: Yeşil kertenkelenin (*Lacerta viridis*) dağılım alanı [87].

Yeşil kertenkelenin taksonomik durumu ile ilgili bir başka belirsizlik de Türkiye’de dağılım gösteren alttürler ile ilgilidir. Schmidtler [96] ve Nettmann [90], Türkiye’de 3 farklı alttürün (*L. v. meridionalis*, *L. v. paphlagonica*, *L. v. infrapunctata*) bulunduğunu öne sürmüştür. Ancak Kumlutaş [97] tarafından yapılan morfolojik çalışmalar, bu 3 alttürün birbirinden ayırt edilemeyeceğini ve tek bir alttür tarafından temsil edilebileceğini göstermiştir. Arıkan ve ekibi [98] tarafından yapılan serolojik çalışmalar da benzer sonuçlara ulaşmıştır. Yakın geçmişte yapılan detaylı filocoğrafik analizler, yeşil kertenkelenin Türkiye popülasyonunun tek bir alttür ile temsil edilebileceğini (*L. v. meridionalis*), diğer iki alttürün de (*L. v. paphlagonica*, *L. v. infrapunctata*) sinonim olabileceğini ortaya çıkarmıştır [99]. Bütün bunlara ek olarak, Marzahn ve ekibinin [99] çalışmasında yeşil kertenkele için Avrupa’nın güneyinde ve Anadolu’da birkaç farklı sığınak olabileceğine işaret edilmiştir.

Bu çalışma kapsamında da Batı Paleartik bölgede dağılım gösteren yabani tavşan (*Lepus europaeus*), yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) ve orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*)’nın filocoğrafyası birbirinden bağımsız iki yaklaşım ile incelenecek ve özellikle bu türler ve genel olarak da omurgalı grupları için Anadolu’nun Son Buzul Maksimum (SBM)

dönemindeki rolü tartışılacaktır. Bu konuda yapılan pek çok çalışma olmasına rağmen, bu çalışma ile farklı taksonları aynı anda ele alıp, karşılaştırmalı filocoğrafya ve ekolojik niş modellemesi yaklaşımlarını bir araya getirerek söz konusu türlerin evrimsel tarihine yeni bir bakış açısı kazandırılması amaçlanmaktadır. Ele alınan türler hakkında verilerin bulunması ve hepsinin yerli türler olması, bu türlerin seçilmesinde önemli etmenler olmuştur.

2. YÖNTEMLER

2.1. Filocoğrafya Yöntemleri

2.1.1. Veri Setlerinin Oluşturulması

Yabani tavşan ve orman alaca ağaçkakanı için kullanılan mtDNA dizileri GenBank [100] aracılığı ile elde edilmiştir. Yeşil kertenkele için, GenBank'ın yanı sıra, ikisi Kırklareli ve biri Çanakkale'den olmak üzere üç mtDNA dizisi bu çalışma kapsamında elde edilmiş ve bu dizilerin birleştirildiği bir veri seti kullanılmıştır. DNA izolasyon protokolü olarak Böhme ve ekibi [86] çalışmasındaki protokol izlenmiştir. Elde edilen bütün diziler Geneious v. 9.1.2 [101] ve BioEdit v. 7.2.5 [102] programları ile hizalanmış ve kontrol edilmiştir. Bazı uzunluklarının aynı olmadığı durumlarda, yalnızca dizilerin birbirleri ile örtüştikleri bölgeler ele alınmış ve geri kalan kısımlar silinmiştir. Oluşturulan veri setlerinin haplotip ve nükleotid çeşitliliği, Tajima-D, Fu'nun Fs değeri gibi tanımlayıcı istatistikleri DnaSP v. 5.10 [103] programı ile hesaplanmıştır.

Bütün veri setleri için mutasyon modelleri (Model Test) MEGA v. 6.06 ile belirlenmiştir [104]. Model test sürecinde istatistiksel değerlendirme metodu olarak "Akaike Information Criteria" (AIC) değerleri dikkate alınmıştır. Yabani tavşanın mtDNA dizileri, beş farklı çalışmadan [77, 78, 79, 105, 106], orman alaca ağaçkakanının iki farklı çalışmadan [84, 107], yeşil kertenkelenin de iki farklı çalışmadan elde edilmiştir [86, 99].

Kullanılan bütün dizilerin GenBank erişim numaraları Ek 1 ve Ek 2'de verilmiştir. Elde edilen veri setlerinin tanımlayıcı özellikleri Çizelge 5'te verilmiştir. Ayrıca bütün türler için örneklem haritaları Şekil 6, 7, 8'de verilmiştir.

Çizelge 5: Filocoğrafi analizlerde kullanılan veri setleri.

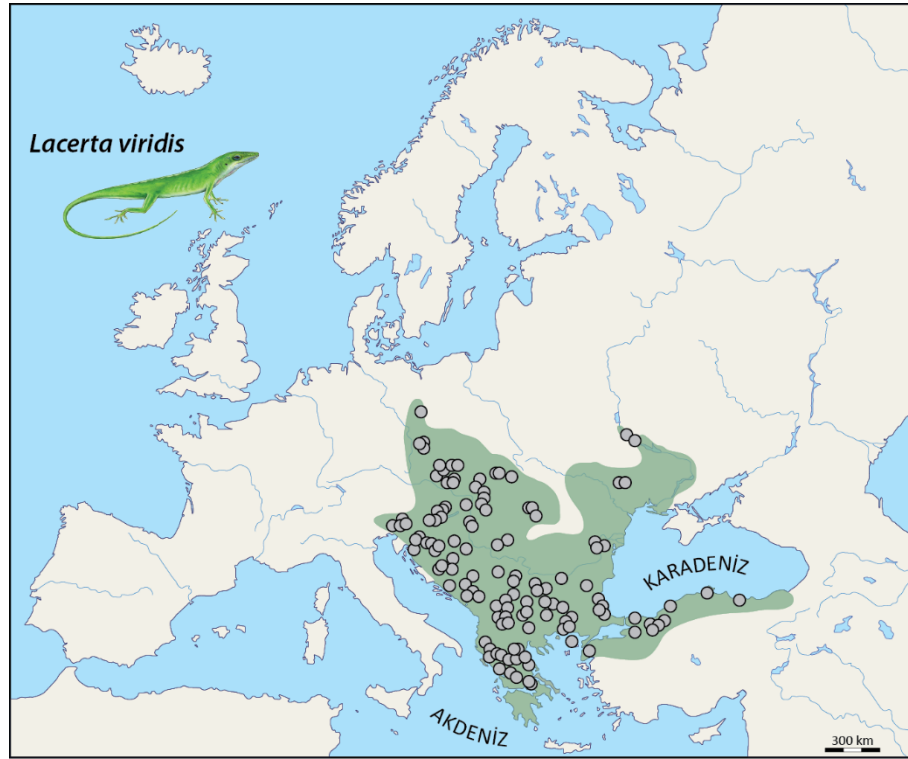
Tür	mtDNA Bölgesi	Baz Uzunluğu	Dizi Sayısı (N)	Referanslar
Yabani tavşan	Kontrol Bölgesi (D-Loop)	343	1014	[77-79, 105, 106]
Orman alaca ağaçkakarı	ND2	352	113	[84, 107]
Yeşil kertenkele	Sitokrom b (cyt-b)	704	426	[86, 99]



Şekil 6: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) örneklem haritası.



Şekil 7: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) örneklem haritası (Perktaş ve Quintero'dan [84] düzenlenerek alınmıştır. Popülasyon isimleri Ek 3'te verilmiştir).



Şekil 8: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) örneklem haritası.

2.1.2. Filogenetik Ağaçların Oluşturulması

Yabani tavşan ve yeşil kertenkele için hem Bayesian ağaçları hem de parsimoni ağaçları çizilmiştir. Ancak, orman alaca ağaçkakanı için veri setinin elde edildiği çalışmada [84] Bayesian ve parsimoni ağaçlarının hali hazırda çizilmiş olmasından dolayı bu çalışmada herhangi bir filogenetik ağaç çizilmemiştir.

Yabani tavşanın Bayesian ağacı için mutasyon modeli HKY (Hasegawa, Kishino and Yano) olarak belirlenmiştir. Diğer bütün parametrelerin “varsayılan” olarak bırakıldığı analiz, 100 milyon “Markov Zinciri Monte Carlo” (Markov Chain Monte Carlo - MCMC) uzunluğunda yürütülmüştür. Yabani tavşanın filogenetik analizlerinde toplam 10 farklı taksona ait dizi, dış grup olarak kullanılmıştır (Çizelge 6).

Yeşil kertenkele için oluşturulan Bayesian ağacı için mutasyon modeli TN93+G+I (Tamura and Nei 1993) olarak belirlenmiştir. Moleküler saat ve diğer parametreler “varsayılan” olarak bırakılmış ve analiz 10 milyon MCMC uzunluğunda yürütülmüştür. Yürütülen bu filogenetik analizlerde toplam sekiz farklı dizi dış grup olarak kullanılmıştır (Çizelge 7).

İki tür için de oluşturulan parsimoni ağaçları “Branch-Swapping-Algorithm” ile “Simple” metotları izlenerek oluşturulmuştur. Parsimoni ağaçları oluşturulurken en fazla 100 ağaç oluşturulmasına izin verilmiştir. Her bir baskın soy hattının posterior olasılık değerleri ağaçlar üzerinde belirtilmiştir. Bayesian ağaçları BEAST v.1.7.5 programı ile oluşturulurken, parsimoni ağaçları PAUP* v. 4.0a147 [108] programı ile oluşturulmuştur.

Çizelge 6: Yabani tavşanın filogenetik analizleri için kullanılan dış gruplar.

Tür	GenBank Erişim Numarası
<i>Lepus oiostolus</i>	HM233212
<i>Lepus sinensis</i>	HM233300
<i>Lepus castroviejoii</i>	JN037383
<i>Lepus corsicanus</i>	JN037389
<i>Lepus capensis</i>	JN037391
<i>Lepus arcticus</i>	JN037394
<i>Lepus othus</i>	JN037397
<i>Lepus americanus</i>	JN037399
<i>Lepus californicus</i>	JN037402
<i>Lepus townsendii</i>	JN037405

Çizelge 7: Yeşil kertenkelenin filogenetik analizleri için kullanılan dış gruplar.

Tür	GenBank Erişim Numarası
<i>Lacerta agilis</i>	LN835019
<i>Lacerta agilis</i>	LN835020
<i>Lacerta agilis</i>	AM292994
<i>Lacerta media</i>	LN835021
<i>Lacerta schreiber</i>	LN835023
<i>Lacerta trilineata</i>	LN835028
<i>Lacerta trilineata</i>	LN835029
<i>Lacerta strigata</i>	LN835024
<i>Timon lepidus</i>	GQ142119

2.1.3. Demografik Analizler

Soy hatlarının zaman içindeki etkin popülasyon büyüklüğü değişimleri “Bayesian Skyline Plot” [109] analizi ile incelenmiştir. Bu analizler BEAST v.1.7.5 [110] programı ile gerçekleştirilmiştir. Kullanılan veri setinin (varyasyon miktarı, dizi uzunluğu vb. gibi) özelliklerine göre analizler farklı MCMC uzunluklarında yürütülmüştür. Bu değerler, 10 milyon ile 250 milyon zincir uzunluğu arasında değişmektedir (Çizelge 8). Bütün MCMC zincirlerinin % 10’luk dilimi (burn-in) değerlendirmeye katılmamıştır.

Demografik analizler, filogenetik analizlerin sonucunda ortaya çıkan her bir soy hattının farklı bir evrimsel tarihe sahip olduğu düşünülerek, bu soy hatları için ayrı ayrı yapılmıştır. Buna göre yabani tavşan için iki, orman alaca ağaçkakanı için bir, yeşil kertenkele için üç soy hattı analize sokulmuştur (Çizelge 8). Yeşil kertenkelenin bir soy hattı (Güney Yunanistan) yeterli örneklem büyüklüğünde olmadığı için demografik analizlere dahil edilmemiştir. Yabani tavşanın Avrupa soy hattı için yürütülecek demografik analizlerde, veri setinin büyüklüğü sebebiyle farklı bir yöntem izlenmiştir. Avrupa soy hattı için toplamda 907 dizi olması analizleri zorlaştırdığı için, bu veri setinden rastgele 200 farklı dizi seçilerek yeni bir veri seti oluşturulmuştur. Bu indirgenmiş veri setinden elde edilecek sonuçların güvenilirliğini ve tekrarlanabilirliğini gösterebilmek için, ilk seçilen sayılardan farklı sayılar olmak üzere, tekrar rastgele 200 dizi daha seçilerek ikinci bir veri seti oluşturulmuştur. Bu iki veri seti de 100’er milyonluk MCMC uzunluklarıyla analize sokulmuştur.

Çizelge 8: Demografik analizler için kullanılan mutasyon modelleri ve MCMC uzunlukları

Tür-Soy hattı	Mutasyon Modeli (AIC)	MCMC uzunluğu
Yabani tavşan - Ortadoğu	GTR+G+I	200 milyon
Yabani tavşan - Avrupa	HKY+G+I	100 milyon
Orman alaca ağaçkakarı	HKY	50 milyon
Yeşil kertenkele – Adriyatik	HKY	100 milyon
Yeşil kertenkele – Orta Avrupa	TN93+G	250 milyon
Yeşil kertenkele - Anadolu	TN93+G+I	50 milyon

2.2. Ekolojik Niş Modellemesi Yöntemleri

2.2.1. Çalışma Alanı

Bu tez çalışması Batı Palearktık bölge içerisinde dağılan türler ile ilgilendiği için, çalışma alanı bütün türler için sabit tutulup 12° batı ve 60° doğu boylamları ile 25° ve 73° kuzey enlemleri arasında seçilmiştir. (Şekil 9).



Şekil 9: Çalışma alanı (12° Batı – 60° Doğu boylamı; 25° - 73° Kuzey enlemi).

2.2.2. Gözlem Kayıtları

İlgilenilen türlerin gözlem kayıtları, büyük oranda (yeşil kertenkele hariç) GBIF [111] çevrimiçi veri bankasından elde edilmiştir. Bunun yanında, ilgilenilen türlerin gözlem kayıtlarını elde etmek için kullanılan kaynaklar aşağıda ayrıca belirtilmiştir.

Gözlem kayıtlarının modelleme algoritmalarında kullanımı ile ilgili karşılaşılan en yaygın problemlerden biri, bu kayıtların dağılım alanı içerisinde farklı yoğunluklarda olmasıdır. Bu durum, modelin yanlış bir sonuç vermesine sebep olabilir. Örneğin, dağılım alanı içerisinde kimi bölgelerden daha fazla, kimi bölgelerden ise daha az kayıt gelmesi, model sonuçlarını etkilemektedir. Bu çalışmada, bu sorunun düzeltilmesi için, bir ArcGIS 10.1 [112] uzantısı olan SDMtoolbox [113] kullanılmıştır. Bu araç kutusunun “Alansal Dağılım Modelleri için Gözlem Verilerini Seyreltme” (Spatially Rarefy Occurrence Data for SDMs) özelliği kullanılarak, tekrarlayan gözlem kayıtları elenmiş, her tür için belirlenen mesafelere uygun bir şekilde seyreltilmiştir. Bu sayede gözlem kayıtlarının tür dağılım alanı içerisinde daha homojen bir dağılıma kavuşması amaçlanmıştır.

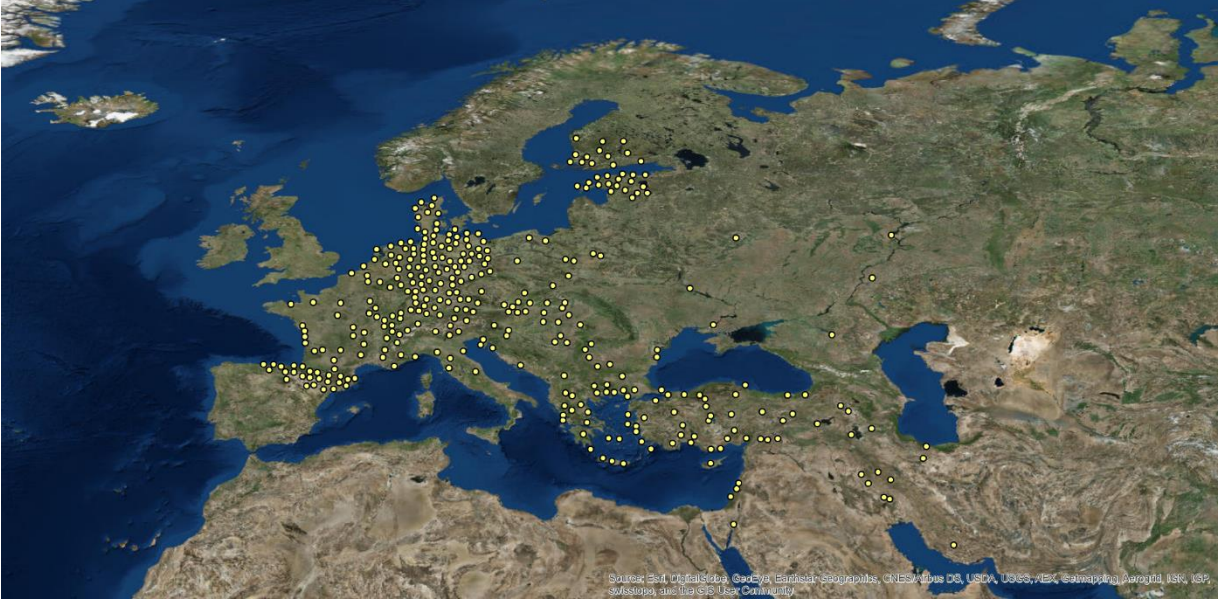
Bu seyreltme metodunun da dağılımdaki yanlışlığı ortadan kaldırmadığı durumlarda, “yanlılık” (bias) adı verilen dosya ile modellemeye fazladan bir parametre eklenebilmektedir. Bu yanlış dağılımı bertaraf etmek için “Gaussian Kernel Density” metodu ile bir “yanlılık” dosyası oluşturulmuştur [114, 115]. Bu işlem yine SDMtoolbox üzerinden “Örneklem lokalitelerinin Gaussain Kernel Yoğunluğu” (Gaussian Kernel Density of Sampling Localities) komutu ile yapılmıştır. İşlem sonucu elde edilen yanlılık dosyası, her farklı modelleme için bir parametre olarak kullanılmıştır. Ancak, bu çalışma tek bir tür ile ilgilenmediği için, her bir tür için elde edilen gözlem kayıtları farklılık göstermektedir. Buna bağlı olarak, türler için kullanılan seyreltme mesafeleri ve yanlılık dosyaları farklı değerler ile oluşturulmuştur.

Yabani tavşanın gözlem kayıtları GBIF’in yanı sıra VertNet [116] ve TRAMEM [117] veri tabanlarından alınmıştır. Batı Paleartik bölge için toplamda 13.640 adet gözlem kaydına ulaşılmıştır (Şekil 10). Elde edilen bu kayıtlarda, örneklemin homojen bir şekilde dağılmadığı göze çarpmaktadır. Bazı bölgelerden gelen kayıtlar (Örn: Pirene Dağları, Almanya, Estonya) diğer alanlara göre daha yoğundur. Bu yoğun kayıtlar, modelleme algoritmasında tek yönlü bir etkiye sebep olmaması için uygun mesafe aralıklarıyla seyreltilerek yanlılığın azaltılması hedeflenmiştir. Seyreltme mesafesi seçilirken, türün dispersal yeteneği göz önüne alınmıştır.

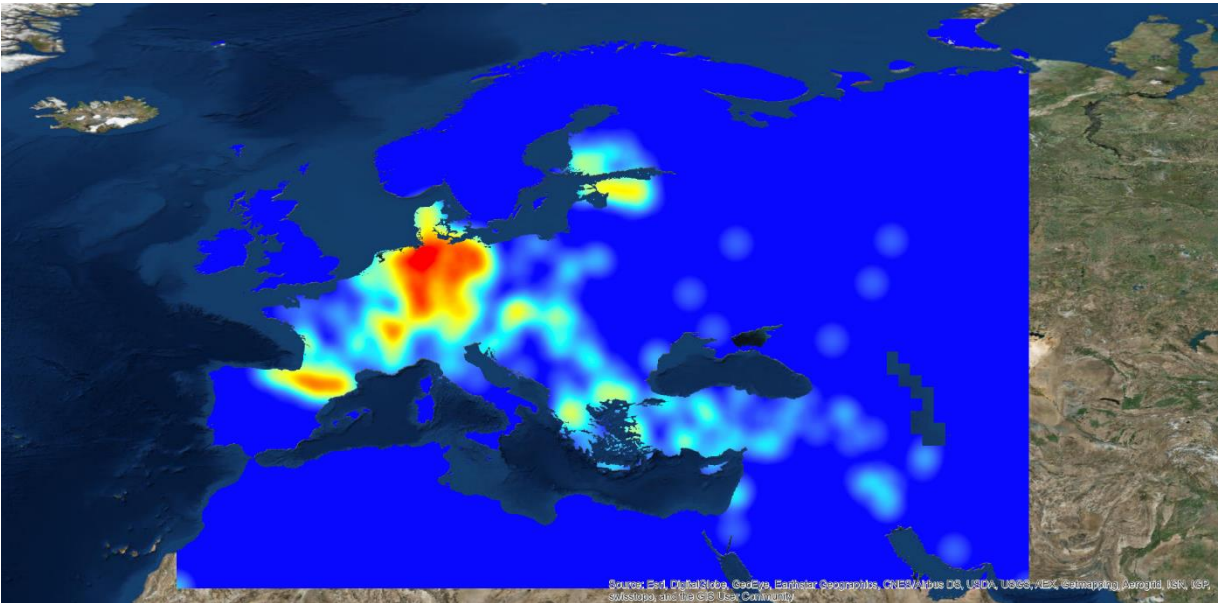


Şekil 10: Yabani tavşanın (*Lepus europaeus*) ham gözlem kayıtları.

Örnek olarak, insan eliyle Güney Amerika'ya taşınmış olan yabani tavşanın dispersal mesafesinin Bolivya'da yılda 30 km'ye kadar çıkabileceği ortaya konmuştur [118]. Ayrıca daha önceki çalışmalarda yabani tavşanın Brezilya'daki dispersal mesafesinin yılda 37 km olduğu da gösterilmiştir [119]. Seyreltme işlemi kapsamında 7.022 gözlem kaydı tekrarlandığı için silinmiş, kalan 6.618 nokta ise her 50 km'de bir nokta seçilecek şekilde seyreltilmiştir. Sonuç olarak türün dağılımını daha dengeli bir şekilde yansıtan 348 gözlem kaydı kalmıştır (Şekil 11). Ancak Şekil 11'de de görüldüğü üzere, bu seyreltme işlemine rağmen bazı bölgelerde, diğer bölgelere kıyasla hâlâ daha yoğun gözlem kaydına rastlanmaktadır. Devam eden bu örneklem yanlılığını düzeltmek için, seyreltilmiş gözlem kayıtlarının Gaussian Kernel Yoğunluğu oluşturulmuştur (Şekil 12). Örneklem yanlılık mesafesi Perктаş ve ekibinin [31] çalışması takip edilerek 2° olarak belirlenmiştir. Bu yoğunluk dosyası, temel olarak çevresinde daha az gözlem kaydı bulunan kayıtların, modelleme algoritmasında daha ağırlıklı olarak değerlendirilmesini sağlamaktadır.



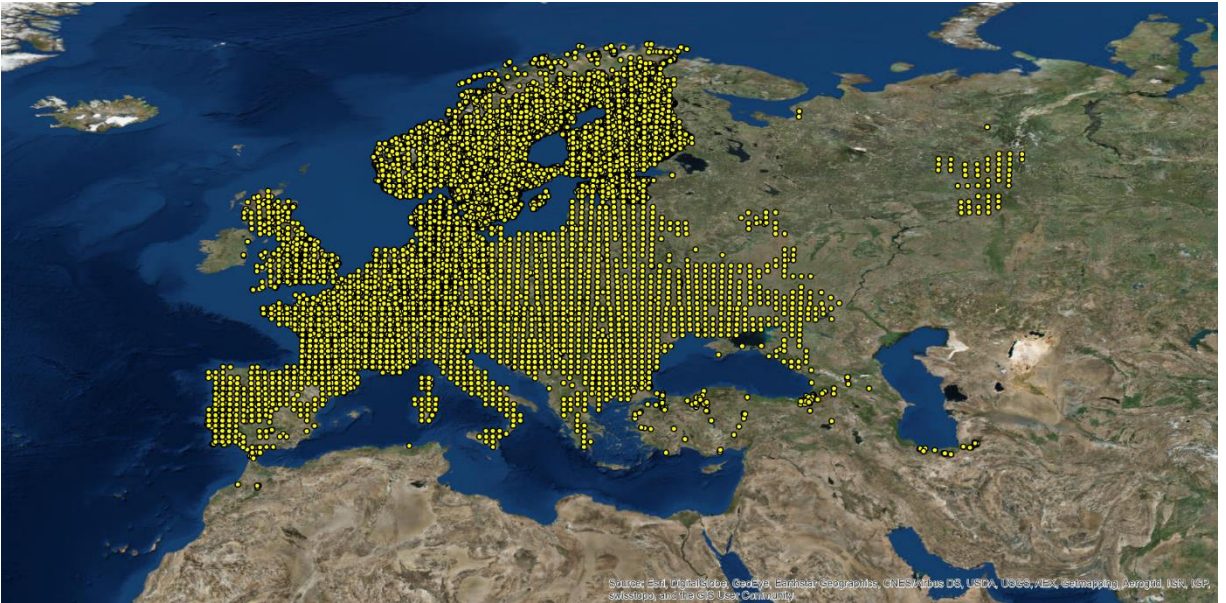
Şekil 11: Yabani tavşanın (*Lepus europaeus*) seyreltilmiş gözlem kayıtları.



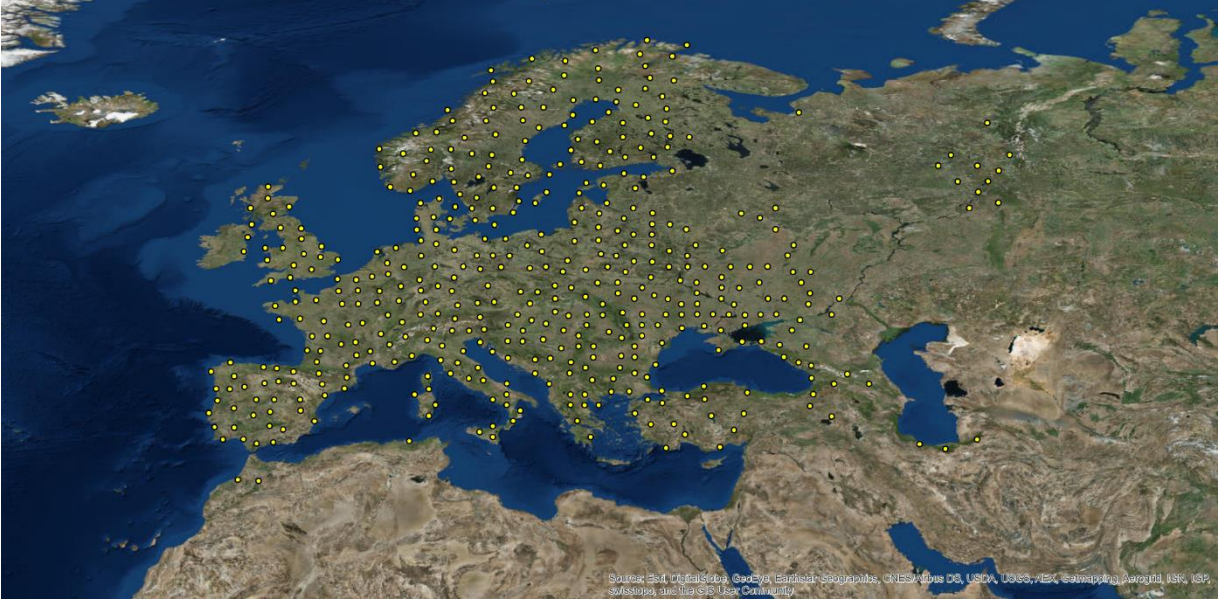
Şekil 12: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) Gaussian Kernel Yoğunluğu (Mavi renkten kırmızıya doğru alansal yanlılık değerleri artmaktadır).

Orman alaca ağaçkakanının gözlem kayıtları GBIF ve eBird [120] veri bankalarından elde edilmiştir. Toplamda 182.103 kayda ulaşılmıştır (Şekil 13). Bu veri setinden, tekrarlayan 140.060 gözlem kaydı silinmiş, geri kalan 42.043 kayıt da 100 km aralıklar ile seyreltilmiştir. Orman alaca ağaçkakanı, yapısı gereği uzun mesafelerde hareket edebileceği için seyreltme mesafesi 100 km olarak belirlenmiştir. Son olarak, 1612 gözlem kaydı modelleme için kullanılmıştır (Şekil 14). Yabani tavşanda olduğu gibi Gaussian Kernel Yoğunluğu, 2° olarak belirlenmiştir (Şekil 15).

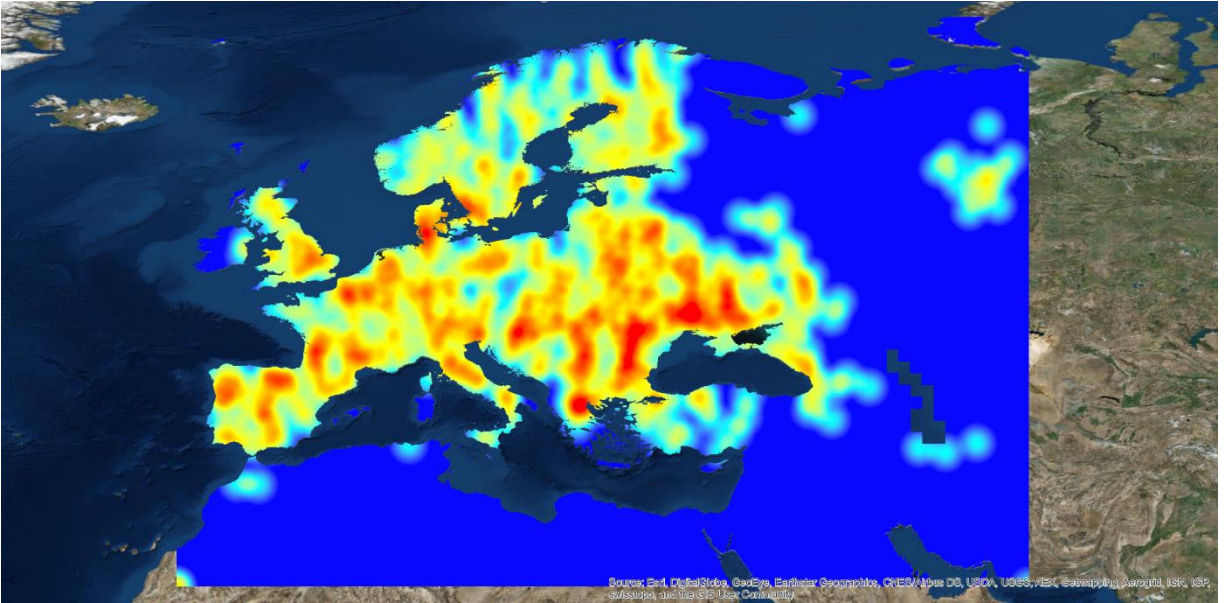
Yeşil kertenkele için kullanılan 401 gözlem kaydı, Marzahn ve ekibi [99] tarafından yapılan çalışmadan elde edilmiştir. Bu gözlem kayıtlarına ek olarak Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi'nden Prof. Dr. Varol Tok'un elde ettiği beş gözlem kaydı da çalışmaya eklenmiş, toplamda 406 gözlem kaydına ulaşılmıştır. Elde edilen gözlem kayıtları harita üzerinde Şekil 16'da gösterilmiştir. Alansal örneklem yanlılığını gidermek adına, yabani tavşan için izlenen yöntem izlenmiş ve gözlem kayıtları türün dispersal mesafesi göz önüne alınarak 15 km'de bir nokta seçilecek şekilde seyreltilmiştir (Şekil 17). Türün davranışsal özellikleri üzerine yapılan daha önceki çalışmalarda, yeşil kertenkelenin dispersal özelliğinin 5 km'nin üzerinde olduğu belirtilmiştir [88, 89]. Bu seyreltme sonucunda, modellemede kullanılmak üzere geriye 145 kayıt kalmıştır. Gaussian Kernel Yoğunluğu 2° olarak belirlenmiştir (Şekil 18).



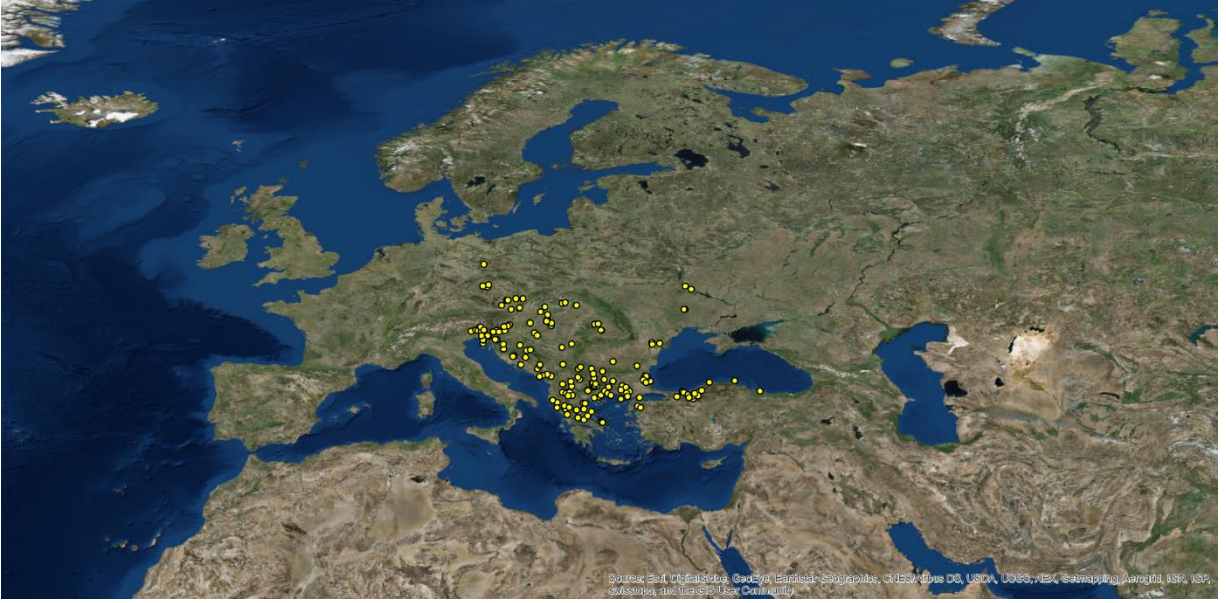
Şekil 13: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) ham gözlem kayıtları.



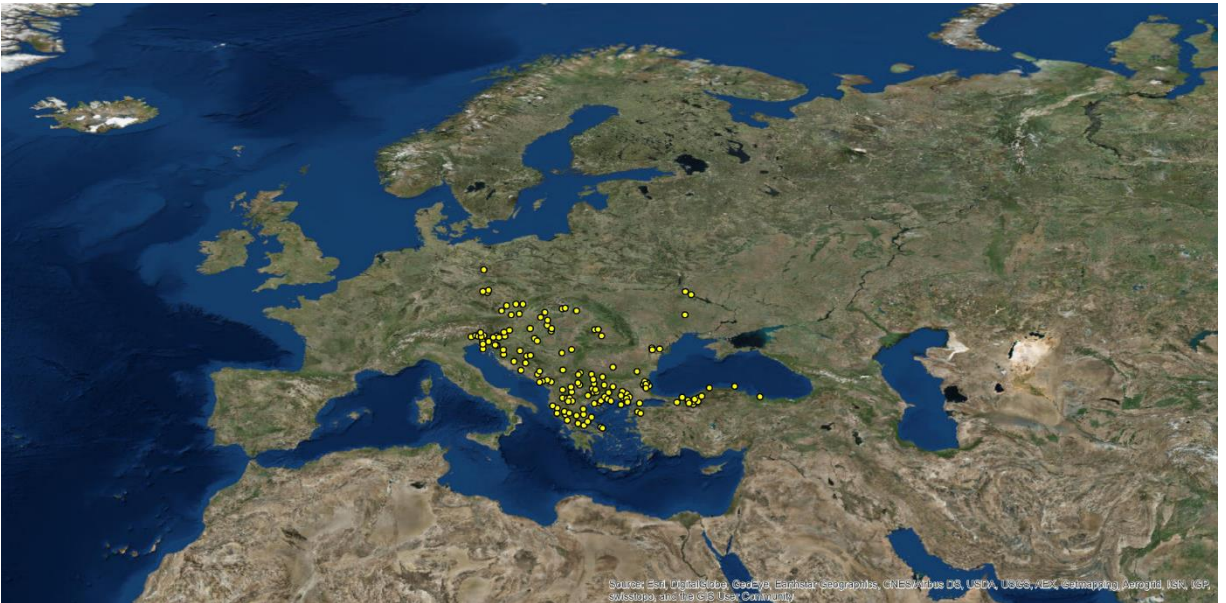
Şekil 14: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) seyreltilmiş gözlem kayıtları.



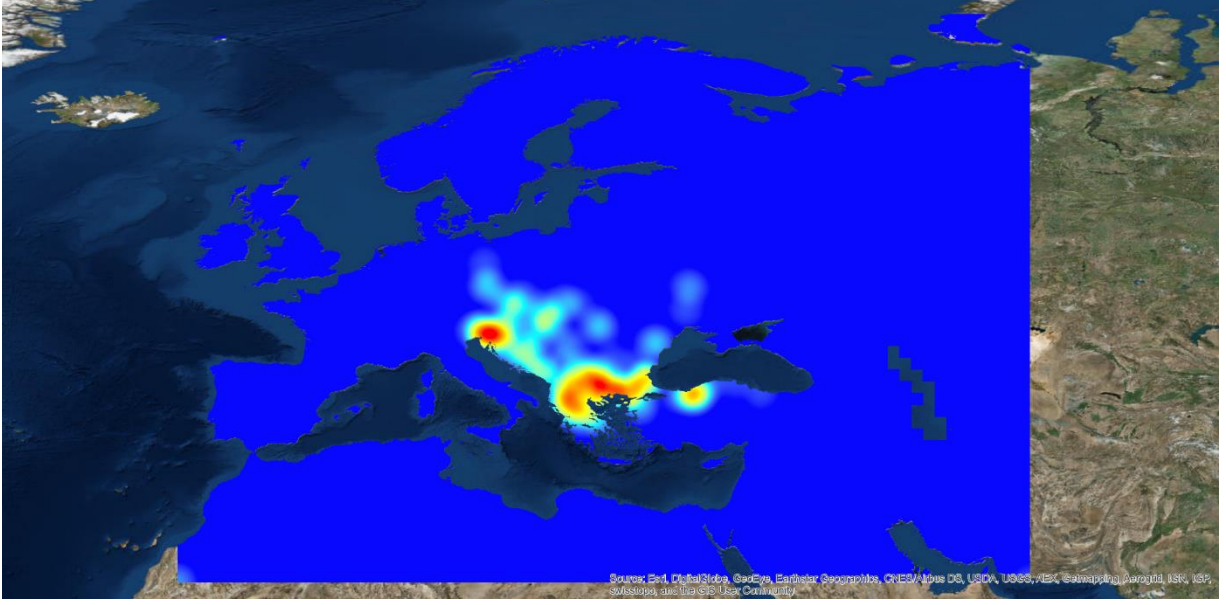
Şekil 15: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) Gaussian Kernel Yoğunluğu (Mavi renkten kırmızıya doğru alansal yanlılık değerleri artmaktadır).



Şekil 16: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) ham gözlem kayıtları.



Şekil 17: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) seyreltilmiş gözlem kayıtları.



Şekil 18: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) Gaussian Kernel Yoğunluğu (Mavi renkten kırmızıya doğru alansal yanlılık değerleri artmaktadır).

2.2.3. İklimsel Değişkenler

Bu çalışmada kullanılan iklimsel değişkenler, WorldClim'den [47] alınmıştır. WorldClim veri tabanında farklı çözünürlüklerde ve farklı modelleme yöntemleri ile oluşturulmuş iklimsel veriler bulunmaktadır. Bu veriler 30 saniye, 2,5 dakika, 5 dakika ve 10 dakika olarak 4 farklı çözünürlükte sunulmaktadır. 30 saniyelik biyoiklimsel verinin çözünürlüğü ekvatorda $0,93 \times 0,93 = 0,86 \text{ km}^2$ 'dir. Bu çalışmadaki kullanılan veriler 2,5 dk. çözünürlükte (4,65 x 4,65 = 21,6225 $\text{km}^2 \sim 20 \text{ km}^2$). Günümüz iklimsel değişkenleri için 1950-2000 arasında küresel ve bölgesel meteoroloji istasyonlarından toplanan iklim verileri ile oluşturulan veri seti kullanılmıştır. SBM dönemi için kullanılan veriler ise üç farklı genel sirkülasyon (GCM) modelinden elde edilmiştir: CCSM4, MIROC-ESM ve MPI-ESM-P.

Bu kaynaktan elde edilen veri setinde, Bölüm 1.2.2'de açıklanan 19 farklı biyoiklimsel değişken vardır. Bu iklimsel değişkenler, çalışma alanının koordinatlarına uygun olarak kesilmiştir. Ancak, her bir modelleme için 19 biyoiklimsel değişkeni kullanmak yerine, bu değişkenlerin birbiri ile olan korelasyon değerleri hesaplanmış ve yüksek oranda benzer iklimsel değişken çiftlerinden sadece birisi analize dahil edilmiştir. Bu sayede, modellemelerde sıklıkla karşılaşılan, değişkenlerin çoklu bağıntı (multicollinearity)

sergilemesi durumu ortadan kaldırılmıştır. Bu değerleri hesaplamak için, iklimsel değişkenler belirli bir sıraya göre analize sokulmuştur. Bu sıralama şu şekildedir: BIO4, BIO7, BIO10, BIO11, BIO5, BIO6, BIO8, BIO9, BIO1, BIO2, BIO3, BIO15, BIO18, BIO19, BIO16, BIO17, BIO13, BIO14 ve BIO12. Elde edilen sonuçlara göre, birbirleri ile ≥ 0.95 korelasyon değeri gösteren çiftlerden biri elenmiş, toplamda 13 adet değişken analiz için kullanılmıştır (BIO2-4, BIO7-11, BIO15-19). Burada, bir değişkenin silinip silinmemesi, analize sokulan bir önceki değişkene doğrudan bağlı olduğu için, bu sıralama oluşturulurken mevsimsellik değişkenleri ön plana alınmıştır.

2.2.4. Modelleme Aşaması

Biyoiklimsel değişkenler ve gözlem kayıtlarının düzenlenmesinden sonra modelleme Maxent sürüm 3.3.3k algoritması ile yürütülmüştür. Maxent yazılımı tek başına kullanılabilirdiği gibi, ArcGIS programı aracılığıyla da kullanılabilir. Bu çalışma kapsamındaki tüm modellemeler, bir ArcGIS uzantısı olan SDMtoolbox aracılığı ile yürütülmüştür. Model çapraz doğrulama (cross-validation) yöntemi ile 10 tekrarlı yürütülmüştür. Modellemelerde düzenleme çarpanı (regularization multiplier) 1, 2, 3, 5, 7 ve 10 olarak belirlenmiştir. Böylece, Maxent algoritmasının 5 farklı özellik (feature) seti (1. linear; 2. linear ve quadratic; 3. hinge; 4. linear, quadratic, ve hinge; 5. linear, quadratic, hinge, product, ve threshold), düzenleme çarpanlarıyla 40 farklı kombinasyon oluşturmuştur. Model seçimi, bu 40 model sonucundan şu sıraya göre otomatik olarak yapılmıştır: (1) En düşük omisyon oranı veren model, (2) en yüksek AUC değeri veren model, (3) en basit özellik seti içeren model. Modeller, AUC değerleri üzerinden değerlendirilmiştir. Bunun için temel alınan değerler şu şekildedir: $AUC > 0.9$ = çok iyi, $0.8 < AUC < 0.9$ = iyi, $AUC < 0.8$ = kötü [58].

3. SONUÇ VE TARTIŞMA

3.1. Filocoğrafi Analiz Sonuçları

3.1.1. Yabani Tavşan Filocoğrafi Analiz Sonuçları

Yabani tavşan için oluşturulan veri setinde toplamda 285 haplotip bulunmuştur. Tanımlayıcı istatistikleri beş coğrafi bölge için hesaplanmıştır. Bu coğrafi bölgeler, Anadolu, Balkanlar, Kuzey İtalya, Kuzey İber ve Orta Avrupa olarak belirlenmiştir. Bu sonuçlara göre haplotip ve nükleotid çeşitliliğinin en yüksek olduğu bölge Anadolu olarak karşımıza çıkmaktadır. Daha sonra sırası ile Balkanlar, Kuzey İtalya, Orta Avrupa ve Kuzey İspanya gelmektedir (Çizelge 9).

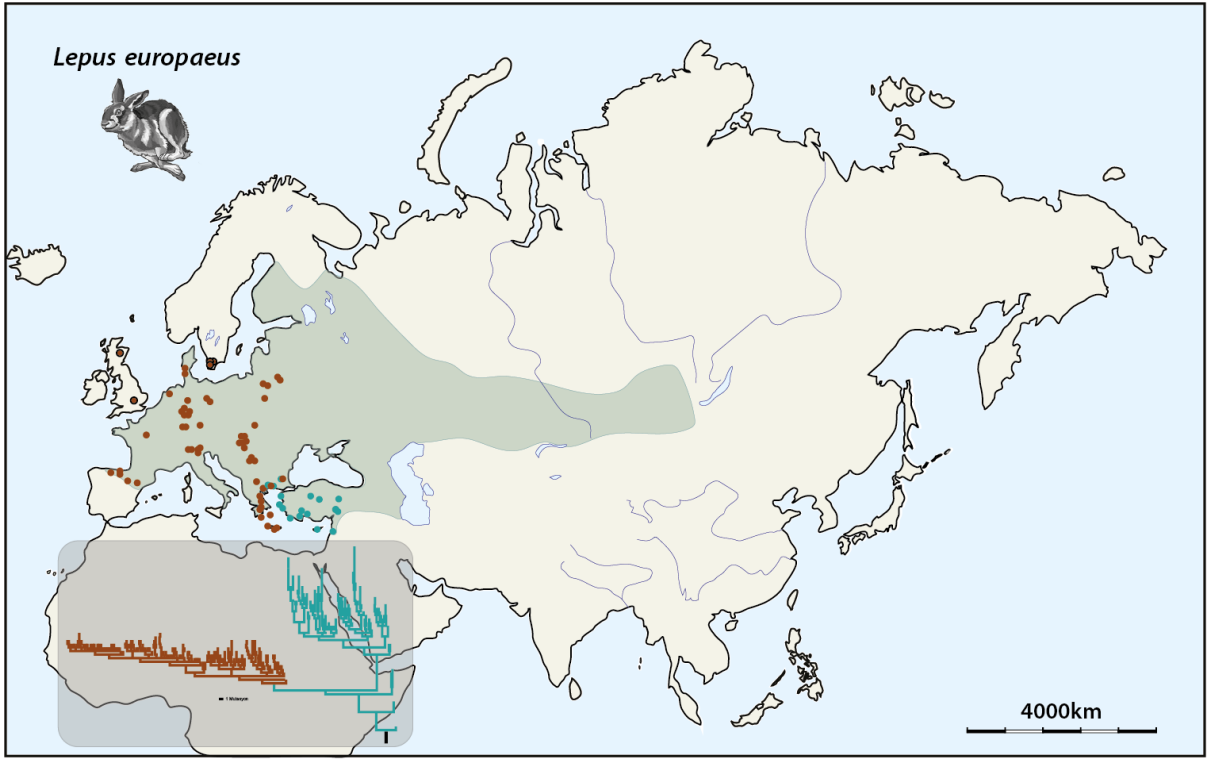
Çizelge 9: Yabani tavşan için oluşturulan veri setinin tanımlayıcı istatistikleri (**N**: Örneklem sayısı; **H**: Haplotip sayısı; **h**: haplotip çeşitliliği π : Nükleotid çeşitliliği)

Bölge	N	H	<i>h</i>	π	Fu-Fs	Tajima-D
Anadolu	86	79	0.998	0.040729	-34.067	-1.1182
Balkanlar	111	86	0.994	0.03165	-89.109	-1.0839
Orta Avrupa	770	100	0.927	0.008425	-129.195	-1.9218
Kuzey İtalya	31	15	0.918	0.010927	-5.119	-0.4926
Kuzey İber	16	5	0.783	0.005672	1.8025	0.182

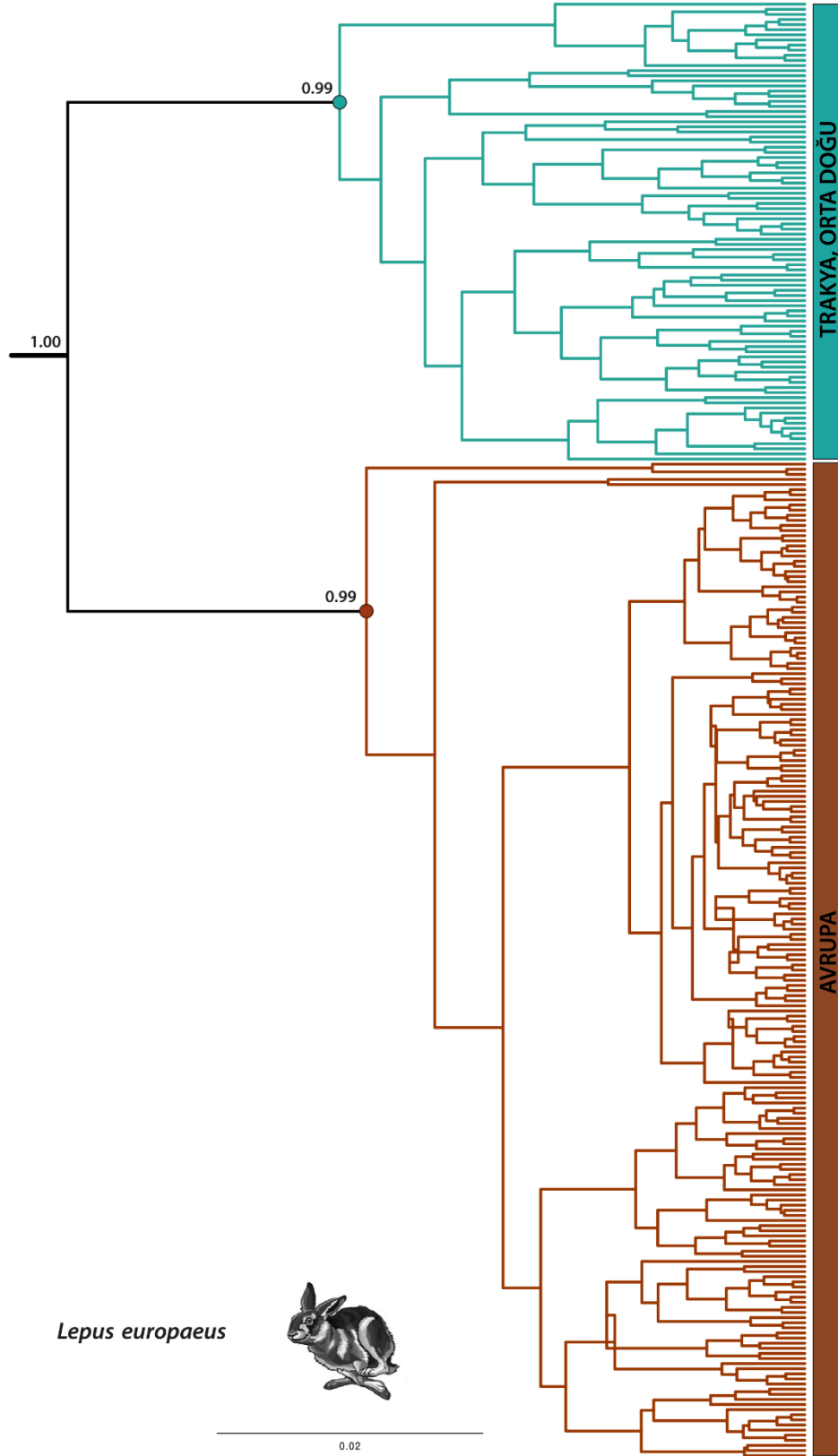
Yabani tavşan için çizilen Bayesian ve parsimoni ağaçları, tür içinde birbirinden bağımsız iki farklı soy hattına işaret etmektedir (Şekil 19 ve 20 - detaylı parsimoni ağacı, uzunluğundan dolayı Ek 4'te verilmiştir). Çizilen parsimoni ağacında kullanılan 343 karakterin 132 tanesi parsimoni analizi için bilgi verici karakterlerdir. Bu ağacın uzunluğu 823 mutasyon adımından oluşmaktadır. Aynı zamanda bu veri setinde yüksek oranda homoplazi olduğu ortaya çıkmıştır. Homoplazi indeksi 0.7169 olarak bulunmuş, parsimoni açısından bilgi vermeyen bölgeler çıkartıldığında da bu değer 0.7574 değerine yükselmiştir.

Bu iki soy hattından biri Trakya ve Ortadoğu'da gözükmektedir, diğeri Avrupa'nın genelinde gözükmektedir. Balkanlarda ve Yunanistan'da bu iki soy hattından da bireylere

rastlanmaktadır. Oluşturulan ağaçlarda bazı haplotipler köke yakın konumlanmıştır. Bu haplotiplerin numaraları ve coğrafi konumları şu şekildedir: 281, 282, 283 (Kuzeydoğu Yunanistan), 284 (Lefkada Adası, Yunanistan), 285 (Trakya), 176 ve 188 (Manavgat). Bunun yanı sıra, diğerlerinden oldukça farklılaşmış bazı haplotipler de göze çarpmaktadır. Bu haplotipler ise şunlardır: 19 (Anadolu –tam konum belirtilmemiştir-), 22 (Kuzey İsrail), 169 ve 170 (Suruç, Urfa).

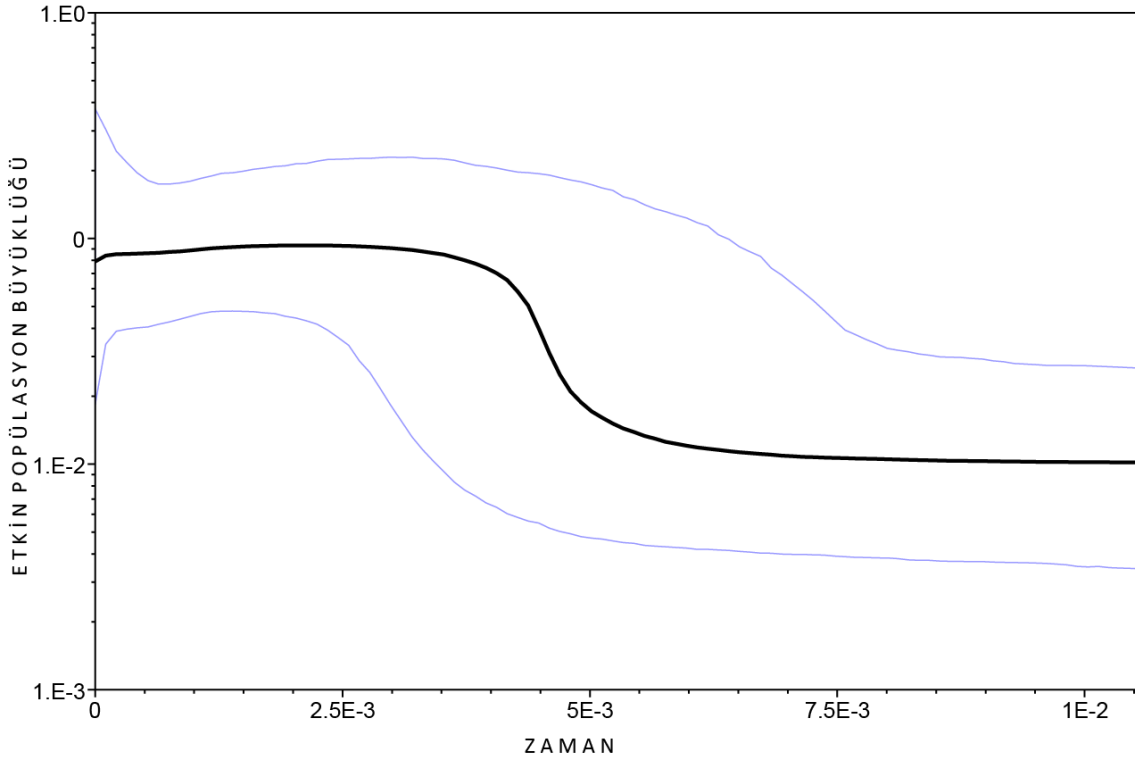


Şekil 19: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) için oluşturulan parsimoni ağacı ve soy hatlarının coğrafi konumu.

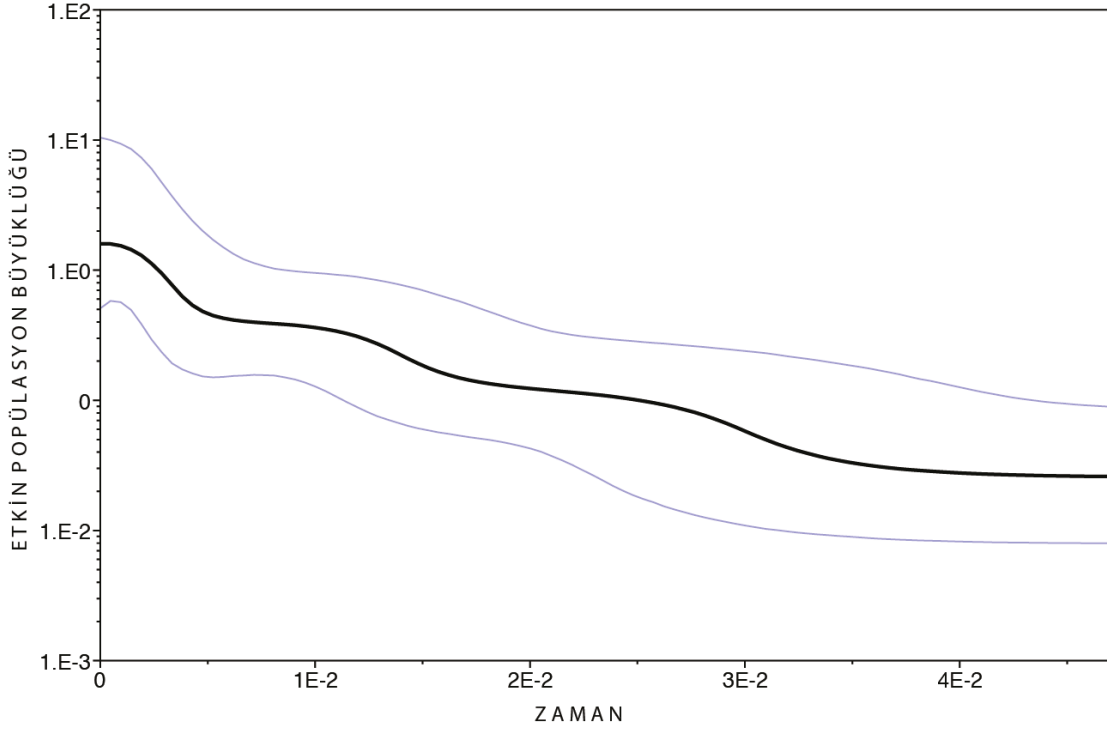


Şekil 20: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) için oluşturulan Bayesian ağacı.

Yabani tavşanın demografik analizleri, Avrupa soy hattının etkin popülasyon büyüklüğünde bir artış göstermektedir. Daha önceki çalışmalarda, *Lepus* cinsi için kontrol bölgesinin mutasyon oranı milyon yılda %12,4 olarak hesaplanmıştır [121]. Bu oran dikkate alındığında, Avrupa soy hattında SBM döneminin hemen ardından etkin popülasyon büyüklüğünde bir artış gözlenmektedir. Avrupa için test edilen 2 veri seti de birbiri ile çok yüksek oranda aynı sonucu verdiği için burada sadece ilk oluşturulan veri setinin sonuçları verilmiştir (Şekil 21). Trakya – Ortadoğu soy hattında ise zaman içinde daha dengeli bir etkin popülasyon büyüklüğü artışı gözlenmektedir (Şekil 22). Grafikteki zaman skalası ham koalesent değerleri göstermektedir.



Şekil 21: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) Avrupa soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi (Bayesian Skyline Grafiği – Siyah çizgi medyan değeri verirken, mavi çizgi arasında kalan bölge güven aralığını göstermektedir).

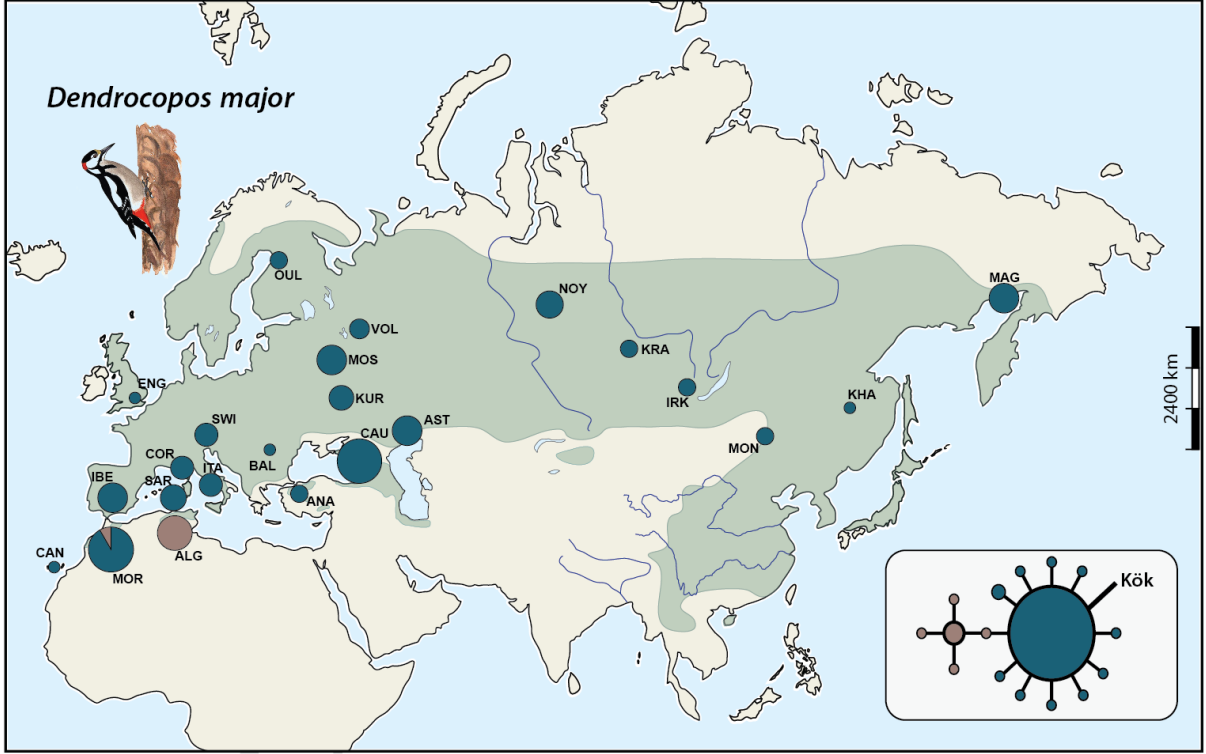


Şekil 22: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) Trakya – Ortadoğu soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi (Bayesian Skyline Grafığı – Siyah çizgi medyan değeri verirken, mavi çizgi arasında kalan bölge güven aralığını göstermektedir).

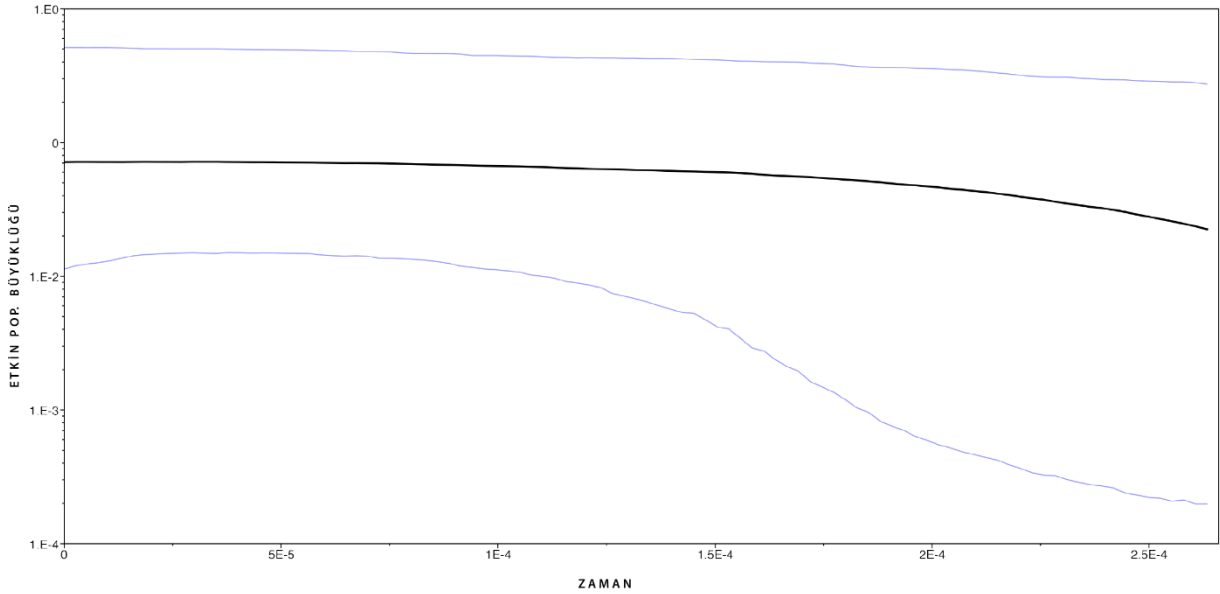
3.1.2. Orman Alaca Ağaçkakanı Filocoğrafi Analiz Sonuçları

Bu çalışmada kullanılan veri setinin tanımlayıcı istatistikleri ve filogenetik ağaçları, dizilerin alındığı çalışmalarda hesaplandığı için tekrar hesaplanmamıştır. Perkaş ve Quintero'da [84] oluşturulan haplotip ağı Şekil 23'de verilmiştir. Bu haplotip ağının yıldız şeklinde olması, popülasyonda hızlı bir genişlemeye işaret etmektedir.

Veri setindeki düşük polimorfizm oranı, geriye dönük yapılan demografik analizlerdeki tahmin gücünü sınırlamıştır. Analiz, diğer türlere kıyasla, etkin popülasyon büyüklüğündeki değişimi daha kısa bir zaman aralığı için tahmin etmiştir (Şekil 24). Şekildeki zaman skalası ham koalesent değerlerini göstermektedir. Etkin popülasyon büyüklüğü, omurgalılarıdaki mitokondriyal DNA'ya ait mutasyon oranları dikkate alındığında (milyon yılda %2, %4, %10 mutasyon oranları), SBM sonrasında sınırlı bir artış göstermiştir.



Şekil 23: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) haplotip ağı (Perktaş ve Quintero'dan [84] düzenlenerek alınmıştır).



Şekil 24: Orman alaca ağaçkakanında (*Dendrocopos major*) zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi (Bayesian Skyline Grafiği – Siyah çizgi medyan değeri verirken, mavi çizgi arasında kalan bölge güven aralığını göstermektedir).

3.1.3. Yeşil Kertenkele Filocoğrafi Analiz Sonuçları

Yeşil kertenkelenin tanımlayıcı istatistikleri Anadolu ve Avrupa olmak üzere 2 coğrafi bölge temelinde hesaplanmıştır. Bu sonuçlara göre, Anadolu'daki haplotip çeşitliliğinin Avrupa'ya göre daha yüksek olduğu ortaya çıkmıştır (Çizelge 10).

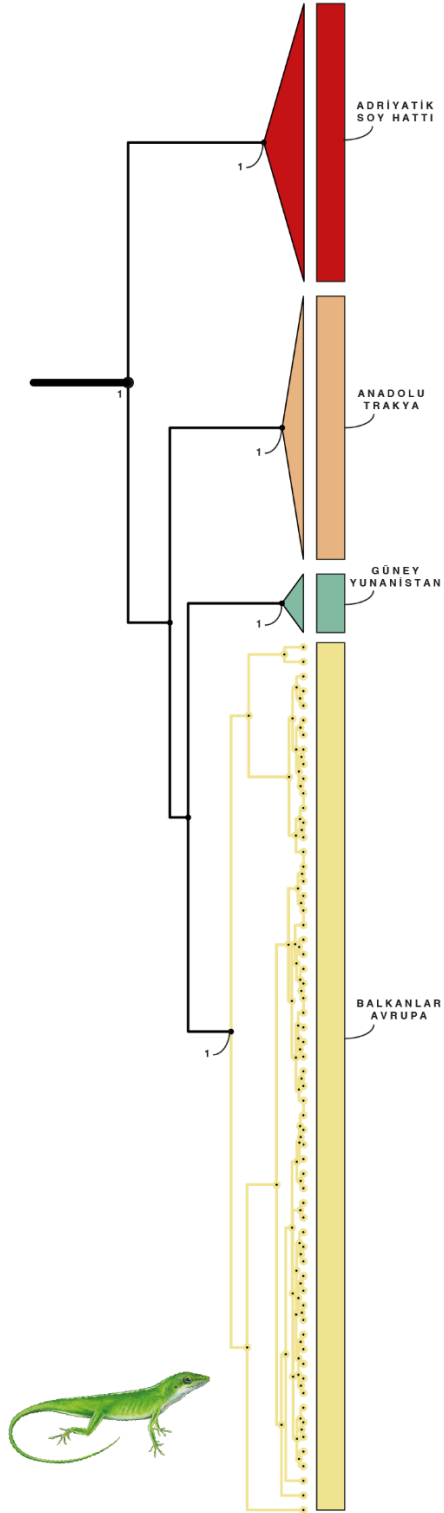
Çizelge 10: Yeşil kertenkele için oluşturulan veri setinin tanımlayıcı istatistikleri (N: Örneklem sayısı; H: Haplotip sayısı; h: haplotip çeşitliliği π : Nükleotid çeşitliliği).

Bölge	N	H	<i>h</i>	π	Fu-Fs	Tajima-D
Anadolu	24	20	0.982	0.012722	-7.944	-0.4892
Avrupa	393	84	0.687	0.026161	-9.946	-1.6803

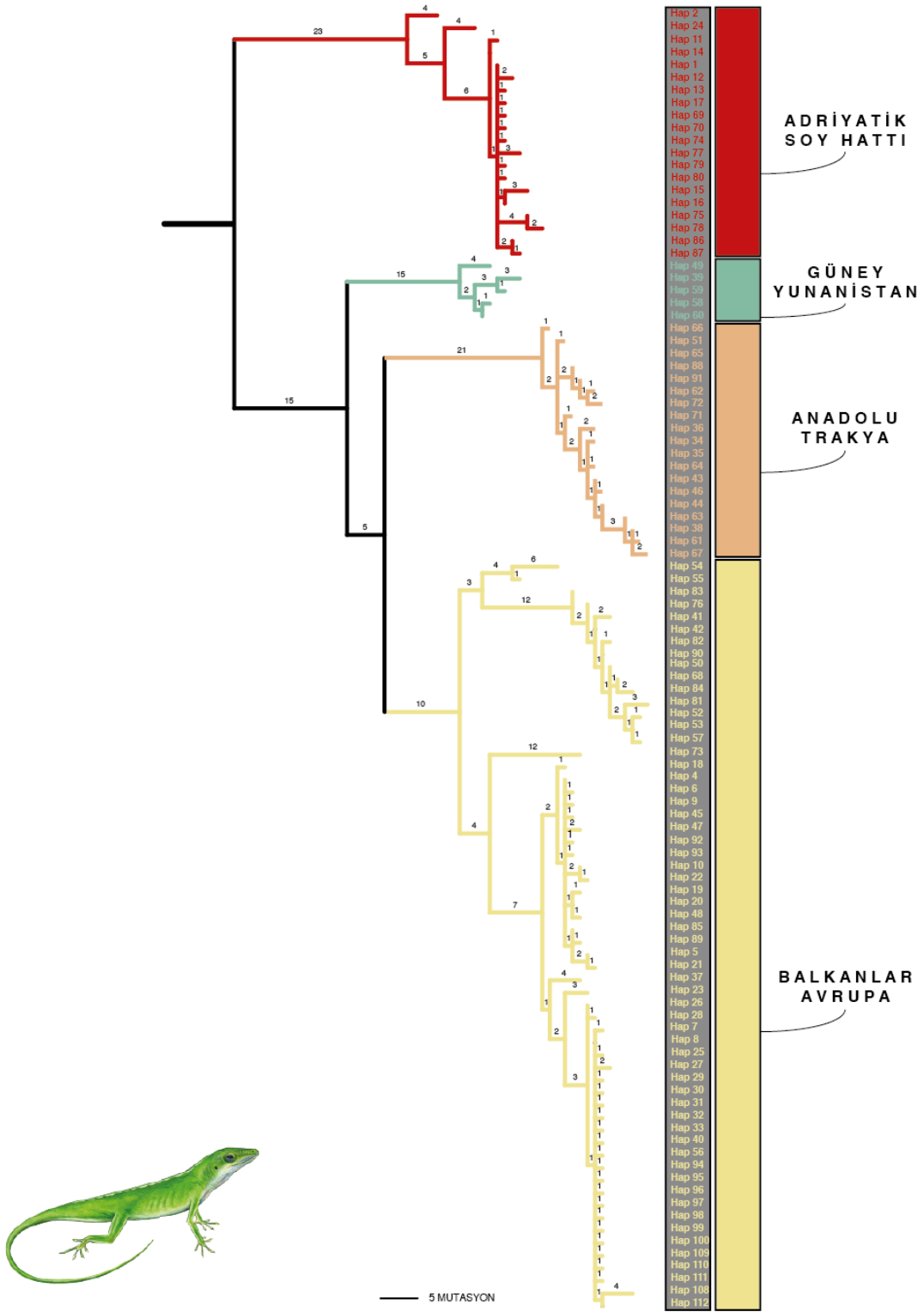
Çizilen parsimoni ağacında kullanılan 704 karakterin 226 tanesi parsimoni analizi için bilgi vericidir. Bu ağacın uzunluğu 744 mutasyon adımından oluşmaktadır. Aynı zamanda bu veri setinde homoplazi yabancı tavşana göre daha düşüktür. Homoplazi indeksi 0.4691 olarak bulunmuş, parsimoni açısından bilgi vermeyen bölgeler çıkartıldığında bu değer 0.5256 değerine yükselmiştir.

Yeşil kertenkele için oluşturulan Bayesian ve parsimoni ağaçları, önceki çalışmalarla örtüşen bir şekilde evrimsel tarihi birbirinden bağımsız dört farklı soy hattına işaret etmektedir (Şekil 25 ve 26). Soy hatlarının farklılaşma örüntüleri, yeşil kertenkelenin dispersal mesafesindeki kısıtlılığa bağlı olarak gen akışının önemli ölçüde azalmış olabileceğine işaret etmektedir. Filogenetik ağaçlarda dikkat çeken bir diğer husus da bu çalışma kapsamında Çanakkale bölgesinden veri setine eklenen dizilerin ağaçtaki konumudur. Marzahn ve ekibinin [99] yaptığı çalışmada Anadolu'dan elde edilen bütün diziler birlikte gruplanıp Anadolu'ya özgü bir soy hattına işaret ederken, bu tez çalışmasında Çanakkale'den elde edilen dizi Avrupa soy hattı içinde gruplanmaktadır.

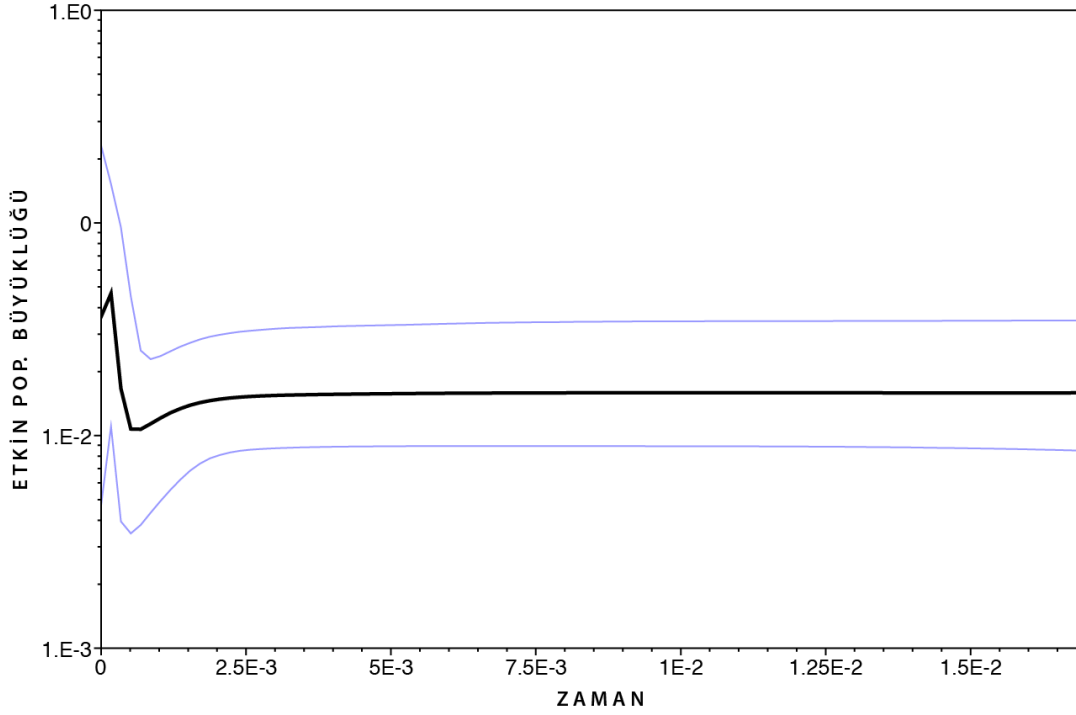
Filogenetik analizlerin ortaya koyduğu üç farklı soy hattı için yürütülen Bayesian Skyline Plot analizi sonuçları Şekil 27, 28 ve 29'de verilmiştir. Bu sonuçlara göre, her bir soy hattı için etkin popülasyon büyüklüğünün zaman içinde arttığı gözlenmektedir. Avrupa ve Anadolu soy hattındaki artış daha belirgindir.



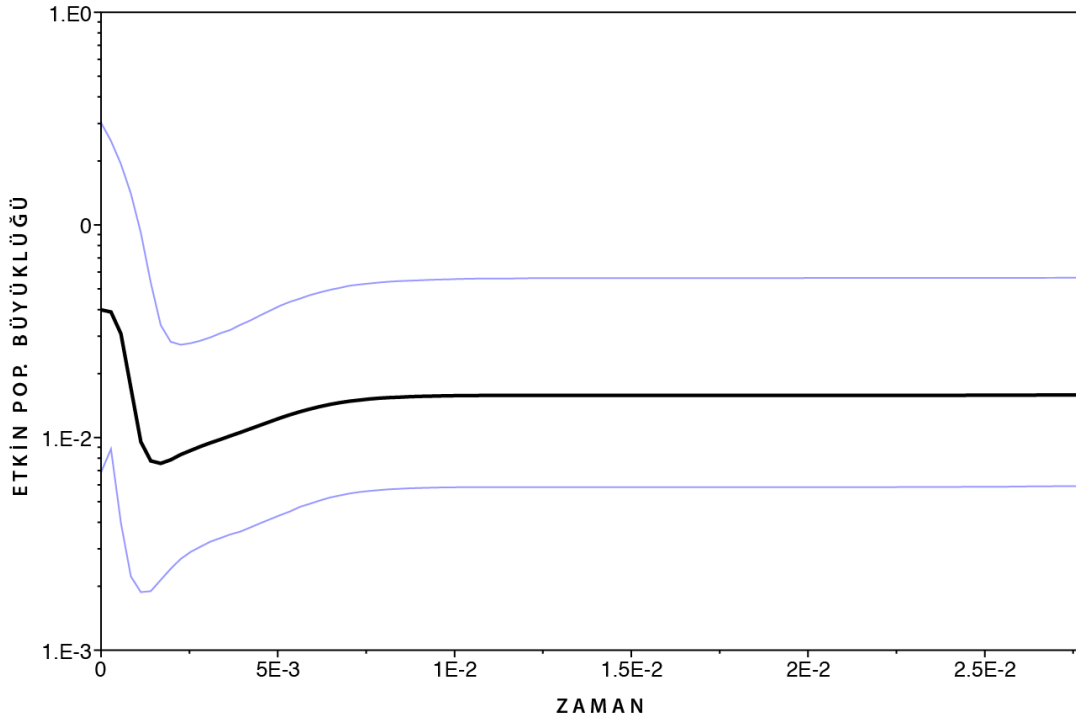
Şekil 25: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) için oluşturulan Bayesian ağacı.



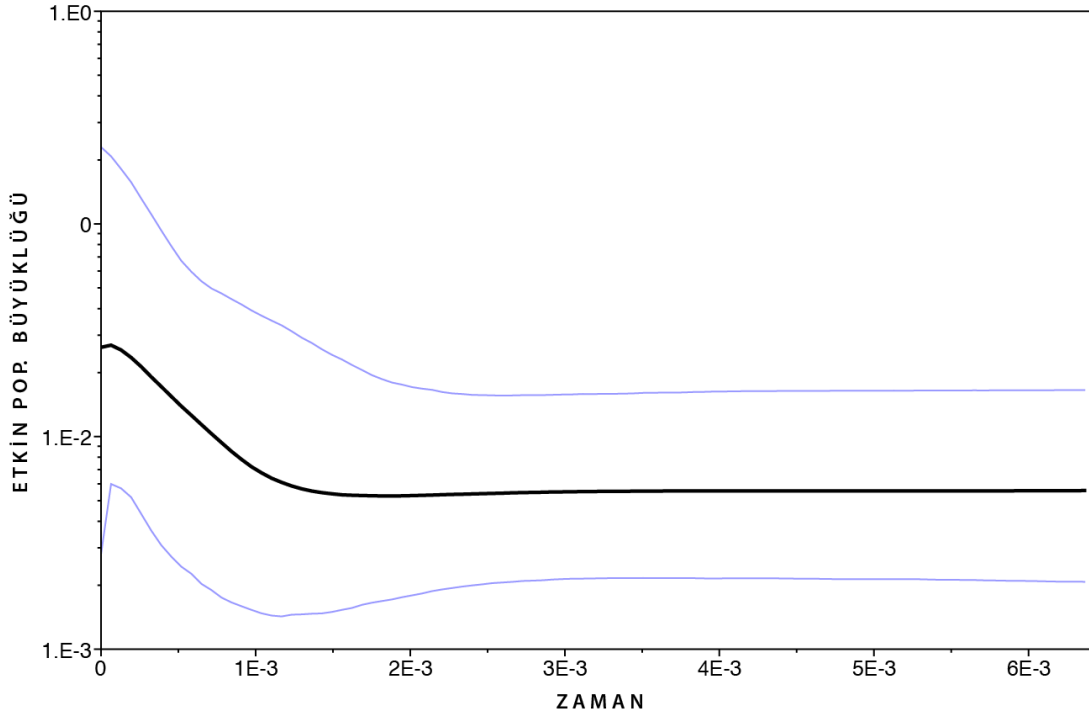
Şekil 26: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) için oluşturulan parsimoni ağacı.



Şekil 27: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) Avrupa soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi (Bayesian Skyline Grafiği – Siyah çizgi medyan değeri verirken, mavi çizgi arasında kalan bölge güven aralığını göstermektedir).



Şekil 28: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) Anadolu soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi (Bayesian Skyline Grafiği – Siyah çizgi medyan değeri verirken, mavi çizgi arasında kalan bölge güven aralığını göstermektedir).



Şekil 29: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) Adriyatik soy hattında zamana bağlı etkin popülasyon büyüklüğü değişimi (Bayesian Skyline Grafiği – Siyah çizgi medyan değeri verirken, mavi çizgi arasında kalan bölge güven aralığını göstermektedir).

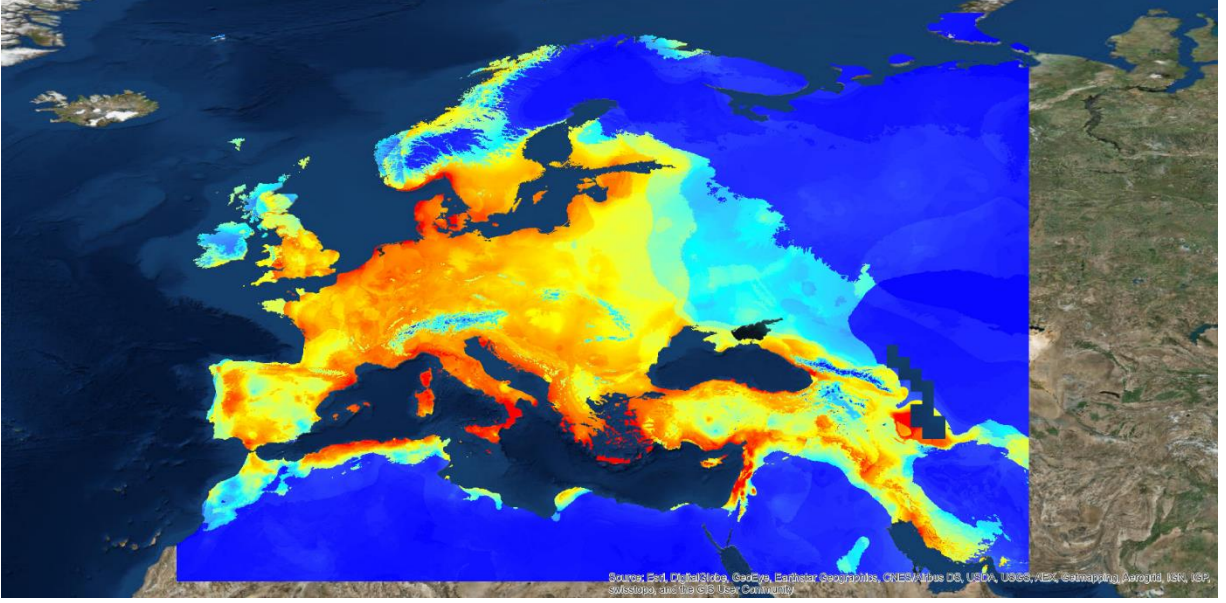
3.2. Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları

3.2.1. Yabani Tavşan Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları

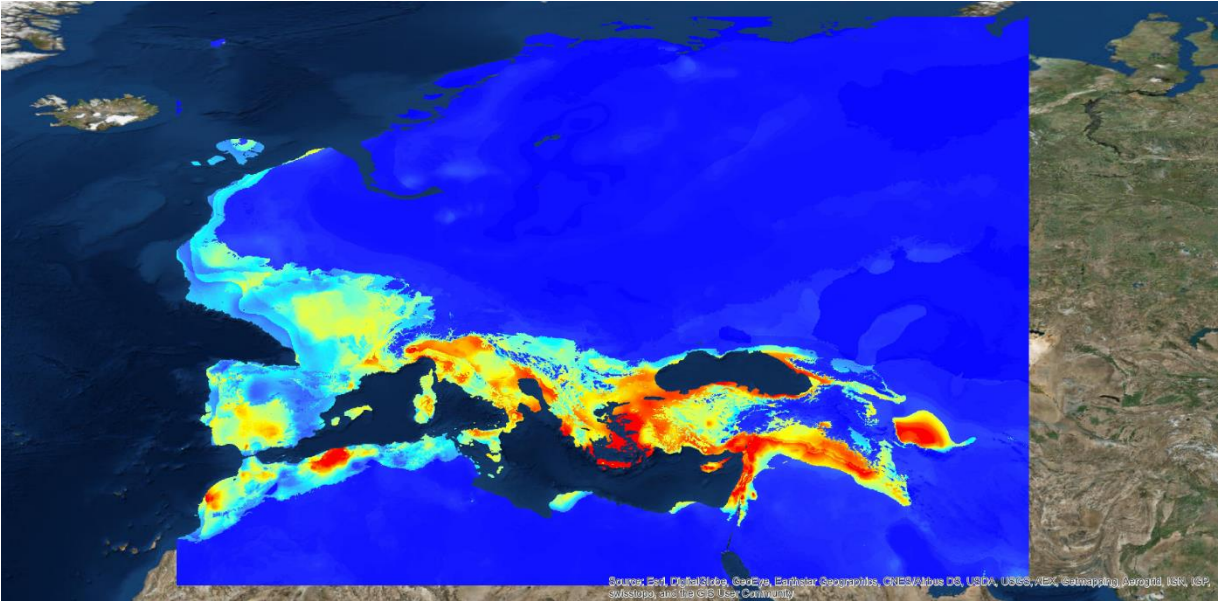
Yabani tavşan için yürütülen modellemenin AUC değeri, şansa bağlı olarak beklenen değerden (0.5) yüksek çıkmıştır. AUC değerinin 0.880 olduğu bu model, başarılı olarak değerlendirilmiştir. Elde edilen günümüz modelleme sonuçları, büyük oranda türün gerçek dağılım alanını yakalamıştır ancak çalışma alanının doğusunu gerçeğe uygun yansıtamamıştır (Şekil 30). Bu durumun, doğu Avrupa bölgesinden yeterli gözlem kaydının olmaması sebebiyle meydana geldiği düşünülmektedir. Modelleme sonuçlarına yüksek oranda katkıda bulunan ilk üç değişken şu şekildedir: BIO16 (%35.9), BIO7 (%23.1), BIO11 (%20.9).

Günümüz dağılım modelinin yanı sıra, üç ayrı iklim senaryosu altında türün SBM dönemi olası dağılım modellemeleri de yapılmıştır. CCSM4 senaryosuna göre, tür için SBM dönemindeki uygun habitatlar Avrupa'nın güneyinde konuşlanmıştır. Bu senaryo için İber Yarımadası, İtalya, Balkanlar ve Anadolu olası sığınaklar olarak öne çıkmaktadır (Şekil 31).

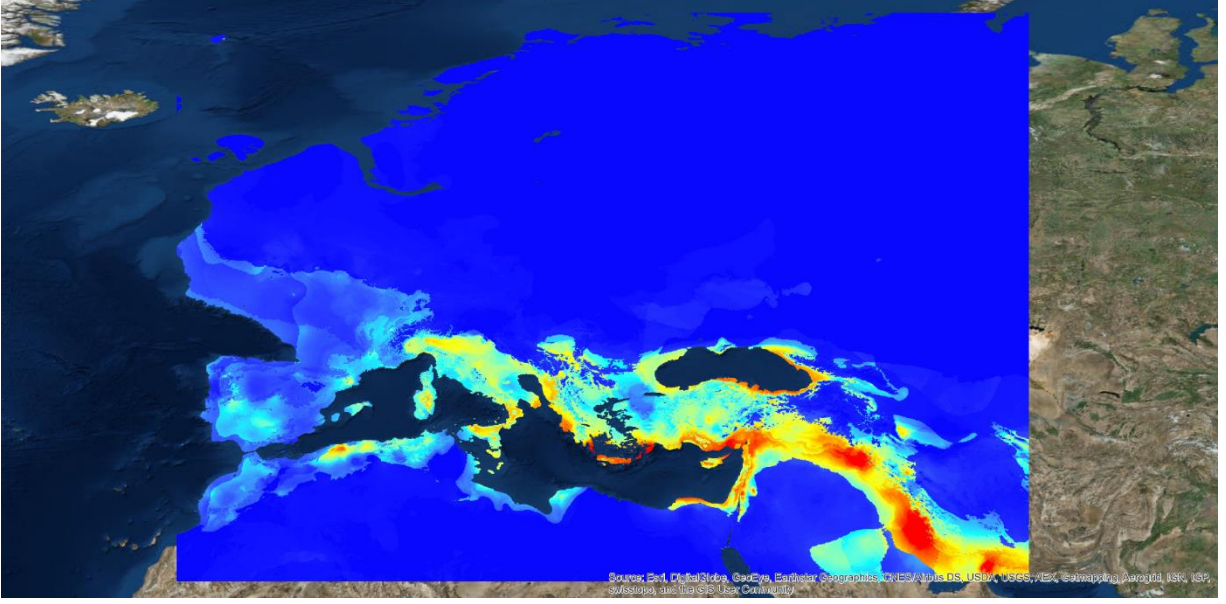
MIROC-ESM senaryosu ise İtalya, Balkanlar, Anadolu ve İran'ın kuzey bölümlerini olası sığınaklar olarak belirlemiştir (Şekil 32). MPI-ESM-P iklim modeli ise, CCSM4 modeli ile çok benzer sonuçlar ortaya çıkarmıştır (Şekil 33). Model sonuçlarının genel hatlarıyla birbirleriyle benzer sonuçlar vermesi, türün SBM döneminde hayatta kalması için uygun habitatların güney sığınaklarda var olduğunu ortaya koymaktadır.



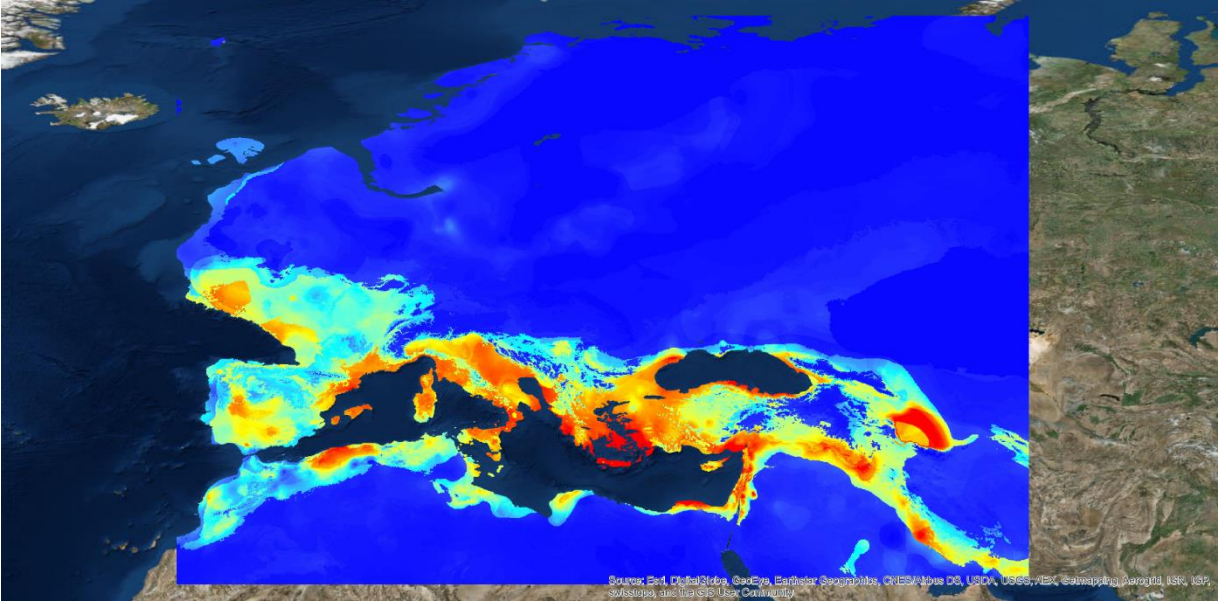
Şekil 30: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) günümüz model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



Şekil 31: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) CCSM-4 modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



Şekil 32: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) MIROC-ESM modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).

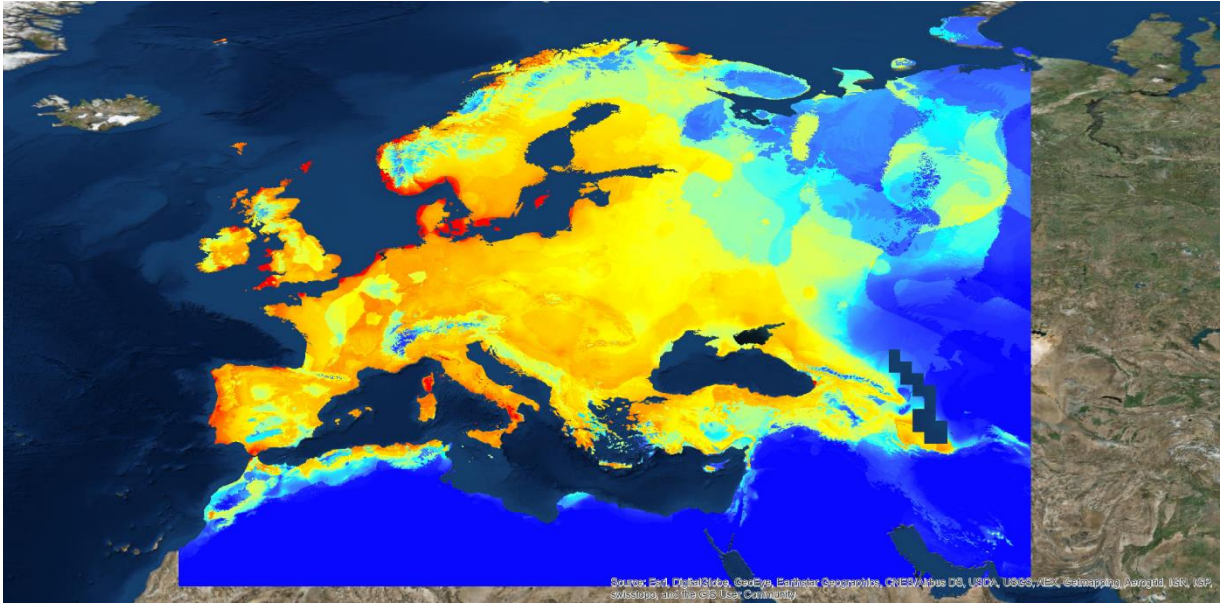


Şekil 33: Yabani tavşan (*Lepus europaeus*) MPI-ESM-P modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).

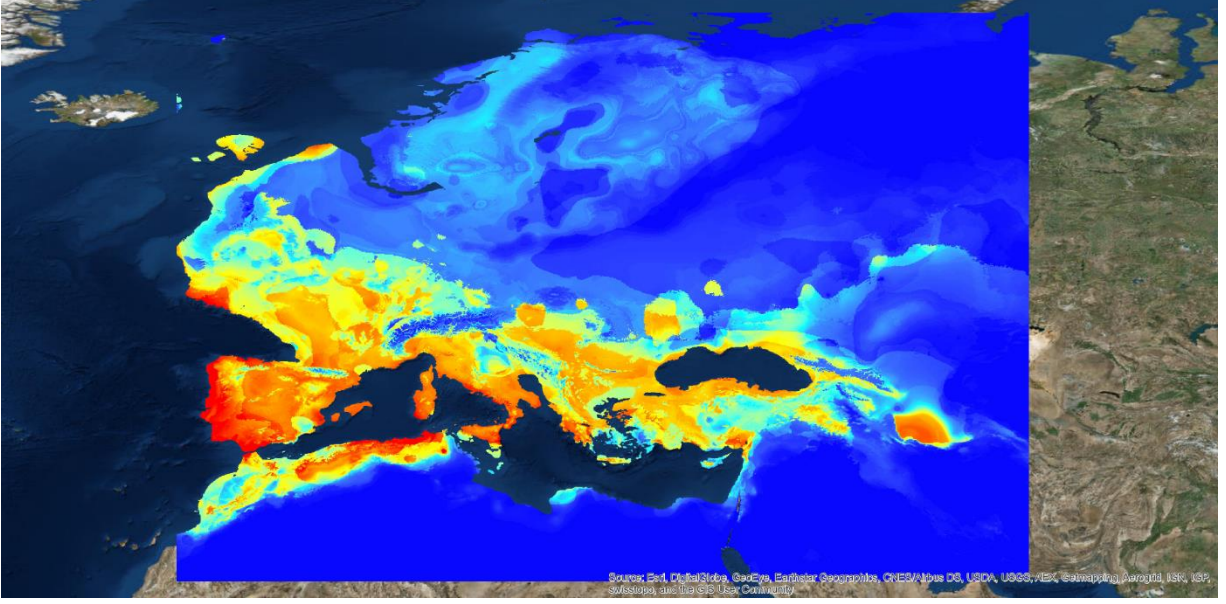
3.2.2. Orman Alaca Ağaçkakanı Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları

Orman alaca ağaçkakanı için yürütülen modelin AUC değeri 0.812 olarak bulunmuştur. Bu durumda model başarılı olarak değerlendirilmiştir. Günümüz dağılım sonuçları, türün gerçek dağılımına oldukça yakındır (Şekil 34). Ancak, yabani tavşanın modelleme sonuçlarında da olduğu gibi, doğu bölgelerden görece az gözlem kaydı olması, modellemenin o bölgedeki dağılımı tam olarak yakalayamamasına neden olmuştur. Modelleme sonuçlarına yüksek oranda katkıda bulunan ilk üç değişken şu şekildedir: BIO16 (%36.1), BIO7 (%12.8), BIO10 (%11.7).

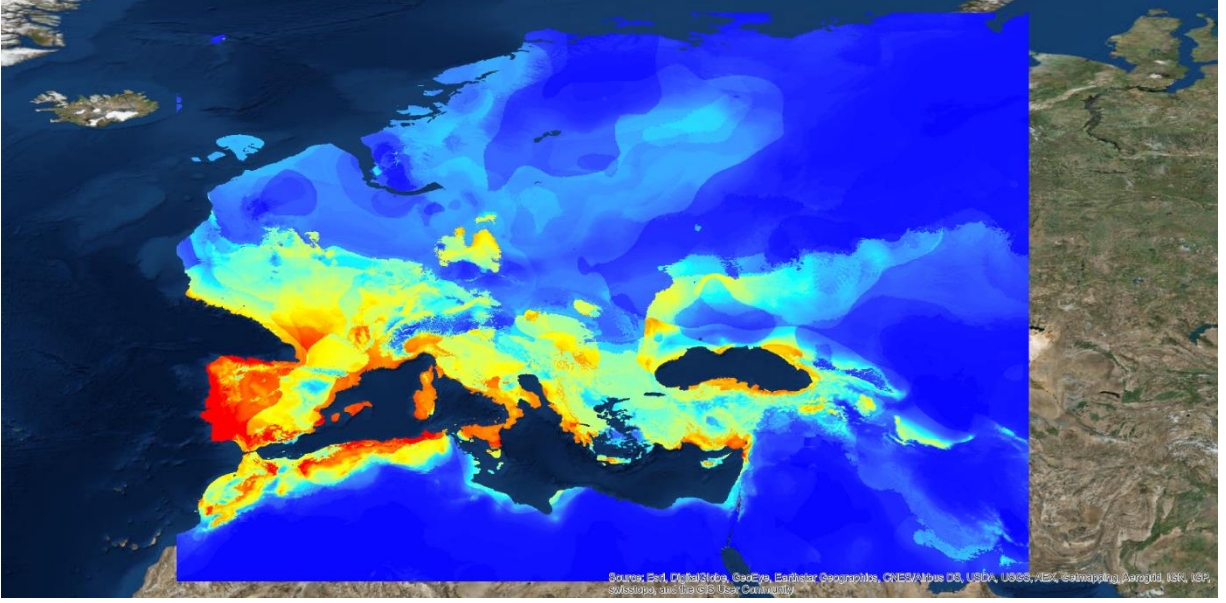
CCSM4 senaryosuna göre, türün SBM dönemindeki olası sığınakları İber Yarımadası, Balkanlar ve Anadolu'nun yanı sıra Kuzey Afrika ve İber Yarımadası'nın kuzey bölgeleri olarak gözükmektedir (Şekil 35). MIROC-ESM ve MPI-ESM-P senaryoları da hemen hemen aynı sonuçları vermiştir (Şekil 36, 37). Bu durum, orman alaca ağaçkakanının, yabani tavşandan farklı olarak daha kuzey bölgelerde de hayatta kalmış olabileceğine işaret etmektedir.



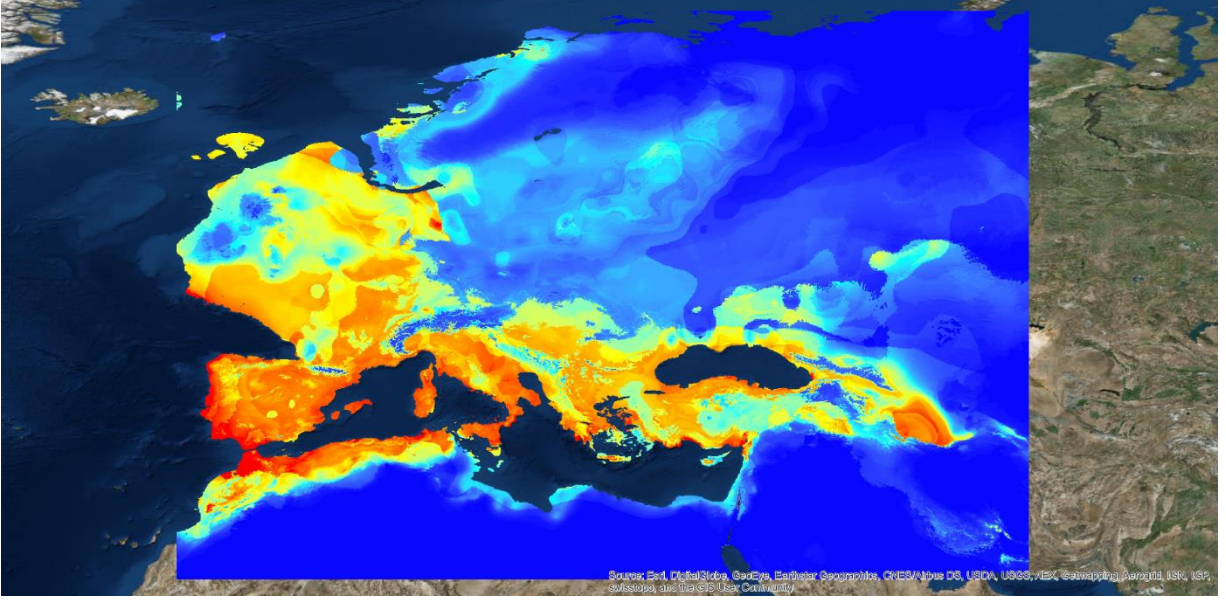
Şekil 34: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) günümüz model sonuçları (Mavi renkten kırmızı rene gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



Şekil 35: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) CCSM-4 modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



Şekil 36: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) MIROC-ESM modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



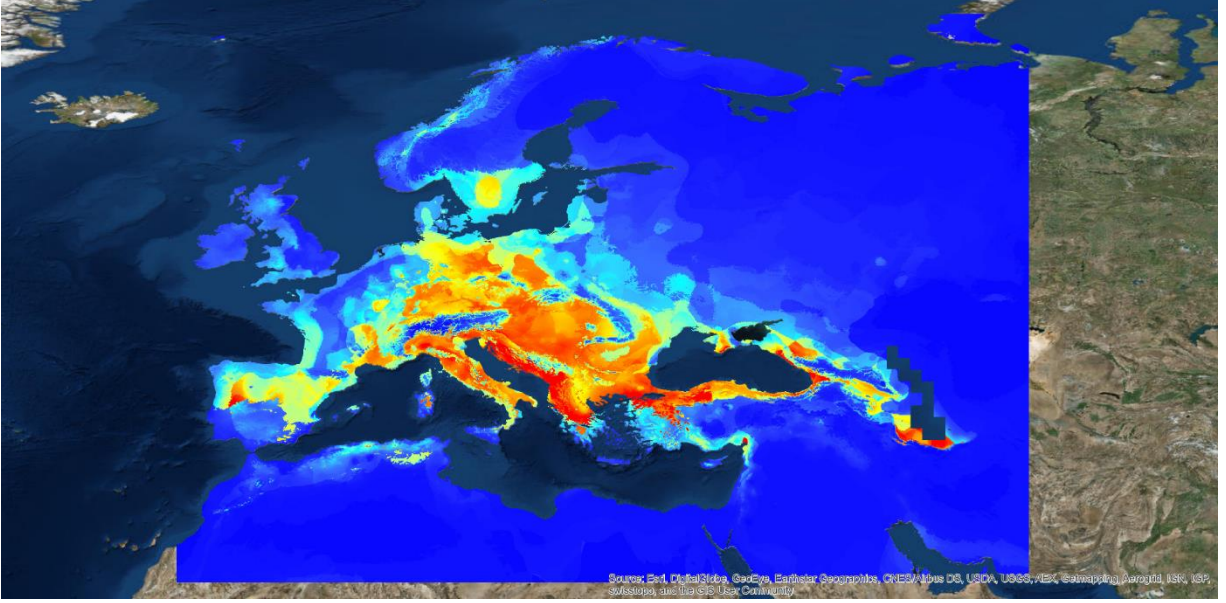
Şekil 37: Orman alaca ağaçkakanı (*Dendrocopos major*) MPI-ESM-P modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).

3.2.3 Yeşil Kertenkele Ekolojik Niş Modellemesi Sonuçları

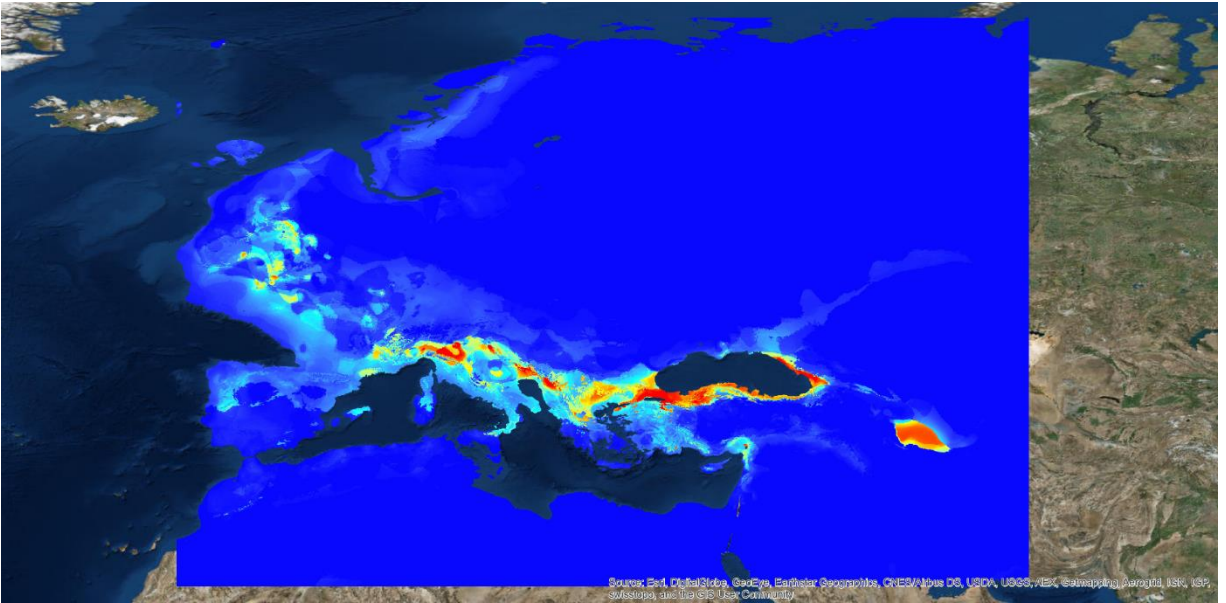
Yeşil kertenkelenin modellemeleri için AUC değeri 0.962 olarak bulunmuştur. Bu sonuca göre model oldukça başarılı olarak değerlendirilmiştir. Günümüz modelleme sonuçları türün gerçek dağılımını başarılı bir şekilde yakalamıştır (Şekil 38). Modelleme sonuçlarına yüksek oranda katkıda bulunan ilk üç değişken şu şekildedir: BIO7 (%30.5), BIO11 (%20.9), BIO17 (%18.7).

CCSM4 senaryosuna dayalı yapılan SBM dönemi modellemesi, yeşil kertenkele için olası uygun habitatları İtalya'nın doğusu, Balkanlar ve Anadolu içerisinde Marmara Bölgesi olarak tahmin etmiştir (Şekil 39). MIROC-ESM senaryosu ise, diğerlerinden biraz daha farklı olarak Balkanlar'ın batı sahillerini, İtalya'nın güneyini ve Marmara Bölgesi'nden dar bir alanı sığınak olarak işaret etmektedir (Şekil 40). MPI-ESM-P senaryosu da yine İtalya, Balkanlar ve Marmara bölgesini olası uygun habitatlar olarak tahmin etmiştir (Şekil 41)

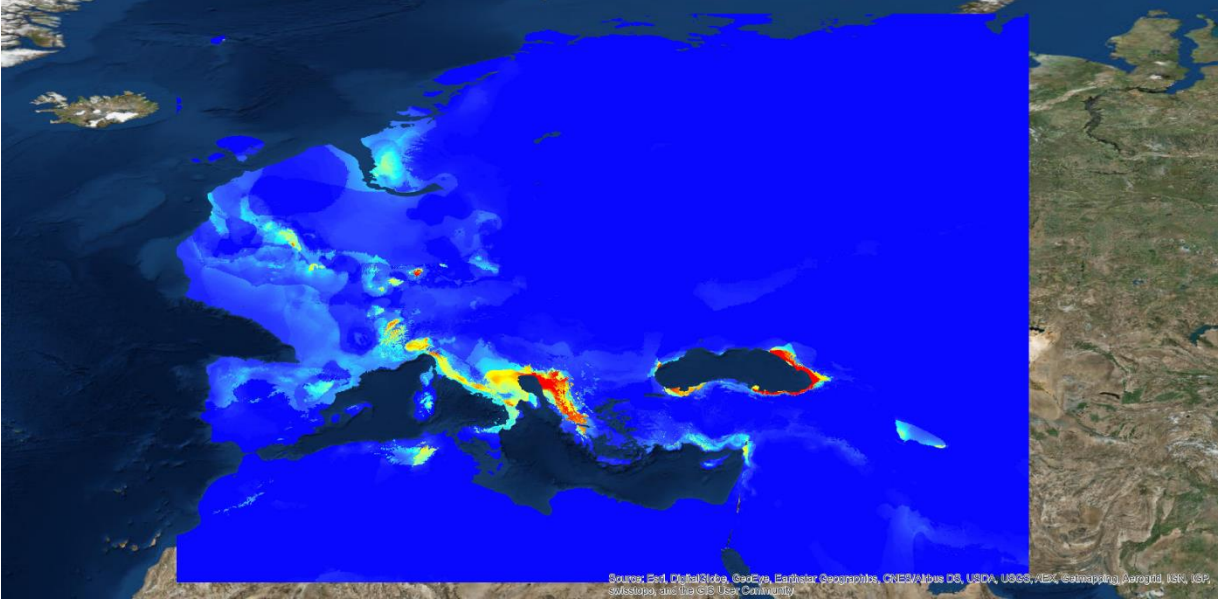
ENM sonuçları, ele alınan bu ılıman kuşak türlerinin SBM döneminde genel olarak güney sığınaklara çekilmiş olabileceğine işaret etmektedir. Ancak, bu sonuçlar moleküler filocoğrafi analizlerden elde edilen sonuçlar ile birlikte "Tartışma" başlığı altında tekrar değerlendirilecektir.



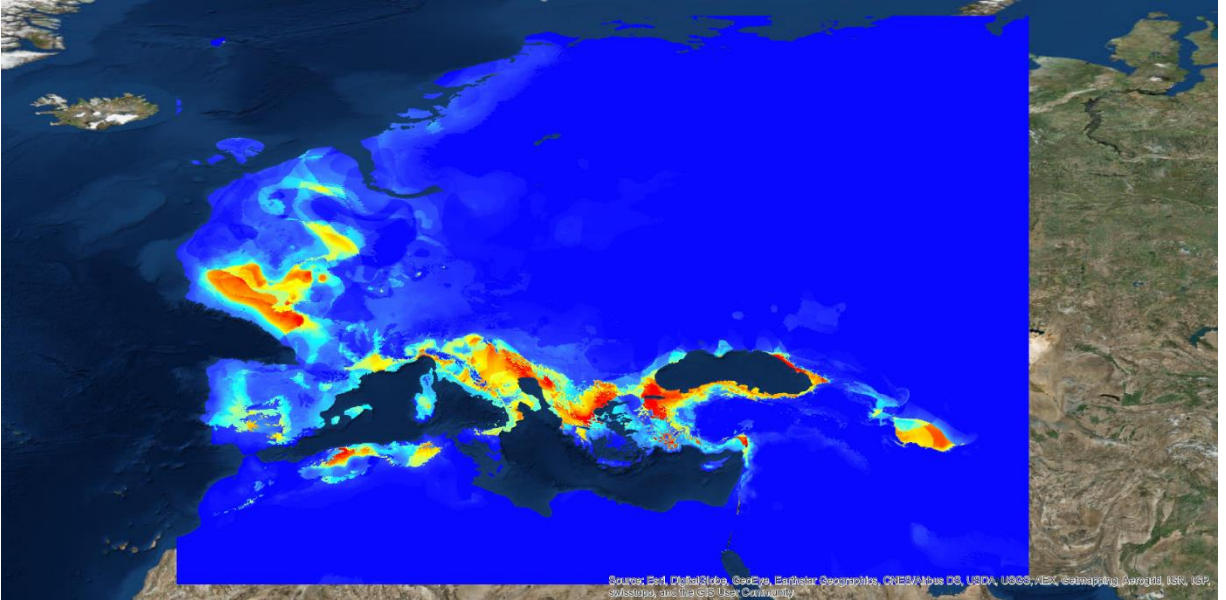
Şekil 38: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) günümüz model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



Şekil 39: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) CCSM-4 modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



Şekil 40: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) MIROC-ESM modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).



Şekil 41: Yeşil kertenkele (*Lacerta viridis*) MPI-ESM-P modeline göre SBM model sonuçları (Mavi renkten kırmızı renge gidildikçe habitat uygunluk değerleri artmaktadır).

3.3. Tartışma

Bu çalışmada, Batı Palearktık'te dağılım gösteren üç farklı omurgalı türünün tarihsel demografisi ile küresel iklim değişimi arasındaki ilişki ve Anadolu'nun bu ilişkilerdeki rolü birbirinden bağımsız iki farklı metodolojik yaklaşımın (filocoğrafya ve ekolojik niş modeli) kullanılmasıyla ortaya konmuştur. Son buzul döneminin Batı Palearktık'teki canlıların genetik yapılarına ve dağılım alanlarına nasıl etki ettiği sorusu üzerine pek çok çalışma yapılmış olmasına karşın [21, 107, 122-124], Anadolu yakın zamanlı filocoğrafi çalışmalar içinde yeteri kadar inceleme konusu olmamıştır.

Anadolu'nun bu küresel iklim değişikliklerindeki rolünden bahsetmeden önce, “sığınak” terimine değinmek gerekmektedir. Kuaterner dönem boyunca meydana gelen buzul ve buzullar arası döngülerde türlerin dağılım alanlarının daraldığı veya genişlediği bilinmektedir [17, 25]. Ancak bu değişimlerde hangi tip sığınakların rol oynadığı, ilgilenilen taksona göre değişmektedir. Stewart ve ekibi [124] sığınak kavramını “bir türün buzul/buzullar arası döngülerde en dar dağılıma sahip olduğu coğrafi bölge veya bölgeler” olarak tanımlamıştır. Yine aynı çalışmada, bu tanıma göre iki temel sığınak çeşidi ve bunların da altı farklı çeşidi tanımlanmıştır. Bu iki temel sığınak çeşidi, buzul sığınaklar ve buzullar arası sığınaklar olarak belirtilmiştir. Buzul sığınakların bir alt kümesi olan “güney sığınaklar” hali hazırda temel olarak Hewitt'in çalışmaları ile [17, 22, 23] pek çok canlı grubu için tanımlanmıştır.

Hewitt [22] yaptığı karşılaştırmalı filocoğrafi çalışmalar ile pek çok tür için Avrupa'daki güney sığınaklara dikkat çekmiştir. Hewitt, çayır çekirgesi (*Chorthippus parallelus*), kirpi (*Erinaceus europaeus*), boz ayı (*Ursus arctos*), sivri fare (*Sorex araneus*) gibi türler üzerine yaptığı çalışmalarla İber Yarımadası, İtalya ve Balkanların Avrupa'nın tekrar kolonizasyonu için önemli roller oynadığını ortaya koymuş ancak Anadolu için de ayrı bir parantez açarak bölgedeki genetik yapının daha etkili bir şekilde incelenmesi gerektiğinden bahsetmiştir. Anadolu'dan yeteri kadar veri elde edilememesi, sığınak rolünün tartışılması için büyük bir eksiklik olagelmıştır.

Ancak yakın geçmişte bu durum değişmeye başlamıştır. Yapılan çalışmalar Anadolu'nun yüksek düzeyde bir genetik çeşitliliğe ev sahipliği yaptığını ve önemli buzul sığınaklardan biri olabileceğini ortaya çıkarmıştır. [27, 28, 30, 31, 78, 126-132]. Burada, Korkmaz ve ekibinin [28] Hewitt'in model organizmalarından biri olan çayır çekirgesi (*Chorthippus parallelus*) ile

yaptığı çalışmaya değinmek ayrı bir önem taşımaktadır. Hewitt, çayır çekirgesi ile yaptığı çalışmada Anadolu'dan sınırlı sayıda örneklem kullanmıştır. Yaptığı çalışmalar sonucu Avrupa'daki çekirge popülasyonunun dört güney sığınaktan köken aldığını (İber Yarımadası, İtalya, Balkanlar ve Anadolu) öne sürmüştür. Ancak, Korkmaz ve ekibi oldukça geniş bir örneklem ile İtalya ve İber sığınaklarının büyük olasılıkla Alpler ve Pireneler sebebiyle Avrupa'yı kolonize etmediğini; Avrupa popülasyonunun Anadolu'dan köken aldığını ortaya koymuştur. Bölüm 1.1'de de bahsedildiği üzere, tür içindeki genetik çeşitliliğinin en yüksek olduğu bölge Anadolu olarak tanımlanmıştır. Ancak, Anadolu içinde de homojen bir genetik yapı olmadığı ortaya çıkmıştır. Anadolu çaprazının türün batı ve doğu popülasyonları için bir bariyer işlevi görerek gen akışını engellediği de ortaya konmuştur. Bu örnekte de görüldüğü üzere, Anadolu coğrafyasını detaylı bir şekilde incelemeden Avrupa'daki biyocoğrafi örüntüleri anlamak zordur.

Yine Stewart ve ekibi [125] buzul ve buzullar arası sığınaklardan farklı başka kavramların üzerinde de durmuştur. Örneğin, bugüne kadar pek adından söz edilmemiş kavramlardan biri okyanussal-kıtasal gradiyenttir (oceanic-continental gradient). Burada okyanussal terimi daha nemli ve daha az mevsimsel bir iklime işaret ederken, kıtasal terimi daha kurak ve daha mevsimsel iklimi işaret eder. Bu gradiyent, güney-kuzey sığınakları gibi enlemsel bir düzlemde değil, boylamsal bir düzlemde konumlanır. Böylece kıtasal ve sert bir iklime adapte olmuş türler, buzullar arası dönemde dağılım alanlarını kıtasal iklime sahip alanlara çekerken, daha ılıman bir iklime adapte olmuş türler ise dağılımlarını okyanussal iklimin hakim olduğu bölgelere kaydırır [124]. Bu olgu Anadolu özelinde de gözlenmektedir. Gür'ün [29] Anadolu yer sincapları (*Spermophilus xanthophrymnus*) ile yaptığı çalışma, okyanussal-kıtasal gradiyent olgusuna açık bir örnek teşkil etmektedir. Bu çalışma, Anadolu özelinde hem ekolojik niş modeli hem de filocoğrafya yaklaşımının bir arada kullanıldığı ilk çalışma olması sebebiyle de önemlidir. Bu iki yöntem kullanılarak elde edilen sonuçlar, Anadolu yer sincabının, genel sığınak paradigmasının aksine, son buzul döneminde popülasyon büyüklüğünü arttırdığını, buzullar arası dönemde ise popülasyon büyüklüğünde düşüş meydana geldiğini göstermiştir. Genel olarak ılıman kuşak türlerinde gözlenen örüntünün aksi bir sonuç elde edilmesi, Anadolu coğrafyasının sadece bir güney sığınak olarak değerlendirilemeyeceğini ve çok daha karmaşık bir yapıya sahip olduğunu da ortaya koymaktadır.

Daha önce İber Yarımadası üzerine yapılan çalışmalar [32], bu yarımadanın aslında tek bir sığınak olmadığını ve kendi içinde de sığınak görevi gören pek çok bölge barındırdığını ortaya koymuştur. Bu model “sığınak içinde sığınak” (refugia within refugia) modeli olarak tanımlanmıştır. Anadolu sıvacı kuşunun filocoğrafyası üzerine yapılan bir çalışmada da [30] Anadolu özelinde sığınak içinde sığınak modeli test edilmiştir. Bu çalışmaya göre, sıvacı kuşu son buzullar arası dönemini Anadolu'nun güneyinde konumlanan bir sığınakta geçirmiş, son buzul döneminin gelmesiyle birlikte dağılım alanını genişletmeye başlamıştır. Bu durum Anadolu'nun bazı türler için bir bütün olarak sığınak görevi görebileceği gibi kendi içinde daha küçük sığınaklar barındırdığını, bu sığınakların da tarihsel olarak buzul maksimumu yerine bir önceki buzullar arası döneme tarihlendiği ortaya çıkmıştır. Bilgin [129], Anadolu'dan pek çok taksonu karşılaştırmalı olarak incelediği çalışmasında, Anadolu içinde farklı sığınaklarda konumlanan filogenetik grupların, belirli kesişim noktalarında pek çok hibrit bölgesine ev sahipliği yaptığını da ortaya koymuştur. Aynı zamanda da Anadolu içindeki sığınakların tür içi çeşitlilikteki rolüne dikkat çekmiştir.

Bu tez çalışması kapsamında, yukarıda bahsedilen sığınak tanımlarının bir kısmı ile örtüşen sonuçlar elde edilmiştir. Örneğin, yeşil kertenkele için yürütülen analizler, bu tür içinde tanımlanan dört farklı soy hattının güney sığınaklara çekilmiş olabileceğini göstermektedir. Genetik yapı göz önüne alındığında bu sığınakların genetik çeşitliliğin yüksek olduğu Balkanların güneyinde ve Anadolu'da konumlandığı söylenebilir. Bazı sığınakların bazı soy hatları için çakışması durumu bu bölgelerin son buzul döneminden önceki buzul dönemleri için de sığınak görevi görmüş olabileceğine işaret etmektedir. Her bir soy hattı için yapılan demografik analizler bu popülasyonlarda bir daralma-genişleme modelini desteklemektedir.

Yeşil kertenkele için Çanakkale bölgesinden elde edilen haplotipin filogenetik ağaçtaki konumlanması da beklenmedik bir sonuç olarak karşımıza çıkmaktadır. Anadolu'dan elde edilen diğer haplotiplerin Anadolu'ya özgü bir soy hattında gruplanmalarına karşın, bu haplotip Avrupa soy hattına dahil olmaktadır. Bu durum, Avrupa soy hattının Anadolu'ya kadar uzandığını göstermektedir. Bu haplotipin oldukça farklılaşmış olması, Anadolu'da ayrı bir sığınağı işaret etmektedir.

Güney sığınakları genel olarak Akdeniz ikliminin hakim olduğu bölgelerde tanımlanmıştır. Yapılan bazı araştırmalar, bazı taksonların buzul dönemde bu güney sığınaklara çekilmediğini

ileri sürmüştür. Schmitt ve Varga'nın [133] söz konusu farklı taksonların dağılım örüntülerini inceleyerek yaptıkları bir çalışma, güney sığınaklarının dışında yer alan ve bazı türler için son buzul dönemde sığınak görevi görmüş coğrafi bölgelere dikkat çekmektedir. Son buzul dönemindeki iklimsel değişimlerin bazı kuzey bölgelerde de uygun habitatlar yarattığını ve bu habitatların da canlıların sığınması için uygun mikro-iklimler olduğunun altını çizen çalışma, bu bölgeleri “Akdeniz-dışı sığınaklar” (Extra-Mediterranean) olarak tanımlamıştır [133].

Orman alaca ağaçkakanı için yapılan demografik analiz, önceki çalışmalarda ortaya atılan “öncü popülasyon genişlemesi” (leading-edge expansion) modeli ile ve Akdeniz dışı sığınak modeli ile oldukça uyumlu sonuçlar vermektedir. Hewitt [17] tarafından tanımlanan bu modele göre, sığınaklardan çıkan öncü popülasyonların çok hızlı bir şekilde koloniler kurmasıyla birlikte, öncü popülasyonların genetik yapısının bütün dağılım alanında baskın hale gelmesi beklenir. Daha sonradan güneyden kuzeye göç eden yeni popülasyonların bu genetik yapıya katkısı görece sınırlı kalır. Bu tür bir genişleme modelinde popülasyonların bir dizi darboğazdan geçmesine ve genetik çeşitlilik kaybına uğraması beklenir. Bunun sonucu olarak homozigotluk oranı artar. Orman alaca ağaçkakanı göçmen bir kuş olmasa bile, çok uzun mesafelerde işgal göçü davranışında bulunabilmesi ve dispersal mesafesinin yüzlerce kilometreye çıkabilmesinin [134] tür dağılım alanındaki bu homozigotluğa etki edebileceği düşünülmektedir. Bütün dağılım alanında gözlenen bu düşük varyasyon ve demografik analizde ortaya çıkan bu sınırlı artış, bu tür bir genişleme modeli ile örtüşmektedir. Her bir iklimsel veri seti (CCSM4, MIROC-ESM, MPI-ESM-P) ile yapılan SBM modelleri de Akdeniz dışı sığınak hipotezini güçlendirmektedir. Perктаş ve Quintero'nun [84] çalışması da İber Yarımadası, Kuzey Afrika ve daha kuzeyde yer alan Kursk bölgelerini bu tür için olası sığınaklar olarak öne çıkarmaktadır. Yine Perктаş ve ekibinin [31] yeşil ağaçkakanlar (*Picus viridis*) üzerine yaptığı çalışma, yeşil ağaçkakanın da SBM döneminde olası Akdeniz dışı sığınakları kullandığını öne sürmüştür. Bu iki ağaçkakan türünün de habitat tercihlerinin oldukça benzer olduğu göz önüne alınırsa, bu sonuçlar pek çok açıdan örtüşmektedir.

Bir diğer tür olan yabani tavşan için yapılan analizler de önceki çalışmalar ile büyük ölçüde örtüşmektedir. Yapılan ekolojik niş modellemesi ve demografik analizler, yabani tavşan popülasyonunun, geçmiş iklim değişikliklerine daralma-genişleme modeline uygun bir yanıt verdiğini ortaya koymaktadır. Yapılan genetik analizler, bu tür için Anadolu ve Balkanlar

olmak üzere iki farklı sığınağa işaret etmektedir. Kuzeydoğu Yunanistan ile Anadolu'dan elde edilen bazı haplotiplerin (281, 282, 283 –Kuzeydoğu Yunanistan- 284 –Lefkada Adası-, 176, 188 -Antalya-) köke yakın olarak konumlanması, bu haplotiplerin atasal haplotipler olabileceğine işaret etmektedir. Bunun yanında, Balkanlarda iki soy hattından da bireylerin gözlenmesi, SBM döneminden sonra Anadolu'dan Avrupa'ya gen akışı olduğunu ancak bu gen akışının Balkanlarda sınırlandığını ortaya koymaktadır. Anadolu'daki yüksek genetik çeşitlilik ve kararlı popülasyon yapısı, bu türün daha uzun bir tarihsel süreç boyunca Anadolu'da var olduğunu ve etkin popülasyon büyüklüğünü koruyabildiğini göstermiştir. Yapılan ekolojik niş modellemeleri de, Anadolu ve Balkanlar coğrafyasını SBM dönemi için uygun habitatlar barındırdığını ortaya çıkarmıştır. Bu sonuçlar da yabani tavşan için biri Balkanlar ve biri Anadolu olmak üzere çoklu bir sığınağa işaret etmektedir. Ancak, genetik analizler Avrupa'nın Balkanlar popülasyonundan köken aldığına işaret etmektedir. Yabani tavşan için bir diğer dikkat çeken nokta da Anadolu kıyılarındaki adaların durumudur. Bu popülasyonlardaki genetik yapı, Avrupa'dan ziyade Ortadoğu'daki genetik yapıya benzer bulunmuştur. SBM döneminde deniz seviyesinin düşmesi ve bu adaların Anadolu ile kara köprüleri kurlmaları, bu durumu açıklamaktadır. İlk defa bu çalışmada yapılmış olan ekolojik niş modeli ve demografik analizler, aynı zamanda popüler bir av hayvanı olan yabani tavşanın koruma yaklaşımları için de katkılar sunabilir.

Bütün bu sonuçlar, Anadolu için belirli ölçüde ortak örüntülere işaret etmektedir. Yabani tavşan ve yeşil kertenkele için gerçekleştirilen analizler Anadolu'nun yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ve buzul dönem için önemli sığınaklardan biri olduğunu ortaya koymaktadır. Orman alaca ağaçkakanı için yapılan analizler ise, diğer iki türden farklı bir durum ortaya koyarak, orman alaca ağaçkakanı için sadece Anadolu değil, daha kuzey bölgeleri de içine alan geniş bir güney sığınağa işaret etmektedir. Sonuç olarak, üç farklı (Kafkasya, İran-Anadolu ve Akdeniz) biyoçeşitlilik sıcak noktasının kesiştiği bir bölge olan, hem topoğrafik hem de iklimsel çeşitliliğiyle pek çok takson açısından da yüksek bir endemizm oranına sahip olan Anadolu, Avrupa biyotasının şekillenmesinde önemli bir yere sahiptir [33]. Bu çalışma da, özel olarak Anadolu coğrafyasının geçmiş iklim değişikliklerindeki rolünü tartışmak amacıyla yapılmıştır. Bunun yanı sıra, söz konusu türler için geliştirilecek olan koruma yaklaşımlarına ve yakın gelecekte daha geniş örneklerle ve yeni yaklaşımlarla yapılacak olan çalışmalara katkı sağlanması hedeflenmiştir.

KAYNAKLAR

- [1] Mora, C., Tittensor, D. P., Adl, S., Simpson, A. G. B., & Worm, B., How many species are there on earth and in the ocean?, *PLoS Biology*, 9(8), 1–8, **2011**.
- [2] Lomolino, M. V., Riddle, B. R., Brown, J. H., & Brown, J. H., *Biogeography* (No. QH84 L65 2006). Sunderland, MA: Sinauer Associates, **2006**.
- [3] Avise, J. C., Arnold, J., Ball, R. M., Bermingham, E., Neigel, J. E., Reeb, C. A., & Saunders, N. C., Intraspecific Phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics, *Annual Review of Ecology and Systematics*, Vol . 18 pp . 489-522, **1987**.
- [4] Richards, C. L., Carstens, B. C., & Lacey Knowles, L., Distribution modelling and statistical phylogeography: An integrative framework for generating and testing alternative biogeographical hypotheses, *Journal of Biogeography*, 34(11), 1833–1845, **2007**.
- [5] Avise, J., Patton, J., & Aquadro, C., Evolutionary genetics of birds: Comparative molecular evolution in New World warblers and rodents, *Journal of Heredity*, 71(September), 303–310, **1980**.
- [6] Avise, J. C., & Aquadro, C. F., A comparative summary of genetic distances in the vertebrates. In *Evolutionary Biology* (pp. 151-185). Springer US., **1982**.
- [7] Joseph, L., & Omland, K. E., Phylogeography: Its development and impact in Australo-Papuan ornithology with special reference to paraphyly in Australian birds, *Emu*, 109(1), 1–23, **2009**.
- [8] Avise, J. C., *Phylogeography: the history and formation of species*. Harvard university press., **2000**.
- [9] Ovenden, J. R., Mackinlay, A. G., & Crozier, R. H., Systematics and mitochondrial genome evolution of Australian Rosellas (Aves: Platycercidae), *Molecular Biology and Evolution*, 4(5), 526–543, **1987**.
- [10] Edwards, S. V., & Wilson, A. C., Phylogenetically informative length polymorphism and sequence variability in mitochondrial DNA of Australian songbirds (Pomatostomus), *Genetics*, 126(3), 695–711, **1990**.
- [11] Degnan, S.M., and Moritz, C., Phylogeography of mitochondrial DNA in two species of White eyes in Australia. *The Auk* 109, 800–811, **1992**.
- [12] Moritz, C., Dowling, T. E., and Brown, W. M., Evolution of animal mitochondrial DNA: relevance for population biology and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics* 18, 269–292, **1987**.
- [13] Allen, E. S., & Omland, K. E., Novel intron phylogeny supports plumage convergence in orioles (Icterus), *The Auk*, 120(4), 961–969, **2003**.
- [14] Kimura, M., & Ohta, T., The average number of generations until fixation of a mutant gene in a finite population, *Genetics*, 61(692), 763–771, **1969**.

- [15] Birky, C. W., Fuerst, P., & Maruyama, T., Organelle gene diversity under migration, mutation, and drift: Equilibrium expectations, approach to equilibrium, effects of heteroplasmic cells, and comparison to nuclear genes, *Genetics*, *121*(3), 613–627, **1989**.
- [16] Hudson, R. R., & Turelli, M., Stochasticity overrules the ‘three-times rule’: genetic drift, genetic draft, and coalescence times for nuclear loci versus mitochondrial DNA, *Evolution*, *57*(1), 182–190, **2003**.
- [17] Hewitt, G. M., Some genetic consequences of ice ages, and their role, in divergence and speciation, *Biological Journal of the Linnean Society*, *58*(3), 247–276, **1996**.
- [18] Hewitt, G. M., Genetic consequences of climatic oscillations in the Quaternary, *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, *359*(1442), 183–195; discussion 195, **2004**.
- [19] Bennett, A. K. D., Tzedakis, P. C., Willis, K. J., Journal, S., & Jan, N., Quaternary refugia of North European trees, *Journal of Biogeography*, *18*(1), 103–115, **1991**.
- [20] Williams, M. A. J., Dunkerley, D. L., De Deckker, P., Kershaw, A. P., & Stokes, T. J., *Quaternary environments*, Science Press, **1997**.
- [21] Taberlet, P., Fumagalli, L., Wust-Sauci, A. G., & Cosson, J. F., Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology*, *7*(4), 453-464, **1998**.
- [22] Hewitt, G., Post-glacial re-colonization of European biota, *Biological Journal of the Linnean Society*, *68*(1-2), 87–112, **1999**.
- [23] Nei, M., Maruyama, T., & Chakraborty, R., The bottleneck effect and genetic variability in populations. *Evolution*, 1-10, **1975**.
- [24] Hewitt, G. M., Speciation, hybrid zones and phylogeography—or seeing genes in space and time. *Molecular ecology*, *10*(3), 537-549, **2001**.
- [25] Provan, J., & Bennett, K. D., Phylogeographic insights into cryptic glacial refugia, *Trends in Ecology and Evolution*, *23*(10), 564–571, **2008**.
- [26] Comes, H. P., & Kadereit, J. W., The effect of quaternary climatic changes on plant distribution and evolution, *Trends in Plant Science*, *3*(11), 432–438, **1998**.
- [27] Rokas, A., Atkinson, R. J., Webster, L. M. I., Csóka, G., & Stone, G. N., Out of Anatolia: Longitudinal gradients in genetic diversity support an eastern origin for a circum-Mediterranean oak gallwasp *Andricus quercustozae*, *Molecular Ecology*, *12*(8), 2153–2174, **2003**.
- [28] Korkmaz, E. M., Lunt, D. H., Çıplak, B., Değerli, N., & Başbüyük, H. H., The contribution of Anatolia to European phylogeography: The centre of origin of the meadow grasshopper, *Chorthippus parallelus*, *Journal of Biogeography*, *41*(9), 1793–1805, **2014**.
- [29] Gür, H., 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*(1), 19–32, **2013**.

- [30] Perktaş, U., Gür, H., Sağlam, İ. K., & Quintero, E., Climate-driven range shifts and demographic events over the history of Kruper's Nuthatch *Sitta krueperi*, *Bird Study*, 62(1), 14–28, **2015**.
- [31] Perktaş, U., Gür, H., & Ada, E., Historical demography of the Eurasian green woodpecker: integrating phylogeography and ecological niche modelling to test glacial refugia hypothesis, *Folia Zoologica* 64(3), 284–295, **2015**.
- [32] Gomez, A., & Lunt, D. H., Refugia within refugia: patterns of phylogeographic concordance in Iberian Peninsula. In: *Phylogeography of southern European refugia*, 155–188, **2007**.
- [33] Şekercioğlu, Ç. H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö. E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Yokeş, M. B., Soyumert A., İpekdal K., Sağlam, İ. K., Yücel, M., Nüzhet Dalfes, H., Turkey's globally important biodiversity in crisis, *Biological Conservation*, 144(12), 2752–2769, **2011**.
- [34] Pulliam, H. R., On the relationship between niche and distribution. *Ecology letters*, 3(4), 349-361, **2000**.
- [35] Hutchinson, G.E, *Concluding remarks*. Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology, 22, 145-159, **1957**.
- [36] Soberon, J., & Peterson, T. A., Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas, *Biodiversity Informatics*, 2, 1–10, **2005**.
- [37] Guisan, A., & Zimmermann, N. E., Predictive habitat distribution models in ecology, *Ecological Modelling*, 135(2-3), 147–186, **2000**.
- [38] Pearson, R. G., & Dawson, T. P., Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: Are bioclimate envelope models useful?, *Global Ecology and Biogeography*, 12(5), 361–371, **2003**.
- [39] Chase, J. M., & Leibold, M. A., *Ecological niches: linking classical and contemporary approaches*. University of Chicago Press, **2003**.
- [40] Araújo, M. B., & Guisan, A., Five (or so) challenges for species distribution modelling, *Journal of Biogeography*, 33(10), 1677–1688, **2006**.
- [41] Swenson, N. G., Gis-based niche models reveal unifying climatic mechanisms that maintain the location of avian hybrid zones in a North American suture zone, *Journal of Evolutionary Biology*, 19(3), 717–725, **2006**.
- [42] Losos, J. B., & Glor, R. E., Phylogenetic comparative methods and the geography of speciation, *Trends in Ecology and Evolution*, 18(5), 220–227, **2003**.
- [43] Graham, C. H., Ron, S. R., Santos, J. C., Schneider, C. J., & Moritz, C., Integrating phylogenetics and environmental niche models to explore speciation mechanisms in dendrobatid frogs., *Evolution; international journal of organic evolution*, 58(8), 1781–93, **2004**.
- [44] Elith, J.; Graham, C.H., Anderson, R.P., Dudík, M., Ferrier, S., Guisan, A., Hijmans, R.J., Huettmann, F., Leathwick, J.R., Lehmann, A., Li, J., Lohmann, L.G., Loiselle, B.A., Manion, G., Moritz, C., Nakamura, M., Nakazawa, Y., Overton, J.M., Peterson, A.T., Phillips, S.J., Richardson, K.S., Scachetti-Pereira, R., Schapire, R.E., Soberón, J.,

- Williams, S., Wisz, M.S., Zimmermann, N.E., Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, 29, 129–151, **2006**.
- [45] Baldwin, R. A., Use of maximum entropy modeling in wildlife research, *Entropy*, 11(4), 854–866, **2009**.
- [46] WorldClim – Global Climate Data www.worldclim.org (Haziran, 2016)
- [47] Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G., & Jarvis, A., Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas, *International Journal of Climatology*, 25(15), 1965–1978, **2005**.
- [48] Phillips, S. B., Aneja, V. P., Kang, D., & Arya, S. P., Modelling and analysis of the atmospheric nitrogen deposition in North Carolina, *International Journal of Global Environmental Issues*, 6(2-3), 231–252, **2006**.
- [49] Phillips, S. J., & Dudík, M., Modeling of species distribution with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation, *Ecography*, 31(December 2007), 161–175, **2008**.
- [50] Nix, H.A., A biogeographic analysis of Australian elapid snakes. Atlas of elapid snakes of Australia. *Australian Flora and Fauna Series No. 7* (ed. by R. Longmore), pp. 4–15. Australian Government Publishing Service, Canberra, **1986**.
- [51] Busby, J.R., Bioclim – a bioclimatic analysis and prediction system. *Plant Protection Quarterly*, 6, 8–9, **1991**.
- [52] Carpenter, G., Gillison, A.N. & Winter, J., DOMAIN: a flexible modelling procedure for mapping potential distributions of plants and animals. *Biodiversity and Conservation*, 2, 667–680, **1993**.
- [53] Lehmann, A., Overton, J.M.C. & Leathwick, J.R., GRASP: generalized regression analysis and spatial predictions. *Ecological Modelling*, 157, 189–207, **2002**.
- [54] Fielding, A. H., & Bell, J. F., A review of methods for the assessment of prediction errors in conservation presence / absence models, *Environmental conservation* (1), 38–49, **1997**.
- [55] Hernández, P. A., Graham, C. H., Master, L. L., & Albert, D. L., The effect of sample size and species characteristics on performance of different species distribution modeling methods., *Ecography*, 29(June), 773–785, **2006**.
- [56] Engler, R., Guisan, A., & Rechsteiner, L., An improved approach for predicting the distribution of rare and endangered species from occurrence and pseudo-absence data, *Journal of Applied Ecology*, 41(2), 263–274, **2004**.
- [57] Swets, J. A., Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science*, 240(4857), 1285-1293, **1988**.
- [58] Gasso, N., Thuiller, W., Pino, J., & Vila, M., Potential distribution range of invasive plant species in Spain, *NeoBiota*, 12: 25–40, **2012**.
- [59] Wilson, D. E., & Reeder, D. M. (Eds.), *Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference (Vol. 1)*. JHU Press, **2005**.

- [60] Hoffmann, R. S. & Smith, A. T., Order Lagomorpha. In: D. E. Wilson and D. M. Reeder (eds), *Mammal Species of the World*, pp. 185-211. Johns Hopkins University Press, Baltimore, Maryland, USA, **2005**
- [61] Flux, J. E. C. & Angermann, R., Chapter 4: The Hares and Jackrabbits: *The European Rabbit In: Rabbits, hares and pikas: status survey and conservation action plan*. The World Conservation Union, Gland, Switzerland, **1990**.
- [62] Macdonald, D. & Barrett, P., *Collins Field Guide: Mammals of Britain and Europe*. HarperCollins Publishers, London, UK, **1993**.
- [63] Smith, A.T. & Johnston, C.H. 2008. *Lepus europaeus*. The IUCN Red List of Threatened Species 2008: e.T41280A10430693, **2008**.
- [64] Reichlin, T., Klansek, E., & Hackländer, K., Diet selection by hares (*Lepus europaeus*) in arable land and its implications for habitat management, *European Journal of Wildlife Research*, 52(2), 109–118, **2006**.
- [65] Pikula, J., Beklová, M., Holešovská, Z., & Treml, F., Ecology of european brown hare and distribution of natural foci of tularaemia in the Czech Republic, *Acta Veterinaria Brno*, 73(2), 267–273, **2004**.
- [66] Grzimek, B., Schlager, N., Olendorf, D., & McDade, M. C., *Grzimek's animal life encyclopedia*. Gale., **2004**.
- [67] Lincoln, G. A., Reproduction and “March madness” in the brown hare, *Lepus europaeus*. *Journal of Zoology*, 174(1), 1-14., **1974**.
- [68] Pépin, D., Variation in survival of brown hare (*Lepus europaeus*) leverets from different farmland areas in the Paris basin. *Journal of Applied Ecology*, 13-23., **1989**.
- [69] Petter, F., Elements d'une revision des Lievres europeens et asiatiques du sous-genre Lepus. *Zeitschrift für Säugetierkunde* 26: 30-40, **1961**.
- [70] Angermann, R., The taxonomy of Old World *Lepus*. *Acta Zoologica Fennica* 174, 17-21, **1983**.
- [71] Flux, J.E.C., Introduction to taxonomic problems in hares. *Acta Zoologica Fennica* 174, 7-10, **1983**.
- [72] Petter, F., Elements d'une revision des lievres africains du sous-genre *Lepus*. *Mammalia* 23: 41-67. **1959**.
- [73] Slimen, H. B., Suchentrunk, F., Memmi, A., & Elgaaied, A. B. A., Biochemical genetic relationships among Tunisian hares (*Lepus* sp.), South African cape hares (*L. capensis*), and European brown hares (*L. europaeus*). *Biochemical genetics*, 43(11-12), 577-596, **2005**.
- [74] Ben Slimen, H., Suchentrunk, F., Memmi, A., Sert, H., Kryger, U., Alves, P. C., & Ben Ammar Elgaaied, A., Evolutionary relationships among hares from North Africa (*Lepus* sp. or *Lepus* spp.), cape hares (*L. capensis*) from South Africa, and brown hares (*L. europaeus*), as inferred from mtDNA PCR-RFLP and allozyme data, *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 44(1), 88–99, **2006**.

- [75] Ben Slimen, H., Suchentrunk, F., Stamatis, C., Mamuris, Z., Sert, H., Alves, P. C., ... Ben Ammar Elgaaied, A., Population genetics of cape and brown hares (*Lepus capensis* and *L. europaeus*): A test of Petter's hypothesis of conspecificity, *Biochemical Systematics and Ecology*, 36(1), 22–39, **2008**.
- [76] Ben Slimen, H., Suchentrunk, F., & Ben Ammar Elgaaied, A., On shortcomings of using mtDNA sequence divergence for the systematics of hares (genus *Lepus*): An example from cape hares, *Mammalian Biology*, 73(1), 25–32, **2008**.
- [77] Kasapidis, P., Suchentrunk, F., Magoulas, A., & Kotoulas, G., The shaping of mitochondrial DNA phylogeographic patterns of the brown hare (*Lepus europaeus*) under the combined influence of Late Pleistocene climatic fluctuations and anthropogenic translocations, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 34(1), 55–66, **2005**.
- [78] Stamatis, C., Suchentrunk, F., Moutou, K. A., Giacometti, M., Haerer, G., Djan, M., ... Mamuris, Z., Phylogeography of the brown hare (*Lepus europaeus*) in Europe: A legacy of south-eastern Mediterranean refugia?, *Journal of Biogeography*, 36(3), 515–528, **2009**.
- [79] Sert, H., Slimen, H. Ben, Erdoğan, A., & Suchentrunk, F., Mitochondrial HVI sequence variation in Anatolian hares (*Lepus europaeus* Pallas, 1778), *Mammalian Biology*, 74(4), 286–297, **2009**.
- [80] Winkler, H., Christie, D. A., & Nurney, D., *Woodpeckers: an identification guide to the woodpeckers of the world*. Houghton Mifflin Company, New York., **1995**.
- [81] Peters JL., *Check-list of birds of the world*, Vol. VI. Cambridge, MA: Harvard University Press., **1948**.
- [82] Beaman, M., & Madge, S., *The handbook of bird identification: for Europe and the western Palearctic*. A&C Black., **2010**.
- [83] Winkler, H., Christie, D.A. & Kirwan, G.M., Great Spotted Woodpecker (*Dendrocopos major*). In: del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D.A. & de Juana, E. (eds.). *Handbook of the Birds of the World Alive*. Lynx Edicions, Barcelona. (retrieved from <http://www.hbw.com/node/56225> on 1 May 2016)., **2016**.
- [84] Perktaş, U., & Quintero, E., A wide geographical survey of mitochondrial DNA variation in the great spotted woodpecker complex, *Dendrocopos major* (Aves: Picidae), *Biological Journal of the Linnean Society*, 108(1), 173–188, **2013**.
- [85] Arnold, E. N., Burton, J. A., & Oviden, D., *Field guide to the reptiles and amphibians of Britain and Europe*. Collins., **1978**.
- [86] Böhme, M. U., Fritz, U., Kotenko, T., Ljubisavljević, K., Tzankov, N., & Berendonk, T. U., Phylogeography and cryptic variation within the *Lacerta viridis* complex (Lacertidae, Reptilia), *Zoologica Scripta*, 36(2), 119–131, **2007**.
- [87] Jelka Crnobrnja Isailovic, Milan Vogrin, Claudia Corti, Valentin Pérez Mellado, Paulo Sá-Sousa, Marc Cheylan, Juan Pleguezuelos, Hans Konrad Nettmann, Bogoljub Sterijovski, Petros Lymberakis, Richard Podloucky, Dan Cogalniceanu, Aziz Avci.,

- Lacerta viridis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2009: e.T61530A12507156., **2009**.
- [88] Peters G., Studien zur Taxonomie, Verbreitung und Ökologie der Smaragdeidechsen IV. Zur Ökologie und Geschichte der Populationen von *Lacerta v. viridis* (Laurenti) im mitteleuropäischen Flachland. Veroff Bez Mus Potsdam 21:49–119. **1970**.
- [89] Elbing K., Die Smaragdeidechsen-zwei ungleiche Schwestern. *Laurenti Verlag*, Bochum, **2001**.
- [90] Nettmann, H. K., Die Smaragdeidechsen (*Lacerta s. str.*)—Eine Übersicht über Verwandtschaft und Formenvielfalt. *Mertensiella*, 13, 11-32, **2001**.
- [91] Arnold, E. N., Arribas, O., & Carranza, S., Systematics of the palearctic and oriental lizard tribe Lacertini (Squamata: Lacertidae: Lacertinae), with descriptions of eight new genera, *Zootaxa* **2007**.
- [92] Andres, C., Franke, F., Bleidorn, C., Bernhard, D., & Schlegel, M., Phylogenetic analysis of the *Lacerta agilis* subspecies complex, *Systematics and Biodiversity*, 12(1), 43–54, **2014**.
- [93] Rykena, S., Kreuzungsexperimente zur Prüfung der Artgrenzen im Genus *Lacerta sensu stricto*. *Mitteilungen des Zoologischen Museum Berlin*, 67, 55–68, **1991**.
- [94] Amann T, Rykena S, Joger U, Nettmann HK, Veith M, Zur artlichen Trennung von *Lacerta bilineata* Daudin, 1802 und *L. viridis* (Laurenti, 1768). *Salamandra* 33:255–268, **1997**.
- [95] Joger, U., Amann, T., & Veith, M., Phylogeographie und genetische Differenzierung im *Lacerta viridis/bilineata* Komplex. *Mertensiella*, 13, 60-68, **2001**.
- [96] Schmidtler, J. F., Orientalische Smaragdeidechsen. II: Über Systematik und Synökologie von *Lacerta trilineata*, *L. media* und *L. pamphylica* (Sauria: Lacertidae). *Salamandra*, 22(2-3), 126-146, **1986**.
- [97] Kumlutaş, Y., Karadeniz Bölgesi *Lacerta viridis* (Sauria: Lacertidae) Populasyonları üzerinde Taksonomik Araştırmalar. *Turkish Journal of Zoology*, 20, 223-247, **1996**.
- [98] Arıkan, H., Atatür, M. K., Çevik, I. E., & Kumlutaş, Y., A serological investigation of *Lacerta viridis* (Laurenti, 1768) (Sauria: Lacertidae) populations in Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 23(3), 227-230, **1999**.
- [99] Marzahn, E., Mayer, W., Joger, U., Ilgaz, Ç., Jablonski, D., Kindler, C., ... Fritz, U., Phylogeography of the *Lacerta viridis* complex: Mitochondrial and nuclear markers provide taxonomic insights, *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 54(2), 85–105, **2016**.
- [100] GenBank - <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> (Haziran, 2016)
- [101] Kearse, M., Moir, R., Wilson, A., Stones-Havas, S., Cheung, M., Sturrock, S., Buxton, S., Cooper, A., Markowitz, S., Duran, C., Thierer, T., Ashton, B., Meintjes, P. & Drummond, A., Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data, *Bioinformatics*, 28(12), 1647–1649, **2012**.

- [102] Hall, T., BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT, *Nucleic Acids Symposium Series* **1999**.
- [103] Librado, P., & Rozas, J., DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data, *Bioinformatics*, 25(11), 1451–1452, **2009**.
- [104] Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipiński, A., & Kumar, S., MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0, *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725–2729, **2013**.
- [105] Fickel, J., Schmidt, A., Putze, M., Spittler, H., Ludwig, A., Streich, W. J., & Pitra, C., Genetic structure of populations of European brown hare: implications for management. *Journal of Wildlife Management*, 69(2), 760-770, **2005**.
- [106] Fickel, J., Hauffe, H. C., Pecchioli, E., Soriguer, R., Vapa, L., & Pitra, C., Cladogenesis of the European brown hare (*Lepus europaeus* Pallas, 1778), *European Journal of Wildlife Research*, 54(3), 495–510, **2008**.
- [107] Zink, R. M., Drovetski, S. V., & Rohwer, S., Phylogeographic patterns in the great spotted woodpecker *Dendrocopos major* across Eurasia, *Journal of Avian Biology*, 33(2), 175–178, **2002**.
- [108] Swofford, D. L., PAUP* *Phylogenetic Analysis Using Parsimony* (*and Other Methods). Version 4. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts. **2002**.
- [109] Drummond, A. J., Rambaut, A., Shapiro, B., & Pybus, O. G., Bayesian coalescent inference of past population dynamics from molecular sequences, *Molecular Biology and Evolution*, 22(5), 1185–1192, **2005**.
- [110] Drummond, A. J., Suchard, M. A., Xie, D., & Rambaut, A., Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7, *Molecular Biology and Evolution*, 29(8), 1969–1973, **2012**.
- [111] Global Biodiversity Information Facility - <http://www.gbif.org/> (Haziran, 2016)
- [112] ArcGIS - <http://desktop.arcgis.com/en/> (Haziran, 2016)
- [113] Brown, J. L., SDMtoolbox: A python-based GIS toolkit for landscape genetic, biogeographic and species distribution model analyses, *Methods in Ecology and Evolution*, 5(7), 694–700, **2014**.
- [114] Elith, J., Kearney, M., & Phillips, S., The art of modelling range-shifting species, *Methods in Ecology and Evolution*, 1(4), 330–342, **2010**.
- [115] Fourcade, Y., Engler, J. O., R??dder, D., & Secondi, J., Mapping species distributions with MAXENT using a geographically biased sample of presence data: A performance assessment of methods for correcting sampling bias, *PLoS ONE*, 9(5), 1–13, **2014**.
- [116] <http://www.vertnet.org> (Haziran, 2016)
- [117] Türkiye'nin Anonim Memelileri – TRAMEM – www.tramem.org (Haziran, 2016)
- [118] Bonino, N., Cossíos, D., & Menegheti, J., Dispersal of the European hare, *Lepus europaeus* in South America. *Folia Zoologica*, 59(1), 9, **2010**.

- [119] Grigera, D. E., & Rapoport, E. H., Status and distribution of the European hare in South America. *Journal of Mammalogy*, 64(1), 163-166, **1983**.
- [120] eBird - <http://ebird.org/content/ebird/> (Haziran, 2016)
- [121] Pierpaoli, M., Riga, F., Trocchi, V., & Randi, E., Species distinction and evolutionary relationships of the Italian hare (*Lepus corsicanus*) as described by mitochondrial DNA sequencing. *Molecular Ecology*, 8(11), 1805-1817, **1999**.
- [122] Brito, P. H., The influence of Pleistocene glacial refugia on tawny owl genetic diversity and phylogeography in western Europe, *Molecular Ecology*, 14(10), 3077–3094, **2005**.
- [123] Perktas, U., Barrowclough, G. F., & Groth, J. G., 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(3), 710–723, **2011**.
- [124] Drovetski, S. V., Raković, M., Semenov, G., Fadeev, I. V., & Red'kin, Y. A., Limited phylogeographic signal in sex-linked and autosomal loci despite geographically, ecologically, and phenotypically concordant structure of mtDNA variation in the holarctic avian genus *eremophila*, *PLoS ONE*, 9(1) **2014**.
- [125] Stewart, J. R., Lister, A. M., Barnes, I., & Dalén, L., Refugia revisited: individualistic responses of species in space and time., *Proceedings. Biological sciences / The Royal Society*, 277(1682), 661–71, **2010**.
- [126] Gündüz, I., Jaarola, M., Tez, C., Yenyurt, C., Polly, P. D., & Searle, J. B., Multigenic and morphometric differentiation of ground squirrels (*Spermophilus*, Scuridae, Rodentia) in Turkey, with a description of a new species, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43(3), 916–935, **2007**.
- [127] Fritz, U., Ayaz, D., Hundsödörfer, A. K., Kotenko, T., Guicking, D., Wink, M., Tok, C. V., Çiçek, K., Buschbom, J., Mitochondrial diversity of European pond turtles (*Emys orbicularis*) in Anatolia and the Ponto-Caspian Region: Multiple old refuges, hotspot of extant diversification and critically endangered endemics, *Organisms Diversity and Evolution*, 9(2), 100–114, **2009**.
- [128] Akin, C., Bilgin, C. C., Beerli, P., Westaway, R., Ohst, T., Litvinchuk, S. N., Uzzell, T., Bilgin, M., Hotz, H., Guex, G., Plötner, J., Phylogeographic patterns of genetic diversity in eastern Mediterranean water frogs were determined by geological processes and climate change in the Late Cenozoic, *Journal of Biogeography*, 37(11), 2111–2124, **2010**.
- [129] Bilgin, R., Back to the suture: The distribution of intraspecific genetic diversity in and around Anatolia, *International Journal of Molecular Sciences*, 12(6), 4080–4103, **2011**.
- [130] Kaya, S., Gündüz, İ. & Çiplak, B., Estimating effects of global warming from past range changes for cold demanding refugial taxa: a case study on South-west Anatolian species *Poecilimon birandi*. *Biologia* 67: 1152–1164, **2012**.

- [131] İpekdal, K., Çam kese böceği, *Thaumetopoea pityocampa* (Dennis & Schiffer-Müller, 1775) ve *Thaumetopoea wilkinsoni* tams, 1924 (Lepidoptera: Notodontidae), türlerinde ayrılma ve filocoğrafya, Doktora Tezi, Hacettepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara, **2012**.
- [132] İbiş, O., Tez, C., & Özcan, S., Phylogenetic status of the Turkish red fox (*Vulpes vulpes*), based on partial sequences of the mitochondrial cytochrome b gene, *Vertebrate Zoology*, 64(2), 273–284, **2014**.
- [133] Schmitt, T., & Varga, Z., Extra-Mediterranean refugia: The rule and not the exception?, *Frontiers in Zoology*, 9(1), 22, **2012**.
- [134] Cramp S., *Handbook of the birds of Europe, the Middle East, and North Africa, Vol. IV. Terns to woodpeckers*. Oxford: Oxford University Press, **1985**.

EKLER

Ek 1: Yabani tavşan için kullanılan diziler ve haplotip numaraları

Haplotip Numarası	Dizi Sayısı	Genbank Erişim Numarası
1	2	EU435388
2	1	EU435389
3	1	EU435390
4	1	EU435391
5	1	EU435393
6	1	EU435394
7	2	EU435395
8	1	EU435396
9	4	EU435398
10	7	EU435401
11	1	EU435402
12	1	EU435403
13	1	EU435405
14	1	EU435406
15	3	EU435407
16	3	EU435410
17	1	DQ469703
18	1	DQ469700
19	1	DQ469697
20	1	DQ469691
21	1	DQ469710
22	1	DQ469698
23	1	DQ469696

24	1	DQ469695
25	1	DQ469706
26	1	DQ469643
27	1	DQ469646
28	1	DQ469708
29	1	DQ469699
30	1	DQ469647
31	1	DQ469645
32	1	DQ469707
	1	AY466797
33	1	DQ469704
34	1	DQ469644
35	1	DQ469709
36	1	DQ469694
37	1	DQ469701
38	1	DQ469693
39	1	DQ469705
40	1	DQ469642
41	1	DQ469692
42	1	DQ469690
43	1	DQ469687
44	1	DQ469689
45	1	DQ469702
46	1	DQ469688
47	1	AY163356

48	1	AY163357
49	2	AY163358
50	4	AY163359
	1	DQ469654
51	1	AY163361
52	1	AY163362
53	1	AY163363
54	1	AY163364
55	15	AY163365
56	1	AY163366
57	1	AY163367
58	4	AY163368
59	1	AY163369
60	2	AY163371
61	1	AY163372
62	1	AY163374
63	1	AY163375
64	15	AY163376
65	8	AY300032
66	8	AY300033
67	1	AY300034
68	8	AY300035
69	2	AY300036
70	5	AY876081
71	1	AY876082

72	5	AY876083
73	1	AY876085
74	1	AY876086
75	2	AY876088
76	2	AY876093
77	4	AY876095
78	1	AY876098
79	1	AY876099
80	1	AY876100
81	1	AY876101
82	1	AY876102
83	1	AY876103
84	1	AY876104
85	8	AY876106
86	3	AY876108
87	1	AY876109
88	1	AY876110
89	1	AY876111
90	1	AY876112
91	1	AY876113
92	2	AY876114
93	1	AY876115
94	3	AY876116
95	1	AY876117
96	2	AY876118
97	33	EU435412
98	1	EU435413
99	15	EU435414
100	5	AY103494

101	46	AY103495
	1	DQ469658
102	1	AY103496
103	2	AY103497
104	11	AY103499
	1	DQ469661
105	165	AY103500
	1	DQ469656
106	39	AY103501
107	21	AY103502
108	81	AY103503
	1	AY103521
109	29	AY103504
110	1	AY103505
	1	DQ469665
111	20	AY103506
112	4	AY103507
113	5	AY103508
114	3	AY103509
115	44	AY103510
	1	DQ469666
116	6	AY103511
117	11	AY103512
118	3	AY103513
	1	DQ469662
119	1	AY103514
120	10	AY103515
121	9	AY103516
122	1	AY103517

123	4	AY103518
124	1	AY103522
125	9	AY103523
126	7	AY103524
127	11	AY103526
128	10	AY103527
129	1	AY103528
130	4	AY103529
131	11	AY103530
132	1	AY103531
133	1	AY154661
134	2	AY154662
135	2	AY154663
136	2	AY154664
137	1	AY154665
138	1	AY154666
139	5	AY466782
140	1	AY466783
141	1	AY466784
142	1	AY466785
143	1	AY466786
144	3	AY466787
145	3	AY466788
146	1	AY466789
147	1	AY466790
148	1	AY466791
149	2	AY466792
150	1	AY466793
151	1	AY466794

152	1	AY466795
153	1	AY466796
154	1	EU818717
155	1	EU818718
156	1	EU818719
157	1	EU818720
158	1	EU818721
159	1	EU818722
160	1	EU818723
161	1	EU818724
162	1	EU818725
163	1	EU818726
164	1	EU818727
165	1	EU818728
166	1	EU818729
167	1	EU818730
168	1	EU818731
169	1	EU818732
170	1	EU818733
171	1	EU818734
172	1	EU818735
173	1	EU818736
174	1	EU818737
175	1	EU818738
176	1	EU818739
177	1	EU818740
178	1	EU818741
179	1	EU818742
180	1	EU818743

181	1	EU818744
182	1	EU818745
183	1	EU818746
184	1	EU818747
185	2	EU818748
186	1	EU818749
187	1	EU818750
188	1	EU818751
189	1	EU818752
190	1	EU818753
191	1	EU818754
192	1	EU818755
193	1	EU818756
194	1	EU818757
195	1	EU818758
196	1	EU818759
197	1	EU818760
198	1	EU818761
199	1	DQ469648
200	1	DQ469649
201	1	DQ469650
202	1	DQ469651
203	1	DQ469652
204	1	DQ469653
205	1	DQ469677
206	1	DQ469678
207	1	DQ469679
208	1	DQ469680
209	1	DQ469681

210	1	DQ469682
211	1	DQ469683
212	1	DQ469684
213	1	DQ469685
214	1	DQ469686
215	1	DQ469655
216	1	DQ469657
217	1	DQ469659
218	1	DQ469660
219	1	DQ469663
220	1	DQ469664
221	1	DQ469667
222	1	DQ469668
223	1	DQ469669
224	1	DQ469670
225	1	DQ469671
226	1	DQ469672
227	1	DQ469673
228	1	DQ469674
229	1	DQ469675
230	1	DQ469676
231	1	AY466798
	1	AY466799
232	1	AY466800
233	1	AY466801
234	1	AY466802
235	1	AY466803
236	1	AY466804
237	2	AY466805

238	1	AY466806
239	3	AY466807
240	1	AY466808
241	1	AY466809
242	2	AY466810
243	1	AY466811
244	1	AY466812
245	1	AY466813
246	1	AY466814
247	2	AY466815
248	3	AY466816
249	1	AY466817
250	1	AY466818
251	1	AY466819
252	1	AY466820
253	1	AY466821

254	1	AY466822
255	1	AY466823
256	1	AY466824
257	1	AY466825
258	1	AY466826
259	1	AY466827
260	1	AY466828
261	1	AY466829
262	1	AY466830
263	1	AY466831
264	3	AY466832
265	1	AY466833
266	2	AY466834
267	1	AY466835
268	1	AY466836
269	1	AY466837

270	1	AY466838
271	3	AY466839
272	1	AY466840
273	2	AY466841
274	1	AY466842
275	1	AY466843
276	3	AY466844
277	1	AY466845
278	1	AY466846
279	1	AY466847
280	2	AY466848
281	1	AY466849
282	1	AY466850
283	1	AY466851
284	2	AY466852
285	1	AY466853

Ek 2: Yeşil kertenkele için kullanılan diziler ve haplotip numaraları

Haplotip Numarası	Dizi Sayısı	GenBank Erişim Numarası
1	22	LN834648
		LN834655
		LN834635
		LN834672
		LN834656
		LN834625
		LN834640
		LN834651
		LN834671
		LN834662
		LN834632
		LN834638
		LN834675
		LN834634
		LN834673
		LN834647
		LN834645
		LN834657
		LN834679
		LN834678

		LN834631
		LN834667
2	5	LN834626
		LN834644
		LN834627
		LN834630
		LN834628
3	1	LN835019
4	16	LN834791
		LN834761
		LN834770
		LN834768
		LN834755
		LN834756
		LN834792
		LN834783
		AM292961
		LN834778
		LN834776
		LN834762
		LN834789
		LN834782
		LN834799

		LN834798
5	1	LN834780
6	2	LN834793
		LN834787
7	3	AM087305
		LN834989
		LN834750
8	218	LN834870
		LN834853
		LN834974
		LN834830
		LN834902
		AM292931
		LN834749
		LN834862
		LN834861
		LN834925
		LN834757
		LN834808
		LN834869
		LN834829
		LN834973
		AM292928

		LN834840
		LN834748
		LN834984
		LN834951
		LN834809
		LN834916
		AM087308
		LN835009
		AM292945
		LN834888
		AM292945
		LN835010
		LN834950
		LN834839
		LN834889
		LN834903
		LN834985
		AM087302
		LN834854
		LN834917
		LN834842
		AM087326
		AM292958
		LN834953
		LN834914

		LN834815
		LN834872
		LN835006
		LN834851
		LN834996
		LN834766
		LN834882
		AM292949
		LN835012
		AM087300
		LN834856
		LN834919
		LN834970
		LN834827
		LN834751
		LN835017
		LN834905
		LN834990
		LN834923
		LN834765
		LN834995
		AM292954
		LN834959
		LN834823
		AM087315

		LN834822
		LN834910
		AM087315
		AM292944
		LN834909
		AM087310
		LN834801
		LN834877
		AM292953
		AM087294
		LN834933
		LN834860
		LN834975
		LN834831
		LN834863
		LN834838
		LN834781
		LN834927
		LN834802
		LN834945
		LN835016
		LN834752
		LN834864
		AM087297
		LN834846

		LN834962
		AM292952
		LN834879
		LN834845
		LN834965
		AM292955
		AM087314
		LN834875
		LN834848
		LN834911
		LN834982
		LN834881
		LN834900
		AM292936
		LN834805
		LN834948
		LN834894
		LN834976
		LN834832
		LN834837
		LN834859
		LN834922
		LN834994
		LN834956
		LN834821

		LN834998
		LN834824
		AM292942
		LN834867
		AM087319
		LN834908
		LN834981
		AM292938
		LN834899
		LN834977
		LN834833
		LN834836
		LN834896
		LN834804
		LN834857
		LN834866
		AM087299
		LN835014
		LN834947
		AM292950
		LN834907
		LN834825
		LN834966
		LN834820
		LN834999

		LN834898
		LN834844
		LN834912
		LN834849
		LN834874
		AM087314
		AM292941
		LN834826
		AM087312
		LN834913
		LN834850
		LN834819
		LN834873
		LN835018
		LN834800
		LN834931
		LN834920
		LN834991
		LN834906
		LN834969
		LN834843
		AM292957
		AM087321
		LN835003
		LN834954

		AM087290
		LN835011
		LN834855
		AM087301
		LN834904
		LN834828
		LN834971
		LN834918
		LN834841
		LN835008
		LN834983
		LN834952
		AM292960
		AM087328
		LN834876
		LN834847
		LN834891
		LN834949
		LN834806
		AM292932
		LN834901
		AM292948
		LN834885
		LN834764
		LN834868

		LN834871
		LN834852
		LN834946
		LN834803
		LN835015
		AM292951
		LN834880
		AM087297
		LN834865
		AM087319
		LN834993
		LN834921
		LN834986
		LN834753
		LN834858
		AM087309
		LN834980
		LN834834
		LN834979
		LN834835
		LN834915
		LN834814
		AM292939
		AM292940
		LN834897

		AM292956
		LN834955
9	2	LN834795
		LN834796
10	1	AM292962
11	1	LN834677
12	1	LN834666
13	5	LN834658
		LN834659
		LN834660
		LN834652
		LN834650
14	2	LN834670
		LN834661
15	1	LN834663
16	2	LN834649
		LN834641
17	1	LN834646
18	1	LN834790
19	1	LN834935
20	3	AM292964
		LN834779
		AM087228
21	1	AM292963
22	1	LN835005

23	1	LN834929
24	1	LN834643
25	4	AM292947
		LN834967
		LN834968
		AM292946
26	6	AM087329
		LN834886
		AM087330
		LN834924
		LN834884
		LN834926
27	1	LN834961
28	1	AM292929
29	2	LN834987
		AM292934
30	1	AM292935
31	1	LN835013
32	6	LN834892
		AM087289
		LN834887
		LN834890
		LN834878
		LN834893
33	2	LN834978

		LN834972
34	1	LN834729
35	1	LN834740
36	1	LN834726
37	1	LN834941
38	3	LN834746
		LN834736
		LN834739
39	1	LN834724
40	2	AM292959
		LN834794
41	1	LN834771
42	10	LN834773
		LN834772
		LN834759
		LN834786
		LN834763
		LN834784
		LN834785
		AM292967
		LN834774
		AM292968
43	2	LN834733
		LN834734
44	1	LN834728

45	2	LN834775
		LN834788
46	1	LN834732
47	1	LN834777
48	1	LN834930
49	1	LN834723
50	1	LN834938
51	1	LN834737
52	1	LN834936
53	1	LN834818
54	1	LN835000
55	3	LN834957
		LN835001
		LN834958
56	1	LN834934
57	1	LN834811
58	1	AM292969
59	1	LN834725
60	1	AM292970
61	1	LN834743
62	1	LN834735
63	1	LN834742
64	1	LN834731
65	1	LN834738
66	1	LN834727

67	1	LN834744
68	4	LN834813
		LN834817
		LN834810
		LN834812
69	1	LN834668
70	1	LN834674
71	1	LN834730
72	2	53_2010_K
		59_2010_K
73	1	37_2007_C
74	1	LN834633
75	1	LN834654
76	1	AM292966
77	1	LN834669
78	1	LN834653
79	1	LN834639
80	2	LN834664
		LN834676
81	1	LN834939
82	2	LN834932
		LN834928
83	1	LN834758
84	1	LN834937
85	1	LN834942

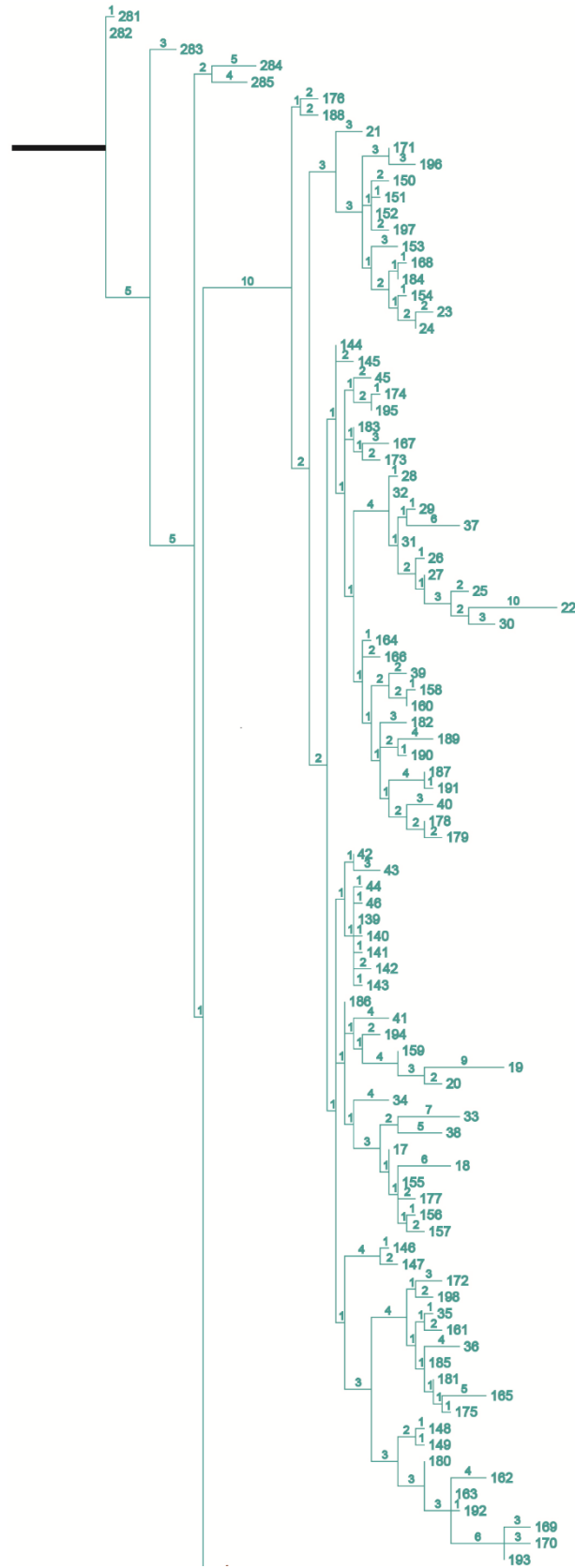
86	1	LN834636
87	1	LN834637
88	1	LN834741
89	1	LN834943
90	1	AM292965
91	1	LN834745
92	1	LN834754
93	1	LN834760
94	2	LN834747
		LN835002
95	1	LN834883
96	2	LN834797
		LN834963
97	2	LN834807
		AM292930
98	1	LN834895
99	2	LN834767
		LN834940
100	2	AM087303
		LN834997
101	1	LN835028
102	1	LN835029
103	1	GQ142119
104	1	LN835021
105	2	AM292994

		LN835020
106	1	LN835023
107	1	LN835024
108	1	LN834964
109	2	LN834988
		AM292933
110	2	LN835007
		AM292943
111	1	AM292937
112	1	LN835004

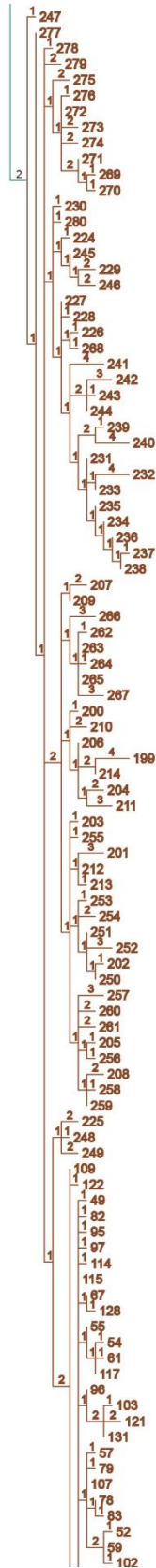
Ek 3: Orman alaca ağaçkakanı örneklem lokaliteleri

Kısaltma	Açıklama
CAN	Kanarya Adaları
MOR	Fas
ALG	Cezayir
IBE	İber Yarımadası
SAR	Sardunya Adası
COR	Korsika
ITA	İtalya
ENG	İngiltere
SWI	İsviçre
BAL	Balkanlar
ANA	Anadolu
CAU	Kafkaslar
AST	Astrahan
KUR	Kursk
MOS	Moskova
VOL	Vologda
OUL	Oulu
NOY	Noyabrask
KRA	Krasnodar
IRK	Irkutsk
MON	Moğolistan
KHA	Khabarovsk
MAG	Magadan

Ek 4: Yabani tavşan parsimoni ağacı (1/3)



Ek 4 (devamı): Yabani tavşan parsimoni ağacı (2/3)



ÖZGEÇMİŞ

Kimlik Bilgileri

Adı Soyadı : Eren ADA
Doğum Yeri : Bakırköy/İstanbul
Medeni Hali : Bekar
E-posta : erenada@gmail.com
Adresi : Umut Mah. Seyitgazi Sok. No:27/6 Çankaya/Ankara

Eğitim

Lisans : Ahi Evran Üniversitesi, Biyoloji Bölümü
Yüksek Lisans: Hacettepe Üniversitesi, Biyoloji Bölümü, Zooloji Anabilim Dalı

Yabancı Dil ve Düzeyi

İngilizce, YDS: 80/100; TOEFL IBT: 92/120

İş Deneyimi

-

Deneyim Alanları

-

Tezden Üretilmiş Projeler ve Bütçesi

-

Tezden Üretilmiş Yayınlar

-

Tezden Üretilmiş Tebliğ ve/veya Poster Sunumu ile Katıldığı Toplantılar

Sözlü Sunum: “Asia Minor: A pleasant refuge during tough times”, *II. Uluslararası Ekoloji ve Evrimsel Biyoloji Sempozyumu*, 6-7 Ağustos 2015, Ankara

Poster Sunumu: “Asia Minor: A pleasant refuge during tough times”, *Matematiksel Evrim Yaz Okulu*, 6-13 Eylül 2015, Şirince – İzmir

Sözlü Sunum: “Avrupa Filocoğrafi Örüntüleri ve Anadolu'nun Sığınak Rolü”, *7. Ulusal Çevre ve Ekoloji Öğrenci Kongresi*, 16-17 Nisan 2016, Ankara