

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Poecilimon luschani TÜR GRUBU (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE):
TAKSONOMİSİ, FİLOGENİSİ VE FİLOCOĞRAFYASI

Zehra BOZTEPE

YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

2012

***Poecilimon luschani* TÜR GRUBU (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE):
TAKSONOMİSİ, FİLOGENİSİ VE FİLOCOĞRAFYASI**

Zehra BOZTEPE

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

2012

***Poecilimon luschani* TÜR GRUBU (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE):
TAKSONOMİSİ, FİLOGENİSİ VE FİLOCOĞRAFYASI**

Zehra BOZTEPE

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI**

Bu tez 2010.02.0121.028 nolu proje olarak Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir.

2012

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

***Poecilimon luschani* TÜR GRUBU (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE):**
TAKSONOMİSİ, FİLOGENİSİ VE FİLOCOĞRAFYASI

Zehra BOZTEPE

YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

Bu tez 15/06/2012 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından () not takdir edilerek
Oybirliği/Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Battal ÇIPLAK (Danışman)

Prof. Dr. İrfan TUNÇ

Doç. Dr. Nuray KAYA.....

ÖZET

***Poecilimon luschani* TÜR GRUBU(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE): TAKSONOMİSİ, FİLOGENİSİ VE FİLOCOĞRAFYASI**

Zehra BOZTEPE

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Haziran 2012, 75 sayfa

Poecilimon luschani grubunun türleri Anadolu'nun güney-batı ucundan Rodop dağlarına kadar yayılış gösterir. Grup içerisindeki geçerli tür sayısı net olmasa da literatürde dört tür ve bir alttür verilmiştir. Bu çalışmada, COI dizileri kullanılarak, gruba ait türlerin evrimsel akrabalıkları ve filocoğrafyaları çalışıldı. Bu amaçla edinilen 242 COI dizisinden, 85 farklı haplotip (dördü dışgruplara ve diğerleri içgruba ait) saptandı. Filogenetik analizler *P. ledereri* + (*P. tuncayi* + (*P. egrigozi* + *P. cf. luschani*-Balıkesir) + *P. orbelicus* + (*P. birandi* + *P. luschani*)) akrabalığını önerdi. Moleküler saat analizleri *P. ledereri* türünün 4,14 milyon yıl önce ayrıldığını ve bu tür hariç diğerlerinin 2,8 milyon yıl önce son bir ortak atayı paylaştıklarını vermiştir. Aynı analizler *P. birandi* ve *P.luschani* türlerinin ayrılma zamanlarının 0,99 milyondan sonra olduğunu önermiştir. Bu veriler bazında türleşme ve filocoğrafya için şu sonuçlara ulaşılmıştır: (i) *P. luschani* grubu Anadolu'daki bir atasal stoktan çeşitlenmiştir. (ii) Grubun çeşitlenmesinin bir kısmı Pleistosen dönemi ile korelasyon gösterir. (iii) Grubun türleşmesinde Anadolu'nun heterojen topoğrafyası önemli bir rol oynamıştır. (iv) *P. luschani* grubu bazında, Anadolu-Balkanlar faunal alış-verişi Çanakkale Boğazı oluşumundan öncedir ve sonrasında kesilmiştir. (v) *P. birandi* + *P.*

luschani popülasyonlarının farklılaşması, Demre kaynaklı bir atasal stoktan halkasal bir türleşmeye işaret etmektedir. (vi) Batı Toroslar takson çeşitliliği için olduğu gibi genetik çeşitlilikte de sıcak nokta niteliğindedir.

Veri setinin filogeni ve taksonomi açısından da ortaya koydukları vardır. Fenotipik karakter olan morfoloji ve ses, DNA verilerinden elde edilen filogenetik ağaca göre yorumlandığında şu çıkarımlar olası olmuştur: (i) *P. luschani* tür grubu monofiletiktir. (ii) fenotipik karakterler olan morfoloji ve ses taksonomik olarak sınırlı kullanılabilirliğe sahiptir. Sesin bilgi verici olmaması olasılıkla allopatrik türleşme durumlarında farklılaşması nedeniyledir. (iii) Geleneksel olarak cinsin taksonomisinde kullanılan morfolojik karakterler, grup içinde bile homoplasik durumlar arz etmektedir. (iv) Üç veri kaynağı, grup içinde mevcut tür sayısının yaklaşık iki katı farklı filogenetik birime işaret etmektedir. (v) *P. birandi*'nin yayılışı Antalya'nın bir kısmı ile sınırlıdır ve Antalya dışı kayıtlar olasılıkla yanlış teşhistir.

ANAHTAR KELİMELELER: *Poecilimon luschani*, COI, taksonomi, filogeni, filocoğrafya, türleşme

JÜRİ: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK (Danışman)

Prof. Dr. İrfan TUNÇ

Doç. Dr. Nuray KAYA

ABSTRACT

SPECIES GROUP OF *Poecilimon luschani* (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE): TAXONOMY, PHYLOGENY AND PHYLOGEOGRAPHY

Zehra BOZTEPE

**M.Sc. Thesis in Biology
Adviser: Prof.Dr. Battal CIPLAK
June 2012, 75 pages**

Poecilimon luschani species group distributed from South-east end of Anatolia to Rhodopian Mountains. Currently, there are four species and one subspecies in the group considered to be valid. In this study, phylogeny, speciation and phylogeography of the group were investigated using sequences of COI. For this aim, we determined 85 different haplotypes (four belonging to outgroups and others to ingroup species) from 242 COI sequences. Phylogenetic analyses applied to these haplotypes suggested relationship among *P. ledereri* + (*P. tuncayi* + (*P. egrigozi* + *P. cf. luschani*-Balıkesir) + *P. orbelicus* + (*P. birandi* + *P. luschani*)). Molecular clock estimations suggested that *P. ledereri* shared a last common ancestor with others around 4,14 million years ago and the remaining species shared a last common ancestor with others around 2,8 million years ago. The analysis also estimated the last common ancestor for *P. birandi* and *P.luschani*. The following conclusions were made for diversification and phylogeography of the species group: (i) The *P. luschani* group radiated from an Anatolian ancestral stock. (ii) Radiation of the group correlates with Pleistocene. (iii) The heterogeneous topography of Anatolia possibly has played an important role on

diversification of the group. (iv) The faunal exchange between Anatolia and Balkans, in respect to the *P. luschani* group, is prior to occurrence of Dardanel. (v) Western Anatolian Taurus are hotspot of biodiversity either in species or genetic diversities.

There are phylogenetic and taxonomical aspects of data set. The following conclusions were arrived by combining phenotypical bioacoustic and morphological characters with phylogenetic tree obtained from genetic data. (i) *P. luschani* species group is monophyletic. (ii) Phenotypic characters defined from song and morphology has limited information for taxonomy of the group. Uninformativeness of the song is possibly due to allopatric speciation pattern of the group. (iii) The morphological structures traditionally using in taxonomy of the *Poecilimon* show homoplasies in such a small group. (iv) The three data sources suggest a taxonomical rectification for the group. (v) The range of *P. birandi* is restricted with some parts of Antalya and other records possibly indicate to misidentifications.

KEY WORDS: *Poecilimon luschani*, COI, taxonomy, phylogeny, phylogeography, speciation,

JURY: Prof.Dr. Battal ÇIPLAK (Adviser)

Prof. Dr. İrfan TUNÇ

Assoc. Prof. Nuray KAYA

ÖNSÖZ

Yirminci yüz yılın son çeyreğinde moleküler tekniklerde devrim niteliğindeki gelişmelerin meydana gelmesi, türleşme öykülerinin tanımlanmasında etkin olarak kullanılabilen kalıtsal veri edinmeyi olası kılmıştır. Öyle ki, bu gelişmeler biyolojik bilimler için yeni bir alanın doğmasına yol açmış ve bu çalışmaların öncüleri, filogeni ve biyocoğrafya terimlerinin kombinasyonunu ifade edecek şekilde, alanı “filocoğrafya” terimi ile adlandırmıştır. Filocoğrafya alanında, 1900’lü yılların sonu ve 2000’li yılların başında, hızlı ve hacimli bilgi üretilmeye başlanmış ve yeni yaklaşımla üretilen bilgiler evrim, ekoloji, biyoçeşitlilik, koruma biyolojisi ve ilişkili diğer alanları da dönüştürmeye başlamış ve de dönüştürmeye devam etmektedir. Filocoğrafik çalışmalar, taksonomik problemleri çözülmüş soy hatları ile yapıldığında daha işlevsel sonuçlar verir. Bu nedenle bu çalışmada ilk olarak *Poecilimon luschani* tür grubunun taksonomik belirsizliklerinin netleştirilmesi için genetik ve morfolojik veriler ile ses karakterlerinin kullanılması amaçlandı. Sonrasında ise Anadolu-Balkanlar boyunca yayılış gösteren bu tür grubunun filocoğrafya kapsamında yayılış değişimleri ve türleşmelerinin ısınma ve soğuma dönemlerince etkilenip etkilenmediğini, vertikal değişimlerinin olup olmadığı, izole yükselti popülasyonlarının bulunup bulunmadığı gibi hususları saptamak amaçlandı.

Bu çalışmaya başladığım ilk günden itibaren, her türlü desteği ve yardımıyla yanımda olan ve bana çok emek veren, çalışma hayatındaki titizliği, özeni ve çalışkanlığıyla kendime örnek aldığım, çalışmanın asıl sahibi olan değerli hocam Prof. Dr. Battal ÇIPLAK’ a (Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü), tüm çalışma aşamalarında yan yana olduğum ve bana sonsuz katkıları olan, bıkmadan her başım sıkıştığında yardımına koşan çok değerli çalışma arkadaşım Doktora Öğrencisi Sarp KAYA’ ya (Akdeniz Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı) sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Çalışmalarım sırasında ihtiyaç duyduğum laboratuvar malzemeleri ve cihazlar konusunda her zaman bana yardımcı olan değerli hocalarım Doç. Dr. Nuray KAYA (Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü) ve Yard. Doç. Dr. Mehmet Akif Kılıç’a (Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü) katkılarından dolayı teşekkürü bir borç bilirim. Çalışmada yer alan

Bulgaristan populasyonunun örneklerini temin edip yollayan değerli meslektaşımız Dr. Dragan Chobanov (Institute of Zoology, Bulgarian Academy of Sciences)'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Gerek laboratuvar çalışmalarının gerçekleştirilmesinde gerekse de ses kayıtlarının yapılmasında sağladığı olanaklardan dolayı Akdeniz Üniversitesi Biyoloji Bölümüne, çalışmanın yapılması için gerekli maddi desteği sağlayan Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetim Birimi'ne (Proje No: 2010.02.0121.028) katkılarından dolayı teşekkür ederim. Son olarak bana inanıp her koşulda destekleyen ve yanımda olan sevgili aileme en içten teşekkürlerimi ve minnettarlığımı sunarım.

İÇİNDEKİLER

ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖNSÖZ	v
İÇİNDEKİLER	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ	xiii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xiv
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Biyo- ve Filocoğrafya	1
1.2. Anadolu Biyoçeşitliliğinin Niteliği	3
1.3. <i>Poecilimon</i> ve <i>P. luschani</i> Grubu	6
1.4. Çalışmanın Amacı	9
2. MATERYAL ve METOT	10
2.1. Arazi Çalışmaları	10
2.2. Morfolojik İncelemeler	11
2.3. Ses Kayıt ve Analizleri	12
2.4. Moleküler Çalışmalar	13
2.4.1. DNA izolasyonu.....	13
2.4.2. Belirteç genin PZR ile çoğaltılması.....	15
2.5. Filogenetik ve Populasyon Genetiği Analizleri	15
3. BULGULAR	19
1. Saptanan populasyonlar ve tür grubunun yayılışı.....	19
3.2. Morfoloji.....	21
3.3. Erkek Çağrı Sesi	31
3.4. Moleküler Bulgular	39
3.4.1 Genetik parametreler ve coğrafik-genetik yapılanma.....	39

3.4.2. Filogeni ve farklılaşma zamanları	47
4. TARTIŞMA.....	54
4.1. Taksonomi	54
4.2. Filogeni ve Homoloji	59
4.3. Coğrafik Genetik Yapılanma, Türleşme ve Filocoğrafya.....	60
5. SONUÇ.....	65
6. KAYNAKLAR.....	67
ÖZGEÇMİŞ	

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

Γ	Gamma
π	pi
θ	Teta
τ	Tau
$^{\circ}\text{C}$	Santigrat derece
D	Tajima test istatistik deęeri
db	Desibel
Hz	Hertz
n	dizi sayısı
m	Metre
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
Adj-r ²	Adjusted r square
AIC	Akaike Information Criterion
ANOVA	Analysis of Variance
AMOVA	Analysis of Molecular Variance
AKD	Akdağ
AUZM	Akdeniz Üniversitesi Zooloji Müzesi
AYD	Aydın
BAL	Balıkesir
BAK	Bakırlıdağ
bç	Baz çifti
BEAST	Bayesian Evolutionary Analysis Sampling Trees
BEAUi	Bayesian Evolutionary Analysis Utility
BI	Bayesian Inference
BIC	Bayesian or also Schwarz information criterion
BUL	Bulgaristan
C	Sitozin
CER	<i>P.cervus</i>
Cp	Mallow's Cp
dH ₂ O	Distile su
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
df _E	Hatanın serbestlik derecesi
df _P	Populasyonun serbestlik derecesi
df _M	Modelin serbestlik derecesi
dNTP	Deoksiribonükleotit Trifosfat
DED	Demre (Davazlar)
DEL	Demre (Lagün)

DEM	Demre (Demre-Kaş yolu)
DET	Denizli
EDTA	Etilen Diamin Tetra Asetikasit
ER	Erentepe
ES1	Eşen-1
ES2	Eşen-2
ES3	Eşen-3
EtBr	Etidyum Bromid
F	F testi
F _{ST}	Fiksasyon indeksi
G	Guanin
GPS	Global Positioning Sistem
GTR	General Time Reversible
hLRT	Hierarchical Likelihood Ratio Test
HPD	High Posterior Density
Hri	Harpending'in 'raggedness' indeksi
I	Proportion of Invariable Sites
IZO	İzmir
KAL	Kalkan
KEM	Kemer
KOR	Korkuteli
KTH	Kütahya (dışgrup)
KUT	Kütahya (içgrup)
maks	Maksimum
MEGA	Molecular Evolutionary Genetics Analysis
min	Minimum
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
ML	Maximum Likelihood
NaCl	Sodyum Klorür
MP	Maksimum Parsimoni
OLI	Olimpos
ort	Ortalama

P	Olasılık Seviyesi
PAT	Patara
PAUP	Pylogenetic Analysis Using Parsimony Program
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
rDNA	Ribozomal DNA
R	Ratio
S	Polimorfik baz sayısı
SDS	Soyum Dodesil Sülfat
SSD	Sum of Squared Deviations
T	Timin
ti	Transisyon
TAH	Tahtalıdağ
TBE	Trise-Borat EDTA
TBR	Tree Bisection-Reconnection
TER	Termessos
TrN	Tamura Nei 1993
Trns	Transversion
Tris-Base	Tris (hidroksimetil) Aminometan-Hidrojen Klorür
tv	Transversiyon
UV	Ultra Viole

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1. 1. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait dişi ve erkek bireyler.....	8
Şekil 2. 1. Çalışılan morfolojik karakterlerin gösterimi: A) Erkek pronotumu B) Kanadın genel yapısı ve ses dişleri C) Sersi ve kısımları D) Erkek subgenital plakası E) Dişi subgenital plakası F) Ovipozitörün genel görünümü	11
Şekil 3. 1. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait populasyonların yayılışı.....	19
Şekil 3. 2. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait populasyonların erkek pronotum yapılarının üstten görünüşü.....	22
Şekil 3. 3. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait populasyonların erkek pronotum yapılarının lateral görünüşü	23
Şekil 3. 4. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait populasyonların genel serkus görünümü.....	26
Şekil 3. 5. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait populasyonların dişi subgenital plaka yapıları	28
Şekil 3. 6. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait populasyonların erkek subgenital plaka yapısı.....	29
Şekil 3. 7. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait populasyonların ovipozitör genel yapıları.....	30
Şekil 3. 8. Tür grubuna ait ses terminolojisinin gösterimi.....	31
Şekil 3. 9. <i>P. luschani</i> tür grubu ve Denizli populasyonuna ait ses osilogramları filogruplar bazında verilmiştir (her ses üç farklı hızda verilmiştir)	32
Şekil 3. 10. Ölçülen çağrı sesi karakterlerine ait plotlar: A- Hece süresi, B- Atım sayısı, C- Atım periyodu, D- 100ms. deki atım periyodu	37
Şekil 3. 11. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait haplotiplerin 100 tekrarlı full-heuristic maksimum parsimoni katı uyum ağacı	50
Şekil 3. 12. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait haplotiplerin maksimum olasılık ağacı.....	51
Şekil 3. 13. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait haplotiplerin Bayesian filogenetik ağacı.....	52
Şekil 3. 14. <i>P. luschani</i> tür grubu haplotiplerinin BEAST kronogramı.....	53
Şekil 4. 1. COI verilerine dayandırılarak elde edilen MP katı uyum ağacı üzerinde <i>P. luschani</i> tür grubuna ait türlerin gösterimi.....	58

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3. 1. <i>P.luschani</i> tür grubuna ait örneklenen populasyonlar.....	20
Çizelge 3. 2. <i>P.luschani</i> tür grubu için ölçülen morfometrik karakterler.....	21
Çizelge 3. 3. <i>P.luschani</i> taksonomisinde kullanılan nitel morfolojik karakterler ve populasyonlarda görülen karakter durumları.....	24
Çizelge 3. 4. Tür grubuna ait ses verileri tablosu.....	36
Çizelge 3. 5. Erkek çağrı sesi verilerinin Regresyon ve Tek Yönlü ANOVA sonuçları.....	36
Çizelge 3. 6. <i>P.luschani</i> tür grubuna ait populasyonların haplotip dağılımı.....	41
Çizelge 3. 7. <i>P.luschani</i> tür grubuna ait 15 populasyon için genetik çeşitlilik indeksleri örnek sayısı.....	44
Çizelge 3. 8. <i>P. luschani</i> tür grubuna ait 15 populasyonun Pairwise F_{ST} değerleri (diyagonal altı) ve P değerleri(diyagonal üstü).....	45
Çizelge 3. 9. Tür grubuna ait populasyonların AMOVA değerleri.....	45
Çizelge 3. 10. Tür grubuna ait populasyonların tarihsel demografik analizleri.....	46

1. GİRİŞ

1.1. Biyo- ve Filocoğrafya

Canlıların dünya üzerindeki dağılışlarını, nasıl ve ne zaman sorularına cevap verecek şekilde, inceleyen bilim dalı biyocoğrafya olarak tanımlanır (Nelson ve Platnick 1981, Banarescu 1991, Çıplak vd 1999, Cox ve Moore 2005). Lineaus, Turnerfort, Wallace, von Humbolt gibi alanın öncülerinin yaklaşımları dispersalist veya geleneksel biyocoğrafya olarak tanımlanır. İlk yaklaşımlar, canlı türlerinin dünya üzerindeki yerleşimini ekolojik bir yaklaşımla açıklamaya çalışırlar ve tür veya tür birliklerinin (kommünitelerin) söz konusu alanda yaşayabildikleri için orada bulduklarını kabul ederler. Bir çalışmaya konu olan bir alanın canlı kompozisyonunun oluşumunda ekolojik nedenlerin yeterli olmadığı ya da dünya üzerinde benzer ekolojik koşullara sahip alanların çok farklı tür kompozisyonlarına sahip olduğu süreç içerisinde anlaşılmaya başlanmıştır (Croziat 1964). Yirminci yüzyılın ortalarından itibaren gelişen bu farkındalık, evrimsel biyolojinin biyocoğrafyaya entegrasyonunu getirmiş ve bu entegrasyon biyocoğrafya alanını dönüştürmeye başlamıştır. Olasılıkla bu sürecin en önemli katkısı, soy hatlarının evrimsel öyküsü ile dünya üzerinde yerleşim öykülerinin bağlantılı olarak düşünülmesi gerektiğidir. Bu nedenle 20. yüz yılın ikinci yarısında, soy hatlarının dünya üzerindeki yayılış öykülerinin evrimsel veya türleşme öyküleri ile birlikte değerlendirildiği yaklaşımları ve de çalışmaları getirmiştir.

Türleşme öykülerinin biyocoğrafik öykülere temel oluşturması, 20. yüz yılın son çeyreğinde bir başka dönüşüm yaşamıştır. Moleküler tekniklerde devrim niteliğindeki gelişmeler, türleşme öykülerinin tanımlanmasında etkin olarak kullanılabilen kalıtsal veri edinmeyi olası kılmıştır. Kalıtsal, özellikle DNA, verilerin edinilebilirliği daha doğru filogenilerin üretilmesini ve bu da daha işlevsel biyocoğrafik bilgi üretimini sağlamıştır. Öyle ki, bu gelişmeler biyolojik bilimler için yeni bir alanın doğmasına yol açmış ve bu çalışmaların öncüleri, filogeni ve biyocoğrafya terimlerinin kombinasyonunu ifade edecek şekilde, alanı “filocoğrafya” terimi ile adlandırmıştır (Avisé vd 1987, Avisé 2000). Filocoğrafya alanında, 1900’lü yılların sonu ve 2000’li yılların başında, hızlı ve hacimli bilgi üretilmeye başlanmış ve yeni yaklaşımla üretilen

bilgiler evrim, ekoloji, biyoçeşitlilik, koruma biyolojisi ve ilişkili diğer alanları da dönüştürmeye başlamış ve de dönüştürmeye devam etmektedir (Frankham vd 2006, Carroll ve Fox 2008).

Biyolojik çeşitliliğin oluşum mekanizması türleşmedir (Freeman ve Herron 2002). Türleşme, populasyon ve populasyonun yaşadığı alandaki değişimlerin birlikte bir sonucudur. Ancak, evrimsel geçmişte yaşanmış olayların tahmin edilmesinde, yaşam ortamına ilişkin araçlardan çok populasyonun kendisine ait araçlar daha kullanışlıdır. Çünkü, populasyonlar, geçmişten günümüze kalmış kalıtsal bilgilerin taşıyıcılarıdır ve ardışık nesiller aracılığı ile aktarılan kalıtsal bilgi aracısı DNA kullanılarak soy hatlarının filogenetik öyküleri saptanabilmektedir (Cunningham vd 1998, Nei ve Kumar 2000). DNA verileri bazında elde edilen filogenetik geçmiş, ortamın yaşadığı değişimleri tanımlamada da kullanılabilir ve bu iki yönlü kullanılabilirlik türleşme örüntülerinin tanımlanmasında geleneksel yaklaşımlarla yapılanlara göre çok daha az tartışılır saptamalara olanak vermektedir. Dolayısıyla çok daha işlevsel bilgi üretimini olası kılmaktadır. Bu durum, filocoğrafya alanının genişlemesinin asıl nedeni olarak düşünülebilir.

Filocoğrafik çalışmalarla boyut kazanan bir başka olgu biyoçeşitliliiktir. Geleneksel olarak biyolojik çeşitlilik daha çok tür çeşitliliği olarak tanımlanır. Ancak, biyoçeşitliliğin tekil bir ölçütle tanımlanmasının yeterli olmadığı ve başka boyutların da olduğu özellikle filocoğrafik çalışmalarla anlaşılmıştır. Geleneksel taksonomik çalışmalarda kullanılan fenotipik özellikler, türlerin farklı alt birimlerini ve her birinin kendine özgü genetik çeşitliliğini saptayamada yetersizken, DNA temelli çalışmalar tür içi veya soy hattı içi çeşitliliği tanımlamaya olanak sağlar. Bu da biyoçeşitliliği “genetik çeşitlilik” olarak tanımlanan ikinci bir boyutta, özellikle mevcut tür kavramlarının uygulanmasının güç olduğu durumlarda, tanımlanmasını olası kılmaktadır. Ancak, bu filocoğrafyanın tek katkısı değildir. Biyocoğrafya canlının içinde yaşadığı alanın yaşamış olduğu değişimleri ve mevcut ekolojik bilgileri entegre etmeyi gerektirdiğinden, filocoğrafik çalışmalar çevreyi kapsayacak şekilde biyoçeşitliliğin habitat çeşitliliği düzeyinde işlevsel olarak tanımlanmasını olası kılmıştır (Avise 2000).

Tür veya soy hattı çeşitliliği, genetik çeşitlilik ve de habitat çeşitliliği boyutlarını kombine eden filocoğrafik çalışmalar, koruma biyolojisi alanında hem metodolojik hem de uygulama bağlamında yeni yaklaşımlar getirmiştir. Bunlar şöyle özetlenebilir: (1) Türü bir koruma birimi olarak tanımlamak koruma işlevleri için yetersizdir. Bu durum çoğu kez genetik çeşitliliğin bir kısmının göz ardı edilmesine yol açabilmektedir. Koruma birimleri, kendi evrimsel eğilimleri olan birimler bağlamında tanımlandığında bu sakınca giderilebilir. Kendi evrimsel eğilimleri olan birimler ancak filocoğrafik çalışmalarla belirlenebilmektedir. (2) Bir tür populasyon farklı evrimsel eğilimleri olan birçok alt birimden (metapopulasyon) oluşabilir. Her bir birimi ayrı bir koruma birimi olarak tanımlamanın yanında, farklı birimler arasında gen akışı/izolasyon durumunun veya diğer populasyon dinamikleri bağlamında ilişkilerinin bilinmesi koruma planlarının yapılmasında hayati önemdedir. Bu verilere bağlı olarak, sınırlanmış gen akışlarının artırılmasını sağlayacak yayılış koridorların oluşturulması ve metapopulasyonun çeşitliliğinin alt birimlere aktarılmasını sağlayarak, hayatta kalma olasılıklarının artırılması olası olabilir. Ancak, bu bağlamda hareket noktası olacak tanımlama filocoğrafik çalışmalarla olasıdır. (3) Koruma birimi olarak dikkate alınacak populasyonların, ister bir türe karşılık gelsin veya gelmesin, kendi genetik çeşitlilikleri varlıklarını sürdürme bağlamında en önemli nedenlerden biridir. Filocoğrafik çalışmalar, populasyonların genetik çeşitlilik verilerini kullandığından, bu yönüyle işlevsel veriler sunar. (4) Bir populasyonun devamlılığı ile ilgili tahminler populasyonun geçmişteki öyküsü bilindiğinde daha sağlıklı olarak yapılabilir (Frankham vd 2006, Avise 2007, Carrol ve Fox 2008).. Filocoğrafya soy hatlarının geçmiş öykülerini en etkin şekilde ortaya koyan araştırma yaklaşımıdır. Bunlar birlikte ele alındığında filocoğrafik çalışmaların koruma biyoloji alanına önemli katkılar sağladığı açıktır.

1.2. Anadolu Biyoçeşitliliğinin Niteliği

Anadolu yarımadası Palearktik biyocoğrafik bölge içersinde yer alır. Ancak konumu itibarıyla Palearktik bölgenin tüm alt bölgelerinin (Akdeniz, Avrupa-Sibirya, Eremiyal ve hatta Mançurya) temsilcilerinin bir karışımı barındırır (Demirsoy 1999). Daha önemlisi Anadolu'nun hemen tüm canlı grupları bağlamında oldukça yüksek bir

oranda endemik form barındırmasıdır (Şekercioğlu vd 2011). Endemik takson oranı özellikle omurgasızlar arasında bazen %80'lere varmaktadır (Çıplak 2003). Bu nedenle Anadolu bir biyoçeşitlilik sıcak noktası olarak tanımlanır (Medail ve Quezel 1997, Medail ve Didema 2009, Şekercioğlu vd 2011).

Anadolu'nun bir sıcak nokta olmasını sağlayan bir dizi neden vardır. Bu nedenler Anadolu'nun hem aktif tektonik/coğrafik geçmişi hem de günümüzdeki coğrafik konumu ve yapısı ile ilişkilidir. Anadolu, Tetis Denizi içindeki bir takımada dizisinden gelişmiş ve bugünkü şeklini almış bir kara parçasıdır (Steininger ve Rögl 1984). Bu dönem içerisinde sürekli olarak değişen coğrafik yapı ve konum Anadolu'da türleşme olaylarını tetiklemiş ve endemik birçok soy hattının oluşumunu sağlamıştır (Çıplak 2004a). Anadolu'nun fiziki coğrafyasındaki değişimlerin yanında geçmiş dönemlerdeki iklimsel değişimlerin de faunal yapının şekillenmesinde önemli bir neden olarak iş gördüğü düşünülür (De Lattin 1967, Çıplak 2008). İklimsel değişimlerin etkileri iki açıdan önemlidir. İlki bir alanın biyoçeşitlilik kompozisyonunun oluşumunda en yakın zamanda yaşanmış olayların en fazla etkili olması beklenir. Isınma soğuma dönemleri Pliyosen ve Pleistosen boyunca yaşanmıştır. Bu nedenle güncel biyoçeşitliliğin bu dönemlerde var olan atasal formların ürünü olması beklenir. Belirtilen dönem içerisinde en az 16 soğuma-ısınma periyodunun yaşandığı bilinmektedir (Hesselbarth vd 1995, Hewitt 1996, 2000, Cox ve Moore 2005). Bunlardan özellikle Pleistosen boyunca yaşanan son buzul devirlerinin, Anadolu faunasının şekillenmesinde daha da etkili olduğu tahmin edilir (Çıplak 2008). Bu olasılıklar henüz yeterli analitik düzeyde çalışılmamış veya çalışılmayı beklemektedir.

Soğuma ısınma döngülerinin sığınaklarda yer alan populasyonlar üzerindeki etkileri üç şekilde genellenebilir: yayılış değişimleri, fenolojik değişimler veya yokoluş (Çıplak 2008). Günümüze kalan populasyonlar çalışıldığında ilk iki değişim, birlikte veya ayrı ayrı, söz konusu olacaktır. Ancak, bu olasılıkların her sığınağın öznel özellikleri bağlamında değerlendirilmesi gerekir. Anadolu'nun topoğrafik yapısı böylesi bir öznel durum teşkil eder. Şöyle ki, iklimsel değişim dönemlerinde öngörülen yayılış değişimleri modeli, mevcut kaynaklar bağlamında, kuzey-güney yönünde yayılış kaymalarını öngörür (Hewitt 1996, 2000, Taberlet vd 1998, Çıplak 2004b, Schmitt

2007). İklimde soğumaya paralel olarak populasyonların yayılışlarının kuzeyden daralmaya ve güneye doğru genişlemeye başladığı ve tekrar ısınma ile birlikte tersi yönde bir yayılış değişiminin yaşandığı tahmin edilir. Horizontal yayılış değişimleri olarak tanımlanan bu durum, farklı birçok soy hattı bağlamında çalışılmış ve modele uyan iyi veriler ortaya konmuştur. Anadolu özelinde düşünüldüğünde horizontal yayılış değişimlerinin tanımlanması iki bakımdan önem taşır. İlki, Anadolu ile kuzeyindeki olası koridorlar, Balkanlar ve Kafkasya, aracılığı ile faunal alış-veriş sıklığının saptanmasıdır. Yakın zamanda bu kapsamda Anadolu populasyonları üzerinde veya Anadolu populasyonlarını da içeren çalışmalarla hatırı sayılır veri sağlanmaya başlanmıştır (Rokas vd 2003, Gündüz vd 2007, Korkmaz vd, basılmamış veri). İkincisi, Anadolu içinde kuzey-güney yönünde yayılış kaymalarıdır. İkinci olguya ilişkin çalışmalar sınırlı da olsa artmaya başlamıştır (Weith vd 2003, Çıplak 2004b, 2008, Çıplak vd 2010; Korkmaz vd 2010, Mutun 2010). Anadolu bağlamında horizontal yayılış değişimleri, muhtemelen yaşanmış olası yayılış değişimlerinin küçük bir kısmını teşkil eder. Isınma ve soğuma periyotlarının aynı zamanda yükseltiye bağlı olarak yayılış değişimlerine neden olması beklenir. Vertikal veya dikey yayılış değişimleri olarak adlandırılan bu tip yayılış kaymalarının yükselti heterojenliği arttıkça daha fazla olması beklenir. Oldukça heterojen bir yükselti yapısına sahip olduğundan Anadolu'da, diğer her hangi benzer bir coğrafyadan farklı olarak, vertikal yayılış değişimlerinin sık ve yaygın olarak yaşanmış olması olasıdır (Çıplak 2008).

Horizontal veya vertikal, yayılış değişimlerinin populasyon dinamikleri üzerinde önemli etkilerinin olması beklenir. Horizontal yayılış değişimleri ile yeni alanlara ulaşmış populasyonların, sonraki periyotta değişen koşullarla birlikte izole olmaları ve farklılaşmaları olasıdır. Bu bağlamda düşünüldüğünde özellikle Anadolu'dan Balkanlara, veya tersi yönde yeni bir alanı kolonize etmiş populasyonların bulunup bulunmadığını saptamak, eğer böylesi populasyonlar/türler varsa ayrılma zamanlarını saptamak ve ayrılma sonrasında yaşanan değişimleri (kurucu etkisi, genetik sürüklenme, atasal populasyon ile gen akış düzeyleri) belirlemek önemli olacaktır. Bu husus, Batı Anadolu ve Balkanlarda yayılış gösteren bir soy hattı seçilerek, bu çalışmadaki amaçlardan biri olarak belirlenmiştir.

Vertikal yayılış değişimlerinin Anadolu'nun yerli populasyonları üzerindeki etkilerinin daha kapsamlı olması beklenir. Sıcaklık tercihinine bağlı olarak, özellikle soğuk seven formların ısınma veya buzullar arası dönemlerde yükseltilere çekilerek çok sayıda izole alt populasyon oluşturmaları ve devamında bu alt populasyonların tekrar karışmaları veya hibrit zonlar oluşturmaları, güneyde daha yaygın olmak kaydı ile beklenir. Bu durum erken iklimsel değişim dönemlerinde yaşanmışsa ayrılmış populasyonların farklılaşarak yeni taksonlar oluşturması, yakın zaman iklimsel değişim dönemlerinde yaşanmışsa farklı genetik birimler oluşturması ile sonuçlanabilir. Buzul devirlerinin Anadolu canlı kompozisyonunun şekillenmesinde yüksek olasılıklı olay dizisi olmasına karşın bu hususa ilişkin veriler henüz tereddütsüz saptamalara izin verecek yeterlilikte değildir. Mevcut çalışmalar yükseltilerde izole olarak farklılaşmış populasyonların varlığına ilişkin bir şeyler ortaya koymuş olsa da (Weith vd 2003, Çıplak 2004a, 2008, Gündüz vd 2007, Çıplak vd 2010, Mutun 2010, Korkmaz 2010), bazı çalışmalarda (Bilgin 2011) savunulanan aksine henüz Anadolu içi hibrit zonlara ilişkin herhangi bir bulgu yoktur. Anadolu içinde farklı takson ve populasyonlarda yayılış gösteren bir tür grubunun filocoğrafyası çalışılarak bu yönde katkı sağlanması amaçlanmıştır.

1.3. *Poecilimon* ve *P. luschani* Grubu

Poecilimon (Fischer 1853) cinsi, Karadeniz ve Doğu Akdeniz havzasında yayılış gösteren çok sayıda akraba tür grubu içermektedir. Cinsin ilk revizyoneri olan Ramme (1933) o zaman bilinen 68 türü 8 gruba ayırmıştır. Ancak Ramme'den (1933) bu yana tür sayısı üçe katlanmış ve cins içerisinde nerede ise 150'ye varan sayıda tür/alttür bildirilmektedir (Bei-Bienko 1954, Harz 1969, Heller vd 1998, Kaya vd 2012, OSF-2012). Bu türlerin yarısından fazlası Türkiye'den bilinmektedir ve büyük çoğunluğu endemik ve lokal yayılış gösterir (Çıplak vd 2002). Cinsin Anadolu, Yunanistan (Ege adalarını içerecek şekilde) ve Balkanların bir kısmını içeren Ege plakasında var olan bir atasal stoktan, özellikle buzul dönemlerinin etkisi ile çeşitlendiği tahmin edilmektedir (La Greca 1999; Çıplak 2004a). Ramme (1933) o tarihte tanımladığı *Poecilimon luschani* ve *P. ledereri*'yi bir grup olarak vermiştir. *P. birandi* Karabağ 1950 ve *P. tuncayi* Karabağ 1953 türlerinin bu gruba ait türlere benzer olduğunu belirtmiştir

(Karabağ 1950, 1953). Daha sonra Aydın'dan tanımlanan *P. tuncayi* türü Ünal (2005) tarafından *P. ledereri*'ye sinonim yapılmıştır (Şekil 1. 1). Yakın zamanda yapılan ve sınırlı sayıda temsili örneğin kullanıldığı moleküler verilere dayalı bir çalışmada (Ullrich vd 2010) *P. orbelicus* Pancic 1883 türünün yukarıda sayılan dört türle birlikte monofiletik bir grup oluşturduğu rapor edilmiştir. Bu beş türden *P. orbelicus* Balkanlarda yayılış gösterirken diğer dört tür Türkiye'nin Ege ve Batı Akdeniz bölgelerinden bilinmektedir.

Tarafımızdan *P. luschani* grubu olarak tanımlanan bu tür grubunun taksonomisine ilişkin problemler mevcuttur. *P. luschani*'nin "Göllbakti (Kleinasien)" (Ramme, 1933) olarak verilen tip lokalitesi, Karabağ (1958) tarafından "Gölbaşı-Ankara (?)" olarak verilmiştir. Ancak, bu kayıt dışında bu grubun hiçbir temsilcisi İç Anadolu'dan saptanmamıştır. Dolayısıyla türün tip lokalitesi ve yayılışı belirsizdir. Diğer taraftan, Ünal (2005), Heller (2004)'in *P. luschani*'nin tip örneklerinin toplayıcısı olan Luschan'ın gezi güzergâhının Antalya-Fethiye ile sınırlı olduğuna dair saptamasına dayanarak, "Antalya, Kale ve Kaş arası, Davazlar köyü'nden 1 km. uzaklıkta, Gölbaşı mevki" lokalitesini tip lokalitesi olarak belirtmiştir. Ancak, bu değinmeler halen doğrulamaya muhtaçtır. Ayrıca, Ünal (2005) Kütahya, Emet, Eğrigöz Dağından bulduğu bu gruba ait bir popülasyonu *P. luschani egrigözi* adıyla ayrı bir alttür olarak tanımlamış ve Sevgili vd (2011) bu alttürü Balıkesir, Kaz dağlarından da bildirmiştir. Önerilen *P. luschani* tip lokalitesi ile yeni alttürün yayılışı birlikte değerlendirildiğinde Kütahya + Balıkesir popülasyonlarının, Anadolu'nun güneybatı ucunda yer alan *P. luschani*'nin bir alttürü olarak düşünülmesi bir çelişki arz etmektedir. Bu nedenle tekrar ve kapsamlı karakter kaynakları ile değerlendirmeye muhtaçtır.

Karabağ (1953) tarafından Aydın'dan tanımlanan *P. tuncayi* türü Ünal (2005) tarafından *P. ledereri*'ye sinonim yapılmıştır. Böyle olmasına karşın Kaya (2008) tarafından yapılan tez çalışmasında *P. tuncayi* özellikleri gösteren bireyler İzmir popülasyonundan (*P. ledereri*) derin bir genetik farklılık gösterdiği görülmüştür. Bunlara ek olarak, gruba ait olduğu belirtilen bir dizi lokalite kaydı, örneğin *P. birandi* türünün Isparta ve Denizli kayıtları da (Ünal 2004), morfolojik fenotipik karakterlerin yeterince bilgi verici olmaması nedeniyle, doğrulanmayı gerektirmektedir.

Diğer taraftan tekil olarak *P. birandi*'yi ele alan morfoloji, ses ve moleküler karakterlerin kullanıldığı çalışmada, Kaya (2008) türlerin ayırımında kullanılan karakterlerin (özellikle erkek sersi yapısı ve diş sayısı) oldukça varyasyonel olduğunu rapor etmiştir. Bu nedenle bu türlerin farklı karakter kaynakları ile tekrar değerlendirilmesi ile objektif bir taksonomik sonuç olası olabilecektir. Türleri karşılaştırmalı olarak ele alan bir çalışma bulunmadığından, gruba dahil türlerin nitel morfolojik değerlendirilmesi çalışmanın ilk aşamasını oluşturacaktır. Ancak, objektif bir sınıflandırma başka karakter kaynaklarını kullanmayı gerektirmektedir. Eşeyler arası iletişim sinyalleri Orthoptera'da üreme birimlerini (türleri) tanımlamada işlevsel karakter kaynaklarından biri olarak kabul edilir (Heller 1988, Ragge ve Reynolds 1998). Bu gruba ait türlerin iletişim sinyallerine ilişkin bir çalışma mevcut değildir ve bu çalışmada bunların tanımlanması hedeflenmektedir.



Şekil 1. 1. *P.luschani* tür grubuna ait dişi ve erkek bireyler

1.4. Çalışmanın Amacı

Filocoğrafik çalışmalar, taksonomik problemleri çözülmüş soy hatları ile yapıldığında daha işlevsel sonuçlar verir. Bu nedenle tür grubunun yukarıda değinilen taksonomik belirsizliklerinin netleştirilmesi, morfoloji ve ses karakterlerini de kullanarak, birinci aşama amaç olarak belirlenmiştir. Taksonomik problemleri bulunsa da, tür grubunun yayılışı filocoğrafik amaçlar için birçok açıdan uygunluk arz etmektedir. İlki, tür grubunun yayılış kayıtları Balkanlardan Batı Anadolu'nun en güney ucuna varacak şekilde batı kesim ile sınırlıdır. Dolayısıyla, tür grubunu konu edinecek filocoğrafik bir çalışma Anadolu-Balkanlar arasında yayılış veya ayrılma sonrası izolasyonları test etmeye yarayacak veriler verecek potansiyeldedir. İkincisi, hem yüksek hem de düşük rakımlardan kayıtları bulunmasına karşın türlerin habitat ve fenolojileri soğuk iklim tercihinine işaret etmektedir (Çıplak vd 2008). Özellikle düşük rakım popülasyonlarının yılın erken dönemlerinde gözükmeleri ve yüksek rakım popülasyonlarının yılın geç dönemlerinde gözükmeleri bu tespiti destekler niteliktedir (Kaya 2008). Bu nedenle grupta ilgili filocoğrafik bir çalışma, yayılış değişimleri ve türleşmelerinin ısınma ve soğuma dönemlerince etkilenip etkilenmediğini, vertikal değişimlerin olup olmadığı, izole yükselti popülasyonlarının bulunup bulunmadığı gibi hususları belirlemeye olanak verebilir. Üçüncüsü, önceki iki maddede belirtilen hususlara ilişkin olası olaylar moleküler saat tahminleri ile tarihlendirildiği zaman ayrıca anlam taşıyacaktır. Çalışılan belirteç gen [Sitokrom Oksidaz Alt ünite I (COI)] mitokondriyal bir gen olduğundan moleküler saat tahminleri için kullanışlıdır. Bunlara ek olarak laboratuvarımızda daha önce Antalya popülasyonları (*P. birandi* türü olarak düşünülmüş popülasyonlar) üzerinde yapılmış bir çalışmadan üretilen veriler mevcuttur (Kaya 2008) ve bu ön veriler çalışmanın daha sağlıklı ve etkin olarak planlanmasına olanak sağlamıştır. Elde edilecek moleküler/filogenetik veriler ışığında fenotipik özelliklerle önerilen taksonların tekrar test edilmesi olası olacaktır. Seçilen tür grubunun ve seçilen belirteç gen (ve de geleneksel fenotip karakterler dahil edilerek) ile planlanan çalışma ile sistematik biyoloji, biyocoğrafya, evrimsel biyoloji ve koruma biyolojisi alanlarınca kullanılacak veri üretme hedeflenmiştir.

2. MATERYAL VE METOT

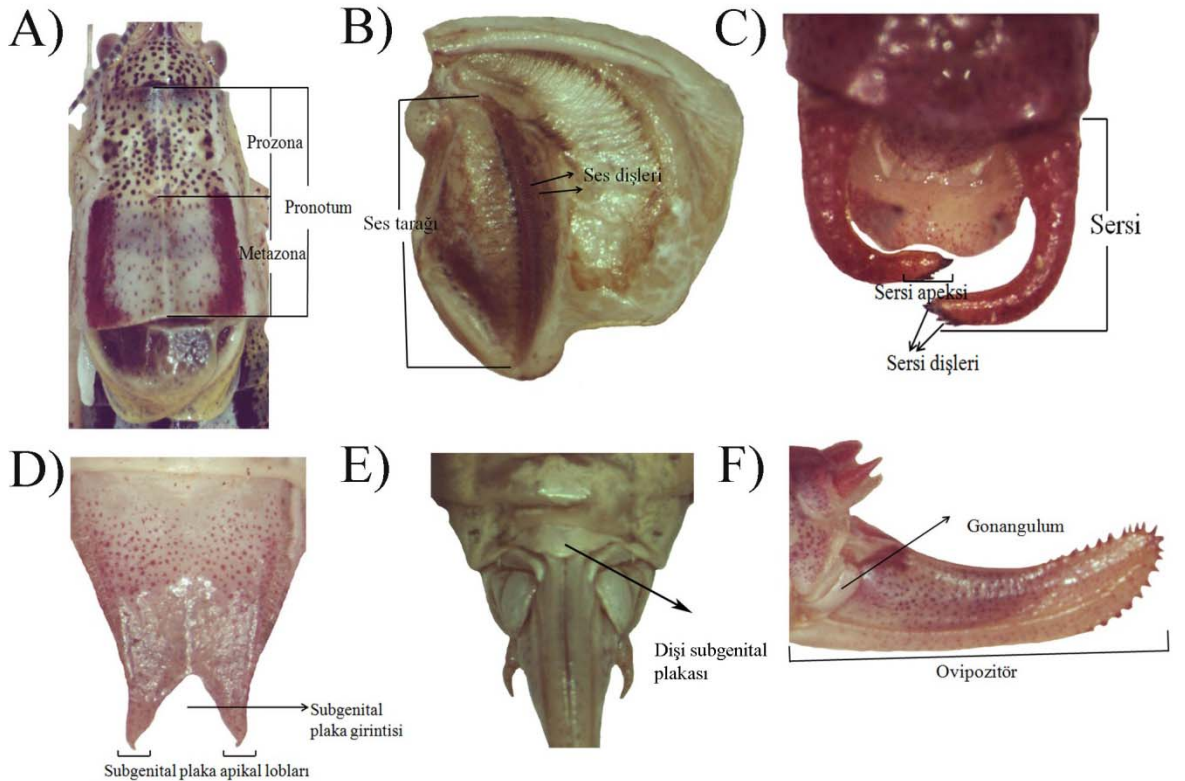
Tez kapsamında yürütülen arařtırmalar 5 ařamalı olarak planlandı ve gerekleřtirildi. Öncelikle tür grubuna ait literatürde kayıtlı lokalitelerden örnekleme yapıldı. İkinci ařamada toplanan erkek bireylerden laboratuvar ortamında ses kaydı yapıldı. Üçüncü ařamada, toplanan örneklerin diři ve erkek bireylerinin morfolojileri incelendi. Dördüncü ařamada, alkolde muhafaza edilen örneklerden DNA izolasyonu gerekleřtirildi ve PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ile COI bölgesi çoğaltılarak hizmet alımıyla dizileme yaptırıldı. Son ařamada da elde edilen ham morfoloji, ses ve DNA dizi verileri uygun yöntem veya analiz programlarıyla deęerlendirilerek yorumlandı.

2.1. Arazi alıřmaları

Poecilimon luschani tür grubuna ait popülasyonların saptanması için hem literatürde verilen kayıtlardan (Karabaę 1950, 1953, 1958; Ünal 2004, 2005) yararlanıldı hem de yeni yayılıř alanları bulmak amacıyla Batı Akdeniz ve Ege boyunca arazi taraması yapıldı. Ayrıca, yüksek lisans tezi kapsamında Sarp Kaya tarafından toplanan *P. birandi* türüne ait 13 popülasyona ait örneklerden yararlanıldı veya aynı lokaliteler tekrar ziyaret edilerek taze örnekler toplandı. Arazi alıřmaları Antalya, Muęla, Aydın, Denizli, İzmir, Manisa, Kütahya ve Balıkesir illerini kapsayan bir rotada gerekleřtirildi. Ayrıca, bir meslektař (Dr. Dragan Chobanov, Sofya) yardımı ile grubun Balkanlarda yayılıř gösteren temsilcisi *Poecilimon orbelicus* türüne ait örnekler edinildi. Örneklenen tüm lokalitelerin koordinatları ve yükseltisi Garmin Etrex Legend marka GPS (Global Positioning Sistem) cihazıyla saptandı ve kayıt edildi. Örneklenen her popülasyonu temsilen istatistiksel testler için yeterli asgari sayı (20) veya üzerinde birey toplanmaya alıřıldı. Atrap yardımıyla yakalanan diři bireyler doğrudan arazide, erkek bireyler ise arazi sırasında veya laboratuvara getirilip aęrı sesleri kayıt edildikten sonra %90-98'lik alkole alınıp -20 °C'de saklandı. Toplanan örnekler mevcut literatür veya AUZM (Akdeniz Üniversitesi Zooloji Müzesi)'deki karşılařtırma materyali kullanılarak teřhis edildi.

2.2. Morfolojik İncelemeler

Poecilimon cinsine ait türleri tanımlamada genel olarak skapus, fastigium, pronotum, kanat, anal tergit, serkus, erkek ve dişi subgenital plakaları ve dişi ovipozitor, lamella ve gonalgulumları kullanılır (Ramme 1933, Karabağ 1950, 1953, Bienko ve Mistshenko 1951; Harz 1969). *P.luschani* tür grubu için, tüm bu yapılar sterio mikroskop (Leica M6) ve dijital görüntüleme sistemi (Leica IM 1000 DC) kullanılarak nitel olarak incelendi. Ön incelemeler sırasında tür grubu içinde skapus, fastigium, anal tergit ve dişi ovipozitor benzerlik gösterdiği saptandığından populasyon bazında incelenmedi. Ancak pronotum yapısı, kanatlardaki ses diş sayıları, sersi yapıları ve sersi diş sayıları ve gonalgulumlar tür/populasyon ayrımında bilgi verici görüldükleri için detaylı olarak incelendi. Ayrıca, cins bazında morfometrilere yaygın olarak başvurulmuş yapılar olarak total boy, pronotum, kanat uzunluğu, arka femur uzunluğu ve dişi ovipozitor uzunluğu ölçüldü ve değerlendirildi (Şekil 2. 1).



Şekil 2. 1. Çalışılan morfolojik karakterlerin gösterimi: A) Erkek pronotumu, B) Kanadın genel yapısı ve ses dişleri, C) Sersi ve kısımları, D) Erkek subgenital plakası, E) Dişi subgenital plakası, F) Ovipozitörün genel görünümü

2.3. Ses Kayıt ve Analizleri

Arazi çalışmaları sırasında toplanan erkek bireylerin erkek çağrı sesleri öncelikle gezi sırasındaki konaklama yerlerinde, oda ortamında, kayıt edildi. Bu başaramadığında, özel kafesler içerisinde laboratuara (Akdeniz Üniversitesi Biyoloji Bölümü'nde mevcut ses kayıt ve analizi laboratuvarı) canlı olarak getirilen erkek bireyler diğer bireylerden izole edilerek ses kaydı yapılmaya çalışıldı. Ses kayıtları arazi çalışmaları sırasında sessiz iç mekanlarda (konaklama yerleri) veya laboratuarda özel kafesler içerisinde getirilen erkek bireylerden (diğer bireylerden izole edilerek), cinsin ses frekans seviyesi de dikkate alınarak kayıt edildi. Populasyon başına 4–20 adet bireyden çağrı sesi kayıt edildi.

Sıcaklık farklılıkları, poikilotermal olan bu hayvanların ürettikleri seslerin zamansal parametrelerinin değişimlerine neden olmaktadır. Bu nedenle kayıtlar için çağrı sesi üretilirken ortam sıcaklığının ölçülerek analizlere dahil edilmesi sağlıklı sonuçlara ulaşabilmek için gerekmektedir. Kayıtlar GRAS 26AB ön kuvvetlendirici aparatına takılan ¼ inçlik kodansör mikrofonun (GRAS Type 40BF; frekans aralığı 10 Hz – 40 kHz \pm 1.0 dB, 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 karta kayıt edilerek bilgisayara aktarıldı ve GoldWave programı yardımıyla istenilen formata dönüştürüldü, Cool Edit Pro 2.0 programı ile ölçümler yapıldı ve Turbolab 4.0 (Stemmer AG) ile ses osilogramları elde edildi.

Kayıt edilen erkek çağrı seslerinden sırasıyla hece süresi, hece başına atım (puls) sayısı, 100 ms'deki atım sayısı, atım periyodu ve frekans ölçüldü. Her bir karakter populasyon başına 4-20 birey ve her bireyden en az 10 heceden alınmıştır. Ses için Ragge ve Reynolds (1998) ve Heller (1988, 2004) tarafından verilen cinsle özgü terminoloji kullanıldı. *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, *s*: saniye, *ms*: milisaniye.

Sesler kayıt edilirken, sıcaklık kaynaklı parametrelerindeki sapmaları elemine etmek amacıyla verilere çoklu regresyon analizleri uygulandı. Çoklu regresyon analizleri, veri setinin serpilme diyagramlarına göre doğrusal, quadratik ve kübik modellemelerle gerçekleştirildi. Regresyon modellemeleri oluşturulurken her bir populasyon modele kukla (dummy) değişken olarak dahil edildi (Suits 1957). Böylece populasyonlardan kaynaklanan sapmalar modele dahil edilmiş oldu. Veri seti içerisinde modelin açıklayıcılığını azaltan uç değerler (aşırı gözlemler) Cook's Distance, Leverage analizleriyle (HAT matrix) belirlenip ölçümler tekrar gözden geçirildikten sonra modelden uzaklaştırılıp uzaklaştırılmayacağına karar verildi (Cook 1977). Model içerisinde olası multi co-linerite varlığı varyans etkisi (VIF) ve tolerans (TOL) değerlerine göre belirlenip ilgili parametre ya modelden çıkarıldı ya da uygun transformasyonlarla neden olduğu multi co-linerite elimine edildi. Modelin verilere uygunluğunu saptamak amacıyla hata varyanslarının grafikleri değerlendirilip hata varyanslarının homojenliği için gerekli transformasyon yapıldı. Tüm bu hata analizleri sonucunda veri setine uygun en iyi model Bayesian (Swardz 1978), Mallows's CP (Mallows 1973) ve Akaike kriterlerine (Akaike 1973) göre belirlendi. Regresyon analizlerinde uydurulan modellerin yeterlilikleri düzeltilmiş belirtme katsayısı ($adj-R^2$), F testi sonucu ve parametrelerin P ($=0,05$) değerlerine göre yorumlandı. Regresyon analizi sonucunda elde edilen model ve parametreler, populasyonlardan ve sıcaklıktan kaynaklanan farklılıkları elemine etmek amacıyla verilerin kalibrasyonu için kullanıldı. Kalibrasyonu sağlanan her bir ses karakterinin populasyonlar arasındaki olası farklılıkları ortaya koymadaki yeterliliğini saptamak amacıyla tekyönlü ANOVA ve TUKEY çoklu karşılaştırma testleri yapıldı. Ölçülen ses verileri SAS v.9.1.3, ve MİNİTAB v.13 istatistik programları kullanılarak analiz edildi.

2.4. Moleküler Çalışmalar

2.4.1. DNA izolasyonu

Arazide veya laboratuara getirildikten sonra %90-99'luk alkole alınıp 4°C'de saklanan örneklerin arka femurlarından DNA izole edildi. Total DNA izolasyonu tuz-izopropanol yöntemiyle (Aljanabi ve Martinez 1997) gerçekleştirilmiştir. Tuz-

izopropanol yönteminde önce lam üzerinde, tampon çözelti (10 mM, Tris-HCl, 2 mM, EDTA, % 10'lük SDS içerikli) ile bistüri yardımıyla arka femur dokusu parçalanarak homojenize hale getirildi. Bu homojenat 1,5 ml'lik Ependorf tüpüne konularak üzerine 500 µl ayrıştırma tamponu (10 mM, Tris-HCl, 2 mM, EDTA, % 10'lük SDS 17 µl ve Proteinaz K 42 µl) eklendi ve sonra 1-1,5 saat 57 °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 yıkayıp 4 °C'de 12000 rpm'de (Centurion K2R series) 10 dakikalık bir santrifüj aşamasından da geçirilerek pelet şeklinde çöktürüldü. Sonrasında süpernatanttan uzaklaştırılan DNA kurumaya bırakıldı ve 15-25 µl TE 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) jel elektroforezi ile belirlendi. 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 *P. luschani* tür grubundan 226 ve filogenetik analizlerde dış grup olarak kullanılan *Poecilimon cervus* Karabağ, *Poecilimon izmirensis* Ünal ve *Poecilimon cf. obtusircus* Karabağ türlerinden 16 olmak üzere toplam 242 bireyden DNA izolasyonu gerçekleştirildi. *P. luschani* tür grubuna ait 226 örnek 15 farklı coğrafik popülasyonu (lokalite başına 7-23 birey) temsil etmektedir.

2.4.2. Belirteç genin PZR ile çoğaltılması

P.luschani tür grubuna ait filogeni, populasyon genetiği ve filocoğrafik analizlerin yapılması amacıyla bir genetik belirteç olarak mitokondriyal COI geni çalışıldı. İzolatlardan çalışılan Sitokrom Oksidaz altünite I (COI) gen bölgesi 1718 3'-GGRGGATTTGGAAATTGACTWGTTC-5' ve 3014 5'-TCCAATGCACTAATCTGCCATATTA -3' (Simon vd 1994) primerleri kullanılarak PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) yardımı ile çoğaltıldı. Her bir PZR 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) 0,3 µl, 10 mM dNTP (deoksiribonükleotit trifosfat) karışımında 1 µl, Taq polimeraz (Invitrogen Platinum Taqpolimeraz ve Fermantase) 0,3 µl olarak kullanıldı ve reaksiyonlar dH₂O ile 50 µl'ye tamamlandı.

PZR protokolünde izlenen yol; başlangıç (initial) sıcaklığı 95 °C'de 1 dakika, sadece 1 döngü, sonrasında denatürasyon (denaturation) 95 °C'de 45 saniye, annealing 49 °C'de 45 saniye, uzama (elongation) 72 °C'de 50 saniye de 35 döngü ve son uzama (final extension) 72 °C'de 10 dakika şeklindedir. Elde edilen PZR ürünleri TBE tamponuyla hazırlanan %1'lik agaroz jele (W/V) 3 µl PCR ürünü ve 2 µl boya (Loading dye) yüklenerek elektroforezde 90 mv ve 50 mA 30 dakika (Cleaverscientific mp 250-powersupply) yürütüldü. Sonrasında 20 dakika % 2'lik EtBr (etidyum bromide) içerisine bırakılarak UV görüntüleme cihazında DNA bölgelerinin çoğalıp çoğalmadığı görüntülendi. Amplifikasyonu yeterli olan PZR ürünlerinin saflaştırılması ve çift taraflı dizilmesi MACROGEN (Seul Korea)'den hizmet alımı yoluyla elde edildi.

2.5. Filogenetik ve Populasyon Genetiği Analizleri

Hizmet alımı yoluyla tür grubuna ait dizilerin AB1 dosyaları, Sequencher v.4.01 (Gene codes Corp.) ve BioEdit (Hall 2011) programıyla forward ve reverse primerlerin dizileri gözle kontrol edilerek her bir dizi için hizalama gerçekleştirildi. Dizilere ait Fasta uzantılı dosyaların MEGA v.5 (Tamura vd 2011) programı ile çoklu hizalaması (multiple alignment) gerçekleştirilerek diziler tek bir veri matrisi haline

getirildi. Herbir dizi verisi protein kodlamada sorun olup olmadığını kontrol etmek amacıyla DnaSP ver.5.0 (Librado ve Rozas 2009) programıyla tek tek incelendi. Kontrol edilen tüm bu dosyalardan yine DnaSP ver.5.0 programı yardımıyla haplotipler ve frekansları belirlendi ve filogenetik analizler için uygun veri matrisleri Nexus, Phylip ve Fasta formatlarına dönüştürüldü.

Tür grubuna ait popülasyonlar arasındaki filogenetik ilişkiyi saptamak amacıyla PAUP v.4.0b10 (Swofford 2002) programı kullanılarak maksimum parsimoni (MP) analizi 'heuristic search' ağaç arama opsiyonu kullanılarak TBR (tree bisection-reconnection) dal eleme metodu kullanılarak 'stepwise addition' dal ekleme yöntemiyle 10 tekrarlı olarak (10 random addition) gerçekleştirildi. Parsimoni analizi sonucu elde edilen ağaçların katı uyum (strict consensus) ağacı hesaplandı. Parsimoni ağacının topolojik güvenilirliğini belirlemek amacıyla 100 tekrarlı 'non-parametrik-bootstrap' (Felsenstein 1985) analizi uygulandı. Haplotip matrislerinin filogenetik analizler için uygun baz değişim (substitüsyon) modelleri MODELTEST v. 3.06 (Posada vd 1998) programı kullanılarak hesaplandı. Elde edilen substitüsyon modeli doğrultusunda maksimum olasılık (maximum likelihood, ML) analizi TBR (tree bisection-reconnection) dal eleme metodu, "stepwise addition" dal ekleme yöntemiyle "as-is" opsiyonu ile 100 tekrarlı non-parametric bootstrap (seç-bağla) testi yine PAUP v.4.0b10 programı yardımı ile gerçekleştirildi. MRBAYES v.3.1.2 (Ronquist ve Huelsenbeck 2003) programı kullanılarak baz değişim modeline uygun olarak veri setine Bayesian filogenetik analizi (Bayesian Inference, BI) uygulandı. Analiz aynı anda dört Bayesian analiz dosyası üzerinden (nrun=4), 4 Marko Chain simülasyonu çalıştırılarak gerçekleştirildi. Simüle edilen 6 milyon jenerasyonun her 100. jenerasyonunda örnekleme gerçekleştirildi. Analizdeki parametrelerin yeterli efektif örneklem büyüklüğüne (effective sample size) ulaşıp ulaşılmadığı TRACER v.1.5 (Rambout ve Drummond, 2003) programı ile takip edildi. Bayesian 'posterior probability' dal destek olasılık değerlerini hesaplamak amacıyla oluşturulan 60 000 ağacın büyük sapmalar gösteren ilk %10'luk kısmı yakılarak geri kalan 6000 ağaçtan, %50 destek uyum ağacı posterior olasılık değerleri ile birlikte elde edildi.

Cins içerisindeki türlere ait populasyonların ve haplotiplerin ayrılma zamanları Bayesian metodu altında Markov Chain Monte Carlo (MCMC) simülasyonları ile çalışan BEAST v.1.6.1 (Drummond ve Rambaut 2007) programı ile hesaplandı. Moleküler saat analizi için kalibrasyon zamanı Orthoptera için önerilen mitokondriyal genlere özgü substitüsyon oranı (Brower 1994, 0.023 substitüsyon/milyon yıl) dikkate alınarak gerçekleştirildi. Soy hatlarına ait dizilerin saat benzeri evrim geçirip geçirmediği maksimum olasılık analizi kullanılarak MEGA v.5.0 programında test edildi. Buna bağlı olarak moleküler saat analizi ‘strict, relaxed veya local clock’ yaklaşımları doğrultusunda MODELTEST’in önerdiği substitüsyon modeli ve populasyonların demografik yapısına göre (constant, exponential, expansion veya yule proses) gerçekleştirildi. Analiz, filogenetik ağaçların desteklediği topolojiye göre BEAUti (Drummond ve Rambaut 2007) programı yardımıyla düzenlenerek 50 milyon jenerasyonun her 1000. simülasyonundan örneklenecek şekilde gerçekleştirildi. BEAST analiz süreci TRACER v1.5 programı yardımı ile kontrol edildi. Elde edilen simülasyonlardan BEAST v.1.6.1 (Drummond ve Rambaut 2007) içindeki TREEANNOTATOR programı ile sapmaların yoğun olarak gözlemlendiği %10’luk kısım yakılarak soy hatlarına ait kronogram (time consensus) elde edildi. Kronogram FigTree v.1.2 (Rambaut 2007) programı yardımıyla görüntülendi.

Populasyon genetiği analizlerinde, populasyonlara ait genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla demografik parametreler (haplotip sayısı, polimorfik baz sayısı, haplotip çeşitliliği, nükleotit çeşitliliği ve Theta (θ) değerleri) hesaplandı. Populasyonlar arasındaki genetik farklılığı ve gen akışını belirlemek amacıyla, pairwise F_{ST} (fiksasyon indeksi) değerleri hesaplandı. Filogenetik ağaçların önerdiği gruplar bazında, hiyerarşik genetik farklılık ve bunun istatistiksel önem dereceleri tür grubu içerisindeki gruplar arası, grup içi populasyonlar arası ve populasyon içi olmak üzere üç düzeyde hiyerarşik AMOVA (Weir ve Cockerham 1984, Excoffier vd 1992) analizi ile belirlendi. Tüm bu analizler ARLEQUIN v.3.01 (Excoffier vd 2005) programı ile gerçekleştirildi.

Populasyonların tarihsel demografisinde yaşanmış olması olası darboğazları, durağanlıkları ve genişlemeleri tahmin etmek amacıyla her bir populasyona nötralite testleri ve ‘mismatch’ analizleri uygulandı. Tajima-D (Tajima 1989), Fu-FS (Fu 1997) ve nötralite testleri ile Tau (τ), Teta initial (θ_0), Teta final (θ_1), farkların kareleri toplamı (the sum of squared differences = SSD) (Durka vd 2005) ve Harpending’in ‘raggedness’ indeksi (H_{ri}) (Harpending 1994) parametreleri ARLEQUIN ile hesaplandı.

3. BULGULAR

3.1. Saptanan populasyonlar ve tür grubunun yayılışı

Hem tez öncesi hem de tez süresince yapılan arazi çalışmalarından 18 farklı lokalitede *P. luschani* grubunun türlerine ait bireylere rastlanılmıştır (Çizelge 3. 1, Şekil 3. 1). Tür grubu Anadolu dışında, Balkanlarda *Poecilimon orbelicus* ile temsil etmektedir. Diğer populasyonların bir kısmı Türkiye'nin Güney Marmara (Balıkesir) ve Ege (Kütahya, İzmir, Aydın ve Denizli) bölgelerinden belirlenmiş ve örneklenmiştir. Kalan 13 populasyon Batı Akdeniz (Antalya + Muğla)'den saptanmıştır. Saptanan populasyonların yayılışı deniz seviyesinden 2500 metreye kadar değişmektedir. Bu 13 populasyona ait örneklerin bir kısmı daha önce yapılan bir tez çalışması (Kaya 2008) sırasında edinilmiştir. Ancak, hem örnek sayısını arttırmak hem de taze materyal elde etmek için bazıları tekrar ziyaret edilmiştir. Tür grubuna ilişkin taksonomik belirsizlikler nedeniyle, veri üretimi bir taksonomik karar verilmeden populasyonlar bazında yapılmıştır. Taksonomik duruma ilişkin kararlar, veri kombinasyonu ışığında, sonuç olarak verilmiştir.



Şekil 3. 1. *P. luschani* tür grubuna ait populasyonların yayılışı

*1- Termessos, 2- Bakırlıdağ, 3- Kemer, 4- Tahtalıdağ, 5- Olimpos, 6- Demre, 7- Kalkan, 8- Patara, 9- Eşen-3, 10-Eşen-2, 11- Eşen-1, 12- Erentepe, 13- Akdağ, 14- Aydın, 15- İzmir, 16- Kütahya, 17- Balıkesir, 18- Bulgaristan

Çizelge 3.1. *P.luschani* tür grubuna ait örneklenen populasyonlar

Lokalite (Haplotip sembolleri)	Birey Sayısı	Koordinatlar	Yükseklik	Vejetasyon	Toplama Tarihi
Aydın (AYD)	14	37°31'912"N 028°02'902"E	77 m.	Otsu örtü	05/06/2010, 15/05/2011
İzmir (IZO)	23	38°17'392"N 028°01'066"E	768 m.	Otsu örtü	06/06/2010
Kütahya (KUT)	17	39°24'101"N 029°08'463"E	1698 m.	Orman açıklığı	04/07/2011
Balıkesir (BAL)	15	39°42'19,6"N 026°53'44,3"E	1688 m	Subalpin	05/07/2011
Bulgaristan (BUL)	15	41°81'388"N 023°36'962"E	2070 m	Subalpin	24/08/2011
Akdağ (AKD)*	-	36°34'568"N 029°34'992"E	2247 m	Subalpin	15/07/2005
Erentepe (ER)*	-	36°44'383"N 029°38'450"E	1982 m	Subalpin	15/05/2005
Eşen-1 (ES1)	13	36°42'016"N 029°24'669"E	672 m	Maki-Çalılık	15/05/2005, 14/05/2011
Eşen-2 (ES2)	14	36°33'294"N 029°25'174"E	470 m	Maki	08/05/2005, 14/05/2011
Eşen-3 (ES3)	10	36°25'718"N 029°16'323"E	85 m	Maki	20/05/2006, 14/05/2011
Kalkan (KAL)	14	36°15'871"N 029°27'950"E	857 m	Maki-Çalılık	15/05/2005, 13/05/2011
Patara (PAT)	19	36°17'225"N 029°20'035"E	110m	Maki	12/04/2007, 14/05/2011
Demre (DEM)	23	36°14'555"N 029°56'698"E	120 m	Maki	19/05/2006, 14/05/2011
Olimpos (OLI)	18	36°25'671"N 030°25'459"E	398 m	Maki-Çalılık	19/05/2006, 13/05/2011
Kemer (KEM)	7	36°37'782"N 030°25'192"E	1110 m	Subalpin	02/06/2006
Tahtalıdağ (TAH)*	-	36°32'583"N 030°25'106"E	1850m	Subalpin	10/07/2006
Termessos (TER)	9	36°59'280"N 030°28'051"E	878 m	Maki-Çalılık	11/06/2005
Bakırlıdağ (BAK)	15	36°50'180"N 030°18'970"E	1819 m	Subalpin	03/07/2004
DIŞ GRUPLAR					
<i>P. obtusicercus</i> (410DET)	7	37°37'437"N 029°13'728"E	1175 m.	Çalılık	07/06/2010
<i>P. obtusicercus</i> (684KOR)	6	36°56'103"N 030°05'822"E	1309 m.	Çalılık	08/06/2010
<i>P. izmirensis</i> (909KUT)	2	39°24'101"N 029°08'463"E	1698 m.	Orman açıklığı	04/07/2011
<i>P. cervus</i> (503CerByg)	1	40°58'480"N 031°33'788"E	499m	Orman altı	08/07/2011

* ses ve morfoloji verileri olan ancak DNA edinilemeyen populasyonlar

3.2. Morfoloji

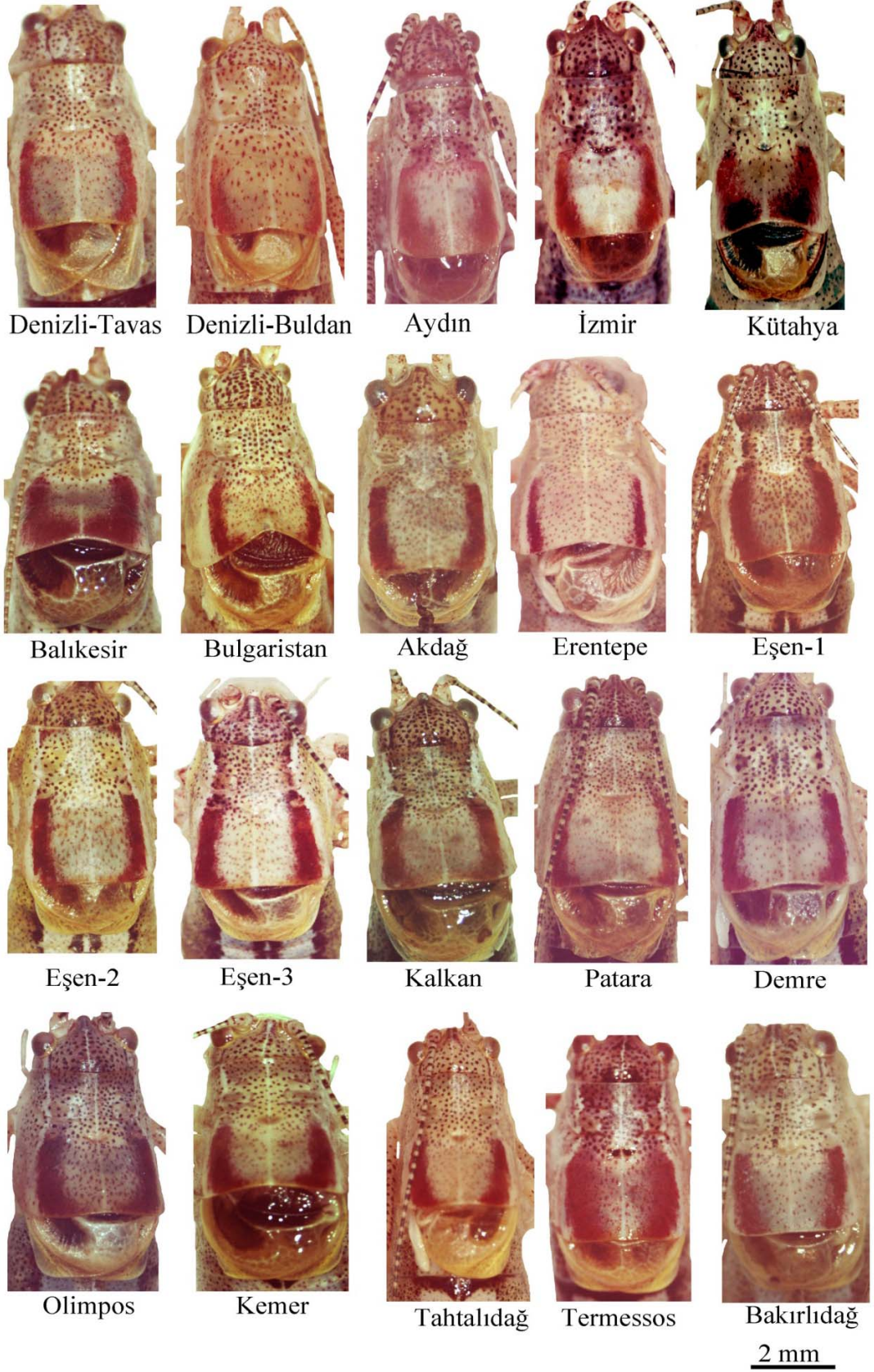
P.luschani tür grubuna ait populasyonlar pronotum, ses dişleri, sersiler, dişi ve erkek subgenital plakaları ve gonalgulumların yapısı tür/populasyon ayrımında bilgi verici göründükleri için detaylı olarak incelendi. Tür grubu içerisinde olduğu düşünülen 19 (İlk aşamada Denizli populasyonu da tür grubu içerisinde ele alınmıştır) populasyonun her biri için dişi ve erkek bireyler (7-13 birey) ayrı ayrı ele alındı.

Pronotum: Çalışılan populasyonlarda pronotum yapısına göre iki grup ayırt edildi. İlk grupta prozona/metazona oranı eşit ve yandan bakıldığında metazonanın görülür bir derecede kalkıklık olduğu gözlemlendi (Şekil 3. 2, 3. 3). İkinci grupta ise metazona prozonadan daha uzundur ve metazonadaki kalkıklık belirsizdir, dolayısıyla yandan bakıldığında dorsalde hemen hemen düzdür (Şekil 3. 2, 3. 3). Denizli (Tavas ve Sarayköy) populasyonlarında ikinci pronotum yapısı gösterirken (metazona/prozona =1,32), diğer populasyonlar birinci tip pronotuma sahiptir (Çizelge 3. 2).

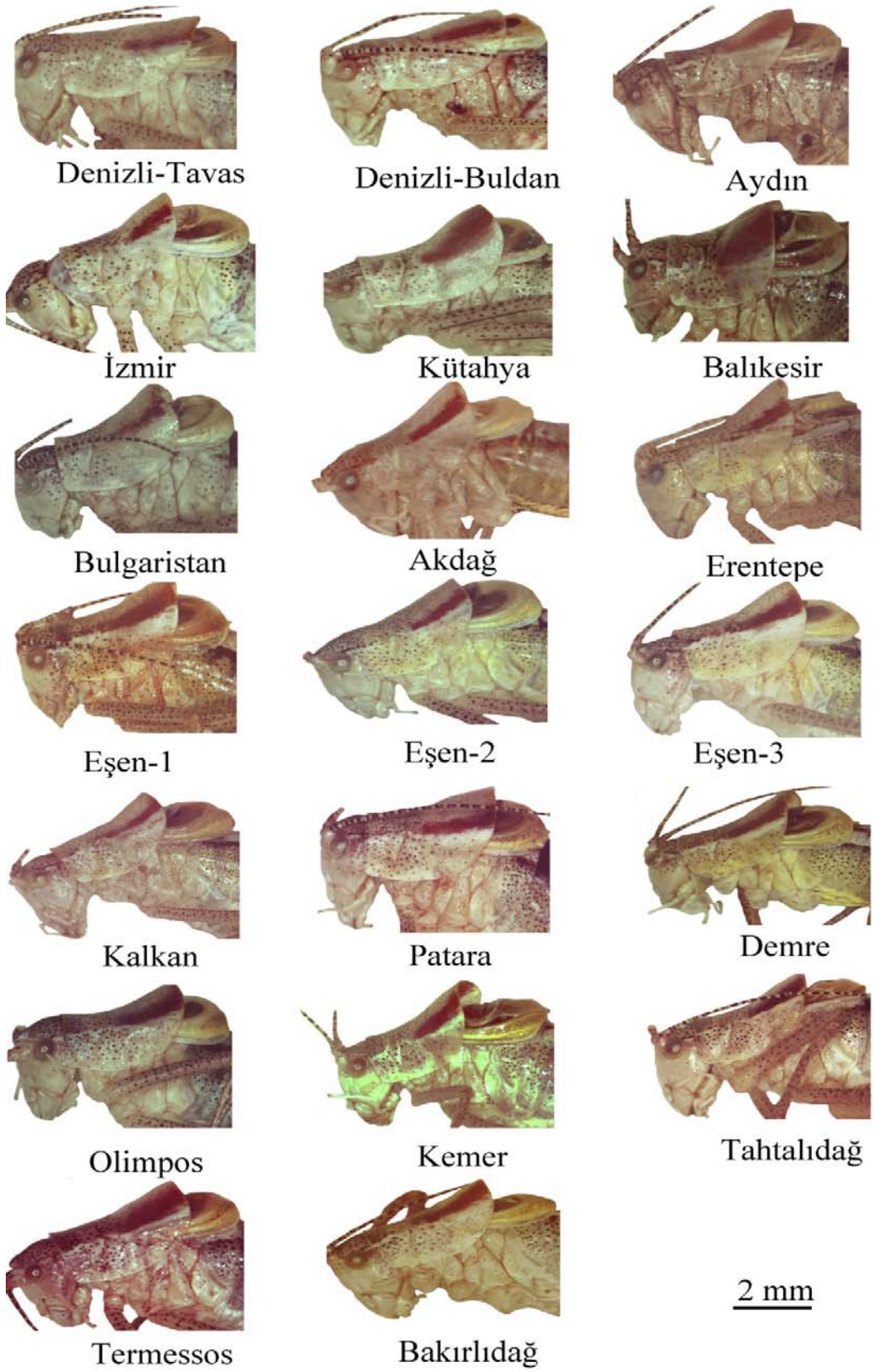
Çizelge 3.2. *P.luschani* tür grubu için ölçülen morfometrik karakterler

Populasyon	Pronotum maksimum uzunluğu	Metazona /Prozona	Pronotum maksimum yüksekliği	Pronotum sonrası kanat uzunluğu
Denizli	4.38-5.69 (5.18)	1.07-1.48 (1.32)	2.19-3.36 (2.87)	1.46-2.63 (1.91)
Aydın	5.33-4.31 (4.94)	0.96-1.09 (1.06)	2.34-3.21 (2.66)	1.53-2.31 (1.97)
İzmir	4.38-5.18 (4.67)	0.83-1.17 (1.00)	2.7-2.12 (2,43)	1.31-2.34 (1.87)
Kütahya	5.99-4.76(5.32)	0.83-1.14(0.96)	2.67-3.87(3.11)	2.7-1.39(2.22)
Balıkesir	4.38-5.18 (4.82)	0.87-1.12 (0.99)	2.7-3.14 (2.98)	2.04-2.34 (2.17)
Bulgaristan	4.38-5.26 (4.96)	1.15-0.88 (1.06)	2.63-3.65 (3.10)	1.99-2.99(2.5)
Akdağ	3.7-4.6 (4.00)	0.88-1.05 (0.97)	2.00-3.2 (2.37)	1.6-2.4 (1.97)
Erentepe	3.9-4.9 (4.48)	0.96-1.14 (1.01)	2.00-3.2 (2.71)	1.7-2.4 (2.05)
Eşen-1	4.8-5.9 (5.37)	0.92-1.14 (0.98)	2.5-3.7 (2.73)	1.9-3 (2.53)
Eşen-2	5-6.1 (5.57)	0.96-1.09 (1.05)	2.1-3.5 (2.73)	1.8-2.8 (2.33)
Eşen-3	4.6-5.6 (5.02)	0.85-1.06 (0.97)	2.5-3.1 (2.87)	2.1-2.5 (2.3)
Kalkan	5-6.1 (5.6)	0.94-1.03 (0.99)	2.4-3.5 (3.01)	2-3.1 (2.5)
Patara	4.8-5.7 (5.1)	0.88-1.13 (1.02)	2.2-3.5 (2.82)	1.5-2.8 (2.3)
Demre	5.2-5.8 (5.54)	1.15-1.04 (1.08)	2.6-3.2 (2.82)	2.4-3.1(2.65)
Olimpos	5.5-6.2 (5.76)	0.88-1.08 (0.97)	2.1-3 (2.7)	2.1-3.1 (2.66)
Kemer	4.7-5 (4.82)	0.91-1.05 (0.99)	2.1-2.9 (2.59)	1.9-4.1 (2.59)
Tahtalıdağ	4.1-5.5 (4.71)	0.88-1.03 (0.99)	2.5-3.1 (2.65)	2.5-3.1 (2.77)
Termessos	4.7-5.6 (5.44)	0.87-1.15 (1.01)	2.4-3.5 (2.9)	2.1-3.3 (2.43)
Bakırlıdağ	4.3-5 (4.8)	0.94-1.09 (1.00)	2.2-2.8 (2.58)	2.2-2.7 (2.27)

*[minimum-maksimum (ort) milimetre]



Şekil 3. 2. *P. luschani* tür grubuna ait populasyonların erkek pronotum yapılarının üstten görünüşü



Şekil 3. 3. *P. luschani* tür grubuna ait populasyonların erkek pronotum yapılarının lateral görünüşü

Ses dişleri sayısı ve yapısı: İncelenen *P. luschani* tür grubuna ait populasyonların ses diş sayıları 32-197 arasında değişiklik göstermektedir. Ancak populasyonlar bazında incelendiğinde sayısal ortalama bağlamında iki grup ayırt edilmiştir (Çizelge 3.3). Denizli ilinden alınan Tavas ve Sarayköy populasyonları (38,75; 32-45 arasında değişir) diş sayısı bakımından diğerlerinin tümünden belirgin olarak farklıdır. Kalan populasyonlar da ise ses tarağı uzundur, ses dişleri daha sık olarak yerleşmiştir ve 89-197 arasında değişen ses dişine sahiptirler. Bu grup, sayısal ortalama bakımından kendi içinde iki alt gruba ayrılır. İlk alt grup Aydın, İzmir, Kütahya, Balıkesir ve Bulgaristan populasyonlarını içerirken ikinci alt grup Antalya + Muğla yayılışına sahip populasyonları içerir.

Çizelge 3.3. *P. luschani* taksonomisinde kullanılan nitel morfolojik karakterler ve populasyonlarda görülen karakter durumları

1. Erkek pronotumunun metazona/prozona oranı: (0)>1.1, (1)<1.1
2. Erkek pronotum metazonasının yapısı: dorsalde düz (0), dorsalde kalkık (1)
3. Ses diş sayıları: 32-45 (0), 89-197 (1)
4. Sersi apeksinin yapısı: Apeks daralmıştır (0), Apeks genişlemiştir (1)
5. Sersi diş sayısı: diş belirsizdir (0), tek diş vardır (1), 2 diş vardır (2), sersi diş sayısı 2'den fazladır (3)
6. Subgenital plaka yapısı: dışa doğru uzamıştır (0), dışa doğru uzama yoktur (1)
7. Subgenital plaka girintisi: girinti yoktur (0), girinti vardır (1)
8. Subgenital plakanın apikal lobları: belirgin değil (0), belirgin-küt (1), sivri (2)
9. Gonalgulum yapısı: incedir (0), şişkindir (1)
10. Ses diş sayıları: minimum – maksimum (ortalama)
11. Sersi diş sayıları: gözlenen sayı

Populasyonlar	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Denizli	0	0	0	0	0-1	0	0	0	0	32-44 (38.75)	-
Aydın	1	1	1	0	1	1	1	2	1	93-114 (104.5)	2
İzmir	1	1	1	0	1	1	1	2	1	93-110 (102)	2
Kütahya	1	1	1	1	1	0	1	0	0	97-105 (101.11)	2
Balıkesir	1	1	1	1	3	1	1	2	0	89-105 (97)	3-4
Bulgaristan	1	1	1	1	3	0	1	0	0	96-103 (100)	5-6
Akdağ	1	1	1	0	1-2	1	1	2	0	100-159 (120.58)	1,2
Erentepe	1	1	1	0	1	1	1	1	0	101-152 (119)	1
Eşen-1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	140-196 (161.36)	1
Eşen-2	1	1	1	0	1	1	1	1	0	129-168 (145.72)	2
Eşen-3	1	1	1	0	1	1	1	2	0	120-155 (136.42)	2
Kalkan	1	1	1	0	3	1	1	2	0	120-155 (136.42)	2,3,4,5
Patara	1	1	1	0	3	1	1	2	0	135-189 (156.15)	2,3,4,5
Demre	1	1	1	0	3	1	1	2	0	125-154 (137.2)	2,3,4,5
Olimpos	1	1	1	0	1	1	1	2	0	127-176 (158.43)	1
Kemer	1	1	1	0	1	1	1	2	0	123-166 (143.75)	1
Tahtalıdağ	1	1	1	0	1	1	1	2	0	105-169 (147.4)	1
Termessos	1	1	1	0	1	1	1	2	0	129-177 (155.53)	1
Bakırlıdağ	1	1	1	0	1	1	1	2	0	140-197 (164.53)	1

Sersi: Populasyonlarda farklı yapılarda sersiler gözlemlendi. Sersiler, apeksin yapısı, diş sayısı ve dişlerinin konumlanması olarak üç ayrı karakter bağlamında değerlendirildi. Sersi apeksi bakımından 2 ana grup belirlendi. Kütahya, Balıkesir ve Bulgaristan populasyonlarında apeks, distal yarı genişliğinde veya daha geniş iken (Şekil 3. 4) diğer populasyonlarda sersi apekte daralmıştır (Şekil 3. 4). Geniş bir apekse sahip olan Kütahya ve Balıkesir populasyonlarında sersi uca doğru tedrici olarak genişlerken (Şekil 3. 4) Bulgaristan populasyonunda apikal yarısıyla yaklaşık aynı genişliktedir (Şekil 3. 4). Kalan Akdağ, Bakırlıdağ, Demre, Eretepe, Eşen-1, Eşen-2, Eşen-3, Kalkan, Kemer, Olimpos, Patara, Tahtalıdağ, Termessos, Aydın ve İzmir populasyonlarında sersi apeksi apikal yarının en dar yerini oluşturur (Şekil 3. 4).

Bakırlıdağ, Eretepe, Kemer, Tahtalıdağ, Termessos, Eşen-1 populasyonlarında sabit olarak apekte bir iri diş bulunmaktadır (Şekil 3. 4). Akdağ populasyonunda ise değişken olarak bir ve iki diş olduğu gözlemlendi (Şekil 3. 4). Eşen-2 ve Eşen-3 populasyonlarında apekte bir iri, iç kısımda bir küçük olmak üzere 2 diş olduğu görüldü (Şekil 3. 4). Kalkan, Demre ve Patara populasyonlarında ise 2-5 diş saptanmış olmasına karşın yaygın olarak 3-4 diş görüldü (Şekil 3. 4). Aydın ve İzmir populasyonlarında apekte dışta bir büyük ve iç tarafta bir küçük olmak üzere 2 diş olduğu gözlemlendi (Şekil 3. 4). Buna ek olarak, Balıkesir populasyonunda sersi ucunda 3-4 diş sıralanırken, Kütahya populasyonunda sabit olarak apeksin iç ve dış köşelerinde 2 küçük diş bulunmaktadır (Şekil 3. 4).

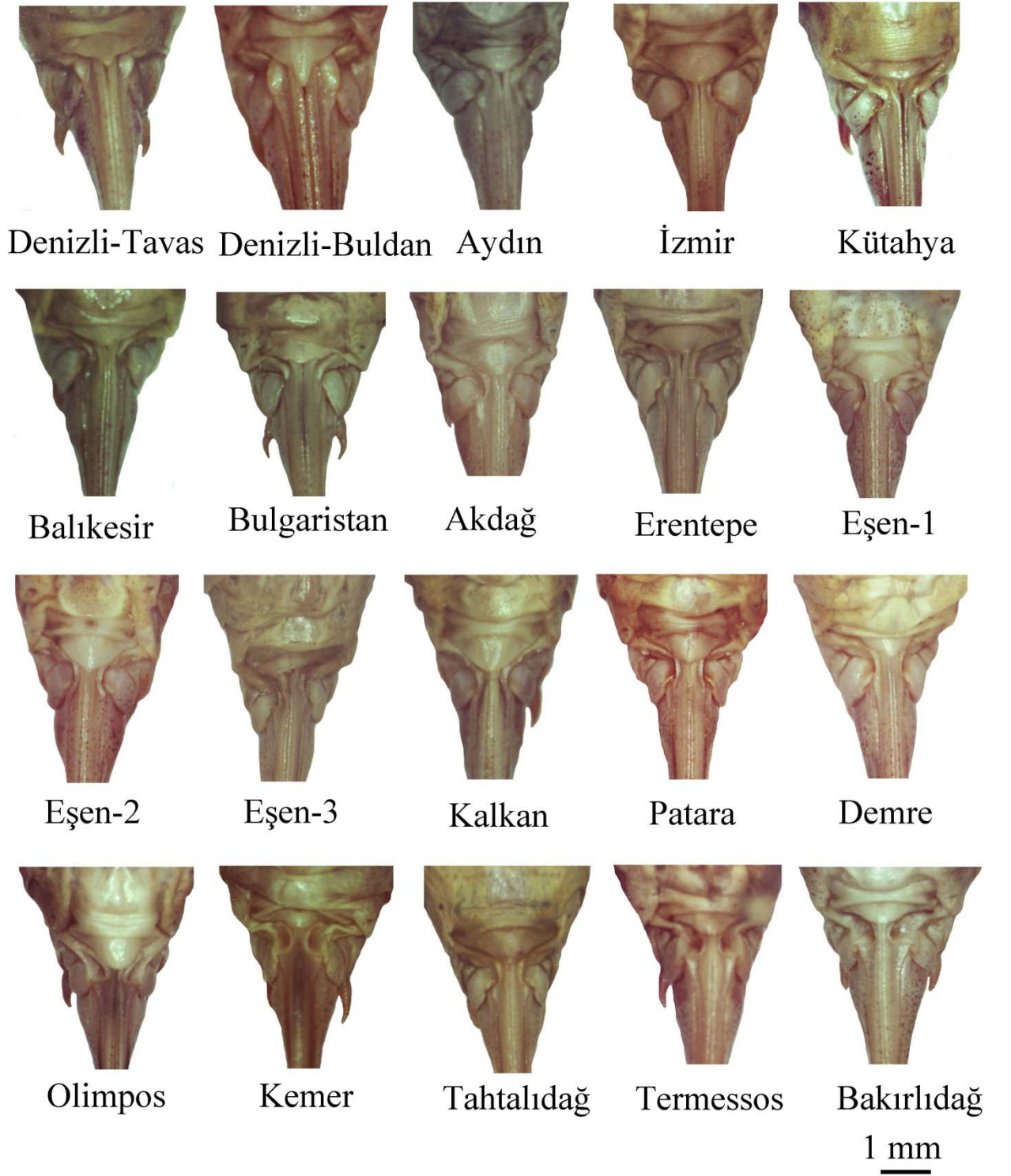
Bulgaristan'daki *P.orbelicus*'a ait örneklerde sersi dişlerinin 5-6 arasında değiştiği görülmüştür (Şekil 3. 4). Denizli Tavas populasyonuna ait iki örnekte sersi apeksinin uç kısmında tek iri yapıda bir diş olduğu görüldü. Geri kalan Tavas örneklerinde ve Sarayköy populasyonunun tüm örneklerinde ise tam bir diş yapısının olmadığı ancak sersi apeksinde tırtıklı koyu renk bir yapılanma olduğu gözlemlendi (Şekil 3. 4).



Şekil 3. 4. *P.luschani* tür grubuna ait populasyonların genel serkus görünümü

Subgenital plaka: Subgenital plaka hem dişi hem de erkek bireyler için tüm populasyonlarda incelendi. Dişilerin subgenital plakası proksimal kısımda geniş ve distale doğru kuvvetli olarak daralmış ve bir üçgen biçimi almıştır (Şekil 3. 5). Bu üçgenimsi yapı hem populasyon içi hem de türler arasında varyasyon gösterse de coğrafi veya populasyon bazında ayırt edici farklılıklar göstermemiştir. Erkek subgenital plakası populasyonlar bazında ayırt edici farklılıklara işaret edecek şekilde varyasyon göstermektedir. Üç tip erkek subgenital plakası ayırt edildi. Birinci tip subgenital plaka apekte oldukça geniş bir girintiye sahiptir. Ortalama olarak girinti derinliği subgenital plakanın dörtte biri kadardır. Ancak bir kısmında subgenital plakanın lobları sivri iken diğerlerinde küt veya geniş olduğu görüldü. İzmir populasyonu derin bir girinti ve küt apikal loblara sahip iken (Şekil 3. 6), Demre, Kalkan, Patara, Aydın ve Balıkesir populasyonlarında derin bir girinti ve sivri apikal loblara sahiptir (Şekil 3. 6). İkinci tip subgenital plakada, apikal girinti derinliği subgenital plakanın ortalama olarak onda biri kadardır. Ayrıca yine bir grupta subgenital plakanın apikal lobları sivrilmişken diğer grupta apeks kısmının küt olduğu görüldü. Akdağ, Bakırlıdağ, Kemer, Olimpos, Tahtalıdağ, Termessos ve Kütahya populasyonlarında girintisi orta derinlikte ve lobları sivri olan bir plaka görülürken (Şekil 3. 6), Eşen-1, Eşen-2, Eşen-3 ve Erentepe populasyonlarında orta derinlikte bir girinti ve küt subgenital plaka lobları vardır (Şekil 3. 6). Üçüncü tip subgenital plaka arkaya doğru önce divergent sonra konvergent olarak uzanmış ve loblar uçta hem dar hem de hafif olarak içe dönmüştür. Denizli Tavas ve Sarayköy populasyonları ile Bulgaristan populasyonu bu gruba dahildir (Şekil 3. 6).

Gonalgulum: Populasyonlarda iki farklı gonalgulum tipi gözlemlendi. Birincisinde gonalgulumlar oldukça iri ve şişkin iken, ikincisinde belirsiz ve daha ince yapılıdır. Birinci tip Aydın ve İzmir populasyonlarında (Şekil 3. 5, Şekil 3. 7), ikinci tip ise kalan tüm populasyonlarda görüldü.



Şekil 3. 5. *P. luschani* tür grubuna ait populasyonların dişi subgenital plaka yapıları



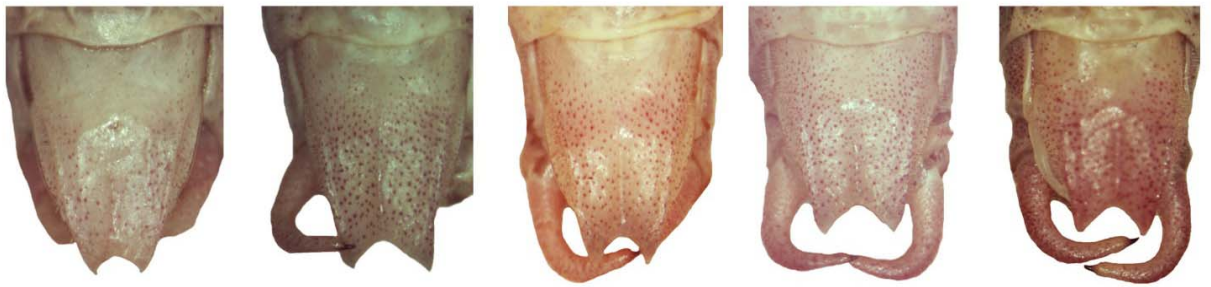
Denizli-Tavas Denizli-Buldan Aydın İzmir Kütahya



Balıkesir Bulgaristan Akdağ Ereentepe Eşen-1



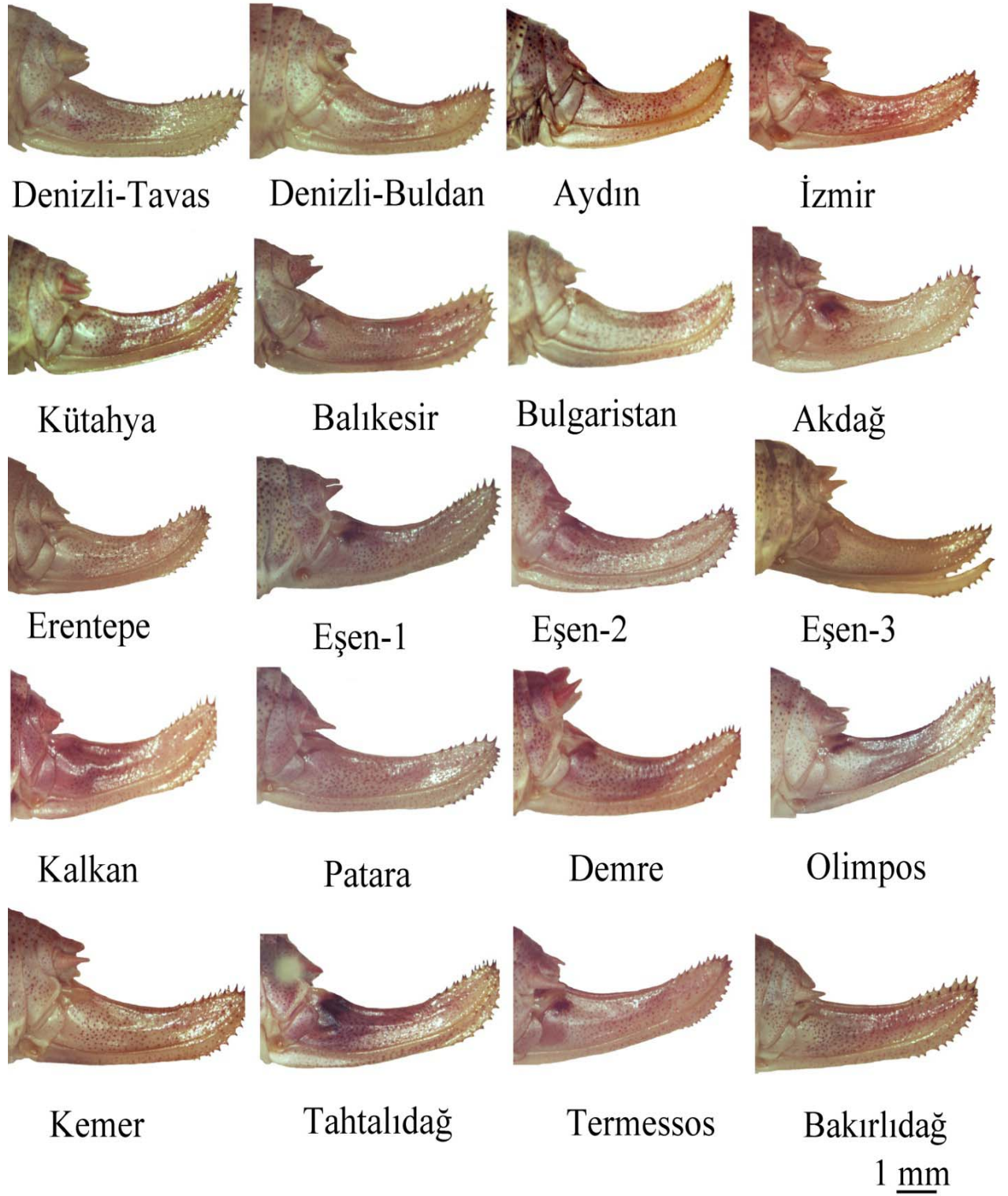
Eşen-2 Eşen-3 Kalkan Patara Demre



Olimpos Kemer Tahtalıdağ Termessos Bakırlıdağ

2 mm

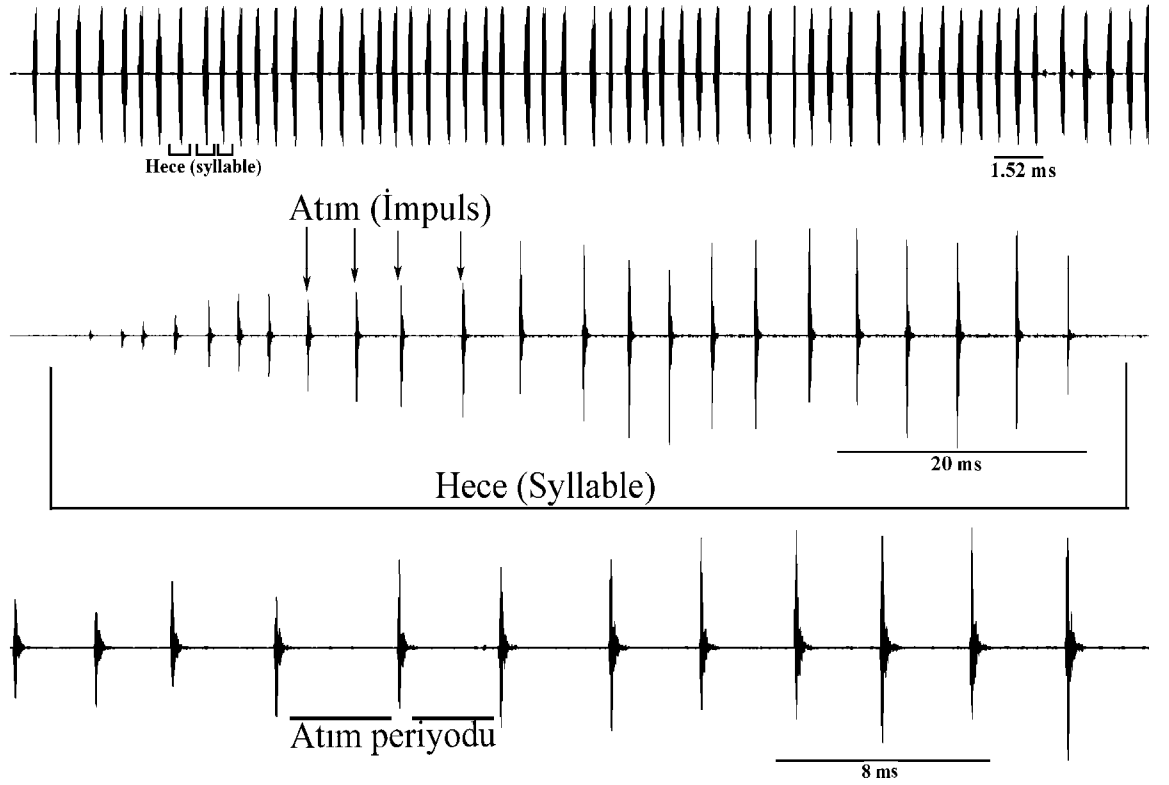
Şekil 3. 6. *P. luschani* tür grubuna ait popülasyonların erkek subgenital plaka yapısı



Şekil 3. 7. *P. luschani* tür grubuna ait populasyonların ovipozitör genel yapıları

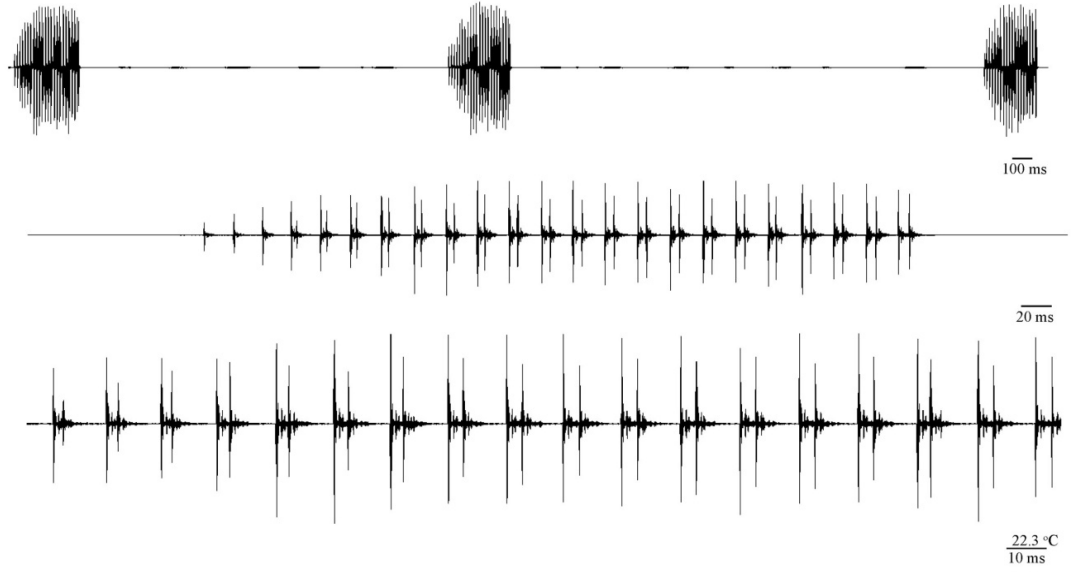
3. 3. Erkek Çağrı Sesi

Her ne kadar Denizli Tavas ve Sarayköy popülasyonları *P. birandi* olarak verilmişse de (Ünal 2005), yukarıda verilen morfolojik bulgulardan *P. luschani* grubu dışında kaldığından ses analizlerine dahil edilmemiştir. Grup dışında kaldıkları erkek çağrı sesi örüntüsü ile de destelenmektedir. Çalışılan *Poecilimon luschani* tür grubuna ait 18 popülasyonun (4- 20 birey) erkek çağrı sesi örüntü yapısı oldukça benzerdir. Erkek çağrı sesi uzun hece (syllable) gruplarından oluşmaktadır (Şekil 3. 8). Heceler tekli izole şekilde olabileceği gibi ikili heceler halinde de görülebilmektedir. Bireylere ses çıkarmaya başladığında düzensiz bir şekilde üretilen heceler devamında daha düzenli ve artan bir süreyle üretilmektedir (Şekil 3. 9).



Şekil 3. 8. Tür grubuna ait ses terminolojisinin gösterimi

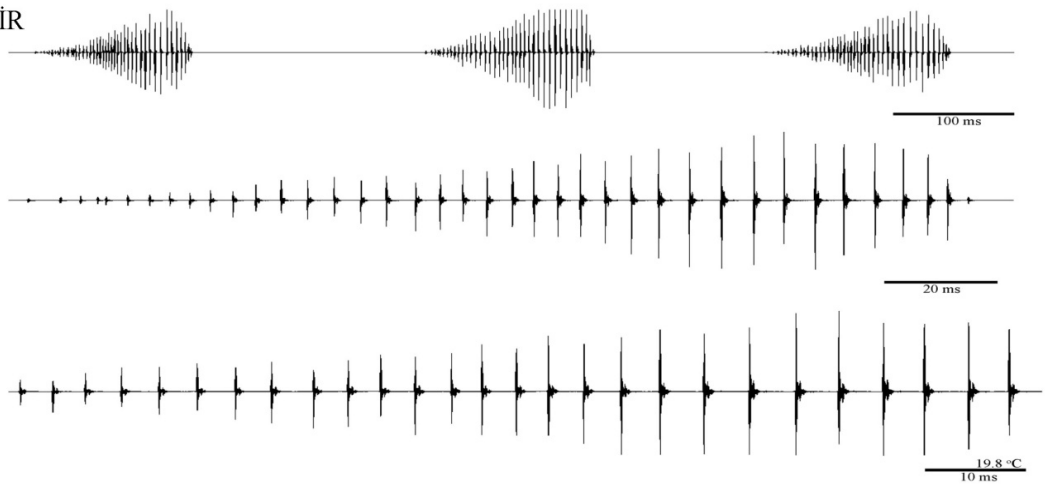
DENİZLİ



AYDIN



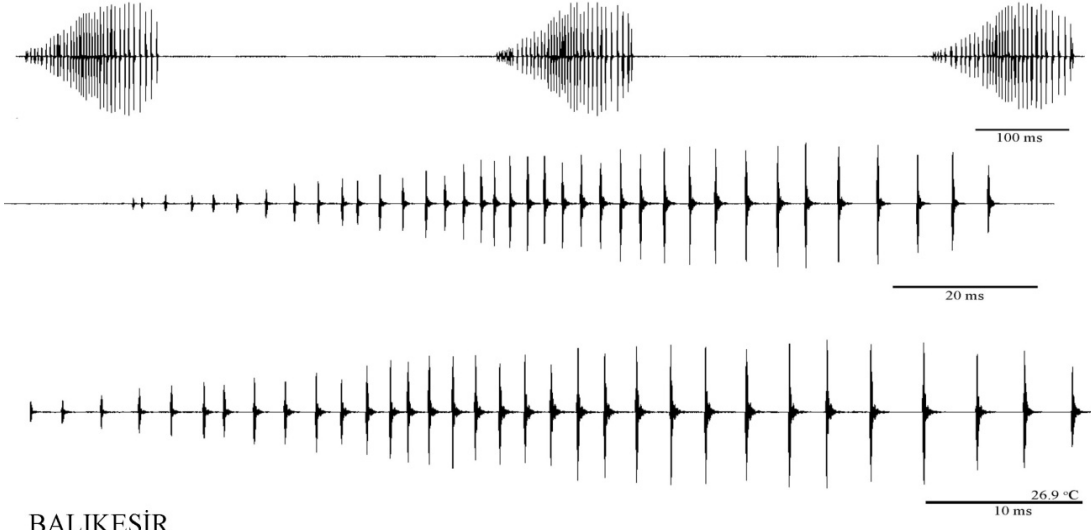
İZMİR



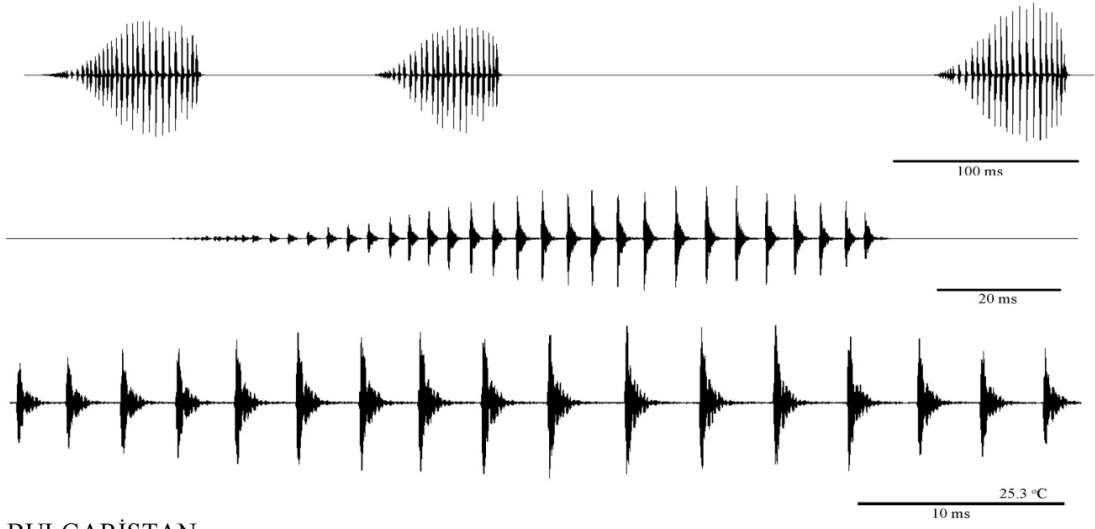
Şekil 3. 9. *P.luschani* tür grubu ve Denizli popülasyonuna ait ses osilogramları filogrular bazında verilmiştir (her ses üç farklı hızda verilmiştir)

(Devamı arkada)

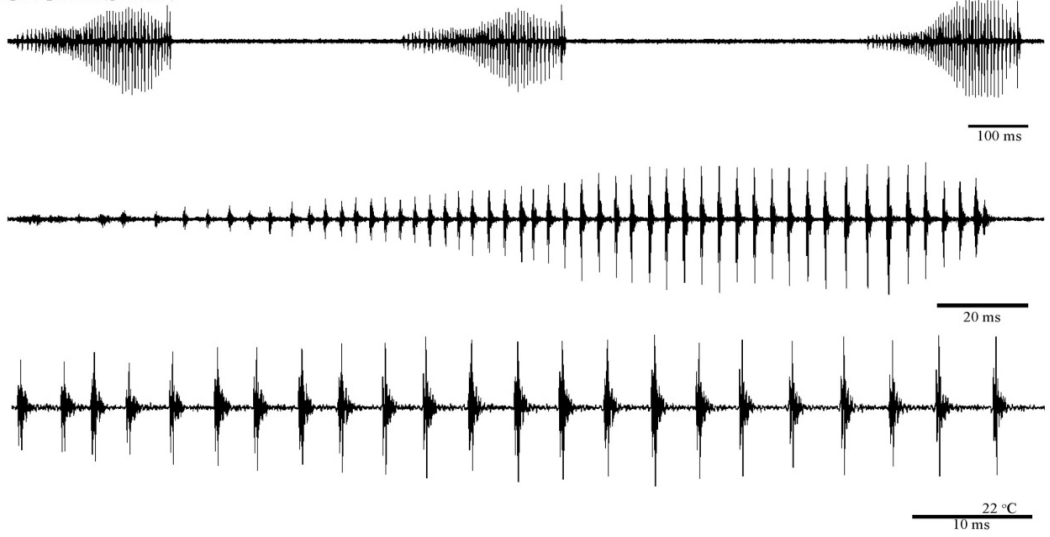
KÜTAHYA



BALIKESİR

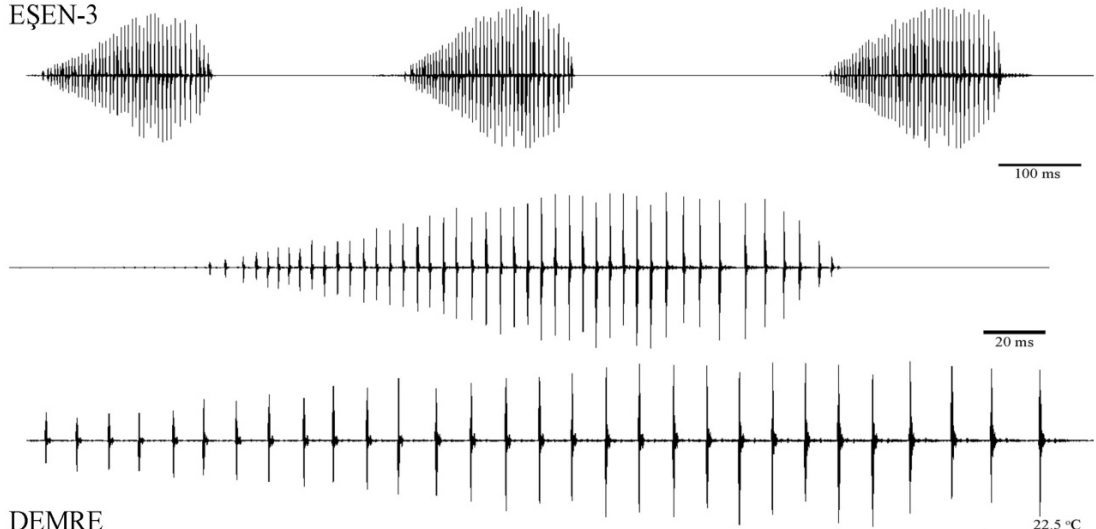


BULGARİSTAN

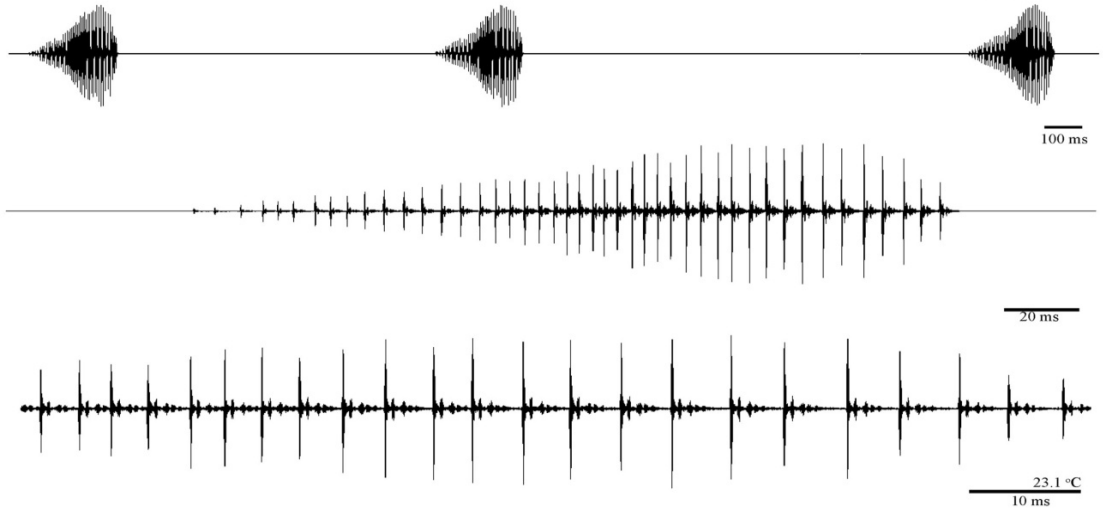


(Devamı arkada)

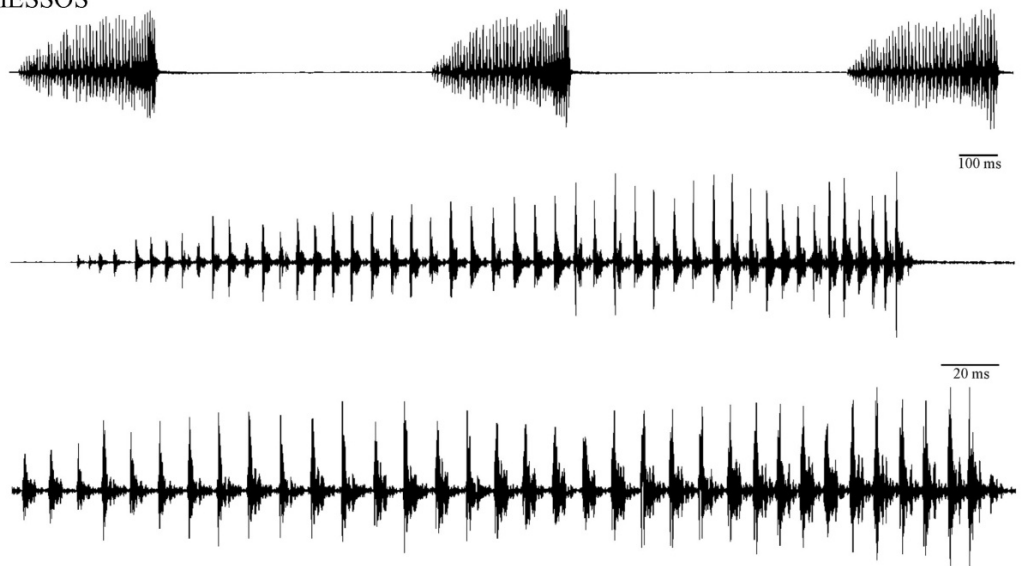
EŞEN-3



DEMRE



TERMESSOS



Erkek çağrı sesi grup bazında örüntü bakımından benzer olsa da, populasyonların farklılık gösterip göstermedikleri iki sayısal (bir hecedeki impuls sayısı ve 100 ms başına impuls sayısı), 2 zamansal (hece süresi ve impuls periyodu) ve frekans olmak üzere 5 parametre bağlamında analiz edilmiştir. Çoklu regresyon analizi hece süresi ve puls periyodu karakterlerinin zamansal değerleri ve sıcaklık arasında önemli bir korelasyon saptamıştır. Karakterlerin zamansal değerlerini etkileyen sıcaklık 25°C'ye kalibre edilerek dönüştürüldü ve sonra tüm veriler ANOVA kullanılarak analiz edildi. Sonuçlar, populasyonlar arası sınırlı ayırt edicilik ortaya koydu.

Grup bazında hece süresi 59,30 ms ile 296,44 ms arasında değişmektedir. Minimum hece süresi 59,30 ms ile Balıkesir populasyonunda ve maksimum ise 296,44 ms ile Demre populasyonunda gözlenmiştir. Hece süresi bakımından Demre (111,84-296,44 ms) en varyasyonel populasyondur (Çizelge 3. 4). Dönüştürülmüş hece süresi verilerine uygulanan Tukey testi populasyonları iki kümeye ayırmıştır. Kısa hece süresi 89,808 ms ile Balıkesir populasyonu bir küme oluştururken hece süresi daha uzun olan (115,810- 195,940 ms) diğer populasyonlar (Demre, Bulgaristan, Olimpos, Eşen-1, Kütahya, Eşen-3, İzmir, Termessos, Bakırlıdağ, Kalkan, Eşen-2, Patara, Akdağ, Eretepe, Tahtalıdağ ve Aydın) ikinci kümeyi oluşturur (Şekil 3. 10).

Her hece, bir dizi atımdan (impulsdan) oluşur. Populasyonlar arası atım sayısı 9-67 arasında değişmektedir. Hece başına en düşük atım sayısı Aydın (9 atım) populasyonunda gözlenmişken, en yüksek atım sayısı İzmir (67 atım) populasyonunda gözlemlendi. Hece başına atım sayısı bakımından en varyasyonel populasyon yine 14-67 ile İzmir populasyonudur. Atım sayılarına uygulanan analizler sonucunda dört küme elde edildi. İlk kümeye 43,235-52,987 ortalamalarıyla Eşen-1, Termessos, Akdağ, Eretepe, Kemer, Eşen-2, Eşen-3, Olimpos, Patara, Demre, Kalkan, Bakırlıdağ ve Bulgaristan populasyonları dahildir. İkinci küme 38,550-42,556 ortalamaları ile İzmir, Kütahya ve Tahtalıdağ populasyonlarını içermektedir. Aydın ve Balıkesir populasyonları 26,543 ve 33,060 ortalamalarla diğerlerinden belirgin bir şekilde ayrılarak üçüncü ve dördüncü kümeyi oluşturmuşlardır.

Çizelge 3.4. Tür grubuna ait ses verileri tablosu

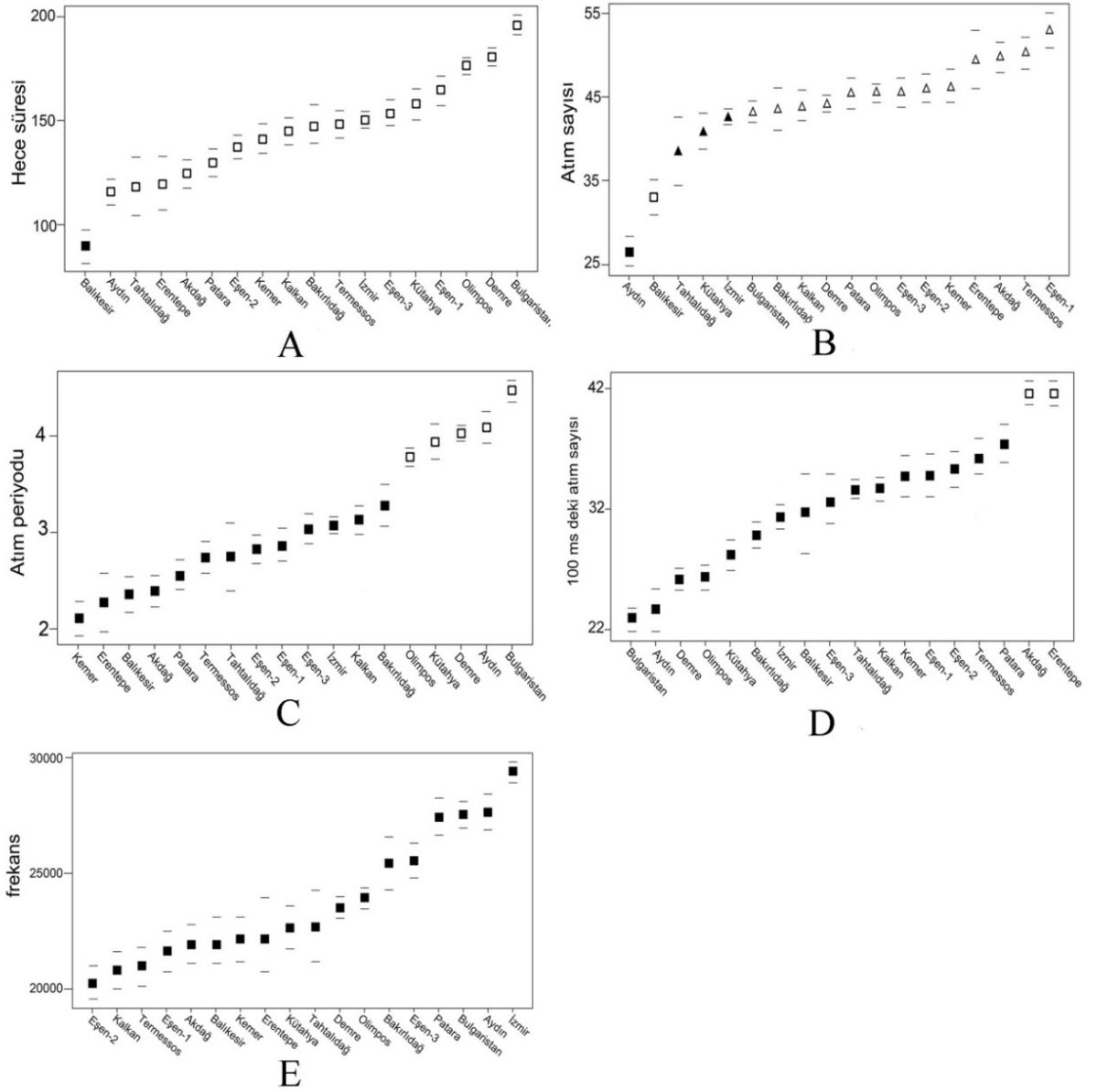
POPULASYON	HECE SÜRESİ	ATIM SAYISI	ATIM PERİYODU	100 MS'DEKİ ATIM SAYISI	FREKANS
Aydın	96.26-141.26 (115.81) A	9-43 (27) C	3.30-8.01 (4.09) A	8-39 (24) B	20830-34870 (27665) A
İzmir	92.21-228.17 (150.52) A	14-67 (42) B	1.68-5.83 (3.08) B	14-65 (31) B	22260-36690 (29382) A
Kütahya	117.91-173.98 (157.92) A	27-49 (41) B	3.10-5.85 (3.95) A	17-36 (28) B	20530-31750 (22630) A
Balıkesir	59.30-126.19 (89.81) B	21-45 (33) D	1.46-3.63 (2.36) B	25-44 (32) B	20430-24560 (22095) A
Bulgaristan	135.85-275.95 (195.94) A	30-56 (43) A	2.83-5.76 (4.46) A	14-38 (23) B	11410-34780 (27547) A
Akdağ	87.31-163.31 (124.30) A	37-56 (50) A	1.99-3.35 (2.39) B	31-48 (42) A	17200-23290 (21943) A
Erentepe	100.28-132.28 (120.01) A	41-56 (49) A	2.22-2.34 (2.28) B	39-46 (42) A	21600-23010 (22308) A
Eşen Çayı 1	107.03-201.80 (164.48) A	34-59 (53) A	1.87-4.09 (2.87) B	25-47 (36) B	18510-27650 (21620) A
Eşen Çayı-2	72.93-180.67 (137.34) A	16-61 (46) A	1.93-5.13 (2.83) B	25-46 (35) B	18320-25400 (20254) A
Eşen Çayı-3	75.05-229.67 (153.58) A	30-57 (46) A	1.77-4.54 (3.04) B	17-46 (35) B	17810-31780 (25500) A
Kalkan	110.12-171.92 (145.10) A	31-63 (44) A	2.29-4.03 (3.13) B	24-48 (33) B	15650-30560 (20840) A
Patara	91.01-169.63 (129.81) A	38-51 (45) A	1.80-3.22 (2.56) B	30-51 (37) B	23770-32040 (27428) A
Demre	111.84-296.44 (180.96) A	23-60 (44) A	2.67-5.90 (4.02) A	13-40 (26) B	18280-27930 (23505) A
Olimpos	119.92-250.82 (176.25) A	25-65 (45) A	2.31-6.80 (3.77) A	12-44 (26) B	18840-29810 (23925) A
Kemer	121.93-155.93 (141.14) A	41-58 (46) A	1.19-2.89 (2.11) B	28-49 (35) B	19780-22920 (22154) A
Tahtalıdağ	72.80-126.20 (118.45) A	35-41 (38) B	1.48-3.18 (2.75) B	31-35 (33) B	21280-23340 (22665) A
Termessos	109.98-175.98 (148.07) A	38-56 (50) A	1.94-3.95 (2.74) B	25-47 (36) B	19500-22640 (20960) A
Bakırlıdağ	117.92-168.92 (147.94) A	36-52 (44) A	2.57-3.92 (3.28) B	25-37 (30) B	22910-28590(25407) A

*minimum – maksimum (ortalama)

Çizelge 3.5. Erkek çağrı sesi verilerinin Regresyon ve Tek Yönlü ANOVA sonuçları

Karakterler	Regresyon								ANOVA		
	Trns	df _M	df _E	F	C _p	Adj-r ²	AIC	BIC	df _p	df _E	F
Hece süresi	Ln	18	2196	251.70**	19	0.6709	13569.5998	13571.9284	17	2197	126.72
Atım sayısı						-			17	2218	68.80
Atım periyodu	-	17	2185	134.27**	19	0.50712	-2269.3480	-2267.0175	17	2185	160.72
100 ms.deki atım sayısı						-			17	2133	98.46
Frekans						-			17	2207	121.26

** P<0,001 Trns: Transversion, df_M: modelin serbestlik derecesi, df_p: populasyonun serbestlik derecesi, df_E: hatanın serbestlik derecesi, F: F testi sonucu, C_p: Mallows's C_p, Adj-r²: Adjusted r square, AIC: Akaike information criterion, BIC: Bayesian or also Schwarz information criterion



Şekil 3.10. Ölçülen çağrı sesi karakterlerine ait plotlar: A- Hece süresi, B- Atım sayısı, C- Atım periyodu, D- 100ms. deki atım periyodu

Atım periyodu yönüyle en yüksek varyasyon Olimpos popülasyonunda (2,31-6,80) gözlemlendi. Kemer popülasyonu 1,19 ms ile en düşük ve Olimpos popülasyonu 6,80 ms ile en yüksek atım periyodunu göstermişlerdir. Tukey Testi sonuçları atım periyoduna göre iki küme ayırt etmiştir. Birinci kümede 3,7729-4,4563 ortalama ile Bulgaristan, Aydın, Demre, Kütahya ve Olimpos popülasyonları bulunmaktadır. İkinci kümede, 2,1062- 3,2848 ortalama ile Bakırlıdağ, Eşen-3, İzmir, Kalkan, Eşen-1, Eşen-2, Tahtalıdağ, Termessos, Patara, Akdağ, Balıkesir, Eretepe, Kemer popülasyonları bir araya gelmiştir.

Ses karakterlerinden biri olan 100 ms'lik bir hece periyodundaki atım sayısı, minimum değeri 8 atımla Aydın popülasyonunda ve maksimum değeri 65 atım ile İzmir popülasyonu gözlemlendi. Bu karakter açısından en yüksek varyasyona 14-65 atım ile İzmir popülasyonu sahiptir. 100 ms'deki atım sayısı karakterinin analizine göre 2 küme ayırt edilmiştir. İlk küme 41,568-41,577 ortalama ile Akdağ ve Eretepe popülasyonlarını, ikinci küme ise 22,923-37,443 ortalama ile diğer (Patara, Termessos, Eşen-2, Eşen-1 Kemer, Kalkan, Tahtalıdağ, Eşen-3, Balıkesir, İzmir, Bakırlıdağ, Kütahya, Olimpos, Demre, Aydın ve Bulgaristan) popülasyonları içerir.

Frekans karakterinin popülasyonlar arasında 11410-36690 arasında değiştiği saptandı. En düşük frekans değerine sahip popülasyon 11410 Hz ile Bulgaristan popülasyonu iken en yüksek değer 36690 Hz ile İzmir popülasyonunda gözlemlendi. En değişken frekans aralığı ise 11410-34780 Hz ile Bulgaristan popülasyonunda saptanmıştır. Frekans karakterine uygulanan Tukey testine göre popülasyonlar arasında belirgin bir ayırım veya gruplanma gözlenmemiştir. Popülasyonlara ait ortalama frekans değerleri 29382-20254 Hz arasında değişmektedir.

3.4. Moleküler Bulgular

3.4.1 Genetik parametreler ve coğrafik-genetik yapılanma

Laboratuvar çalışmaları süresince *P. luschani* grubuna ait 226, dış grup olarak kullanılan *Poecilimon obtusicercus*'dan 13, *P. cervus* türünden bir ve *Poecilimon izmirensis*'den 2 bireyden total DNA izole edildi ve mitokondriyal COI bölgesi çoğaltıldı. Bu örneklerden elde edilen iç grup türlerinden 226 ve dış grup türlerinden 16 olmak üzere toplamda 242 sekans filogenetik analizler için kullanıldı (Çizelge 3. 6). Aynı primerler ve analiz prosedürü kullanılmış olmasına karşın eski alkol örnekleri olan Akdağ, Eretepe ve Tahtalıdağ popülasyonlarından COI dizisi çoğaltılmak olası olmamıştır. Ancak ses ve morfolojileri bakımından *P. luschani* grubuna ait olduğu düşünülen bu popülasyonlar morfolojik incelemeler ve ses analizlerine dahil edilmiş olmasına karşın moleküler analizlere dahil edilememiştir.

MEGA v.4.0 ve MacClade v.4.03 programları kullanılarak NEXUS formatında veri matrisine dönüştürülen genin 1067 baz çifti uzunluğundaki bölgesinin dizileri tüm örnekler için elde edildi. Elde edilen sekanslara ait 1067 bazlık bölgenin 807 bazı korunmuş (conservative), 260 bazı varyasyonel (variable) ve 243 bazı parsimonik olarak bilgi vericidir. ARLEQUIN programı kullanılarak yapılan moleküler çeşitlilik indeksi sonucu populasyon başına COI bölgesine ait dizi sayısı (n), ayırt edici baz pozisyonu sayısı (S), populasyon başına haplotip sayısı (K), haplotip çeşitliliği (h), nükleotid çeşitliliği (π), ve Watterson Theta (θ) değeri Çizelge 3.7'de gösterilmiştir. Populasyonlar bazında en yüksek haplotip çeşitliliği sırasıyla İzmir (0,9467), Eşen-2 (0,9341), Aydın (0,9231) ve Kemer (0,9048) populasyonlarında izlendi. Termessos populasyonunda haplotip çeşitliliği sıfırdır. Populasyon bazında en yüksek nükleotid çeşitliliği sırasıyla Demre (0,018298), Kemer (0,013990) ve Patara (0,007772) populasyonlarında gözlenmişken Termessos populasyonunda bu değer sıfırdır.

Tür grubuna ait 81 haplotipin populasyon bazında dağılımına bakıldığında, en fazla sayıda haplotip sayısı sırasıyla İzmir (13 haplotip), Eşen-2 (9 haplotip), Aydın ve Kütahya (8 haplotip) populasyonlarında ve en az haplotip sayısı Termessos (bir haplotip) ve Bulgaristan (2 haplotip) populasyonlarında saptandı (Çizelge 3. 6). Populasyonlar arasında haplotip paylaşımına bakıldığında nerede ise tüm populasyonların haplotiplerinin özgül olduğu görüldü. Ortak haplotipi olan populasyonlar şunlardır: Bakırlıdağ-Termessos (1 haplotip; 7BAK) ve Kalkan-Patara (1 haplotip; 759KAL). Diğer tüm haplotipler saptandıkları populasyona özgüdür (Çizelge 3.6).

MODELTEST v.3.06 programının veri seti için önerdiği TrN modeli ve Gamma parametresi ($\Gamma=0,9670$) kullanılarak içgrup populasyonları arası ikili F_{ST} değerleri hesaplandı (Çizelge 3.8). Haplotip paylaşımına paralel olarak ikili F_{ST} değerleri oldukça yüksektir. Uzak coğrafik populasyonlar olan Bulgaristan, İzmir, Kütahya, Balıkesir ve Aydın populasyonları için tüm ikili F_{ST} değerleri 0,85585 ve üzeri olmak üzere çoğunlukla 1'e yakındır. Benzer yüksek değerler Antalya + Muğla yayılımı gösteren populasyonlar arasında da, özellikle doğu ve batı tarafındaki populasyonlar karşılaştırıldığında, saptanmıştır. Buna ek olarak Termessos ve Bakırlıdağ

populasyonları arasındaki F_{ST} deęeri -0,03789 bulunmuştur. Bu da Termessos populasyonuna ait tek haplotipin Bakırlıdaę ile paylaşılıyor olmasından kaynaklanmaktadır.

Populasyonların ve filogenetik birimlerin farklılaşmalarını ve varyasyonun paylaşımını belirlemek için uygulanan AMOVA testinde, filogenetik ağacın önerdiği filogruplar, Aydın, Kütahya, Balıkesir, İzmir, Bulgaristan, Antalya-Batı (Eşen-1-3, Kalkan, Patara), Antalya-Demre ve Antalya-Doęu (Termessos, Bakırlıdaę, Olimpos, Kemer) populasyonları analize grup olarak dahil edilmiştir. AMOVA her üç düzey için, gruplar arası (F_{CT}), grup içi populasyonlar arası (F_{SC}) ve populasyon içi (F_{ST}), istatistiksel olarak önemli genetik varyasyon bulmuştur (Çizelge 3. 9). Ancak, en yüksek varyasyon payı % 84,39 gruplar arasında (F_{CT}), en yüksek fiksasyon indeksi de populasyonlar içinde (F_{ST}) ise 0,94553 deęeri ile gözlenmiştir.

Çizelge 3. 6. *P.luschani* tür grubuna ait populasyonların haplotip dağılımı

Lokalite Haplotip	DIŞ GRUPLAR				TER	BAK	KEM	OLI	DEM	KAL	PAT	ES3	ES2	ES1	AYD	IZM	KUT	BAL	BUL	TOPLAM
	DET	BYG	KOR	KTH																
410DET	7																			7
503CER		1																		1
684KOR			6																	6
909KTH				2																2
7BAK*					9	14														23
129DEM								7												7
298IZO																3				3
354IZO																1				1
408IZO																2				2
413IZO																3				3
414IZO																2				2
415IZO																2				2
424IZO																3				3
427IZO																2				2
464AYD															2					2
468AYD															3					3
473KEM								1												1
603IZO																1				1
604IZO																1				1
605IZO																1				1
614IZO																1				1
618IZO																1				1
632KEM								1												1
633KEM								2												2
634KEM								2												2
637BAK								1												1
640ES3												1								1
668AYD															1					1

Çizelge 3. 6 'nın devamı

Lokalite Haplotip	DIŞ GRUPLAR				TER	BAK	KEM	OLI	DEM	KAL	PAT	ES3	ES2	ES1	AYD	IZM	KUT	BAL	BUL	TOPLAM
	DET	BYG	KOR	KTH																
669AYD															1					1
671AYD															2					2
690KEM							1													1
724PAT											1									1
725PAT											1									1
734OLI								9												9
737OLI								1												1
738DEL									6											6
746DED									1											1
747DED									6											6
749DED									2											2
758KAL										1										1
759KAL*										8	10									18
764OLI								2												2
765OLI								5												5
773KAL										1										1
775KAL										2										2
776ES3												2								2
778ES3												3								3
781ES3												2								2
782OLI								1												1
789KAL										1										1
791ES3												1								1
793ES3												1								1
817PAT											2									2
822PAT											4									4
825ES2													1							1
826ES2													3							3
827ES2													2							2
828ES2													1							1

Çizelge 3. 6'nın devamı

Lokalite Haplotip	DIŞ GRUPLAR				TER	BAK	KEM	OLI	DEM	KAL	PAT	ES3	ES2	ES1	AYD	IZM	KUT	BAL	BUL	TOPLAM
	DET	BYG	KOR	KTH																
835ES2													2							2
836ES2													2							2
846PAT											1									1
848ES2													1							1
849ES2													1							1
852ES2													1							1
888ES1														11						11
900ES1														2						2
903AYD															2					2
905AYD															2					2
906AYD															1					1
908KUT																	4			4
911KUT																	4			4
923BAL																		7		7
926BAL																		1		1
929KUT																	1			1
930KUT																	2			2
932KUT																	1			1
934KUT																	1			1
948BAL																		5		5
949KUT																	1			1
950KUT																	3			3
995BAL																		2		2
1084BUL																			14	14
1087BUL																			1	1
1252KAL										1										1
1318DED									1											1
TOPLAM	7	1	6	2	9	15	7	18	23	14	19	10	14	13	14	23	17	15	15	242

* ile gösterilen haplotipler populasyonlar arasında paylaşılanlardır

Çizelge 3. 7. *P.luschani* tür grubuna ait 15 populasyon için genetik çeşitlilik indeksleri

Populasyon	<i>n</i>	<i>S</i>	<i>K</i>	<i>h</i>	π	θ
Aydın	14	13	8	0.9231 +/- 0.0438	0.003084 +/- 0.001898	3.219780+/-1.983571
İzmir	25	18	13	0.9467 +/- 0.0206	0.003765 +/- 0.002173	3.913333+/-2.262059
Kütahya	17	7	8	0.8824 +/- 0.0468	0.002427 +/- 0.001534	2.529412+/-1.601153
Balıkesir	14	11	5	0.6952 +/- 0.0815	0.001907 +/- 0.001275	1.980952+/-1.328052
Bulgaristan	12	1	2	0.1667 +/- 0.1343	0.000159 +/- 0.000258	0.166667+/-0.270355
Eşen-1	13	1	2	0.2821 +/- 0.1417	0.000269 +/- 0.000345	0.282051+/-0.361457
Eşen-2	14	9	9	0.9341 +/- 0.0448	0.002214 +/- 0.001444	2.307692+/-1.507508
Eşen-3	10	12	6	0.8889 +/- 0.0754	0.004167 +/- 0.002541	4.333333+/-2.646633
Kalkan	14	19	6	0.6813 +/- 0.1316	0.005690 +/- 0.003240	5.780220+/-3.303400
Patara	19	20	6	0.6959 +/- 0.0969	0.007772 +/- 0.004215	7.812865+/-4.252583
Demre	23	45	6	0.7945 +/- 0.0432	0.018298 +/- 0.009377	17.715415+/-9.106969
Olimpos	18	5	5	0.6928 +/- 0.0864	0.001494 +/- 0.001043	1.562092+/-1.092391
Kemer	7	28	5	0.9048 +/- 0.1033	0.013990 +/- 0.008186	14.095238+/-8.263475
Termessos	9	0	1	0.0000 +/- 0.0000	0.000000 +/- 0.000000	0.000000 +/-0.000000
Bakırlıdağ	15	16	2	0.1333 +/- 0.1123	0.002107 +/- 0.001380	2.133333+/-1.408185

*örnek sayısı (*n*), polimorfik baz sayısı (*S*), haplotip sayısı (*K*), haplotip çeşitliliği (*h*), π (nükleotit çeşitliliği), Watterson Theta (θ)

sapma, populasyonun demografik yapısına genişlemeler veya daralmalar şeklinde yansır. Uygulanan nötralite ve mismatch testlerinde Bakırlıdağ ve Balıkesir populasyonlarında Tajima's D genişleme yönünde nötraliteden sapmaya işaret ederken SSD ve Hri bunu destekler şekilde basamaklı bir genişlemeye işaret etmektedir. Bu iki populasyondan farklı olarak Eşen-2 populasyonunda Fu's Fs' ini destekler şekilde, SSD ve Hri değerleri de populasyonda bir genişlemeye işaret etmektedir. Diğer populasyonlarda genişlemeye ya da güçlü dar boğaza yönelik nötraliteden herhangi bir sapma gözlenmemiştir. Populasyonlar çoğunlukla stabil bir demografik yapı göstermektedir. Çizelge 3. 10' da en az üç parametre için genişleme yönünde nötraliteden sapma gösteren populasyonlardaki olası genişleme zamanları verilmektedir. Populasyonların genişleme zamanları moleküler saat kronogramı ile de uyumluluk göstermektedir.

Çizelge 3. 8 *P. luschani* tür grubuna ait 15 popülasyonun Pairwise F_{ST} değerleri (alt diyagonal) ve P değerleri(üst diyagonal)

Popülasyon	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1 Bakırlıdağ	-	0.99099	0.01802												
2 Termessos*	-0.03789	-													
3 Kemer*	0.42123	0.44762	-												
4 Olimpos*	0.90426	0.94772	0.67293	-											
5 Demre*	0.66360	0.64516	0.51440	0.69924	-										
6 Eşen 1*	0.97337	0.99657	0.89450	0.97977	0.58935	-									
7 Eşen 2*	0.95146	0.96922	0.86814	0.96119	0.53809	0.84572	-								
8 Eşen 3*	0.93744	0.95280	0.82966	0.94950	0.49189	0.85877	0.75020	-							
9 Kalkan*	0.92137	0.92847	0.82887	0.93378	0.52945	0.77461	0.66683	0.67694	-						
10 Patara*	0.88677	0.88694	0.79979	0.90156	0.50036	0.66191	0.54907	0.58704	0.26084	-					
11 Aydın*	0.97188	0.97932	0.92636	0.97397	0.85585	0.97951	0.96881	0.95935	0.94805	0.93163	-				
12 İzmir*	0.97654	0.97907	0.95617	0.97913	0.92453	0.98227	0.97731	0.97326	0.96951	0.96146	0.97825	-			
13 Kütahya*	0.97734	0.98400	0.94302	0.98100	0.87592	0.98463	0.97596	0.96784	0.96044	0.94517	0.97460	0.97898	-		
14 Balıkesir*	0.97781	0.98658	0.93991	0.98194	0.87360	0.98830	0.97972	0.97083	0.96197	0.94439	0.97882	0.97752	0.97819	-	
15Bulgaristan*	0.98581	0.99896	0.94235	0.98906	0.85781	0.99764	0.98553	0.97798	0.96418	0.94403	0.98378	0.98644	0.98644	0.98906	-

* İle gösterilenlerin P değeri $< 0,001$ ' dir. Bu nedenle üst diagonalde gösterilmemiştir.

Çizelge 3. 9 Tür grubuna ait popülasyonların AMOVA değerleri

Varyasyon kaynağı	Serbestlik derecesi	Kareler toplamı	Varyans komponentleri	Varyansın yüzdesi	Fiksasyon indeksi
Gruplar arası (F_{CT})	7	7868.252	39.68022 Va	84.39	0.65115
Gruplar içi popülasyonlar arası (F_{SC})	7	450.775	4.78058 Vb	10.17	0.65115
Popülasyonlar içi (F_{ST})	210	537.835	2.56112 Vc	5.45	0.94553
Toplam	224	8856.862	47.02192		

* $P < 0,05$

Çizelge 3. 10 Tür grubuna ait popülasyonların tarihsel demografik analizleri

Populasyon	Nötralite Testi		Mismatch Dağılımı					
	Tajima's D	Fu's F_s	θ_0	θ_1	τ	SSD	H_{ri}	t (MYA)
Aydın	-0.85334 (P= 0.21300)	-1.71354 (P=0.16000)	0.000	99999.00	3.705	0.02611 (P=0.15000)	0.07378 (P=0.22000)	-
İzmir	-0.64033 (P=0.27800)	-3.67655 (P=0.04600)	0.016	59.141	4.266	0.00655 (P=0.34000)	0.03126 (P=0.380000)	-
Balıkesir	-1.59737 (P=0.04200)	1.28470 (P=0.78900)	0.002	99999.00	1.023	0.02116 (P=0.28000)	0.12625 (P=0.35000)	0.0208
Kütahya	0.76562 (P=0.81500)	-1.84911 (P=0.13600)	0.186	11.328	3.062	0.00454 (P=0.66000)	0.03416 (P=0.830000)	-
Bulgaristan	-1.14053 (P=0.17200)	-0.47566 (P=0.14700)	0.000	0.450	2.965	0.02289 (P=0.26000)	0.47222 (P=0.370000)	-
Eşen-1	-0.27429 (P=0.32700)	0.24043 (P=0.32600)	0.900	3.600	2.982	0.25182 (P=0.15000)	0.26955 (P=0.340000)	-
Eşen-2	-0.70836 (P=0.26000)	-4.20474 (P=0.00400)	0.000	99999.00	1.713	0.01501 (P=0.36000)	0.04431 (P=0.750000)	0.034
Eşen-3	0.09743 (P=0.57900)	0.05208 (P=0.49300)	0.002	27.852	6.625	0.05558 (P=0.05000)	0.09333 (P=0.42000)	-
Kalkan	-0.13545 (P=0.49100)	1.98105 (P=0.84800)	0.000	214.352	0.000	0.44294 (P=0.00000)	0.37229 (P=1.000000)	-
Patara	1.40553 (P=0.95900)	4.55999 (P=0.96000)	0.000	1.634	16.637	0.12534 (P=0.16000)	0.16052 (P=0.500000)	-
Demre	1.76336 (P=0.97300)	12.30728 (P=0.99900)	0.000	32.405	32.371	0.11490 (P=0.01000)	0.184505 (P=0.010000)	-
Olimpos	0.23606 (P=0.59600)	-0.12909 (P=0.44300)	0.000	3.324	2.527	0.02926 (P=0.26000)	0.10641 (P=0.470000)	-
Bakırlıdağ	-2.27571 (P=0.00100)	5.02882 (P=0.98000)	0.000	0.080	3.000	0.02602 (P=0.06000)	0.78666 (P=0.780000)	0.0602

* θ_0 : Theta 0, θ_1 : Theta 1, SSD: Sum of Squared Deviations, H_{ri} : Harpending's raggadness index, τ : Tau, t (MYA): Time (Million Year Ago)

3.4.2. Filogeni ve farklılaşma zamanları

Sekanslar hizlanıp eşit uzunluğa getirmek için kesildiğinde 1067 bç uzunluğunda bir bölge kalmıştır. Diziler hizalanıp tekrar olan diziler (redundant taxa) elendikten sonra 81'i içgrup ve 4'ü dışgrup olmak üzere toplam 85 farklı haplotip tanımlanmıştır. Bu veri matrisi ile yapılan MP analizi, çalışılan gen için 37 655 eş derecede parsimonik ağaç ile sonuçlanmıştır (ağaç uzunluğu=824, CI=0,502, RI=0,896, RC=0,450).

MP ağacı 100 tekrarlı 'full-heuristic' ağaç taramalı seç-bağla (bootstrap) dal destek değerleriyle birlikte Şekil 3. 11'de verilmiştir. MP ağacı tarafından önerilen birçok dal seç-bağla analizinden de yüksek destekler almıştır. MP ağacı, içgrup türlerine ait haplotipleri monofiletik bir grup olarak önermiştir. İç grup içinde, İzmir popülasyonu haplotipleri bir filogrup oluşturur ve bazal bir dal olarak yer alır. İzmir popülasyonu dışındaki haplotiplerin oluşturduğu filogrup dört dallı bir bazal politomi ile başlar: (1) Bulgaristan popülasyonuna ait haplotipler, (2) Balıkesir ve Kütahya popülasyonlarına ait haplotipler (ancak seç-bağla analizi bu Balıkesir + Kütahya monofilisini desteklememiştir), (3) Aydın popülasyonuna ait haplotipler ve (4) Antalya + Muğla popülasyonlarına ait haplotipler. Antalya ve Muğla popülasyonlarına ait haplotiplerin oluşturduğu filogrup kendi içinde iki alt filogruba ayrılır. İlk filogrup Antalya + Muğla yayılışının doğu kısmında (Termessos, Bakırlıdağ, Kemer, Olimpos ve Demre) yer alan popülasyonlara ait haplotipleri ve ikincisi bu yayılışın batı kısmında (Demre, Patara, Kalkan, Eşen) yer alan popülasyonlara ait haplotipleri içerir. Seç bağla testi, ilk filogrup için % 80 destek değerleri önerirken, ikinci grup için % 97 destek değeri önermiştir. Hem Doğu filogrubunun hemde Batı filogrubunun kökünde Demre popülasyonuna ait haplotipler yer almaktadır.

ML ve BI analizleri için dizilere en uygun baz değişim modelini belirlemek amacıyla uygulanan MODELTEST v.3.6 programı, Akaike Information Criterion (AIC)'ye göre GTR+ Γ +I (-lnL= 5396,4312) modelini ve Hierarchical Likelihood Ratio Test (hLRT)' e göre TrN+I+ Γ (-lnL= 5405,6855) modellerini belirledi. Birincisinin -lnL değeri diğerinden daha yüksek olduğundan analizlerde bu model kullanıldı. AIC'ye göre ti/tv=5,78, baz frekansları adenin (A)=0,2853, sitozin (C)=0,2042, guanin (G)=0,1431, timin (T)=0,3674 olarak belirlendi. Substitüsyon modelinin önerdiği baz

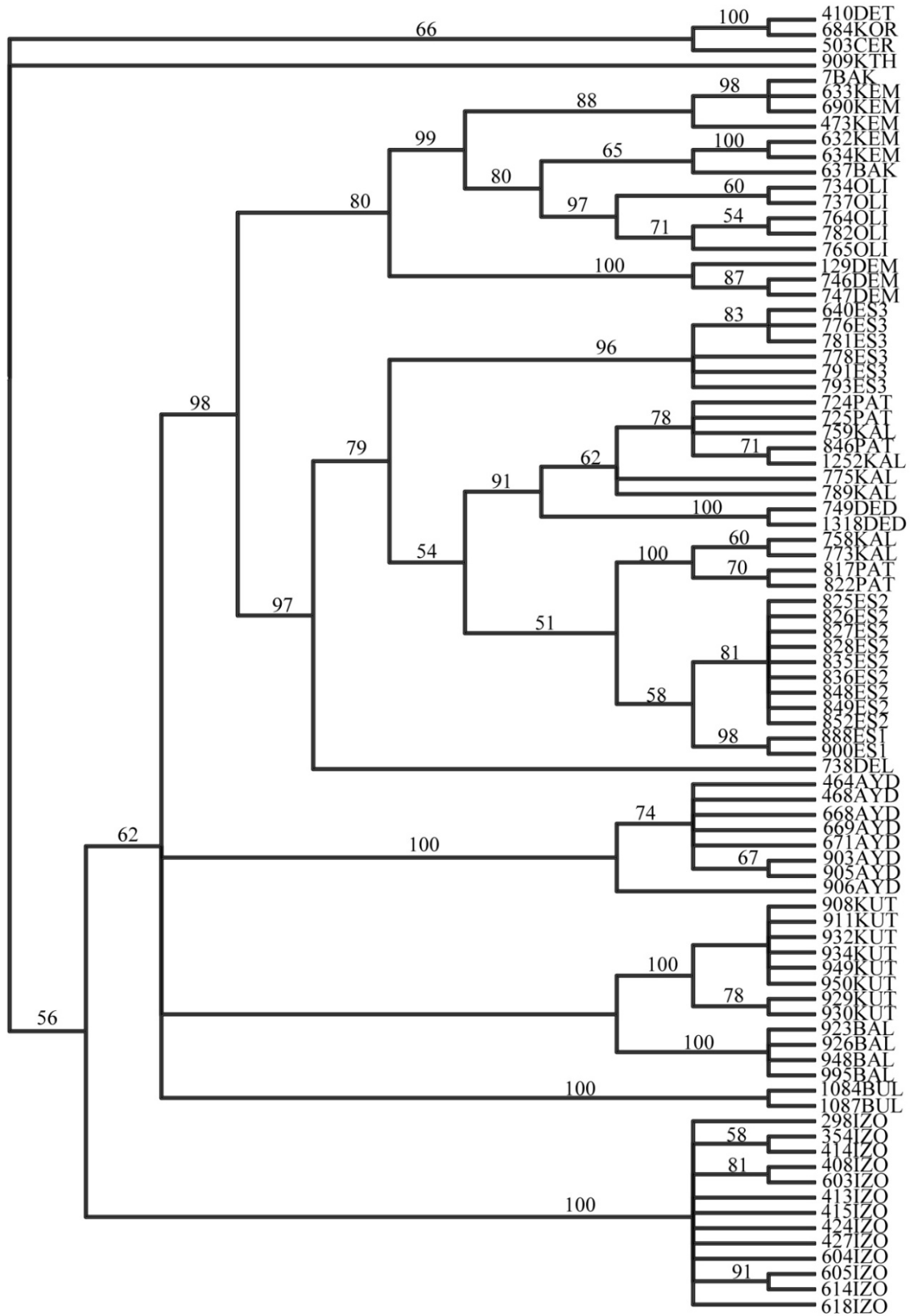
değişim oranları R(a) [A-C]= 3,1345, R(b) [A-G]= 19,6206, R(c) [A-T]= 3,5314, R(d) [C-G]= 0,5050, R(e) [C-T]= 37,4429, R(f) [G-T]=1,0000, değişken bölgelerin oranı (G)=1,2239, değişmeyen bölgelerin oranı ise (I)=0,5926 olarak hesapladı. Önerilen model ve parametreler doğrultusunda PAUP v.4.0b10 kullanılarak ML ve MrBayes v.3.1 kullanılarak BI filogenetik analizleri yapıldı.

Tüm veri matrisine uygulanan ML analizi, uygulanan seç bağla testinden aldığı 100 tekrarlı destek değerleri ile Şekil 3. 12'de verilmiştir. ML ağacı halotipler arası ilişkiyi oldukça iyi çözümlenmiştir. ML ağacı İzmir popülasyonu akrabalık ilişkisi hariç, MP ağacına paralel bir dallanma göstermiştir. ML ağacında dış gruplardan *P. izmirensis* haplotipi diğer dış grupları dışarıda bırakarak iç grup halotipleri ile birlikte bir monofiletik grup oluşturur. Bir üst düğüm basamak bir bazal trikotomi ile başlar: (1) *P. izmirensis*, (2) İzmir popülasyonu haplotipleri ve (3) diğerleri. Sonraki basamakta Bulgaristan popülasyonu haplotiplerinin oluşturduğu filogrup diğerlerine kardeş grup olarak yer almıştır. MP ağacında olduğu gibi Balıkesir + Kütahya monofilisi kısmen (%79) desteklenmiştir. Bunların bir üst basamağında Aydın popülasyonuna ait haplotiplerin oluşturduğu filogrup bulunmaktadır. Bazalda %97 seç-bağla desteği alan Antalya + Muğla popülasyonları ise yine Doğu ve Batı olmak üzere iki alt filogruba ayrılır. Hem Doğu hemde Batı filogrularının bazalında yine Demre popülasyonuna ait haplotipler yer almıştır.

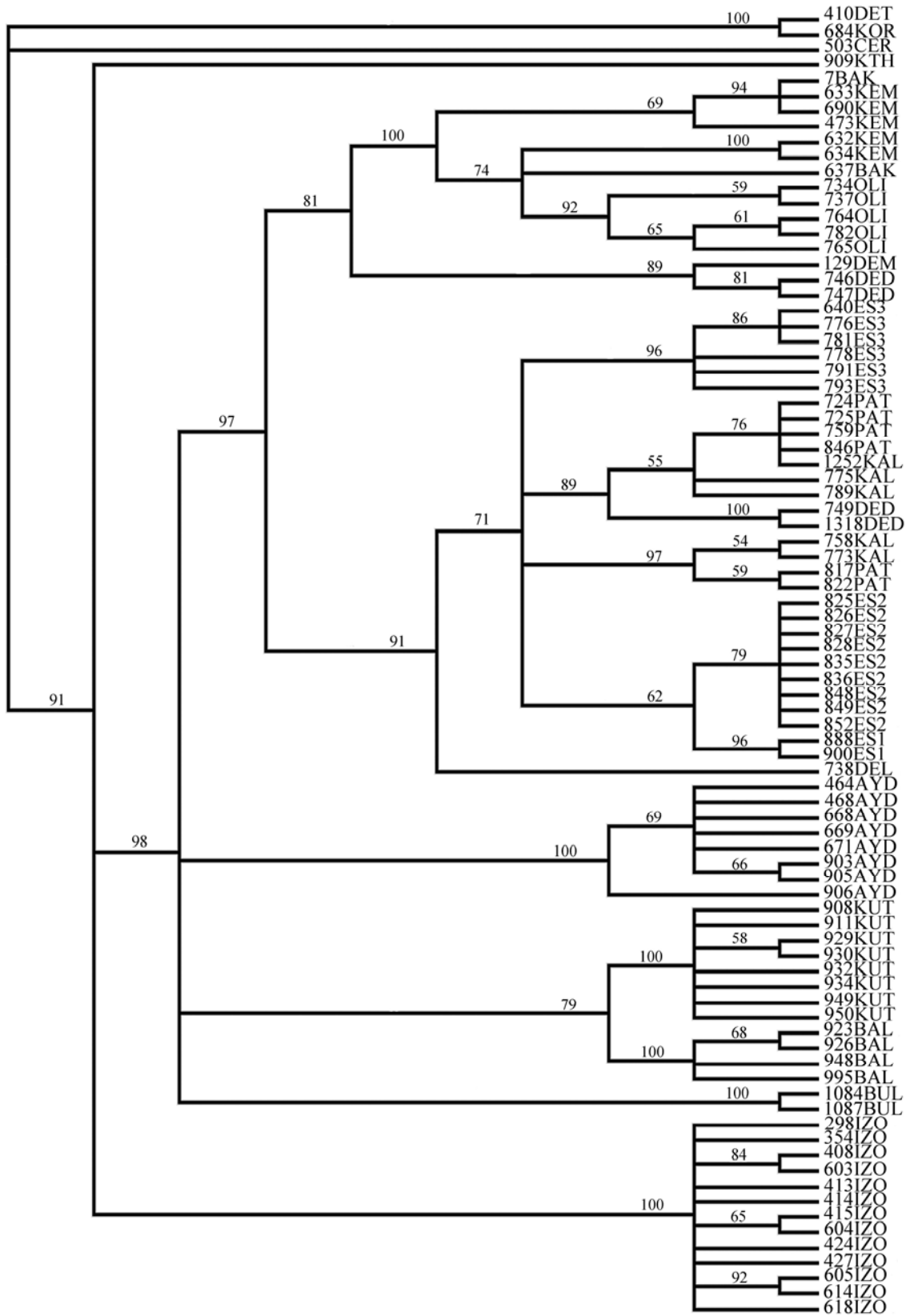
Aynı matrise, aynı model ve parametreler kullanılarak, uygulanan BI analizi oldukça yüksek posterior probability değerleri olan bir filogenetik ağaç önermiştir (Şekil 3. 13). BI ağacı bazalda dört dallı bir politomi ile başlar işaret etmiştir: (1) dış grup haplotiplerinden *P. izmirensis*, (2) dış grup *P. obtusicercus* ve *P. cervus* haplotipleri, (3) İzmir popülasyonu haplotiplerinin oluşturduğu filogrup ve (4) Antalya + Muğla, Aydın, Kütahya, Balıkesir ve Bulgaristan popülasyonlarına ait haplotiplerin oluşturduğu filogrup. Dördüncü filogrup Bulgaristan haplotipleri ve diğerleri olmak üzere bazal dikotomi ile başlar. Ancak, Bulgaristan dışındaki haplotiplerin oluşturduğu filogruba olan posterior probability desteği düşüktür (0,54). Sonraki basamakta üç filogrubun yer aldığı bir trikotomi görülür: (1) Aydın popülasyonu haplotipleri, (2) Kütahya + Balıkesir haplotipleri ve (3) Antalya + Muğla haplotipleri. Her bir filogruba olan posterior probability değerleri oldukça yüksektir. MP ve ML ağaçları gibi Antalya +

Muğla populasyonlarına ait haplotipler Doğu ve Batı olmak üzere iki filogrup oluştururlar.

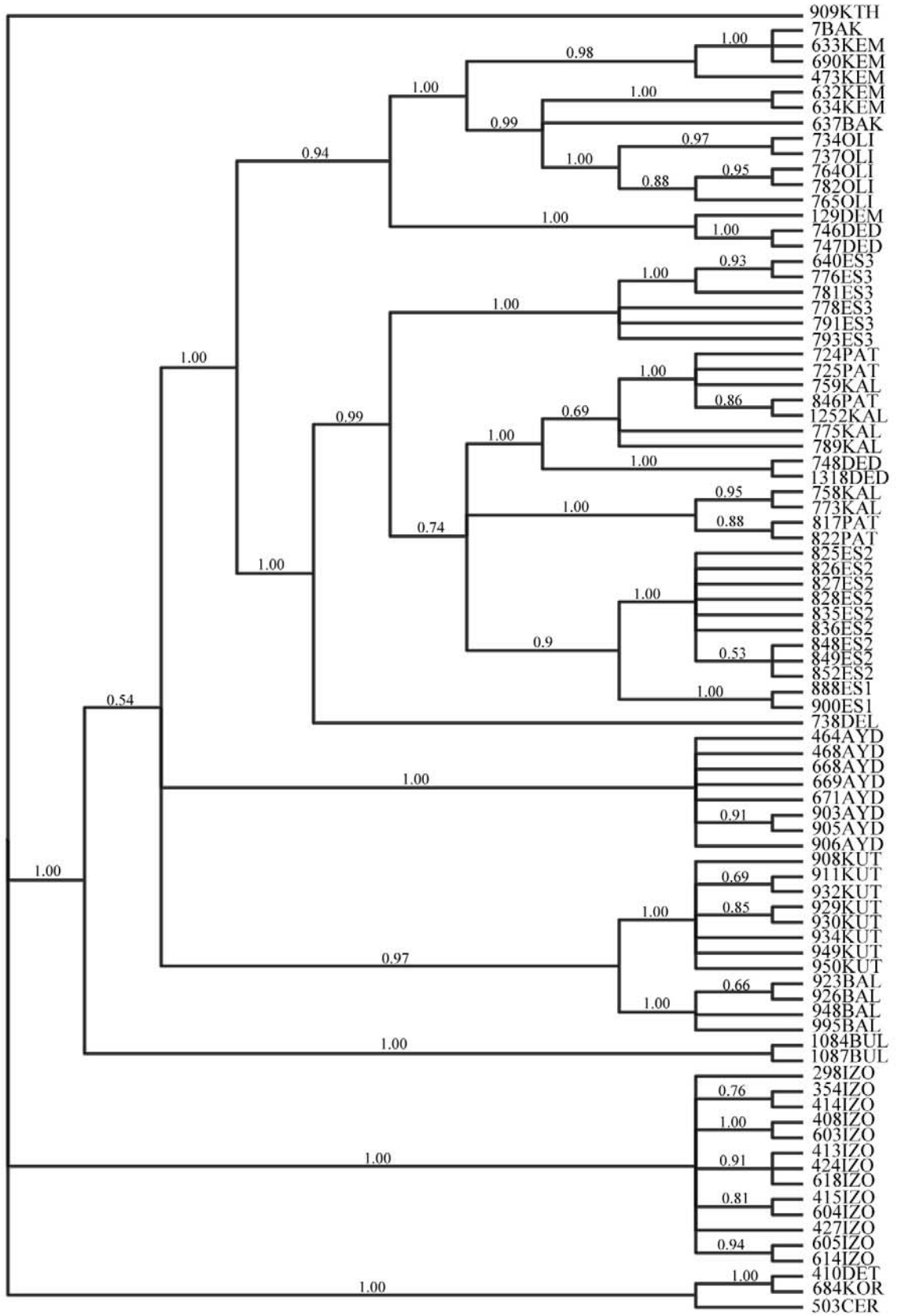
Farklılaşma zamanını tahmin etmek için uygulanan BEAST analizi sonuçları Şekil 3.14'de verilmiştir. BEAST ağacına göre iç grup türleri yaklaşık 4,14 milyon (HPD, 3,1799-4,6119) yıl önce son ortak atayı paylaşırlar. İlk olarak İzmir populasyonu ayrılır ve kalanlar (Aydın, Bulgaristan, Balıkesir, Kütahya ve Antalya + Muğla) yaklaşık 2.8 milyon (HPD, 2,2296-3,1881) yıl önceki bir atada birleşirler. BEAST kronogramına göre sonraki basamakta ilk olarak Bulgaristan populasyonu ayrılır ve (Balıkesir + Kütahya + (Aydın + (Antalya + Muğla))) filogrubu 2,53 milyon yıl önce son bir ortak atayı paylaşırlar. Kütahya ve Balıkesir populasyonları son bir ortak atayı 2,27 milyon (HPD, 1,7142-2,7368) yıl önce paylaşırlar. Aydın populasyonu ile Antalya + Muğla filogrubunun son bir ortak atayı paylaşmaları 2,32 milyon yıl öncedir. Antalya + Muğla coğrafik birimine ait iki filogrup 981 bin yıl önce son bir ortak ataya sahipken, bunlardan Doğu grubu haplotipleri 573 bin (HPD, 0,4459-0,7679) yıl, Batı grubu haplotipleri 571 bin (HPD, 0,377- 0,6887) yıl önce son bir ortak atada birleşirler.



Şekil 3. 11. *P. luschani* tür grubuna ait haplotiplerin 100 tekrarlı full-heuristic maksimum parsimoni katı uyum ağacı, dallar üzerindeki değerler 100 tekrarlı seç-bağla testi desteklerini göstermektedir

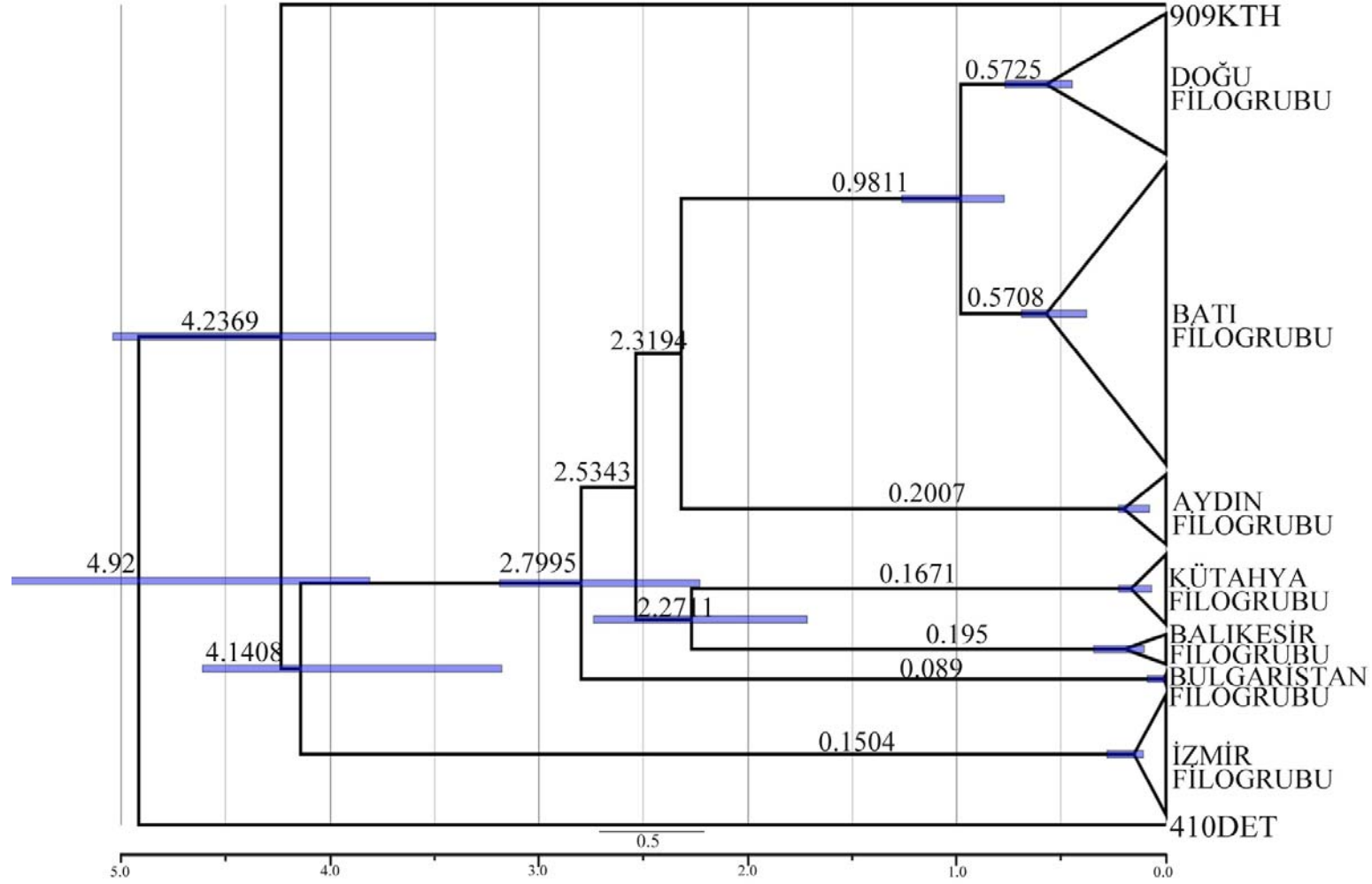


Şekil 3.12. *P. luschani* tür grubuna ait haplotiplerin maksimum olasılık ağacı, dallar üzerindeki değerler 100 tekrarlı seç-bağla testi desteklerini göstermektedir



Şekil 3.13. *P. luschani* tür grubuna ait haplotiplerin Bayesian filogenetik ağacı, dallar üzerindeki değerler posterior probability değerlerini göstermektedir

Şekil 3.14. *P. luschni* tür grubu haplotiplerinin BEAST kronogramı



4. TARTIŞMA

Çalışma kapsamında edinilen verilerin işaret ettiği birçok yeni durum veya tartışılması gereken husus vardır. Bu hususların her biri farklı çalışma disiplinleri ile ilgilidir. İlki, veriler tür grubunun taksonomisinin yeniden düzenlenmesini önermektedir ve verilerin işaret ettiği yeni sınıflandırma tartışılacaktır. Verilerin işaret ettiği taksonomik yeniden düzenleme aynı zamanda cinsin taksonomisinde yaygın olarak kullanılan karakterlerin kullanışlılığı bağlamında da işaret ettiği yeni durumlar, özellikle morfolojik karakterlerde homoplasinin yaygın olduğu, değerlendirilecektir. İkincisi, tür grubun filogenisine ilişkin veriler ilk defa bu çalışma ile elde edilmiştir. Filogenetik ilişkiler bazında grubun taksonomisinde kullanılan karakterlerin, özellikle morfolojiye ait, homolojik olup olmadıkları konusunda işaret ettikleri vardır ve bunların değerlendirilmesi gerekecektir. Üçüncüsü tür grubunun yayılışı Doğu Balkanlar ve Batı Anadolu'dur ve grubun türleşme örüntüsü ve farklılaşma zamanları filocoğrafik açıdan yeni durumlara işaret etmektedir. Bu nedenle veriler hem Batı Anadolu'da yayılış değişimleri hem de Anadolu-Balkanlar arasında faunal alış-veriş veya kesikliklerin oluşumu açısından tartışılacaktır.

4.1. Taksonomi

Mevcut literatür şu an tür grubu içerisinde geçerli 4 türün varlığını kabul etmektedir (OSF-2012, Ünal 2005): *P. luschani* Ramme 1933, *P. ledereri* Ramme 1933, *P. orbolicus* Pancic 1883, ve *P. birandi* Ramme 1950. İlk tür *P. luschani luschani* Ramme 1933 ve *P. luschani egrigozi* Ünal 2005 olmak üzere iki alttür olarak verilmektedir. Eldeki üç veri kaynağının kombinasyonu, morfoloji, ses ve moleküler (COI), grup içerisinde ayrı üreme birlikleri olabilecek veya ayrı türler olarak kabul edilebilecek daha fazla biyolojik birime işaret etmektedir. Bulgaristan, Balıkesir, İzmir ve Aydın diğer tüm populasyonlardan açık bir şekilde farklı birimler olarak tanımlanabilmektedir. Kütahya populasyonu hariç 16S rDNA verileri de aynı sonuca işaret etmektedir.

Antalya + Muğla yayılışı gösteren populasyonlar fenotipik (ses ve morfoloji bağlamında) farklılıklar arz etse de, bu farklılıklarla genetik farklılaşma arasında bir uyum yoktur. Aynı şekilde varyasyonlar coğrafik yapıya paralel bir kesiklik de arz etmemektedir. Fenotipik yapılar ciddi varyasyonlar gösterse de filogeni ve coğrafya ile düzenli bir ilişki göstermemesi grubun taksonomisinin düzenlenmesinde fenotipin kullanılabilirliği olmadığı kanısını uyandırmıştır. Özellikle, genetik verilerin işaret ettiklerinin, üreme birliklerini tanımlada daha işlevsel olduğu (Hillis vd 1998, Nei ve Kumar 2000) düşünülerek bu verilerin (filogenetik ağaç, coğrafik-genetik yapılanma ve genetik farklılaşma) ortaya koydukları geçerli kabul edilmiştir. Genetik veriler Antalya + Muğla yayılışına ait populasyonlar için Doğu filogrubu (Termessos, Bakırlıdağ, Tahtalıdağ, Kemer ve Olimpos) olarak adlandırdığımız ayrı bir üreme birliğini açık olarak desteklemektedir. Demre populasyonu, Batı ve Doğu filogruları ile daha karmaşık bir durum arz etmektedir. Demre populasyonuna ait üç haplotip (DEM129, 746DED ve 747DED) Doğu grubunun kökünde bir filogrup oluşturur. Ancak, Demre populasyonunun Batı grubu ile ilişkisi daha karmaşıktır. Öyleki, Demre dışındaki, diğer Batı populasyonları filogenetik ağaç, coğrafik-genetik yapılanma ve genetik farklılaşma bağlamında bağımsız bir üreme birliğine işaret etmektedir. Ancak, Demre populasyonuna ait bir haplotip (738DEL) Batı filogrubunun kökeninde bağımsız bir dal oluşturmaktadır. Demre populasyonundan saptanan diğer iki haplotip (749DED ve 1318DED) Batı filogrubunun içinde yer alır. Bu iki haplotip her ne kadar Batı filogrubuna ait olsada, Batı grubuna ait her hangi bir populasyondan saptanmamış olması nedeniyle güncel değil eski bir gen akışına işaret etmesi olasıdır. Türleşme bakımından kapsamlı bir çalışma gerektirse de, şimdiki veriler ışığında olası açıklama şudur: Demre populasyonu olasılıkla atasal populasyondur ve Doğu ve Batı filogruları buradan köken almıştır. Ancak olasılıkla üç alt populasyona ayrılan ve kısmen farklılaşmış iki ayrı populasyon (Demre ve Batı filogrubu) arasında sonra tekrar bir gen alış-verişi yaşanmıştır. Bu durum hem Kaya (2008) hem de Çıplak vd (2012) tarafından 16S rDNA verileri ile de ortaya konan durumdur. Bu nedenle Demre populasyonu, kısmi üreme bağımsızlığı kazanmış, ancak Batı populasyonu ile potansiyel üreme ilişkisi saptanmayı bekleyen bir filogrup olarak düşünülebilir.

Tüm bu veriler ışığında, önceki taksonomik kararlardan şunlar teyit edilmiştir.

1- Bulgaristan – *P. orbelicus* Pancic 1883 : Tip yeri –Rila Dağı, Bulgaristan. Mevcut kayıtlar bağlamında (Harz 1969, Willemse 1984, 1985) Makedonya, Yunanistan ve Bulgaristan’da yayılış göstermektedir. Türkiye’nin Trakya kısmından rapor edilmemiştir.

2- İzmir – *P. ledereri* Ramme (Tip yeri – İzmir, Bozdağ). Çalışmanın verileri ve literatür kayıtları bu türün yayılışının İzmir-Bozdağ civarı ile sınırlı olabileceğine işaret etmektedir.

3- Antalya– *P. birandi* Karabağ (Tip yeri – Antalya, Tahtalıdağ). Tip yeri popülasyonu dışında bu çalışmaya dahil edilen Bakırlıdağ, Termessos, Kemer ve Olimpos popülasyonları da bu türe aittir. Filogenetik, coğrafik-genetik yapılanma ve genetik farklılaşma Alakır Çayı’nın bu türün batıdaki yayılış sınırını oluşturduğuna işaret etmektedir. Termessos’dan daha doğuda belirlenememiştir. Her ne kadar Denizli’den türün kaydı varsa da (Ünal 2004) bu çalışma sırasında edinilen veriler Denizli kaydının yanlış teşhis olduğuna işaret etmektedir. Kayıttaki (Ünal 2004) Denizli lokaliteleri belirtilen tarihlerde ziyaret edilmiş ve alınan örneklerden edinilen veriler, bunların *P. luschani* tür grubu dışında kaldığına işaret etmiştir. Isparta için verilen lokalite kaydı (Ünal 2004) dikkate alınarak yapılan arazi çalışmaları sırasında grubun üyesi olan örnek tespit edilememiştir. Veriler ve türlerin yayılış karakteristiklerini dikkate alarak, *P. birandi* yayılışının çalışmada verilen kayıtların oluşturduğu coğrafya ile sınırlı olduğu kanısına varılmıştır. Çünkü daha kuzeyde (Elmalı ve Korkuteli) yapılan arazi çalışmalarında temsilci örnek bulunamamıştır.

Veri setlerinin desteklediği bu üç tür dışındakilerin tümü bir taksonomik rektifikasyon gerektirmektedir. Varılan kararlar aşağıdaki gibidir.

1- Batı Antalya + Doğu Muğla – *P.luschani* Ramme 1933. Türün tip yeri ve kayıtları konusunda literatür uyuşmamaktadır. Orijinal yayında Ramme (1933) tip yeri olarak “Göllbakti-Kleinasien” olarak vermiş, Karabağ (1958) katalog çalışmasında “Ankara (?), Gölbaşı” olarak vermiştir. Ünal (2005), Heller (2004)’in *P. luschani*’nin tip örneklerinin toplayıcısı olan Luschan’ın gezi güzergahının, Antalya-Fethiye ile

sınırlı olduğuna dair saptamasına dayanarak, tip lokalitesini “Antalya, Kale ve Kaş arası, Davazlar köyü’nden 1 km. uzaklıkta, Gölbaşı mevki” olarak düzeltmiştir. Heller (2004) ve Ünal (2005) saptaması geçerli kabul edilerek, çalışmamızda saptanan Batı filogrubu, Demre populasyonunu da içerecek şekilde, *P.luschani* olarak kabul edilmiştir. Ancak, mevcut veriler ışığında Karabağ (1958) Ankara kaydının olmadığı açıktır. Türün bu çalışmada verilen populasyonların yayılış alanının periferinde yapılan arazi çalışmalarında temsilci örneğe rastlanılmamış olması nedeniyle, *P. luschani* türünün bu çalışmada verilen populasyonlarla sınırlı olduğu kanısına varılmıştır.

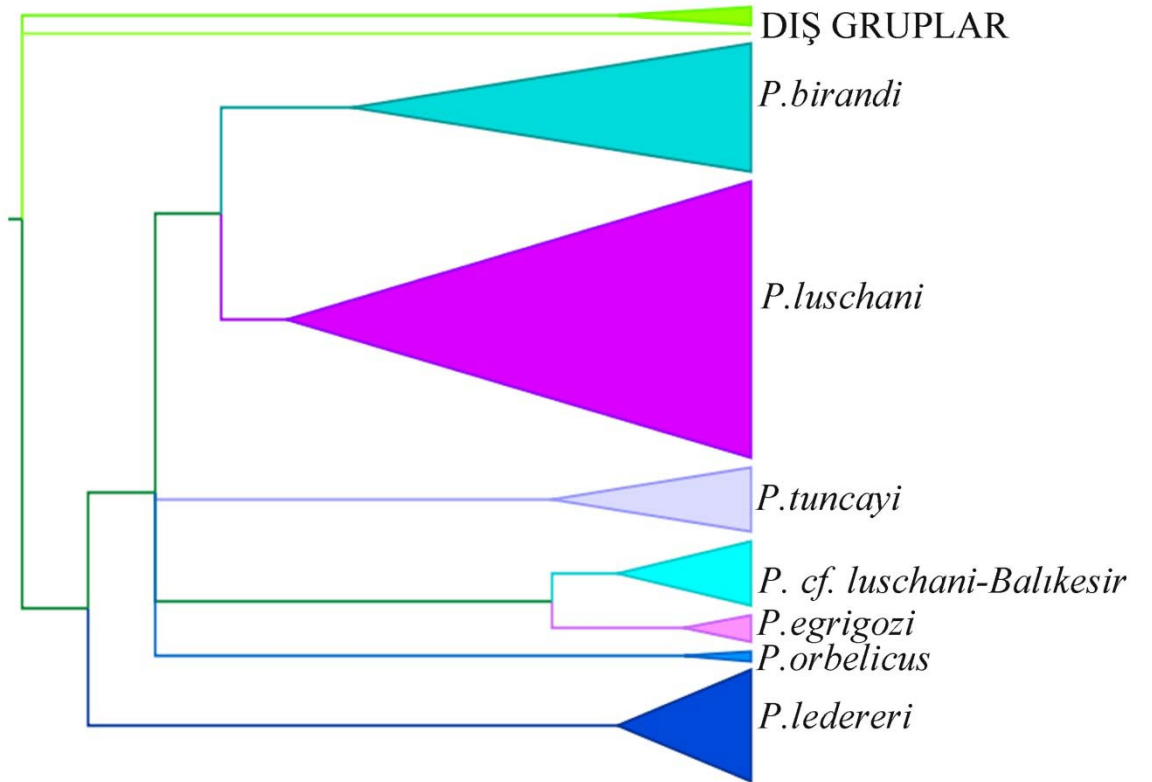
2- Aydın – *P. tuncayi* Karabağ (Tip yeri – Aydın, Bölüntü). Karabağ tarafından tanımlanan bu tür daha sonra Ünal (2005) tarafından *P. ledereri* türüne sinonim yapılmış olmasına karşı hem genetik hem de fenotipik veriler bu populasyonun farklı bir biyolojik birim veya bağımsız bir üreme birliği oluşturduğunu açık olarak göstermiştir. Bu nedenle bu tür *P. tuncayi* Karabağ **stat. rev.** olarak yeniden oluşturulmuştur. Çok kapsamlı bir arazi çalışması yapılmamış olsa da yayılışı tip lokalitesi civarı ile sınırlı gözükmektedir.

3- Kütahya – *P. luschani egrigozi* Ünal (Tip yeri- Kütahya, Emet, Eğrigöz Dağı). Belirtilen lokaliteden toplanan örneklerle dayalı olarak tanımlanan bu alttür, fenotipik özellikleri ile farklılık göstermektedir. Ancak, bir tür mü yoksa alttür olarak mı kabul edilmesi gerektiği konusunda bu çalışmanın verileri farklı bir sonuca işaret etmektedir. Hem fenotipik hem de COI geni dizileri bağlamında edinilen genetik veriler açık olarak bağımsız bir üreme birliğine işaret etmektedir. Bu nedenle ayrı bir tür olarak, *P. egrigozi* Ünal **stat. n.** kabul edilmesi gerektiği sonucuna varılmıştır.

4- Balıkesir populasyonu- *P. luschani* grubunun Balıkesir kaydı ilk defa Karabağ (1964, Karabağ vd 1980) tarafından verilmiştir. Daha sonra Sevgili vd (2011) bu populasyondan aldıkları örnekleri *P. luschani egrigozi* olarak vermişlerdir. Ancak, bu çalışmanın verileri bu populasyonun bağımsız bir üreme birliği olduğuna ve bağımsız bir evrimsel birim oluşturduğuna işaret etmiştir. Bu ayırım hem fenotipik (özellikle ses) hem de genetik verilerce desteklenmektedir. Bu nedenle ayrı bir tür olarak tanımlanması uygun olacaktır.

Tümü birlikte ve ıplak vd (2012)'de verilen 16S rDNA verileri de dikkate alınarak deęerlendirildięinde, International Code of Zoological Nomenclature (ICZN) kurallarına uygun bir yayında (bir dergide makale olarak) varılan yeni taksonomik kararlar Őunlar olacaktır (Őekil 4. 1):

- 1- *P. orbelicus* Pancic, 1883
- 2- *P. ledereri* Ramme 1933
- 3- *P. birandi* Karabaę 1950
- 4- *P. luschani* Ramme 1933
- 5- *P. tuncayi* Karabaę 1953 **stat. rev.**
- 6- *P. egrigozi* Ünal, 2005 **stat. n.**
- 7- *P. cf. luschani*-Balıkesir **sp. n.**



Őekil 4. 1. COI verilerine dayandırılarak elde edilen MP katı uyum aęacı üzerinde *P. luschani* tür grubuna ait türlerin gösterimi

4.2. Filogeni ve Homoloji

COI belirteç geni verileri kullanılarak elde edilen filogenetik ağaçlardan MP ağacı *P. ledereri* türünün, tür grubu içerisinde bazal dalı oluşturduğunu göstermektedir. Ancak, ML ve BI ağaçları bu türü *P. luschani* tür grubunun dışında bırakmıştır. Populasyon genetiği verileri de dikkate alındığında *P. ledereri*'nin oldukça farklı olduğu görülür. Ancak, fenotip ve morfoloji bağlamında *P. luschani* tür grubunun özelliklerini göstermesi nedeniyle atasal stoka en yakın tür olması şeklinde yorumlamak verilerle uyumludur. Diğer türler monofiletik bir grup oluşturur. Ancak, grubun *P. ledereri* dışındaki türlerinin filogenetik bağlamında yeterli çözümlenmeye ulaşamamıştır. COI DNA dizilerinden üretilen her üç ağacın (MP, ML ve BI) uyduğu hususlar vardır. İlki bu grubun eş zamanlı ve bağımsız olarak oluşmuş, *P. tuncayi*, *P. egrigozi* + *P. cf. luschani*- Balıkesir ve *P. luschani* + *P. birandi* olmak üzere üç ana dalı vardır. Eş zamanlı çeşitlenme BEAST analizince de desteklenmiştir. İkincisi, MP seç-bağla testinden destek almamış olsa da, *P. egrigozi* + *P. cf. luschani*-Balıkesir monofiletik bir grup oluşturur. Üçüncüsü, Demre populasyonunun durumu populasyon genetiği temelli ek çalışmalar gerektirse de, *P. luschani* ve *P. birandi* fenotipik ve genetik olarak oldukça varyasyonel, farklılaşmaları henüz tamamlanmış veya tamamlanmak üzere olan kardeş türlerdir. Tez kapsamında çalışılan COI DNA verileri ve tez kapsamı dışında olan 16S rDNA verileri birlikte değerlendirildiğinde filogenetik ilişki bağlamında varılan sonuç şudur: *P. ledereri* + (*P. orbelicus* + (*P. egrigozi* + *P. cf. luschani*-Balıkesir) + *P. tuncayi* + (*P. birandi* + *P. luschani*)).

Bu filogenetik ilişki bağlamında fenotipik veriler değerlendirildiğinde çarpıcı durumlar ortaya çıkmaktadır. İlki *P. ledereri* genetik olarak grubun en farklılaşmış türü olsa da, fenotipik veriler bağlamında, özellikle erkek serkusu, *P. tuncayi*, *P. birandi* + *P. luschani* türlerine benzerlik gösterir. Ancak, *P. egrigozi* + *P. cf. luschani*-Balıkesir ve *P. orbelicus* türlerinde saptanan apekte genişlemiş sersi tipiktir (Çizelge 3. 2). Filogenetik ilişki bağlamında konuşulduğunda, kökende uçta daralmış ve tek iri diş taşıyan serkusun (*P. ledereri* ve *P. tuncayi* de görülen) atasal olduğu, *P. birandi* + *P. luschani* türlerinde sekonder olarak kazanıldığı söylenebilir. Benzer bir durum ses dişleri sayısı için geçerli görünmektedir. Filogeninin taç kısmında yer alan türlerde ses

diş sayısı daha fazla ve kökte yer alanlarda (bkz. Çizelge 3. 2) daha az görülmektedir. Bu nedenle diş sayısında artış, türemiş durum olarak gözükmemektedir.

İki karakter için bu saptama yapılmasına karşın, hem grubun hem de genel olarak cinsin taksonomisinde yaygın olarak kullanılan pronotum, tegmina ve subgenital plakaların yapısı için filogenetik ilişkilerle paralellik gösteren durumlar gözlenmemiştir. İlişki saptanan bu karakterlerde de küçük bir grup içinde bile oldukça yüksek bir homoplasiye işaret etmektedir. Diğer taraftan, bu karakterlerde tür içinde geniş bir varyasyon göstermektedir ve bazen farklı türlerdeki varyasyonlar örtüşmektedir. Bu nedenle bu fenotipik karakterlerin ekolojik koşullara bağlı olarak hızlı değiştiği (Çıplak vd 2008) ve taksonomik kullanımında dikkatli olunması gerektiği düşünülmelidir.

P. luschani grubuna dahil edilen türlerin taksonomisinde karakter kullanımı bazı karakterlerin nitel veya subjektif değerlendirilmesi şeklindedir ve tanımların hemen tamamında (Ramme 1933, Karabağ 1950, 1953, Ünal 2005) Çizelge 3. 2’de verilen karakter bakımından benzer veya farklı olduğu şeklinde, taksonomistin kanaatine dayanmaktadır. Ancak, yukarıda tartışıldığı gibi bu karakterler tür içinde stereotipik (tektip) bir durum arz etmemektedir. Grup taksonomisinin kapsamlı bir revizyona ihtiyaç duyması da bunun açık işaretidir. Diğer taraftan *P.luschani* grubunun ses karakterleri, ki Orthoptera için yaygın olarak kullanılır (Heller 1988, Ragge ve Reynolds 1998), türler bazında belirgin olarak bir farklılığa işaret etmemiştir. Tettigoniidae içerisinde seste farklılaşmanın allopatrik olarak türleşen gruplarda belirgin olmadığı veya simpatrik türleşme durumunda belirgin olduğu bildirilmiştir (Heller 2006, Çıplak vd 2009). Veriler grup için bir allopatrik türleşme örüntüsüne işaret ettiğinden bu çalışmanın verileri bu saptama ile uyumludur. Ancak, yine de hece süresi ve hece başına atım sayısı bazı türleri ayırt edebilecek derecede farklılık göstermektedir.

4.3. Coğrafik Genetik Yapılanma, Türleşme ve Filocoğrafya

P. luschani tür grubunun populasyon genetiği parametreleri, populasyonlar arası farklılaşma dereceleri ve varyasyonun filogenetik gruplar (taksonomik anlamda türler) arasındaki (F_{CT}) veya grup içi populasyonlar arasındaki (F_{SC}) paylaşımı coğrafik yapı ile

kuvvetli bir bağlantı göstermektedir. Genetik varyasyonun %84,39'unun gruplar (türler) arasında (F_{CT}) görülmesi bu saptamamızı desteklemektedir. Ancak, grup içi populasyonlar arası varyasyonun istatistiksel olarak önemli olması lokal populasyonların önemli derecede farklılaştığına işaret etmektedir. Buna paralel olarak, grup içi populasyonlar arasında haplotip paylaşımı nadir olduğu gibi gruplar arasında hiç gözlenmemiştir. Bu durum lokal olarak farklılaşmayı destekleyen bir durumdur ve bu nedenle *P. luschani* grubu için “yerinde türleşme” şeklinde bir tanım uygun olmaktadır. Olasılıkla bu durum sınırlı habitat tercihi ve yayılma yetenekleri ile ilişkilidir. Grubun türleri farklı rakımlarda saptanmış olsa da, belli bir sıcaklık ve vejetasyon tercihlerinin olduğu görülmektedir. Düşük rakımdaki populasyonlar yılın erken dönemlerinde çıkarken, yüksek rakım populasyonları yılın geç dönemlerinde çıkarlar ve bu nedenle farklı rakım populasyonlarının görüldükleri sıcaklık benzerdir. Ayrıca, grubun üyeleri ormansız alanlardaki otsu vejetasyon veya orman açıklıklarındaki vejetasyonlardan saptanabilmiştir. Kaya (2008), Çıplak vd (2012) tarafından Antalya + Muğla yayılışı gösteren populasyonlar için bunlar rapor edildiği gibi bu çalışma sırasında da yapılan gözlemdir (Çizelge 3. 1). Çıplak vd (1992) kanatsız veya indirgenmiş kanatlı Tettigoniidae üyelerinde, yüksek endemizm oranı ile hareket yeteneklerinin göstergesi olarak kabul edilebilecek kanat uzunlukları arasında bir ilişki olduğunu savunmuştur. Başka bir ifade ile hareket yetenekleri ile dağılma (dispersal) kapasiteleri arasında bir ilişki beklenir. *P. luschani* grubu türlerinde kanat, uçuş işlevini değil, ses üretme işlevi görecektir. Dolayısıyla habitat tercihleri ve dağılma yetenekleri “yerinde türleşme” ile uyumlu bir durum arz etmektedirler.

Kapsamlı veya sınırlı oranda farklılaşmış populasyonlar arasında, aktif olarak veya geçmişte gen akışının yaşanıp yaşanmadığına ilişkin veriler mevcuttur. Yukarıda tanımlanan farklılaşma ve haplotip paylaşım durumları dikkate alındığında, bir durum dışında gen akışına işaret eden bir veriye rastlanılmamıştır. Bu bağlamda 15 populasyonun ikili karşılaştırmaları arasında gen akışına işaret eden tek veri Demre ile Batı soy filogrubu arasında görülmektedir. Demre populasyonunun üç haplotipi Doğu filogrubunun (*P. birandi*) kökeninde, birisi Batı filogrubunun (*P. luschani*) kökünde ve ikisi içinde çıkmaktadır. Ancak, her altı haplotip de Demre'ye özgüdür ve diğer populasyonlarda gözlenmemiştir. Bu durum ancak kısmen farklılaşmış iki

populasyonun – Demre ve Batı grubu-sekonder teması sonrasında gen alış-verişine işaret olarak kabul edilebilir. Ancak bu haplotiplerin güncel olarak paylaşılmaması, bu gen alış-verişinin geçmişte yaşandığını düşündürmektedir. Her ne kadar Demre populasyonuna ait iki haplotip Doğu filogrubunun kökünde monofiletik bir dal oluştursa da gen akışına işaret eden bir veri saptanmamış ve ikili F_{ST} değerleri de gen akışının olmadığını desteklemektedir.

Bu altbaşlık altında şimdiye kadar tartışılanlar ve varılan saptamalar tür grubu için açık bir allopatrik türleşme modeli önermektedir. Her tür veya farklılaşmış populasyon belli bir coğrafyada yayılış göstermektedir. Filogenetik yakınlık ile türlerin yayılış alanları arasında da genel bir uyum görülmektedir. Bunların tümü allopatrik türleşme modeli ile uyumluluk göstermektedir. Allopatrik türleşme modeli coğrafik bariyerleri tanımlamayı gerektirir. Bariyer tanımı en kolay Balkan türü *P. orbelicus* için yapılabilmektedir. Benzer durum *P. egrigozi* ve *P. cf. luschani*- Balıkesir için yapılabılır. Bu türlerin her biri bir yükseltinin orman üstü açıklığına, ilki Kütahya-Eğrigöz Dağı ve ikincisi Balıkesir - Kazdağı, lokalize olmuş türlerdir. Her bir zirveyi çevreleyen orman zonu bu türlerin yayılışını sınırlandırmaktadır. İzmir Bozdağ'ın yamaçlarından saptanan *P. ledereri* içinde durum benzer olarak görülmektedir, ancak belirgin bir orman üstü açıklık zonunda bulunmamaktadır. Yayılış genişliğini tam olarak tanımlayamadığımız *P. tuncayi* için, şimdilik belirgin bariyerlerden bahis edilememektedir. Ancak, yayılışının diğer türlerle çakıştığı konusunda bir veri yoktur. Antalya + Muğla yayılışı gösteren *P. luschani* ve *P. birandi* türlerinin yayılışları sahilden başlayıp Akdağlar ve Beydağlarının zirvelerine varmasına karşın daha kuzeyde saptanamamıştır. İki türün kendi aralarındaki yayılış sınırını ise Alakır Çayı oluşturmaktadır.

Filocoğrafya yönüyle bakıldığında *P. luschani* grubunun allopatrik türleşme örüntüsünün tartışılacak üç yönü öne çıkar: türleşme süresi, türleşme yeri ve türleşme sürecinde dağılma (dispersal), ayrılma (izolasyon) ve farklılaşmayı yönlendiren olaylar. *P. ledereri* türü, grubun ilk ayrılan dalını temsil etmektedir ve bu dal Anadolu içinde kalmıştır. Moleküler saat tahminleri *P. ledereri* türünün grubun diğer üyeleri ile yaklaşık 4 milyon yıl önce son bir ortak atayı paylaştığına işaret etmektedir. Zaman

tahminindeki sapma da dikkate alındığında grubun kökeninin Pliyosen ile birlikte var olduğu savunulabilir. *P. ledereri*'ye kardeş grubu *P. orbelicus*, *P. egrigozi* + *P. cf. luschani*- Balıkesir, *P. tuncayi*, *P. luschani* + *P. birandi* filogruplarını içerir ve bunların oluşturduğu filogrup sonrakilerle yaklaşık 2.8 milyon yıl önce son bir ortak atayı paylaşmıştır. BEAST ağacına göre Bulgaristan türü *P. orbelicus*' un diğer Anadolu popülasyonlarından ayrılması 2.8 milyon sonrasındadır. *P. egrigozi* + *P. cf. luschani*- Balıkesir türleri 2.27 milyon yıl ve keza *P. tuncayi* ile (*P. birandi* + *P. luschani*) türleri 2.32 milyon yıl önce ortak bir atayı paylaşırlar. Bu veriler ışığında, tür grubu içerisinde *P. ledereri* ayrıldıktan sonraki basamakta BEAST ağacı eş zamanlı çeşitlenmeye işaret etmektedir. Bu durum filogenetik analizlerce de desteklenmektedir. Ancak, COI dizilerinin tür grubu için önerdiği çeşitlenmesi, 16S rDNA segmentinin önerdiği kronogramın önerdiklerinin iki kat veya daha fazlası kadardır (Çıplak 2012). COI ve 16S rDNA kronogramları *P. luschani* + *P. birandi* türlerinin farklılaşması için önerdiği zaman bakımından uyumaktadırlar. *P. cf. luschani*- Balıkesir'in Kaz Dağları'nda bulunması ve akraba popülasyonunun Kütahya'da bulunması, coğrafik olarak daha batıda, Çanakkale Boğazı'nı kapsayan, bir yayılım yolunun kullanıldığına işaret edebilir. Ayrıca, İstanbul Boğazı civarında gruba ait bir temsilcinin saptanmamış olması da bu beklenti ile uyumludur. Çanakkale Boğazı'nın oluşumu 600 bin yıl gibi çok yakın zamana aittir (Yaltırak vd 2000). Bu nedenle *P. orbelicus* 'un Balkanlara ulaşmasının Çanakkale Boğazı'nın oluşumundan önce olduğu söylenebilir.

P. ledereri türü hariç grubun diğer üyelerinin çeşitlenme zamanı Pleistosen dönemi ile oldukça iyi örtüşüyor olmasına karşın, önceki paragrafta tartışılan ilk dalların farklılaşma zamanı, geç Pleistosen'e denk gelen son dört buzul dönemi öncesine denk gelmektedir. Ancak, Pleistosen'in erken ve orta dönemlerinde de döngüsel ısınma ve soğuma dönemleri yaşanmış olsa da (Cox ve Moore 2005), hem iklimsel sapmalar belirgin değildir hem de BEAST ağacının önerdiği ayrılma zamanları ile doğrudan bir örtüşme yoktur. Ancak, BEAST ağacının taç kısmını oluşturan *P. birandi* ve *P. luschani* türlerinin ve bu türlere ait popülasyonların farklılaşma zamanı son dört buzul dönemi ile korelasyon göstermektedir. Bu iki türün farklılaşmasına ilişkin veriler Kaya (2008) tarafından ortaya konanlarla örtüşmektedir. Son dört buzul döneminde farklılaşma *P. egrigozi* ve *P.cf. luschani*- Balıkesir için de geçerli

görülmektedir. Tümü birlikte ele alındığında grup için şu saptamalar yapılabilmektedir. İlki tür grubu Anadolu'da bulunan bir atasal stoktan çeşitlenmiştir. Tür grubunun çeşitlenmesi Pleistosen dönemine aittir, ancak buzul devirleri ile farklılaşma zamanları arasında korelasyon sadece bir tür çifti, *P. birandi* ve *P. luschani*, için geçerli görülmektedir. Bu nedenle, Pleistosen'deki iklimsel değişimlerin kısmi bir etkisinin olduğunu düşünmek verilerle daha uyumludur.

5. SONUÇ

Grup bazında yukarıda tartışılanların Anadolu biyocoğrafyası için ortaya koydukları vardır. İlki, her ne kadar grup içindeki türleşme olaylarının tümü birebir Pleistosen'deki iklimsel değişim zamanları ile korelasyon göstermese de bu durum iklim değişimlerinin grubun çeşitlenmesini etkilemediği anlamına gelmez. Bu durum özellikle grubun üyelerinin habitat tercihlerinden saptanabilir. Grubun mevsimsel olarak belli bir sıcaklık aralığını tercih etmesi (Çıplak vd 2008) iklim değişimlerinden etkilendiği anlamına gelir. Bugün düşük rakım populasyonlarının yılın Nisan-Mayıs döneminde ve yüksek rakım populasyonlarının Haziran sonu – Ağustos başı arasında görülmesi, türlerin fenolojilerinin iklimsel değişimlere paralel olarak evrimleşmiş olduğuna işaret olarak kabul edilebilir. Ancak, hem *P. tuncayi* sadece düşük rakım ve *P. egrigozi* ve *P. cf. luschani*- Balıkesir gibi sadece yüksek rakım populasyonlarının varlığı hem de *P. birandi* ve *P. luschani* gibi geniş bir yükselti aralığında yayılış gösteren populasyonların varlığı evrimsel süreçte düşük ve yüksek rakıma adaptasyonun birkaç kez ortaya çıktığına işaret etmektedir. Bu da, geçmişteki iklimsel değişimler sırasında bu populasyonların varlığını sürdürmelerini sağlayacak adaptasyon yeteneklerine işaret etmektedir.

İkincisi, Anadolu topoğrafyasının yayılış değişimleri açısından önemli bir rol oynadığı savunulur. Weidner (1969) Kazdağı ve Bozdağları buzul formlarının sığınakları olarak önermiştir. Bu Eğrigöz Dağı için de geçerli gibi görünmektedir. Çıplak (2003) Anadolu dağlarının endemik türlerin asıl lokasyonu olduğunu belirtmiştir. *P. luschani* grubunun çoğu türleri, *P. ledereri*, *P. egrigozi* ve *P. cf. luschani*- Balıkesir bu saptamayı desteklemektedir. Çıplak (2008) ve Çıplak vd (2010) heterojen topoğrafya ile sığınak içi, yani Anadolu içi, buzul dönemlerindeki yayılış değişimleri arasında bir ilişki olduğunu savunmuştur. *P. luschani* grubu tür ve populasyonlarının, özellikle *P. luschani* ve *P. birandi* türlerinin, yüksekliğe göre yayılış örüntüleri bu saptamayı desteklemektedir. Bunu desteklemesinin yanında, heterojen yükseltinin iklim değişimlerini tamponlama işlevi gördüğünü, fenolojik değişimlere olanak verecek şekilde, bu saptamayı daha ileriye taşımaya olanak vermektedir.

Üçüncüsü, Anadolu-Balkanlar faunal alış-verişi konusunda işaret ettikleri vardır. Anadolu-Balkanlar faunal alışverişi konusunda farklı veriler vardır. Bazı formlar için gen akışının yakın zamana kadar aktif olarak devam ettiğine işaret eden veriler varken (Mutun 2010, Korkmaz vd 2012), başka bazılarının ise çok önce gen akışının kesildiği ve her iki taraftaki formların farklılaştıkları belirtilmiştir. *Spermophilus taurensis*-*S. citelus* (Gündüz vd 2007), *Anterastes serbicus* grubu Balkan ve Anadolu popülasyonlarının ayrılması (Çıplak vd 2010) ise uzun süreli ayrılmaya işaret etmektedir. *P. luschani* grubuna ait *P. orbelicus*'un ayrılma zamanı ikincisi ile uyushmaktadır. Tümü birlikte ele alındığında yapılacak ilk saptama Anadolu-Balkanlar faunal alışverişin tek bir modelle açıklanamayacağıdır. Ancak sınama için belirmeye başlayan diğer bir varsayım şudur: Pliosen ve Pleistosen dönemi yayılışları için Anadolu - Balkanlar arasında kullanılan, biri Çanakkale Boğazı üzerinden ve diğeri İstanbul Boğazı üzerinden geçen, iki koridor olasıdır. Eski ayrılmalar sadece Çanakkale yolunu kullananlara işaret etmektedir.

Dördüncüsü, çok sayıda çalışma Anadolu'nun güney yükseltilerinin bir biyoçeşitlilik sıcak noktaları olduğunu rapor eder (Medail ve Quezel 1997, Medail ve Didema 2009, Çıplak 2003, 2008). Yakın zamanda bu yükseltilerdeki popülasyonların ayrı türler oluşturduğunun saptanması bunu desteklemektedir (Şirin vd 2010, 2011). *P. luschani* grubundan elde edilen veriler, sadece takson çeşitliliği değil, genetik çeşitlilik bağlamında da aynı durumun geçerli olduğuna işaret etmektedir.

6. KAYNAKLAR

- 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: 692–4693.
- AKAIKE, H. 1973. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In Proceedings of second international symposium on information theory (eds. B.N. Petrov and F. Csaki) Budapest: Akademiai Kiado, pp. 267–281.
- AVISE, J.C. 2000. Phylogeography: The History and Formation of Species. Harvard Univ. Press, Cambridge, MA. (447 pp.).
- AVISE, J.C. 2007. Phylogeography of Southern European Refugia, Part:1 page:7-22, edit: Weiss S., Ferrand N., published by Springer.
- AVISE, J.C, ARNOLD J., BALL, R. M., BERMINGHAM, E., LAMB, T., NEIGEL, J. E., REEB, C. A. , and SAUNDERS, N. C.1987. Intraspecific phylogeography: The Mitochondrial DNA Bridge Between Population Genetics and Systematics, *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 18:489-522.
- BANARESCU, P. 1991. In: Zoogeography of Fresh Waters, vol. 2. AULA-Verlag, Wiesbaden.
- BEI-BIENKO, G.Y. 1954. Fauna of the U.S.S.R. (Phaneropterinae, Tettigonioidae: Orthoptera), Zoological Institute of the U.S.S.R. Academy of the Sciences, publication No:59.
- BEI-BIENKO, G.J., MISTSHENKO L. L. 1951. The Grasshoppers of the Fauna the USSR and Adjacent Countries. Akad. Nauk, USSR, I-II: 667,pp. (ing. Tercüme).
- BİLGİN, R. 2011. Back to the Suture: The Distribution of Intraspecific Genetic Diversity in and Around Anatolia, *International Journal of Molecular Sciences*, 12, 4080-4103; doi:10.3390/ijms12064080.
- BROWER, AVZ, 1994. Phylogeny of *Heliconius* butterflies inferred from mitochondrial DNA sequences (Lepidoptera: Nymphalidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 3: 159-174.
- CARROLL, S. P., FOX, C. W. 2008. Download Conservation Biology: Evolution in Action, Oxford University Press .
- CHALLIS, R.J, MUTUN S., NIEVES-ALDREY J.L., PREUSS, S., ROKAS A., AEBI E., SADEGHI E., TAVAKOLI M., STONE G. 2007. Longitudinal Range Expansion and Cryptic Eastern Species in The Western Palearctic Oak Gallwasp, *Andricus coriarius*, *Molecular Ecology*, 16: 2103-2114.

- COX, B. AND MOORE, P. D. 2005. Biogeography: an ecological and evolutionary approach. Seventh edition. Blackwell Publishing, Oxford, UK.
- COOK, R.D. 1977. Detection of influential observations in linear regression. *Thechnometrics*, 19: 15–18.
- CROIZAT, L. 1964. Space, Time, Form: The Biological Synthesis. Caracas.
- CUNNINGHAM, C. W., ZHU H., and HILLIS D. M. 1998. Best-t maximum likelihood models for phylogenetic inference: Empirical tests with known phylogenies, *Evolution*, 52:978–987.
- 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 Conservation*, 12: 47-64.
- ÇIPLAK, B. 2004a. Biogeography of Anatolia: the marker group Orthoptera. *Memorie of the Società Entomologica Italiana*, 82(2): 357-372.
- ÇIPLAK, B. 2004b. Systematics, Phylogeny and Biogeography of Anterastes (Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae): Evolution Within a Refugium, *Zoologica Scripta*, 33:19-44.
- 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, ed: Fattorini, S., Insect Diversity and Conservation, Research Signpost Inc., Kerela. pp: 135-163.
- ÇIPLAK, B., DEMIRSOY, A. ve BOZCUK, A.N. 1992. Türkiye tettigoniidlerinin Anadolu Diagonaline göre yayılışları ve hareket yeteneği ile ilişkisi. II. Ulusal Entomoloji Kongresi Bildirileri, s. 373-385, Adana.
- ÇIPLAK, B., YALIM B., DEMIRSOY A. 1999. Türkiye Orthoptera (=Düzkanathılar=Çekirge) Faunası. ed: Demirsoy, A., Vol: 2, Genel Zoocoğrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası, Meteksan Yayınları, Ankara, pp: 748-772.
- ÇIPLAK, B., HELLER, K. G and DEMIRSOY, A. 2002. Review and key to species of *Platycleis* from Turkey (Orthoptera: Tettigoniidae) with descriptions of *Yalvaciana* subgen. n., and two new species, *Journal of Natural History*, 36(2): 197-236.
- ÇIPLAK, B., HELLER, K. G., WILLIEMSE, F. 2009. Review of the genus *Eupholidoptera* (Orthoptera, Tettigoniidae): different genitalia, uniform song. *Zootaxa*, 2156: 3-77.

- ÇIPLAK, B., GÜNDÜZ, İ., KAYA, S. 2010. Phylogeography of *Anterastes serbicus* Species Group (Orthoptera, Tettigoniidae): Phylogroups Correlate With Mountain Belts, But Not With The Morphospecies, *Journal of Orthoptera Research*, 19:89-100.
- ÇIPLAK, B., BOZTEPE Z., KAYA S. 2012. *P.luschani* tür grubunun Orthoptera, Phaneropterinae) 16S rDNA filogenisi, filocoğrafyası ve taksonomisi. TÜBİTAK 1002 Projesi.
- DE LATTIN, G.1967. Grundris der Zoogeographie. Fischer, Stuttgart-Jena.
- DEMİRSOY, A. 1999. Genel Zoocoğrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası “Hayvan Zoocoğrafyası”. Meteksan Ltd. Şti., 987 s.
- DRUMMOND, A.J., RAMBAUT A. 2007. BEAST: Bayesian Evolutionary Analyses by Sampling Trees, *BMC Evolutionary Biology*, 7: 214-221.
- DURKA, W., BOSSDORF, O., PRATI, D., AUĞE, H. 2005. Molecular Evidence for Multiple Introductions of Garlic Mustard (*Alliaria petiolata*, Brassicaceae) to North America, *Molecular Ecology*, 14:1697-1706.
- EXCOFFIER, L., SMOUSE, P.E. & QUATTRO, J.M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distance among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 111: 479-491.
- EXCOFFIER L., LAVAL G., SCHNEIDER S. 2005. Arlequin v.3.0: an Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis, *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1: 47–50.
- FELSENSTEIN, J.1985. Confidence Limits on Phylogenies: An Approach Using The Bootstrap, *Evolution*, 39: 783-791.
- FRANKHAM, R, BALLOU, J. D. , BRISCOE, D. A. 2006. Introduction to Conservation Genetics, page:595, Cambridge University Press.
- FREEMAN, S. AND HERRON, J. C. 2002. Türleşme Mekanizmaları. In: Çıplak, B., Başbüyük, H. H., Karaytuğ, S., Gündüz, I., (Editors), Evrimsel Analiz, Palme yayıncılık, Bölüm 12, pp. 403-433, Ankara.)
- FU Y.X. 1997. Statistical Tests of Neutrality of Mutations Against Population Growth, Hitchhiking and Background Selection, *Genetics*, 147: 915–925
- GÜNDÜZ, İ., JAAROLA, M., TEZ, C., YENİYURT, C., POLLY, P.D., SEARLE, J.B. 2007. Multigenic and Morphometric Differentiation of Ground Squirrels (*Spermophilus*, Scuridae, Rodentia) in Turkey, With a Description of a New Species, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43: 916-935.
- HALL, T. 2011. <http://www.mbio.ncsu.edu/bioedit/page2.html>

- HARPENDING, H. 1994. Signature of Ancient Population Growth in a Low-Resolution Mitochondrial DNA Mismatched Distribution, *Human Biology*, 66: 591-600.
- HARZ, K. 1969. The Orthoptera of Europe. Göttingen, The Hague. Vol: 1.
- HELLER, K.G. 1988. Bioakustik der europäischen Laubheuschrecken, Published by J. Margraf in Weikersheim ,page:358.
- HELLER, K.G. 2006. Song evolution and speciation in bush-crickets. Insect sounds and communication: physiology, behaviour, ecology and evolution (ed. By S. Drosopolus & M.F. Claridges), pp. 137–153, Francis and Taylor Publisher, USA.
- HELLER, K. G., KORSUNOVSKAYA, O., RAGGE, D.R., VEDENINA, V., WILLEMSE, F., ZHANTIEV, R.D. & FRANTSEVICH, L. 1998. Check-List of European Orthoptera. *Articulata*, 7: 1-61.
- HELLER, K.G, LEHMANN A. 2004. Taxonomic revision of the European species of the *Poecilimon ampliatus*- group (Orthoptera Phaneropteridae). *Memorie della Soc. Entomol. Ital.*, 82: 403-422.
- HESELBARTH, G., OORCHOT, VAN H. & WAGENER S. 1995. Die Tagfalter der Türkei. Selbstverlag Sigbert Wagener, Germany. Band, 1, 2, 1364 pp.+ Band 3, 847 pp.
- HEWITT, G.M. 1996. Some Genetic Consequences of Ice Ages, and Their Role in Divergence and Speciation, *Biological Journal of Linnean Society*, 58: 247-276.
- HEWITT, G.M. 2000. The Genetic Legacy of The Quaternary Ice Ages, *Nature*, 405:907-913.
- HILLIS, D. M. 1998. Taxonomic sampling, phylogenetic accuracy, and investigator bias. *Syst. Biol.* 47:3–8.
- KARABAĞ, T. 1950. Five new species of *Poecilimon* Fischer (Orthoptera Tettigoniidae) from Turkey. *Proc R Ent Soc London* 19:150-155.
- KARABAĞ, T. 1953. Some new Orthoptera from Turkey. *Eos* 29: 177-200.
- 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.
- KARABAĞ, T. 1964. Some new species and new records of Tettigoniidae (Orthoptera) from Turkey, *Communications Fac.Sci.Univ.Ankara*, (c) 13:36-55.

- KARABAĞ, T., GÜMÜŞSUYU İ., TUTKUN E., 1980. Türkiye Orthoptera Faunasının Tesbiti Üzerinde Araştırmalar, *Bitki Koruma Bülteni*, 14:2-18
- KAYA, S. 2008. *Poecilimon birandi* (Orthoptera, Phaneropterinae) alçak ve yüksek rakımlı populasyonları: Ekolojik ve temporal farklılaşmasının fenotipik ve genetik verilerle incelenmesi. *Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, 58 sayfa.
- KAYA, S. , ÇIPLAK, B., CHOBANOV, D., HELLER, K.G. 2012. *Poecilimon bosphoricus* group (Orthoptera, Phaneropterinae): iteration of morpho-taxonomy by song characteristics, *Zootaxa*, 3225: 1-71.
- KORKMAZ, E.M., SARI, M., BASIBÜYÜK, H.H. 2010. Genetic Structure of *Chorthippus parallelus* (Orthoptera: Acrididae: Gomphocerinae) Populations in Anatolia: A Stable Rear Edge Population, *Annals of Entomological Society of America*, 103:625-634.
- KORKMAZ E.M., BUDAK M., BAŞIBÜYÜK H.H. (2012). Utilization of cytochrome oxidase I in *Cephus pygmeus* (L.) (Cephididae: Hymenoptera). *Turkish Journal of Biology*, 35: 713-726. [doi:10.3906/biy-1003-65](https://doi.org/10.3906/biy-1003-65).
- LA GRECA, M. 1999. II contributo degli Ortoteri (Insecta) alla conoscenza della biogeografia dell' Anatolia: la componente gondwaniana. *Biogeographia*, 20:179-200.
- LIBRADO, P. & ROZAS, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451-1452.
- MALLOWS, C.L. 1973. Some comments on CP. *Technometrics* 15(4): 661–675.
- MÉDAIL F., QUÉZEL P.1997. Hot-Spots Analysis for Conservation of Plant Biodiversity in The Mediterranean Basin, *Annals of Missouri Botanical Garden*, 84: 112-127.
- MEDAIL F., DIDEMA K. 2009. Glacial Refugia Influence Plant Diversity Patterns in The Mediterranean Basin, *Journal of Biogeography*, 36, 7: 1333-1345.
- MUTUN, S. 2010. Intraspecific Genetic Variation and Phylogeography of The Oak Gallwasp *Andricus caputmedusae* (Hymenoptera: Cynipidae): Effects of The Anatolian Diagonal, *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae*, 56, 2: 153-172.
- NEI, M., KUMAR S. 2000. Molecular Evolutin and Phylogenetics, Oxford University Press, New York.
- NELSON, G. & PLATNICK N.I. 1981. Systematics and Biogeography: cladistics and vicariance. Columbia Univ. Press, New York.
- OSF (2012-Mayıs). <http://orthoptera.speciesfile.org/HomePage.aspx>

- POSADA, D., RAGGE, D.R., KRANDAL, K.A. 1998. MODELTEST: Testing The Model of DNA Substitution, *Bioinformatics*, 14: 817-818.
- RAGGE, D.R., REYNOLDS, W.J. 1998. The Songs of the Grasshoppers and Crickets of Western Europe. - Harley Books, Colchester.
- RAMBOUT, A., DRUMMOND, A.J. 2003. Tracer v1.3. Available form: (<http://evolve.zoo.ox.ac.uk/>).
- RAMBAUT, A. 2007. FigTree v. 1.1.2. Available at: (<http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>).
- RAMME, W. 1933. Beitrage zur palaarktischen Orthopterenfauna (Tettinon. Et Acrid). 18: 416-434. Mitt. Zool. Mus. Berlin.
- ROKAS, A., ATKINSON, R.J., WEBSTER, L.M.I., CSOKA, G., 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.
- RONQUIST, F., HUELSENBECK, J.P. 2003. MRBAYES 3: Bayesian Phylogenetic Inference Under Mixed Models, *Bioinformatics*, 19: 1572-1574.
- SCHMITT, T. 2007. Molecular Biography of Europe: Pleistocene Cycles and Postglacial Trends, *Frontiers Zoology*, 4: 1-13.
- SEVGILI, H., DEMIRSOY, A. AND DURMUŞ, Y. 2011. "Orthoptera and mantodea fauna of Kazdağı (Ida) National Park with data on the calling song of some bushcrickets". *Turkish Journal of Zoology*, 35: 631-652.
- 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.
- SUITS, D. 1957. Use of dummy variables in regression equations, *American Statistical Association Journal*, 52: 548–55.
- SWOFFORD, D.L. 2002. PAUP* Pylogenetic Analysis Using Parsimony (* and other methods). v. 4.0 beta, Sunderland, M. A: Sinauer Associates.
- SWARDZ, G. 1978. Estimating the dimension of a model, *The annals of statistics*, 6, pp. 461–464.

- ŞEKERCİOĞLU, H.C., ANDERSON, S., AKÇAY, E., BILGIN, R., CAN, Ö.E., SEMİZ, G., TAVŞANOĞLU, C., YOKEŞ, M.B., SOYUMERT, A., İPEKDAL, K., SAĞLAM, İ.K., YÜCEL, M., DALFES N.H. 2011. Turkey's globally important biodiversity in crisis, *Biological Conservation*, 144:2752–2769.
- SIMON C., FRATI F., BECKENBACH A., CRESPI B., LIU H., FLOOK P. 1994. Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. *Ann Entomol Soc Am*, 87:651–702.
- ŞİRİN, D., HELVERSEN, O., VON, ÇIPLAK, B. 2010. *Chorthippus brunneus* Subgroup (Orthoptera, Gomphocerinae) in Anatolia with Description of Two New Species: Data Suggest an Anatolian Origin for The Lineage, *Zootaxa*, 2410: 1-28.
- ŞİRİN, D., MOL, A., ÇIPLAK, B. 2011. *Myrmeleotettix Bolivar* (Orthoptera, Gomphocerinae) in Anatolia on The Basis of Morphological and Behavioural Characters: Data Suggest a New Species From Southern end of The Anatolian Refugium, *Zootaxa*.
- TABERLET, P., FUMAGALLI, L., WUST-SAUCY, A.G., COSSON, J.F. 1998. Comparative Hylogeography and Postglacial Colonization Routes in Europe, *Molecular Ecology*, 7: 453-464.
- TAJIMA, F.1989. Statistical Method for Testing The Neutral Mutation Hypothesis by DNA Polymorphism, *Genetics*, 123: 585–595.
- TAMURA, K., PETERSON, D., PETERSON, N., STECHER, G., NEI, M. and KUMAR, S.2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28: 2731-2739.
- ULLRICH, B., REINHOLD, K., NIEHUIS, O., MISOF, B. 2010. Secondary structure and phylogenetic analysis of the internal transcribed spacers 1 and 2 of bush crickets (Orthoptera: Tettigoniidae: Barbitistini). *J Zool Syst Evol Res*, 48:219-228.
- 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: 1-17.
- ÜNAL, M. 2005. Phaneropterinae (Orthoptera: Tettigoniidae) from Turkey and the Middle East, *Transactions of the American Entomology Society*, 131: 425-448.
- WEBB, T., and BARTLEIN P.J. 1992. Global changes during the last 3 million years: climatic controls biotic responses, *Annual Reviews of Ecology and Systematics* 23:141-173.

- WEIDNER, H. 1969. Beitrage zur Kenntnis der Feldheuschrecken (Caelifera) Anatoliens. *Mitt. zool. Mus. Hamburg*, 66: 145-226.
- WEIR B.S., COCKERHAM C.C.1984. Estimating F-statistics for The Analysis of Population Structure, *Evolution*, 38, 1358–1370.
- WEITH M., SCHMIDTLER F., KOSUCH J., BARAN İ., SEITZ A.2003. Paleoclimatic changes explain Anatolian mountain frog evolution: a test for alternating vicariance and dispersal, *Molecular Ecology*, 12: 185-199.
- WILLEMSE, F. 1984. Catalogue of the Orthoptera of Greece. Fauna Graeciae. Hellenic Zoological Society, part 1, 275 pp.
- WILLEMSE, F. 1985. A Key to Orthoptera Species of Greece. Fauna Graeciae. Hellenic Zoological Society, part 2, 288 pp.
- YALTIRAK, C., ALPAR, B., SAKINÇ, M. & YÜCE, H. 2000. Origin of the strait of Canakkale (Dardanelles): regional tectonics and the Mediterranean–Marmara incursion, *Marine Geology*, 164: 139–156.

ÖZGEÇMİŞ

Zehra BOZTEPE 1988 yılında Samsun’da doğdu. İlk ve orta öğrenimini Antalya’da tamamladı. 2005 yılında Akdeniz Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü’nde başladığı lisans öğrenimini 2009 yılında tamamlayarak mezun oldu. Eylül 2009 tarihinde Akdeniz Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü Zooloji Anabilim Dalında Yüksek Lisans öğrenimine başladı ve bu tarihten beri öğrenimine devam etmektedir.

YER ALDIĞI TÜBİTAK PROJELERİ:

- Çıplak B, Gündüz İ, ve Kaya S. “Model cins *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae) türlerinin belirteç gen 16S rDNA verileri: tür kavramları, türleşme modelleri, filocoğrafya ve koruma genetiği yönüyle değerlendirme”. (TÜBİTAK, Ekim 2009-2010, Bursiyer öğrenci).
- Çıplak, B., **Boztepe Z.**, Kaya S. 2012. *P.luschani* tür grubunun Orthoptera, Phaneropterinae) 16S rDNA filogenisi, filocoğrafyası ve taksonomisi. (TÜBİTAK 1002 Projesi, Nisan 2011-Nisan 2012, Bursiyer öğrenci).

SEMPOZYUM/KONGRELERDE SUNULAN POSTER VEYA TAM METNİ BASILMAMIŞ BİLDİRİLER

- Aytac A, Konu P, **Boztepe Z.**, Kaya S & Cıplak B. 2009. Morphometry for taxonomy of *Anterastes*: partly congruent qualitative and quantitative morphologies. (10th International Congress of Orthopterology, 2009)
- Kaya S., Çıplak B, **Boztepe Z.** and Gündüz İ. 2012. Phylogeography of *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae): 16S rDNA and COI suggest inconsistent speciation patterns. (International Congress of Zoogeography, Athens University)

KATILDIĞI BİLİMSEL TOPLANTILAR

10th International Congress of Orthopterology, 21-25 June 2009, Antalya-Turkey