

***Poecilimon birandi* (ORTHOPTERA, PHANEROPTERINAE) ALÇAK VE YÜKSEK
RAKIM POPULASYONLARI: EKOLOJİK VE TEMPORAL FARKLILAŞMANIN
FENOTİPIK VE GENETİK VERİLERLE İNCELENMESİ**

Sarp KAYA

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

2008

***Poecilimon birandi* (ORTHOPTERA, PHANEROPTERINAE) ALÇAK VE YÜKSEK
RAKIM POPULASYONLARI: EKOLOJİK VE TEMPORAL FARKLILAŞMANIN
FENOTİPIK VE GENETİK VERİLERLE İNCELENMESİ**

Sarp KAYA

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

Bu tez 2007.02.0121.007 nolu proje olarak Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetim Birimi tarafından desteklenmiştir.

2008

ÖNSÖZ

Küresel ısınma günümüzün en önemli çevresel değişimlerinden biridir. Bu durum mevcut canlılığın yayılışını ve çeşitliliğini etkileyecek önemli bir faktör olarak değerlendirilmektedir. Anadolu, özellikle de Akdeniz havzasının sahip olduğu canlı çeşitliliği bu iklimsel değişimden en fazla etkilenecek bölgeler arasındadır. Küresel ısınmanın canlı çeşitliliği üzerinde yaratmış olduğu etkiyi anlamak amacıyla geçmiş iklimsel değişimlerin analogik ilişkisi dikkate alınarak günümüz canlılığının gelecekteki demografik yapısı hakkında fikir edinilebilir. Küresel ısınmanın canlılar üzerinde yaratmış olduğu seçim baskısının anlaşılması; türlerin gelecekteki yayılış sınırlarının tahmin edilmesi, mevcut genetik çeşitliliğin uğrayacağı genetik erozyonun anlaşılabilmesi ve tehlike altındaki türlere yönelik koruma stratejilerinin belirlenmesi bakımından faydalı olacaktır. Bu düşünce ile yola çıktığımız bu çalışmada Anadolu'nun Batı Akdeniz kesiminde farklı yükseltilerde yayılış gösteren *Poecilimon birandi* türünün demografik yapısını çalışarak yukarıda değinilen beklentileri karşılayabilecek verilerin edinilebilmesi amaçlandı.

Bu çalışmanın planlanmasından gerçekleştirilmesine kadar her aşamasında yardımlarını ve desteğini esirgemeyen gerek çalışkanlığıyla gerekse bilime verdiği değerle örnek aldığım değerli Danışmanım Prof. Dr. Battal ÇIPLAK'a (Akdeniz Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü), DNA izolasyonu ve PCR uygulamalarındaki katkılarından ve laboratuvar olanaklarından yararlanmamı sağlayan Prof. Dr. Hüseyin BASIM ve Yüksek Lisans öğrencisi Bahar ARGUN KARSLI'ya (Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü), DNA sekans verilerinin analizinde yardımlarını esirgemeyen Doç. Dr. İslam GÜNDÜZ'e (Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü), ses ve morfoloji verilerinin istatistiksel analizlerinde katkı sağlayan Prof. Dr. Mehmet Ziya FIRAT'a (Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Zootekni Bölümü), ses kayıtlarının yapılmasında, örneklerin toplanmasında ve çalışmanın tüm aşamalarında her türlü destek ve yardımlarından dolayı Ar.Gör. Deniz ŞİRİN ve Ar.Gör. Mehmet Sait TAYLAN'a (Akdeniz Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü), gerek laboratuvar çalışmalarının gerçekleştirilmesinde gerekse de ses kayıtlarının

yapılımsında sağladığı olanaklardan dolayı Akdeniz Üniversitesi Biyoloji Bölümüne, çalışmanın yapılması için gerekli maddi desteği sağlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetim Birimi'ne (Proje No: 2007.02.0121.007), karşılaştığım her türlü zorlukta her daim yanımda olan aileme ve burada değinemediğim fakat bu çalışmada emeği geçen ve desteklerini esirgemeyen herkese sonsuz teşekkürlerimi ve minnettarlığımı sunarım.

ÖZET

***Poecilimon birandi* (ORTHOPTERA, PHANEROPTERINAE) ALÇAK VE YÜKSEK RAKIM POPULASYONLARI: EKOLOJİK VE TEMPORAL FARKLILAŞMANIN FENOTİPİK VE GENETİK VERİLERLE İNCELENMESİ**

Sarp KAYA

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof.Dr. Battal ÇIPLAK

Aralık 2008, 73 sayfa

Günümüzün en önemli çevresel problemi muhtemelen küresel ısınmadır ve biyolojik çeşitlilik üzerinde etkilerinin yıkıcı olması beklenmektedir. Diğer coğrafik alanlar ile kıyaslandığında bu etkinin Akdeniz için daha belirgin olacağı tahmin edilmektedir. İklimsel değişimler nedeniyle birçok türün yok olacağı veya yayılışının yüksek rakımlara ya da kuzey enlemlerine kayacağı, buzullar arası dönemde olduğu gibi, sanılmaktadır. *P. birandi* Anadolu'nun batı Akdeniz kısmında yayılış göstermektedir ve iklimsel değişimlerin muhtemel etkilerini test etmek amacıyla populasyon biyolojisi yönüyle çalışılmıştır.

Yapılan arazi çalışmaları ile fenotipik ve genotipik veriler edinmek için örnekler toplandı. Arazi çalışmaları sırasında *P. birandi* türünün yayılışının Antalya'nın batı yarısı ve Muğla'nın güneydoğu kısmını içine aldığı ve deniz seviyesinden 2500 m'ye kadar yayılış gösterdiği saptanmıştır. *P. birandi*'nin fenotipik demografisini belirlemek amacıyla 16 morfolojik ve beş ses karakteri çalışıldı. On altı morfolojik karakterden 15 tanesinin istatistiksel analizi Bergmann Kuralı'nın öngörüsünün aksine artan yükselti ile kuvvetli bir negatif korelasyon göstermiş ancak, tür içerisinde tanımlanabilir alt ünitelerin

varlığına işaret etmemiştir. On altıncı karakter olan sersi diş sayısı diğer morfolojik karakterlerin ortaya koyduğu örüntüden farklı bir durum ortaya koymuştur. Çalışılan erkek çağrı seslerinin yapısal parametreleri içerisinde önemli varyasyonlar olmasına rağmen, coğrafik heterojenliğe paralel bir demografiye işaret etmemektedir. Morfoloji ve ses karakterlerine ek olarak, 87+9 (çalışılan tür birey sayısı+dış gurup birey sayısı) bireyden belirteç olarak 16S rDNA geni genetik demografiyi belirlemek için izole edildi ve dizi analizi gerçekleştirildi.

Diziler kullanılarak üretilen filogenetik ağaçlar, gözlemlenen fenotipik varyasyonların atasal mı yoksa çevreye mi bağımlı olduğunu saptamada ve filocoğrafik değerlendirmeler için kullanıldı. Analizlerde 16S rDNA'nın 537 baz çiftlik kısmı değerlendirmeye alındı. Bu bölgenin 482 baz çifti korunmuş, 54 baz çiftinin ise değişken olduğu ve bu 54 baz çiftlik kısım içerisinde de 41 baz çiftinin parsimoni açısından bilgi verici olduğu belirlendi. *P. birandi*'ye ait 87 dizi 30 farklı haplotipi işaret etmektedir Bu haplotipler, kullanılarak farklı algoritmalarla filogenetik analizler yapıldığında, *P. birandi* içerisinde üç soy hattının varlığı saptanmıştır. Bunlardan ilki Batı Soy Hattı olarak adlandırılmış ve Eşen vadisi, Eretepe, Akdağ, Patara, ve Kalkan lokalitelerinden belirlenen haplotipleri içermektedir. İkincisi Doğu Soy Hattı olarak adlandırılan ve Termessos, Bakırlıdağ, Tahtalıdağ, Kemer ve Olympos'dan saptanan haplotipleri içermektedir. Üçüncüsü kendisine özgü iki haplotipi olan Demre popülasyonudur. Genetik veriler bu üç birim arasında herhangi bir gen alış verişinin olmadığına işaret etmektedir. Batı Soy Hattı içindeki düşük rakım haplotiplerinin kök kısmında, yüksek rakım haplotiplerinin uç kısımda çıkması düşük rakımdan yüksek rakıma doğru bir yayılışın olduğuna işaret etmektedir. Bunun tersine Doğu Soy Hattındaki hem düşük hem de yüksek rakım haplotiplerinin her ikisi de ağaçta karışık halde bulunmakta ve bu durum yüksek ve düşük rakım popülasyonları arasında bir gen alış verişine veya eski bir gen havuzu paylaşımını işaret etmektedir. Ancak, Demre popülasyonu türün düşük rakımda varolan bir atasal kaynaktan köken aldığı olasılığına destek sağlar.

Morfolojik, ses ve genetik verileri birlikte değerlendirildiğinde; (1) türün göstermiş olduğu fenotipik varyasyonun çevresel nedenlere bağlı olduğu, (2) *P.*

birandi'nin oldukça yüksek genetik varyasyon sergilediđi, (3) türün muhtemelen bir düşük rakım atasal kaynaktan köken aldığı ve bir ısınma döneminde yüksek rakımlara yayıldığı, (4) *Poecilimon* cinsi içerisinde türlerin tanımlanmasında kullanılan morfolojik karakterlerden olan sersi ve pronotumun aynı tür içerisinde bile varyasyonel olduğu ve diagnostik niteliğinin zayıf olduğu, (5) türün çok çeşitli habitat tiplerinde yaşayabilmesi ve yüksek genetik çeşitliliğe sahip olmasından dolayı tehlike altında olmadığı sonuçlarına varılmıştır.

Anahtar kelimeler: *Poecilimon birandi*, filocoğrafya, filogeni, 16S rDNA, küresel ısınma, koruma genetiđi

JÜRİ: Prof.Dr. Battal ÇIPLAK (Danışman)

Yrd.Doç.Dr. Nuray KAYA

Yrd.Doç.Dr. Serap MUTUN

ABSTRACT

LOWLAND AND HIGHLAND POPULATIONS OF *Poecilimon birandi* (ORTHOPTERA, PHANOROPTERINAE): INVESTIGATING OF ECOLOGICAL AND TEMPORAL DIFFERENTIATIONS USING GENETIC AND PHENOTYPIC DATA

Sarp KAYA

M.Sc. in Biology

Adviser: Prof.Dr. Battal CIPLAK

December, 2008, 73 pages

Global warming is possibly the most acute environmental problem of present time and its effects on biodiversity are expected to be detrimental. In comparison to other geographic, impacts of this environmental crisis are suggested to be more prominent in Mediterranean Basin. Due to climatic changes, it is assumed that several species will go extinct or live range changes by receding to highlands or northern latitudes, in a similar way suggested for glacial periods. *Poecilimon birandi*, a species distributed in western part of Mediterranean Anatolia was studied for testing assumptions about possible effects of climate changes in a perspective of population biology.

The specimens have been collected to obtain data for phenotypic and genetic studies in several field studies. During field studies, distribution area of *P. birandi* was found to cover west half of Antalya and south-east of Muğla provinces from sea level up to 2500 m altitude. To define phenotypic demography of *P. birandi*, 16

morphological and five song characters were examined. Statistical analyses of 15 out of 16 morphological characters (metric or numeric) suggested a strong negative correlation with increasing altitude as suggested by contrast with Bergmann rule and indicated no definable subunit within the species. The 16th character that is the, the number of cercal teeth suggested a pattern different than that by other morphological characters. Although male calling song exhibits a considerable variation in temporal parameters, it do not suggest any pattern relative to geographic heterogeneity. In addition to morphology and song characters, 16S rDNA as genetic markers to determine the genetic demography and to establish a phylogenetic tree was isolated from 87+9 (the species under study + out groups) specimens and sequenced. The obtained phylogenetic tree from 16S rDNA sequence was used for phylogeographic evaluation and to test if the observed phenotypic variation is ancestral or environment depended. A part of 537 base pairs of 16S rDNA sequences was taken in the analyses. and 482 out of 537 base pair were conservative and 54 were variable and, of these 41 were parsimony informative.

The 87 sequences belong to the *P. birandi* exhibits 30 different haplotypes. These haplotypes were phylogenetically analysed using different algorithms. Analyses suggested three lineages within *P. birandi*. The first is the Western lineage including haplotypes determined from Eşen Valley, Erentepe, Akdağ, Patara, and Kalkan. The second is the Eastern lineage including the haplotypes from Termessos, Bakırlıdağ, Tahtalıdağ, Kemer and Olympos. The third includes two haplotypes which are unique to Demre population. Genetic data indicates no gene flow between these three units. Within the Western lineage, the haplotypes which are unique to lowland populations occupy the basal branches and those from highlands are in crown group indicating dispersal toward highlands. In the contrary, the haplotypes in eastern lineage are mixed in lowlands and highlands. This suggested that there are a gene flow between lowlands and highlands or Demre population originated from a lowland ancestral stock.

By evaluating morphological, song and genetic data, it is concluded that; (1) present phenotypic variation is dependent to environmental conditions, (2) *P. birandi* exhibits considerable genetic variation, (3) the species possibly originated from a lowland ancestral stock during one of the cold periods for congenics and later invaded

highlands, (4) the morphological diagnostic characters such as cerci and pronotum in the genus *Poecilimon*, are variable within the same species and are not reliable in defining species and (5) the species is not threatened because it lives in a variety of habitats and harbor sand has a considerable genetic variation.

KEY WORDS: *Poecilimon birandi*, phylogeography, phylogeny, 16S rDNA, global warming, conservation genetics.

COMMITTEE: Prof.Dr. Battal IPLAK (Adviser)

Asst.Prof.Dr. Nuray KAYA

Asst.Prof.Dr. Serap MUTUN

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ.....	i
ÖZET.....	iii
ABSTRAC.....	vi
İÇİNDEKİLER.....	ix
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ.....	x
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xiv
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xv
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Tür, Türleşme ve Filocoğrafya.....	1
1.2. Model Olma Potansiyeli Olan Bir Tür <i>Poecilimon birandi</i>	6
2. MATERYAL ve METOT.....	10
2.1. Arazi Çalışmaları.....	10
2.2. Morfometrik Ölçümler.....	11
2.3. Ses Kayıt ve Analizi.....	11
2.4. DNA İzolasyonu.....	12
2.5. Belirteç Genin PCR ile Çoğaltılması.....	13
3. BULGULAR.....	16
3.1. Habitat Tercihi ve Görülme Zamanına İlişkin Gözlemler.....	16
3.2. Morfolojik Veriler.....	19
3.3. Erkek Çağrı Sesi.....	28
3.4. Moleküler Veriler.....	31
4. TARTIŞMA.....	41
4.1. <i>P. birandi</i> 'nin Fenotipik Demografisi.....	41
4.2. <i>P. birandi</i> 'nin Genetik Demografisi ve Filocoğrafyası.....	44
5. SONUÇ.....	50
6. KAYNAKLAR.....	52
ÖZGEÇMİŞ.....	58

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

π	pi
Θ	Teta
$^{\circ}\text{C}$	Santigrat derece
D	Tajima test istatistik deęeri
db	Desibel
Hz	Hertz
m	dizi sayısı
mA	Miliamper
mg	Miligram
ml	Mililitre
mM	Milimolar
ms	Milisaniye
mv	Milivolt
μl	Mikrolitre
nM	Nanomol
ng	Nanogram
Pmol	Pikomol
pH	Potens Hidrojen
rpm	Revolutions per minute
W/V	Aęırlık/Hacim

Kısaltmalar

\hat{a}	Regresyon Parametresi
A	Adenin
ABD	Anabilim Dalı
AIC	Akaike Information Criterion
ANOVA	Analysis of Variance
AFU	Arka Femur Uzunluğu
AFMxG	Arka Femur Maksimum Geniřlięi
AK	Akdaę
AUZM	Akdeniz Üniversitesi Zooloji Müzesi
\hat{b}	Regresyon Parametresi
BAK	Bakırlıdaę
C	Sitozin
dH2O	Distile su
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	Deoksiribonükleotit Trifosfat
DEM	Demre
DENZ	Denizli
EDTA	Etilen Diamin Tetra Asetikasit
ER	Erentepe
ESN	Eřen Çayı
EtBr	Etidyum Bromid
F	F testi
G	Guanin
Gr	Gamma rate
GLM	General Linear Model
GPS	Global Positioning Sistem
I	Proportion of Invariable Sites
IZMR	İzmir
KAL	Kalkan
KDF	Koanonikıl Diskriminant Fonksiyon
KEM	Kemer

MEGA	Molecular Evolutionary Genetics Analysis
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
ML	Maximum Likelihood
N	Birey Sayısı
NaCl	Sodyum Klorür
MP	Maksimum Parsimoni
NJ	Neighbor-Joining
OLYM	Olympos
ort	Ortalama
P	Olasılık Seviyesi
PAT	Patara
PAUP	Pylogenetic Analysis Using Parsimony Program
PCR	Polymerase Chain Reaction
PMxY	Pronotum Maksimum Yüksekliği
PMxG	Pronotum Maksimum Genişliği
PMnG	Pronotum Minimum Genişliği
Ps	
PSKG	Pronotum Sonrası Kanat Genişliği
PSKU	Pronotum Sonrası Kanat Uzunluğu
rDNA	Ribozomal DNA
R	Ratio
r	Pearson Korelasyon Katsayısı
PU	Pronotum Uzunluğu
S	Ayrılan Dizi Sayısı
ss	Standart Sapma
SDAU	Ses Diş Alan Uzunluğu
SDS	Soyum Dodesil Sülfat
SDSA	Ses Diş Sayısı
SG	Skapus Genişliği
SKÖU	Sersi Kıvrım Öncesi Uzunluğu
SKSU	Sersi Kıvrım Sonrası Uzunluğu
T	Timin

ti	Transisyon
TAH	Tahtalıdağ
TBE	Trise-Borat EDTA
TBU	Total Boy Uzunluđu
TER	Termessos
TrN	Tamura Nei 1993
Tris-Base	Tris (hidroksimetil) Aminometan-Hidrijen Klorür
tv	Transversiyon
UV	Ultra Viole
VG	Verteks Genişliđi

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1 <i>Poecilimon birandi</i> türünün a) düşük rakım, b) yüksek rakım popülasyonlarını temsilen erkek bireyler.....	7
Şekil 3.1. <i>P. birandi</i> türünün yayılış alanı ve örnekleme yapılan lokaliteler.....	16
Şekil 3.2. <i>P. birandi</i> popülasyonlarına ait 14 morfometrik verinin KDF analizi sonucunun yükselti grandiyenti ile gösterimi.....	26
Şekil 3.3. <i>P. birandi</i> türünün erkek bireylerine ait sersi diş sayısının alandaki varyasyonu.....	27
Şekil 3.4. <i>P. birandi</i> türünün erkek çağrı sesinin üç farklı yapıdaki oskilogramı a) ardışık heceler, b) tek bir hecenin yapısı, c) hece içindeki atımlar	28
Şekil 3.5. Çalışılan türlerden izole edilen DNA'ların jel görüntüsü (sağda) ve 10000 baz çifti uzunluğundaki belirteç DNA ile mitokondriyal 16S rDNA geninin PCR ürünlerinin yürütüldüğü jel görüntüsü (solda).....	31
Şekil 3.6. <i>P. birandi</i> popülasyonlarından saptanan haplotiplerin ML ağacı ve yayılışı .	36
Şekil 3.7. <i>P. birandi</i> türünün Distance opsiyonuyla oluşturulan NJ 10000 tekrarlı seç-bağla ağacı ve kladların yayılış alanındaki konumları	37
Şekil 3.8. a) MP opsiyonuyla oluşturulan katı-uyum ağacı, b) MP opsiyonuyla Oluşturulan Full-heuristic 1000 tekrarlı seç-bağla ağacı.....	39

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. <i>P. biradi</i> türüne ait örnekleme yapılan lokaliteler ve buralara ait GPS, arazi tari, yükselti ve vejetasyon bilgileri	17
Çizelge 3.2. <i>P. birandi</i> türüne ait populasyonların saptandığı lokalitelerin birbirlerinden kuş uçuşu uzaklıkları	18
Çizelge 3.3.a) <i>P. birandi</i> türüne ait erkek bireylerden alınan morfolojik ölçümlerin tanımlayıcı istatistikleri ve Duncan Çoklu Karşılaştırma Test sonuçları.....	20
b) Erkek bireylerden alınan morfolojik ölçümlerin tanımlayıcı istatistikleri, sersi diş sayıları ve Duncan Çoklu Karşılaştırma Test sonuçları.....	21
Çizelge 3.4. <i>P. birandi</i> türünün erkek bireyelerine ait morfolojik karakterlere uygulanan F testi sonuçları	22
Çizelge 3.5 Erkek bireylere ait 14 morfometrik karaktere uygulanan Faktör analizi sonu elde edilen faktörler ve karakterlerin özdeğerleri	23
Çizelge 3.6. Morfometrik değişkenler arası korelasyonu gösteren korelasyonmatrisi ...	24
Çizelge 3.7. Eigenvalue, Wilks' Lamda değerlerini ve KDF analizinde kullanılan 2 fonksiyona ait analiz sonuçları	25
Çizelge 3.8. Türün yükselti ile korelasyon gösteren 11 karakterinin doğrusal regresyon ve korelasyon analizi sonuçlarına göre değerleri asyonmatrisi	26
Çizelge 3.9. <i>P. birandi</i> türünün erkek bireyelerinden elde edilen çağrı sesi karakterlerinin tanımlayıcı istatistikleri.....	29
Çizelge 3.10. Erkek çağrı seslerine uygulanan F testi sonuçları.....	30
Çizelge 3.11 DNA izolasyonu gerçekleştirilip dizilenen 3 türe ait 96 örnek.....	32
Çizelge 3.12. Elde edilen 96 diziye uygulanan Tajima's Nei Nötralite Testi sonuçları .	32
Çizelge 3.13.a) <i>P. birandi</i> türünün çalışılan 13 populasyonundan edilen 87 dizi içerisinde saptanan 30 haplotip ve bunları paylaşan diziler.....	33
b) Çalışmada kullanılan iki dış gruba ait haplotipler ve bunları paylaşan diziler	34
Çizelge 3.14. Çalışılan 3 türe ait 34 haplotipin varyasyonel ve insersiyonel delesyonel baz pozisyonları	35

1. GİRİŞ

1.1. Tür, Türleşme ve Filocoğrafya

Canlıların yaşam tarihi süresince nasıl çeşitlendiğini açıklamak, biyoloji biliminin en aktif araştırma alanlarından biridir ve bu uğraşlar biyoloji tarihi kadar eskidir. Canlıların modifikasyonlar yoluyla birbirlerinden türediği 1800'lü yıllarda savunulmuş ve Darwin (1859) tarafından “*doğal seçim yoluyla evrim*” kuramı olarak formüle edilmiştir. Temel genetik yasaların keşfi ile birlikte, çeşitlenmenin mekanizması olarak türleşme, biyolojik araçlarla kapsamlı olarak tanımlanmaya başlanmıştır. Bu noktadan itibaren süreç içerisinde artan bilgi birikimine paralel olarak türleşme ve onun çeşitlendirici mekanizmasını ortaya koyan modeller kategoriler halinde sınıflandırılmaya başlanmıştır. Tümü bir atasal popülasyondan iki veya daha fazla türev popülasyonun oluşumunu öngören bu modeller klasik olarak allopatrik, simpatrik ve parapatrik türleşme olarak adlandırılmıştır. Allopatrik türleşme, aynı kökeni paylaşan coğrafik olarak ayrılmış popülasyonların farklılaşarak yeni türleri oluşturması sürecini tanımlar (Mayr 1982, Turelli vd 2001). Simpatrik türleşme, aynı yayılış alanı içerisinde bir popülasyona ait birey setinin, diğerleriyle üreme ilişkisini yitirmesi ile ayrı bir üreme birliği haline dönüşmesi ve bu yolla yeni bağımsız evrimsel birimlerin oluşumu olarak bilinir. Simpatrik türleşme özellikle prezigotik izolasyon mekanizmalarının gelişimi ile olasıdır (Feder vd 1989, Johnson ve Gullberg 1998, Orr 2001, Jang ve Gerhardt 2006, Fitzpatrick vd 2008). Parapatrik türleşme ise ekolojik bir gradiente yayılış gösteren bir popülasyonun, gradiyetin farklı uçlarında yer alan kesimlerinin ayrı yaşama ve üreme eğilimleri nedeniyle süreç içerisinde farklılaşmaları ve bu yolla türev evrimsel birimlerin oluşumunu öngörür (Fritz vd 2008).

Yukarıda tanımlanan geleneksel türleşme modellerine ilişkin son birkaç on yıla ait çalışmalar yayılışa bağlı türleşme modelleri yerine izolasyona bağlı türleşme modellerinin tanımlanmasını getirmiştir. Ekolojik türleşme (Funk vd 2002, Campbell 2003), paralel türleşme (Johannesson 2001), soya yönelme ile ekolojik türleşme (Noor 1999), poliploidi yoluyla türleşme, homoploid hibrid türleşme (Seehausen 2004, Mallet 2007), eşeyssel seçim yoluyla türleşme (Panhuis vd 2001), konak değişimi ile türleşme

(Berlocher 1998) gibi yeni türleşme mekanizmaları yeni dönem çalışmalarla birlikte önerilmiştir. Ancak, daha önemlisi güncel yaklaşımlar modellere yoğunlaşmak yerine farklılaşmanın mekanizmalarına, bir anlamda türleşme modellerinden bağımsız olarak, odaklanmayı getirmiştir. Farklılaşma mekanizmalarına yönelik türleşme çalışmaları, taksonomi, etholoji, ekoloji, biyocoğrafya, koruma biyolojisi, evrim gibi birçok alandaki çalışmaları etkilemiş ve yeni boyutlar kazandırmıştır.

Tür olarak tanımlanan canlı birlikleri kendi aralarında üreme/üreyebilme ilişkisine dayalı olarak tanımlanıyor olmasına karşın (Mayr 1982, 2000, 2001, Ridley 1993, Hey 2006) geleneksel olarak tanımlanan türlerin çoğu fenotipik benzerliklerine (çoğunlukla morfoloji) göre tanımlanmıştır (Freeman ve Herron 2002). Ancak, morfolojik olarak benzer olan canlıların bir üreme birliği oluşturup oluşturmadığı bilinemediğinden, türü oluşturan populasyonların üreme ilişkisine veya üreme ile tanımlanan gen alışverişine ilişkin verilerin edinilmesi gerekliliği ortaya çıkmıştır (de Queiroz 1998, Templeton 1998, Shaw 1998). Bu gereksinim nedeniyle daha önce tanımlanan türlerin yeni veriler ışığında tekrar tanımlanması (tür hipotezlerinin sınanması) taksonomi alanının ana uğraş alanlarından biri haline gelmiştir. Çalışmamızda model olma potansiyeli olan bir tür ile böyle bir girişimde bulunulmuş ve çalışılacak tür bazında edinilecek sonuçların hem türün ait olduğu cins hem de familya için genellemelere fırsat vereceği düşünülmüştür.

Türleşme çalışmalarının bağlantılı olduğu bir diğer alan ise ekolojidir. Bilindiği gibi her bir populasyon belli bir yayılış alanını işgal eder. Populasyon işgal ettiği alanın var olan çevresel faktörleri ile etkileşim içerisinde varlığını sürdürür ve bu özelliklerin oluşturduğu faktörlerce yönlendirilen biyolojik özelliklere sahip olur. Yayılış alanının özellikleri heterojen olduğunda tür populasyonu da özellikleri bakımından heterojen olacaktır (Rokas vd 2003, Fritz vd 2008, Schmitt vd 2005). Dolayısıyla tür populasyonu çevresel faktörlerin seçim baskısı altında olan özellikleri yönüyle demografik bir heterojenite sergiler (Schluter 1998, Feder 1998). Bu demografik yapıya paralel olarak populasyonun farklı kesitlerinde yerleşen bireyler arasındaki çiftleşme sıklığı da farklı olacaktır ve bu durum süreç içerisindeki farklılaşmanın seyrini belirleyecektir. Dolayısıyla, hem bir türün sınırlarının çizilmesi (taksonomik anlamda) hem de türleşme

olaylarının doğasını tanımlamanın çıkış noktası, türün yayılış alanı ile bağlantılı olarak demografik yapısının bilinmesini gerektirir (de Queiroz 1998).

Türleşme çalışmalarının verilerini doğrudan kullanan bilim dallarından biri de biyocoğrafyadır. Biyocoğrafya hangi canlı türlerinin nasıl ve neden buldukları yerde olduklarına ilişkin sorulara cevap arar. Herhangi bir canlı türü için söz konusu olacak bu nitelikte sorulara verilecek cevabın iki boyutu vardır. İlki güncel duruma ilişkindir ve canlının nerede bulunduğu ve yaşadığı alana özgü koşullara olan uyumlarını tanımlar ve daha çok faunistik ve ekolojik veriler niteliğindedir (Çıplak 1996, Cox ve Moore 2005). Ancak, dünyada çok az sayıda canlı türü yaşayabileceği alanların tümüne yayılabilmiş durumdadır. Çünkü, bir canlının belli bir alanda yayılış göstermesinin diğer bir nedeni de tarihseldir. Tür, kendisine köken teşkil eden populasyonun ulaşabildiği alanlarda, ekolojik uyumuna ek olarak, var olabilir. Bu durum türün tarihsel geçmişini açıklayabilecek araçlara ulaşmayı gerektirir. Populasyonun veya akraba populasyonların demografik birimlerinin filogenetik ilişkisi tarihsel geçmişi anlamının en etkin araçlarıdır ve son 20–30 yılda bu bağlamda edinilen verilerle filocoğrafya araştırma alanının doğmasına neden olmuştur (Avis 1998, Emerson vd 2001, Hare 2001, Hewitt 2001, Templeton 2001).

Faunal oluşumun açıklanması Türkiye için özel bir öneme sahiptir. Bu özel önem iki nedene dayanmaktadır. Bunlardan ilki Anadolu, hem Akdeniz havzasının hem de dünyanın tarihsel coğrafik olarak en aktif alanlarından birisi olmasıdır (Steininger ve Rögl 1984, Bozkurt 2001, Görür ve Tüysüz 2001). Tarihsel-coğrafik değişkenlik ile türleşme olayları arasında doğrudan bir ilişki vardır. Bu nedenle Anadolu önemli türleşme laboratuvarlarından biridir. İkincisi ve muhtemelen çalışmamıza konu edilen tür yönüyle en önemlisi, Anadolu'nun Kuvaterner buzul dönemlerinin önemli sığınaklarından biri olmasıdır (Hewitt 1996, Rokas vd 2003, Veith vd 2003, Çıplak 2003, 2004a, 2004b). Pleistosen boyunca kuzey yarımkürede en az dört kez buzul kütlelerinin kutuplardan güneye genişledikleri ve yaklaşık 52. enleme ulaştıkları belirtilmektedir (Webb ve Bartletlein 1992, Cox ve Moore 2005). Bu dönemde buzullaşan alanların faunaları süpürülürken (yok olmakta veya güneye çekilirken) buzullaşmayan bölgeler, Anadolu gibi, hem güneye çekilen canlılara sığınak görevi görmüş, hem de bu alanların canlıları buzullar arası dönemde kuzey alanların faunalarının tekrar oluşumunda kaynak alan

görevi görmüşlerdir (Taberlet vd 1998). Buzullaşan alanlar ile sığınaklar arası faunal alış-veriş buzul dönemi iklimsel değişimlerin etkilerinin bir boyutunu (horizontal yayılım değişimleri) tanımlar. Ancak, buzul dönemi iklimsel değişimleri sığınaklar için ikinci ve daha özel bir etkiye sahiptir.

Buzul dönemlerinde sığınak alanlar buzullarla kaplanmamış olmasına karşın yükseltiye bağlı olarak kısmi buzul kütlelerinin oluşumu söz konusudur. Özellikle Anadolu'da 1800–2000 m'den daha yüksek zirvelerin buzullaştığı bildirilmiştir (Hesselbarth vd 1995). Yükseltilerdeki buzullaşma ve soğumaya paralel olarak populasyonlar daha düşük rakımlara sürüklenmiştir. Soğuk dönemde düşük rakımlara sürüklenen populasyonlar buzullar arası ılıman dönemlerde tekrar yükseltilere çekilmiştir (Çıplak 2008). Ardışık ısınma ve soğuma periyotları genelde sığınaklarda özelde Anadolu'da ardışık olarak populasyonların parçalanmasına ve parçalanarak kısmen farklılaşan populasyonların da tekrar kaynaşmalarına yol açtığı sanılmaktadır (Hewitt 1996, 1999, 2000). Hem uzak jeolojik geçmişte yaşanan değişimler, hem de buzul dönemi yatay ve dikey yayılım değişimlerinin Anadolu'da özel bir biyolojik çeşitlilik oluşturduğu söylenir (Çıplak 2008). Ancak bu durumu gerçek örnekler bazında ortaya koyan çalışmalar henüz sınırlıdır. Batı Akdeniz'de deniz seviyesinden 2500 m'ye kadar yayılım gösteren ve yayılımının buzul dönemlerinin yönlendirmesiyle şekillendiği düşünülen bir türü çalışarak önerilen örüntünün geçerliliğinin sınanması olası olacağı düşünülmektedir. Çalışılan türün yayılım karakteristikleri ve habitat tercihi dikkate alındığında Anadolu bağlamında yakın dönem iklimsel değişimlerce neden olunan sığınak içi yatay ve dikey yayılım değişimlerinin tanımlanmasına ışık tutacak verileri sağlayacak bir tür olduğu sanılmaktadır.

Populasyonların süreç içerisindeki değişimlerine yönelik çalışmaların günümüzde öne çıkan bir diğer boyutu da koruma biyolojisi ile ilgilidir (Frankham vd 2006). Populasyonların zaman içindeki değişimleri iki temel ve birlikte işleyen nedene bağlıdır. İlki populasyonun gen havuzunda meydana gelen değişimler (mutasyon, rekombinasyon, alel frekanslarında değişimler gibi) olarak genellenebilir. İkincisi populasyonun gen havuzunda, bunların sonucu olarak, şekillenen genetik çeşitliliği işleyen çevresel seçim baskılarıdır (Frankham vd 2006). Dolayısıyla, koruma biyolojisi çalışmaları hem

populasyonun barındırdığı genetik çeşitliliği hem de var olan bu ham maddeyi işleyecek çevresel etmenleri tanımlamayı gerektirmektedir.

Günümüzde, gelecekteki biyolojik çeşitliliği şekillendirecek en önemli etmen olarak küresel iklim değişimi görülmektedir (Dynesius ve Jasson 2000, Jasson ve Dynesius 2002, Thuiller vd 2005, Mora vd 2007, Çıplak 2008). Küresel iklim değişimleriyle birlikte canlı türlerinin yayılış alanlarının değişeceği öngörülmektedir. Habitat tercihlerine bağlı olarak bazı türlerde yayılışın kuzeye veya yüksek rakımlara kayacağı bazı türlerde topografyaya bağlı olarak parçalanmaların meydana geleceği ya da bazılarında ise daralma veya yok olmanın gerçekleşeceği tahmin edilmektedir. Yaşanması olası yayılış değişimlerinin populasyon genetiği yönüyle olası sonuçları olacaktır. Özellikle parçalanma ve daralmaya paralel olarak populasyonların bir genetik çeşitlilik kaybına uğraması ve bu kayba bağlı olarak yok olma riskinin artışı güncel çalışmalarda sık değinilen sonuçlardır (Dynesius ve Jasson 2000, Hampe ve Petit 2005, Malcolm vd 2006). Bu nedenlerle, çalışılacak türün habitat tercihleri referans alınarak (yüksek rakım/düşük rakım populasyonları gibi) genetik çeşitliliğin tanımlanması iklimsel değişimlerin populasyon düzeyinde neden olacağı değişimleri tahmin etme ve buna göre koruma plan ve aktivitelerini saptama yönüyle kullanışlı araçlar sunulabileceği tahmin edilmektedir.

Bu durum bir buzul sığınağı olarak Anadolu için daha özel bir anlam ifade etmektedir. Buzul dönemlerinde Anadolu'da enginlere çekilen çok sayıda populasyon son buzullar arası dönem Holosen boyunca (yaklaşık son 18000-20000 yıl içerisinde) tedrici olarak tekrar kuzeye veya yüksek rakımlı zirvelere çekilmeye başladığı tahmin edilmektedir (Çıplak vd 2008). Bu durumun sonucu olarak sığınak populasyonlarının yayılışlarının kuzeyinde (Anadolu içinde veya Anadolu ile daha kuzeyi arasında) devamlı ve genişleyen bir kenarın (leading edge), güneyinde eriyen veya parçalanmış bir kenarın (eroding edge) olduğu savunulmaktadır (Hampe ve Petit 2005). Bu nedenle küresel ısınmaya bağlı biyolojik çeşitlilik kaybının sığınakların (ve dolayısıyla Anadolu'nun) güneyinde daha fazla olacağı çıkarsanabilir. Bu durum Anadolu'nun Akdeniz Bölgesi biyolojik çeşitliliği için riskin daha fazla olabileceği anlamına gelir. Bu nedenle Akdeniz bölgesine özgü canlıların bu perspektifte çalışılması ve alan için genel bir resmin

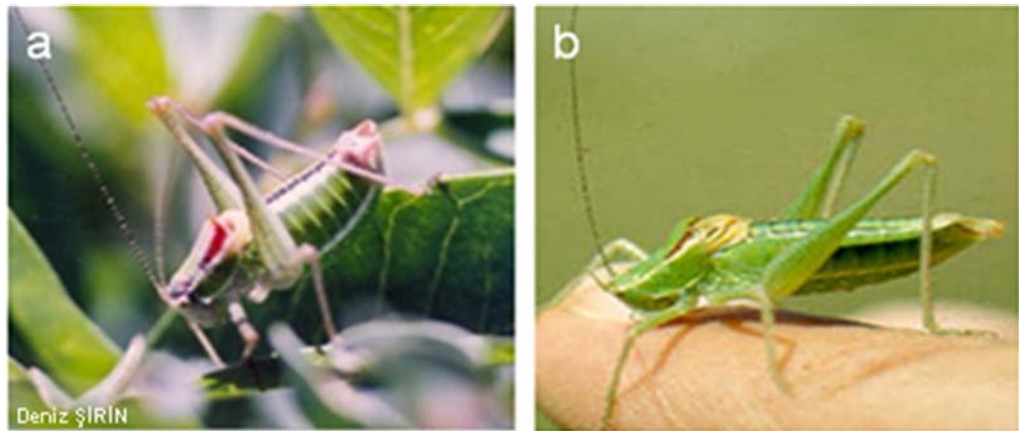
çizilmesi öncelik arz etmektedir. Ne yazık ki bu nitelikteki çalışmalar yok denecek kadar azdır ve bu bilinçle bölge için endemik bir türü çalışarak bu açığın giderilmesine katkıda bulunulacağı düşünülmüştür.

1.2. Model Olma Potansiyeli Olan Bir Tür *Poecilimon birandi*

Tüm organizmaları çalışarak bölgesel biyocoğrafik (güncel veya tarihsel) ve biyoçeşitlilik örüntülerinin tanımlanması olası olmadığından (kaynak ve zaman sıkıntısı nedeniyle), ancak model organizmalar üzerinde yapılan çalışmalardan genellemelere gidilebilir. Orthoptera takımı veya takıma ait bazı soyhatları Anadolu biyocoğrafyasını tanımlamada belirteç bir grup olarak kullanılmıştır (Çıplak 2004a, 2004b, 2008). Bu takıma ait *Poecilimon* cinsi (Orthoptera, Tettigoniidae) belirtilen açılardan bilgi verici olduğu düşünülen soyhatlarından biri olarak kabul edilir (La Greca 1999, Çıplak 2004b). *Poecilimon* ana hatlarıyla güneydoğu Avrupa, Karadeniz havzası ve Anadolu'da yayılış gösteren 140 kadar tür içerir (Bei-Bienko ve Mistshenko 1951, Otte vd 2008). Her ne kadar yayılış alanı geniş görünse de cinsin türlerinin büyük bir kısmı Balkanlar, Yunanistan, Ege adaları ve Anadolu'da bulunur. Daha da önemlisi Anadolu'daki tür sayısı 76 ile toplamın yarısından fazladır (Bei-Bienko ve Mistshenko 1951, Harz 1969, Heller vd 1998, Çıplak vd 1999, Ünal 2003, 2004). Bu nedenle cinsin Miyosende var olan Ege kıtasındaki bir atasal stoktan köken aldığı varsayılmıştır (Çıplak 2004b). Yayılış karakteristiklerinin yanında cinsin üyelerinin ekolojik tercihleri ilginçlikler arz eder. Düşük rakımlı sıcak habitatları tercih eden türlerinin varlığına karşın, cinsin çoğu türleri yüksek rakımlı soğuk habitatlara özgü ve dar yayılış gösteren türlerdir. Bu nedenle Anadolu'daki türlerin tamamına yakını dar bölge endemikleridir (Çıplak vd 1999, Çıplak 2004b). Bu durum Anadolu dışındaki türler için de geçerlidir (Harz 1969, Willemsen 1984, 1985). Cinsin yayılış örüntüsü ve habitat tercihlerinden hareketle cins içi çeşitlenmenin esas olarak Pleistosen boyunca yaşanan ardışık iklimsel değişimlerce yönlendirildiği düşünülmektedir (La Greca 1999, Çıplak 2004b, 2008). Bu durum cinsin üyelerinin yakın geçmişte yaşanan iklimsel değişimleri anlamada referans bir grup olma potansiyeline sahip olduğuna işaret etmektedir.

Cinsin üyelerinin genel yayılış ve ekolojik özelliklerinin kullanıldığı açıklamalar genel örüntüler için kullanışlı olsa da, detaylı veriler populasyon düzeyinde irdelemeleri gerektirir. Özellikle geçmişteki iklimsel değişimlerin yarattığı modeli tanımlamak, bu modelden hareketle yaşanmakta olan küresel değişimlerin olası etkilerini kestirmek ve koruma stratejileri önermek, değişken bir yükselti gradiyentinde yayılış gösteren tekil türleri çalışmayı gerektirir. *Poecilimon birandi* Karabağ 1950 (Karabağ 1950), (Şekil 1.1 a, b) cinsin deniz seviyesinden 2500 m'ye kadar değişken bir topoğrafyada yayılış gösteren bir türüdür. Her ne kadar şimdiye kadar sadece Antalya, Burdur, Denizli, Isparta ve Muğla'da biliniyor ise de (Bei-Bienko ve Mistshenko 1951, Karabağ 1950, 1958, Heller vd 1998, Yalım ve Çıplak 2002, Ünal 2004) çalışma öncesi gözlemlerle türün Antalya-Fethiye sahil hattı ve daha iç kesimlerdeki yükseltilerde (Beydağları ve Akdağlar) yayıldığı belirlenmiştir. Literatür ve ön çalışma bilgilerinden hareketle türün değişken bir yükselti ve iklim gradiyenti arz eden bir yayılış alanının olduğu ve. değişken iklimsel parametrelerle -dolayısıyla küresel ısınma bağlantılı bir değerlendirme- ilişkili fenotipik ve genotipik çeşitlilik ve farklılaşma için kullanışlı referanslar sunacağı varsayıldı ve bu saptama *P. birandi* ile çalışmanın temel gerekçesi oldu

Bir türün varyasyonu fenotipik ve genotipik yönüyle incelenebilir. Tür bireylerinin fenotipik varyasyonunun oluşumunda çevresel etmenler belirleyici olduğundan, gözlenen fenotipik varyasyon genotipik varyasyon ile paralel bir demografi göstermeyebilir. Bu nedenle *P. birandi* türünün fenotipik varyasyonunu saptamak amacıyla morfolojisi (cinse



Şekil 1.1 *Poecilimon birandi* türünün a) düşük rakım, b) yüksek rakım populasyonlarını temsil eden erkek bireyler

ait türlerin tanımlanmasında yaygın olarak kullanılan karakterler temelinde) (Ramme 1933, Bei-Bienko ve Mistshenko 1951, Harz 1969, Karabağ 1950, Ünal 2003, 2004, 2005) ve eşeyssel iletişim sinyallerinin (erkek çağrı sesi) çalışılması planlanmıştır. Hem morfoloji hem de ses özelliklerinin saptanması ile öncelikli olarak iki amaç güdülmüştür. İlki *P. birandi*'nin tek bir tür (bir üreme birliği) olup olmadığını saptanmasıdır. Özellikle erkek çağrı sesi eşlerin iletişimini sağladığından, Orthoptera'da tür denem birimlerin tanımlanmasında en etkin karakter kaynağı olarak kabul edilir (Ragge ve Reynold 1998, Heller ve Helwersen 1993). İkincisi fenotipik varyasyonun oluşumunda çevresel etmenler yönlendirici olduğundan, saptanacak varyasyon ile çevresel etmenler arasında bir ilişki tanımlamak, bir çevresel faktör olarak ısınmanın olası etkileri hakkında kestirmelerde bulunma olanağı verecektir. Ancak, fenotipik varyasyonun oluşumunda çevresel etmenler belirleyici olduğundan (Fox vd 2001), tanımlanacak morfoloji ve ses karakterleri türün farklı alt birimlerinin filocoğrafik ilişkilerini belirlemede yeterince kullanışlı olmayacaktır. Genetik veriler bu açıdan daha güvenilir araçlar olarak kabul edilir (Avis 1998, Sunnucks 2000, Timothy vd 2001). Bu nedenle fenotipik özelliklerin yanında belirteç bir gen olan mitokondriyal 16S rDNA'sı kullanılmıştır.

DNA dizi verileri populasyon içi genetik çeşitliliğini (% baz varyasyonu ve haplotip çeşitliliği) ve populasyon alt birimlerinin filogenetik ilişkisini belirlemede kullanılacaktır. Genetik çeşitlilik verileri populasyonun homojenleşme durumunu saptamada ve buna dayalı olarak (koruma genetiği penceresinden) koruma açısından hassasiyetini saptamada temel alınacaktır. Saptanacak haplotiplerin filogenetik ağacından, türün tarihsel öyküsünü özellikle Pleistosen buzul devirleri boyunca ilk kaynak populasyonun yeri, yayılma yönü (yüksek ve düşük rakım populasyonları arasında) ve dolayısıyla güncel ve atasal populasyonun belirlenmesinde yararlanılacaktır.

Cinsin türleri çoğunlukla belirli morfolojik yapılardan (skapus, verteks, pronotum, tegmina ve erkek sersi) geliştirilen karakterlere dayalı olarak tanımlanmıştır. Bu karakterler bazen ses özellikleri ile test edilmiştir (Heller 2004, Heller ve Sevgili 2005). Ancak, genetik verilerle test edilme yok denecek kadar azdır. Özellikle erkek sersi yapısı ve diş sayısı bu açıdan en yaygın olarak kullanılan karakterlerden biri olduğundan test edilmesi özel bir öneme sahiptir. Çoğu türler diğer karakterler açısından benzer olmasına

karşın, sadece sersi diş sayısı veya yapısındaki farklılıklara dayalı olarak tanımlanmıştır (Ramme 1933, Bei-Bienko ve Mistshenko 1951, Harz 1969, Ünal 2003, 2004, 2005). Sersi özellikleri yönüyle hatırı sayılır bir varyasyon gösteren *P. birandi* populasyonlarının genetik verileri bu sersi varyasyonlarının üreme birimlerini tanımlamadaki etkinliğini test etme fırsatı verecektir.

Çalışmaya konu olan ve amaçlanan hedefler bakımından model olma potansiyeli gösteren *P. birandi* türünün alandaki yayılış karakteristikleri ile fenotipik, ses ve genetik verilerden elde edilen veriler değerlendirilerek i) cinsin türlerinin taksonomik seviyelerinin güvenilirliği hakkında genellemelerde bulunulması ii) oldukça heterojen bir topoğrafyada yayılış gösteren *P. birandi* türünün demografik yapısının tanımlanması, iii) türün yakın dönem iklimsel değişimler sonucu göstermiş olduğu yatay ve dikey yayılış hareketlerinin populasyon düzeyinde yaratmış olduğu etkilerinin tahmin edilmesi iv) türün filogenetik ve filocoğrafik karaktersitikleri temelinde Anadolu'nun Batı Akdeniz Bölgesinin faunal çeşitliliğinin oluşumuna ilişkin varsayımlarda bulunulması ve v) bu bağlamda çalışılan bölge açısından koruma plan ve stratejilerinin geliştirilmesi bu amaçlanmıştır.

2. MATERYAL ve METOT

Çalışmada amaçlanan hedeflere ulaşmak amacıyla 5 aşamalı bir araştırma planı hazırlandı. İlk aşamada, araştırmaya konu olan *P. birandi* türünün bireylerini elde etmek amacıyla belirlenen lokalitelere arazi çalışmaları yapıldı. İkinci aşamada, elde edilen *P. birandi* erkek bireylerinin çağrı sesleri laboratuvar ortamında kayıt edildi. Üçüncü aşamada, arazi çalışmaları sırasında %90-98'lik alkole alınan örneklerden her bir populasyonu temsilen erkek bireylerden morfometrik ölçümler alındı. Dördüncü aşamada, yine alkol örneklerinden DNA izolasyonu gerçekleştirildi ve PCR (polymerase chain reaction) ile mitokondriyal 16S rDNA bölgesi çoğaltıldı ve hizmet alımı yoluyla sekansları elde edildi. Son aşamada, elde edilen ham veriler bir araya getirilerek uygun istatistiksel programlar yardımıyla değerlendirilerek yorumlandı.

2.1. Arazi Çalışmaları

Batı Akdeniz'de parçalı yayılış gösteren *Poecilimon birandi* türüne ait populasyonları örnekleme amacıyla hem literatürde belirtilen alanlara hem de yayılış sınırlarını belirlemek için yeni lokalitelere arazi çalışmaları yapıldı. Araziler, yayılış alanının batı sınırı olarak tespit edilen Eşen Çayı Vadisinden doğuya Antalya'ya kadar olmak üzere, kıyı bandı kesintisiz biçimde taranarak yapıldı. Ayrıca, yayılış alanının kuzey sınırını belirlemek üzere Muğla'nın doğu kesimi ve Antalya'nın batı kesimi gezildi. Sahil kesimi nisan-mayıs ve yüksek rakımlı yerler temmuz-ağustos olmak üzere her bir güzergah uygun mevsimlerde ziyaret edildi. Örnek toplanan lokalitelerin kordinatları ve yükseltisi Garmin etrex legend marka GPS (Global Positioning Sistem) cihazıyla saptandı ve kayıt edildi. Öte yandan, örnekleme yapılan alanların vejetasyon, mevsimsellik ve diğer coğrafik özelliklerine ilişkin kayıtlar tutuldu. Örnekleme alanlarında her populasyonu temsilen istatistiksel testler için yeterli sayıda birey (20 birey) toplanmaya çalışıldı. Atrap yardımıyla yakalanan dişi bireyler doğrudan arazide erkek bireyler ise laboratuvara getirilip çağrı sesleri kayıt edildikten sonra %90-98'lik alkole alınıp +4 °C'de saklandı. Toplanan örnekler mevcut literatürden ve AUZM (Akdeniz Üniversitesi Zooloji Müzesi)'deki örneklerle karşılaştırılarak teşhis edildi.

2.2 Morfometrik Ölçümler

Poecilimon türlerinin tanımlanmasında yaygın olarak erkek eşeye dayalı karakterler kullanıldığından populasyonlar arası morfolojik farklılık erkek karakterleri üzerinden çalışılmıştır. Bu amaçla *P. birandi* türünün populasyonlarını temsilen her populasyondan 7–22 erkek bireyden 16 morfolojik karakter çalışıldı. Bu karakterlerden 14'ü ölçülen ve kalan ikisi (ses dişleri sayısı ve sersi diş sayısı) sayılan morfolojik karakterdir. Ölçümler ve sayımlar, stereo mikroskop (Leica M6) ve dijital görüntüleme sistemi (Leica IM 1000 DC) yardımıyla bilgisayar ortamına aktarılarak yapıldı. Seçilen morfolojik karakterler mevcut literatürde cinse ait türlerin tanımlanması ve teşhisinde yaygın olarak kullanıldığından (Ramme 1933, Karabağ 1950, 1958, Bienko ve Mistshenko 1951, Harz 1969, Ünal 2003, 2004, 2005) türün populasyonlarının topoğrafik yapı ve eko-fenolojik varyasyonunu tanımlama potansiyeline sahip karakterler olarak kabul edildi

2.3. Ses Kayıt ve Analizleri

Laboratuara özel kafesler içerisinde canlı olarak getirilen erkek bireyler diğer bireylerden izole edilerek, populasyon başına 4–12 adet bireyden çağrı sesi kayıt edildi. Ses kayıtları Akdeniz Üniversitesi Biyoloji Bölümü'ün de mevcut ses kayıt ve analizi laboratuvarında oda sıcaklığında (25-26°C) yapıldı. Kayıtlar GRAS 26AB ön kuvvetlendirici aparatına takılan ¼ inçlik kodansör mikrofonun (GRAS Type 40AC; frekans aralığı 4 Hz – 100 kHz \pm 2.0 dB) GRAS type 12Ak amplifikatörüne bağlanıp, bu sistemin de FOSTEX FR–2 kayıt cihazına bağlanması ile gerçekleştirildi. Burada GRAS 12Ak amplifikatör ile mikrofondan gelen düşük ses sinyalleri güçlendirilerek dijital kayıt cihazına aktarımı sağlamaktadır. FOSTEX FR-2 cihazına gelen sesler bir flaş kartına kayıt edilerek bilgisayara aktarıldı ve GoldWave, Cool Edit 96 ve Turbolab 4.0 (Stemmer AG) programları yardımı ile analiz edildi.

Erkek çağrı sesleri hem örüntü (pattern) hem de temporal karakterleri yönüyle değerlendirildi. Kayıt edilen erkek çağrı seslerinden sırasıyla hece süresi, hece başına atım (puls) sayısı, 100 ms'deki atım sayısı, atım periyodu ve heceler arası süre ölçüldü. Her bir karakter populasyon başına 4-12 birey ve her bireyden en az 10 heceden

alınmıştır. Ses terminolojisi Heller (2004), Heller ve Sevgili (2005) tarafından cinse özgü verilen tanımlamaya göre yapıldı. Çağrı sesi: izole edilmiş bir erkek birey tarafından üretilen ses, hece: üst kanatların bir kerelik açılıp kapanması ile üretilen ses, atım (puls): tek parça kısa süreli ses dalgası.

Morfometrik ve ses verilerinin istatistiksel değerlendirmesi SAS (SAS Institute Inc.1998, versiyon 7.0), MİNİTAB ve SPSS (SPSS Inc., Chicago, IL, USA, versiyon 15.0) programları yardımıyla yapıldı. Her bir karakter için edinilen sayısal değerler temelinde populasyonlar arasında bir farklılığın olup olmadığının saptanması ANOVA-GLM (General Linear Model) prosedürü ile, varsa farklılığın populasyonlar arasında nasıl bir gruplanma ortaya koyduğunu saptamak amacıyla Duncan Çoklu Karşılaştırma Testleri yapıldı. Verilerin sayısal değerlerinde varolan sapmaları ortadan kaldırmak ve sonraki analizler için gruplandırılmış düzenli veriler haline getirmek için Faktör analizi ve Kanonikl Diskriminant Fonsiyon Analizi (KDF) testleri uygulandı. Bunların yanı sıra, karakterlerin birbirleri ve de ekolojik faktörlerin karakterler üzerindeki etkilerini anlamak için verilere doğrusal regresyon ve korelasyon analizi uygulandı.

2.4. DNA İzolasyonu

Arazide veya laboratuvara getirildikten sonra %90-99'luk alkole alınıp 4°C'de saklanan örnekler'den DNA izolasyonu gerçekleştirildi. Total DNA izolasyonu bireyin tamamı veya sadece arka femurları kullanılarak gerçekleştirildi. Total DNA izolasyonu FastDNA kiti (QBiogene) kullanılarak ve tuz-ekstraksiyon yöntemiyle (Aljanabi ve Martinez 1997) gerçekleştirilmiştir. Kit ile izolasyonda bireyin tamamı (10 örnek) kullanılırken, tuz-ekstraksiyon metodunda her bir bireyin (86 örnek) arka femur kas dokuları kullanıldı. FastDNA kiti (QBiogene) ile izolasyon kit kataloğunda belirtilen prosedüre göre yapılmıştır. Tuz-ekstraksiyon yönteminde önce lam üzerinde, distile su ile bistüri yardımıyla arka femur dokusu parçalanarak homojenize hale getirildi. Bu homojenat 1.5 ml'lik ependorf tüpüne konularak üzerine 559 µl ayrıştırma tamponu (10 mM, Tris-HCl, 2 mM, EDTA, % 10'luk SDS 17 µl ve Proteinaz K 42 µl) eklendi ve sonra 1-1,5 saat 65 °C'deki sıcak su banyosunda (Nuvebath nb5) bekletildi. Su banyosundan çıkarılan tüpe 180 µl NaCl eklenerek 10000 rpm'de 15 dakika santrifüj

(Heraeus Instruments, Biofuge 13) edildi ve santrifüj sonunda süpernatant başka bir tüpe aktarılıp üzerine 730 µl izopropanol ilave edildi. DNA'yı çöktürmek amacıyla eklenen izopropanol ile birlikte karışımı içeren tüp -20 °C'de 20-30 dakika bekletildi ve sonrasında 13000 rpm'de santrifüj edilerek süpernatantı uzaklaştırıldı. Devamında, çöktürülen DNA 300 µl %70 etanol ile yıkanıp 4 °C'de 12000 rpm'de (Centurion K₂R series) bir santrifüj aşamasından da geçirilerek pelet şeklinde çöktürüldü. Sonrasında süpernatanttan uzaklaştırılan DNA kurumaya bırakıldı ve 40 µl steril dH₂O ile çözülerek 4 °C'de saklandı. Uzun süreli saklamalar için DNA'lar -20 °C'de muhafaza edildi.

DNA varlığı ve varsa miktarı (ng/µl) ve kirlilik derecesi (DNA dışı organik molekül varlığı) 260 ve 280 nM dalga boyunda spektrofotometrik olarak (Thermo, NanoDrop 1000) veya jel elektroforezi ile belirlendi/ölçüldü. Jel elektroforezi yönteminde; 1X TBE tamponu kullanılarak [Tris-Base 27 gr, Borik asit 13.75 gr, 250 mM EDTA (pH: 8.0), dH₂O 439,25 ml] hazırlanan %1'lik agaroz jele (*W/V*) 2 -3 µl izolat yüklenerek 90 mv ve 50 mA (Cleaver Scientific, power supply mp-250V) 30 dakika yürütüldü. Sonra jel 20 dakika % 2'lik EtBr içersine bırakıldı ve UV görüntüleme cihazında (Dnr Bio-imaging systems, minibis pro) görüntülenerek izolatlarda DNA'ların varlığı tespit edildi.

Çalışılan tür olan *P. birandi*'den 87 ve filogenetik analizlerde dış grup olarak kullanılan türler olan *P. luschani* Ramme 1933'den dört ve *P. tuncayi* Karabağ 1953'den beş olmak üzere toplam 96 bireyden DNA izolasyonu gerçekleştirildi. *P. birandi* türüne ait 87 örnek coğrafik olarak 13 farklı lokaliteyi (lokalite başına 4-10 birey) temsil etmektedir. *Poecilimon tuncayi* ve *P. luschani*'nin *P. birandi* ile birlikte cins içinde bir grup oluşturduğu kabul edilmektedir (K. G. Heller; kişisel bağlantı).

2.5. Belirteç Genin PCR ile Çoğaltılması

Fenotipik varyasyonların işaret ettiği topoğrafik demografinin genetik bir temelini olup olmadığını belirlemek amacıyla bir genetik belirteç olarak mitokondriyal 16S rDNA çalışılmıştır. İzolatlardan 16S rDNA bölgesi ER232 (5' CGC CTG TTT AAC AAA AAC AT 3') ve ER233 (5' CCG GGT CTG AAC TCA GAT GAC GT 3') primerleri

kullanılarak PCR yardımı ile çoğaltıldı. Her bir PCR reaksiyon tüpüne, son hacim 50 µl olacak şekilde, izolat DNA'dan değişen hacimlerde 0,5-10 µl, 10X buffer 5 µl, 25 mM MgCl₂ 4 µl veya 50 mM 2 µl, her bir primerden (100 pmol/µl) 1 µl, 10 mM dNTP (deoksiribonükleotit trifosfat) karışımında 1 µl, Taq polimeraz (Invitrogen Platinum Taq polimeraz) 0.25 µl olarak kullanıldı ve reaksiyonlar dH₂O ile 50 µl'ye tamamlandı.

PCR amplifikasyonu bağlantılı ardışık iki farklı protokolün uygulanmasıyla gerçekleştirildi. İlk protokol 10 döngüden oluşup başlangıç (initial) sıcaklığı 95°C'de 1 dakika, denatürasyon (denaturation) 94 °C'de 1 dakika, annealing 49 °C'de 1 dakika, uzama (elongation) 72 °C'de 1 dakikadır. İkinci protokol ise 24 döngüden oluşup denatürasyon (denaturation) 94 °C'de 1 dakika, annealing 49.5 °C'de 1.30 dakika, uzama (elongation) 72 °C'de 1 dakika, son uzama (final extension) 72 °C'de 7 dakika olarak uygulandı. Bu şekilde birbirine bağlanmış iki farklı protokolün toplamda 35 döngüsünden oluşan PCR uygulaması ile çoğaltılan bölgenin 16S rDNA'ya ait olup olmadığı, 10000–100 baz çifti uzunluğunda belirteç (marker) DNA (Fermentaz, MassRuler, Express DNA) kullanılarak jel elektoroforezinde ürünlerin yürütülmesi ile saptandı. TBE tamponuyla hazırlanan %1'lik agaroz jele (W/V) 2 µl PCR ürünü ve 5 µl belirteç DNA yüklenerek elektoroforezde 90 mv ve 50 mA 30 dakika yürütüldü. Sonra 20 dakika % 2'lik EtBr (etidyum bromide) içersine bırakılarak UV görüntüleme cihazında görüntülendi.

Moleküler çalışmalar Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Fitopatoloji laboratuvarında ve Fen Edebiyat Fakültesi Moleküler Zooloji laboratuvarında gerçekleştirildi. Amplifikasyonu yeterli olan PCR ürünlerinin saflaştırılması ve çift taraflı baz dizilemesi İONTEK Ltd. Şti. (Merter/İstanbul)'den hizmet alımı yoluyla gerçekleştirildi.

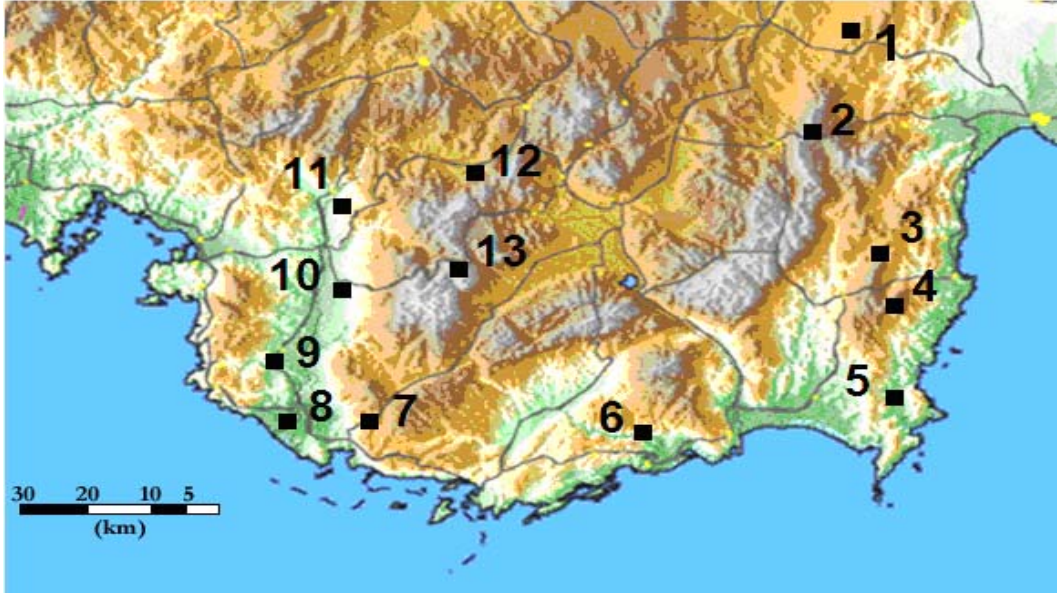
Çift taraflı (5'-3' ve 3'-5' yönlerinde) okutulan ham DNA dizileri Bioedit v.5.0.9 (Hall, 1999) programı ile hizalanarak (alignment) tekli diziler haline dönüştürüldü. Elde edilen 16S rDNA sekansları MEGA 4.0 (Tamura vd 2007) ve MacClade v.4.03 programları yardımı ile homolojik ve varyasyonel bölgelerine göre hizalanarak analizler için NEXUS formatında matrise dönüştürüldü. MEGA v.4.0 programı kullanılarak dizilere ait değişken, korunan ve parsimoni informatif bölgelerin sayısı ile Tajima's Nei

nötralite test (Nei ve Kumar 2000, Tajima 1989, Tamura vd 2007) hesaplaması yapıldı. Arlequin v.3.1 (Excoffier vd 2005) programı kullanılarak dizilere (sekanslara) ait haplotip çeşitliliği hesaplandı. Elde edilen haplotiplere uygun substitusyon modeli Akaike Information Criterion (AIC) (Akaike 1974) ile MODELTEST v.3.0.6 (Posada ve Krandal 1998) kullanılarak saptandı. DNA dizi matrisi farklı algoritmalar kullanılarak PAUP v.4.0b10 (Cracraft ve Helm-Bychowski 1991, Swofford 2002) programı ile filogenetik olarak analiz edildi. Veri matrisine Maksimum Olasılık (Maximum likelihood-ML), opsiyonu altında komşu bağlama (Neighbor-joining-NJ), Maksimum Tutumluluk (Maximum Parsimony-MP) katı-uyum ağacı (strict consensus) ve MP bağımlı 1000 tekrarlı seç-bağla (Bootstrap, Ful-heuristic) (Felsenstein 1985) ve genetik uzaklık bağımlı 10000 tekrarlı seç-bağla (Bootstrap, NJ) filogenetik analiz algoritmaları ayrı ayrı uygulandı.

3. BULGULAR

3.1 Yayılış, Habitat Tercihi ve Görülme Zamanına İlişkin Gözlemler

Hem ön çalışmalar sırasında hem de proje süresince yapılan arazi çalışmalarında *P. birandi*'nin bulunma olasılığı olan Teke yarımadasının güney yarısının değişik noktalarında arazi çalışması yapılmıştır. Arazi çalışmaları deniz seviyesinden 3000 m'ye varan değişken bir yükseltide ve 30 kadar farklı noktaya yapılmıştır. Bu çalışmalar sırasında türe ait bireylere 13 farklı noktada rastlanılmıştır (Şekil 3.1). Bu 13 farklı lokalitenin dördü (Akdağ, Ereentepe, Bakırlıdağ ve Tahtalıdağ) 1500 m ve üstü yüksek rakımda yer almaktadır. Bu izole zirvelerin dışında iç kesimde kalan alanlarda (Elmalı, Seki ve Korkuteli ovaları ve civarı) örneğe rastlanılmamıştır. Örnek toplanabilen diğer dokuz lokalite sahil zonunda veya sahile yakın yamaçlarda (Eşen Çayı Vadisi- üç farklı nokta, Patara, Kalkan, Olympos, Demre, Kemer ve Termessos), 1100 m veya çok daha düşük rakımlarda, yer almaktadır. *P. birandi* türüne ait çalışılan lokaliteler ve bunlara ait GPS kordinatları, arazi tarihleri, yükselti ve vejetasyon bilgileri Çizelge 3.1'de, lokalitelerin birbirlerine kuş uçuşu en kısa mesafeleri ise Çizelge 3.2'de verilmiştir.



Şekil 3.1 *P. birandi* türünün yayılış alanı ve örnekleme yapılan lokaliteler 1- Termessos, 2- Bakırlıdağ, 3- Kemer, 4- Tahtalıdağ, 5- Olympos, 6- Demre, 7- Kalkan, 8- Patara, 9- Eşen III, 10- Eşen II, 11- Eşen I, 12- Ereentepe, 13- Akdağ

Çizelge 3.1. *P. biradi* türüne ait çalışılan lokaliteler ve buralara ait GPS, arazi tarihi, yükselti ve vejetasyon bilgileri

İller	Lokalite/ Arazi tarihleri	Populasyon	Enlem	Boylam	Yükselti	Vejetasyon
Antalya	Akdağ, Subaşı Yaylası İkizgöl civarı (15.07.2005, 12.07.2008)	Akdağ	36° 34' 568" N	029° 34' 992" E	2247 m	Subalpin
Muğla	Seki, Ceylan Köy, Erentepe (15.07.2005)	Erentepe	36° 44' 383" N	029° 38' 450" E	1982 m	Subalpin
Antalya	Kemer, Tahtalıdağ (02.6.2006-nymphs)	Tahtalıdağ	36° 32' 583" N	030° 25' 106" E	1650-1775-1850 m	Subalpin
Antalya	Bakırlıdağ, Pozan arası (15.6.2007)	Bakırlıdağ	36° 50' 180" N	030° 18' 970" E	1819 m	Subalpin
Antalya	Kemer, Tahtalıdağ, Büyük Ovacık ile Küçük Ovacık arası (02.6.2006)	Kemer	36° 37' 782" N	030° 25' 192" E	1110 m	Subalpin
Antalya	Termessos Antik kenti (11.06.2005, 30.6.2006, 11.06.2008)	Termessos	36° 59' 280" N	030° 28' 051" E	878 m	Maki-Orman
Antalya	Kalkan-Sütleğen yolu, Kalkandan 7 km sonra, Bezirgan Köyüne 3 km (15.05.2005, 03.06.2005)	Kalkan	36° 15' 871" N	029° 27' 950" E	857 m	Maki-Orman
Muğla	Korkuteli-Fethiye yolu, Karabelden 15 km sonra, (15.05.2005, 20.5.2006)	Eşen I	36° 42' 016" N	029° 24' 669" E	672 m	Maki-Orman
Muğla	Tloss Antik kenti, Fethiye, Muğla (15.05.2005)	Eşen II	36° 33' 294" N	029° 25' 174" E	470 m	Maki
Antalya	Kumluca yolu Olympostan 3km sonra (19.5.2006)	Olympos	36° 25' 671" N	030° 25' 459" E	398 m	Maki-Orman
Antalya	Demre (Kale) Kaş yolu, Demre'den 15 km. sonra (19.5.2006)	Demre	36° 14' 555" N	029° 56' 698" E	120 m	Maki
Antalya	Muğla Fethiye Patara yol ayrımından 500 m sonar (12.4.2007)	Patara	36° 17' 225" N	029° 20' 035" E	110m	Maki
Muğla	Fethiye-Kaş Yolu, Eşen Sdyma yol ayrımından 3 km sonra (15.05.2005, 20.5.2006)	Eşen III	36° 25' 718" N	029° 16' 323" E	85 m	Maki

Çizelge 3.2. *P.birandi* türüne ait populasyonların saptandığı lokalitelerin birbirlerinden kuş uçuşu uzaklıkları

Lokalitelerin Birbirlerinden Kuş Uçuşu Uzaklıkları (km)												
	Akdağ	Erentepe	Bakırlıdağ	Tahtalıdağ	Kemer	Termessos	Eşen Çayı I	Eşen Çayı II	Eşen Çayı III	Patara	Kalkan	Demre
Akdağ	0											
Erentepe	18.70	0										
Bakırlıdağ	70.86	60.90	0									
Tahtalıdağ	74.19	71.88	32.92	0								
Kemer	75.29	70.39	24.14	9.52	0							
Termessos	91.89	79.19	22.36	49.23	39.76	0						
Eşen Çayı I	19.96	21.36	81.41	90.71	89.91	100.29	0					
Eşen Çayı II	14.97	29.06	85.68	89.36	90.52	106.32	15.68	0				
Eşen Çayı III	32.14	47.60	102,52	103.00	105.33	123.80	31.84	18.24	0			
Patara	39,60	58.25	106.55	101.08	104.97	128.64	46.22	30.71	17.10	0		
Kalkan	36.48	54.74	98.06	90.79	94.43	120.66	47.84	32.09	24.91	12.05	0	
Demre	48.43	59.95	72.83	54.09	60.61	95.33	68.57	57.72	62.51	54.07	41.65	0
Olympos	77.75	77.28	45.50	12.61	22.33	61.72	94.95	91.37	103.07	99.02	88.03	47.94

Türün yayılışı düşük rakımda nadiren 1000 m'ye varır. Kemer-Fethiye hattında uygun mevsimde arazi çalışması yapılmış olmasına karşın sahil kesiminde Demre-Kalkan arası geniş bir sahil zonunda örneğe rastlanılmamıştır. Ziyaret edilen ve örneklenen lokaliteler baz alınarak türe ait bireylerinin orman veya makiliklerin açık alanlarında yer alan otsu vejetasyona sahip alanlarda bulunduğu ve kızılçam veya devamlı makilik alanlarda bulunmadığı gözlenmiştir. Aynı şekilde belirli zirvelere özgü populasyonlar alpin-subalpin çayırlıklardan saptanmıştır. Arazi çalışmaları sırasında gözlenen diğer bir durum farklı yükseltilerde yer alan populasyonlarda nimf ve erginlerin görülme zamanlarıdır. Sahil zonunda yer alan lokalitelerde (Eşen I, II, III, Patara, Derme, Olympos) Nisan ortası-Mayıs sonu arasında erginlere rastlanmıştır. Yüksek rakımlarda yapılan çalışmalarda Haziran sonu-Ağustos başı arası dönemde ergin bulunabilmiştir. Sahil kesiminin nispeten yüksek rakımlı lokaliteleri olan Kemer, Termessos ve Kalkan lokalitelerinde erginler Mayıs sonu-Haziran ortası dönemde ergin toplanabilmiştir. Arazi çalışmaları sırasında Kemer, Termessos ve Tlos Antikkenti civarındaki populasyonlar oldukça yoğun olarak gözlenmiştir, Antropojenik etkinin yüksek olduğu Tlos haricindeki Eşen vadisi, Olympos, Demre ve Kalkan ve subalpin zondaki Erentepe, Akdağ, Tahtalıdağ ve Bakırlıdağ civarında populasyonun daha zayıf olduğu gözlenmiştir.

3.2. Morfolojik Veriler

P. birandi türüne ait 13 populasyondan toplam 185 erkek bireye ait 16 farklı morfolojik yapı ölçüldü/sayıldı. Lokalite başına çalışılan örnek sayısı 10–22 (sadece Eşen III'ten 7 birey) arasında değişmektedir. Ölçülen veya sayılan (ses dişleri) karakterlere ait sayısal değerlerin alt ve üst sınırları, ortalamaları ve standart sapmaları Çizelge 3.3. a ve b'de verilmiştir. Verilere parametrik testleri uygulayabilmek amacıyla önce Anderson-Darling normallik ve Bartlett homojenlik testleri yapıldı bu testin sonucuna göre transformasyon uygulanacak veriler saptandı. Normallik ve homojenlik gösteren veriler doğrudan analizlere dahil edilirken, diğerleri uygun yöntemlerle dönüştürülerek normalleştirildi. Populasyonlar arasında karakterlerdeki varyasyonlar bakımından anlamlı bir farklılığın bulunup bulunmadığı her karakter için ayrı ayrı tek

Çizelge 3.3.a) *P. birandi* türüne ait erkek bireylerden alınan morfolojik ölçümlerin tanımlayıcı istatistikleri ve Duncan Çoklu Karşılaştırma Test sonuçları

Populasyon		Total Boy Uzunluğu (TBU)	Pronotum Uzunluğu (UPU)	Pronotum Max. Genişliği (PMxG)	Pronotum Min. Genişliği (PMnG)	Pronotum Max Yüksekliği (PMxY)	Pronotum Sonrası Kanat Uzunluğu (PSKU)	Pronotum Sonrası Kanat Genişliği (PSKG)	Arka Fermur Uzunluğu (AFU)
Akdağ	N Ranj	13 14.2-18.1	13 3.7-4.6	13 2.7-3.8	13 2.1-3	14 2-3.2	14 1.6-2.4	13 3.1-4.5	14 10.5-12
	ort ± ss Dun	5.96 ± 1.06 A	4.00 ± 0.3 A	3.26 ± 0.36 A	2.46 ± 0.27 A	2.37 ± 0.3	1.97 ± 0.25 B	3.45 ± 0.42	11.20 ± 0.56 A
Eren Tepe	N Ranj	13 14.6-17.6	13 3.9-4.9	13 3.1-4.6	13 2.2-2.8	13 2-3.2	12 1.7-2.4	12 3-3.8	13 11.5-14.5
	ort ± ss Dun	16.84 ± 0.92 A	4.48 ± 0.31 B	3.61 ± 0.4 A	2.46 ± 0.22 A	2.71 ± 0.28	2.05 ± 0.27 B	3.47 ± 0.29	12.28 ± 0.82 B
Tahtalı Dağ	N Ranj	10 18-22.5	10 4.1-5.5	10 3.9-4.3	10 2.5-3.1	4 2.5-3.1	4 2.5-3.1	10 2.5-3.1	10 12-14.2
	ort ± ss Dun	18.99 ± 1.45 B	4.71 ± 0.46 B	4.07 ± 1.13 B	2.87 ± 0.19 B	2.45 ± 0.36	1.72 ± 0.28 A	3.77 ± 0.34	13.19 ± 0.85 C
Bakırlı Dağ	N Ranj	15 17.1-20.7	14 4.3-5	15 4-4.6	15 2.4-3	15 2.2-2.8	15 2-2.7	15 2.6-4	15 12.8-15
	ort ± ss Dun	19.58 ± 0.83 B	4.8 ± 0.23 B	4.23 ± 0.22 B	2.77 ± 0.17 B	2.54 ± 0.17	2.27 ± 0.24 B	3.60 ± 0.33	13.64 ± 0.85 C
Kemer	N Ranj	11 18.6-22.6	11 4.7-5	11 4-4.8	11 2.7-3	11 2.1-2.9	9 1.9-4.1	9 2.3-4.1	11 14.5-16.1
	ort ± ss Dun	1.12 ± 1.12 B	5.01 ± 0.18 B	4.35 ± 0.26 B	2.78 ± 0.1 B	2.59 ± 0.23	2.52 ± 0.85 B	3.57 ± 0.71	15.19 ± 0.66 C
Termesoss	N Ranj	13 20-23.5	13 4.7-6	13 3.9-5.4	13 2.3-3.1	13 2.4-3.5	12 2.1-3.3	12 3.7-5.1	12 15-17.5
	ort ± ss Dun	23.12 ± 0.97 B	5.44 ± 0.35 B	4.76 ± 0.51 B	2.99 ± 0.3 B	2.91 ± 0.28	2.43 ± 0.38 B	4.37 ± 0.47	15.85 ± 1.12 C
Eşen Çayı I	N Ranj	20 19-25	20 4.8-5.9	20 4.9-5.1	20 2.5-3	20 2.5-3.7	20 1.9-3	17 3.6-4.9	20 12.6-16.5
	ort ± ss Dun	21.76 ± 1.7 B	5.37 ± 0.34 B	4.68 ± 0.31 B	2.87 ± 0.2 B	2.73 ± 0.36	2.59 ± 0.3 B	4.17 ± 0.34	14.4 ± 0.92 C
Eşen Çayı II	N Ranj	21 21.1-27.1	22 5-6.1	22 4.3-5.2	22 2.7-3.5	22 2.1-3.5	22 1.8-2.8	22 3.8-5	22 15.9-17.1
	ort ± ss Dun	23.40 ± 1.59 B	5.57 ± 0.36 B	4.77 ± 0.29 B	3.03 ± 0.23 B	2.73 ± 0.4	2.33 ± 0.42 B	4.34 ± 0.39	16.75 ± 0.52 C
Eşen Çayı III	N Ranj	7 18.4-22.5	7 4.6-5.6	6 3.9-4.9	7 3.9-4.9	7 2.5-3.1	7 2.1-2.5	7 3.8-4.1	7 13.7-15.5
	ort ± ss Dun	20.42 ± 1.74 B	5.02 ± 0.29 B	4.30 ± 0.41 B	2.71 ± 0.18 B	2.87 ± 0.35	2.30 ± 0.16 B	4.15 ± 0.31	14.32 ± 0.59 C
Kalkan	N Ranj	17 16.7-24.4	17 5-6.1	17 4.2-5.2	17 2.6-3.5	17 2.4-3.5	17 2-3.1	17 2.2-4.7	17 13.9-17.6
	ort ± ss Dun	20.34 ± 2.25 B	5.6 ± 0.36 B	4.82 ± 0.27 B	3.01 ± 0.33 B	2.92 ± 0.28	2.5 ± 0.47 B	4.16 ± 0.34	15.22 ± 1.06 C
Demre	N Ranj	8 21.1-25.2	10 5.2-5.8	10 4.5-5.8	9 2.9-3.2	9 2.6-3.2	10 2.4-3.1	6 4.6-5.1	10 16-17.2
	ort ± ss Dun	22.93 ± 1.1 B	5.54 ± 0.21 B	5.08 ± 0.33 B	3.02 ± 0.08 B	2.82 ± 0.17	2.65 ± 0.27 B	4.80 ± 0.22	16.74 ± 0.48 C
Olympos	N Ranj	15 22.5-26.7	16 5.5-6.2	16 4.2-5.3	16 2.7-3.2	16 2.1-3	16 2.1-3.1	14 4.1-5.1	17 15-18
	ort ± ss Dun	24.56 ± 1.18 B	5.76 ± 0.34 B	5.02 ± 0.2 B	3.02 ± 0.16 B	2.70 ± 0.6	2.66 ± 0.31 B	4.71 ± 0.27	16.21 ± 0.98 C
Patara	N Ranj	13 17-22	14 4.8-5.7	14 4-5	14 2.6-3.1	14 2.2-3.5	14 1.5-2.8	13 3.1-4.4	14 13-15
	ort ± ss Dun	19.93 ± 1.27 B	5.10 ± 0.21 B	4.60 ± 0.3 B	2.91 ± 0.15 B	2.82 ± 0.39	2.30 ± 0.49 B	3.93 ± 0.37	14.20 ± 0.58 C

N: birey sayısı, ort: ortalama, Ranj: maksimum ve minimum değerler, ss: standart sapma, Dun: Duncan Çoklu Karşılaştırma Test sonuçları

Çizelge 3.3.b) Erkek bireylerden alınan morfolojik ölçümlerin tanımlayıcı istatistikleri, sersi diş sayıları ve Duncan Çoklu Karşılaştırma Test sonuçları

Populasyon		Arka Fermur Max. Genişliği (AFMxG)	Skapus Genişliği (SG)	Verteks Genişliği (VG)	Sersi Kıvrım Öncesi Uzunluğu (SKÖÜ)	Sersi Kıvrım Sonrası Uzunluğu (SKSU)	Ses Diş Alan Uzunluğu (SDAU)	Ses Diş Sayısı (SDSA)	Sersi Diş Sayısı
Akdağ	N Ranj ort ± ss Dun	14 1.8-2.1 2 ± 0.12 A	13 0.4-0.6 0.52 ± 0.07	13 0.4-0.5 0.43 ± 0.04	14 1.6-2.2 1.84 ± 0.19	14 1.2-1.6 1.45 ± 0.11	12 2.5-3.1 2.86 ± 0.17 A	12 100-159 120.58 ± 17.59 A	(1)2
Erentepe	N Ranj ort ± ss Dun	13 1.8-2.3 2 ± 0.15 A	13 0.3-0.6 0.46 ± 0.08	13 0.3-0.5 0.36 ± 0.08	13 1.5-2.3 1.91 ± 0.2	13 1.1-1.6 1.36 ± 0.18	12 2.5-3.1 2.85 ± 0.19 A	11 101-152 119 ± 18.81 A	1
Tahtalıdağ	N Ranj ort ± ss Dun	10 2.1-2.5 2.21 ± 0.12 B	4 0.4-0.5 0.45 ± 0.05	4 0.2-0.5 0.35 ± 0.12	4 1.6-1.9 1.75 ± 0.12	4 1.2-1.4 1.35 ± 0.1	9 2.7-3.3 3.05 ± 0.2 B	9 105-169 147.4 ± 15.67 B	1
Bakırlıdağ	N Ranj ort ± ss Dun	15 2-2.5 2.27 ± 0.15 B	15 0.4-0.7 0.54 ± 0.09	15 0.3-0.5 0.38 ± 0.06	15 1.4-2 1.69 ± 0.23	15 1.3-1.6 1.43 ± 0.08	13 2.9-3.5 3.13 ± 0.17 B	13 140-197 164.53 ± 15.67 B	1
Kemer	N Ranj ort ± ss Dun	11 2.1-2.7 2.44 ± 0.21 B	11 0.4-0.7 0.49 ± 0.09	11 0.2-0.4 0.3 ± 0.06	11 1.6-2.1 1.84 ± 0.17	11 1.2-1.9 1.63 ± 0.19	9 3-3.7 3.32 ± 0.21 B	8 123-166 143.75 ± 16.09 B	1
Termesoss	N Ranj ort ± ss Dun	12 2-3.1 2.46 ± 0.32 B	13 0.4-0.8 0.61 ± 0.12	13 0.4-0.6 0.46 ± 0.08	13 1.8-2.4 2.1 ± 0.18	13 1.3-1.8 1.53 ± 0.18	13 3.5-3.9 3.59 ± 0.14 B	13 129-177 155.53 ± 13.38 B	1
Eşen Çayı I	N Ranj ort ± ss Dun	20 2.1-2.7 2.36 ± 0.136 B	20 0.4-0.8 0.56 ± 0.09	20 0.2-0.5 0.37 ± 0.08	20 1.7-2.4 1.99 ± 0.16	20 1.2-1.8 1.51 ± 0.16	19 3.1-4 3.49 ± 0.26 B	19 140-196 161.36 ± 13.45 B	1
Eşen Çayı II	N Ranj ort ± ss Dun	22 2.5-3.1 2.69 ± 0.127 B	22 0.4-0.8 0.6 ± 0.13	22 0.3-0.6 0.45 ± 0.09	22 1.5-2.3 2.07 ± 0.2	22 1.5-2.1 1.71 ± 0.19	22 3.2-3.9 3.7 ± 0.21 B	22 129-168 145.72 ± 10.92 B	(1)2 (3)
Eşen Çayı III	N Ranj ort ± ss Dun	7 2.3-2.6 2.44 ± 0.19 B	7 0.4-0.7 0.52 ± 0.09	7 0.3-0.5 0.4 ± 0.08	7 1.8-2.3 2 ± 0.19	7 1.2-1.8 1.45 ± 0.19	7 3-3.8 3.42 ± 0.28 B	7 120-155 136.42 ± 11.55 B	2
Kalkan	N Ranj ort ± ss Dun	17 2.1-2.7 2.44 ± 0.58 B	17 0.4-0.8 0.58 ± 0.13	17 0.3-0.5 0.38 ± 0.08	17 1.5-2.4 2.01 ± 0.27	17 1.1-1.9 1.45 ± 0.2	17 3.3-4.1 3.62 ± 0.19 B	16 115-176 141.85 ± 15.05 B	2 (3) (4) (5)
Demre	N Ranj ort ± ss Dun	10 2.5-2.9 2.73 ± 0.17 B	10 0.6-0.7 0.65 ± 0.05	10 0.3-0.6 0.42 ± 0.07	10 2-2.4 2.13 ± 0.14	10 1.3-1.8 1.44 ± 0.15	10 3.2-4 3.53 ± 0.23 B	10 125-154 137.2 ± 9.96 B	2 3 4 (5)
Olympos	N Ranj ort ± ss Dun	17 2.4-3 2.65 ± 0.19 B	16 0.4-0.8 0.63 ± 0.10	16 0.3-0.5 0.41 ± 0.07	17 1.5-2.1 1.97 ± 0.18	17 1.3-1.8 1.47 ± 0.14	16 3.3-4 3.71 ± 0.18 B	16 127-176 158.43 ± 15.32 B	1
Patara	N Ranj ort ± ss Dun	14 2.1-2.8 2.44 ± 0.17 B	14 0.3-0.6 0.5 ± 0.07	14 0.3-0.5 0.43 ± 0.06	14 1.6-2.1 1.87 ± 0.18	14 1-1.6 1.25 ± 0.17	13 2.8-3.3 3.03 ± 0.16 B	13 135-189 156.15 ± 19.36 B	2 3 4 (5)

(): nadir görünen karakter, N: birey sayısı, ort: ortalama, Ranj: maksimum ve minimum değerler ss: standart sapma, Dun: Duncan Çoklu Karşılaştırma Test sonucu

yönlü ANOVA-GLM prosedürü ile test edildi. Uygulanan F testi incelenen 15 karakterin tümü için en az bir popülasyonun diğerlerinden farklı olduğunu gösterdi (Çizelge 3.4). F testi sonuçları baz alınarak %1'lik anlam seviyesinde verilere Duncan Çoklu Karşılaştırma Testi uygulandı. Duncan testi 15 karakterden altısının; [pronotum maksimum yüksekliği (PMxY), pronotum sonrası kanat genişliği (PSKG), sersi kıvrım öncesi uzunluğu (SKÖU), sersi kıvrım sonrası uzunluğu (SKSU), skapus genişliği (SG) ve verteks genişliği (VG)] popülasyonlar arasında gruplandırıcı bir farklılık buldurmadığını ortaya koymuştur. Pronotum sonrası kanat uzunluğu (PSKU), dışında geriye kalan sekiz karakter [total boy uzunluğu (TBU), pronotum uzunluğu (PU), pronotum minimum genişliği (PMnG), pronotum maksimum genişliği (PMxG), arka femur uzunluğu (AFU), arka femur maksimum genişliği (AFMxG), ses dış alan uzunluğu (SDAU), ve ses dış sayısı (SDSA)] yüksek rakım dağ popülasyonları olan Akdağ ve Eretepe popülasyonlarının diğerlerinden önemli ölçüde farklı olduğunu göstermiştir (Bkz. Çizelge 3.3. a ve b). Bu karakterlerden PU Akdağ popülasyonunu diğerlerinden ayırırken, TBU, AFMxG, SDAU ve SDSA karakterleri ise Akdağ ve Eretepe popülasyonlarını birlikte gruplandırır ve diğer popülasyonlardan ayırdı. AFU karakteri hem Akdağ ve Eretepe popülasyonlarını diğerlerinden hem de birbirlerinden farklı olduğuna işaret etmiştir. PSKU diğer karakterlerden farklı olarak Tahtalıdağ popülasyonunu farklı bir grup olarak diğerlerinden ayırmıştır.

Çizelge 3.4. *P. birandi* türünün erkek bireylerine ait morfolojik karakterlere uygulanan F testi sonuçları

Tür	Total Boy Uzunluğu	Pronotum Uzunluğu	Pronotum Maksimum Genişliği	Pronotum Minimum Genişliği	Pronotum Maksimum Yüksekliği	Pronotum Sonrası Kanat Uzunluğu	Pronotum Sonrası Kanat Genişliği	Arka Femur Uzunluğu
<i>P. birandi</i>	sd _p : 12 sd _h : 163 F: 46.88 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 167 F: 36.27 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 167 F: 27 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 167 F: 10.97 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 162 F: 3.78 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 159 F: 6.53 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 154 F: 15.52 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 169 F: 57.09 P <0.001
	Arka Femur Maksimum Genişliği	Skapus Genişliği	Verteks Genişliği	Cerci Kıvrım Öncesi Uzunluğu	Cerci Kıvrım Sonrası Uzunluğu	Ses Dışalanı Uzunluğu	Ses Dışleri Sayısı	
	sd _p : 12 sd _h : 169 F: 21.77 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 162 F: 4.26 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 162 F: 4.52 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 163 F: 5.53 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 163 F: 7.36 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 159 F: 33.37 P <0.001	sd _p : 12 sd _h : 156 F: 12.42 P <0.001	sd _p : ----- sd _h : ----- F: ----- P -----

sd_p: gruplar arası serbestlik derecesi, sd_h: hatanın serbestlik derecesi, P: olasılık değeri

İncelenen karakterler bazında popülasyonların istatistiksel açıdan anlamlı ve bağımsız gruplara işaret edip etmediği Faktör ve Kanonikl Diskriminant Fonksiyon (KDF) analizleri ile de sınıandı. Veriler, faktör analizine uygunluğu açısından sınıandığında KMO (Kaiser-Meyer-Olkin) değeri % 92 ve Bartlett test değeri P=0.00 olarak saptandı. Bu sonuç ğından veriler faktör analizine yüksek oranda uygunluk gösterdi. Öz değer istatistiği (eigenvalue) >1 alınarak 14 metrik verinin 3 farklı faktör altında toplandığı görülmektedir (Çizelge 3.5). Elde edilen bu 3 faktör birlikte toplam varyansın % 62'sini açıklamaktadır. Matriste de görüldüğü gibi 1. faktör altında en yüksek faktör ağırlığına sahip olanlar AFU (0.901), PU (0.840), TBU (0.833), PMxG (0,828), SDAU (0.803), AFMxG (0.792), PSKG (0.693), CKÖÜ (0.497), PMnG (0.644) ve PSKU (0.479) karakterleri iken 2. faktör altında SG (0.752) ve VG (0.685) değişkenleri, 3. faktör altındakiler ise CKSU (0.756) ve PMxY (0.509) karakteridir. Faktör analizinden elde edilen Bartlett faktör skorları bağımsız değişkenler olarak kaydedilip KDF analizi için kullanıldı.

Çizelge 3.5. Erkek bireylere ait 14 morfometrik karaktere uygulanan Faktör analizi sonu elde edilen faktörler ve karakterlerin özdeğerleri

	FAKTÖRLER		
	1	2	3
AFU	.901	.013	-.055
PU	.840	.194	.023
TBU	.833	.113	-.053
PMxG	.828	.232	.168
SDAU	.803	.171	-.083
AFMxG	.792	.169	-.031
PSKG	.693	.267	.096
PMnG	.644	.318	.008
CKÖÜ	.497	-.268	.074
PSKU	.479	.005	.404
SG	.332	.752	.006
VG	.152	.685	.060
CKSU	.379	-.190	-.756
PMxY	.412	-.405	.509

Populasyonların morfometrik veriler temelinde nasıl bir gruplanma gösterdikleri ve bu verilerin populasyonları ayırmada ne derece etkili olduğunu belirlemek amacıyla KDF analizi uygulandı. Verilere uygulanan Box'm testi sonuçları KDF analizi için olumlu olmasa da (P=0.000) Çizelge 3.6.verilen korelasyon matrisinde de (Pooled Within-Groups Matrice) görüldüğü gibi veriler arasında çoklu bağlantı problemi bulunmamaktadır. Diskriminant fonksiyonlarının önemini belirlemek için kanonik korelasyon, öz değer (eigenvalue) ve Wilks's Lamda istatistiklerine baktığımızda; Çizelge 3.7.'deki Kanonikl Korelasyon değerinden analizde sadece 2 fonksiyonun kullanıldığı görülmektedir. Bunlardan 2. faktör tek başına bağımlı değişkenlerdeki varyansın ($0.576^2 = 0.331$) yaklaşık % 33'ünü ve 1. faktör ise ($0.912^2 = 0.832$) % 83'ünü açıklayabildiği görülmektedir. KDF analizi için kullanılan 2 faktörün öz değer (eigenvalue) istatistiği incelendiğinde 1. faktörün (4.94) tek başına bağımlı değişkendeki varyansın büyük bir kısmını açıklaya bildiği görülmektedir. Yine aynı çizelgede Wilks's Lamda değerleri her bir ayırma (discriminant) fonksiyonu için öz değer istatistiğinin anlamlılığını göstermektedir. Analizde tüm faktörler için testin anlamlı olduğu görülmektedir.

KDF analizi sonucu elde edilen sınıflandırma sonuçları, analize dahil edilen bağımsız değişkenlerin % 48.6'sının doğru olarak sınıflandırıldığı göstermektedir. Özellikle yüksek rakım populasyonlarının, Tahtalıdağ hariç, düşük rakım populasyonlarına göre kendi içlerinde daha yüksek oranda gruplanabildikleri görülmektedir. Burada Bakırlıdağ % 86.7 ile en yüksek doğru sınıflandırma yüzdesine sahipken onu sırasıyla % 84.6 ile Eretepe ve % 78.6 ile de Akdağ populasyonları

Çizelge 3.6. Morfometrik değişkenler arası korelasyonu gösteren korelasyon matrisi

Korelasyon	Analiz 1 için BART Faktör skor 1	Analiz 1 için BART Faktör skor 2	Analiz 1 için BART Faktör skor 3
Analiz 1 için BART Faktör skor 1	1.000	-.245	.023
Analiz 1 için BART Faktör skor 2	-.245	1.000	-.043
Analiz 1 için BART Faktör skor 3	.023	-.043	1.000

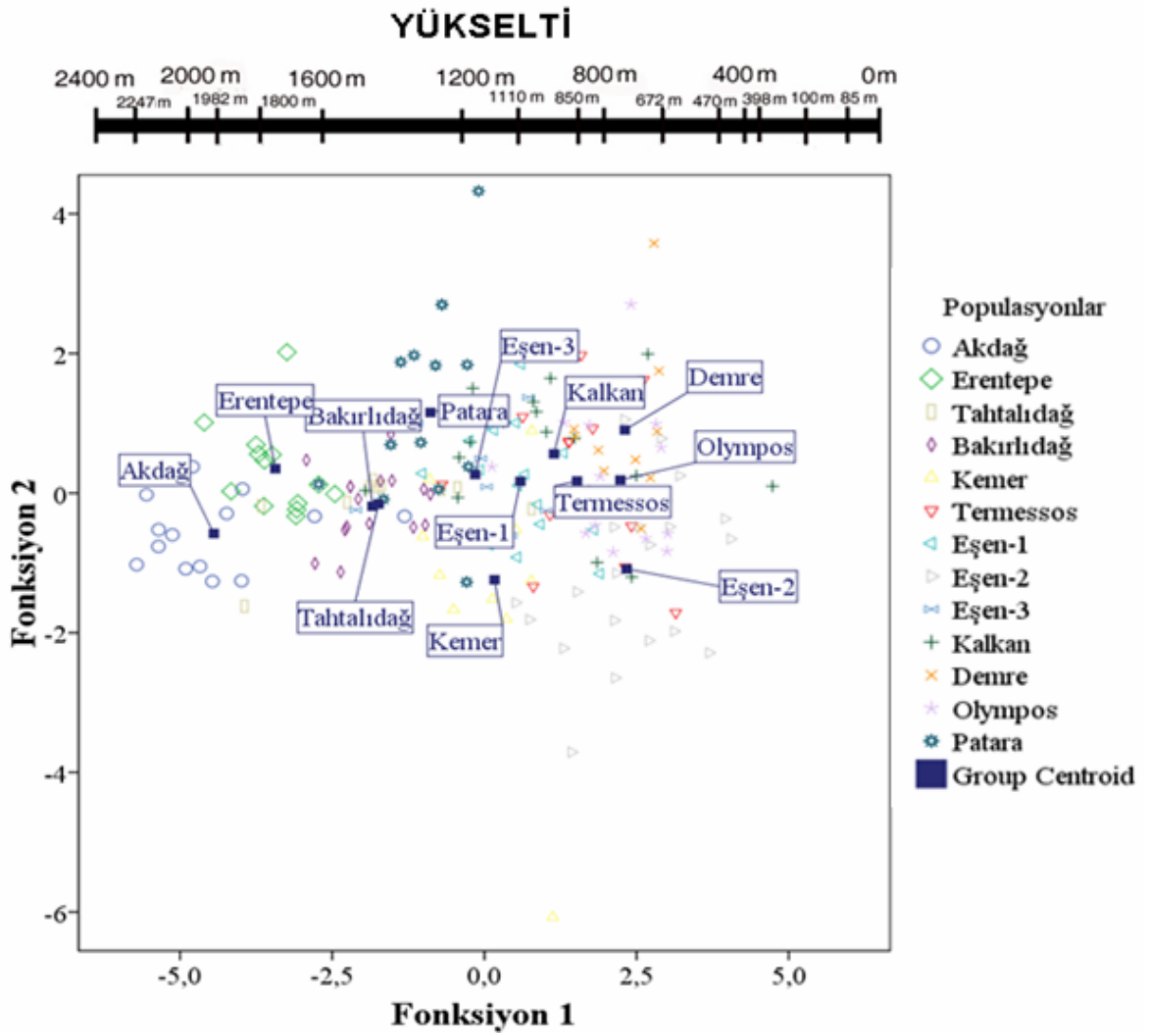
Çizelge 3.7. Eigenvalue, Wilks' Lamda değerlerini ve KDF analizinde kullanılan 2 fonksiyona ait analiz sonuçları

Fonksiyon	Eigenvalue	Varyansın %	Kümülatif %	Kaonikl Korelasyonu
1	4.940	90.9	90.9	.912
2	.496	9.1	100.0	.576
Test Fonksiyonları	Wilks' Lamda	X ²	sd	sig
1'den 2'ye	.113	381.195	24	.000
2	.668	70.282	11	.000

izlemektedir. Tahtalıdağ populasyonun kendine ait bir gruplanma gösteremediği ve buna bağlı olarak da bir sınıflandırma yüzdesi oluşturamadığı verilerinin ise % 10 oranında Akdağ ve Eretepe'de, % 50 oranında Bakırlıdağ ve %30 oranında ise Eşen I verileri içerisinde dağıldığı görülmektedir. Düşük rakım populasyonlarında da en yüksek sınıflandırma yüzdesini % 68.2 ile Eşen II, % 65 ile Eşen I % 57.1 ile de Patara göstermektedir.

Şekil 3.2.'de KDF analizinin Fonksiyon-1 ve Fonksiyon-2'ye göre populasyonları gruplandırması görülmektedir. Her iki fonksiyon farklı rakımları temsil eden populasyonlar arasında bir gruplamaya işaret etmemiştir. Ancak Fonksiyon-1 populasyonları ana hatları ile yüksekliğe paralel şekilde bir ilişki önermiştir. En yüksek rakım populasyonları olan Akdağ ve Eretepe populasyonları Fonksiyon-1'in negatif ucuna yerleşmişken düşük rakım populasyonları olan Demre, Olimpos ve Eşen II populasyonları ise pozitif ucuna yerleşmişlerdir. Ara yükselti populasyonları ise ana hatları ile araya yerleşmişlerdir. Beklenti olmasına karşın 1500 m üstü yüksek rakım populasyonları ile 1110 m altı düşük rakım populasyonları arasında belirgin bir ayrım görülmemiştir.

İncelenen morfolojik karakterler ile populasyonların yükseltiye bağlı dağılışları arasında doğrusal bir ilişkinin olup olmadığını saptamak amacıyla verilere doğrusal regresyon ve korelasyon analizi uygulandı. Analiz sonuçlarına göre 15 morfolojik karakterden 11'inde yükselti ile ters orantılı bir ilişkinin olduğu gözlemlendi (Çizelge 3.8). Bu karakterlerden üçünde (AFU, AFMxG ve PMxG) yükseklik ile ters orantılı güçlü



Şekil 3.2. *P. birandi* populasyonlarına ait 14 morfometrik verinin KDF analizi sonucunun yükselti grandiyenti ile gösterimi

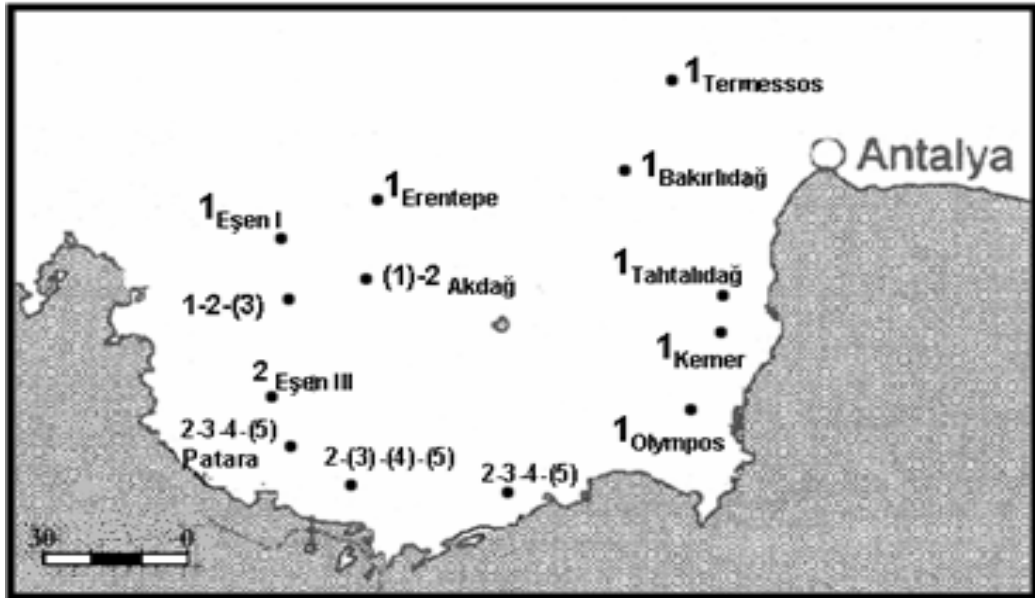
Çizelge 3.8. Türün yükselti ile korelasyon gösteren 11 karakterinin doğrusal regresyon ve korelasyon analizi sonuçlarına göre değerleri

Karakterler	Total Boy Uzunluğu	Pronotum Uzunluğu	Pronotum Max. Genişliği	Pronotum Min. Genişliği	Pronotum Max. Yüksekliği	Pronotum Sonrası Kanat Uzunluğu
Yükselti	$\hat{a} = 22.7$ $\hat{b} = -0.0023$ $r = -0.732$ $F = 12.71$ $P = 0.004$	$\hat{a} = 5.54$ $\hat{b} = -0.000471$ $r = -0.729$ $F = 12.50$ $P = 0.005$	$\hat{a} = 4.46$ $\hat{b} = -0.000494$ $r = -0.763$ $F = 15.30$ $P = 0.002$	$\hat{a} = 2.98$ $\hat{b} = -0.000154$ $r = -0.623$ $F = 6.97$ $P = 0.023$	$\hat{a} = 2.87$ $\hat{b} = -0.00016$ $r = -0.666$ $F = 8.75$ $P = 0.013$	$\hat{a} = 2.56$ $\hat{b} = -0.000258$ $r = -0.737$ $F = 13.07$ $P = 0.004$
Karakterler	Pronotum Sonrası Kanat Genişliği	Arka Femur Uzunluğu	Arka Femur Max. Genişliği	Sersi Kıvrım Öncesi Uzunluğu	Ses Diş Alan Uzunluğu	-----
Yükselti	$\hat{a} = 4.36$ $\hat{b} = -0.000436$ $r = -0.652$ $F = 8.11$ $P = 0.016$	$\hat{a} = 16$ $\hat{b} = -0.00016$ $r = -0.769$ $F = 15.88$ $P = 0.002$	$\hat{a} = 2.61$ $\hat{b} = -0.000228$ $r = -0.814$ $F = 21.65$ $P = 0.001$	$\hat{a} = 2.05$ $\hat{b} = -0.000112$ $r = -0.66$ $F = 8.48$ $P = 0.014$	$\hat{a} = 3.56$ $\hat{b} = -0.000254$ $r = -0.661$ $F = 8.53$ $P = 0.014$	-----

\hat{a} , \hat{b} : regresyon parametreleri, r : pearson korelasyon katsayısı, P : olasılık değeri

bir ilişki saptanırken diğer sekiz karakterde bu ilişki orta düzeydedir. Analize tabi tutulan 15 karakterden dördü olan SG, VG, CKSU ve SDSA karakterleri ile yükselti arasında anlamlı herhangi bir ilişki seviyesi saptanamadı.

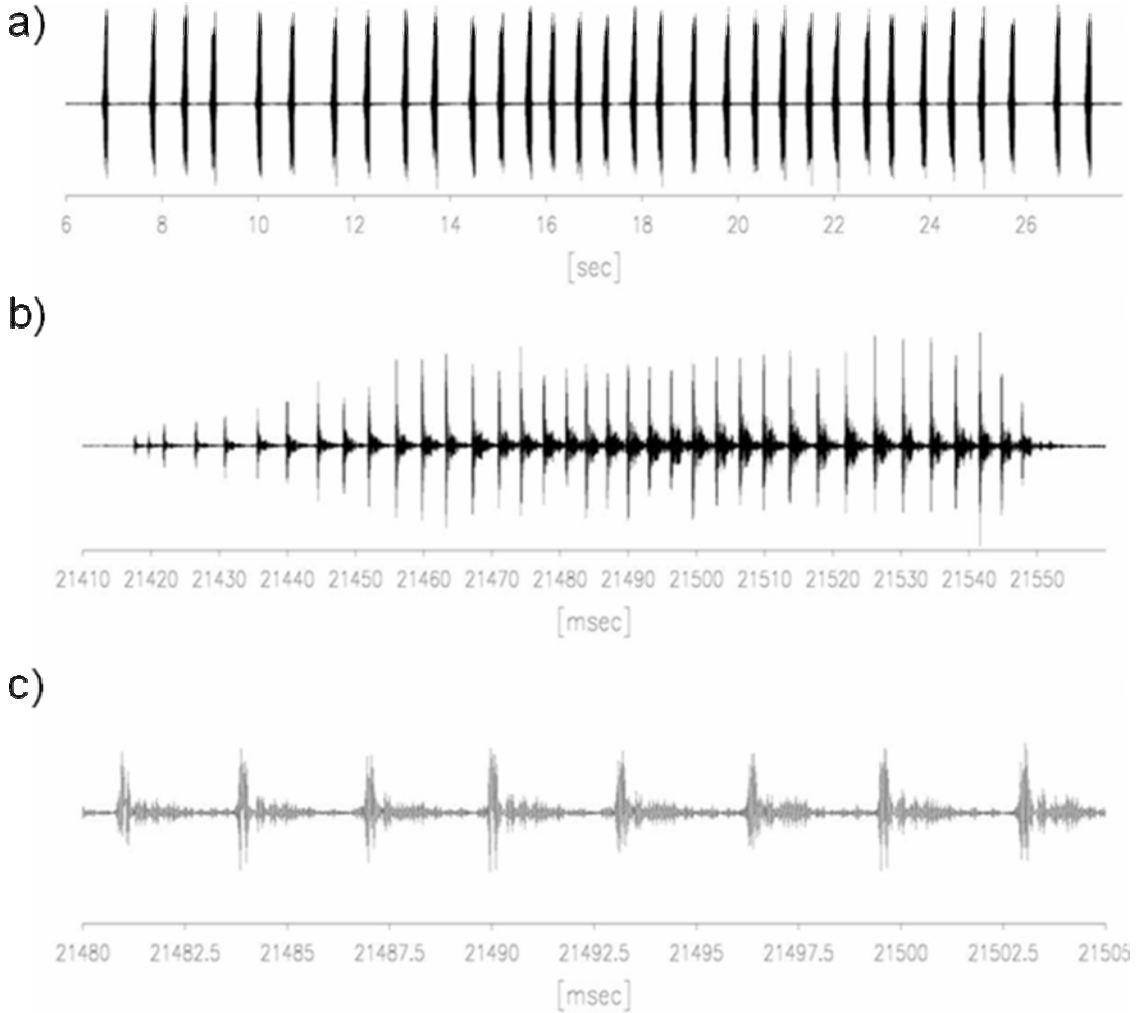
Sersi diş sayısı incelenen 16. morfolojik karakterden biridir ve metrik olmadığından sayısal analizlere dahil edilmemiştir. Sersi diş sayısı hem türün popülasyonları arasında hem de aynı popülasyondaki bireyler arasında hatta bazen aynı bireyin sağ ve sol sersileri arasında farklı olarak gözlenmiştir (Şekil 3.3). Her ne kadar sersi diş sayısı varyasyonel olsa da varyasyon sınırları popülasyonlara özgü olabilmektedir. Çalışılan 13 popülasyondan türün yayılışının doğu kısmında yer alan 7'sinde (Erentepe, Tahtalıdağ, Bakırlıdağ, Kemer, Termessos, Eşen I, Olympos) sersi diş sayısı değişmez şekilde tüm bireylerde 1 olarak saptanmıştır. Eşen Çayı vadisinde yer alan Eşen III popülasyonunun tüm bireylerinde sabit şekilde 2 sersi dişi saptanmıştır. Bu 8 popülasyon dışındaki popülasyonlarda sersi diş sayısı değişkendir. Akdağ ve Eşen II'de diş sayısı değişken olsa da çoğunlukla 2-dişli sersiler gözlenmiştir. Kalkan, Demre ve Patara popülasyonlarının sersi diş sayıları 2-5 arasında değişmektedir ancak 3-4 dişli sersilerin daha sık olduğu gözlenmiştir. Bu diş sayısı türün diğer 10 popülasyonunda hiç rastlanılmamıştır.



Şekil 3.3. *P. birandi* türünün erkek bireylerine ait sersi diş sayısının alandaki varyasyonu. (): nadir görülen sersi diş sayısı, 1-2-(3): Eşen II, 2-(3)-(4)-(5): Kalkan, 2-3-4-(5): Demre

3.3. Erkek Çağrı Sesi

Erkek çağrı sesi uzun hece dizilerinden oluşur (Şekil 3.4. a, b ve c). Heceler tekil izole şekilde olabileceği gibi ikili heceler halinde de görülebilmektedir. Hayvanlar ilk olarak ötmeye başladığında düzensiz bir şekilde üretilen heceler devamında daha düzenli ve artan bir süreyle üretilmektedir. Populasyonlar arası zamansal parametrelerin yapısına bakıldığında tür içi hece süresinin ortalama 90 ms ile 188 ms arasında değiştiği görülmektedir. Hece süresi bakımından en fazla varyasyonu Olympos (129–256) populasyonu gösterirken minimum hece süresini 67 ms ile Eşen III gösterirken maksimum süreyi 256 ms ile Olympos göstermektedir (Çizelge 3.9).



Şekil 3.4. *P. birandi* türünün erkek çağrı sesinin üç farklı yapıdaki oskilogramı. a) ardışık heceler, b) tek bir hecenin yapısı, c) hece içindeki atımlar.

Çizelge 3.9. *P. birandi* türünün erkek bireylerinden elde edilen çağrı sesi karakterlerinin tanımlayıcı istatistikleri

Populasyon		Hece Süresi (ms)	Hece Başına Atım Sayısı	100'ms'deki Atım Sayısı	Atım Periyodu (ms)	Heceler Arası Süre
Akdağ	N Ranj ort± ss	11 87-163 122.5±11.6	11 44-54 50±3.16	11 31-47 41.8±3.1	11 2.2-2.66 2.4±0.29	11 405-706 526±91
Erentepe	N Ranj ort± ss	5 100-132 120.6±6.8	5 46-53 50.3±2.58	5 39-46 42.0±0.7	5 2.42-2.45 2.4±0.05	5 403-794 553±147
Tahtalıdağ	N Ranj ort± ss	2 73-122 119.0±4.2	2 35-41 38.5±0	2 31-35 34.0±0	2 2.76-3.17 2.9±0.28	2 204-248 226±31.11
Bakırlıdağ	N Ranj ort± ss	5 124-168 149.1±6.1	5 36-52 43.8±1.64	5 25-35 29.8±1.4	5 3.21-3.59 3.4±0.14	5 106-457 366±147
Kemer	N Ranj ort± ss	8 122-156 140.2±8.0	8 41-56 46.5±4.9	8 28-49 34.7±7.1	8 1.99-2.85 2.5±0.33	8 284-587 488±100
Termesoss	N Ranj ort± ss	9 116-176 149.7±10.9	9 39-56 49.2±5.2	9 25-47 36.5±5.1	9 2.37-3.81 2.9±0.39	9 307-562 471±91
Eşen I	N Ranj ort± ss	7 120-191 157.8-27.8	7 34-58 57±6	7 25-43 34.5±6.1	7 2.51-4.23 2.8±0.69	7 356-629 485±128
Eşen II	N Ranj ort± ss	12 73-169 134.8±18.6	12 16-60 47.0±2	12 25-46 36.3±4.3	12 2.22-4.30 3.0±0.42	11 394-867 659±157
Eşen III	N Ranj ort± ss	5 67-149 101±7.4	5 35-47 40.0±2.5	5 25-47 41.0±2.5	5 2.11-3.42 2.0±0.43	5 159-410 248±103
Kalkan	N Ranj ort± ss	9 110-70 147.4±10.8	9 34-50 44.7±2.0	9 28-44 33.2±3.1	9 2.91-3.81 2.2±0.43	8 426-798 557±125
Demre	N Ranj ort± ss	7 112-166 147.8±7.6	7 24-50 35.5±10.2	7 17-40 25.8±7.4	7 3.24-5.52 4.5±1.03	7 451-57 565±84
Olympos	N Ranj ort± ss	11 129-256 167.8±10.9	1 25-55 38.9±8.6	11 12-43 23.1±7.6	11 3.31-5.14 4.5±1.07	8 200-447 420±122
Patara	N Ranj ort± ss	4 91-122 106.5±6.2	4 44-51 46.5±1.2	4 37-46 44.2±2.2	4 2.55-2.13 2.2±0.18	3 330-730 519±195

N: birey sayısı, Ranj: maksimum ve minimum değerler, ort: ortalama, ss: standart sapma

Her hece bir dizi atımdan (pulsdan) oluşur. Populasyonlara ait atım periyodunda en fazla varyasyonu Demre (3.24-5.52 ms) gösterirken, 1.99 ms ile Kemer en düşük atım süresini, 5.52 ile Demre en uzun atım süresini göstermektedir. Hece başına atım sayısı 16–60 arası sayıyla en fazla varyasyonu Eşen II populasyonun göstermiştir. Hecelerin başlangıç kısımlarındaki atımlar daha zayıf ve daha seyrek iken sonraki atımlar daha sık ve daha kuvvetli, çoğunlukla da sonraları yüksek amplitutlu bir yapıyı göstermektedir. Ses karakterlerinden birisi olan 100 ms'lik bir hece periyodundaki atım sayısında minimum sayıyı 12 atımla Olympos populasyonu gösterirken, 49 tane ile en fazla Kemer'de gözlenmektedir. Heceler arası süre karakteri açısından sesin yapısı incelendiğinde, ses seri bir şekilde üretildiğinde sürenin 159 ms ile 730 ms arasında değiştiği görülmektedir.

Sesin örüntü ve zamansal parametreleri bakımından, farklı lokalitelerden alınan örnekler arasında bazı küçük farklılıklar gözlenmiştir. Termessos populasyonunda hem ardışık ikili hem de tekli hece üretimi gözlenirken bu durum, diğerlerinde gözlenmemiştir. Genel olarak populasyonlarda kresendo (hecedeki atım amplitütünde sona kademeli artış) başlangıçtan bir hece yapısı varken Bakırlıdağ ve Demre populasyonlarında bunun aksine başlangıç ve bitiş atımlarının amplitütünde bir azalma görülmektedir. Hecelerin morfolojik yapısı türde varyasyonel bir durum sergilediği gibi bu durum populasyon içi hece yapısı için de geçerlidir.

Çalışmada *P. birandi* türünün erkek bireylerinin çağrı seslerine ait hece başına atım (puls) sayısı, 100 ms'deki atım sayısı, atım periyodu ve heceler arası süre karakterleri Cool Edit 96 programı ile incelendi. Ölçümlere uygulanan F testi sonuçları (Çizelge 3.10) incelenen 5 ses karakteri açısından populasyonlardan en az birinin diğerlerinden önemli ölçüde farklı olduğunu göstermiştir. Fakat, F testi sonuçları doğrultusunda %1 anlam seviyesinde yapılan Duncan çoklu karşılaştırma testi bu karakterler bakımından populasyonların belirgin farklılıklar gösteren kümeler oluşturmadıklarını göstermiştir.

Populasyonların yayılışına bağlı olarak görülen yükselti gradiyentinin, incelenen ses karakterleri üzerinde yönlendirici bir etkisinin olup olmadığını saptamak amacıyla verilere doğrusal regresyon ve korelasyon analizi uygulandı. Analiz sonucunda yükselti ve buna bağlı olarak da ekolojik faktörler ile incelenen ses karakterleri arasında herhangi bir ilişkinin olmadığı saptandı.

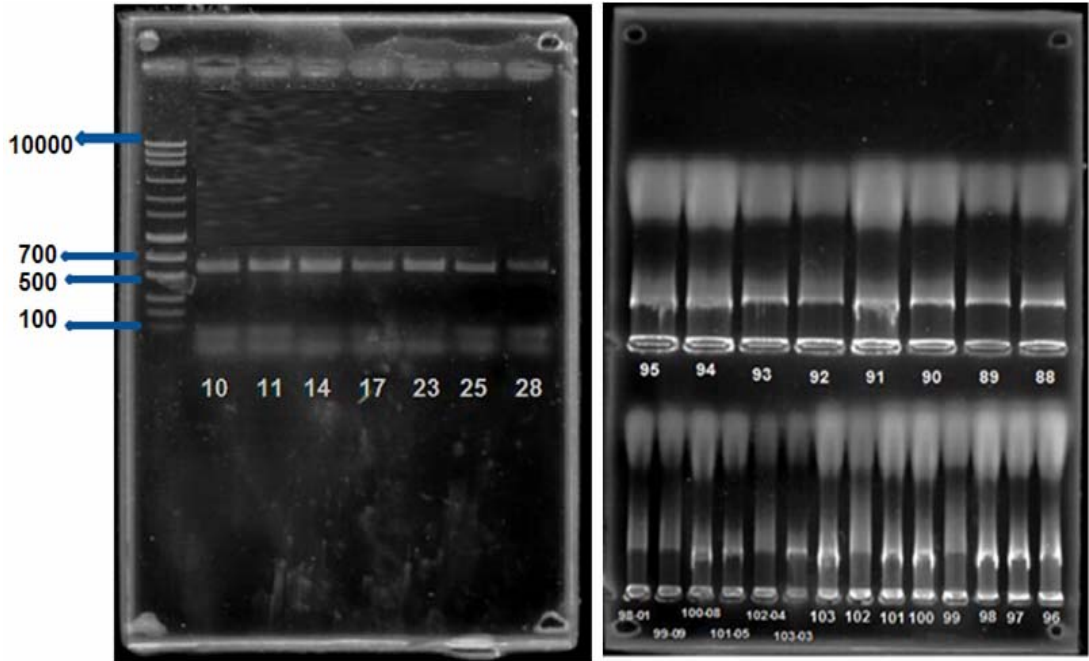
Çizelge 3.10. Erkek çağrı seslerine uygulanan F testi sonuçları

Tür / Karakterler	Hece Süresi (ms)	Hecedeki Atım Sayısı	100 ms'deki Atım Sayısı	Atım Periyodu (ms)	Heceler Arası Süre (ms)
<i>Poecilimon birandi</i>	sd _p :12 sd _h : 82 F: 15.97 P<0.001	sd _p :12 sd _h : 82 F: 3.97 P<0.001	sd _p :12 sd _h : 82 F: 21.21 P<0.001	sd _p :12 sd _h : 82 F: 31.82 P<0.001	sd _p :12 sd _h : 71 F: 5.39 P<0.001

sd_p: populasyonun serbestlik derecesi, sd_h: hatanın serbestlik derecesi, P: olasılık seviyesi

3.4. Moleküler Veriler

Laboratuar çalışmaları süresince *P. birandi*'den 87, dış grup olarak kullanılan *P. luschani*'den dört ve *P. tuncayi*'den de beş bireyden total DNA izole edildi ve mitokondriyal 16S rDNA bölgesi ER232 (5' CGC CTG TTT AAC AAA AAC AT 3') ve ER233 (5' CCG GGT CTG AAC TCA GAT GAC GT 3') primerleri kullanılarak PCR ile çoğaltıldı (Şekil 3.5). *P. birandi*' den 87, iki dış gruptan da dokuz tane olmak üzere toplamda 96 sekans filogenetik analizler için kullanıldı (Çizelge 3.11). Çalışılan 16S rDNA geninin baz dizleri MEGA v.4.0 ve MacClade v.4.03 programları kullanılarak NEXUS formatında veri matrisine dönüştürüldü. Oluşturulan veri matrisinde genin 537–556 baz çifti uzunluğundaki bölgesinin dizileri tüm örnekler için elde edildi ve bu bölgenin 537 baz uzunluğundaki bölgesi analizler de kullanıldı. Doksan altı sekansa ait 537 bazlık bölgenin 482 bazı korunmuş (conservative), 54 bazı varyasyonel (variable) ve 41 bazı parsimoni olarak bilgi verici olarak saptandı. MEGA v.4.0 programı kullanılarak yapılan Tajima's Nei Nötralite Testi sonucu elde edilen 16S rDNA bölgesine ait dizi sayısı (m), ayrılan dizi sayısı (S), nükleotit çeşitliliği (P_s , Θ , π), ve Tajima test istatistik değeri (D) Çizelge 3.12. gösterilmiştir.



Şekil 3.5. Çalışılan türlerden izole edilen DNA'ların jel görüntüsü (sağda) ve 10000 baz çifti uzunluğundaki belirteç DNA ile mitokondriyal 16S rDNA geninin PCR ürünlerinin yürütüldüğü jel görüntüsü (solda)

Çizelge 3.11. DNA izolasyonu gerçekleştirilip dizilenen 3 türe ait 96 örnek

Tür: <i>P. birandi</i>	Dizileri elde edilen örnekler	Toplam
Akdağ	AK1, AK2, AK3, AK40, AK49, AK50, AK116, AK117	8
Erentepe	ER4, ER5, ER6, ER41, ER44, ER55, ER150, ER163, ER169, ER170	10
Tahtalıdağ	TAH10, TAH11, TAH12, TAH118,	4
Bakırlıdağ	BAK7, BAK8, BAK9, BAK56, BAK119, BAK167	6
Kemer	KEM34, KEM35, KEM36, KEM57, KEM58	5
Termessos	TER22, TER23, TER24, TER48, TER126, TER127, TER128, TER145, TER161, TER162, TER168	11
Kalkan	KAL25, KAL26, KAL27, KAL47, KAL147, KAL148, KAL149	7
Eşen I	13ESN1, 14ESEN1, 15ESN1, 120ESN, 121ESN1	5
Eşen II	16ESN2, 17ESN2, 18ESN2, 175ESN2, 179ESN2	5
Olympos	OLYM31, OLYM32, OLYM33, OLYM43, OLYM166, OLYM173, OLYM174	7
Demre	DEM28, DEM29, DEM30, DEM122, DEM123, DEM129, DEM130, DEM164, DEM165	9
Patara	PAT37, PAT38, PAT39, PAT124, PAT172	5
Eşen III	19ESN3, 20ESN3, 21ESN3, 42ESN3, 46ESN3	5
Tür: <i>P. luschani</i>		
İzmir	IZMR104, IZMR105, IZMR106, IZMR107	4
Tür: <i>P. tuncayi</i>		
Denizli	DENZ54, DEN131, DENZ132, DENZ134, DENZ135	5

Arlequin v.3.1 programı kullanılarak, ikisi dış grup olmak üzere 3 türün toplamda 96 bireyinden elde edilen 537 baz uzunluğundaki bölgede 34 haplotipin var olduğu saptandı (Çizelge 3.13. a ve b). Haplotiplerin dağılımına bakıldığında 34 haplotipin 1 tanesi dış grup olarak kullanılan *P. tuncayi*' ye, 3 tanesi de *P. luschani*'ye ait olup, geri kalan 30 haplotip *P. birandi* türüne aittir. Türün popülasyonlarının sahip olduğu haplotip

Çizelge 3.12. Elde edilen 96 diziye uygulanan Tajima's Nei Nötralite Testi sonuçları

m	S	P_s	Θ	π	D
96	49	0,094050	0,018311	0,017080	-0,214197

Çizelge 3.13. a) *P. birandi* türünün çalışılan 13 popülasyonundan edilen 87 dizi içerisinde saptanan 30 haplotip ve bunları paylaşan diziler

<i>Poecilimon birandi</i> türüne ait haplotipler								
Ht No	Haplotip	Aynı Diziler	Ht No	Haplotip	Aynı Diziler	Ht No	Haplotip	Aynı Diziler
1	TER-168	TER-168	2	BAK-7	BAK-7 BAK-56 BAK-167	3	BAK-8*	BAK-8 TER-22 TER-23 TER-24 TER-48 TER-126 TER-127 TER-128 TER-145 TER-161 TER-162
4	BAK-9	BAK-9	5	BAK-119	BAK-119	6	TAH-10*	TAH-10 TAH-118 KEM-35 KEM-36
7	TAH-11	TAH-11	8	TAH-12	TAH-12	9	KEM57	KEM-57 KEM-58
10	KEM-34	KEM-34	11	OLYM-31	OLYM-31 OLYM-32 OLYM-33 OLYM-174	12	OLYM-43	OLYM-43
13	OLYM-166	OLYM-166	14	OLYM-173	OLYM-173	15	DEM-28	DEM-28
16	DEM-29	DEM-29 DEM-30 DEM-122 DEM-123 DEM-129 DEM-130 DEM1-64 DEM-165	17	KAL-25*	KAL-25 KAL-26 KAL-27 KAL-47 KAL-147 KAL-148 KAL-149 PAT-37 PAT-38 PAT-39 PAT-124 PAT-172	18	ESN3-19	ESN3-19 ESN3-21 ESN3-42
19	ESN3-20	ESN3-20 ESN3-46	20	ESN2-16	ESN2-16	21	ESN2-175	ESN2-175
22	ESN2-179	ESN2-179	23	ESN1-13*	ESN1-13 ESN2-17 ESN2-18	24	ESN1-14	ESN1-14 ESN1-15 ESN1-120 ESN1-121
25	ER-4	ER-4 ER-6 ER-44	26	ER-5	ER-5	27	ER-150	ER-150
28	ER-41	ER-41 ER-55 ER-163 ER-169 ER-170	29	AK-1	AK-1 AK-2 AK-3 AK-40 AK-49 AK-116 AK-117	30	AK-50	AK-50

* Paylaşılan haplotipler

Çizelge 3.13.b) Çalışmada kullanılan iki dış gruba ait haplotipler ve bunları paylaşan diziler

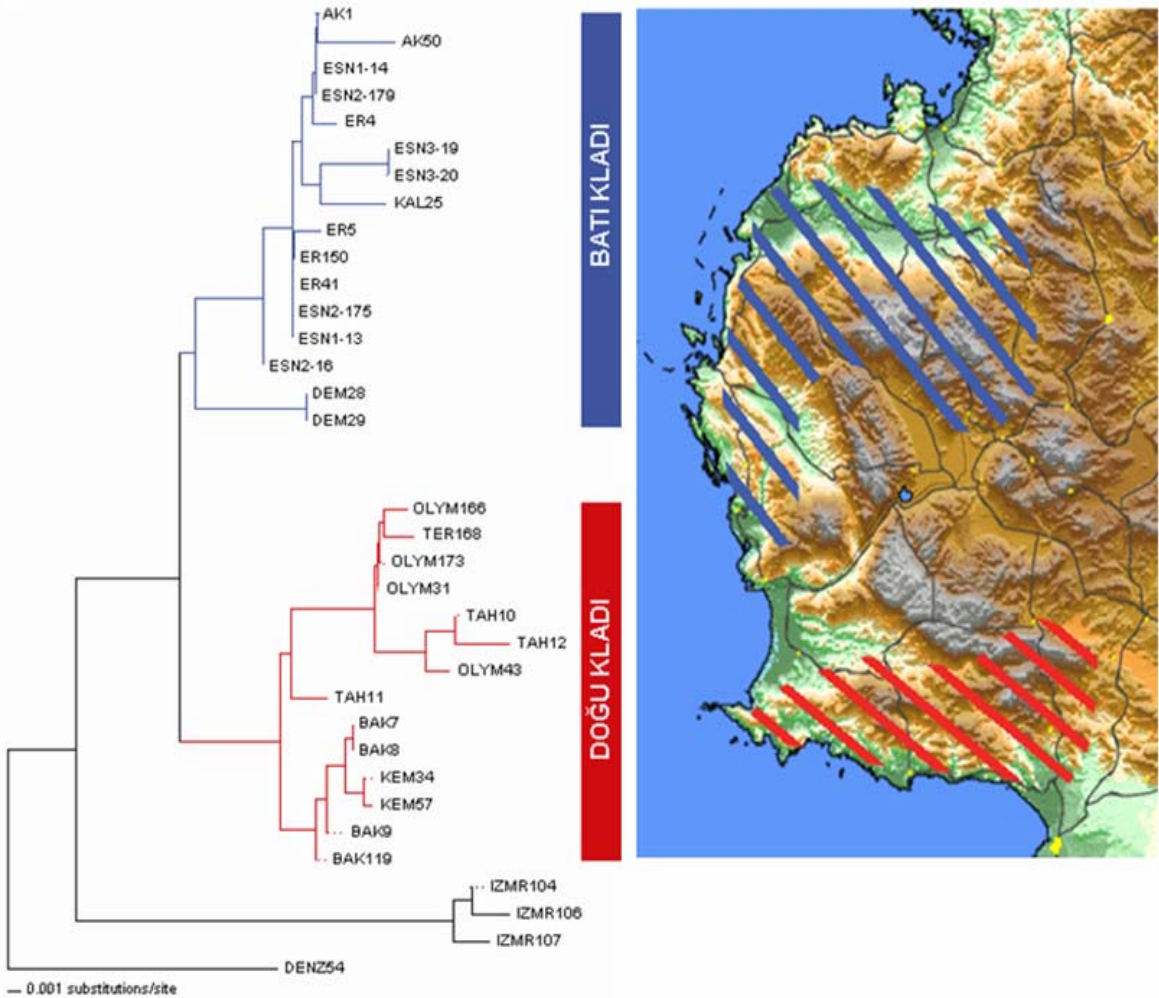
Dış gruplara ait haplotipler					
<i>Poecilimon luchani</i> türüne ait haplotipler			<i>Poecilimon tuncayi</i> türüne ait haplotipler		
Ht. No	Haplotip	Aynı Diziler	Ht. No	Haplotip	Aynı Diziler
1	IZMR-104	IZMR-104 IZMR-105	1	DEN-54	DEN-54
2	IZMR-106	IZMR-106			DEN-131
3	IZMR-107	IZMR-107			DEN-132
					DEN-134
					DEN-135

dağılımına bakıldığında Tahtalıdağ ve Kemer TAH-10 haplotipini, Kalkan ve Patara KAL-25 haplotipini ve Eşen I ile II populasyonları da ESN1-13 haplotipini birlikte paylaşmaktadırlar. Geriye kalan 26 haplotipin her biri sadece saptandığı populasyona özgü, fikse haplotipler şeklindedir ve diğer populasyonlarda belirlenmemiştir. Tür içi haplotip çeşitliliğine bakıldığında, sahip oldukları 4 haplotip ile Eretepe (ER-4, ER-5, ER-41, ER-150), Bakırlıdağ (BAK-7, BAK-8, BAK-9, BAK-119) ve Olympos (OLYM-31, OLYM-41, OLYM-166, OLYM-173) en fazla haplotipe sahip populasyonlar iken, Termessos ve Kalkan populasyonları tek haplotip ile tür içi haplotip çeşitliliği en az olan populasyonlardır. Patara populasyonu incelenen diziler içerisinde kendine özgü herhangi bir haplotipe sahip olmayan tek populasyondur.

Belirlenen 34 haplotipe ait varyasyonel ve insersiyonel/delesyonel bölgelerin bulunduğu 65 baz çiftlik dizi buldukları pozisyonlarıyla birlikte Çizelge 3.14'de görülmektedir. Sekans içerisinde en yoğun varyasyonel bölgenin 150 ve 380. pozisyonları arasındaki baz çiftlerinde gözlenirken, 17 farklı pozisyonda da delesyon ve/veya insersiyon olduğu saptanmıştır. Delesyon ve insersiyonlar yoğun olarak timin ve adenin bazlarının tekrarlı olarak yer aldığı bölgelerde gözlenmektedir. Sekans içerisinde en belirgin insersiyon 54 ve 58. pozisyonlar arasında kalan dizilerde yer alan ve yalnızca *P. luschani* (IZMR-104, IZMR-106, IZMR-107) haplotiplerine özgü olan ATA dizisidir. Varyasyonel dizilerin içerisinde 30, 206, 298 ve 340. pozisyondaki bazlar *P. birandi* populasyonlarının monofilisini desteklerken 54, 209, 247, 251, 291., 323, 381 ve 497.

bölgelerin oranı ise (I)= 0.8083 olarak belirlendi. Substutisyon modelinin önerdiği baz değişim oranları R(a) [A-C]=1.0000, R(b) [A-G]=10.5766, R(c) [A-T]=1.0000, R(d) [C-G]=1.0000, R(e) [C-T]=6.7766, R(f) [G-T]=1.0000 ve değişken bölgelerin oranı (G) tüm bölgeler için aynı olarak hesaplandı. Önerilen model ve parametreler doğrultusunda PAUP v.4.0b10 kullanılarak filogenetik analizler yapıldı. Farklı algoritmalar kullanılarak yapılan analizler bazı düğümlerde tamamen, bazılarında büyük oranda uyuşurken bazılarında uyuşmayan ağaçlar ortaya koymuştur.

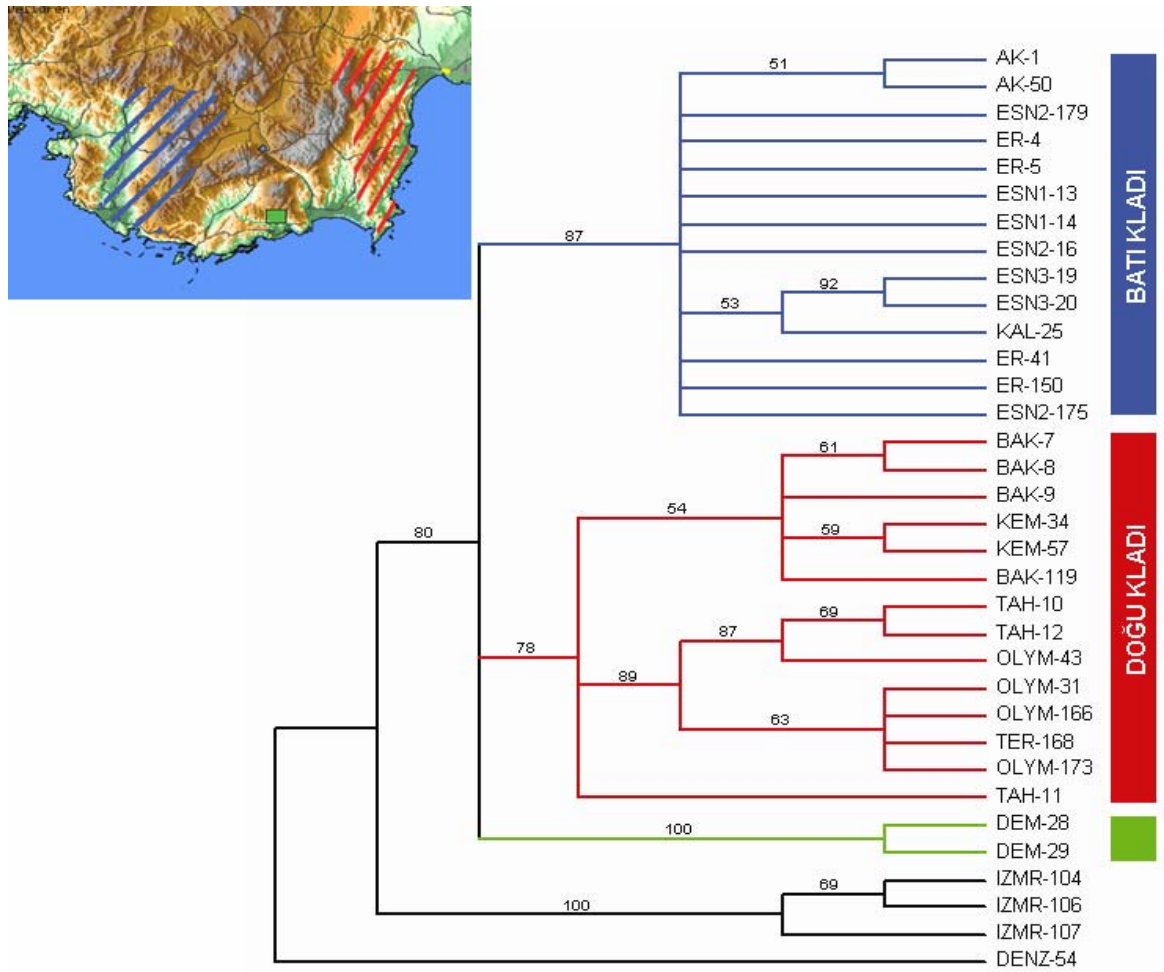
ML opsiyonuyla AIC'nin önerdiği TrN+I modeline göre uygulanan NJ analizi *P. birandi*'ye ait haplotipleri iki filogenetik gruba ayırmıştır (Şekil 3.6). Birinci filogenetik grup Batı kladı olarak adlandırılan Eşen I, II, III, Akdağ, Eretepe, Kalkan ve Patara ile Demre populasyonlarına özgü haplotiplerin aynı atadan farklılaştığını önermiştir. Demre



Şekil 3.6. *P. birandi* populasyonlarından saptanan haplotiplerin ML ağacı ve yayılışı

populasyonuna özgü iki haplotip batı kladının bazal dalında yer alarak atasal bir yapı sergilemektedir. Doğu ve Batı soyhatlarının hem haplotip dağılımına hem de ağaçtaki substitusyon/site uzaklıklarına bakıldığında Batı kladının içerdiği 16 haplotip ile 14 haplotip içeren doğu kladından fazla genetik çeşitliliğe sahip olduğu, fakat farklılaşma oranının doğu kladında daha fazla olduğu görülmektedir. Benzer şekilde ağaçtaki farklılaşma basamakları da doğu kladı içerisinde daha fazladır.

NJ bazlı 10000 tekrarlı seç-bağla (bootstrap) ağacı ML ağacından farklı bir ağaç topolojisi önermiştir (Şekil 3.7). NJ bazlı seç-bağla ağacı bazal bir üçlü dallanma önermiştir ve ML ağacından farklı olarak Demre haplotiplerini üçüncü bir soy hattı olarak yerleştirmektedir ve bu dala olan seç-bağla değeri tamdır. Ayrıca, Batı soy hattı için yüksek bir değer önermesine karşılık (87), soy hattı içerisindeki haplotipler arasındaki

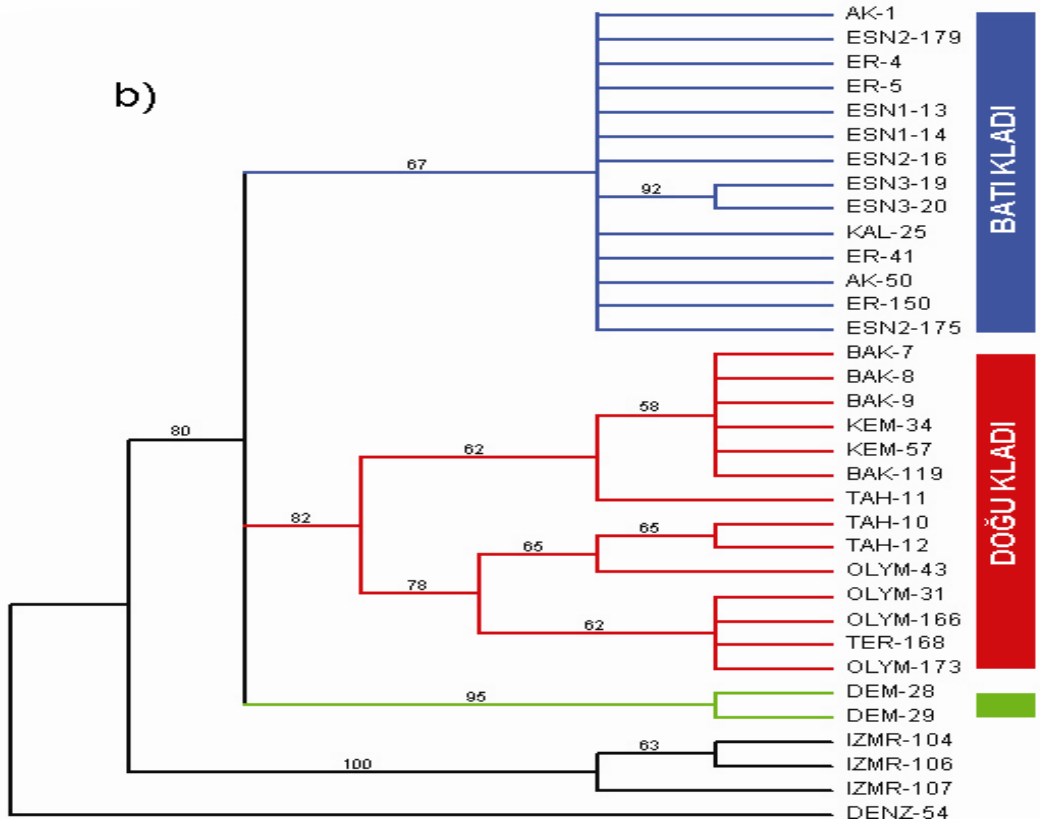
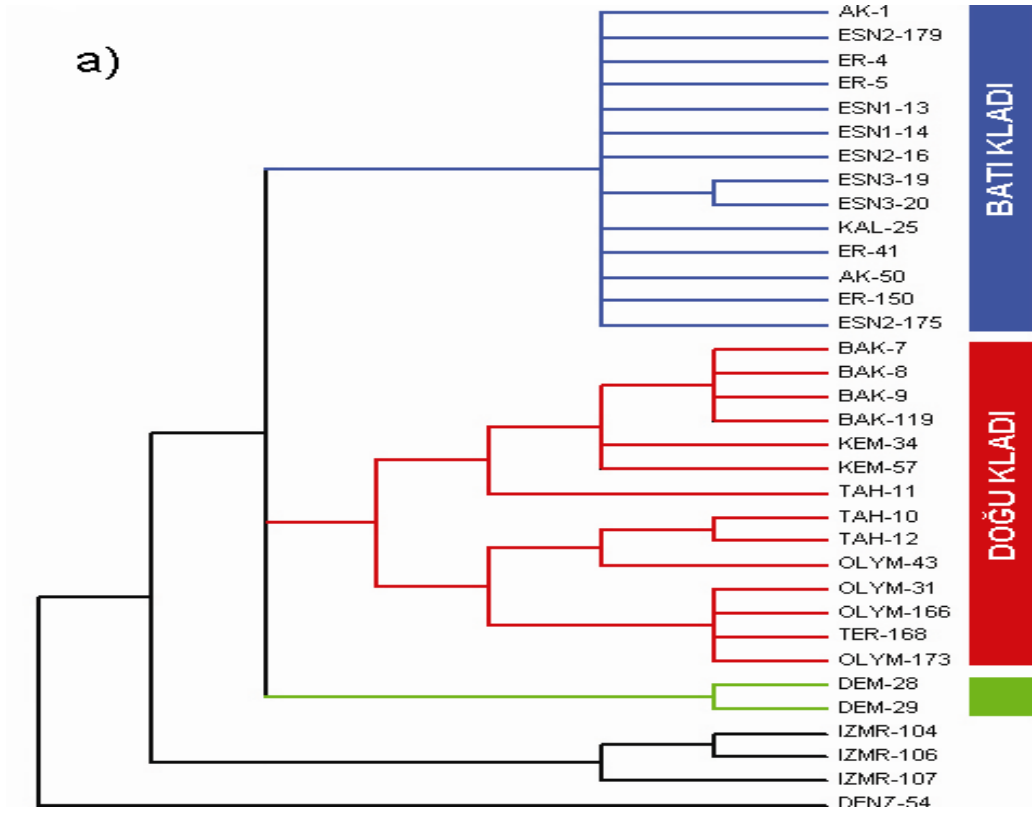


Şekil 3.7. *P. birandi*'nin Distance opsiyonuyla oluşturulan NJ 10000 tekrarlı seç-bağla ağacı ve kladların yayılış alanındaki konumlanışları

filogenetik ilişkiyi çözememektedir. NJ bazlı seç-bağla testi Doğu kladı için 78 ile yüksek sayılabilecek bir destek önermekte ve ana hatlarıyla ML ağacının topolojisine sahiptir. Farklı olarak Doğu kladı kendi içinde üçlü bir politomi vermektedir. Tahtalıdağ'a özgü TAH-11 haplotipi ayrı bir dal, OLYM-31, OLYM-166, TER-168, OLYM-173, TAH-10, TAH-12, OLYM-43 ikinci bir klad ve BAK-7, BAK-8, BAK-9, BAK-119, KEM-34, KEM-57 haplotipleri de üçüncü bir klad oluşmaktadır.

MP analizi çalışılan gen için eşit parsimonik uzaklıkta (70 adım) 260 farklı ağaç hesaplamıştır (CI=0,8143, HI=0,1857, RI=0,9347). Bu ağaçların tümünde desteklenen dalları gösteren katı uyum ağacı (strict consensus) ve 1000 tekrarlı full-heuristic ağaç taramalı seç-bağla (bootstrap) dal destek değerleriyle birlikte Şekil 3.8. a ve b'de verilmiştir. MP katı uyum ağacı ile MP bazlı 1000 tekrarlı seç bağla testleri uç daldaki bir farklılık (TAH-11, KEM-34 ve KEM-57 kendi aralarındaki ilişki) hariç aynı topolojiye sahiptirler. MP analizi sonucu elde edilen ağaç topolojisine bakıldığında, bazal dallanma yönüyle NJ-bazlı seç-bağla testi ağacı ile aynı sonuca, üç ayrı soy hattına, işaret ettiği görülmektedir. Aynı durum Batı kladı içerisindeki haplotiplerin filogenetik ilişkisi içinde geçerlidir ve bir polifili önerilmektedir. Ancak, parsimoni ağaçları Doğu kladı için farklı bir filogenetik ilişki önermektedir. MP katı-uyum ağacı ve MP bazlı seç-bağla ağacı ML ağacı gibi OLYM-31, OLYM-166, TER-168, OLYM-173, TAH-10, TAH-11, TAH-12, OLYM-43 haplotiplerini filogenetik bir grup olarak önerirken BAK-7, BAK-8, BAK-9, BAK-119, KEM-34, KEM-57 ikinci gurup olarak önerir. MP bazlı seç-bağla testi ağacı bazal trikotomi içerisinde en yüksek seç-bağla (bootstrap) destek değerini iki farklı haplotip içeren Demre'ye özgü haplotipler (DEM-28, DEM-29) için, ikinci sırada diğer bir monofiletik grup olan Doğu kladı haplotipleri için ve en düşük olarak Batı kladına özgü haplotipler için önermiştir.

Mitokondriyal 16S rDNA verilerine uygulanan filogenetik analizlerden elde edilen ağaçların topolojilerine bakıldığında dış grup olarak kullanılan *P. tuncayi* ve *P. luschani* türlerinin belirgin olarak *P. birandi*'den ayrıldığı ve *P. luschani*'nin *P. birandi*'ye en yakın dış grup olduğu tüm ağaçlar tarafından desteklenmiştir. *P. birandi* türünün popülasyonları arasında var olduğu düşünülen filogenetik ilişkiyi saptamak amacıyla oluşturulan ağaçlar, kendi aralarında kısmen uyuşan kısmen de uyuşmayan farklı



Şekil 3.8. a) MP opsiyonuyla oluşturulan katı-uyum ağacı b) MP opsiyonuyla oluşturulan Full-heuristik 1000 tekrarlı seç-bağla ağacı

farklı dallanmalar göstermiştir. Filogenetik analizler sonucu elde edilen ağaçların tümü *P. birandi* populasyonlarının monofilisini güçlü bir şekilde desteklemektedir. *P. birandi* türü içerisinde Doğu-Batı soy hatları ayrımının tüm ağaçlar tarafından iyi bir şekilde desteklendiği görülmektedir. Bu açıdan ML analizi ile elde edilen ağaç, NJ ve MP ağaçlarından farklı olarak *P. birandi* için sadece Doğu-Batı soyhattı farklılaşmasını desteklemektedir. Demre kladı her ne kadar ML ağacında batı kladı içerisinde çıksa da MP analizi ile elde edilen katı uyum ağacı, 1000 tekrarlı seçbağla (bootstrap) ve NJ 10000 tekrarlı seçbağla analizleri türü Demre, Doğu ve Batı olmak üzere üç farklı soy hattına ayırmıştır. Özellikle Demre haplotipleri bu ağaçlarda üçüncü bir soyhattı olarak güçlü bir şekilde destek almaktadır.

4. TARTIŞMA

Arazi yapılan alanlar göz önüne alındığında türün, kuzeyde Akdağ Eretepe, güneyde Akdeniz, batıda Muğla, doğuda ise Akdenizin batısı ile sınırlı bir alanda yayıldığı gözlemlendi. Bu bölgenin kuzeyindeki Akdağ silsilesinin düşük ve yüksek rakımlarında ve iç kesimlerdeki yükseltilerde yapılan arazilerde türe ait örneğe rastlanılmamıştır. Ünal (2004) tarafından Burdur, Isparta ve Denizli'den verilen kayıtlar morfolojik olarak oldukça benzer olan *P. luschani* veya *P. tuncayi* olması olasıdır. *P. birandi*'nin yayılış alanı içerisinde gerek orman zonu gerekse yükselti bağımlı ekolojik gereksinimlerinden dolayı parçalı bir yayılış sergilediği görülmüştür. Yine de sahil kesimine yakın populasyonlar nispeten devamlı bir yayılış gösterirken, yüksek rakım ve kuzeye doğru gidildikçe kesintili yayılış belirginleşir ve özellikle kuzeyde parçalı yama populasyonlar halini alır. Güneydeki devamlı yayılış belirgin olarak düşük rakımda yer alan Eşen havzası, Patara ve Kalkan ile bölgenin doğusunda yer alan Olympos, Kemer ve Tahtalıdağ da görülmektedir. Sahil kesiminde Olympos, Kalkan arasındaki bölgede arazi çalışması yapılmış olmasına rağmen, *P. birandi* yalnızca Demre'de dar bir alanda saptanabilmiştir. Özellikle kızılçam ormanlarının devamlılık gösterdiği alanlarda örnek bulunmaması ve yalnızca orman açıklıklarında gözlenmiş olması Olympos-Kalkan arası bölgede örnek saptanmamasının nedeni olabilir.

Yüksek rakımlarda türe ait bireyler belirli yama populasyonlar şeklinde gözlemlendi ve böylesi rakımlara örnek lokaliteler olarak Akdağ, Eretepe, Tahtalıdağ ve Bakırlıdağ sayılabilir. Bu yama lokaliteler dışında geniş alanlarda (Bkz. Şekil 3.1) türe ait örneklerle rastlanmamıştır. Türün habitat tercihi ve yayılış karakteristikleri cinsin açık alan tercih eden diğer türleri ile benzerlik göstermektedir (Çıplak 2004b, Heller 2004). Ancak, *P. birandi*'nin 85-2500 m'ye kadar göstermiş olduğu yükselti gradientindeki yayılışı cins içinde de az rastlanan bir durumdur.

4.1. *P. birandi*'nin Fenotipik Demografisi

P. birandi hem habitat özelliği hem de değişen yükseltileri olan bir topografyada yayılış gösterdiğinden ayrı alanlarda bulunan populasyonların farklı olup olmadığını ve

farklılık varsa alanın deęişken özellikleriyle bir ilişkinin olup olmadığını test etmek için tür, fenotipik ve genotipik özellikleri bakımından çalışıldı. Farklı, karakter kaynakları farklı sonuçlara işaret ettiğinden verilerin bağımsız olarak tartışılması gereęi doğmuştur.

Poecilimon cinsinin türlerini tanımlamada yaygın olarak kullanılan taksonomik karakterler pronotum, kanat, arka femur (uzunluk, genişlik, dikenler) ve genital yapılarıdır (Ramme 1933, Bei-Bienko ve Mistshenko 1951, Harz 1969, Ünal 2003, 2004). Bu yapılara ait 14 metrik ve iki nitel karakter çalışılarak türün farklı lokalite ve yükseltilerindeki populasyonları arasındaki farklılıklar belirlenmeye çalışıldı. Yapılan istatistiksel analizler çalışılan 15 karakterin tümü için populasyonlar arasında istatistiksel açıdan önemli farklılıklar olduğunu göstermekte ve bu durum türün morfolojik olarak oldukça varyasyonel olduğuna işaret etmektedir. Varyasyonun öncelikle farklı yükseltilerde yayılış göstermeyle ilgili olduğu doğrusal regresyon ve korelasyon analizleriyle gösterilmiştir. Varyasyonel populasyonların morfometri bazında gruplar oluşturmadığı ancak her bir karakterin sayısal değerlerinin yükseltiyle ters bir ilişki gösterdiği görülmüştür. Bu sonuçlar, ekolojik faktörlerin gözlenen varyasyondan sorumlu olduğu ve *P. birandi* özelliklerine Bergmann Kuralı'nın tersi şekilde yükseltiye zıt (Blackburn vd 1999, Blackburn ve Gaston 2001, Blanckenhorn ve Demont 2004) bir klinal varyasyon niteliğini ortaya koymuştur.

Yüksek rakımda yer alan populasyonlara ait bireyler, düşük rakım populasyonlarına göre daha küçük yapıdadırlar. Bu durumun gerek canlı gruplarının yükselti ile ortaya çıkan koşullara olan adaptasyonlarına ve fizyolojik özelliklerine gerekse de ortamın vejetasyon yapısından kaynaklanan besin sıkıntısına bağlı olarak ortaya çıkmış olması olasıdır (Chown ve Klok 2003). Yüksek rakımın neden olduğu populasyonlar arası bir diğer farklılık üreme ve ergin dönemlerinde ortaya çıkan farklılaşmadır. Dağ populasyonları olan Akdağ, Eretepe, Tahtalıdağ ve Bakırlıdağ'da ergin bireyler düşük rakım populasyonlarına göre çok daha geç bir zaman diliminde görülmektedir. Yükseltilerde erginlere Haziran sonu- Temmuz ortası boyunca, hatta daha iç kesimlerde Temmuz-Ağustos döneminde rastlanılmaktadır. Düşük rakımlarda erginler çok daha erken bir zaman diliminde, çoğunlukla Nisan-Mayıs veya nadiren Haziran ortalarına kadar, görülürler. Yükseltiye, karasallığa ve bakıya bağlı olarak populasyonlarda ergin

görülme zamanlarındaki bu kayma, (erginlerin görülme süresi yaklaşık bir ay kadar olacağından) türün yüksek ve düşük rakım populasyonları arasında en azından kısmi bir mevsimsel üreme izolasyonuna işaret etmektedir. Yüksek ve düşük rakımlar arasında ortaya çıkan bu zamansal kayma, aynı yükseltinin etekleri boyunca ortaya çıkan bir gradiente görülen yayılışın neden olduğu bir üreme izolasyonu olarak başka türlerde de rapor edilmiştir (Hendry ve Day 2005).

Sersi diş sayısı ve yapısı *Poecilimon* türlerinde yaygın olarak kullanılan güvenilir diagnostik karakterlerden biri olarak verilmiştir (Bei-Bienko 1951, Harz 1969, Karabağ 1950, Sevgili 2001, Ünal 2003, 2004, Heller ve Sevgili 2005). Çalışmamızda, morfometrik analizlere dahil edilmeden incelenen sersi diş sayısı tür içinde büyük bir varyasyon göstermiştir. Doğu populasyonlarının tümünde (Termessos, Bakırlıdağ, Tahtalıdağ, Kemer, Olympos) tek dişli sersiler gözlenmişken Batı poplasyonlarında (Akdağ, Erentepe, Eşen vadisi populasyonları, Patara, ve Kalkan) sersi diş sayısı 1-5 olarak gözlenmiştir. Hatta bazen aynı populasyonun bireyleri arasında veya bir bireyin sağ ve sol sersileri arasındabile farklılık söz konusudur. Özellikle Batıdaki düşük rakım populasyonlarda (Eşen II, III, Kalkan, Patara, Demre) sersiler 2 veya daha fazla dişli, yüksek rakım populasyonlarında ise tek (az sayıda 2) dişli sersiler gözlenmiştir.

Populasyonlar arası varyasyonun olup olmadığını test etmede kullanılan diğer bir karakter erkek çağrı sesidir. Erkek çağrı sesinden belirlenen hece süresi, hecedeki atım sayısı, 100 ms'deki atım sayısı, atım süresi ve heceler arası süre karakterlerinin değerleri kullanılarak yapılan istatistiksel analizler populasyonlar arasında herhangi bir farklılığa işaret etmemiştir. Her ne kadar ses parametreleri tek yönlü ANOVA GLM modeliyle yapılan analiz sonucunda, F testi en az bir populasyonun diğerlerinden farklı olduğuna işaret ediyor olsa da (Bkz. Çizelge 3.10) varyasn analiz sonuçları doğrultusunda % 99 güven aralığında verilere uygulanan Duncan Çoklu Karşılaştırma Testi, farklı populasyonları birlikte gruplandırarak bir benzerliğe işaret etmemektedir. Sayısal parametreleri dışında sesin yapısal varyasyonu ve örüntü özelliklerinin tüm populasyonlarda aynı olması, sesin özellikleri bakımından da populasyonlar arasında anlamlı bir farklılığın olmadığını göstermektedir. Bu sonuç taksonomik açıdan önemlidir. Ses eşeyler arası haberleşme sinyali olduğundan bir türün sınırlarını belirlemede

başvurulacak en kullanışlı karakter kaynaklarından biri olarak kabul edilmektedir ve Orthoptera'da aynı sesi üreten bireylerin aynı üreme birliğini oluşturduğu görülür (Heller ve Helversen 1993, Ragge ve Reynolds 1998, Hartbauer vd 2006; Jang ve Gerhard 2005). Nitel ve nicel morfolojik karakterlerle populasyonlar arasın da belirgin varyasyonlar gözleniyor olmasına karşın bu populasyonlarda çalışılan sesler tür içi herhangi bir farklılığa işaret etmemiştir.

4.2. *P. birandi*'nin Genetik Demografisi ve Filocoğrafyası

Mitokondriyal DNA bugün birçok canlı grubunun evrimsel ilişkisinin ve alanlara yayılış senaryolarının aydınlatılmasında güçlü bir araç olarak kullanılmaktadır (Sunnucks 2000). *P. birandi*'de gözlenen fenotipik varyasyonların işaret ettiği demografinin genetik bir temelini olup olmadığını belirlemek amacıyla türün yayılış alanı içerisindeki farklı coğrafik populasyonlardan alınan örnekler kullanılarak mitokondriyal 16S rDNA geni çalışıldı. Belirteç gen verileri *P. birandi* populasyonları için çarpıcı sonuçlar ortaya koymuştur. *P. birandi* hatırı sayılır bir genetik çeşitlilik barındırmaktadır. Çalışılan 87 *P. birandi* bireyinde 30 farklı haplotip (mitokondriyal alel) saptanmıştır. Oldukça dar bir yayılış alanına sahip bir türde bu derece yüksek bir genetik çeşitliliğin varlığı az rastlanır bir durumdur. Baz varyasyon verileri aynı durumu destekler niteliktedir. Çalışılan gen 537–556 baz çifti uzunluğundadır ve bunların 65 pozisyonundaki bazı, en az bir haplotipte bir mutasyon içermektedir ve tür içi baz varyasyonu 10%'dan fazla olur. Orthoptera'da tür içi baz varyasyonu 5% veya 7% olduğu (Chapco vd 2001) düşünüldüğünde bu değerler tür içi baz varyasyonunun en yüksek örneklerinden birini oluşturmaktadır. Ancak, buzul sığınaklarında yayılış gösteren türlerde tür içi yüzde olarak baz varyasyonu oranının yüksek olduğu yeni bazı çalışmalarda da gözlenmiştir (Ritchie vd 2001).

Türün barındırdığı genetik varyasyonun demografik bir dağılım gösterip göstermediği ve demografik yapının fenotipik varyasyonla paralel bir durum arz edip etmediğini saptamak amacıyla saptanan haplotiplerin filogenetik ilişkisi farklı yaklaşımlarla (ML, MP, NJ, seç-bağla) analiz edildi. Farklı analiz metotlarının çoğunun uyduğu örüntü 30 farklı haplotipin üç filogenetik küme oluşturduğudur. İlk küme

Demre populasyonundan saptanan haplotipleri, ikinci küme yayılışın doğu kısmında kalan populasyonlardan (Termessos, Bakırlıdağ, Tahtalıdağ ve Kemer) ve üçüncü küme batı populasyonlarından saptanan (Akdağ, Erentepe, Eşen I, II, III, Patara ve Kalkan) haplotipleri içermektedir. Bu üç filogenetik kümenin her birinin haplotiplerinin özgül olması ve kümeler arası haplotip paylaşımının olmaması en dikkate değer sonuçtur (Bkz. Çizelge 3.13. a ve b). Bu durum her bir kümenin bağımsız bir genetik birim olduğu ve ayrılmalarından bu yana, aralarında gen alış verişi olmadığına işaret etmektedir. Diğer taraftan aynı küme içinde kalan farklı lokalitelere ait populasyonların; örneğin Kemer, Tahtalıdağ, Bakırdağ ile Termessos veya Eşen Vadisi ile Akdağ, ortak haplotiplerin varlığı her bir kümenin gen alışverişi içinde olan bir birlik olduğuna işaret etmektedir.

Genetik verilerin ortaya koyduğu filogenetik ilişki ve demografik yapının fenotipik verilerin işaret ettiği demografik yapı ile uyuşmaması diğer bir çarpıcı sonuçtur. Fenotipik özellikler kuvvetli bir şekilde yükselti bağımlı bir klinal varyasyona işaret ederken genetik veriler biri doğuda, biri ortada ve diğeri batıda olmak üzere üç monofiletik kümeye işaret etmiştir. Ayrıca, hem Doğu hem de Batı kümeleri yüksek ve düşük rakım populasyonlarının haplotiplerini birlikte bulundurmaktadırlar. Fenotipik varyasyonun yükselti ve habitat farklılığına bağlı bir yapı sergilemesi ancak, genetik filogeninin bunu desteklememesi fenotipik varyasyonun oluşumundan varolan genetik çeşitlilik temelinde çevresel etmenlerin sorumlu olduğu bir kanalizasyona/yönlendirilmiş seçilime hatırı sayılır bir destek sağlamaktadır. Türün makro-ekolojik perspektifte klinal bir varyasyon gösterdiğinin daha önce bildirilmesi (Çıplak vd 2008) bu varsayımı doğrulamaktadır. Bu verilerin işaret ettiği sonuç türün oldukça değişken (deniz seviyesinden 2500 m'ye kadar) habitatlarda yaşayabildiği ve dolayısıyla adaptasyon yeteneğinin yüksek olduğudur.

Türün erginlerinin görülme zamanı az önce verilen saptamalarla birlikte değerlendirildiğinde değişken habitatlara adaptasyonun başka bir boyutu ortaya çıkmaktadır. Deniz seviyesi populasyonlarında erginler Nisan-Mayıs döneminde görülürken, yüksek rakım populasyonlarında erginler Haziran-Ağustos döneminde görülmektedir. Çalışma alanında düşük rakımdaki Nisan-Mayıs dönemi ortalama sıcaklıkları yüksek rakımdaki Temmuz-Ağustos sıcaklıklarına yakındır (Çıplak vd 2008).

Bu nedenle türün sıcaklık tercihleri aynı kalarak farklı habitatlara yayıldığı ve aynı sıcaklık tercihlerinin korunmasının bugün yüksek ve düşük rakım populasyonlarında üreme dönemlerinin farklılaşmasına ve kısmi bir üreme izolasyonun sağladığına yorumlanabilir. Aynı kümede yer alan düşük ve yüksek rakım populasyonlarının, paylaşılanlarının yanında özgül haplotipler de içermesi bu açıklamayı kısmen destekleyen bir veridir. Yüksek rakım populasyonlarından alınan örneklerin düşük rakımlardakilere göre belirgin olarak daha küçük olması, yüksek rakım ortamlarına özgü ekolojik koşulların sınırlayıcılığı ile ilişkili olabilir. Bu nedenle ortamın ekolojik koşulları (sıcaklık, nem, mevsim uzunluğu, besin edinilebilirliği anlamında vejetasyon yapısı) arasındaki ilişkinin detaylı olarak çalışılması evrimsel ekoloji, filocoğrafya ve koruma biyolojisi anlamında değerli bulgular verebilir.

Düşük rakım populasyonlarının diğerlerine göre yılın daha erken bir döneminde (Nisan-Mayıs) görülmesi ve sonrasında görülmemesi sıcaklığın türün ekolojik tercihinde önemli bir etmen olduğunu göstermektedir. Görülme zamanlarının sıcaklık ile yakından ilişkili olması türün tarihsel yayılış değişimlerini (filocoğrafyalarının) buzul dönemleri iklimsel değişimleri ile bağlantılı olarak değerlendirmeye olanak vermektedir. Çünkü, diğer birçok nedenin yanında, Kuvaterner'de yaşanan sıcaklık değişimlerinin hem sığınak içi hem de sığınaklar arasında yayılış değişimlerini yönlendiren esas etmen olduğu varsayılmaktadır (Taberlet vd 1998, Hewitt 1999, 2000, Volney ve Fleming 2000, Veith vd 2003, Schmitt vd 2005). Buradan hareketle türün yüksek rakımdan düşük rakıma veya tersi yönde bir yayılış değişimi yaşadığı ve bunun da sığınak içi vertikal yayılış değişimi modeline (Hewitt 1999, 2000, Çıplak 2004a, 2008) uyduğu kabul edilebilir. Eretepe ve Akdağ populasyonlarının Eşen Çayı Vadisinin en yüksek rakımında yer alan Eşen I (672 m), Tahtalıdağ ve Bakırdağ populasyonlarının kendilerine en yakın rakım olan Kemer (1110 m) populasyonu ile ortak haplotipler içermesi (Bkz. Çizelge 3.13. a ve b) ve bu iki grubun filogenetik ağaçlarda monofiletik çıkmaları (Bkz. Şekil 3.6., Şekil 3.7., Şekil 3.8. a ve b) dikey yayılış değişimi modelini desteklemektedir. Bu arada asıl soru köken populasyonun bir yüksek rakım mı yoksa bir düşük rakım populasyonu mu olduğudur. Filogenetik ağaçların önerdiği Batı kladında düşük rakım populasyonlarına özgü haplotipler ağacın bazal kısımda ve yüksek rakım populasyonlarına özgü haplotiplerin ağacının uç veya taç kısmında yer alması köken populasyonun bir düşük rakım

populasyonu olduğuna kuvvetli destek sağlamaktadır. Ancak, *P. birandi*'nin doğu kladında farklı yükseltilere özgü haplotipler, yükseltiye bağlı şekilde kökten uca dizilmediğinden bu örüntüye uymamaktadır. Ancak, sadece düşük rakıma özgü bağımsız bir kladın olması (Demre populasyonu) keza Batı kladı bazında önerilen örüntüye kısmi destek sağlar.

Dolayısıyla, türün atasal stoğunun soğuk bir dönemde (bir buzul döneminde) deniz seviyesine çekilmiş bir populasyon olduğunu, diğer birçok Orthopter'de olduğu gibi (Çıplak 2004b) varsaymak veri seti ile uyumludur. Bu durumda türün yüksek rakımlara yayılmasının ısınmayla birlikte, yüksek rakımlarda uygun habitatların gelişime paralel olarak bir buzullararası döneme denk geldiğini düşünmek olasıdır. Genel sığınak içi yayılış değişim modeline göre bu duruma ek destekler türün habitat tercihinden ve alanın habitat yapısının tarihinden gelmektedir. *P. birandi* kurak maki ve kızılçam ormanlarının süreklilik gösterdiği ortamlarda bulunmadığından (ancak orman-maki açıklıklarında bulunabilmektedir) bu tür vejetasyonların populasyonları sınırlayan birer bariyer olarak iş gördüğü düşünülebilir. Dolayısıyla, türün bugünkü yayılışının şekillenmesinde ormanların genişlemesi de bir faktör olarak devrede olmuş olmalıdır. Akdeniz havzasında orman ve makiliklerin gelişiminin son 18.000 yıldan bu yana kademeli olarak oluştuğu sediman polen analizlerinden edinildiğinden (Atalay 2005, 2008, Anastasakis vd 2007), *P. birandi*'nin alandaki yayılışının orman-maki gelişimine paralel olacak şekilde son buzul döneminden bu yana şekillendiğine destek sağlar.

Türün farklı lokalitelerinden alınan örneklerinden saptanan haplotiplerin filogenetik ilişkisi üç ayrı genetik birime işaret etmektedir. Bu üç genetik birimden Demre sadece sahil populasyonu ile temsil edilmektedir. Diğer iki küme hem sahil hem de dağ populasyonu olan temsilciler içermektedir. Ayrıca, üç küme için ortak olan haplotip bulunmamaktadır, ancak türe ait haplotiplerin monofilisi kuvvetle desteklenmektedir. Bu durum, türün köken populasyonunun üç parça halinde olduğuna işaret etmektedir. Her bir parçanın dikey yayılışının (Demre hariç) bağımsız olarak oluştuğu (bir anlamda tekrarlı bir kontrollü deney gibi), izlenen örüntü için tek olası açıklama olarak karşımıza çıkar. Bu üç atasal populasyonun sahil kesiminde nasıl izole kaldığı ve neden daha sonra kendi aralarında gen alışverişinde bulunmadıkları bir soru olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu

durum için olası bir açıklama topoğrafik yapı ve orman zonunun gelişiminden gelmektedir. Kızılçam ormanlarının önce düşük rakımlarda genişlediği sonra yükseklere yayıldığı bilindiğinden (Atalay 2005, 2008), düşük rakım populasyonlarının erken izolasyonu olasıdır. Her bir populasyondan ancak yükseklerle çekilmek için uygun bir koridor bulanlar (Eşen Vadisi-Akdağ-Erentepe ve Olimpos-Kemer-Tahtalıdağ-Bakırlıdağ-Termessos) yüksek rakıma yayılabilmiş, bulamayanlar (Demre gibi) ise yayılamamış olduğu varsayılabilir. Doğu ve Batı kladlarının kendi içlerinde (özellikle Doğu kladında) gen alışverişinin olduğuna işaret eden verilerin varlığı bu koridorların halen aktif olduğuna işaret etmektedir.

P. birandi için fenotipik ve genetik verilerin işaret ettiği örüntü hem türün kendisi hem de Türkiye'nin güney-batı kısmında yayılış gösteren benzer ekolojik özelliklere sahip türler için koruma biyolojisi bakımından bazı çıkarsamalara olanak vermektedir. *P. birandi* gibi yayılışları küresel iklim değişimlerinde etkilenmesi beklenen türlerin ısınmayla birlikte yayılışlarının erozyona uğraması beklenmektedir (Çıplak vd 2008). Yayılış erozyonunun populasyonun genetik çeşitliliğinde bir kayba neden olması (Dynesius ve Jasson 2000) ve genetik çeşitlilik kaybı sonucu bir darboğazın (bottlenecking) olası hale gelmesi ile yok oluş riskinin artışı söz konusu olmaktadır (Schwartz vd 2006). Edinilen genetik veriler türün hatırı sayılır bir genetik çeşitliliğe sahip olduğuna ve fenotipik veriler ise bazı temel ekolojik tercihlerinin sabit kalması kaydıyla (örneğin sıcaklık tercihi) türün fenotipik varyasyonun yüksek olduğuna işaret etmektedir. Bu durum türün adaptasyon yeteneğinin yüksek olduğu ve yok oluş riskinin düşük olduğu yönünde yorumlanabilir. Ancak, genetik verilerin işaret ettiği diğer durum belli demografik birimler (Doğu, Batı ve Demre kladları) arasında gen alışverişinin olmadığıdır. Populasyonlararası gen alışverişinin bulunmaması bir parçalanmaya ve parçalanmaya bağlı olarak genetik çeşitlilik azalmasını olası kılmaktadır. Bu nedenle bir yokoluş riski ortaya çıkmaktadır. Ancak, filogenetik ağaç tarafından önerilen örüntüden hareketle Batı ve Doğu birimlerinin kendi içinde bir gen alışverişinin olduğunu ve bu yolla doğal bir restorasyonun gerçekleştiği veya gerçekleşebileceğini akla getirmektedir. Bu durum koruma biyolojisi açısından umut vericidir. Bu nitelikte bir yükselti gradyentinde parçalı yayılış gösteren metapopulasyonların alt birimleri arasında gen alışverişini sağlayan koridorların belirlenmesi etkin koruma planlarının çıkış noktası

olacaktır. Çalışılan tür açısından Doğu ve Batı kladları içerisinde devam eden gen alışverişi kendileşme ve genetik erozyon temelli sığınak içi yok oluşların nispi etkisini ortadan kaldırmaktadır. Demografik birimlerden üçüncüsü olan Demre kladı hem düşük rakımda dar bir alanda yayılış göstermesi hemde izole bir yapı sergilemesi kalıntı (relict) populasyonların yüzyüze kaldığı olumsuzluklardan ençok etkilenmesi beklenen populayondur.

5. SONUÇ

Bu çalışma kapsamında saptanan 13 ayrı lokalite ile *P. birandi* türünün yayılışının güneyde Akdeniz ile sınırlandığı, doğuda Termessos, batıda Fethiye-Babadağ'a kadar varan bir yayılış gösterdiği saptanmıştır. Kuzey yayılış sınırı tam olarak çizilememiş olmasına karşın, en kuzeydeki nokta olarak batıda Akdağlar silsilesine ait Eretepe, doğuda ise Bakırlıdağ ve Termessos olarak belirlenmiştir. Yayılış alanı içerisinde türe ait bireylere orman açıklığı makilik alanlarda ve yüksek rakım subalpin çayırıklarda rastlanmıştır. Özellikle kızılçam ormanlarının işgal ettiği alanlarda türe rastlanılmaması yüksek rakım popülasyonlarının düşük rakım popülasyonlarından devamlı kızılçam ormanlarıyla izole edildiği kanısını uyandırmıştır. Bu nedenle hem devamlı çam ormanları ve kurak makiliklerin hem de yükseltinin türün yayılışını sınırlayan bariyerler olduğu sonucuna varılmıştır.

İncelenen morfolojik karakterler türün bu karakterler bakımından oldukça varyasyonel olduğunu göstermiştir. Değişken topoğrafyaya bağlı ekolojik faktörlerin gözlenen bu varyasyondan sorumlu olduğu ve *P. birandi*'nin alandaki yükselti gradiyenti ile ilişkili olarak özellikleri bakımından bir klinal varyasyon niteliğini ortaya koyduğu gözlenmiştir. Yayılış alanındaki topoğrafik çeşitliliğin yaratmış olduğu bir başka durum olan türün bireylerinin ergin görülme zamanlarındaki farklılık türün geçmiş iklimsel değişimlere bağlı olarak gerek vertikal gerekse horizontal göçlerinin bir sonucu olarak ortaya çıkan fenolojik bir adaptasyonu olması olasıdır. Bu fenotipik farklılaşma genetik farklılaşma ile korelasyon göstermediğinden, türün bu özellikler bakımından genetik çeşitlilik temmeli bir fenotipik kanalizasyon gösterdiği ve türün bu bakımdan adaptasyon yeteneğinin yüksek olduğu olası sonuçlardan bitridir.

Sersi diş sayısı *Poecilimon* cinsi türlerinin tanımlanmasında ayrıcasız olarak kullanılan diagnostik bir karakterdir. *P. birandi*'nin sersi diş sayısında gözlenen varyasyon bu karakterin *Poecilimon* cinsi içerisinde tür tanımlamada kullanışlı olmadığı ve şimdiye kadar sersi diş yapısı baz alınarak tanımlanan türlerin taksonomik açıdan tekrar gözden geçirilmesi gerektiği çıkarsamasına yol açmaktadır.

Türün erkek çağrı seslerinin populasyonlar arası herhangi bir farklılığa işaret etmemesi. *P. birandi*'nin üreme potansiyeli olan bireyler topluluğu olduğuna güçlü bir destek vermektedir. Diğer taraftan bu durum ses verileri ışığında bir biyolojik tür olarak kabul edilebilecek olan *P. birandi*'nin gösterdiği morfolojik varyasyonların, çevresel etmenlere bağlı olarak oluşmuş varyasyonlar olduğu hipotezine destek sağlamaktadır.

Mitokondriyal 16S rDNA geni verileri türün bu gen açısından oldukça yüksek bir genetik çeşitlilik barındırdığını göstermektedir. Geçmiş buzul devirleri kaynaklı yayılış değişimlerinin sonucu olarak izolasyonlardan kaynaklı sığınak içi çeşitlenmenin tür içi görülen bu genetik çeşitliliğin nedeni olması olasıdır. Genetik veriler doğrultusunda oluşturulan filogenetik ağaçlar *P. birandi* türün monofilisine güçlü destek verirken Doğu, Batı ve Demre olmak üzere üç ayrı monofiletik soy hattı önermiştir. Aralarında hiçbir haplotip paylaşımının görülmediği bu üç soyhatının oluşturulan ağaçlar tarafından desteklenen farklı yayılış örüntülerine sahip olduğu saptanmıştır. Doğu kladı için yukardan aşağıya bir yayılış modeli desteklenirken Batı soy hattı için tam tersine aşağıdan yukarı bir yayılış modeli düşükte olsa olası görülmektedir. Bu yayılış değişiminde geçmiş buzul dönemlerini etkisiyle türün kızılçam ormanları ve makilik alanların göçüne bağlı vertikal ve horizontal bir yayılış izlemiş olması olasıdır. Türün parçalı yayılışının ve buna bağlı olarak alanda üç farklı soy hattının şekillenmesinde yükselti ve kızılçam ormanlarını yaratmış olduğu bariyerlerin etkisi olası görülmektedir. Elde edilen veriler türün hem sahip olduğu genetik çeşitlilik, hem geniş bir ekolojik valansa sahip olmasından hem de kladlar içi bir (Demre hariç) bir gen akışının olası nedeniyle türün bir yok oluş riski taşımadığına işaret etmektedir. Bu durum izole populasyonlar için olmasada alanda ki parçalı metapopulasyonlar için oldukça olasıdır.

Detaylı çalışmalar daha kapsamlı veriler ortaya koyma potansiyeline sahip olsa da, bu çalışmada edinilen veriler türün taksonomisine, ekolojisine, koruma biyolojisine, filogenisine ve filocoğrafyasına ilişkin bazı genellemelere fırsat vermiştir. Buzul kalıntısı türlerin taşımış oldukları olası yok oluş riskini saptayabilmek ve küresel ısınmanın populasyonların gen havuzları üzerinde yaratacağı olumsuz etkileri kestirebilmek ve daha kesin genellemelerde bulunabilmek için çok sayıda canlı grubunu içeren daha kapsamlı çalışmalara alanda ihtiyaç vardır.

6. KAYNAKLAR

- AKAIKE, H. 1974. New look at statistical-model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control Ac*, 19: 716–723.
- ALJANABI, S. M. and MARTINEZ, I. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research*, 25 (22): 4692–4693.
- ANASTASAKIS, G., PIPER, D. J. W. AND TZIAVOS, C. 2007. Sedimentological response to neotectonics and sea-level change in a delta-fed, complex graben: Gulf of Amvrakikos western Greece. *Marine Geology*, 236: 27–44
- ATALAY, I. 2005. Kuvaterner'deki İklim değişimlerinin Türkiye Doğal Ortamı Üzerindeki Etkileri. *Türkiye Quaterner Sempozyumu (TURQUO-V)*, 121-128.
- ATALAY, I. 2008. Ekosistem Ekolojisi ve Coğrafyası, META Basım Matbaacılık Hizmetleri, İzmir, 187ss.
- AVIS, J. K. 1998. The history and purview of phlogeography: personal reflection. *Molecular Ecology*, 7: 371-379.
- BEI-BIENKO, G.J. and MISTSHENKO, L.L. 1951. The grasshopper of the fauna of the USSR and adjacent countries. Vol II: (İngilizce çeviri), Akademi Nauk., T. 40, Moskova-Leningrad, pp. 667.
- BERLOCHER, S. H. 1998. Can sympatric speciation be proven from biogeographic and phylogenetic evidence? In D. J. Howard and S. H. Berlocher (editors.), *Endless Forms: Species and Speciation*, NY: Oxford University Press, Inc. pp. 99-130, New York.
- BLACKBURN, T. M., GASTON, K. J. 2001. Linking patterns in macroecology. *Journal of Animal Ecology*, 70: 338-352.
- BLACKBURN, T. M., GASTON, K. J., LODER, N. 1999. Geographic gradients in body size: a clarification of Bergmann's rule. *Diversity and Distributions*, 5: 165-174.
- BLANCKERHORN, W. U., DEMONT, M. 2004. Bergmann and Converse Bergmann latitudinal clines in Arthropods: Two ends of a continuum? *Integrative and Comparative Biology*, 44: 413-424.
- BOZKURT, E. 2001. Neotectonics of Turkey – a synthesis. *Geodinamica Acta*, 14: 3-30.
- CAMPBELL, D. R. 2003. Natural selection in *Ipomopsis* hybrid zone: implications for ecological speciation. *New Phytologist*, 16: 83-90.
- CHAPCO, W., LITZENBERGER G. and KUPERUS W. R. 2001. A molecular Biogeographic Analysis of the Relationship between North American Melanoploid Grasshoppers and The Eurasian and South American Relatives. *Academic Press*, 18(3): 460-466.
- CHOWN S. L. AND KLOK C. J. 2003. Altitudinal body size clines: latitudinal effects associated with changing seasonality. *Ecography*, 26: 445–455.
- CRACRAFT, J. and HELM-BYCHOWSKI K. 1991. Parsimony and Phylogenetic Inference Using DNA Sequences: Some Methodological Strategies. In: MIYAMOTO, M. M. and CRACRAFT, J. (Editors), *Phylogenetic Analysis of DNA Sequences*, Oxford University Press pp.183-220, New York.
- COX, B. and MOORE, P. D. 2005. *Biogeography: an ecological and evolutionary approach*. Seventh edition. Blackwell Publishing, Oxford, UK.

- ÇIPLAK, B. 1996. Biyocoğrafya Ekolleri Tarihsel Biyocoğrafya ve Alan Akrabalıkları. In: A. Demirsoy (editor). Genel Zoocoğrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası, 1. baskı. Meteksan Yayınları, 198-205, Ankara.
- ÇIPLAK, B., YALIM, B. & DEMIRSOY, A. 1999. Türkiye Orthoptera (=Düzkanatlılar=Çekirge) Faunası. In: A. Demirsoy (editor). Genel Zoocoğrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası, 2. baskı, Meteksan Yayınları, 748-772, Ankara.
- ÇIPLAK, B. 2003. Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: the importance of the Anatolian Taurus Mountains in Biodiversity and implication for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 12: 47-64.
- ÇIPLAK, B. 2004a. Systemetik, phylogeni and biogeography of *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae): evolution within refugium. *Zoologica Scripta*, 33: 19-44.
- ÇIPLAK, B. 2004b. Biogeography of Anatolia: the marker group Orthoptera. *Memorie Society. Entomology. Italy*, 82 (2): 357-372.
- ÇIPLAK, B. 2008. The analogy between glacial cycles and global warming for the glacial relicts in a refugium: a biogeographic perspective for conservation of Anatolian Orthoptera. In: FATTORINI, S. (Editor). *Insect Diversity and Conservation. Research Signpost (Inc.)*.
- ÇIPLAK, B., ŞİRİN, D., TAYLAN, M. S. and KAYA S. 2008. Altitudinal size clines, species richness and population density: case studies in Orthoptera. *Journal of Orthoptera Research*, 17 (1): (In.).
- DARWIN, C. 1859. Türlerin kökeni. Onur yayınları, Ankara, 551 ss.
- DE QUEIROZ, K. 1998. The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation: A conceptual unification and terminological recommendations In D. J. Howard and S. H. Berlocher (editors.), *Endless Forms: Species and Speciation.*, NY: Oxford University Press, in press. pp. 57-75, New York.
- DYNESIUS, M. and JASSON, R. 2000. Evolutionary consequences of changes in species' geographical distributions driven by Milankovitch climate oscillations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97 (6): 9115–9120.
- EMERSON, B. C, PARADIS E, THÉBAUD C. 2001. Revealing the demographic histories of species using DNA sequences. *Trends in Ecology and Evolution* 16:707–716
- EXCOFFIER, L., LAVAL, G. & SCHNEIDER, S. 2005. ARLEQUIN. 3.0 an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1: 47-50
- FEDER, J. L., CHILCOTE, C. A. & BUSH G. L. 1989. Are apple maggot, *Rhagoletis pomonella*, and blueberry maggot, *R. Mendax*, distinct species? Implications for sympatric speciation. *Entomol. Exp. Appl.*, 51:113-123.
- FEDER, J. L. 1998. The apple maggot fly, *Rhagoletis pomonella*: Flies in the face of conventional wisdom about speciation? In D. J. Howard and S. H. Berlocher (editors.), *Endless Forms: Species and Speciation.*, NY: Oxford University Press, pp. 130-144, New York.
- FELSENSTEIN, J. 1985. Confidence limits on phylogenies an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39: 783-791.
- FITZPATRICK, B. M., FORDYCE, J. A. and GAVRILETS, S. 2008. What, if anything, is sympatric speciation? *J. Evolutionary Biology* 21: 1452–1459.

- FRANKHAM, R., BALLOU, J. D. and BRISCOE, D. A. 2006. Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, New York, 607 pp.
- FREEMAN, S. and HERRON J. C., 2002. Türleşme Mekanizmaları. In: Çıplak, B., Başıbüyük, H. H., Karaytuğ, S., Gündüz, I., (Editors), Evrimsel Analiz, Palme yayıncılık, Bölüm 12, pp. 403-433, Ankara.
- FOX, C., ROFF, D. A. and FAIRBAIRN, D. J. 2001. Evolutionary Ecology Concept and Case Studies. Oxford University Press, New York, 424 pp.
- FRITZ, U., AYAZ, A., BUSCHBOM, J., KAMI, H.G., MAZANAIEVA, L. F., ALOUFI, A. A., AUER, M., RIFAI, L., ILIC, T. S., HUNSDORFER, A. K. 2008. Go east: Phylogeographies of *Mauremys caspica* and *M. rivulata* discordance of morphology, mitochondrial and nuclear genomic markers and rare hybridization. *Journal of Evolutionary Biology*, 21, 227-540.
- FUNK, D. J., FILCHAK, K. E. and FEDER, J. L. 2002. Herbivorous insects: model systems for the comparative study of speciation ecology. *Genetica*, 116: 251-267.
- GÖRÜR, N. and TÜYSÜZ, O. 2001. Cretaceous to miocene palaeogeographic evolution of Turkey: implication for hydrocarbon potential. *Journal of Petroleum Geology*, 24 (2), 119-146.
- HALL, T. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/ NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41: 95-98.
- HAMPE, A. and PETIT R. J. 2005. Conserving biodiversity under climate change: the rear edge matters. *Ecology Letter*, 8: 461-467.
- HARE, M. P. 2001. Prospects for nuclear phylogeography. *Trends in Ecology and Evolution* 16:700-706.
- HARTBAUER, M., KRATZER, S., RÖMER, H. 2006. Chirp rate independent of male condition in a synchronising bushcricket, *Journal of Insect Physiology*, 52, 221-230.
- HARZ, K. 1969. The Orthoptera of Europe vol.1 Dr. W. JUNK. The Hague 749 pp.
- HESELBARTH, G., OORCHOT, H. VAN & S. WAGENER, 1995. Die Tagfalter der Türkei. Selbstverlag Sigbert Wagener, Germany. Band, 1, 2, 1364 pp.+ Band 3, 847 pp.
- HELLER, K.G. and HELVERSEN, D.V. 1993. Calling behavior in Bushcrickets of the genus *Poecilimon* with differing communication system (Orthoptera: Tettigoniidae, Phaneropteridae). *Journal of Insect Behavior*, 6(3): 361-377.
- HELLER, K. G., KORSUNOVSKAYA, O., RAGGE, D. R., VEDENINA, V., WILLEMSE, F., ZHANTIEV, R.D., FRANTSEVICH, L. 1998. Check-List of European Orthoptera. *Articulata*, Beiheft 7: 1-149.
- HELLER, K. H. 2004. *Poecilimon martinae* n sp. and *P. inflatus* Bruner von Wattenwyl, 1891 (Orthoptera, Tettigoniioidea, Phaneropteridae), two bush-cricket species endemic to southwest Anatolia: morphology, Bioacustics and systematics. *Articulata*, 19 (1): 1-17.
- HELLER, K. H. and SEVGILI, H. 2005. Systematic and bioacustics of the *Poecilimon santipauli*-group (Orthoptera: Tettigoniioidea: Phaneropteridae). *European Journal of Entomology*, 102: 265-277.
- HENDRY, A. P. and DAY, T. 2005. Population structure attributable to reproductive time: isolation by time and adaptation by time. *Molecular Ecology*, 14: 901-916.
- HEY, J. 2006. On the failure of modern species concepts. *Trends in Ecology and Evolution*, 21 (8): 447-450

- HEWITT, G.M. 1996. Some genetic consequences of ice ages, and their role in divergence and speciation. *Trends in Ecology and Evolution*, 58: 247-276.
- HEWITT, G. M. 1999. Post-Glacial re-colonization of European biota, *Biological Journal of the Linnean Society*, 68:87-112.
- HEWITT, G. M. 2000. The genetic legacy of the quaternary ice age. *Nature*, 405: 907-913.
- HEWITT, G. M. 2001. Speciation, hybrid zone and phylogeography-or seeing genes in space and time. *Molecular Ecology*, 10: 537-549.
- JANG, Y. and GERHARDT, C. H. 2006. Divergence in the calling songs between sympatric and allopatric populations of the southern wood cricket *Gryllus fultoni* (Orthoptera: Gryllidae). *Journal of Evolutionary Biology*, 19: 459-472.
- JOHANNESSEN, K. 2001. Parallel speciation: a key to sympatric divergence. *Trends in Ecology and Evolution*, 16:148-153.
- JOHNSON, P. A. and GULLBERG, U. 1998. Theory and models of sympatric speciation In: D. J. Howard and S. H. Berlocher (editors.), *Endless Forms: Species and Speciation*, NY: Oxford University Press, Inc. pp. 79–89, New York
- JASSON, R. and DYNESIUS, M. 2002. Then Fate of Clades in a World of Recurrent Climatic Change: Milankovitch Oscillations and Evolution. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics, ProQuest Science Journals*, 33: 741-777.
- KARABAĞ, T. 1950. Five new species of Poecilimon Fischer (Orthoptera: Tettigoniidae) from Turkey, *The Royal Entomological Social of London*, 19: 9-10.
- KARABAĞ, T. 1958. A synonymic and distributional catalogue of Turkish Orthoptera (Türkiye'nin Orthoptera faunası). Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Yayınları Umumi: 81, Zooloji 4, pp. 198, Ankara.
- LA GRECA, M. 1999. Biogeography of the Palearctic Pamphagidae. *Memorie Society. Entomology. Italy*, 77: 123-159.
- MALLET, J. 2007. Hybrid Speciation. *Nature*, 446 (7133): 279-283.
- MAYR, E. 1982. The Polytypic Species, In *Nature and in Systematics*. In: MAYR, E. (Editor), *Systematic and The Origin of Species*, Columbia University Press, pp.102-122, New York.
- MAYR, E. 2000. A Critique from the Biological Species Concept Perspective: What Is a Species, and What Is Not? In: Quentin D. Wheeler and Rudolf Meier, Editors (Editors) *Species Concepts and Phylogenetic Theory: A Debate*, Columbia University Press, pp. 91-100, New York.
- MAYR, E. 2001. Wu's gentic view of speciation. *Journal of Evolutionary Biology*, 14: 866-867.
- MALCOLM, J. R., CANRAN, L., NEILSON, R. P., HANSEN L. and HANNAH, L. 2006. Global warming and extinctions of endemic species from biodiversity hotspots. *Conversation Biology*, 20 (2): 538-548.
- MORA, C., METZKER, R., ROLLO, A. and MYERS, R.A. 2007. Experimental simulations about the effects of overexploitation and habitat fragmentation on populations facing environmental warming. *Proceedings of the Royal Society of London*, 274: 1023-1028.
- NEI, M and KUMAR, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- NOOR, M. A. 1999. Reinforcement and other consequences of sympatry. *Heredity*, 83: 503–508.

- ORR, H. A. 2001. The genetics of species differences. *Trends in Ecology and Evolution* 16(7):343-349
- OTTE, D., EADES, D. C. and NASKRECKI, P. 2008. Orthoptera Species File (Version 2.0/3.4) <http://orthoptera.speciesfile.org/Common/basic/Taxa.aspx>
- PANHUIS, T. M., BUTLIN, R.; ZUK, M and TREGENZA, T. 2001. Sexual selection and speciation. *Trends in Ecology and Evolution* 16:364–3711.
- POSADA, D. and KRANDAL, K. A. 1998. MODELTEST: testing the model of DNA substitution. *Bioinformatic* 14:817-818.
- RAGGE, D. R., REYNOLDS, W. J., 1998. The song of the Grasshoppers and Crickets of Western Europe. Harley Boks, Colehester 1-591 pp.
- RAMME, W. 1933. Beitrage zur palearktischen Orthopterenfauna (Tettinon. Et Acrid). 18: 416-434. Mitt. Zool.Mus. Berlin,
- RITCHIE, M. G., KIDD, D. M. and GLEASON, J. M. 2001. Mitochondrial DNA variation and GIS analysis confirm a secondary origin of geographical variation in the bushcricket *Ephippiger ephippiger* (Orthoptera: Tettigonioidea), and resurrect two subspecies. *Molecular Ecology* 10: 603–611.
- RIDLEY, M., 1993. The Idea of Species, Evolution. Blackwell Scientific publication, Chapter 15, pp. 383-407.
- ROKAS, A., ATKINSON, R. J., WEBSTER, L. M. L., CSÓKA, G. and STONE, G. N. 2003. Out of Anatolia: longitudinal gradients in genetic diversity support an eastern origin for a circum-Mediterranean oak gallwasp *Andricus quercustozae*. *Molecular Ecology*, 12: 2153–2174.
- SCHLUTER, D. 1998. Ecology Cause of Speciation. In D. J. Howard and S. H. Berlocher (editors.), *Endless Forms: Species and Speciation.*, NY: Oxford University Press, Inc. pp. 114-129, New York.
- SCHMITT, T., RÖBER, S. and SEITZ, A. 2005. Is the last glaciation the only relevant event for the present genetic population structure of the meadow brown butterfly *Maniola jurtina* (Lepidoptera: Nymphalidae)? *Biological Journal of the Linnean Society*, 85: 419–431.
- SCHWARTZ, M. W., IVERSON, L. R., PRASAD, A. M., MATTHEWS, S. N. and CONNOR, R. J. 2006. Predicting Extinction as a Result of Climatic Change. *Ecology*, 87: 1611-1615.
- SEEHAUSEN, O. 2004. Hybridization and adaptive radiation. *Trends in Ecology and Evolution*, 19:198–207.
- SEVGILI, H. 2001. A new bushcricket species and notes some less known species of the genus *Poecilimon* Fischer, 1853 Turkey (Orthoptera, Phaneropterinae) *Journal of Orthoptera Research*, 10: 15–24.
- SHAW, K. L. 1998, Species and the Diversity of Natural Groups. In D. J. Howard and S. H. Berlocher (editors.), *Endless Forms: Species and Speciation.*, NY: Oxford University Press, Inc. pp. 44-75, New York
- SWOFFORD, D. L. 2002. *PAUP** Pylogenetic Analysis Using Parsimony (* and other methods). v. 4.0 beta. Sunderland, M. A: Sinauer Associates.
- STEININGER, F. F. and RÖGL, F.; 1984: Palaeogeography and palinspastic reconstruction of the Neogene of the Mediterranean and the Paratethys. - In: Dixon, J. E. and A. H. F. Robertson (editors): *The Geological Evolution of the Eastern Mediterranean.*, Blackwell, pp. 659-668, Oxford - London - Edinburgh.
- SUNNUCKS, P. 2000. Efficient genetic markers for population biology. *Tree* 15(5): 199-203

- TABERLET, P., FUMAGALLI, L. and SAUCY A. G. W. 1998. Comparative phylogeography and postglacial colonization routes in Europe. *Molecular Ecology*, 7: 453-464.
- TAJIMA, F. 1989. Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics* 123:585-595.
- TAMURA, K., DUDLEY, J., NEI, M. and KUMAR, S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599.
- TEMPLETON, A. R. 1998. Species and Speciation: Geography, Population structure, Ecology, and Gene Trees. In D. J. Howard and S. H. Berlocher (editors.), *Endless Forms: Species and Speciation.*, NY: Oxford University Press, Inc. pp. 32-56, New York
- TEMPLETON, A. R. 2001. Using phylogeographic analyses of gene trees to test species status and processes. *Molecular Ecology*, 10: 779-791.
- THUILLER, W., LAVOREL, S., ARAUJO M. B., SYKES M. T. and PRENTICE C. 2005. Climatic change threats to plant diversity in Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102 (23): 8245-8250.
- TURELLI, M., BARTON, N. H. and COYNE, J. A. 2001. Theory and speciation. *Trends in Ecology and Evolution* 16: 330-343.
- TIMOTHY, G., NEE B. and NEE S. 2001. Phylogenetic and Speciation, *Trends in Ecology and Evolution*, 16 (7): 391-398
- ÜNAL, M. 2003. *Poecilimon* Fischer (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae) Species of the Batı Karadeniz Region of Turkey, N.W. Anatolia. *Transactions of the American Entomological Society*, 129: 361-387.
- ÜNAL, M. 2004. Distribution of forty-six species of the genera *Isophya* Brunner von Wattenwyl, *Poecilimon* Fischer and *Poecilimonella* Uvarov (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae) in Turkey with Description of two new species. *Priamus*, 11:1-11.
- ÜNAL, M. 2005. Phaneropterinae (Orthoptera: Tettigoniidae) from Turkey and Middle East. *Transactions of the American Entomological Society*, 131:425-448.
- VEITH, M., SCHMIDTLER, F., KOSUCH, J., BARAN, I. and SEITZ, A. 2003. Paleoclimatic changes explain Anatolian mountain frog evolution: a test for alternating vicariance and dispersal events. *Molecular Ecology*, 12: 185-199.
- VOLNEY, W. J. A. and FLEMING, R. A. 2000. Climate change and impacts of boreal forest insects. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 82:283-294.
- WILLEMSE, F. 1984. Catalogue of the Orthoptera of Greece: Fauna Graeciae I. Hellenic Zoological Society, pp. 275, Athens.
- WILLEMSE, F. 1985. A key to the Orthoptera species of Greece: Fauna Graeciae II. Hellenic Zoological Society, pp. 288, Athens.
- WEBB, T. and BARTLETT, P. J. 1992. Global changes during the last 3 million years: climatic controls and biotic responses. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 23: 141-173.
- YALIM, B. and ÇIPLAK, B. 2002. Termessos Milli Parkı (Antalya) Orthoptera (Insecta) Faunası: Fauna elemanlarının zoocoğrafyaları ve vejetasyona göre dağılımları. *Türk Entomoloji Dergisi*, 26(4): 267-276.

ÖZGEÇMİŞ

Sarp KAYA 1982 yılında Kars'ta doğdu. İlk öğrenimine Kars'da başlayıp orta ve lise öğrenimini Antalya'da tamamladı. 2002 yılında girdiği Süleyman Demirel Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesinde başladığı Biyoloji lisans öğrenimine, 2003 yılında Akdeniz Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü'ne yatay geçiş hakkı kazanmasıyla bu üniversitede devam etti. 2006 yılında Akdeniz Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümünden Biyolog olarak mezun oldu. Ekim 2006 yılında Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Bölümü Zooloji Anabilim Dalında Yüksek Lisans öğrenimine başladı bu tarihten beri öğrenimine devam etmektedir.