

Ö. ŞENOL, 2017



T.C.
ÖMER HALİSDEMİR ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

AFYONKARAHİSAR, UŞAK, KÜTAHYA VE NİĞDE İLLERİNDE
DAĞILIM GÖSTEREN *Hyalopterus* (HEMIPTERA: APHIDOIDEA:
APHIDIDAE) CİNSİ ÜYELERİNİN MORFOMETRİK VE GENETİK
VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ

ÖZHAN ŞENOL

ÖMER HALİSDEMİR ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Şubat 2017

T.C.
ÖMER HALİDEMİR ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

AFYONKARAHİSAR, UŞAK, KÜTAHYA VE NİĞDE İLLERİNDE DAĞILIM
GÖSTEREN *Hyalopterus* (HEMIPTERA:APHIDOIDEA:APHIDIDAE) CİNSİ
ÜYELERİNİN MORFOMETRİK VE GENETİK VARYASYONLARININ
BELİRLENMESİ

ÖZHAN ŞENOL

Doktora Tezi

Danışman

Prof. Dr. Gazi GÖRÜR

Şubat 2017

Özhan ŞENOL tarafından Prof. Dr. Gazi GÖRÜR danışmanlığında hazırlanan "Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinde dağılım gösteren *Hyalopterus* (Hemiptera:Aphidoidea:Aphididae) cinsi üyelerinin morfolometrik ve genetik varyasyonlarının belirlenmesi" adlı bu çalışma jürimiz tarafından Ömer Halisdemir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Ana Bilim Dalı'nda Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan : Prof. Dr. Süphan KARAYTUĞ Mersin Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Mersin

Üye : Prof. Dr. Gazi GÖRÜR, Ömer Halisdemir Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoteknoloji Bölümü, Niğde

Üye : Prof. Dr. Coşkun TEZ, Erciyes Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Kayseri

Üye : Doç. Dr. Serap MUTUN, Abant İzzet Baysal Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Bolu

Üye : Doç. Dr. Osman SEYYAR, Ömer Halisdemir Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Niğde

ONAY:

Bu tez, Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulunca belirlenmiş olan yukarıdaki jüri üyeleri tarafından/...../20.... tarihinde uygun görülmüş ve Enstitü Yönetim Kurulu'nun/...../20.... tarih ve sayılı kararıyla kabul edilmiştir.

...../...../20...

Doç. Dr. Murat BARUT

MÜDÜR V.

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin bilimsel ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Özhan ŞENOL



ÖZET

AFYONKARAHİSAR, UŞAK, KÜTAHYA VE NİĞDE İLLERİNDE DAĞILIM GÖSTEREN *Hyalopterus* (HEMIPTERA:APHIDOIDEA:APHIDIDAE) CİNSİ ÜYELERİNİN MORFOMETRİK VE GENETİK VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ

ŞENOL, Özhan

Ömer Halisdemir Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyoloji AnaBilim Dalı

Danışman

: Prof. Dr. Gazi GÖRÜR

Şubat 2017, 108 sayfa

Bu çalışmada, *Hyalopterus* popülasyonları arasında konak kullanımına bağlı ortaya çıkabilecek moleküler ve morfometrik varyasyonlar belirlenmesi amaçlanmıştır. Morfometrik analizler toplam 670 kanatsız birey üzerinden 29 morfometrik karakter kullanılarak gerçekleştirilmiş, moleküler analizler ise farklı konaklardaki popülasyonlardan seçilen 29 bireyin 658 baz çiftlik (bç.) COI gen bölgesi kullanılarak değerlendirilmiştir. Morfolojik ve moleküler verilerin birlikte değerlendirilmesi sonucunda konak bitki kullanımının *Hyalopterus* cinsi üyeleri üzerinde istatistiksel açıdan önemli varyasyonlar ortaya koyduğu belirlenmiştir. Ayrıca moleküler veriler açısından tanımlanmış diğer türlerin altında yer alan ama morfolojik olarak karakteristik farklılıkta popülasyonun belirlenmiş olması türleşme sürecinde epigenetik faktörlerin rolünü de ortaya koymuştur. *H. persikonus* ise Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak belirlenmiştir.

Anahtar Sözcükler: Anadolu, COI, Filogeni, *Hyalopterus*, CVA, Türkiye

SUMMARY

THE DETERMINATION OF THE GENETIC AND MORPHOMETRIC
VARIATIONS OF THE *Hyalopterus* (HEMIPTERA:APHIDOIDEA:APHIDIDAE)
GENERA DISTRIBUTED IN AFYONKARAHİSAR, UŞAK, KÜTAHYA AND
NİĞDE PROVINCES

ŞENOL, Özhan

Ömer Halisdemir University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Biology

Supervisor

: Prof. Dr. Gazi GÖRÜR

February 2017, 108 pages

In this study, it was aimed to determine host plant utilization effects on possible molecular and morphometric variations existed in *Hyalopterus* populations. Morphometric analyses performed with 670 aptera individuals via 29 morphometric characters and also molecular analyses conducted on 658 base pair COI gene region with 29 individuals that were chosen from different populations that were used different host plants. It was determined that both morphometric and molecular data showed that different host plant utilization resulted in statistically important variations in *Hyalopterus* populations. However, the determination of morphologically differentiated populations, which was placed under previously determined species according to molecular analysis, suggested the epigenetic factors roles throughout the speciation process. In addition, *H. persikonus* was determined as new entry to Turkish aphid fauna.

Keywords: Anatolia, COI, Phylogeny, *Hyalopterus*, CVA, Turkey

ÖN SÖZ

Bu tez çalışmasında, Türkiye’de yayılış gösteren *Hyalopterus* popülasyonları arasında konak kullanımına ve lokaliteye bağlı olarak ortaya çıkabilecek morfolojik ve genetik varyasyonlar araştırıldı. Morfometrik ve moleküler bulguların benzerlik gösterdiği çalışmada konak kullanımının popülasyonların farklılaşmasında etkili olduğu, lokalitenin ise popülasyonlarda görülen varyasyonlarda etkili olmadığı belirlenmiştir. *Hyalopterus persikonus*’un ülkemiz için yeni kayıt verildiği çalışmada, *Hyalopterus pruni* X olarak değerlendirilen morfolojik karakterler bakımından diğer *Hyalopterus* popülasyonlarından tamamen farklı karakterlerde olan, fakat moleküler olarak *H. pruni* olduğu anlaşılan bir form hakkında ilk defa bilgi verilmiştir.

Doktora tez çalışmamın yürütülmesi esnasında, çalışmalarına yön veren, bilgi ve yardımlarını esirgemeyen ve bana her türlü desteği sağlayan danışman hocam, Sayın Prof. Dr. Gazi GÖRÜR' e en içten teşekkürlerimi sunarım. Doktora tez çalışmam esnasında tecrübelerine başvurduğum Prof. Dr. Coşkun TEZ, Prof. Dr. Süphan KARAYTUĞ, Doç. Dr. Serap MUTUN, Doç. Dr. Teoman KANKILIÇ, Yrd. Doç. Dr. Osman İBİŞ, Yrd. Doç. Dr. Fulya SAYGILI YİĞİT'e müteşekkir olduğumu ifade etmek isterim. Bu tezin hazırlanması esnasında sık sık yardımlarına başvurduğum kıymetli meslektaşlarım Dr. Hayal AKYILDIRIM BEĞEN ve Dr. Serdar DİNÇ'e minnet ve şükran duygularımı belirtmek isterim.

Bu tezi, tez çalışmalarım boyunca yardımlarını esirgemeyen Aynur KALLİ, Damla KALLİ, Dilara KALLİ, Hande KALLİ, Oğuzhan KALLİ, Ali KALLİ, Emine GÖRÜR, Fatma ÖNER ve Hakkı ÖNER'e, sadece bu çalışmam boyunca değil, tüm öğrenim hayatım boyunca maddi ve manevi koruyuculuğumu üstlenen babam Süleyman Nazif ŞENOL'a, annem Canan ŞENOL'a, kardeşim Ömer Emre ŞENOL'a ithaf ediyorum.

Bu çalışmaya 111T866 numaralı proje ile *Hyalopterus* cinsine ait türlerin örneklenmesi ve teşhis edilmesi sürecindeki katkılarından dolayı TÜBİTAK'a teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER DİZİNİ

ÖZET	iv
SUMMARY	v
ÖN SÖZ	vi
İÇİNDEKİLER DİZİNİ.....	vii
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xii
FOTOĞRAF DİZİNİ.....	xiv
SİMGE VE KISALTMALAR	xv
BÖLÜM I GİRİŞ.....	1
BÖLÜM II GENEL BİLGİLER	9
2.1 Afıt Taksonomisi.....	9
2.1.1 Taksonomik sorunlar.....	10
2.1.2 Türkiye’de afıt taksonomisinin tarihçesi.....	12
2.1.3 Afıt taksonomisinde morfometrik çalışmaların değerlendirilmesi.....	12
2.1.4 Afıt taksonomisinde moleküler çalışmaların değerlendirilmesi.....	13
2.1.4.1 Mitokondriyal DNA ve COI gen bölgesi.....	15
2.1.5 <i>Hyalopterus</i> ile ilgili genel bilgiler	16
2.1.6 <i>Hyalopterus</i> ile ilgili morfometrik ve moleküller temelli çalışmalar	17
2.1.6.1 <i>Hyalopterus</i> üyelerinin genel özellikleri	18
2.1.6.1.1 <i>Hyalopterus amygdali</i> (Blanchard, 1840)	18
2.1.6.1.2 <i>Hyalopterus persikonus</i> Miller, Lozier ve Footit, 2008....	19
2.1.6.1.3 <i>Hyalopterus pruni</i> (Geoffroy, 1762)	19
BÖLÜM III MATERYAL VE METOT.....	21
3.1 Morfometrik Karakterler ve Metotlar	21
3.2 Moleküler Metot ve Analizler	23
3.2.1 DNA izolasyonu	24
3.2.1.1 DNA izolasyon protokolü.....	24
3.2.2 Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)	25
3.2.2.1 Mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI)’in çoğaltılması ...	25
3.2.3 Veri analizi	26

3.2.3.1 DNA dizi hizalama	26
3.2.3.2 Popülasyon yapısının ve genetik varyasyonların belirlenmesi	26
3.2.3.3 Filogenetik analizler	26
BÖLÜM IV BULGULAR	28
4.1 Morfometrik bulgular	28
4.2 <i>Hyalopterus</i> Popülasyonlarına Ait Morfometrik Bulgular	31
4.2.1 <i>Hyalopterus</i> türleri arasındaki varyasyonlar	31
4.2.2 <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarında konak bitkiye bağlı ortaya çıkan morfometrik varyasyonlar	37
4.2.3 Lokaliteye bağlı olarak <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarında ortaya çıkan morfometrik varyasyonlar	47
4.3 <i>Hyalopterus</i> Popülasyonlarına Ait Moleküler Bulgular	63
4.3.1 <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarında mitokondriyal COI gen bölgesi varyasyonu	65
4.3.2 <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarında mitokondriyal COI gen bölgesine bağlı filogenetik analizler	75
BÖLÜM V TARTIŞMA VE SONUÇ.....	81
5.1 Morfometrik Karakter Temelli Çalışmalar	81
5.2 Moleküler Temelli Çalışmalar.....	87
KAYNAKLAR.....	94
EKLER	103
ÖZ GEÇMİŞ	107
TEZ ÇALIŞMASINDAN ÜRETİLEN ESERLER.....	108

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Bitki çeşitliliği bakımından bitki grupları ve bu grupların afitlerce konak kullanımına bağlı gösterimi.....	2
Çizelge 2.1. Büyük afit grupları arasında tarımsal olarak önemli türlerin biyolojik özellikleri ve dağılımları	11
Çizelge 3.1. Değerlendirmeye alınan morfometrik karakterler ve bu karakterlerin ilgili çalışmalarla karşılaştırılması yük afit grupları arasında tarımsal olarak önemli türlerin biyolojik.....	22
Çizelge 3.2. Değerlendirmeye alınan morfometrik oranlar ve bu oranların ilgili çalışmalarla karşılaştırılması	23
Çizelge 3.3. Polimeraz zincir reaksiyonu için izlenen yöntem.....	25
Çizelge 4.1. <i>Hyalopterus</i> üyelerine ait popülasyonların tanımlayıcı istatistiksel verileri	32
Çizelge 4.2. <i>Hyalopterus</i> üyeleri için konak ve lokalite farklılığı göz ardı edildiğinde türe bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler	32
Çizelge 4.3. <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarının morfometrik karakterlerin lokalite ve konak ayrımı yapılmadan Çoklu Karşılaştırma Analizi.....	34
Çizelge 4.4. <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarının morfometrik karakterler kullanılarak lokalite ve konak ayrımı yapılmadan Kanonikal Ayırma Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks Lambda istatistiği.....	35
Çizelge 4.5. <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarının morfometrik karakterler kullanılarak lokalite ve konak ayrımı yapılmadan Standartlaştırılmış Kanonikal Ayırma Fonksiyon Katsayısı.....	36
Çizelge 4.6. <i>Hyalopterus</i> üyeleri için <i>P. persica</i> , <i>P. armeniaca</i> , <i>P. domestica</i> ve <i>P. dulcis</i> konaklarına bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler	37
Çizelge 4.7. ANOVA sonuçlarının tanımlayıcı istatistiğine göre <i>P. persica</i> , <i>P. armeniaca</i> , <i>P. domestica</i> ve <i>P. dulcis</i> konaklarını kullanan <i>Hyalopterus</i> üyelerinin morfometrik karakterlere bağlı ortalamaları, alt ve üst değerlerinin çizelge halinde gösterimi	40
Çizelge 4.8. <i>Hyalopterus</i> türlerinin morfometrik karakterlerin <i>P. persica</i> , <i>P. armeniaca</i> , <i>P. dulcis</i> ve <i>P. domestica</i> konaklarına bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi	42

Çizelge 4.9. <i>Hyalopterus</i> popülasyonları için konağa bağlı Kanonikal Varyans Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks'in Lambda istatistiği	45
Çizelge 4.10. <i>Hyalopterus</i> popülasyon konağa bağlı Standartlaştırılmış Kanonikal Varyans Vektör katsayısı	46
Çizelge 4.11. <i>H. pruni</i> 'nin dört farklı lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak) dağılım gösteren popülasyonları arasında farklılık oluşturan morfolojik karakterler.....	47
Çizelge 4.12. <i>H. pruni</i> üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler	48
Çizelge 4.13. <i>H. pruni</i> morfometrik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde'de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi	49
Çizelge 4.14. <i>H. pruni</i> popülasyonlarının lokaliteye bağlı kanonikal ayırma analizi; , özdeğer istatistiği ve Wilks'in Lambda istatistiği	51
Çizelge 4.15. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde'de dağılım gösteren <i>H. pruni</i> popülasyonlarının lokaliteye bağlı Standartlaştırılmış Kanonikal Ayırma Fonksiyon Katsayısı	51
Çizelge 4.16. <i>H. amygdali</i> 'nin dört farklı lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak) dağılım gösteren popülasyonları arasında farklılık oluşturan morfolojik karakterle.....	53
Çizelge 4.17. <i>H. amygdali</i> üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler	53
Çizelge 4.18. <i>H. amygdali</i> morfometrik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde'de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi	55
Çizelge 4.19. <i>H. amygdali</i> popülasyonlarının lokaliteye bağlı Kanonikal Ayırma Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks'in Lambda istatistiği	56
Çizelge 4.20. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde'de dağılım gösteren <i>H. amygdali</i> popülasyonlarının lokaliteye bağlı Standartlaştırılmış Kanonikal Ayırma Fonksiyon Katsayısı	56
Çizelge 4.21. <i>H. persikonus</i> 'un dört farklı lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak) dağılım gösteren popülasyonları arasında farklılık oluşturan morfolojik karakterle.....	58

Çizelge 4.22. <i>H. persikonus</i> üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler	59
Çizelge 4.23. <i>H. persikonus</i> morfometrik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde'de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi	61
Çizelge 4.24. <i>H.persikonus</i> popülasyonlarının lokaliteye bağlı Kanonikal Ayırma Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks'in Lambda istatistiği	62
Çizelge 4.25. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde'de dağılım gösteren <i>H. persikonus</i> popülasyonlarının lokaliteye bağlı Standartlaştırılmış Kanonikal Ayırma Fonksiyon katsayısı	62
Çizelge 4.26. <i>Hyalopterus</i> türlerine ait haplotiplerin konak bitki ve lokalite bilgileri	63
Çizelge 4.27. Maksimum benzerliğe bağlı Transisyon (ti)/Transversiyon (tv) oranları	66
Çizelge 4.28. <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarına ait haplotipler ve haplotip görülme sıklıkları	67
Çizelge 4.29. Kimura 2 Parametresi kullanılarak 10 haplotip için oluşturulmuş genetik mesafe matrisi	67
Çizelge 4.30. Her bir popülasyon için genetik çeşitliliğin hesaplanmasının gösterimi	68
Çizelge 4.31. <i>Hyalopterus</i> 'a ait erik, badem, kayısı ve şeftali konakları üzerinden beslenen 29 popülasyonu karşılaştırmak için pairwise yaklaşımıyla elde edilmiş F_{ST} değerleri matrisi	68
Çizelge 4.32. Böcek mitokondri genomu için aminoasit değişim çizelgesi	69
Çizelge 4.33. <i>Hyalopterus</i> 'un 658 bç.'lik mitokondrial COI gen bölgesinin aminoasitlere dönüştürülmüş şekli	70
Çizelge 4.34. <i>Hyalopterus</i> üyelerinin 10 haplotipinde 658 bç.'lik COI kısmi gen bölgesi için aminoasit kullanımının gösterimi	74

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Afitlerin ayırt edici özellikleri	9
Şekil 2.2. Mitokondriye ait gen bölgeleri	15
Şekil 2.3 <i>Hyalopterus</i> üyelerinin morfoloji temelli tayin anahtarı.....	17
Şekil 2.4. Birincil konaklarına bağlı aptera vivipar <i>Hyalopterus</i> üyelerinin morfometri temelli tayin anahtarı	19
Şekil 2.5. <i>P. armeniaca</i> , <i>P. dulcis</i> , <i>P. domestica</i> , <i>P. persica</i> üzerimde beslenen aptera vivipar <i>Hyalopterus</i> üyelerinin morfometri temelli tayin anahtarı	20
Şekil 4.1. <i>Hyalopterus amygdali</i> 'nin <i>Prunus dulcis</i> yaprağı altında beslenirken (A) ve mikroskoptaki genel vücut (B), baş bölgesi (C) ve sifunkuli (D) görüntüleri.....	28
Şekil 4.2. <i>Hyalopterus persikonus</i> 'un <i>Prunus persica</i> yaprağı altında beslenirken (A) ve mikroskoptaki genel vücut (B), baş bölgesi (C) ve sifunkuli (D) görüntüleri	29
Şekil 4.3. <i>Hyalopterus pruni</i> 'in <i>Prunus domestica</i> yaprağı altında beslenirken (A) ve mikroskoptaki genel vücut (B), baş bölgesi (C) ve sifunkuli (D) görüntüleri	29
Şekil 4.4. <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarının anten segment sayıları	30
Şekil 4.5. <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarının popülasyonlarının sifunkuli uzunluk ve görünümleri.....	30
Şekil 4.6. <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarının konak bitki üzerinde görünümleri	31
Şekil 4.7. <i>Hyalopterus</i> üyelerinin konak ve lokalite ayrımı yapılmadan CVA' ya göre sınıflandırılmaları	36
Şekil 4.8. <i>Hyalopterus</i> bireylerinin <i>P.domestica</i> , <i>P.persica</i> , <i>P.armeniaca</i> ve <i>P.dulcis</i> konak bitki tercihlerine bağlı CVA' ya göre sınıflandırılmaları.....	46
Şekil 4.9. Farklı lokalitelerde dağılım gösteren <i>H. pruni</i> popülasyonlarının CVA' ya göre sınıflandırılmaları	52
Şekil 4.10. Farklı lokalitelerde dağılım gösteren <i>H. amygdali</i> popülasyonlarının CVA' ya göre sınıflandırılmaları	57
Şekil 4.11. Farklı konakları kullanan <i>Hyalopterus</i> popülasyonlarına ait 29 bireyde, 658 bç.'lik mitokondriyal COI gen bölgesi kısmi dizi analizi sonucu elde edilen 10 haplotipin baz dizileri.....	65

Şekil 4.12. 658 bç.'lik COI kısmi gen bölgesine bağlı 10000 tekrarlı MP (solda) ve ML (sağda) analizlerinden elde edilen konağa bağlı 10 <i>Hyalopterus</i> haplotipinin filogenetik ağacı	76
Şekil 4.13. 658 bç. 658 bç.'lik COI kısmi gen bölgesine bağlı GTR+I baz değişim modeli kullanılarak 120.000 nesile göre gerçekleştirilmiş BI analizinden elde edilen, konağa bağlı 10 <i>Hyalopterus</i> haplotipinin filogenetik ağacı	77
Şekil 4.14. 10 <i>Hyalopterus</i> haplotipinin konağa bağlı olarak 10000 tekrarlı olarak NJ (Neighbour Joining) analiziyle oluşturulmuş filogenetik ağaç	78
Şekil 4.15 10 <i>Hyalopterus</i> haplotipinin COI bölgesine ait Network Analizi	79



FOTOĞRAFLAR DİZİNİ

Fotoğraf 4.1. 658 bç'lik mitokondriyal COI gen bölgesine ait PCR agoroz jel elektroforez görüntüsü	63
--	----



SİMGE VE KISALTMALAR

Simgeler

μ l	Mikrolitre
g	Relatif santrifüj kuvveti
σ	Gerilme

Kısaltmalar

Açıklama

A2G	Anten II. Segment genişliği
A2G/FrsU	İkinci Anten Segment Genişliğinin Alın Tüyü
A2U	Antenin II. Segment Uzunluğu
A3U	Antenin III. Segment Uzunluğu
A4U	Antenin IV. Segment Uzunluğu
A6PT	Anten 6. Segmentinin Uç Kısmının Ölçümü
A6Taban	Anten 6. Segmentinin Taban Uzunluğunun Ölçümü
ANT6PT/ANT6Taban	Anten Altıncı Segmentinin Terminal Kısmının Taban Kısmına Oranı
ANTIIIU/ANT.IVL	Anten Üçüncü Segmentinin Anten Dördüncü Segmentine
ANTIIIU/KU	Anten Üçüncü Segmentinin Kuyruk Uzunluğuna Oranı
COI	Sitokrom Oksidaz Alt Ünite I
FFG	Ön Bacak Femur Genişliği
FFU	Ön Bacak Femur Uzunluğu
FFU/FFG	Ön Bacak Femur Uzunluğunun Genişliğine Oranı
FrsU	Fronsal Seta Uzunluğu
HT II.U	Hind Tarsus II. Segment Uzunluğu
HT.I.U	Hind Tarsus I. Segment Uzunluğu
KU	Kuyruk Uzunluğu
MDHSM	Orta Baş Tüyleleri Arasındaki Mesafe
MDHSM/MDHSU	Orta Baş Tüyleleri Arasındaki Mesafenin Orta Baş Tüyü Uzunluğuna Oranı

MDHSU	Orta Bař Tüyü Uzunluęu Oranı
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
SIPH.G	Sifunkuli Geniřlięi
SIPH.U	Sifunkuli Uzunluęu
SIPH.U/SIPH.G	Sifunkuli Uzunluęunun Geniřlięine Oranı
SIPHU/KU	Sifunkuli Uzunluęunun Kuyruk Uzunluęuna Oranı
T3U	Hind Tibia Uzunluęu
T3U/KU	Hind Tibia Uzunluęunun Kuyruk Uzunluęuna Oranı
URSG	Rostrum IV. Segment Geniřlięinin Ölçümü
URSU	Rostrum IV. ve V. Segmentlerinin Uzunluęunun Ölçümü
	Uzunluęuna Oranı
ver.	Versiyon
VU	Vücut Uzunluęu

BÖLÜM I

GİRİŞ

Afitler bitki özsuyuyla beslenen, küçük vücutlu, polifenizm, teleskopik jenerasyon, döngüsel partenोजenez gösteren ve adaptasyon kabiliyetleri yüksek Hemiptera takımına ait böcek grubudur. Dünya’da tanımlı 510 cins altında yaklaşık 5000 civarında türle ve Türkiye afit faunasında yaklaşık 532 türle temsil edilmektedir. Dünya genelinde yaygın olarak bulunmalarına rağmen afitler ılıman iklimlerde daha baskındır. Aphidoidea’nin %70’ini oluşturan Aphididae ve Drepanosiphidae belli bir bölgeyle sınırlı değilken, bu üst familyanın %7’sini oluşturan Greenideinae ve Homaphidinae alt familyaları çoğunlukla Asya’nın Güney Doğusu ve Avustralya bölgesinde sınırlı dağılım göstermektedir. Bunun yanında en önemli afit familyalarının dağılımı sınırlı değildir. Bitki floem özsuyuyla beslenen afitlerin yaklaşık %99’u en azından bir konağa spesifiktir. Filogenetik ve fosil kanıtlara dayanarak afitlerin atasal formlarının odunsu bitkiler üzerinde beslendikleri ve eşeyli olarak üredikleri öne sürülmektedir (Blackman ve Eastop, 2000; Şenol vd., 2015a; Blackman ve Eastop, 2017). Evrimlerinin ilk zamanlarında afitlerin bütün geniş taksonlarında partenोजenez gelişmiştir. Daha sonra tipik olarak bir jenerasyonun eşeyli üremesini takiben partenोजenez tüm dişi bireylerde görülmüştür. Bu durum döngüsel partenोजenez ya da holosiklik olarak tanımlanır. Bazı afitlerde ise sadece eşeyli üremenin tamamen ortadan kalktığı anholosiklik üreme şekli görülür. Eşeyli üremenin ortadan kalkmasına bağlı olarak anholosiklik üremenin holosiklik üremeden kökenlendiği ileri sürülmektedir. Afıt evrimsel gelişiminin diğer sıra dışı bir özelliği de monoecious ve heterocious afitlerin varlığıdır. Monoecious afitler tek bir konak üzerinde beslenirken, heterocious afitler birincil konak olarak eşeyli üreme için odunsu bitkileri kullanırlarken, ikincil konak olarak yaşam döngülerinin partenogenetik kısmı için otsul bitkileri kullanırlar. Çok sayıda afit türü çeşitli bitki aileleri üzerinden beslenmektedir. Bitki grupları arasında çeşitlilik açısından üçüncü sırada yer alan Compositae yaklaşık 600 afit türüne konaklık yapmaktadır. Bunun yanında bitki çeşitliliği açısından 4. sırada yer alan Leguminosae konaklık yaptığı afit sayısına göre sadece 9. sırada yer almaktadır. Bitki çeşitliliği açısından değerlendirildiğinde, konak olarak kullanılma oranları arasında bir korelasyon bulunmamaktadır (Çizelge 1.1.) (Dixon, 1997).

Çizelge 1.1. Bitki çeşitliliği bakımından bitki grupları ve bu grupların afitlerce konak kullanımına bağlı gösterimi (Dixon, 1997)

Sıralama				
Bitki Grubu	Tür Sayısı	Afit Sayısı	Afit Çeşitliliği	Bitki Çeşitliliği
Compositae	19000	605	1	3
Coniferae	400	363	2	58
Rosaceae	2500	293	3	22
Gramineae	8000	242	4	8
Saliceae	530	216	5	56
Fagaceae	750	211	6	50
Betulaceae	150	108	7	68
Umbelliferae	2900	107	8	19
Leguminosae	12500	106	9	4

Afitlerin konak bitkiyi bulmaları bitkinin kokusuna rengine ya da ikisine birden bağlı olabilir. Besin bakımından zengin bitkinin belirteci olan sarı renk, afitleri daha çok çeker. Yüksek oranda uçucu kimyasal bileşenler içeren bitkilerin kokusu da afitler üzerinde etkilidir. Öncelikli olarak kanatlı afitler konak bitkiye gelerek kolonize olurlar. Konak bitki üzerine geldikten sonra potansiyel konaklarını yüzey yapısı ve dokularının kimyasal yapısına göre belirlerler. Afitlerin antenleri koku gibi kimyasal uyarınları algılayan çok sayıda duyarga (sensila) bulundurmaktadır. Konak bitki üzerine geldikten sonra afitler bitki yüzeyi üzerinde yürüyerek antenleri ve ağız parçaları ile incelerler. Antenlerinde ve mandibular stiletlerinin ucunda bulunan duyu almaçlarıyla bitkinin kimyasal yapısının uygun olup olmadığını belirlerler. Eğer kimyasal belirteçler ve yüzey kompozisyonu uygunsa mandibular ve maksillar stiletleri aracılığıyla beslenmeye başlarlar (Dixon, 1997; Blackman ve Eastop, 2017). Afitler buldukları alanlarda tarımsal ürünlere, süs bitkilerine ve doğal olarak yetişen otsu ve odunsu bitkilere zarar veren en önemli böcek gruplarından birisidir. Bitki özsuyla beslenen afitler bitkide bodur büyüme, deformasyon, solma gibi sonuçlara neden olarak Dünya genelinde %70 ile %80 oranında ürün kaybına neden olmaktadır. Afitler ılıman bölgelerde en ciddi ürün zararlısı olup, ekinlerde doğrudan ya da dolaylı yoldan ciddi kayıplara neden olabilirler. Mesela; Kuzey Amerika'ya *Aphis glycines* Matsumura, 1917, *Toxoptera citricidus* (Kirkaldy, 1907) ve *Diuraphis noxia* (Kurdjumov, 1913)'nın girişi milyonlarca dolarlık ekin kaybına neden olmuştur. Bu zararlara karşı uygulanan kimyasal-biyolojik-entegre mücadele yöntemlerine rağmen afitler son zamanlarda yayılım alanlarını hızla genişletmekte ve zararları da gittikçe artmaktadır. Afitlerle ilgili

çalışmalar üreme potansiyelleri, ekonomik olarak önemli bitki gruplarına vermiş oldukları zarar, pestisitlere dirençlilik kazanımının kısa sürede gerçekleşmesi, işgalci türler listesinde ilk sıralarda bulunmaları ve küresel ısınmanın olası etkilerinin araştırılmasında model grup olmaları nedeniyle oldukça yoğun bir şekilde devam etmektedir. Afiterin doğru bir şekilde tanımlanmaları ve özellikle işgalci tür açısından düşünüldüğünde işgalin ilk aşamalarında tespitleri önem arz etmektedir (Lee vd., 2011; Kinyanyui vd., 2015). Afit taksonomistleri günümüzde tür düzeyinde tanımlamaları morfolojiye dayalı olarak oluşturulmuş tayin anahtarlarına bağlı olarak gerçekleştirmektedirler (van Emden ve Harrington, 2007). Ancak, afiter gibi yüksek fenotipik plastisite gösteren gruplarda bu tayin anahtarları bazı durumlarda yetersiz kalabilmektedir. Böyle durumlarda morfometrik yöntemler ve moleküler yöntemler veya her ikisi birlikte doğru teşhis işlemlerinin yapılabilmesi için afit taksonomistleri tarafından sıklıkla başvurulan yöntemler olarak karşımıza çıkmaktadır (Lee ve Lee, 2013; Cocuzza vd., 2015). Örneğin; Hebert vd. (2003), DNA barkodlamanın afit taksonomisi için geçerliliğini belirlemeyi hedeflemişlerdir. COI gen bölgesinin şube seviyesinde değerlendirme için 669 bç., takım düzeyindeki değerlendirme için 624 bç. ve tür seviyesindeki değerlendirmede 617 bç. lik kısımlarını kullanmışlar ve barkodlama yönteminin şube seviyesinde %96, takım, sınıf ve türleri ayırmada yaklaşık %100 başarılı sonuç verdiği ifade etmişlerdir. Benzer şekilde Footit vd., (2008) 658 bç.'lik COI bölgesini kullanarak 134 cinsin üyesi 335 türün taksonomik ayrımını yapmaya çalışmışlardır ve türlerin çoğunun (%96) birbirinden iyi bir şekilde ayrılabilirdiğini ve tür içi dizi farklılığının ortalama % 0.2 olduğunu belirlemişlerdir.

Prunus cinsi bitki türlerini enfekte eden ve virüs taşımaktan sorumlu olan *Hyalopterus* türlerini içeren bir başka çalışmada ise moleküler ve morfolojik karakterler birlikte kullanılmıştır (Lozier vd. 2008). İsrail, İspanya, Amerika, Yunanistan, İtalya, Tunus ve Gürcistan'dan elde ettikleri örneklerden 228 bç.'lik EF-1 α , 359 bç.'lik mitokondriyal 12S, 343 bç.'lik COI ve birincil endosimbiont olan *Buchnera aphidicola*'nın 393 bç.'lik 16S rDNA sekanslarından elde ettikleri moleküler verilerin ve 16 morfometrik karakterin analizini yapmışlardır. Konak bitki kullanımları dikkate alınarak bu cinsin revizyon gerektirdiği saptanmış, çalışma sonucunda *Hyalopterus persikonus* Miller, Lozier ve Footit, 2008 yeni tür olarak tanımlanmış ve bu cinsin tayin anahtarında morfometrik olarak değişiklikler yapılmıştır. Yine Lozier vd. (2009)'nin yapmış oldukları bir başka çalışma ile yerli ve yayılımcı olan *Hyalopterus pruni*'nin genetik çeşitlilik ve gen akışı seviyesinin toplandığı yayılım parametrelerinin değerlendirilmesi

için, 9 mikrosatellit lokusu ve COI, cyt b ve 12S rDNA olmak üzere üç mtDNA geni kullanmıştır. Kaliforniya'daki *Hyalopterus* türlerinin İspanya'dan gelmiş olabileceği ve Amerika ve Kanada'daki türlerin Orta-Kuzey Avrupa'dan gelmiş olabilecekleri gösterilmiştir. Kaliforniya'daki *Hyalopterus* popülasyonlarının yerli popülasyonlara göre daha düşük oranda genetik çeşitliliğe sahip oldukları, aynı zamanda yayılımcı popülasyonlar arasında gen akışının da düşük olduğu belirtilmiştir.

Kim vd. (2010), 500'den fazla üyeye sahip olan *Aphis* cinsi üzerinde yaptıkları 28 morfometrik karakteri değerlendirdikleri çalışmada cinsin üyelerini *gossypii*, *craccivora*, *fabae* ve *spiraecola* grubu olmak üzere 4 ana gruba ayırmışlardır.

Lee vd. (2011), Kore'de yayılış gösteren 72 farklı cinsin üyesi 154 tür üzerinden barkodlama çalışması yaparak daha önce yapılan çalışmaları güncellemeye çalışmışlardır. 658 bç'lik COI bölgesi için 249 bireyi DNA dizi analizinde değerlendirerek GenBank arşivinden aldıkları 334 veriyle kıyaslamışlardır. 457 türün büyük çoğunluğu (%92,34) iyi bir ayrılma göstermiş ve yaptıkları çalışmanın sonucunda DNA barkodlama çalışmalarının Aphididae ailesine ait türlerin ayırımında etkili bir araç olarak kullanılabileceğini vurgulamışlardır.

Wang vd. (2011), Aphidina subtribusunun üyeleri arasında bulunan taksonomik karmaşıklıkları giderebilmek amacıyla; Çin, Avrupa ve Kuzey Amerika'dan elde ettikleri örneklerde 1250 bç.'lik COI bölgesini kullanarak yaptıkları filogenetik analizlerde *Cryptosiphum* ile Macrosiphini ve *Swirskiaphis* Rhopalosiphina'nın birlikte kümelendikleri diğer Aphidina gruplarının ise ayrı bir grup oluşturduğunu bulmuşlardır. Rhopalosiphina, Aphidina'yla monofiletik kardeş grup oluştururken, Macrosiphini ve Fordinae ayrı kökenlenmiş ve kümelenmişlerdir.

Mróz ve Depa (2012), Polonya'nın güney batısında dağılım gösteren ve *Forda rotunda* olarak tanımlanan *Paracletus cimiciformis* morflarını moleküler olarak COI mitokondriyal gen bölgesiyle değerlendirmişlerdir. Bu çalışmada *P. cimiciformis* popülasyonlarını *Forda* üyeleriyle karşılaştırmışlar ve *F. rotunda*'nın sinonimi olan *P. cimiciformis* popülasyonlarının *Forda* üyelerinden farklı olduğunu moleküler olarak desteklemişlerdir.

Depa vd. (2013), afitler gibi kriptik türlerin tanımlanmasındaki sorunların çözümünde COI bölgesinin oldukça etkili olduğunu belirtmişlerdir. Bu çerçevede *Stomaphis radicola*'nın biyolojisi, cins içerisindeki taksonomik pozisyonunu anlamak amacıyla mitokondriyal COI bölgesini kullanmışlardır. COI bölgesine bağlı olarak elde ettikleri sonuçlarda *S. radicola*'nın *S. quercus* ve *S. wojciechowskii* türleriyle yakın akraba olduklarını ve *S. longirostris* ile *S. graffii* türleriyle uzak akraba olduklarını belirtmişlerdir.

Durante vd. (2013), Kosta Rica ve Meksika'dan topladıkları afit örnekleri ile yaptıkları morfometrik ve moleküler çalışmalar (mtDNA ve nükleer gen) sonucunda Asteraceae familyası üzerinde beslenen (*Ucrimyzus villalobosi*) yeni bir cins ve tür belirlemişlerdir. Rakuaskas vd. (2013), Bulgaristan, Romanya, Slovakya, Litvanya ve Macaristan'dan topladıkları *Hyalopterus* türleri arasındaki spesifikliği COI gen bölgesi ve 22 morfometrik karakter kullanarak ortaya çıkarmaya çalışmışlardır. Çalışma sonucunda konağa bağlı olarak gerek moleküler gerekse morfometrik verilere göre, *Hyalopterus* türleri badem konağı üzerinde *H. amygdali*, erik konağı üzerinde *H. pruni* ve şeftali konağı üzerinde *H. persikonus* olacak şekilde gruplanmıştır.

Rebijith vd. (2013), Hindistan'da yayılım gösteren kriptik afit türlerinin ayrımını yapmak amacıyla 32 türden 142 bireyin 658 bç.'lik COI gen bölgesinin dizi analizini yapmışlardır. Dizi analizi verilerine göre tür içi genetik mesafeyi %0-3.8 ve türler arası genetik mesafeyi %2.31-18.9 olarak belirlemişlerdir. Bunun yanında *Brevicoryne brassicae* (Linnaeus), *Hyperomyzus carduellinus* (Theobald) ve *Brachycaudus helichrysi* (Kaltenbach) olmak üzere üç kriptik türün Hindistan'da varlığını ilk defa belirtmişlerdir.

Coeur d'acier vd. (2014), Avrupa'nın farklı bölgelerinde dağılım gösteren 87 cinse ait 274 türü, DNA barkodlama çalışmalarının afitlerde kullanılmasının avantaj ve sınırlamalarını anlayabilmek amacıyla, 658 bç.'lik COI bölgesini amplifiye etmişlerdir. Rakuaskas vd. (2014), Avrupa'nın farklı ülkeleri ve Türkiye'den dağılım gösteren *Prunus avium* ve *P.cerasus* konakların üzerinden topladıkları 50 *Myzus cerasi* (Fabricius, 1775) popülasyonunu moleküler ve morfometrik yöntemleri kullanarak değerlendirmişlerdir. Bu çalışmayla morfolojik varyasyonlarla moleküler varyasyonlar arasında korelasyon olup olmadığını kontrol etmeye çalışmışlardır. 616 bç. COI bölgesi

ve 19 morfometrik karakteri kullanarak yaptıkları çalışmada *M. cerasi cerasi* ve *M. cerasi pruniavium* alttür tanımlamalarını doğrulamışlar ve morfolojik ve morfometrik analizlerin *Myzus* üyelerinin ayırımında korelasyon gösterdiğini belirtmişlerdir.

Chen vd. (2015), yaptıkları çalışmada moleküler ve morfometrik yöntemleri kullanarak Çin’de dağılışı gösteren *Aspidophorodon* üyelerini yeniden değerlendirmişlerdir. Moleküler analizler için 658 bç.’lik COI ve 1322 bç.’lik 16S RNA bölgelerini *Aspidophorodon* üyeleri için değerlendirmişlerdir. Morfometrik olarak ise 36 karakteri kullanmışlardır. Yaptıkları çalışmanın sonucunda *Aspidophorodon (Aspidophorodon) cornuatus*, *Aspidophorodon (Aspidophorodon) musaicus* ve *Aspidophorodon (Aspidophorodon) obtusus* olmak üzere üç yeni tür tanımlanmıştır.

Cocuzza vd. (2015), *Anuraphis* üyeleri arasındaki COI bölgesi ve morfolojik verilerin uyumluluğunu ortaya koymaya çalışmışlardır. İtalya, Çek Cumhuriyeti ve Fransa’da farklı konaklar üzerinden elde ettikleri *Anuraphis*’e ait altı türü kıyaslamışlardır. COI bölgesine bağlı yaptıkları çalışmanın, daha önce Barbagallo ve Cocuzza (2003) tarafından yapılan çalışmada elde ettikleri morfolojik özelliklerin multivaryans analiz sonuçlarıyla örtüşüğünü gözlemlemişlerdir. Buna göre *Anuraphis* üyeleri *A. farfarae*, *A. pyrilaseri* birinci grup ve *A. subterranea*, *A. cachyros*, *A. shaposhnikovi*, *A. catonii* 2.grup olmak üzere iki gruba ayrılmıştır.

Lee vd. (2015), 658 bç.’lik COI bölgesini kullanarak Kore’den koleksiyonunu yaptıkları *Aphis gossypii* kompleksinde konağa bağlı genetik farklılıkları belirlemişlerdir. Morfometrik olarak ise 56 vivipar dişiyi 39 morfolojik karakter kullanarak analizleri gerçekleştirmişler. Moleküler ve morfometrik olarak yaptıkları çalışma sonucunda konağa bağlı olarak yüksek oranda farklılaşma olduğunu gözlemlemişler ve *Aphis rhamnocola*’yı yeni tür olarak belirtmişlerdir.

Lee ve Akimoto (2015), gal oluşturan Kore ve Japonya’dan koleksiyonu yapılmış 23 Eriosomatinae türünü mitokondriyal ATP6 (657 bç.), ATP8 (166 bç.) ve COI (597 bç.) bölgelerini kullanarak kıyaslamayı hedeflemişlerdir. Yaptıkları çalışmanın sonucunda ATP8 geninin COI gen bölgesi gibi afitlerin tanımlanmasında ve sınıflandırılmasında etkili olduğunu ATP6 gen bölgesinin diğer iki bölge kadar etkili olmadığını belirlemişlerdir. Bu çalışmayla birlikte ilk defa ATP8 geninin kullanışlı bir yöntem olup

olmadığı sınanmış ve eriosomatine türlerinde hatalı tanımlama gibi sorunların çözümünde kullanışlı bir barkod bölgesi olabileceği kanısına varmışlardır.

Mdellel ve Ben Halima-Kamel (2015), *Pterochloroides persicae* popülasyonlarının morfolojileri üzerine konağın olası etkilerini belirlemeye çalışmışlardır. Yaptıkları çalışmada 13 morfometrik karakter üzerinden 90 birey değerlendirmişlerdir. Erik, şeftali ve badem konakları üzerinde beslenen populasyonlar en iyi ANT I, ANT IV ve ANT V karakterleriyle ayrılmışlardır. *P. persicae* popülasyonlarının morfolojileri üzerinde konağın etkili olduğu sonucuna varmışlardır.

Rakuaskas vd. (2015), Avrupa'daki *Aphis pomi* ve *Aphis spiraecola* türlerinin moleküler ve morfolojik özelliklerini ortaya koymayı amaçlamışlardır. Moleküler olarak COI ve EF-1 α bölgelerini çoğaltmışlardır. *A. pomi* için COI ve EF-1 α bölgelerine ait 1 haplotip tayin etmişlerdir. *A. spiraecola* COI bölgesi için en sık haplotipin (n=16) Litvanya, Polonya, Türkiye, Çin, İtalya ve Letonya örneklerini içerdiğini ve EF-1 α bölgesi için en sık haplotipin (n=14) Litvanya, Polonya, Türkiye, Çin ve İtalya örneklerini içerdiğini belirlemişlerdir. Altı morfolojik karakter üzerinden yaptıkları değerlendirmede ise keçisakalı ve elma konağı üzerinde beslenen afitler arasında en iyi ayırımın rostrumun uç segment uzunluğunun ölçümüyle olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca bu çalışmayla ilk defa Avrupa'nın doğu Baltık Bölgesinde *A. spiraecola*'nın varlığını tespit etmişlerdir.

Wieczorek vd. (2015), *Drepanosiphoniella* Davatchi, Hille Ris Lambers ve Remaudiere, 1957 üyelerini kanatlı/kanatsız ile dişi/erkek bireyleri içeren 66 preparat üzerinden, 18 morfometrik karakterle değerlendirmişlerdir. Temel Bileşen Analizi (PCA) sonuçlarına göre cins üyeleri iyi bir ayırım göstermiştir ve *Drepanosiphoniella remaudierei*'yi yeni tür olarak ve *D. aceris caucasica*'yı yeni alt tür tanımlamışlardır. Ayrıca *D. aceris aceris*'e ait ovipar dişi ve kanatsız erkek üyelerini tanımlayıp, morfolojik ayırteci özelliklerini göstermişlerdir. Afit morflarının, türlerinin ve cinslerinin ayırımında morfolojik yöntemlerin kullanılmasının etkili olduğunu bu çalışmayla desteklemişlerdir.

Kinyanjui vd. (2016), 1540 bç.'lik PCR-RFLP ve 680 bç.'lik COI bölgesini kullanarak Kenya'da dağılım gösteren ekonomik açıdan önemli afit türlerini tanımlamayı

amaçlamışlardır. RFLP ve COI gen bölgesi sonuçlarına göre *Brevicoryne brassicae*, *Lipaphis pseudobrassicae*, *Acyrtosiphon pisum*, *Myzus persicae* ve *Aphis gossypii* birbirinden iyi bir şekilde ayrılmıştır.

Lagos-Kutz vd. (2016), Kuzey Amerika'dan elde ettikleri *Aphis asclepiadis* grubu üyelerinin COI ve EFA1 gen bölgelerini kullanarak taksonomik durumlarını değerlendirmeyi hedeflemişlerdir. Bayesian, Maksimum Parsimoni ve Network sonuçları *A. asclepiadis*, *A. carduella* ve *A. nigratibialis* için oluşturulmuş ayırt edici karakterleri desteklemiştir. *A. asclepiadis*'in *A. carduella*'nın senior sinonimi olduğu kanısına varmışlardır. Ayrıca çalışmanın sonucunda *Cornus* üzerinden beslenen eşeysel formların ayırımında morfolojik olarak kullanışlı olduğunu belirtmişlerdir ve kanatlı ve kanatsız formlara bağlı morfometrik yöntemlere dayalı teşhis anahtarı oluşturmuşlardır. Morfometrik ve DNA barkodlama çalışmaları son zamanlarda türlerin ayırt edilebilmesinde, tarihsel geçmişlerinin anlaşılabilmesinde, filocoğrafi ve filogenetik örüntülerinin anlaşılabilmesi için önem arz ettiği görülmüştür.

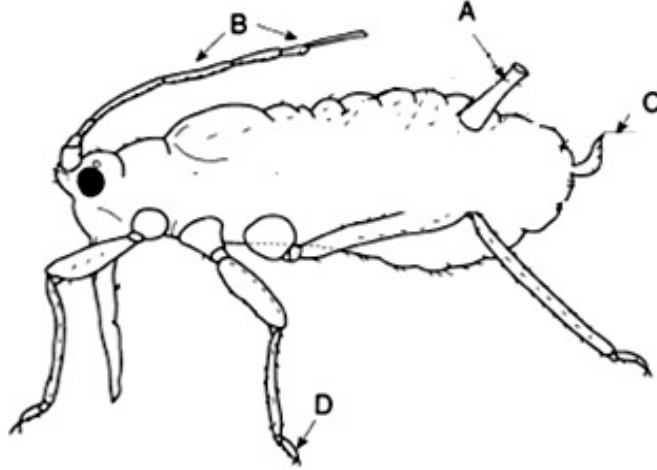
Bu bağlamda tez çalışmasında morfometrik karakterler kullanılarak ve 658 bç.lik COI (sitokrom oksidaz alt ünite I) bölgesi amplifiye edilerek, farklı programlar ile gerçekleştirilen analizler neticesinde Türkiye'de yayılış gösteren *Hyalopterus*'a ait türlerin teşhislerinin doğruluğu, muhtemel populasyonlar arası/içi varyasyonların ve filogenetik özelliklerinin ortaya konulabilmesi hedeflenmiştir.

BÖLÜM II

GENEL BİLGİLER

2.1 Afit Taksonomisi

Hemiptera takımına dahil olan afitlerin en çok bilinen özellikleri olan döngüsel partenogenez afitleri bu takımın diğer gruplarından ayırır. Sifunkuli, 5-6 segmentli anten (son segmentin terminal çıkıntıyla sonlanması), 2 segmentli tarsus (1. Segmentin 2. Segmentten kısa olması) ve kuyruk afitlerin karakteristik olan morfolojik özellikleridir (Şekil.2.1.).



Şekil 2.1. Afitlerin ayırt edici özellikleri (A. Sifunkuli, B. 5-6 segmentli anten C. Kuyruk, D. 2 segmentli tarsus) (Dixon, 1998'den değiştirilerek)

Dünya'da yaklaşık olarak 5000 türle temsil edilen afitler Aphidoidea üst familyası altında gruplanırlar. Yaklaşık 4700 türle en fazla üyeyi içeren Aphididae, Aphidoidea'nin üç familyasından biridir. Aphidoidea'ye dahil olan diğer iki familya ise; Adelgidae ve Phylloxeridae'dir. Tarımsal açıdan önemli gruplar Aphididae altfamilyası altında gruplanmıştır (Dixon, 1997; Van Emden ve Harrington, 2007).

Aphididae'nin altfamilyalarından birisi olan Aphidinae Holartik zoocoğrafik bölgesinde dağılım gösterir. Bu altfamilya 177 farklı cinse dahil olan 2700 türle, yani

şimdiye kadar tanımlanmış türlerin yaklaşık %60'ını içermesiyle bütün afit soyları içerisinde en fazla biyoçeşitliliğe sahip gruptur (Çizelge 2.1.). Aphidinae Macrosiphini ve Aphidini olmak üzere iki tribusa ayrılmıştır. Aphidini tribusu ise Aphidina ve Rhopalosiphina olmak üzere iki alttribustan oluşmaktadır. *Hyalopterus*'un da içinde yer aldığı Rhopalosiphina üyelerinin çoğunda konak değişimi görülmektedir. Aphidina üyesi olan *Aphis* 500'den fazla tanımlanmış tür içermektedir ve baskın olarak otsu formların üzerinden beslenirler (Vilcinskas, 2016). Afitlerin morfolojileri ve konak bitki ilişkisi sınıflandırılmalarında önemlidir. Konak bitkilerle yakından ilişkili olmaları özgün yaşam döngülerine bağlıdır. Yaşam döngülerinin neticesi olarak ortaya çıkan yüksek fenotipik plastisite, mevsimsel polifenizm, konağa özelleşmiş biyotipler yanlış tanımlamalara yol açabilmektedir (Lee vd., 2011; Lee vd., 2015). Günümüzde Aphidinae'nin yaklaşık %15'i konak bitki değiştirirken, % 85'i sadece odunsu bitkileri kullanmaktadır. Yaklaşık 450 tür ekonomik öneme sahip bitkilerin üzerinde beslenirken bunların 100'ü ekonomik olarak oldukça önemlidir. Teşhis anahtarları, morfolojik özellikleri, dağılımları ile ilgili bilgilere internet veri tabanlarında sunulmaktadır ve bu veriler sürekli güncellenmektedir (Vilcinskas, 2016; Blackman ve Eastop, 2017).

2.1.1 Taksonomik sorunlar

Afitlerde zaman zaman teşhisler bir örnek üzerinden ve morfolojik karakterlere dayalı anahtarlar kullanılarak yapılmıştır ve yapılmaktadır. Özellikle yakın ilişkili gruplarda afit morfolojisinin yüksek plastisite göstermesi, kriptik, hibrit ve karmaşık tür gruplarının varlığı dolayısıyla teşhisleri zordur. Birçok afit türü morfolojik olarak benzerdir ve ekolojik olarak çelişen taksonlar sıklıkla görülür. Evrimsel eğilim taksonomik açıdan kullanışlı bazı karakterlerin yok olmasına neden olabilir. Konak ve çevre etkisinden dolayı fenotipik plastisite afitlerin tanımlamalarını zorlaştırabilir. Ayrıca çeşitli iklim koşullarında, farklı konaklarda farklı morfolojilerin görülmesi, karmaşık yaşam döngüleri, polimorfizm, döngüsel partenogenez, yaz ve bahar aylarında konak değişimi türlerin tanımlamalarını güçleştiren diğer faktörlerdir. Bu bağlamda sürekli morfolojik varyasyon diğer böcek gruplarına göre afitlerde daha yaygındır ve afitlerin morfolojik karakterlere bağlı olarak tanımlanması spesifik bilgi, alıştırma, yetenek ve zaman gerektirir.

Çizelge 2.1. Büyük afit grupları arasında tarımsal olarak önemli türlerin biyolojik özellikleri ve dağılımları (Van Emden ve Harrington (2007)'dan değiştirilerek)

Takson	Karakteristik Konak Bitki	Coğrafi dağılımları	Tarımsal açıdan önemli tür sayısı/toplam tür sayısı
Adelgidae	Coniferae	Holarktik	0/49
Phylloxeridae	Fagaceae, Juglandaceae	Holarktik (genelde nearktik)	1/64
Aphididae:			
Eriosomatinae	Ulmaceae, Salicaceae, Anacardiaceae, Gymno- ve Angiospermlerin kökleri	Holarktik, Oriental	9/319
Hormaphidinae	Hamamelidaceae, Styracaceae,	Genelde Oriental	5/176
Anoeciinae	<i>Cornus</i> , otsulların kökleri	Holarktik	2/24
Calaphidinae	Kışın yaprak döken ağaçlar	Holarktik	6/331
Saltusaphidinae	Sazlıklar	Holarktik	0/68
Chaitophorinae	Salicaceae, <i>Acer</i> ,	Holarktik	2/164
Greenideinae	Dikotiledonlar	Doğu Palaeartik, Oriental	2/151
Pterocommatinae	Salicaceae	Holarktik	0/51
Aphidinae:			
Aphidini	Rosaceae, Poaceae, Asteraceae gibi	Holarktik	20/738
Macrosiphini	çoğu bitki familyası		60/2016
Lachninae	Ağaçlar (Dikotiledonlar and Koniferler)	Holarktik	4/356
Diğer 15 altfamilya	Genelde Dikotiledonlar	Bazıları Oriental ve diğer bazıları güney yarımküre	0/185

Özetlenecek olursa rutin tür tanımlamalarında dört önemli kısıtlama vardır. Bunlar;

1. Fenotipik plastisite ve genetik çeşitlilikten dolayı türlerin tanımlanmasında kullanılan karakterlerin hatalı tanımlamalara yol açması,
2. Çoğu grupta yaygın olan kriptik taksonların varlığı,
3. Morfolojik anahtarlar genellikle belli bir eşeye ya da yaşam seviyesine ait olduğu için birçok bireyin tanımlanamaması,
4. Anahtarların kullanımında hataların önüne geçebilmek açısından ileri derecede uzmanlık gerektirmesidir.

Bu bağlamda sistematik olarak sorunlu grupların teşhisinde morfolojik, moleküler ve konak bitki bilgilerinin birlikte değerlendirilmesi daha geçerli bir çözüm yolu olabilir (Hebert vd., 2003; Valenzuela vd., 2007).

2.1.2 Türkiye’de afit taksonomisinin tarihçesi

Türkiye’de afitlerle ilgili ilk kayıtlar Trotter (1903), Fahringer (1922), Houard (1922) tarafından yapılmıştır. Tuatay ve Remaudiere (1964) 219 türü listelemiş ve lokaliteleri hakkında bilgi vermiştir. Çanakçıoğlu (1975)’nin yazdığı “The Aphidoidea of Turkey” adlı kitapta 258 tür listelenmiş olup, Türkiye’de afitlerle ilgili kapsamlı çalışmalar bu çalışmayla başlamıştır. Remaudiere vd. (2006) daha önce yapılan çalışmaları derleyerek 417 afit türü listelemiştir. Görür vd. (2012) Türkiye afitleri için hazırladıkları checkliste 141 cins altında 480 tür ve 12 alttür listelemişlerdir. Barjadze vd. (2014) 3; Şenol vd. (2014) 9; Görür vd. (2015) 1; Özdemir vd. (2015) 6 ve Şenol vd. (2015a, b) 26 türü Türkiye için yeni kayıt olarak belirtmişlerdir ve ülkemizde yayılış gösteren afit türü sayısı yaklaşık olarak 532’ye ulaşmıştır.

2.1.3 Afıt taksonomisinde morfometrik çalışmaların değerlendirilmesi

Değişik canlı grupları üzerinde çalışan taksonomistler organizmaların ve çoğu türün ayırımında morfolojik farklılıkları birincil parametre olarak geçmişten günümüze kadar kullanmış ve kullanmaktadırlar (Hillis, 1987; Mehrparvar vd., 2012). Şekil ve boyuta bağlı belli başlı farklılıkları ortaya çıkarmak için ölçüm ve uygulama teknikleri kullanımı bazı durumlarda gereklilik haline gelmektedir. Morfolojik verinin rakamsal

ve grafiksel analizinin bir özeti olan morfometri, morfolojik yapıların ölçümünü kullanarak farklı morfların ölçümsel analizini içermektedir. (van Emden ve Harrington, 2007; Mehrparvar vd. 2012). Popülasyon içinde ve populasyonlar arasındaki farklılıkları belirlemede, müze örneklerinin ve canlı organizmaların sınıflandırılmasında morfometri oldukça yaygın ve pratik bir metottur. (Hillis, 1987; Mehrparvar vd., 2012). Benzer şekilde morfometrik yaklaşımlar çeşitli böcek gruplarında yakın alakalı tür, biyotip ve populasyonlar arasındaki farklılıkları ortaya çıkarmak amacıyla oldukça etkin bir yöntemdir ve tek bir karakterle teşhisi zor olan gruplarda birkaç karakterin korelasyonunun karşılaştırılması daha doğru sonuçlar elde edilmesini sağlayabilir (van Emden ve Harrington, 2007; Mehrparvar vd. 2012). Böcekler morfometrik çalışmalar için son derece uygundur. Çünkü sert yapılı dış iskeletleri kolay ölçüm yapmaya olanak sağlar ve çoğu yumuşak vücutlu hayvana nazaran daha az fiziksel deformasyona uğramaktadırlar. Ancak fitofag böcekler arasında yer alan afitlerde fenotipik plastisitenin derecesi çeşitlilik gösterir. Bunun nedeni afitlerin konak bitkinin kimyasal ve fiziksel yapısına bağlı olarak verdikleri tepkilerin, fizyolojik, morfolojik ve davranışsal adaptasyon açısından değişiklik göstermesidir. Afiterin morfolojik karakterleri farklı konak bitkilere adapte olmalarında oldukça etkilidir. Gün uzunluğu gibi çevresel faktörler ve gelişim aşamaları, farklı konak bitkilerde farklı büyüme oranları gibi biyolojik faktörler, popülasyon farklılıklarının ortaya konulmasında kullanılan morfolojik karakterler üzerine oldukça karmaşık etkilere sahiptir. Bu anlamda uygulamalı entomoloji çalışan afit taksonomistleri arasında da morfotaksonomi afit taksonlarını ayırmada oldukça güçlü ve güvenilir bir araçtır (Favret ve Voegtlin, 2004).

2.1.4 Afid taksonomisinde moleküler çalışmaların değerlendirilmesi

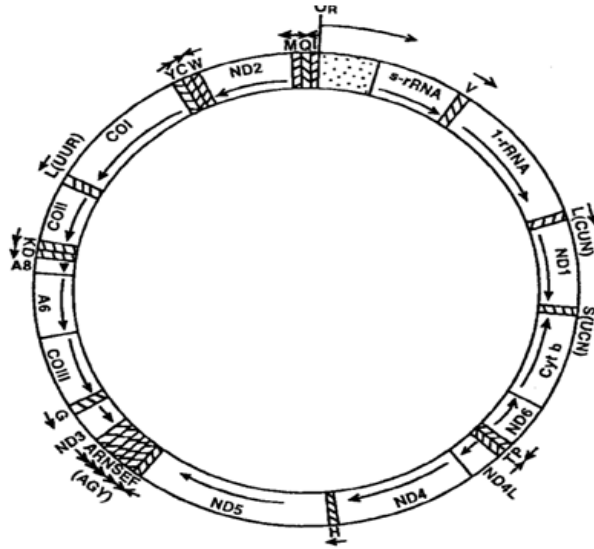
Afitlerle ilgili moleküler çalışmalar doksanlı yılların başlarında, farklı taksonomik seviyelerdeki grupların filogeni ve sistematik problemleriyle ilgili soruların yanıtlanmaya çalışılmasıyla başlamıştır. Birçok çalışma evrimsel soruları test etmek amacıyla yapılmışken, diğer çalışmalar bilinen türler arası, üst taksonlar arası ilişkilerin ortaya konması, yeni tür tespiti ya da sınıflandırmayla ilgili sorunların çözülebilmesi amacıyla gerçekleştirilmiştir. Afitlerle ilgili yaygın olarak yapılan ilk moleküller temelli uygulamalar allozim çalışmalarıdır ve bu çalışmalar ağırlıklı olarak popülasyon

genetiği, klonal veya biyotip tanımlamaları ve yüksek seviyede taksonomik ayrımlar üzerinedir. (Lozier vd., 2007; van Emden ve Harrington, 2007; Von Dohlen, 2009). Allozim çalışmalarının dışında mitokondriyal DNA gen bölgesi; AFLP; RFLP ve nükleer DNA belirteçleri son 25 yılda afit biyolojisi hakkında yeni bilgiler edinmemize olanak sağlamıştır. Bazı bilgiler şaşırtıcı ve yeni bilgilerken, diğerleri önceki hipotezleri ya da bilgileri onaylar niteliktedir. Filogenileri, yaşam döngüsü stratejileri, konak-bitki adaptasyonu ve konak bitki dirençliliği, patojenite, insektisit dirençliliği, dağılım ve coğrafik/jeografik kolonizasyonları gibi afit biyolojisi hakkında daha birçok konuda bu moleküler belirteçler oldukça faydalı bilgi kaynağı oluşturmaktadırlar. Moleküler teknikler afitler gibi kriptomorf türlerin, yumurta ya da juvenil bireyler üzerinden teşhis yapılabilmesi noktasında başarılı bir şekilde uygulanmaktadır. DNA barkod çalışmalarının tanımlanmamış afit türlerinin rutin tanımlamalarında ve işgalci türlerin tespiti ve kontrolünde özellikle öneme sahip olduğu farklı çalışmalarla desteklenmiştir (Hebert, vd., 2003; Footitt vd., 2008; Rebejith vd, 2013).

Afit kontrol stratejilerinde afitlerin doğru bir şekilde tanımlanmaları oldukça kritik bir aşamadır. Ancak bazı durumlarda her bireyin doğru tanımlanması mümkün değildir. Afid taksonomistlerinin karşılaştıkları zorluklardan birisi de afitlerin yüksek oranda fenotipik plastisite göstermesidir ve buna bağlı olarak bazı karakterlerin çakışabilmesidir. Bu nedenle farklı türler oldukça benzer morfolojiye sahip olabilirler ve preparatta incelenen karakterin teşhisi yapılırken bazı ayrımların morfolojik olarak çok hassas olmasından dolayı bu karakterler güçlükle seçilebilmektedir (Valenzuela vd. 2007). Bu gruplar sadece moleküler metotlar kullanılarak ortaya konulabilmektedir (Hillis, 1987). Ancak moleküler yöntemlerin yüksek oranda gelişim göstermesine karşın çoğu organizmanın sistematığının anlaşılmasında morfometrik/morfolojik yöntemler birlikte önemli rol oynamaya devam etmektedir (Valenzuela vd., 2007). Bu bağlamda sistematikçilerin çoğu morfolojik ve moleküler yaklaşımların ayrı ayrı avantajlarının olduğunu ve yeni metotların daha önceki metotlardan elde edilen bilgilerle desteklenmesi gerektiğini savunmaktadırlar (Hillis, 1987; Blackman ve Spence, 1992; van Emden ve Harrington, 2007).

2.1.4.1 Mitokondriyal DNA ve COI gen bölgesi

Evrimsel çalışmalarda güçlü bir araç olan mtDNA, popülasyon yapısının çalışılmasında, gen akışı, hibridizasyon, biyocoğrafya ve filogenetik ilişkilerin çalışılmasında tercih edilmektedir (Simon vd., 1994; Hoy, 2003; Freeland, 2005). Eşeyli üreyen canlılarda nükleer genomun yarısı anneden yarısı babadan gelir. Buna biparental kalıtım denir. Ancak eşeyli üreyen canlılarda dahi bütün DNA çeşitleri bu yolla kalıtılmaz. İki önemli istisnai durum mtDNA ve cpDNA'da görülür. mtDNA ve cpDNA genellikle anne tarafından uniparental olarak kalıtılır. Dizisinin çoğu türe özgüdür. Küçük boyutu, anneden aktarılması mtDNA'yı popülasyonun tarihsel geçmişi ve evrimini yakın ilişkili taksonlarda açıklamayı uygun kılar. Bunun yanında gen sırası ve kompozisyonunun genel olarak korunması ve nükleer genomla karşılaştırıldığında küçük olan boyutu, hücrelerde çok fazla kopyasının olması ve birçok genel primer çiftlerinin çoğu omurgalı/omurgasız gruplarında mtDNA gen bölgesini etkin bir şekilde amplifiye edilebilmesi, mtDNA gen bölgeleriyle ilgili çalışmaların avantajları arasındadır (Simon vd., 1994; Hoy, 2003; Freeland, 2005). mtDNA 13 protein kodlayan gen bölgesi, 22 tRNA ve 2 rRNA içerir (Şekil 2.2.). Mitokondriyal gen bölgeleri; sitokrom oksidaz I ve II (COI, COII), sitokrom oksidaz b (CytB), F-ATPaz alt ünite 6 ve 8 (F-ATP), NADH-1 dehidrojenaz (NADH1), 12S ve 16S ribozomal RNA (12S/16S)'dir (Şekil.2.1.2) (Hoy, 2003; Freeland, 2005).



Şekil 2.2. Mitokondriye ait gen bölgeleri (Simon, 1994)

Bu gen bölgelerinden COI iki önemli avantaja sahiptir. Birincisi bu gen bölgesi için evrensel primerler oldukça güçlüdür. İkincisi, diğer mitokondriyal genlere nazaran daha fazla filogenetik işarete sahiptir. Ayrıca aminoasit dizisindeki değişimin oldukça yavaş olduğu görülmektedir (Hebert vd., 2003). Mitokondriyal sitokrom c oksidaz alt ünite I (COI) geni Dünya genelinde ekonomik öneme sahip bitki zararlılarının birçoğunun tanımlanmasında etkin bir yöntem olarak benimsenmiştir (van Emden ve Harrington, 2007; Footit vd., 2009). COI böceklerde çeşitli grupların ayrılmasında kullanışlı bir yöntemdir. COI bölgesi afit taksonlarının tanımlanmasında (ayırt edilmesinde) %96 oranında oldukça etkili bir belirteçtir (Footit vd., 2008; Lee ve Akimoto, 2015; Cocuzza vd., 2015). Özellikle morfolojik karakterlerin yetersiz olduğu durumlarda afit türlerinin doğru tanımlanmasında COI bölgesi kullanışlıdır. Afid türlerinin teşhisini kuvvetlendirmek açısından COI ve morfometrik veriler birlikte değerlendirilebilmektedir (Cocuzza vd., 2015).

2.1.5 *Hyalopterus* Koch, 1854 ile ilgili genel bilgiler

Akdeniz kökenli olan *Hyalopterus*'un yayılımlarını hızla genişlettikleri ve ulaştıkları bölgelerde önemli ölçüde ekonomik zarara yol açma potansiyelinin olduğu ortaya konulmuştur. *Hyalopterus* üyelerinin kontrolünün doğru ve zamanında yapılabilmesi, neden oldukları ekonomik kayıpların azaltılabilmesi açısından teşhislerinin doğru bir şekilde gerçekleştirilmesi önemlidir. Bu cins üyelerinin ayrımı morfolojik anahtarlar sadece sifunkuliye bağlı olduğundan, teşhisleri oldukça güçtür. Bunun birlikte *Hyalopterus* önceden Aphidinae içinde yer alan küçük sifunkulisi olan çoğu grubu içerirken, günümüzde *Prunus* ve *Phragmites* üyeleri arasında konak değişimi gerçekleştiren ve uzun vücutlu, pudralı afidlerle sınırlandırılmıştır (Lozier vd., 2009; Blackman ve Eastop, 2017). Son yıllarda bu cinsle ilgili gerçekleştirilmiş moleküler ve morfometrik temelli çalışmaların tamamında bu cins üyelerinin farklı *Prunus* üyelerini birincil konak olarak kullandığı kabul görmüştür (Spampinato vd., 1988; Mosco vd., 1997; Poullos vd., 2007, Lozier vd., 2007, 2008; Rakauskas vd., 2013). *H. pruni* *P. domestica* (erik) konağını, *H. amygdali* *P. dulcis* (badem) konağını, *H. persikonus* *P. persica* (şeftali) konağını birincil konak olarak kullanırken, ikincil konak bitki olarak ise *Phragmites* (sazlık) üyelerini kullanmaktadırlar. *P. armeniaca* (kayısı) konağı ilgili literatürde ortak konak olarak belirtilmesine rağmen, ülkemizde bu konak üzerinde genel olarak *H. persikonus* tespit edilmiştir. Özellikle tarımsal öneme sahip birincil

konakları olan *Prunus* spp. türlerine doğrudan zarar vererek ekonomik kayıplara neden olurlar. Ayrıca yoğun olarak ürettikleri balsı maddeyle küf mantarlarının oluşumuna neden olmaları ve *Plum pox* (Şark hastalığı) virüsünün taşıyıcısı olmaları nedeniyle zirai açıdan önemli zararlı grupları arasında sayılırlar (Mosco vd., 1997; Lozier vd., 2008; Rakauskas vd., 2013). Lozier vd. (2008) *Prunus* üyeleri üzerinde beslenen kanatsız (aptera) bireylere dayalı tayin anahtarı oluşturmuştur ve buna ilaveten bazı ayırt edici karakterlerle bu çalışmayı Rakauskas (2013) desteklemiştir. Basky (1982) ve Ben Halima-Kamel vd. (2013) Macaristan ve Tunus'ta yaptıkları çalışmada bu cinse özgü parazitoidleri tanımlamıştır. Lozier vd. (2009) *Aphidius transcaspicus*'un *Hyalopterus*'a özgü olduğunu tespit etmiştir.

2.1.6. *Hyalopterus* Koch, 1854 ile ilgili morfometrik ve moleküller temelli çalışmalar

Hyalopterus yaklaşık 8 yıl öncesine kadar *H. amygdali* ve *H. pruni* olmak üzere iki tür içermektedir. Bu türlerin ayrımı sifunkuli boyunun genişliğine oranına göre morfolojik olarak yapılmaktaydı ve bu cins üyelerinin teşhis işlemleri bazı araştırmacılar tarafından bu şekilde yapılmaya devam edilmektedir (Şekil 2.3.).

Sifunkuli oldukça ince, uzunluğunun çapına oranı 2.5-4.0 katıdır (Kanatlı bireylerin III. anten segmentinde 41-74 arasında ve anten IV. Segmentte 9-21 arasında rhinaria bulunur)..... <i>H. pruni</i>
Sifunkuli oldukça ince, uzunluğunun çapına oranı 1.6-2.5 katıdır (Kanatlı bireylerin III. anten segmentinde 21-41 arasında ve anten IV. Segmentte 0-10 arasında rhinaria bulunur)..... <i>H. amygdali</i> veya <i>persikonus</i>

Şekil 2.3. *Hyalopterus* üyelerinin morfoloji temelli tayin anahtarı (Blackman ve Eastop, 2017)

Ancak sadece sifunkuli boyunun çapına oranıyla ayırım çoğu zaman oldukça zor gerçekleştirilebilmektedir. Bu durumu çözebilmek açısından araştırmacılar moleküler metotları ve morfometrik metotları veya her iki metodu birlikte kullanmayı tercih etmişlerdir. Bu anlamda Mosco vd. (1997)'nin allozim temelli olarak gerçekleştirdikleri çalışmada *P. dulcis* ve *P. persica* üzerinden tespit ettikleri *H. amygdali* popülasyonlarını iki haplotipe ayırmıştır. *P. dulcis* üzerinde beslenen popülasyonları *H. amygdali* A ve *P.*

persica üzerinde beslenen popülasyonları *H. amygdali* B olarak belirtilmiştir. Poulios vd. (2007) morfometrik olarak gerçekleştirdikleri çalışmayla Mosco vd. (1997)'nin allozim temelli çalışmalarını desteklemiştir. Bunun yanında Lozier vd. (2007)'nin mikrosatellit ve mitokondriyal COI belirteçlerini kullanarak yaptıkları çalışmada yine bu çalışmaları destekler niteliktedir. Lozier vd. (2008) yılında yaptıkları çalışmada hem moleküler hem de morfometrik yöntemleri değerlendirerek bu cins üyelerinin taksonomik teşhisleriyle ilgili probleme geniş bir perspektifle yaklaşılmaya çalışılmıştır. Araştırma neticesi bu cins üyelerinden *P. domesticus* üzerinde beslenen popülasyonların *H. pruni*; daha önceki çalışmalarda *H. amygdali* A olarak belirtilen haplotipin ise *H. amygdali* olduğunu göstermiştir. Keza *H. amygdali* B olarak belirtilen haplotip de yeni tür kategorisine yükselterek *H. persiconus* olarak gösterilmiştir. Bununla beraber bu türlerle ilgili morfometrik temelli bir tayin anahtarı oluşturmuşlardır (Şekil 2.4.). Rakauskas vd. (2013) gerçekleştirdikleri COI ve morfometrik temelli çalışmada Lozier vd. (2008)'in sonuçlarını desteklerken, bazı değişikliklerle morfometri kaynaklı bir tayin anahtarı oluşturmuşlardır (Şekil 2.5.). Ancak Rakauskas vd. (2014) genetik mesafe analizi ile filogenetik ağaç oluşturma metodu ve morfometrik verileri çoklu varyans analizinin kombinasyonu şeklindeki çalışmaların afitlerdeki taksonomik problemlerin çözümünde başarılı bir yöntem olduğunu belirtmiştir. Özellikle bu metotlar *Hyalopterus*, *Pantolonia*, *Aulocorthum* ve *Neoaulocorthum* üyelerinde etkin uygulamalarken, 3 *Hyalopterus* üyesinin ayırımında moleküler teknikler etkili olurken, morfolojik karakterlerle ayırımının hala zor olduğunu vurgulamışlardır.

2.1.6.1 *Hyalopterus* Koch, 1854 üyelerinin genel özellikleri

2.1.6.1.1 *Hyalopterus amygdali* (Blanchard,1840)

Kanatsız bireyler nispeten uzun vücutlu, koyu yeşilden açık yeşile değişen renklere, beyaz pudrayla kaplı ve vücut uzunluğu 1.7-2.6 mm.'dir. *P. dulcis* ve bazen *P. armeniaca*'nın yaprakları altında bulunur (Şekil 2.1.3.). Akdeniz bölgesi (Cezayir, İspanya, İsrail, İtalya, Türkiye, Yunanistan), Asya ve Kuzey Amerika'da yayılış gösterir (Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2017). *Phragmites* üyelerine, diğer sazlıklara göç ettiği görülmektedir.

2.1.6.1.2 *Hyalopterus persikonus* Miller, Lozier ve Footitt, 2008

Kanatsız bireyler *H. amygdali*'ye oldukça benzer ve vücut uzunluğu 1.9-2.9 mm.'dir. *P. persica*'nın yaprakları altında beslenir (Şekil 2.1.4.). *Phragmites* üyelerine göçüyle ilgili bir kayıt bulunmamaktadır. Dağılımı Afganistan, Cezayir, Gürcistan, Irak, İran, İspanya, İtalya, Romanya, Türkiye, Yunanistan'dır (Lozier vd., 2008; Rakauskas vd., 2013; Şenol vd., 2015a).

2.1.6.1.3 *Hyalopterus pruni* (Geoffroy, 1762)

Kanatsız bireyler nispeten uzun vücutlu, açık yeşil renkli, koyu yeşil benekli ve pudralı olup, vücut uzunluğu 1.5-2.6 mm.'dir. *P. domesticus* ve bazen diğer *Prunus* üyelerinde, özellikle *P. armeniaca*'nın yaprakları altında beslenir (Şekil 2.1.5.). Enfekte olmuş yapraklar kıvrılmaz. *Phragmites* veya bazen *Arundo donax* üyelerine göç ettikleri kaydedilmiştir. Muhtemelen kozmopolit bir türdür (Blackman ve Eastop, 2017).

1. Alın kısmındaki tüyler anten II. Segment genişliğinin yarısı kadar; baş dorsal tüylerin tabanları arasındaki mesafe bu tüylerin uzunluklarından oldukça fazla; baş kısmındaki tüylerin hepsi sivri uçlu, abdominal I ve III. segmentler arasındaki tüyler küt uçlu, neredeyse kapitat. *P. dulcis* ve *P. armeniaca* üzerinde kolonize olur.....***H. amygdali***
 - Alın kısmındaki tüyler filiform (ipliksi), neredeyse II. segment genişliğiyle aynı uzunlukta; baş dorsal tüylerin tabanları arasındaki mesafe bu tüylerin uzunluklarına neredeyse eşit veya çok az kısa; thorax ve abdomen bölgesindeki tüyler sivri uçlu. *P. armeniaca*, *P. domestica* ve *P. persica* üzerinde kolonize olur.....**2**
2. Anten III. segment uzunluğunun kuyruk uzunluğuna oranı 1.8-3.5 (2.5); anten III. segment uzunluğunun anten IV. segment uzunluğuna oranı 1.3-1.9 (1.5); Hind tibia uzunluğunun kuyruk uzunluğuna oranı 4.6-8.3 (6.1); hind tibia uzunluğunun anten III. segment uzunluğuna oranı 2.1-4.2 (3.5) *P. domestica* üzerinde kolonize olur.....***H. pruni***
 - Anten III. segment uzunluğunun kuyruk uzunluğuna oranı 1.3-2.7 (2.0); anten III. segment uzunluğunun anten IV. segment uzunluğuna oranı 1.0-1.8 (1.4); Hind tibia uzunluğunun kuyruk uzunluğuna oranı 3.7-7.6 (5.1); hind tibia uzunluğunun anten III. segment uzunluğuna oranı 2.2-3.0 (2.6) *P. armeniaca* ve *P. persica* üzerinde kolonize olur.....***H. persikonus***

Şekil 2.4. Birincil konaklarına bağlı aptera vivipar *Hyalopterus* üyelerinin morfometri temelli tayin anahtarı (Lozier vd. 2008)

1. Kanonikal ayırım analiz deęerleri $74.6150*URW-1.2696*T3L/CL+1$ şeklindedir ve deęerler sıfırın üstündedir. Alın tüyleri sert, güçlü. *P. armeniaca*, *P. dulcis* ve *Phragmites* spp. üzerinde kolonize olur.....***H. persikonus***
- Kanonikal ayırım analiz deęerleri sıfırın altında. Alın tüyleri filiform. *P. armeniaca*, *P. domestica* ve *P. dulcis* veya *Phragmites* spp. üzerinde kolonize olur.....**2**
2. Baş kısmındaki median dorsal tüylerin uzunluęu (MDHSL) 0.026-0.039 (ortalama 0.031) mm. Kanonikal ayırım analizi deęerleri $-2.2645*SL-18.6609*MDHSL+1$ şeklinde ve sıfırın üstünde. *P. dulcis* veya *Phragmites* spp. üzerinde kolonize olur.....***H. amygdali***
- MDHSL 0.036-0.067 (ortalama 0.05) mm. Kanonikal ayırım analizi deęerleri sıfırın altında. *P. armeniaca*, *P. domestica* veya *Phragmites* spp. üzerinde kolonize olur.....***H. pruni***

Şekil 2.5. *P. armeniaca*, *P. dulcis*, *P. domestica*, *P. persica* üzerimde beslenen aptera vivipar *Hyalopterus* üyelerinin morfometri temelli tayin anahtarı (Rakauskas vd. 2013)

BÖLÜM III

MATERYAL VE METOT

Hyalopterus örneklemelerinin yapılması Mayıs 2012 ve Ekim 2013 yılları arasında Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinde gerçekleştirilmiştir. Örnekleme, *Phragmites* ve *Prunus* (şeftali, kayısı, erik, badem) konak türleri üzerinden yapılmıştır. Arazi çalışmaları sırasında, örneklerin ependorf tüplerine alınmadan önce bitki üzerindeki görünümüleri fotoğraflanmaya çalışılmıştır. Fotoğraflanan örnekler ince bir fırça ile içerisinde %96'lık etil alkol bulunan ependorf tüplerine alınmıştır ve daha sonra örnekler bu şekilde etiketlenerek Ömer Halisdemir Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoteknoloji Bölümünde muhafazaya alınmıştır. Örnekleme sırasında mümkün olduğunca fazla sayıda kanatlı-kanatsız, ergin bireyler alınmaya çalışılmıştır. Her bir örneğe bir kod numarası verilip, karınca-doğal düşman var olup olmadığı, bitkide herhangi bir görünür etkisi olup olmadığı, örnekleme esnasında bitkinin hangi kısmında buldukları, koloni durumları, alkole alınmadan önceki renkleri, tarih, konak bitki, toplandığı yer gibi bilgiler arazi defterine kaydedildi. Arazi çalışmalarında koleksiyonu yapılan örneklerin preparasyon işlemleri Martin (1983)'e göre; teşhis işlemleri Lozier vd. (2008), Rakauskas vd. (2013) ve Blackman ve Eastop (2017)'a göre gerçekleştirilmiştir; dağılış bilgileri Holman (2009) ve Blackman ve Eastop (2017)'dan; güncel taksonomik durumları Favret (2017)'den alınmıştır. Muhtemel tür içi genetik çeşitliliğin ortaya çıkarılması ve tür farklılığının coğrafik alanlarda devamlılığının gözlemlenebilmesi için örnekler *Hyalopterus*'ların yoğun olarak bulunduğu yerlerden toplanmıştır.

3.1 Morfometrik Karakterler ve Metotlar

Dört farklı lokaliteden 148 örneklem yapılarak birincil konak olan *P. domestica*, *P. armeniaca*, *P. persica* ve *P. dulcis* ile ikincil konak olan *Phragmites* üzerinden mümkün olduğunca farklı lokalitelerden olmak üzere yaklaşık 670 kanatsız birey morfometrik olarak değerlendirilmiştir. Örnekler arasında boyut ve şekil açısından herhangi bir farklılık olup olmadığını belirlemek için, afit morfometrisi ile ilgili yapılmış diğer çalışmalarda (Lozier vd., 2008; Rakauskas vd., 2013) kullanılan karakterler göz önünde bulundurularak 20 morfometrik karakter (Çizelge 3.1.) ve buna bağlı olarak 10

morfolometrik oran (Çizelge 3.2.) deęerlendirmeye alınmıřtır. HT I.U, FFG ve SIPH.G *Hyalopterus* popölasyonlarıyla ilgili yapılan çalıřmalarda ilk defa deęerlendirilen karakterler olup, SIPH.G sadece Blackman ve Eastop (2017) tarafından teřhis anahtarında ayırt edici karakter olarak kullanılmaktadır. Bunun yanı sıra FFU ise sadece Poullos vd. (2007) tarafından deęerlendirmeye alınmıřtır. Morfolometrik oranlardan ise A2G/Frs.U, SIPHL/CaL, FFU/FFG, A6PT/A6Taban oranları bu çalıřmada ilk kez deęerlendiren özelliklerdir.

Çizelge 3.1. Deęerlendirmeye alınan morfolometrik karakterler ve bu karakterlerin ilgili çalıřmalarla karřılařtırılması (ortak karakter: +; ortak olmayan karakter: -)

	Mevcut Çalıřma	Poullos vd. (2007)	Lozier vd. (2008)	Rakauskas vd. (2013)	Açıklama
1	VU	-	+	+	Vücut uzunluęu
2	A2U	-	+	+	Antenin II. segment Uzunluęu
3	A2G	-	-	+	Anten II. segment geniřlięi
4	A3U	+	+	+	Antenin III. segment Uzunluęu
5	A4U	-	+	+	Antenin IV. Segment Uzunluęu
6	A6PT	+	-	+	Anten 6. segmentinin uç kısmının ölçümü
7	A6Taban	+	+	+	Anten 6. segmentinin taban uzunluęunun ölçümü
8	URSU	+	+	+	Rostrum IV. ve V. segmentlerinin uzunluęunun ölçümü
9	URSG	-	+	+	Rostrum IV. segment geniřlięinin ölçümü
10	T3U	+	+	+	Hind tibia uzunluęu
11	*HT.I.U	-	-	-	Hind tarsus I. segment uzunluęu
12	HT II.U	+	+	+	Hind tarsus II. segment uzunluęu
13	SIPH.U	+	+	+	Sifunkuli uzunluęu
14	*SIPH.G	-	-	-	Sifunkuli geniřlięi
15	FrsU	-	-	+	Fronsal seta uzunluęu
16	MDHSU	-	+	+	Orta bař tüyü uzunluęu
17	MDHSM	-	+	+	Orta bař tüyleri arasındaki mesafe
18	FFU	+	-	-	Ön bacak femur uzunluęu
19	*FFG	-	-	-	Ön bacak femur geniřlięi
20	KU	+	+	+	Kuyruk uzunluęu

Çizelge 3.2. Değerlendirmeye alınan morfolometrik oranlar ve bu oranların ilgili çalışmalarla karşılaştırılması (ortak karakter: +; ortak olmayan karakter: -)

	Mevcut Çalışma	Lozier vd. (2008)	Rakauskas vd. (2013)	Açıklama
1	SIPH.U/SIPH.G	-	-	Sifunkuli uzunluğunun genişliğine oranı
2	A2G/FrsU	-	-	İkinci anten segment genişliğinin alın tüyü uzunluğuna oranı
3	A3U/KU	+	-	Anten üçüncü segmentinin kuyruk uzunluğuna oranı
4	A3U/A4U	+	-	Anten üçüncü segmentinin anten dördüncü segmentine oranı
5	T3U/KU	+	-	Hind tibia uzunluğunun kuyruk uzunluğuna oranı
6	T3U/A3U	+	-	Hind tibia uzunluğunun Anten üçüncü segment uzunluğuna oranı
7	SIPHU/KU	-	-	Sifunkuli uzunluğunun kuyruk uzunluğuna oranı
8	FFU/FFG	-	-	Ön bacak femur uzunluğunun genişliğine oranı
9	ANT6PT/ANT6Taban	-	-	Anten altıncı segmentinin terminal kısmının taban kısmına oranı
10	MDHSM/MDHSU	-	+	Orta baş tüyleri arasındaki mesafenin orta baş tüyü uzunluğuna oranı

Multivaryans morfolometrik analizleri *Hyalopterus* örnekleri arasındaki varyasyonun çok boyutlu modellemesini oluşturmak için kullanılmıştır. Özellikle Kanonikal Varyans Analizi (CVA) (SPSS Base 16, SPSS Inc. 2007), morfolojik verilerdeki varyasyonun temel bileşimlerinin belirlenmesi için tüm örnekler üzerinden 20 morfolometrik karakter kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD Testi) ve Tek Yönlü Varyans Analizi (ANOVA) (SPSS Base 16, SPSS Inc. 2007) konak bitkinin, lokalitenin, *Hyalopterus* üyelerinin morfolojik özellikleri üzerine etkilerinin tek tek ve birlikte etkilerini değerlendirmek amacıyla uygulanmıştır.

3.2 Moleküler Metot ve Analizler

Bu çalışmada *Hyalopterus* üyelerine ait Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinin farklı lokalitelerinden elde edilen örnekler kullanılmıştır ve örnekler %96'lık

etil alkolde muhafaza edilmiştir. Moleküler analizler için birincil konak olan *P. dulcis* (örneklem sayısı: 10), *P. domestica* (örneklem sayısı: 7), *P. persica* (örneklem sayısı: 8) ve *P.armeniaca* (örneklem sayısı: 4) olmak üzere dört popülasyondan 29 birey değerlendirilmiştir. Dış grup olarak *Aphis nerii* (KC897173; Lagos-Kutz vd., 2014) ve *Brachycaudus cardui* (KR045222; Gwiazdowski R. vd., 2015) belirlenerek, bu haplotiplere ait diziler GENBANKASI'ndan elde edilmiştir.

3.2.1 DNA izolasyonu

Hyalopterus bireyelerine ait mitokondriyal COI gen bölgesini çoğaltmak amacıyla öncelikle DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonu için DNeasy® Tissue Kit (QIAGEN) kullanılmıştır.

3.2.1.1 DNA izolasyon protokolü

1. 90 µl ATL Buffer'a örnek alınarak ezilir.
2. 10 µl proteinaz-K eklenir.
3. 56 °C'de minimum 3 saat örnek tamamen lizis olana kadar bekletilir.
4. Örnekler 10-15 saniye vortekslenir.
5. 100 µl AL Buffer eklenir.
6. Örnekler 10-15 saniye vortekslenir.
7. 100 µl ethanol eklenir.
8. Örnekler 10-15 saniye vortekslenir.
9. Örnekler spin column'a aktarılır. 6000 g'de 1 dakika santrifüj edilir.
10. Toplama tüpü değiştirilerek 500 µl AWI Buffer eklenir. 6000 g'de 1 dakika santrifüj edilir.
11. Toplama tüpü değiştirilerek 500 µl AWII Buffer eklenir. 20000 g'de 3 dakika santrifüj edilir.
12. Spin column'lar steril ependorf tüplerine alınır.
13. 50 µl Buffer AE eklenerek 3 dakika oda sıcaklığında bekletilir ve 6000 g'de 1 dakika santrifüj edilir.
14. Toplama tüpleri çıkarılarak atılır ve elde edilen DNA ürünleri -20 °C'ye alınır.

3.2.2 Polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

3.2.2.1 Mitokondriyal sitokrom oksidaz alt ünite I (COI) 'le çoğaltılması

DNA izolasyon işlemi sonrası *Hyalopterus* bireylerinin mitokondriyal COI gen bölgesinin çoğaltılması için LCO1490 - (5' -GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'), ve HCO2198 - (5' -TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA - 3') primer çifti (Hebert vd., 2003) kullanıldı. PCR için kullanılan kimyasallar ve miktarları (her bir örnek için) Çizelge 3.3'de verilmiştir.

Çizelge 3.3. Polimeraz zincir reaksiyonu için izlenen yöntem

Kimyasal	Miktar (Total: 50 µl)
Taq polimeraz	0.3µl (5U/ µl; Fermantas)
dNTP mix	1 µl
10x Taq Buffer	5 µl (500 mM KCL, 100 mM Tris-HCl pH: 8.3/1.25 ml.)
MgCl ₂	4 µl (25 mM)
BSA	2 µl (1.0 mg/mL)
LCO primer	2 µl
HCO primer	2 µl
DNA	1 µl

Veriti 96 well thermal cycler PCR cihazı amplifikasyon işlemi için kullanıldı ve sıcaklık miktarları, süreleri ve döngü sayıları aşağıdaki şekilde uygulandı;

- ✓ **Ön denatürasyon:** 95 °C'de 2 dakika
 - ✓ **Denatürasyon:** 95 °C'de 30 saniye
 - ✓ **Bağlanma:** 46 °C'de 60 saniye
 - ✓ **Uzama:** 72 °C'de 60 saniye
- } **5 döngü**
- ✓ **Denatürasyon:** 95 °C'de 30 saniye
 - ✓ **Bağlanma:** 51 °C'de 60 saniye
 - ✓ **Uzama:** 72 °C'de 60 saniye
- } **30 döngü**
- ✓ **Sonlandırma:** 72 °C'de 10 dakika

PCR işlemi sonucu elde edilen her bir bireye ait üründen 10 µl'lik kısım % 1'lik agaroz jelde 1000 bç'lik moleküler belirteç (Thermo Scientific) kullanılarak, elektroforez

tankında (110 Voltta 45 dakika) yürütüldü. Bu aşamadan sonra Vilber Lourmat Quantum-ST4 cihazında PCR ürünleri kontrol edildi.

Amplifikasyon işlemi sonrası PCR ürünleri, dizi analizi için Medsantek (İSTANBUL) isimli şirkete gönderildi.

3.2.3 Veri analizi

3.2.3.1 DNA dizi hizalama

Her bir diziye ait kromotogramlar kontrol edildi ve daha sonra uygun ham diziler Geneious® ver. 6.1.8. (Biomatters Ltd., Auckland, New Zealand) programına aktarıldı. 3'- 5' (ileri=forward) ve 5'- 3' (geri=reverse) olmak üzere çift yönlü olarak kullanılan primerlere ait dizilerin tek tek her bir birey için konsensus dizileri oluşturuldu. Konsensus dizileri oluşturulduktan sonra bütün bireylere ait diziler hizalanarak (çoklu hizalama=multiple alignment), fazlalıklar kesilmiş (trimleme) ve aynı uzunlukta diziler elde edilmiştir. Çoklu hizalama işleminden sonra dizilerin diğer dosya formatlarına çevrilebilmesi ve moleküler analiz programlarında değerlendirilebilmesi amacıyla fasta dosya formatında kaydedilmiştir.

3.2.3.2 Popülasyon yapısının ve genetik varyasyonların belirlenmesi

Polimorfik bölgeler (S), haplotipler (h), nükleotid (Pi, π) ve haplotip çeşitliliği (H_d), DNaSP ver. 5 (Librado ve Rozas, 2009) paket programı kullanılarak tespit edilmiştir. Haplotiplerin ikili karşılaştırılmaları, nükleotid sıklıkları, transisyon/transversiyon oranları (R) Mega 7.0 paket programı kullanılarak değerlendirilmiştir (Kumar vd., 2016).

3.2.3.3 Filogenetik analizler

658 bç'lik COI gen bölgesine ait en uygun filogenetik model olarak Akaike (AIC) ve Bayes (BIC) bilgi kriterlerine bağlı olarak GTR+I filogenetik modeli JModelTest ver. 2.1.7. (Darriba vd., 2012) paket programı kullanılarak belirlendi. *Hyalopterus*'a ait popülasyonların filogenetik ilişkilerini belirleyebilmek için Maksimum Parsimoni (MP), Maksimum olabilirlik (Maksimum Likelihood=ML) ve Komşu birleştirme

(NJ=Neighbour joining) temelli filogenetik ağaçlar Mega 7.0 (Kumar vd., 2016) programı ile elde edilmiştir. ML analizi JModelTest ver. 2.1.7. (Darriba vd., 2012) paket programı ile belirlenen en iyi baz değişim modeli GTR+I'ya göre 10000 tekrarlı olarak yapılmıştır ve elde edilen ağaçlarda haplotip gruplarının ayrılma noktalarına, % olarak bootstrap değerleri belirtilmiştir. NJ analizi Kimura-2-Parametresi'ne (K2P) göre 10000 tekrarlı olarak yapılmıştır ve elde edilen ağaçlarda haplotip gruplarının ayrılma noktalarına, % olarak bootstrap değerleri belirtilmiştir. MP analizi bulgusal arama seçeneği ile, 10000 tekrarlı olarak TBS dal karşılıklı yer değiştirme (swapping) algoritmasına bağlı olarak gerçekleştirilmiştir ve konsensus ağacı oluşturulmuştur. Bayesian filogenetik analizi GTR+I filogenetik modeline bağlı olarak her bir 1000 basamak için 100 nesil üzerinden 20000 nesil ilaveli yapılmıştır. 120.000 nesil için gerçekleştirilen Markov Chain Monte Carlo (4-MCMC) temelli Bayesian Yaklaşım (BI) analiziyle elde edilen ağaçlardan %95 güven aralığında yer alan ağaçlar konsensus ağacını elde etmek amacıyla tutulmuş ve FigTree ver. 1.3.1 programı (Rambaut, 2009) ile çizilmiştir. Medyan joining network analizi NETWORK ver. 5.0.0.0. (Bandelt vd., 1999) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Popülasyonların genetik kompozisyonu ve farklılaşmalarının anlaşılabilmesi için moleküler varyans analizi (AMOVA) kullanışlı bir metottur (Meirmans, 2012; Mutun ve Karagözoğlu, 2015). Bu bağlamda Arlequin 3.0 (Excoffier vd., 2005) paket programı *Hyalopterus* popülasyonlarının moleküler varyans analizi (AMOVA) için kullanılmıştır.

BÖLÜM IV

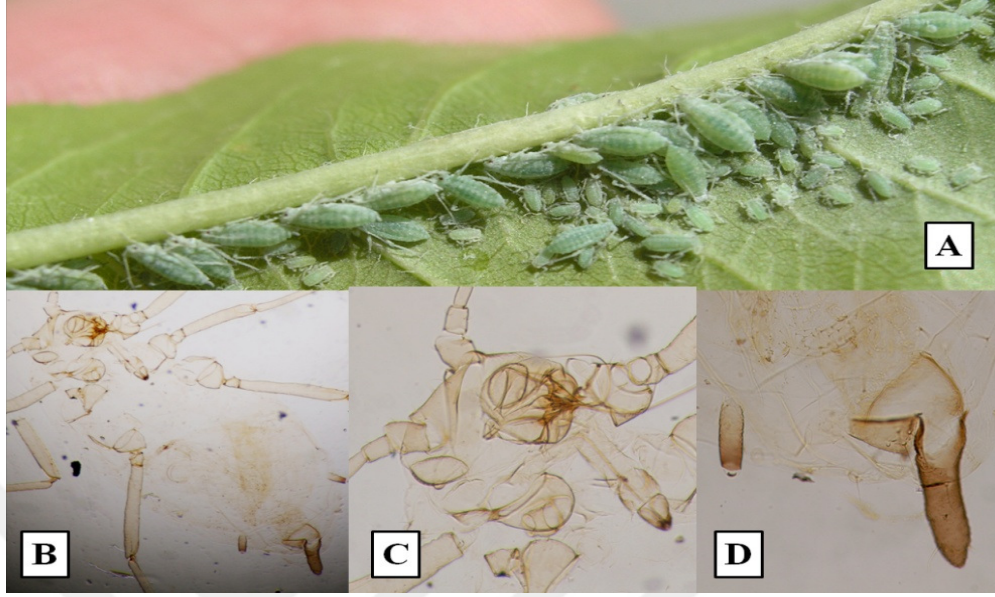
BULGULAR

4.1 Morfolojik Bulgular

Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinde 2012-2013 yılları arasında yapılan arazi çalışmaları sonucunda *P. dulcis*, *P. domestica*, *P. persica*, *P. armeniaca* ve *Phragmites* spp. konakları üzerinden elde edilen örneklerin teşhisleri Blackman ve Eastop (2017)'a göre morfolojik olarak gerçekleştirilmiştir (Şekil 2.1.7.). Teşhis işlemleri neticesinde *H. pruni*, *H. amygdali* ve *H. persiconus* olmak üzere üç türün ülkemizde dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Açık yeşil renkli ve kanatsız *H. pruni* bireyleri arazi çalışmaları sırasında genel olarak birincil konak olan *P. domestica*'nın yaprakları altında ve ikincil konak olan *Phragmites* spp. yapraklarının üzerinde beslenmekteydi (Şekil 4.3.). Koyu yeşil renkli ve kanatsız *H. amygdali* bireyleri arazi çalışmaları sırasında genel olarak birincil konak olan *P. dulcis*'in yaprakları altında beslenmekteydi (Şekil 4.1.). İkincil konak olan *Phragmites* üyeleri üzerinde bu türe ait popülasyonlara rastlanmamışken, nadiren *P. domesticus* ve *P. armeniaca* üzerinde rastlanmıştır. *H. persiconus* ülkemiz afit faunası için yeni kayıt olarak verilmiştir (Şenol vd., 2015a). Bu türe ait kanatsız bireyler genelde olarak birincil konak olarak *P. persica* ve ortak konak olarak değerlendirilen *P. armeniaca*'nın yaprakları altında beslenmekteydi. İkincil konak olan *Phragmites* spp. üyelerinde bu türe ait popülasyonlara rastlanamamıştır (Şekil 4.2.). Türlerle ait lokalite bilgileri Ek-1'de verilmiştir.



Şekil 4.1. *H. amygdali*'nin *P. dulcis* yaprağı altında beslenirken (A) ve genel vücut (B), baş bölgesi (C) ve sifunkuli (D) mikroskop görüntüleri



Şekil 4.2. *H. persikonus*'un *P. persica* yaprağı altında beslenirken (A) ve genel vücut (B), baş bölgesi (C) ve sifunkuli (D) mikroskop görüntüleri



Şekil 4.3. *H. pruni*'in *P. domestica* yaprağı altında beslenirken (A) ve genel vücut (B), baş bölgesi (C) ve sifunkuli (D) mikroskop görüntüleri

Hyalopterus popülasyonlarının kalıcı preparatları üzerinden tanımlama işlemleri ve morfolojik karakterlerle ilgili ölçümler yapılırken daha önce elde edilen ve karşılaşılan morfolojik yapılardan farklı özelliklere sahip popülasyonlar ve bireyler tespit edildi. Bu

kapsamda *H. pruni* olarak tanımlamış olduğumuz popülasyona ait kalıcı preparat üzerinde genel görünüm olarak *H. pruni*'ye benzeyen ancak anten segment sayısı 5 olan ve daha kısa ve farklı görünümde sifunkuliye sahip olan bireyler belirlenmiştir (Şekil 4.4; 4,5).



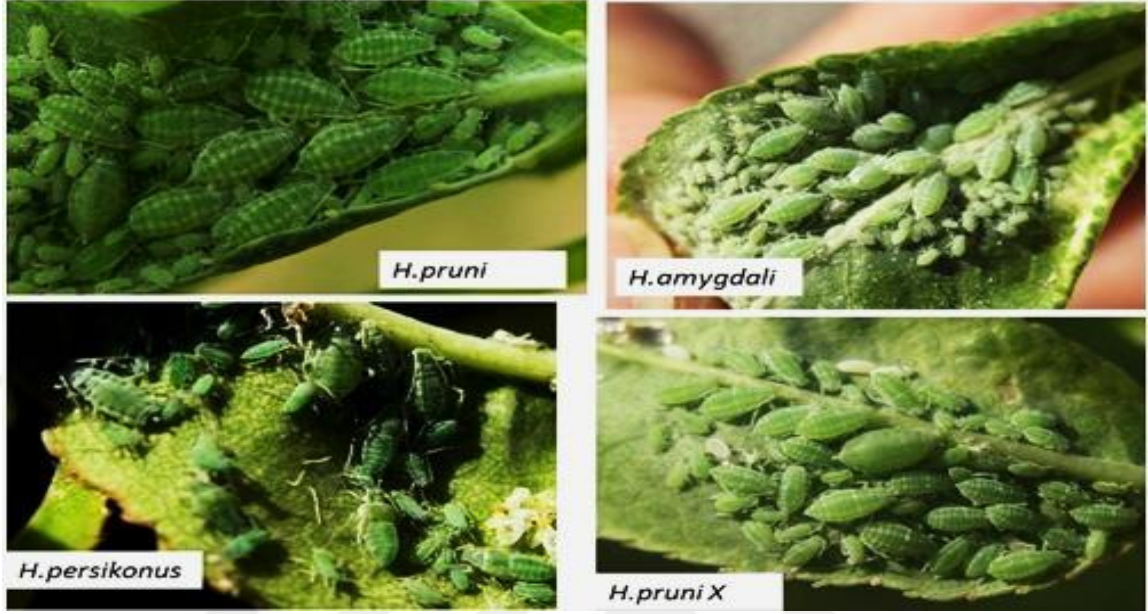
Şekil 4.4. *Hyalopterus* popülasyonlarının anten segment sayıları



Şekil 4.5. *Hyalopterus* popülasyonlarının sifunkuli uzunluk ve görünüşleri

Bu bireylerle ilgili bilgiler not edilmiş ve devam eden tanımlama ve morfolojik ölçümler esnasında ise 3 popülasyonun tamamen bu özelliklere sahip bireylerden oluştuğu gözlemlenmiştir. Bu popülasyonların konak bitki üzerinden elde edilen

fotoğraflarına bakıldığında herhangi bir farklılık kesinlikle gözlemlenememiştir (Şekil 4.6).



Şekil 4.6. *Hyalopterus* popülasyonlarının konak bitki üzerinde görünüşleri

H. pruni popülasyonu ile karma olarak ve ayrı sadece kendine özgü bireylerden oluşan popülasyona ait ilk değerlendirmeler yapıldığında klasik taksonomik yaklaşımla yeni bir tür olarak tanımlanabileceği üzerinde durulmuştur. Elde edilen verilerin moleküler veriler ile örtüşüp-örtüşmediğini belirlemek amacıyla gerçekleştirilen DNA dizi analizi çalışmalarında morfolojik olarak farklı özellikteki bu popülasyonların çok büyük oranda *H. pruni* popülasyonu ile örtüştüğü ortaya çıkarılmıştır ve bu nedenle bu popülasyon çalışma esnasında *H. pruni X* olarak tanımlanmıştır. Morfolojik olarak çok belirgin şekilde görülen bu farklılığa rağmen moleküler olarak belirgin bir farklılığın görülmemesi fenotipik plastisite kapsamında değerlendirilmiştir.

4.2 *Hyalopterus* Popülasyonlarına Ait Morfometrik Bulgular

4.2.1 *Hyalopterus* türleri arasındaki morfometrik varyasyonlar

Lokalite ve konak dikkate alınmadan türler arası varyasyonu belirlemek için değerlendirilen karakterlere bağlı oranlar üzerinden yapılan değerlendirmede her bir oran için minimum, maksimum ve aritmetik ortalama değerler belirlenmiştir. Bu oranların

tanımlayıcı istatistiksel değerlerine bakıldığında *H. pruni* ve *H. persikonus*'un birbirine daha fazla benzerlik gösterdiği, *H. pruni* X'in diğer gruplardan oldukça farklılık gösterdiği görülmüştür (Çizelge 4.1.). Bu oranların tanımlayıcı istatistiksel değerleriyle ortaya konulan farklılığın istatistiksel açıdan anlamlılığı ortaya koymak için Tek Yönlü Varyans Analizi (ANOVA) uygulanmıştır. Bu veriler çerçevesinde belirlenen 3 tür ve *H. pruni* X'in popülasyonunun tüm ölçümü yapılan oranlar açısından istatistiki olarak farklılığı net olarak ortaya konmuştur (Çizelge 4.2.).

Çizelge 4.1. *Hyalopterus* üyelerine ait popülasyonların tanımlayıcı istatistiksel verileri

Popülasyon	SIPH.U/SIPH.G	A2G/FrsU	A3U/KU	A3U/A4U	T3U/KU
	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)
<i>H. amygdali</i>	1.4-3.5 (2.5)	1.7-3.0 (2.7)	1.5-2.2 (1.8)	1.3-2.1 (1.7)	3.9-5.4 (4.6)
<i>H. pruni</i>	1.4-4.5 (2.6)	0.1-2.0 (1.1)	1.4-2.5 (1.9)	1.2-2.0 (1.5)	3.1-6.1 (4.8)
<i>H. persikonus</i>	1.6-3.6 (2.3)	0.8-1.7 (1.2)	1.1-2.0 (2.3)	0.8-2.0 (1.4)	3.0-5.0 (4.1)
<i>H. pruni X</i>	0.4-1.2 (0.6)	0.2-6.0 (4.5)	1.3-2.0 (1.6)	1.9-2.5 (2.2)	(3.00-4.2) (3.5)
Popülasyon	MDHSM/MDDHSL	SIPH.U/KU	FFU/FFG	A6PT/A6Taban	T3U/ANT3U
	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)	Alt-üst değer (Ortalama)
<i>H. amygdali</i>	0.03-0.75 (0.02)	0.4-0.7 (0.4)	3.5-6.4 (4.7)	2.0-5.2 (2.9)	2.0-2.9 (2.4)
<i>H. pruni</i>	0.02-0.5 (0.3)	0.3-0.6 (0.5)	3.7-6.7 (5.2)	2.0-4.0 (3.2)	1.5-3.0 (2.4)
<i>H. persikonus</i>	0.4-1.2 (0.6)	0.3-0.6 (0.4)	3.7-6.4 (4.8)	2.2-4.0 (3.1)	1.7-3.1 (2.5)
<i>H. pruni X</i>	-	0.1-0.2 (0.1)	1.8-4.0 (3.1)	1.2-1.6 (1.4)	1.8-2.4 (2.1)

Çizelge 4.2. *Hyalopterus* üyeleri için konak ve lokalite farklılığı göz ardı edildiğinde türe bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece P <0.05 olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
SIPH.U / SIPH.G	Gruplar arası	70.35	3	23.45	171.54	0.00
	Grup içi	88.85	650	0.13		
	Toplam	159.20	3			

Çizelge 4.2. (Devam) *Hyalopterus* üyeleri için konak ve lokalite farklılığı göz ardı edildiğinde türe bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece $P < 0.05$ olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
A2G / FrsU	Gruplar arası	151.24	3	50.41	209.44	0.00
	Grup içi	93.63	389	0.24		
	Toplam	244.87	392			
A3U / KU	Gruplar arası	11.46	3	3.82	108.31	0.00
	Grup içi	21.24	602	0.03		
	Toplam	32.70	605			
ANT3U / ANT4L	Gruplar arası	16.36	3	5.45	204.05	0.00
	Grup içi	16.89	632	0.027		
	Toplam	33.25	635			
T3U / KU	Gruplar arası	65.55	3	21.85	141.76	0.00
	Grup içi	95.10	617	0.15		
	Toplam	160.66	620			
T3U / ANT3U	Gruplar arası	3.53	3	1,17	36.69	0.00
	Grup içi	20.14	628	0.32		
	Toplam	23.67	631			
SIPH.U / KU	Gruplar arası	2.20	3	0.73	267.30	0.00
	Grup içi	1.71	624	0.003		
	Toplam	3.91	627			
FFU / FFG	Gruplar arası	97.79	3	32.59	99.02	0.00
	Grup içi	215.28	654	0.32		
	Toplam	313.08	657			
A6PT / A6Taban	Gruplar arası	65.02	3	21.67	225.43	0.00
	Grup içi	60.38	628	0.09		
	Toplam	125.40	631			

Çizelge 4.2. (Devam) *Hyalopterus* üyeleri için konak ve lokalite farklılığı göz ardı edildiğinde türe bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece P <0.05 olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
MDHSM / MDDHSL	Gruplar arası	3.90	2	1.95	27.98	0.00
	Grup içi	16.901	242	0.07		
	Toplam	20.810	244			

İstatiksel açıdan 4 *Hyalopterus* grubu arasındaki farklılığın irdelenmesi ve hangi grupların bu farklılığa yol açtığını ortaya koymak için Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) uygulandı. Çoklu Karşılaştırma Analizine göre dört popülasyonun da morfometrik varyasyonun ortaya çıkmasında önemli rol oynadıkları görülmüştür (Çizelge 4.3.).

Çizelge 4.3. *Hyalopterus* popülasyonlarının morfometrik karakterlerin lokalite ve konak ayırımı yapılmadan Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (* P <0.05)

	(I) TUR	(J) TUR	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P.	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Üst Sınır
SIPHL / G	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	-0.10812(*)	0.04033	0.038	-0.2120	-0.0043
		<i>H. persikonus</i>	0.15295(*)	0.04058	0.001	0.0484	0.2575
		<i>H. pruni X</i>	1.89176(*)	0.09326	0.000	1.6516	2.1320
A2G / FrsU	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	1.22998(*)	0.06863	0.000	1.0529	1.4071
		<i>H. persikonus</i>	1.26336(*)	0.07124	0.000	1.0796	1.4472
		<i>H. pruni X</i>	-0.18310(*)	0.20847	0.000	-2.7210	-1.6452
AnT3U / CaL	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	-0.09505(*)	0.02140	0.000	-0.1502	-0.0399
		<i>H. persikonus</i>	0.20602(*)	0.02155	0.000	0.1505	0.2615
		<i>H. pruni X</i>	0.20355(*)	0.04657	0.000	0.0836	0.3235
ANT3U / ANT4L	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	0.12693(*)	0.01806	0.000	0.0804	0.1734
		<i>H. persikonus</i>	0.28928(*)	0.01813	0.000	0.2426	0.3360
		<i>H. pruni X</i>	-0.51221(*)	0.03944	0.000	-0.6138	-0.4106
T3U / CaL	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	-0.18124(*)	0.04435	0.000	-0.2955	-0.0670
		<i>H. persikonus</i>	0.42754(*)	0.04450	0.000	0.3129	0.5422
		<i>H. pruni X</i>	1.11544(*)	0.09723	0.000	0.8650	1.3659

Çizelge 4.3. (Devam). *Hyalopterus* popülasyonlarının morfometrik karakterlerin lokalite ve konak ayrımı yapılmadan Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (* P <0.05)

	(I) TUR	(J) TUR	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P.	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Üst Sınır
T3U / ANT3U	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	0.02543	0.01979	0.573	-0.0256	0.0764
		<i>H. persikonus</i>	-0.05241(*)	0.01990	0.043	-0.1037	-0.0011
		<i>H. pruni X</i>	0.36812(*)	0.04321	0.000	0.2568	0.4794
SIPHL / CaL	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	-0.00883	0.00591	0.442	-0.0240	0.0064
		<i>H. persikonus</i>	0.05706(*)	0.00593	0.000	0.0418	0.0723
		<i>H. pruni X</i>	0.32309(*)	0.01329	0.000	0.2889	0.3573
FFU / FFG	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	-0.53970(*)	0.06287	0.000	-0.7016	-0.3778
		<i>H. persikonus</i>	-0.17224(*)	0.06291	0.032	-0.3343	-0.0102
		<i>H. pruni X</i>	1.58225(*)	0.13833	0.000	1.2260	1.9385
A6PT / A6Taban	<i>H. amygdali</i>	<i>H. pruni</i>	-0.30794(*)	0.03453	0.000	-0.3969	-0.2190
		<i>H. persikonus</i>	-0.19633(*)	0.03453	0.000	-0.2853	-0.1074
		<i>H. pruni X</i>	1.51827(*)	0.07489	0.000	1.3254	1.7112

Wilk's lambda analizine göre elde edilen kanonik ayırma fonksiyonunun P=0.00 değeriyle anlamlı olduğu ve özdeğer istatistiğine göre 1. Kanonik Vektör toplam çeşitliliğin %71.3'ünü; 2. Kanonik Vektör ise %28.7'sini açıklamaktadır (Çizelge 4. 4.).

Çizelge 4.4. *Hyalopterus* popülasyonlarının morfometrik karakterler kullanılarak lokalite ve konak ayrımı yapılmadan Kanonik Ayırma Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks Lambda istatistiği (df: serbestlik derecesi)

Kanonik Vektör	Özdeğer	Varyansların yüzdesi	Toplam%	Wilks' Lambda	Ki-Kare	df	P	Kanonik Korelasyon
CV1	2.345(a)	71.3	71.3	.154	355.508	14	0.000	0.837
CV2	0.942(a)	28.7	100	.515	126.110	6	0.000	0.696

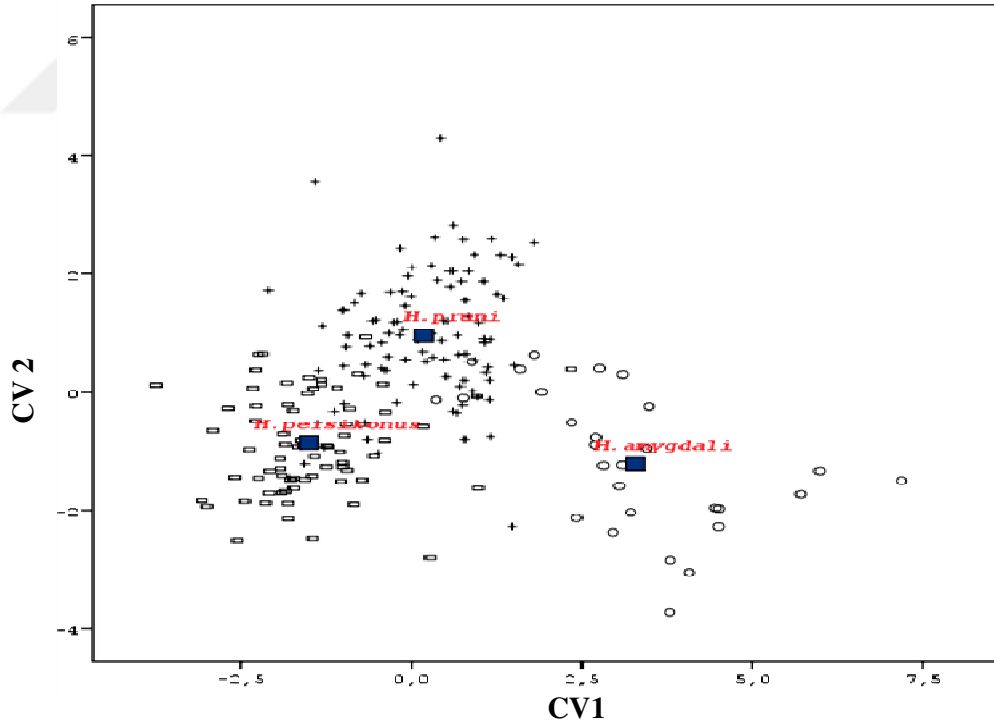
a Analizde ilk 2 kanonik ayırma fonksiyonu kullanılmıştır.

Popülasyonları ayırmada kullanılan karakterlerin bağıl önemliliğini belirlemek için standartlaştırılmış Kanonik Varyans Analizi (CVA) yapılmıştır (Çizelge 4.5.). Kanonik Vektör 1'e göre en yüksek değerler A2G/FrsU (0.904), A3U/KU (0.783) ve T3U/ANT3U (0.752); Kanonik Vektör 2'ye göre en yüksek değerler A3U/KU (0.601)'ye aittir. Konağa bağlı gerçekleştirilen analiz sonuçlarıyla ilk iki Kanonik Fonksiyonda *Hyalopterus* üyeleri arasında (konak ve lokalite dikkate alınmadan)

farklılık olup olmadığı Şekil 4.7 ile gösterilmiştir. Elde edilen sonuca göre *Hyalopterus*'u temsil eden türlere ait populasyonlar birbirinden farklılık göstermektedir. Ancak *H. pruni* ve *H. persikonus* populasyonlarının birbirine daha fazla benzerlik gösterdiği belirlenmiştir.

Çizelge 4.5. *Hyalopterus* populasyonlarının morfometrik karakterler kullanılarak lokalite ve konak ayrımı yapılmadan Standartlaştırılmış Kanonikal Ayırma Fonksiyon Katsayısı

Karakterler	Kanonikal Vektör 1	Kanonikal Vektör 2
SIPHL / SIPH.G	-0.048	0.432
A2G / FrsU	0.904	-0.455
A3U / KU	0.783	0.601
ANT3U / ANT4L	0.268	0.271
T3U / ANT3U	0.752	0.119
FFU / FFG	0.102	0.427
MDHSM / MDDHSL	0.313	0.139



Şekil 4.7. *Hyalopterus* üyelerinin konak ve lokalite ayrımı yapılmadan CVA' ya göre sınıflandırılmaları (□: *H. persikonus*; +: *H. pruni*; ○: *H. amygdali*)

4.2.2 *Hyalopterus* popülasyonlarında konak bitkiye bağlı ortaya çıkan morfometrik varyasyonlar

Hyalopterus üyelerinin birincil konaklarından *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. domestica* ve *P. dulcis* popülasyonları arasında farklılık olup olmadığını anlamak amacıyla Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinden toplanan kanatsız bireylerden elde edilen morfometrik değerler ANOVA tanımlayıcı istatistiğiyle değerlendirilmiştir. *Hyalopterus* türleri arasında farklılık olup olmadığını anlamak amacıyla lokalite ve konak farklılıkları dikkate alınmadan bireylerden elde edilen oransal değerlere göre ANOVA analizi yapılarak ve kullanılan istatistiksel olarak bu karakterlerin tümü bakımından türlerin farklılık gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.6.). VU, A2G, FrsU, MDHSU, MDHSM, A3U, A4U, A6PT, URSU, FFU, FFG, T3U, HTI, SIPHG, KU'nun ayırt edici karakterler olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.7.).

Çizelge 4.6. *Hyalopterus* üyeleri için *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. domestica* ve *P. dulcis* konaklarına bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece P <0.05 olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
VU	Gruplar Arası	4.288	3	1.429	20.053	0.00
	Grup içi	26.941	378	0.071		
	Toplam	31.229	381			
A2G	Gruplar Arası	0.001	3	0.000	12.687	0.00
	Grup içi	0.013	522	0.000		
	Toplam	0.014	525			
Frs.U	Gruplar Arası	0.023	3	0.008	134.901	0.00
	Grup içi	0.017	308	0.000		
	Toplam	0.040	311			
MDHSU	Gruplar Arası	0.016	3	0.005	87.216	0.00
	Grup içi	0.015	238	0.000		
	Toplam	0.031	241			

Çizelge 4.6. (Devam) *Hyalopterus* üyeleri için *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. domestica* ve *P. dulcis* konaklarına bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece $P < 0.05$ olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
MDHSM	Gruplar Arası	0.024	3	0.008	15.956	0.00
	Grup içi	0.084	168	0.000		
	Toplam	0.107	171			
A3.U	Gruplar Arası	0.224	3	0.075	38.910	0.00
	Grup içi	0.986	513	0.002		
	Toplam	1.211	516			
A4U	Gruplar Arası	0.111	3	0.037	26.575	0.00
	Grup içi	0.714	515	0.001		
	Toplam	0.824	518			
A6PT	Gruplar Arası	0.158	3	0.053	15.491	0.00
	Grup içi	1.741	511	0.003		
	Toplam	1.899	514			
URS.U	Gruplar Arası	0.008	3	0.003	74.312	0.00
	Grup içi	0.020	519	0.000		
	Toplam	0.028	522			
FFU	Gruplar Arası	0.026	3	0.009	4.901	0.002
	Grup içi	0.941	525	0.002		
	Toplam	0.967	528			
FFG	Gruplar Arası	0.008	3	0.003	25.653	0.00
	Grup içi	0.055	525	0.000		
	Toplam	0.063	528			
T3U	Gruplar Arası	0.695	3	0.232	22.551	0.00
	Grup içi	5.340	520	0.010		
	Toplam	6.034	523			

Çizelge 4.6. (Devam) *Hyalopterus* üyeleri için *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. domestica* ve *P. dulcis* konaklarına bağlı farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece $P < 0.05$ olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
HT.I.U	Gruplar Arası	0.001	3	0.000	5.933	0.001
	Grup içi	0.015	519	0.000		
	Toplam	0.015	522			
SIPH.G	Gruplar Arası	0.001	3	0.000	5.548	0.001
	Grup içi	0.024	519	0.000		
	Toplam	0.025	522			
KU	Gruplar Arası	0.049	3	0.016	57.407	0.00
	Grup içi	0.140	492	0.000		
	Toplam	0.189	495			

Çizelge 4.7. ANOVA sonuçlarının tanımlayıcı istatistiğine göre *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. domestica* ve *P. dulcis* konaklarını kullanan *Hyalopterus* üyelerinin morfometrik karakterlere bağlı ortalamaları, alt ve üst değerlerinin çizelge halinde gösterimi

	VU	A2U	A2G	Frs.U	MDHSU
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
<i>P. domestica</i>	1.50-3.34 (2.22)	0.06-0.08 (0.07)	0.05-0.06 (0.05)	0.01-0.06 (0.04)	0.01-0.06 (0.03)
<i>P. persica</i>	1.40-2.54 (2.04)	0.04-0.09 (0.07)	0.04-0.06 (0.05)	0.02-0.05 (0.04)	0.01-0.05 (0.04)
<i>P. dulcis</i>	1.55-2.80 (2.29)	0.06-0.08 (0.07)	0.05-0.07 (0.06)	0.01-0.04 (0.02)	0.01-0.03 (0.02)
<i>P. armeniaca</i>	1.43-2.90 (2.05)	0.05-0.08 (0.07)	0.04-0.06 (0.05)	0.02-0.06 (0.04)	0.02-0.05 (0.04)
	A4U	A6PT	A6Taban	A3U	KU
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
<i>P. domestica</i>	0.14-0.36 (0.27)	0.12-0.45 (0.37)	0.09-0.15 (0.12)	0.30-0.52 (0.42)	0.16-0.24 (0.20)
<i>P. persica</i>	0.20-0.35 (0.28)	0.22-0.47 (0.37)	0.10-0.14 (0.12)	0.22-0.47 (0.39)	0.19-0.25 (0.22)
<i>P. dulcis</i>	0.14-0.34 (0.24)	0.12-0.63 (0.32)	0.09-0.14 (0.12)	0.30-0.55 (0.42)	0.19-0.25 (0.23)
<i>P. armeniaca</i>	0.18-0.32 (0.26)	0.30-0.42 (0.36)	0.09-0.15 (0.12)	0.29-0.50 (0.37)	0.04-0.28 (0.23)
	A3U	URSU	FFU	FFG	HT.I
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
<i>P. domestica</i>	0.64-1.28 (1.04)	0.08-0.10 (0.09)	0.27-0.49 (0.42)	0.07-0.11 (0.08)	0.03-0.05 (0.04)
<i>P. persica</i>	0.65-1.16 (0.98)	0.07-0.10 (0.08)	0.30-0.46 (0.41)	0.06-0.10 (0.08)	0.03-0.05 (0.04)
<i>P. dulcis</i>	0.66-1.19 (1.03)	0.07-0.10 (0.09)	0.15-0.48 (0.41)	0.07-0.11 (0.09)	0.03-0.05 (0.04)
<i>P. armeniaca</i>	0.29-0.50 (0.37)	0.06-0.09 (0.08)	0.30-0.47 (0.40)	0.06-0.10 (0.08)	0.03-0.06 (0.04)
	HT.II	SIPH.U	SIPH.G		
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)		
<i>P. domestica</i>	0.12-0.17 (0.15)	0.03-0.13 (0.11)	0.03-0.07 (0.04)		
<i>P. persica</i>	0.10-0.17 (0.15)	0.06-0.14 (0.10)	0.03-0.06 (0.04)		
<i>P. dulcis</i>	0.11-0.17 (0.15)	0.03-0.14 (0.11)	0.04-0.08 (0.05)		
<i>P. armeniaca</i>	0.11-0.17 (0.15)	0.07-0.13 (0.10)	0.03-0.07 (0.04)		

Tukey-HSD Testine (Çoklu karşılaştırma analizi) göre konağa bağlı olarak MDHSM ve URSG dışındaki karakterler bakımından *H. pruni*, *H. persiconus*, *H. dulcis* ve *H. armeniaca* konaklarındaki *Hyalopterus* popülasyonlarında farklılık oluşturmuştur (Çizelge 4.8.). Tukey-HSD testine göre;

P. domestica konağı üzerinden beslenen popülasyonlar:

A3U, VU ve URSU karakterlerine bağlı olarak *P. persica* ve *P. armeniaca* konaklarını kullanan popülasyonlardan; A2U, MDHSM, FFU, FFG ve T3U karakterlerine bağlı olarak *P. armeniaca* konağında beslenen popülasyonlardan; FrsU, MDHSU, A4U, A6PT karakterlerine bağlı olarak *P. dulcis* konağında beslenen popülasyonlardan farklılık göstermiştir.

P. dulcis konağı üzerinden beslenen popülasyonlar:

A2U, MDHSM, URSU, FFG ve SIPH.G karakterleriyle *P. persica*, *P. armeniaca* ve *P. domestica* konağında beslenen popülasyonlardan; VU, A3U ve T3U ile *P. persica* ve *P. armeniaca* konaklarını kullanan popülasyonlardan; KU ile *P. domestica* konağında beslenen popülasyonlardan farklılık göstermiştir.

P. persica konağı üzerinden beslenen popülasyonlar:

MDHSU karakteri bakımından *P. domestica* ve *P. dulcis* konaklarını kullanan popülasyonlardan farklılık göstermiştir. A4U karakteri ile *P. dulcis* ve *P. armeniaca* konakları üzerinde beslenen popülasyonlardan ayrılmıştır. Bununla birlikte, KU ile *P. domestica* konağını kullanan; URSU ve FFG karakterleriyle *P. armeniaca* konağı üzerinde bulunan ve A6PT ile Frs.U karakterleri bakımından *P. dulcis* popülasyonlardan farklılık göstermiştir.

P. armeniaca konağı üzerinden beslenen popülasyonlar:

FrsU, HTI ile MDHSU karakterleri bakımından *P. domestica* ve *P. dulcis* konaklarındaki popülasyonlardan; KU ile *P. domestica* konağı üzerinde beslenen

popülasyonlardan; A4U ve A6PT ile *P. dulcis* konağı üzerinden beslenen popülasyonlardan farklılık göstermiştir.

Çizelge 4.8. *Hyalopterus* türlerinin morfometrik karakterlerinin *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. dulcis* ve *P. domestica* konaklarına bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece P <0.05 olanlar verilmiştir)

		(I) KONAK	(J) KONAK	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Confidence Interval	
							Alt Sınır	Üst Sınır
VU	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.17022(*)	0.03613	0.000	0.0770	0.2634
			<i>P. persica</i>	0.18033(*)	0.03995	0.000	0.0772	0.2834
			<i>P. dulcis</i>	0.24184(*)	0.03844	0.000	0.1427	0.3410
			<i>P. persica</i>	0.25195(*)	0.04205	0.000	0.1434	0.3605
A2U	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.00168(*)	0.00058	0.021	0.0002	0.0032
			<i>P. domestica</i>	0.00214(*)	0.00061	0.003	0.0006	0.0037
			<i>P. armeniaca</i>	0.00382(*)	0.00062	0.000	0.0022	0.0054
			<i>P. persica</i>	0.00248(*)	0.00065	0.001	0.0008	0.0042
Frs.U	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. dulcis</i>	0.017877(*)	0.001229	0.000	0.01470	0.02105
			<i>P. armeniaca</i>	0.004162(*)	0.001146	0.002	0.00120	0.00712
			<i>P. dulcis</i>	0.022039(*)	0.001198	0.000	0.01895	0.02513
			<i>P. persica</i>	0.020641(*)	0.001268	0.000	0.01736	0.02392
MDHS U	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. dulcis</i>	0.011866(*)	0.001407	0.000	0.00823	0.01551
			<i>P. armeniaca</i>	0.009462(*)	0.001326	0.000	0.00603	0.01289
			<i>P. dulcis</i>	0.021328(*)	0.001433	0.000	0.01762	0.02504
			<i>P. persica</i>	0.007984(*)	0.001457	0.000	0.00422	0.01175
			<i>P. dulcis</i>	0.019850(*)	0.001555	0.000	0.01583	0.02387

Çizelge 4.8. (Devam) *Hyalopterus* türlerinin morfolometrik karakterlerin *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. dulcis* ve *P. domestica* konaklarına bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece P <0.05 olanlar verilmiştir)

		(I) KONAK	(J) KONAK	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Confidence Interval	
							Alt Sınır	Üst Sınır
MDHSM	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.01315(*)	0.00446	0.019	0.0016	0.0247
			<i>P. persica</i>	0.01475(*)	0.00487	0.015	0.0021	0.0274
		<i>P. dulcis</i>	<i>P. domestica</i>	0.01742(*)	0.00528	0.006	0.0037	0.0311
			<i>P. armeniaca</i>	0.03056(*)	0.00502	0.000	0.0175	0.0436
			<i>P. persica</i>	0.03217(*)	0.00539	0.000	0.0182	0.0461
A3.U	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.04731(*)	0.00519	0.000	0.0339	0.0607
			<i>P. persica</i>	0.03456(*)	0.00543	0.000	0.0206	0.0486
		<i>P. dulcis</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.04565(*)	0.00555	0.000	0.0313	0.0600
			<i>P. persica</i>	0.03291(*)	0.00577	0.000	0.0180	0.0478
A4.U	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. dulcis</i>	0.03141(*)	0.00460	0.000	0.0196	0.0433
		<i>P. armeniaca</i>	<i>P. dulcis</i>	0.02058(*)	0.00471	0.000	0.0084	0.0327
		<i>P. persica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.02043(*)	0.00470	0.000	0.0083	0.0325
			<i>P. dulcis</i>	0.04101(*)	0.00488	0.000	0.0284	0.0536
A6PT	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. dulcis</i>	0.04633(*)	0.00722	0.000	0.0277	0.0649
		<i>P. armeniaca</i>	<i>P. dulcis</i>	0.02897(*)	0.00742	0.001	0.0098	0.0481
		<i>P. persica</i>	<i>P. dulcis</i>	0.04122(*)	0.00770	0.000	0.0214	0.0611

Çizelge 4.8. (Devam) *Hyalopterus* türlerinin morfolometrik karakterlerin *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. dulcis* ve *P. domestica* konaklarına bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece P <0.05 olanlar verilmiştir)

		(I) KONAK	(J) KONAK	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Confidence Interval		
							Alt Sınır	Üst Sınır	
URSU	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.00791(*)	0.00072	0.000	0.0060	0.0098	
			<i>P. persica</i>	0.00381(*)	0.00075	0.000	0.0019	0.0057	
			<i>P. persica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.00410(*)	0.00077	0.000	0.0021	0.0061
			<i>P. dulcis</i>	<i>P. domestica</i>	0.00278(*)	0.00075	0.001	0.0008	0.0047
			<i>P. armeniaca</i>	0.01069(*)	0.00077	0.000	0.0087	0.0127	
			<i>P. persica</i>	0.00659(*)	0.00080	0.000	0.0045	0.0087	
FFU	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.01819(*)	0.00493	0.001	0.0055	0.0309	
			<i>P. persica</i>	0.00333(*)	0.00120	0.028	0.0002	0.0064	
FFG	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.00600(*)	0.00128	0.000	0.0027	0.0093	
			<i>P. persica</i>	0.00754(*)	0.00126	0.000	0.0043	0.0108	
			<i>P. armeniaca</i>	0.01087(*)	0.00128	0.000	0.0076	0.0142	
			<i>P. persica</i>	0.00487(*)	0.00134	0.002	0.0014	0.0083	
T3U	Tukey HSD	<i>P. domestica</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.08420(*)	0.01187	0.000	0.0536	0.1148	
			<i>P. persica</i>	0.06614(*)	0.01251	0.000	0.0339	0.0984	
			<i>P. dulcis</i>	<i>P. armeniaca</i>	0.07344(*)	0.01271	0.000	0.0407	0.1062
			<i>P. persica</i>	0.05538(*)	0.01331	0.000	0.0211	0.0897	
HT.I.	Tukey HSD	<i>P. armeniaca</i>	<i>P. domestica</i>	0.00240(*)	0.00063	0.001	0.0008	0.0040	
			<i>P. dulcis</i>	0.00231(*)	0.00067	0.004	0.0006	0.0040	

Çizelge 4.8. (Devam) *Hyalopterus* türlerinin morfolometrik karakterlerin *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. dulcis* ve *P. domestica* konaklarına bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece P <0.05 olanlar verilmiştir)

		(I) KONAK	(J) KONAK	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Confidence Interval	
							Alt Sınır	Üst Sınır
SIPHG	Tukey HSD	<i>P. dulcis</i>	<i>P. domestica</i>	0.00241(*)	0.00083	0.021	0.0003	0.0046
			<i>P. armeniaca</i>	0.00278(*)	0.00085	0.006	0.0006	0.0050
			<i>P. persica</i>	0.00333(*)	0.00089	0.001	0.0010	0.0056
KU	Tukey HSD	<i>P. armeniaca</i>	<i>P. domestica</i>	0.02322(*)	0.00202	0.000	0.0180	0.0284
		<i>P. persica</i>	<i>P. domestica</i>	0.02014(*)	0.00214	0.000	0.0146	0.0256
		<i>P. dulcis</i>	<i>P. domestica</i>	0.02168(*)	0.00215	0.000	0.0161	0.0272

Wilk's lambda analizine göre elde edilen Kanonikal Vektörü P=0,00 değeriyle anlamlıdır ve birinci Kanonikal Vektör (CV1) varyansların %70,2'sini; ikinci Kanonikal Vektör (CV2) varyansların %26,2'sini açıklamaktadır (Çizelge 4.9.).

Çizelge 4.9. *Hyalopterus* popülasyonları için konağa bağlı Kanonikal Varyans Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks'in Lambda istatistiği (df: serbestlik derecesi)

Kanonikal Vektör	Özdeğer	Varyansların yüzdesi	Toplam %	Wilks' Lambda	Ki-kare	df	P	Kanonikal Korelasyon
CV1	2.798(a)	70.2	70.2	0.113	224.681	18	0.000	0.858
CV2	1.341(a)	26.2	96.4	0.427	95.213	10	0.000	0.715
CV3	0.761(a)	3.6	100.0	0.874	15.032	4	0.005	0.354

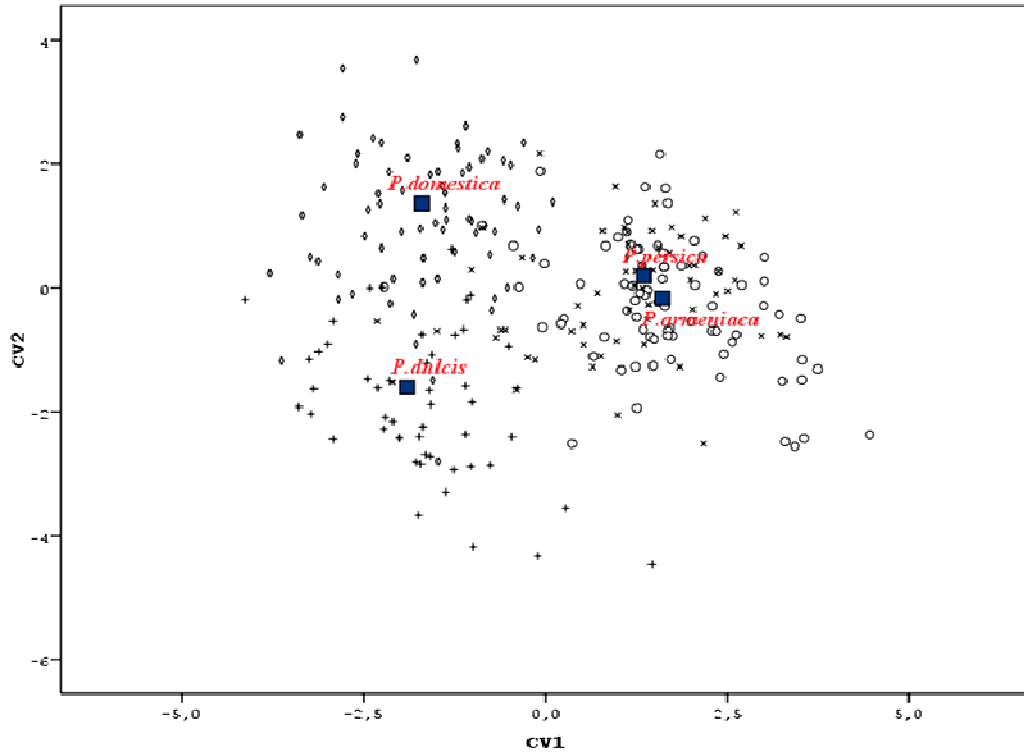
a Analizde ilk 3 Kanonikal Vektörü kullanılmıştır.

Popülasyonları ayırmada kullanılan karakterlerin bağıl önemliliğini belirlemek için standartlaştırılmış Kanonikal Varyans Analizi (CVA) uygulanmıştır ve ilk Kanonikal Vektörün toplam çeşitliliğin %96.4'ünü açıkladığı görülmüştür (Çizelge 4.10). Kanonikal Vektör 1 (CV1)'e göre en yüksek değerler T3U (0.922), KU (0.756) ve FrsU

(0.502); Kanonikal Vektör 2 (CV2)'ye göre en yüksek değerler KU (0.826), FrsU (0.679) ve T3U (0.626) karakterleri önemlidir. Konağa bağlı gerçekleştirilen analiz sonuçlarıyla ilk iki kanonikal vektöre bağlı *P. persica*, *P. armeniaca*, *P. dulcis* ve *P. domestica* konaklarını kullanan bireyler arasında farklılık olup olmadığı Şekil 4.8. ile gösterilmiştir. *P. persica* ile *P. armeniaca* ve *P. dulcis* konaklarını kullanan popülasyonlar hem *P. domestica*'dan hem de birbirlerinden ayrılmıştır.

Çizelge 4.10. *Hyalopterus* popülasyon konağa bağlı Standartlaştırılmış Kanonikal Varyans Vektör katsayısı

Karakterler	Kanonikal Vektör 1	Kanonikal Vektör 2	Kanonikal Vektör 3
Frs.U	0.502	0.679	0.109
URSU	-0.380	-0.315	0.497
URSG	0.314	0.224	0.629
T3U	-0.922	-0.626	-0.305
HT IU	0.468	0.008	-0.758
KU	0.756	0.826	0.035



Şekil 4.8. *Hyalopterus* popülasyonlarının *P. domestica*, *P. persica*, *P. armeniaca* ve *P. dulcis* konak bitkilerinin kullanımına bağlı CVA'ya göre sınıflandırılmaları (◇: *P. domestica*; +: *P. dulcis*; ○: *P. armeniaca*; X: *P. persica*)

4.2.3 Lokaliteye bağılı olarak *Hyalopterus* popülasyonlarında ortaya çıkan morfometrik varyasyonlar

H. pruni'nin Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde popülasyonları arasında farklılık olup olmadığını anlamak amacıyla kanatsız bireylerden elde edilen morfometrik değerlere göre ANOVA tanımlayıcı istatistiğiyle değerlendirilmiş; VU, A2G, A3U, A4U, A6PT, A6TABAN, URSU, FFG, T3U, HTI SIPH.G ve FFU'nin ayırt edici karakterler olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.11.).

Çizelge 4.11. *H. pruni*'nin dört farklı lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak) dağılım gösteren popülasyonları arasında farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA tanımlayıcı istatistiği) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir)

	VU	A3U	A4U	A6PT	A6TABAN	FFU
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
Afyonkarahisar	1.50-2.65 (2.21)	0.34-0.50 (0.42)	0.15-0.34 (0.26)	0.12-0.45 (0.36)	0.10-0.13 (0.12)	0.27-0.49 (0.41)
Uşak	1.72-2.60 (2.14)	0.33-0.52 (0.42)	0.20-0.36 (0.26)	0.30-0.42 (0.38)	0.10-0.15 (0.12)	0.35-0.46 (0.41)
Kütahya	1.70-3.34 (2.16)	0.30-0.50 (0.40)	0.14-0.30 (0.26)	0.12-0.44 (0.37)	0.09-0.13 (0.12)	0.28-0.48 (0.41)
Niğde	2.00-2.57 (2.34)	0.40-0.50 (0.46)	0.26-0.35 (0.30)	0.37-0.45 (0.40)	0.11-0.14 (0.12)	0.41-0.47 (0.44)
	A2G	URSU	T3U	HTI	SIPH.G	FFG
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
Afyonkarahisar	0.05-0.06 (0.06)	0.08-0.10 (0.09)	0.72-10.20 (10.03)	0.04-0.05 (0.04)	0.04-0.06 (0.05)	0.07-0.10 (0.08)
Uşak	0.05-0.06 (0.05)	0.08-0.09 (0.09)	0.83-10.26 (10.02)	0.04-0.05 (0.04)	0.04-0.07 (0.04)	0.07-0.10 (0.09)
Kütahya	0.05-0.06 (0.05)	0.08-0.10 (0.09)	0.64-10.24 (10.02)	0.03-0.05 (0.04)	0.03-0.06 (0.04)	0.07-0.11 (0.08)
Niğde	0.05-0.06 (0.05)	0.08-0.10 (0.09)	10.00-10.28 (10.13)	0.04-0.05 (0.05)	0.04-0.05 (0.04)	0.07-0.10 (0.07)

H. pruni popülasyonları arasında farklılık olup olmadığını anlamak amacıyla lokaliteye bağılı olarak ANOVA analizi sonuçlarına göre kullanılan karakterlerden FrsU, MDHSU, MDHSM, A2U, URSU, HT.II, SIPH.U ve KU dışında kalan karakterler bakımından *H. pruni* popülasyonlarının farklılık gösterdiği belirlendi (Çizelge 4.12).

Çizelge 4.12. *H. pruni* üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
VU	Gruplar arası	0.593	3	0.198	2.944	0.036
	Grup içi	7.385	110	0.067		
	Toplam	7.978	113			
A2G	Gruplar arası	0.000	3	0.000	5.830	0.001
	Grup içi	0.003	148	0.000		
	Toplam	0.003	151			
A3U	Gruplar arası	0.052	3	0.017	11.496	0.000
	Grup içi	0.218	146	0.001		
	Toplam	0.270	149			
A4U	Gruplar arası	0.032	3	0.011	6.763	0.000
	Grup içi	0.233	146	0.002		
	Toplam	0.265	149			
A6PT	Gruplar arası	0.042	3	0.014	3.017	0.032
	Grup içi	0.678	146	0.005		
	Toplam	0.720	149			
A6TABAN	Gruplar arası	0.002	3	0.001	8.634	0.000
	Grup içi	0.009	146	0.000		
	Toplam	0.011	149			
URSU	Gruplar arası	0.000	3	0.000	5.043	0.002
	Grup içi	0.004	148	0.000		
	Toplam	0.005	151			
FFU	Gruplar arası	0.023	3	0.008	4.268	0.006
	Grup içi	0.260	147	0.002		
	Toplam	0.283	150			
FFG	Gruplar arası	0.002	3	0.001	6.940	0.000
	Grup içi	0.015	147	0.000		
	Toplam	0.017	150			
T3U	Gruplar arası	0.281	3	0.094	8.856	0.000
	Grup içi	1.564	148	0.011		
	Toplam	1.845	151			
HT.I	Gruplar arası	0.001	3	0.000	12.622	0.000
	Grup içi	0.003	147	0.000		
	Toplam	0.004	150			
SIPH.G	Gruplar arası	0.000	3	0.000	3.668	0.014
	Grup içi	0.006	148	0.000		
	Toplam	0.007	151			

Tukey-HSD testine (Çoklu karşılaştırma analizi) göre A2U, Frs.U, MDHSU, MDHSM, URSG, HTII, SIPH.U ve KU karakterleri dışında kalan karakterler bakımından dört lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde) dağılım gösteren *H. pruni* populasyonlarını birbirinden ayırmıştır (Çizelge 4.13.).

Tukey-HSD testine göre;

Afyonkarahisar’da dağılım gösteren populasyonlar:

A3U, A4U, A6.PT, A6Taban, URSU, FFU, T3U, HT.I karakterleriyle Niğde; A2G ve FFG ile Kütahya ve Niğde; SIPH.G ile ise sadece Kütahya populasyonlarından ayrılmaktadır.

Uşak’ta dağılım gösteren populasyonlar:

A3U, A4U, URSU, FFG, HTIII.L ve HTI karakteriyle Niğde populasyonlarından ayrılmıştır.

Kütahya’da dağılım gösteren populasyonlar:

VU, A3U, A4U, A6Taban, URSU, FFU, HTIII ve HTI karakterleriyle Niğde populasyonlarından ayrılmıştır.

Çizelge 4.13. *H. pruni* morfometrik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde’de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece $P < 0,05$ olanlar verilmiştir)

	(I) LOKALITE	(J) LOKALITE	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Üst Sınır
VU	Kütahya	Niğde	.18742(*)	.06955	.040	-.3689	-.0060
A2G	Afyonkarahisar	Kütahya	.00263(*)	.00087	.016	.0004	.0049
		Niğde	.00402(*)	.00107	.001	.0012	.0068
A3U	Afyonkarahisar	Niğde	-.03544(*)	.00920	.001	-.0594	-.0115

Çizelge 4.13. (Devam) *H. pruni* morfolojik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde’de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey HSD testi) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir)

	(I) LOKALITE	(J) LOKALITE	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Üst Sınır
	Uşak	Niğde	.04255(*)	.01167	.002	-.0729	.0122
	Kütahya	Niğde	.05448(*)	.00935	.000	-.0788	.0302
A4U	Afyonkarahisar	Niğde	.03478(*)	.00951	.002	-.0595	.0101
	Uşak	Niğde	.03897(*)	.01206	.008	-.0703	.0076
	Kütahya	Niğde	.04143(*)	.00966	.000	-.0665	.0163
A6PT	Afyonkarahisar	Niğde	.04794(*)	.01622	.019	-.0901	.0058
A6TABAN	Afyonkarahisar	Niğde	.00884(*)	.00189	.000	-.0137	.0039
	Kütahya	Niğde	.00858(*)	.00192	.000	-.0136	.0036
FFG	Afyonkarahisar	Kütahya	.00655(*)	.00198	.006	-.0014	.0117
		Niğde	.00913(*)	.00241	.001	-.0029	.0154
	Uşak	Niğde	.00881(*)	.00307	.024	-.0008	.0168
FFU	Afyonkarahisar	Niğde	.03286(*)	.00998	.007	-.0588	.0069
	Kütahya	Niğde	.03280(*)	.01017	.008	-.0592	.0064
URSU	Afyonkarahisar	Niğde	.00457(*)	.00125	.002	-.0078	.0013
	Uşak	Niğde	.00417(*)	.00159	.047	-.0083	.0000
	Kütahya	Niğde	.00428(*)	.00127	.005	-.0076	.0010
T3U	Afyonkarahisar	Niğde	.10706(*)	.02439	.000	-.1704	.0437
	Uşak	Niğde	.12832(*)	.03102	.000	-.2089	.0477
	Kütahya	Niğde	.11336(*)	.02477	.000	-.1777	.0490
HT.I	Afyonkarahisar	Niğde	.00495(*)	.00109	.000	-.0078	.0021
	Uşak	Niğde	.00387(*)	.00138	.029	-.0075	.0003
	Kütahya	Niğde	.00670(*)	.00110	.000	-.0096	.0038
SIPH.G	Afyonkarahisar	Kütahya	.00367(*)	.00126	.022	-.0004	.0069

Wilk's lambda analizine göre elde edilen kanonik ayırma fonksiyonunun $P=0.00$ değeriyle anlamlıdır ve birinci ve ikinci Kanonik Vektörler varyansların %98.4'ünü açıklamaktadır (Çizelge 4.14.).

Çizelge 4.14. *H. pruni* popülasyonlarının lokaliteye bağlı kanonik ayırma analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks'in Lambda istatistiği (df: serbestlik derecesi)

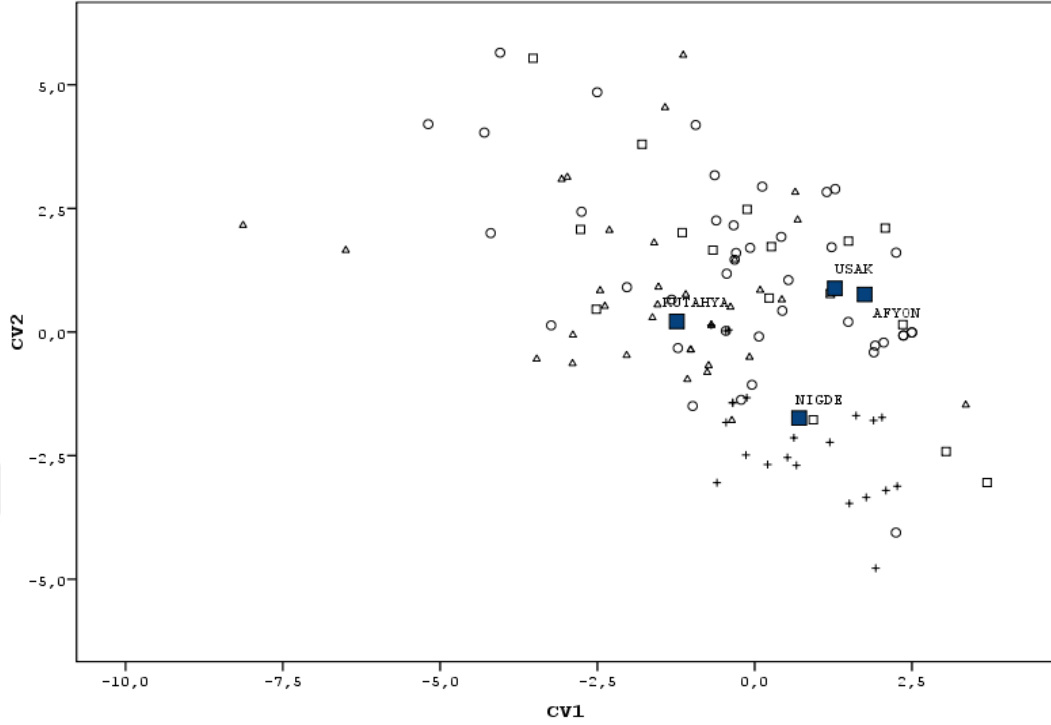
Kanonik Vektör	Özdeğer	Varyansların yüzdesi	Toplam%	Wilks' Lambda	Ki-kare	df	P.	Kanonik korelasyon
1	1.892 ^(a)	65.5	65.5	0.170	45.227	9	0.000	0.809
2	0.948 ^(a)	32.9	98.4	0.491	18.151	4	0.000	0.698
3	0.046 ^(a)	1.6	100	0.956	1.143	1	0.285	0.209

a. İlk üç kanonik vektör analizlerde kullanılmıştır

Popülasyonları ayırmada kullanılan karakterlerin bağıl önemliliğini belirlemek için standartlaştırılmış Kanonik Faktör Analizi yapılmıştır (Çizelge 4.15.). Kanonik Vektör 1'e göre en yüksek değerler VU (1,138) ve A3U (1.267); Kanonik Vektör 2'ye göre en yüksek değerler FFG (1.497), A3U (0.921) ve VU (0.518)'dir. *H. pruni* popülasyonlarının farklılaşmasında lokalitenin etkili olmadığı görülmüştür (Şekil 4.9).

Çizelge 4.15. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde'de dağılım gösteren *H. pruni* popülasyonlarının lokaliteye bağlı Standartlaştırılmış Kanonik Ayırma Fonksiyon Katsayısı

	Kanonik Vektör 1	Kanonik Vektör 2	Kanonik Vektör 3
VU	1.138	0.518	0.831
A3U	1.267	0.921	0.009
FFG	0.232	1.497	0.235



Şekil 4.9. Farklı lokalitelerde dağılım gösteren *H. pruni* popülasyonlarının CVA' ya göre sınıflandırılmaları (○: Afyonkarahisar; □: Uşak; △: Kütahya; +: Niğde)

H. amygdali'nin Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde popülasyonları arasında farklılık olup olmadığını anlamak amacıyla kanatsız bireylerden elde edilen morfometrik değerlere göre ANOVA tanımlayıcı istatistiğiyle değerlendirilmiş; A2G, Frs.U, MDHSU, MDHSM, A3U, A4U, FFG, HT.I, HT.II, SIPH.G ve KU'nun ayırt edici karakterler olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.16.).

Çizelge 4.16. *H. amygdali*'nin dört farklı lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak) dağılım gösteren popülasyonları arasında farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA tanımlayıcı istatistiği) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir)

	MDHSM	A3U	A4U	A6PT	Frs.U	A2G
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
Afyonkarahisar	0.04-0.13 (0.08)	0.30-0.55 (0.39)	0.15-0.33 (0.23)	0.12-0.43 (0.34)	0.01-0.04 (0.02)	0.05-0.06 (0.05)
Uşak	0.08-0.15 (0.11)	0.34-0.50 (0.42)	0.14-0.34 (0.23)	0.13-0.63 (0.32)	0.01-0.03 (0.02)	0.05-0.06 (0.06)
Kütahya	0.09-0.15 (0.12)	0.36-0.50 (0.42)	0.14-0.32 (0.23)	0.13-0.42 (0.31)	0.02-0.03 (0.02)	0.05-0.07 (0.06)
Niğde	0.10-0.10 (0.10)	0.43-0.50 (0.47)	0.27-0.30 (0.28)	0.37-0.42 (0.39)	0.03-0.05 (0.03)	0.05-0.06 (0.05)
	FFG	MDHSU	SIPH.G	HT.I	HT.II	KU
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
Afyonkarahisar	0.07-0.10 (0.09)	0.01-0.04 (0.02)	0.04-0.05 (0.04)	0.04-0.05 (0.04)	0.11-0.17 (0.14)	0.19-0.25 (0.22)
Uşak	0.08-0.11 (0.09)	0.01-0.03 (0.02)	0.04-0.08 (0.05)	0.03-0.05 (0.04)	0.13-0.17 (0.15)	0.20-0.25 (0.23)
Kütahya	0.07-0.11 (0.09)	0.02-0.03 (0.01)	0.04-0.07 (0.05)	0.03-0.05 (0.04)	0.12-0.17 (0.15)	0.21-0.25 (0.23)
Niğde	0.08-0.10 (0.09)	0.03-0.03 (0.03)	0.04-0.05 (0.04)	0.04-0.05 (0.04)	0.15-0.16 (0.15)	0.21-0.25 (0.23)

H. amygdali popülasyonları arasında farklılık olup olmadığını anlamak amacıyla lokaliteye bağlı olarak ANOVA analizi sonuçlarına göre kullanılan karakterlerden A2G, FrsU, MDHSU, MDHSM, A3U, A4U, FFG, HTI, HT.II, SIPH.G ve KU karakterleri bakımından türlerin farklılık gösterdiği belirlendi (Çizelge 4.17.).

Çizelge 4.17. *H. amygdali* üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
A2G	Gruplar arası	0.000	3	0.000	2.819	0.042
	Grup içi	0.003	108	0.000		
	Toplam	0.003	111			

Çizelge 4.17. (Devam) *H. amygdali* üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece $P < 0,05$ olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
Frs.U	Gruplar arası	0.001	3	0.000	8.453	0.000
	Grup içi	0.002	65	0.000		
	Toplam	0.003	68			
MDHSU	Gruplar arası	0.000	3	0.000	2.808	0.049
	Grup içi	0.001	50	0.000		
	Toplam	0.002	53			
MDHSM	Gruplar arası	0.006	3	0.002	3.235	0.038
	Grup içi	0.016	26	0.001		
	Toplam	0.022	29			
A3U	Gruplar arası	0.029	3	0.010	5.666	0.001
	Grup içi	0.185	107	0.002		
	Toplam	0.214	110			
A4U	Gruplar arası	0.022	3	0.007	4.416	0.006
	Grup içi	0.176	107	0.002		
	Toplam	0.198	110			
FFG	Gruplar arası	0.002	3	0.001	6.752	0.000
	Grup içi	0.008	108	0.000		
	Toplam	0.010	111			
HT.I	Gruplar arası	0.000	3	0.000	3.774	0.013
	Grup içi	0.003	108	0.000		
	Toplam	0.003	111			
HT.II	Gruplar arası	0.002	3	0.001	3.555	0.017
	Grup içi	0.016	108	0.000		
	Toplam	0.017	111			
SIPH.G	Gruplar arası	0.001	3	0.000	3.956	0.010
	Grup içi	0.007	107	0.000		
	Toplam	0.007	110			
KU	Gruplar arası	0.003	3	0.001	5.378	0.002
	Grup içi	0.018	100	0.000		
	Toplam	0.021	103			

Tukey-HSD testine (Çoklu Karşılaştırma Analizi) göre A3U, A4U, A6Taban, Frs.U, FFG, HTI, HTII, SIPH.G ve KU karakterleri bakımından dört lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde) dağılım gösteren *H. amygdali* popülasyonları birbirinden ayrılmıştır (Çizelge 4.18.). Tukey-HSD testine göre;

Afyonkarahisar’da dağılım gösteren populasyonlar:

FFG karakteriyle Uşak, Kütahya, Niğde; Frs.U ile Uşak ve Niğde; HTII ve KU ile Uşak ve Kütahya; A3U, A4U ve A6Taban karakterleriyle Niğde; SIPH.G ile ise sadece Uşak popülasyonlarından ayrılmaktadır.

Uşak’ta dağılım gösteren populasyonlar:

Frs.U, A3U, A4U ve HTI karakteriyle Niğde popülasyonlarından ayrılmıştır.

Kütahya’da dağılım gösteren populasyonlar:

Frs.U, A3U ve A4U karakterleriyle Niğde popülasyonlarından ayrılmıştır.

Çizelge 4.18. *H. amygdali* morfometrik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde’de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir)

	(I) LOKALITE	(J) LOKALITE	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Alt Sınır
Frs.U	Afyonkarahisar	Uşak	.005195(*)	.001828	.030	.00038	.01001
		Niğde	.011591(*)	.004065	.029	.02231	.00087
	Uşak	Niğde	.016786(*)	.003845	.000	.02692	.00665
	Kütahya	Niğde	.016071(*)	.003913	.001	.02639	.00575
A3U	Afyonkarahisar	Niğde	-.07222(*)	.01766	.000	-.1183	-.0261
	Uşak	Niğde	-.04491(*)	.01576	.027	-.0860	-.0038
	Kütahya	Niğde	-.04563(*)	.01643	.032	-.0885	-.0027
A4U	Afyonkarahisar	Niğde	-.05153(*)	.01723	.018	-.0965	-.0066
	Uşak	Niğde	-.04932(*)	.01538	.009	-.0895	-.0092
	Kütahya	Niğde	-.05781(*)	.01603	.003	-.0997	-.0160
A6TABAN	Afyonkarahisar	Niğde	-.01014(*)	.00382	.044	-.0201	-.0002
FFG	Afyonkarahisar	Uşak	-.01028(*)	.00238	.000	-.0165	-.0041
		Kütahya	-.00682(*)	.00256	.044	-.0135	-.0001
		Niğde	-.01125(*)	.00371	.016	-.0209	-.0016
HT.I	Uşak	Niğde	-.00580(*)	.00205	.028	-.0111	-.0005
HT.II	Afyonkarahisar	Uşak	-.00932(*)	.00330	.029	-.0179	-.0007
		Kütahya	-.01096(*)	.00354	.013	-.0202	-.0017
SIPH.G	Afyonkarahisar	Uşak	-.00628(*)	.00215	.022	-.0119	-.0007
KU	Afyonkarahisar	Uşak	-.01473(*)	.00374	.001	-.0245	-.0050
		Kütahya	-.01240(*)	.00399	.013	-.0228	-.0020

Wilk's lambda analizine göre elde edilen kanonikal ayırma fonksiyonunun $P=0,00$ değeriyle anlamlıdır ve birinci Kanonikal Vektör varyansların %97'sini; ikinci Kanonikal Vektör varyansların %3'ünü açıklamaktadır (Çizelge 4.19.).

Çizelge 4.19. *H. amygdali* popülasyonlarının lokaliteye bağlı Kanonikal Ayırma Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks'in Lambda istatistiği (df: serbestlik derecesi)

Kanonikal Vektör	Özdeğer	Varyansların Yüzdesi	Toplam%	Wilks' Lambda	Ki-kare	df	P	Kanonikal Korelasyon
1	10.392 ^(a)	97.0	97.0	0.067	67.744	6	0.000	0.955
2	0.319 ^(a)	3.0	100.0	0.758	6.921	2	0.031	0.492

Popülasyonları ayırmada kullanılan karakterlerin bağıl önemliliğini belirlemek için standartlaştırılmış Kanonikal Faktör Analizi yapılmıştır (Çizelge 4.20.). Kanonikal Vektör 1'e göre en yüksek değer FrsU (1,155); Kanonikal Vektör 2'ye göre en yüksek değer MDHSM (0.893)'ye aittir. Lokaliteye bağlı gerçekleştirilen analiz sonuçlarıyla ilk iki kanonikal fonksiyonda Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde'de dağılım gösteren *H. amygdali* popülasyonları arasında farklılık olup olmadığı Şekil 4.10. ile gösterilmiştir. Niğde popülasyonları diğer illerde dağılım gösteren popülasyonlardan ayrılmış olsa da analiz sonuçları popülasyonlar üzerinde lokalitenin etkili olmadığını göstermiştir.

Çizelge 4.20. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde'de dağılım gösteren *H. Amygdali* popülasyonlarının lokaliteye bağlı Standartlaştırılmış Kanonikal Ayırma Fonksiyon Katsayısı

	Kanonikal Vektör 1	Kanonikal Vektör 2
Frs.U	1.155	0.183
MDHSM	-0.755	0.893

Çizelge 4.21. *H. persikonus*'un dört farklı lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak) dağılım gösteren popülasyonları arasında farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA tanımlayıcı istatistiği) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir)

	VU	A4U	A6PT	FFU	T3U	A2G
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
Afyonkarahisar	1.40-2.57 (2.00)	0.20-0.35 (0.28)	0.22-0.47 (0.37)	0.30-0.45 (0.40)	0.65-1.16 (0.96)	0.04-0.06 (0.05)
Uşak	2.00-2.45 (2.32)	0.24-0.33 (0.29)	0.31-0.41 (0.37)	0.40-0.46 (0.43)	0.96-1.14 (1.03)	0.05-0.06 (0.06)
Kütahya	1.42-2.90 (1.98)	0.20-0.30 (0.25)	0.24-0.41 (0.34)	0.30-0.44 (0.39)	0.65-1.10 (0.93)	0.04-0.06 (0.05)
Niğde	1.70-2.40 (2.08)	0.18-0.32 (0.26)	0.31-0.41 (0.36)	0.34-0.47 (0.41)	0.75-1.10 (0.98)	0.04-0.06 (0.05)
	FFG	MDHSU	Frs.U	A3U	A6TABAN	URSU
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)
Afyonkarahisar	0.06-0.10 (0.08)	0.02-0.05 (0.04)	0.03-0.06 (0.04)	0.2-0.50 (0.39)	0.09-0.15 (0.12)	0.07-0.10 (0.08)
Uşak	0.07-0.10 (0.09)	0.02-0.05 (0.04)	0.04-0.05 (0.04)	0.3-0.45 (0.41)	0.11-0.14 (0.12)	0.07-0.09 (0.09)
Kütahya	0.07-0.10 (0.08)	0.01-0.05 (0.04)	0.02-0.05 (0.04)	0.27-0.46 (0.37)	0.10-0.13 (0.11)	0.06-0.09 (0.08)
Niğde	0.06-0.10 (0.08)	0.03-0.05 (0.04)	0.02-0.06 (0.05)	0.29-0.45 (0.38)	0.10-0.13 (0.12)	0.07-0.09 (0.08)
	URSG	HT.I	HT.II			
	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)	Alt-Üst Değer (Ortalama)			
Afyonkarahisar	0.07-0.09 (0.08)	0.03-0.06 (0.04)	0.11-0.17 (0.15)			
Uşak	0.07-0.10 (0.08)	0.04-0.05 (0.04)	0.15-0.17 (0.16)			
Kütahya	0.07-0.09 (0.07)	0.03-0.05 (0.04)	0.10-0.17 (0.15)			
Niğde	0.06-0.08 (0.07)	0.04-0.05 (0.04)	0.14-0.16 (0.15)			

Çizelge 4.22. *H. persikonus* üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
VU	Gruplar arası	1.209	3	.403	5.613	0.001
	Grup içi	12.202	170	.072		
	Toplam	13.411	173			
A2G	Gruplar arası	.000	3	.000	6.927	0.000
	Grup içi	.006	249	.000		
	Toplam	.006	252			
Frs.U	Gruplar arası	.001	3	.000	3.585	0.015
	Grup içi	.008	156	.000		
	Toplam	.009	159			
MDHSU	Gruplar arası	.001	3	.000	3.761	0.013
	Grup içi	.007	110	.000		
	Toplam	.008	113			
A3U	Gruplar arası	.024	3	.008	4.248	0.006
	Grup içi	.462	243	.002		
	Toplam	.486	246			
A4U	Gruplar arası	.035	3	.012	12.335	0.000
	Grup içi	.230	245	.001		
	Toplam	.265	248			
A6PT	Gruplar arası	.030	3	.010	10.234	0.000
	Grup içi	.238	242	.001		
	Toplam	.268	245			
A6TABAN	Gruplar arası	.002	3	.001	8.165	0.000
	Grup içi	.017	243	.000		
	Toplam	.019	246			
URSU	Gruplar arası	.001	3	.000	5.920	0.001
	Grup içi	.012	247	.000		
	Toplam	.012	250			
URSG	Gruplar arası	.002	3	.001	14.665	0.000
	Grup içi	.012	221	.000		
	Toplam	.014	224			
FFU	Gruplar arası	.037	3	.012	11.517	0.000
	Grup içi	.273	253	.001		
	Toplam	.310	256			
FFG	Gruplar arası	.003	3	.001	9.274	0.000
	Grup içi	.027	253	.000		
	Toplam	.029	256			
T3U	Gruplar arası	.143	3	.048	6.257	0.000
	Grup içi	1.883	247	.008		
	Toplam	2.026	250			

Çizelge 4.22. (Devam) *H. persikonus* üyeleri için Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak, Niğde illerinden alınan örneklerin lokaliteye bağlı olarak değerlendirilmesi sonucu farklılık oluşturan morfolojik karakterler (ANOVA) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir; df: serbestlik derecesi)

		Kareler Toplamı	df	Kareler Ortalaması	F	P
HT.I	Gruplar arası	.000	3	.000	2.772	0.042
	Grup içi	.007	247	.000		
	Toplam	.007	250			
HT.II	Gruplar arası	.003	3	.001	11.754	0.000
	Grup içi	.020	247	.000		
	Toplam	.023	250			

Tukey-HSD testine (Çoklu karşılaştırma analizi) göre VU, A2G, FrsU, MDHSU, A3U, A6PT, A6Taban, URSU, URSG, FFU, FFG, HTI, HTII ve T3U karakterleri bakımından dört lokalitede (Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde) dağılım gösteren *H. persikonus* popülasyonları birbirinden ayrılmıştır (Çizelge 4.23.). Tukey-HSD testine göre;

Afyonkarahisar’da dağılım gösteren popülasyonlar:

VU, A2G, URSU ve T3U karakteriyle Uşak; FFG ile Uşak ve Niğde; FFU ile Uşak ve Kütahya; URSG karakteriyle Niğde; A6PT ve HTII karakterleriyle Kütahya ve Niğde; MDHSU, A4U, A6Taban karakterleriyle ise sadece Kütahya popülasyonlarından ayrılmaktadır.

Uşak’ta dağılım gösteren popülasyonlar:

VU, A3U, A4U, A6Taban ve T3U karakterleriyle Kütahya; A2G, URSU, URSG, FFU, FFG ve HTII karakterleriyle Kütahya ve Niğde popülasyonlarından ayrılmıştır.

Kütahya’da dağılım gösteren popülasyonlar:

Frs.U, MDHSU, A3U, A6Taban, URSG, FFU, FFG, T3U ve HTII karakterleriyle Niğde popülasyonlarından ayrılmıştır.

Çizelge 4.23. *H. persikonus* morfometrik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde’de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir)

	(I) LOKALITE	(J) LOKALITE	Ortalama Farkı (I- J)	Standart Hata	P	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Alt Sınır
VU	Afyonkarahisar	Uşak	-.31862(*)	.08596	.002	-.5417	-.0956
	Uşak	Kütahya	.33721(*)	.08992	.001	.1039	.5705
A2G	Afyonkarahisar	Uşak	-.00567(*)	.00128	.000	-.0090	-.0024
	Uşak	Kütahya	.00578(*)	.00135	.000	.0023	.0093
		Niğde	.00559(*)	.00140	.000	.0020	.0092
Frs.U	Kütahya	Niğde	.005755(*)	.001796	.009	.01042	.00109
MDHSU	Afyonkarahisar	Kütahya	.004833(*)	.001819	.044	.00009	.00958
	Kütahya	Niğde	.007060(*)	.002257	.012	.01295	.00117
A3U	Uşak	Kütahya	.04209(*)	.01217	.004	.0106	.0736
A4U	Afyonkarahisar	Kütahya	.02600(*)	.00470	.000	.0138	.0382
	Uşak	Kütahya	.03600(*)	.00856	.000	.0139	.0581
A6PT	Afyonkarahisar	Kütahya	.02616(*)	.00485	.000	.0136	.0387
		Niğde	.01487(*)	.00548	.036	.0007	.0290
A6TABAN	Afyonkarahisar	Kütahya	.00528(*)	.00129	.000	.0019	.0086
	Uşak	Kütahya	.00927(*)	.00234	.001	.0032	.0153
	Kütahya	Niğde	-.00499(*)	.00163	.013	-.0092	-.0008
URSU	Afyonkarahisar	Uşak	-.00539(*)	.00182	.018	-.0101	-.0007
	Uşak	Kütahya	.00781(*)	.00191	.000	.0029	.0128
		Niğde	.00516(*)	.00198	.048	.0000	.0103
URSG	Afyonkarahisar	Niğde	.00739(*)	.00134	.000	.0039	.0109
	Uşak	Kütahya	.00733(*)	.00204	.002	.0021	.0126
		Niğde	.01200(*)	.00214	.000	.0065	.0175
	Kütahya	Niğde	.00467(*)	.00148	.010	.0008	.0085
FFU	Afyonkarahisar	Uşak	-.03201(*)	.00870	.002	-.0545	-.0095
		Kütahya	.01721(*)	.00499	.004	.0043	.0301
	Uşak	Kütahya	.04922(*)	.00916	.000	.0255	.0729
		Niğde	.02555(*)	.00950	.038	.0010	.0501
	Kütahya	Niğde	-.02368(*)	.00629	.001	-.0399	-.0074
FFG	Afyonkarahisar	Uşak	-.00894(*)	.00271	.006	-.0160	-.0019
		Niğde	.00608(*)	.00174	.003	.0016	.0106
	Uşak	Kütahya	.00944(*)	.00286	.006	.0021	.0168
		Niğde	.01503(*)	.00296	.000	.0074	.0227
	Kütahya	Niğde	.00558(*)	.00196	.024	.0005	.0107
T3U	Afyonkarahisar	Uşak	-.06989(*)	.02386	.019	-.1316	-.0082
	Uşak	Kütahya	.09965(*)	.02504	.001	.0349	.1644
	Kütahya	Niğde	-.04648(*)	.01677	.030	-.0899	-.0031

Çizelge 4.23. (Devam) *H. persikonus* morfolometrik karakterlerin dört farklı lokaliteye (Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya, Niğde’de) bağlı Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey-HSD testi) (sadece P <0,05 olanlar verilmiştir)

	(I) LOKALITE	(J) LOKALITE	Ortalama Farkı (I-J)	Standart Hata	P	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Alt Sınır
HT.I	Kütahya	Niğde	-.00285(*)	0.00104	0.033	-.00055	-.00002
HT.II	Afyonkarahisar	Kütahya	.00666(*)	0.00139	0.000	0.0031	0.0102
		Niğde	.00416(*)	0.00154	0.038	0.0002	0.0082
	Uşak	Kütahya	.01183(*)	0.00259	0.000	0.0051	0.0185
		Niğde	.00933(*)	0.00268	0.003	0.0024	0.0163

Wilk’s lambda analizine göre elde edilen kanonik ayırma fonksiyonunun P=0,00 değeriyle anlamlıdır ve birinci Kanonik Vektör varyansların %61.2’sini, ikinci Kanonik Vektör varyansların %38.8’ini açıklamaktadır (Çizelge 4.24.).

Çizelge 4.24. *H. persikonus* popülasyonlarının lokaliteye bağlı Kanonik Ayırma Analizi; özdeğer istatistiği ve Wilks’in Lambda istatistiği (df: serbestlik derecesi)

Kanonik Vektör	Özdeğer	Varyansların Yüzdesi	Toplam%	Wilks' Lambda	Ki-kare	df	P	Kanonik Korelasyon
1	0.364 ^(a)	61.2	61.2	0.596	31.096	6	0.000	0.517
2	0.231 ^(a)	38.8	100.0	0,812	12.467	2	0.002	0.433

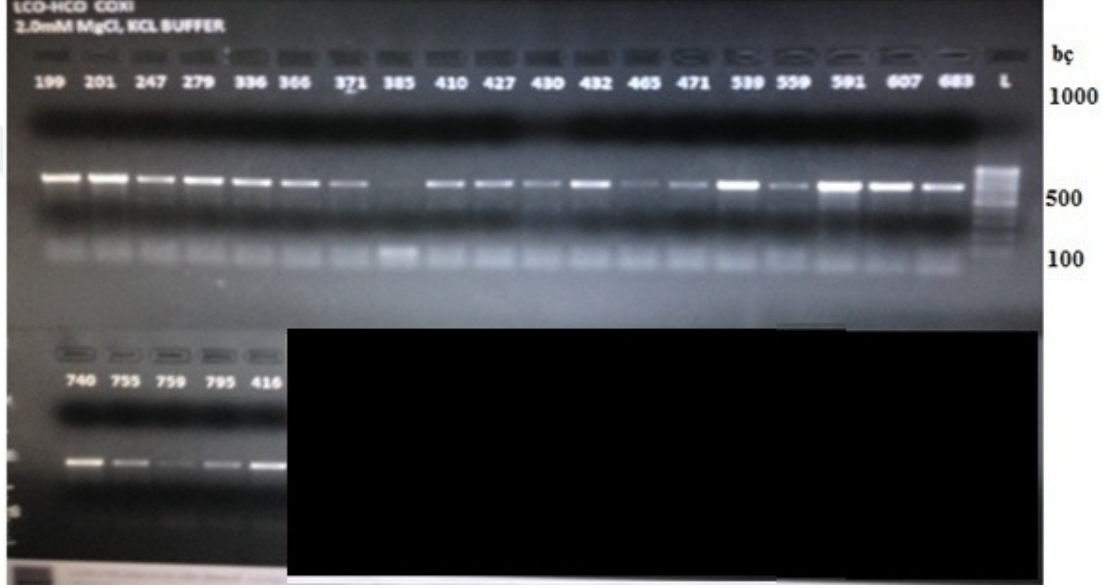
Popülasyonları ayırmada kullanılan karakterlerin bağıl önemliliğini belirlemek için standartlaştırılmış Kanonik Faktör Analizi yapılmıştır (Çizelge 4.25.). Kanonik Vektör 1’e göre en yüksek değer FFU (1,027); Kanonik Vektör 2’ye göre en yüksek değerler URSG (0,937)’ye aittir. Lokaliteye bağlı gerçekleştirilen analiz sonuçlarıyla ilk iki kanonik fonksiyonda Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde’de dağılım gösteren *H. persikonus* popülasyonları üzerinde lokalite farklılığının olmadığı görülmüştür.

Çizelge 4.25. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde’de dağılım gösteren *H. persikonus* popülasyonlarının lokaliteye bağlı Standartlaştırılmış Kanonik Ayırma Fonksiyon katsayısı

	Kanonik Vektör 1	Kanonik Vektör 2
URSG	-0.455	0.937
FFU	1.027	0.174

4.3 *Hyalopterus* popülasyonlarına ait moleküler bulgular

Moleküler çalışmalar için birincil konaklar olan *P. domestica*, *P. dulcis*, *P. persica* ve ortak konak olarak değerlendirilen *P. armeniaca* popülasyonlarından 29 bireye ait 658 bç.'lik mitokondriyal COI gen bölgesi çoğaltılmıştır ve PCR fotoğrafı Fotoğraf 4.1.'de verilmiştir. 29 *Hyalopterus* popülasyonundan 10 haplotip belirlenmiştir ve haplotiplere ait lokalite ve konak bilgileri Çizelge 4.26'da verilmiştir.



Fotoğraf 4.1. 658 bç.'lik mitokondriyal COI gen bölgesine ait PCR agoroz jel elektroforez görüntüsü (Kodların açıklamaları çizelge 4.26.'da verilmiştir)

Çizelge 4.26. *Hyalopterus* popülasyonlarına ait haplotiplerin konak bitki ve lokalite bilgileri (H: Haplotip; * : *H. pruni* X)

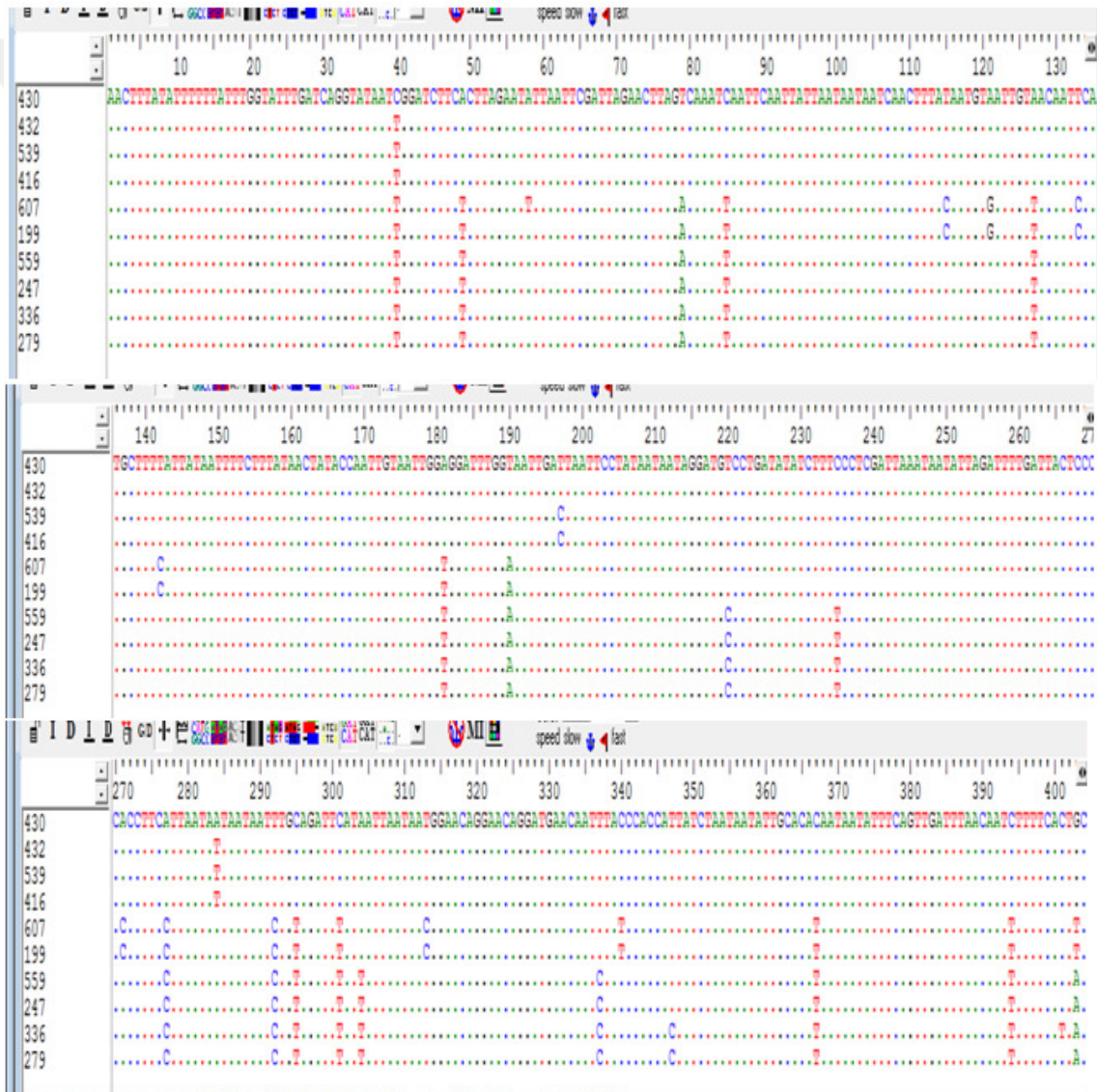
Örnek numarası	Kodlar	COI Haplotipleri	Konak Bitki	Lokaliteler
1	430	H-1	<i>P. armeniaca</i>	Afyonkarahisar
2	1093	H-1	<i>P. armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Sandıklı
3	1152	H-1	<i>P. persica</i>	Afyonkarahisar/Sinanpaşa
4	432	H-2	<i>P. persica</i>	Afyonkarahisar
5	N101	H-2	<i>P. persica</i>	Niğde-Bor

Çizelge 4.26. (Devamı) *Hyalopterus* popülasyonlarına ait haplotiplerin konak bitki ve lokalite bilgileri (H: Haplotip; * : *H. pruni* X)

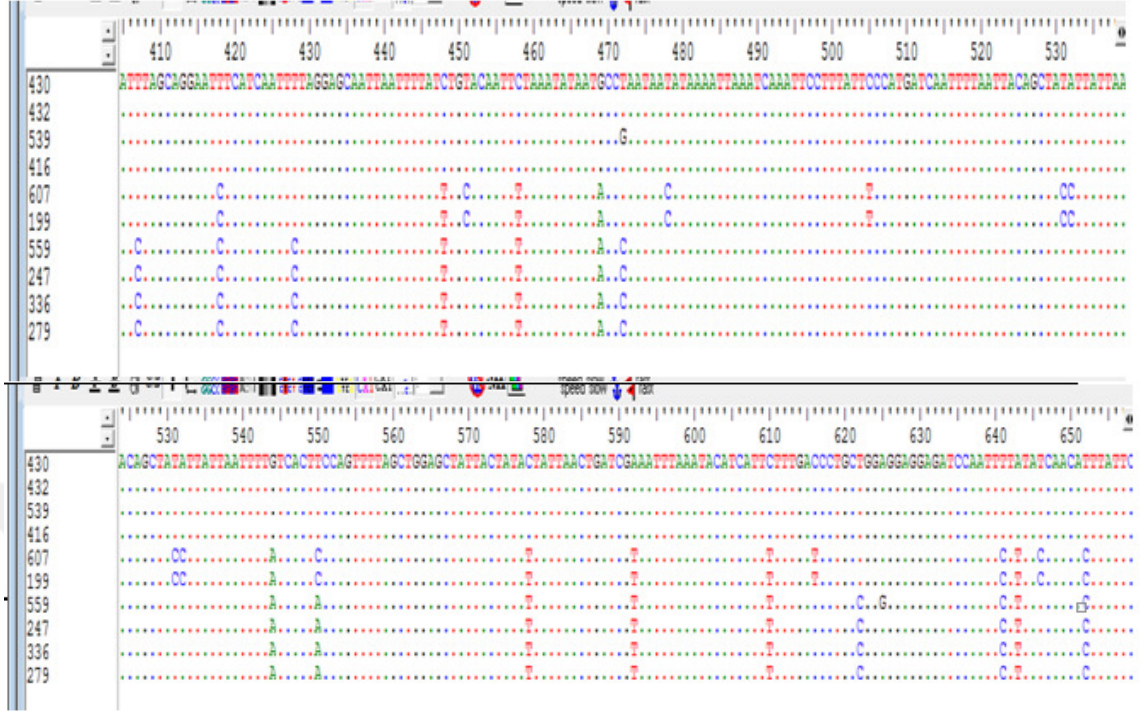
Örnek numarası	Kodlar	COI Haplotipleri	Konak Bitki	Lokaliteler
6	539	H-3	<i>P. persica</i>	Afyonkarahisar/Çay-Pınarkaya
7	416	H-4	<i>P. persica</i>	Uşak/Banaz
8	873	H-4	<i>P. persica</i>	Afyonkarahisar/Sandıklı
9	932	H-4	<i>P. persica</i>	Kütahya/Tavşanlı
10	N11	H-4	<i>P. armeniaca</i>	Kemerhisar/Bereket köyü
11	607	H-5	<i>P. domestica</i>	Uşak
12	*199	H-6	<i>P. domestica</i>	Afyonkarahisar/Hocalar-Yeşilhisar
13	*201	H-6	<i>P. dulcis</i>	Afyonkarahisar/Hocalar-Yeşilhisar
14	*366	H-6	<i>P. dulcis</i>	Uşak/Eşme
15	427	H-6	<i>P. domestica</i>	Afyonkarahisar
16	683	H-6	<i>P. domestica</i>	Kütahya/Simav yolu
17	1439	H-6	<i>P. armeniaca</i>	Kütahya/Tunçbilek
18	N7	H-6	<i>P. domestica</i>	Niğde/Kemerhisar-Bereket köyü
19	755	H-6	<i>P. domestica</i>	Kütahya/Dominiç
20	795	H-6	<i>P. domestica</i>	Kütahya/Gediz-Muratdağı
21	559	H-7	<i>P. dulcis</i>	Afyonkarahisar/Uzunpınar
22	247	H-8	<i>P. dulcis</i>	Kütahya/Gediz çıkışı
23	371	H-8	<i>P. dulcis</i>	Uşak/Eşme
24	385	H-8	<i>P. dulcis</i>	Uşak/Karahallı
25	410	H-8	<i>P. persica</i>	Uşak/Ulubey
26	471	H-8	<i>P. dulcis</i>	Afyonkarahisar/İhsaniye
27	740	H-8	<i>P. dulcis</i>	Kütahya/Tavşanlı
28	336	H-9	<i>P. dulcis</i>	Kütahya/Afyonkarahisar-Ehramı
29	279	H-10	<i>P. dulcis</i>	Kütahya/Emet

4.3.1 *Hyalopterus* popülasyonlarında mitokondriyal COI gen bölgesi varyasyonu

29 bireyin mitokondriyal COI gen bölgesinin kısmi dizi analizi sonucunda 10 haplotip belirlendi ve bu haplotiplere ait baz dizileri, Şekil 4.11’de gösterildi. 658 bç.’lik bölgede 56 bölgenin polimorfik olduğu belirlendi. Haplotiplerde nükleotid sıklıkları, A: %34.82, C: %10.27, G: %14.68 ve T: %40.23 olarak ve örneklere ait DNA dizilerinde A-T (75.05) oranının G-C (24.95) oranından zengin olduğu belirlendi. Transisyon (ti)/Transversiyon (tv) oranı ise $R=2.152$ olarak tespit edildi (Çizelge 4.27).



Şekil 4.11. Farklı konakları kullanan *Hyalopterus* popülasyonlarına ait 29 bireyde, 658 bç.’lik mitokondriyal COI gen bölgesi kısmi dizi analizi sonucu elde edilen 10 haplotipin baz dizileri



Şekil 4.11. (Devam). Farklı konakları kullanan *Hyalopterus* popülasyonlarına ait 29 bireyde, 658 bç.lik mitokondriyal COI gen bölgesi kısmi dizi analizi sonucu elde edilen 10 haplotipin baz dizileri

Çizelge 4.27. Maksimum benzerliğe bağlı Transisyon (ti)/Transversiyon (tv) oranları (Transisyon değişim oranları kalın ve transversiyon değişim oranları italik olarak belirtilmiştir)

	A	T	C	G
A	-	5.76	2.1	0.34
T	4.99	-	18.68	1.47
C	4.99	51.18	-	1.47
G	1.15	5.76	2.1	-

Haplotip sıklıkları değerlendirildiğinde en fazla görülen haplotipin, *P. domestica* popülasyonundan 6; *P. dulcis* popülasyonundan 2 ve *P. armeniaca* popülasyonundan 1 olmak üzere 9 bireyle Haplotip 6 olduğu belirlendi (Çizelge 4.28). En az rastlanılan haplotiplerin ise *P. persica* popülasyonundan 1 bireyle haplotip 3; *P. domestica* popülasyonundan 1 bireyle haplotip 5; *P. dulcis* popülasyonundan her bir popülasyon için 1 bireyle haplotip 7, haplotip 9 ve haplotip 10 olduğu belirlendi.

Genetik uzaklık analizine göre 10 haplotipin genetik uzaklık değerleri 0.002 (1 baz farklılığı) ile 0.069 (43 baz farklılığı) arasında değişirken, en büyük genetik uzaklık değeri (0.069) Haplotip 3 ile 5 arasında görüldü. En az genetik uzaklık değeri ise (0.002) Haplotip 2 ile 4; Haplotip 3 ile 4, Haplotip 5 ile 6, Haplotip 7 ile 8, Haplotip 8 ile 10 ve Haplotip 9 ile 10 arasında görüldü. Birbirinden en çok ayrılan haplotipler 43 baz farklılığıyla H-3 ile H-5 arasında belirlendi (Çizelge 4.29.).

Çizelge 4.28. *Hyalopterus* popülasyonlarına ait haplotipler ve haplotip görülme sıklıkları n: popülasyonlarda bulunan spesifik haplotip sayıları (H: Haplotip)

Haplotip	ERİK	BADEM	ŞEFTALİ	KAYISI	n
H-1			1	2	3
H-2			2		2
H-3			1		1
H-4			3	1	4
H-5	1				1
H-6	6	2		1	9
H-7		1			1
H-8		5	1		6
H-9		1			1
H-10		1			1
TOPLAM	7	10	8	4	29

Çizelge 4.29. Kimura 2 Parametresi kullanılarak 10 haplotip için oluşturulmuş genetik mesafe matrisi. Yüzde olarak farklılıklar diyagonalin altında ve nükleotid farklılıklarının tam sayısı diyagonalin üstünde verilmiştir (H: Haplotip)

	H-1	H-2	H-3	H-4	H-5	H-6	H-7	H-8	H-9	H-10
H-1	*	2	4	3	41	40	35	34	36	35
H-2	0.003	*	2	1	41	40	35	34	36	35
H-3	0.006	0.003	*	1	43	42	36	35	37	36
H-4	0.005	0.002	0.002	*	42	41	36	35	37	36
H-5	0.066	0.065	0.069	0.067	*	1	26	25	27	26
H-6	0.064	0.064	0.067	0.066	0.002	*	25	24	26	25
H-7	0.056	0.055	0.057	0.057	0.041	0.039	*	1	3	2
H-8	0.054	0.054	0.055	0.055	0.039	0.038	0.002	*	2	1
H-9	0.057	0.057	0.059	0.059	0.042	0.041	0.005	0.003	*	1
H-10	0.056	0.055	0.057	0.057	0.041	0.039	0.003	0.002	0.002	*

Haplotiplerin genetik çeşitlilikleri hesaplandığında nükleotid çeşitliliklerinin *P. domestica* için 0.00046; *P. dulcis* için 0.01412; *P. armeniaca* için 0.03217; *P. persica* için 0.01476 olduğu tespit edildi. Haplotip çeşitliliğinin ise 0.860 olduğu belirlendi (Çizelge 4.30.). Bunun yanında Pairwise yaklaşımına göre elde edilen F_{ST} değerleri popülasyonlar arasında farklılaşmaların önemli olduğunu göstermiştir (Çizelge 4.31.).

F_{ST} değerlerine göre en farklı oranlar sırasıyla *P. persica* ile *P. domestica*, *P. armeniaca* ile *P. domestica*, *P. domestica* ile *P. dulcis* iken; en az farklılaşma *P. armeniaca* ile *P. persica* arasında görülmüştür.

Çizelge 4.30. Her bir popülasyon için genetik çeşitliliğin hesaplanmasının gösterimi (N=konağa ait her popülasyonda bulunan örnek sayısı; N_h : Haplotip sayısı; π : Nükleotid çeşitliliği)

Popülasyon	n	N_h	π
<i>P. armeniaca</i>	4	3	0.03217+/- 0.021631
<i>P. persica</i>	8	4	0.01476 +/- 0.008630
<i>P. domestica</i>	7	2	0.00046+/- 0.000593
<i>P. dulcis</i>	10	4	0.01412 +/- 0.008021

Çizelge 4.31. *Hyalopterus*'a ait erik, badem, kayısı ve şeftali konakları üzerinden beslenen 29 popülasyonu karşılaştırmak için pairwise yaklaşımıyla elde edilmiş F_{ST} değerleri matrisi

	<i>P. armeniaca</i>	<i>P. persica</i>	<i>P. domestica</i>	<i>P. dulcis</i>
<i>P. armeniaca</i>	*			
<i>P. persica</i>	0.04184	*		
<i>P. domestica</i>	0.74264	0.86264	*	
<i>P. dulcis</i>	0.58928	0.70669	0.72171	*

COI gen bölgesi kısmi dizi analizi sonucu elde edilen 10 haplotipin dizileri aminoasitlere dönüştürülerek, böcekler için oluşturulmuş uluslararası aminoasit değişim listesi Çizelge 4.32'de verilmiştir. 658 bç.'lik mitokondriyal COI gen bölgesinden 219 aminoasit elde edildi ve bunların arasında 4 bölgede yer değişimi görüldü. 19. Bölgede metionin izolösine; 95. Bölgede metionin lösine; 101.bölgede metionin izolösine; 177. bölgede metionin treonine yer değişimi göstermiştir. (Çizelge 4.33.). *Hyalopterus*'un 658 bç.'lik COI gen bölgesinde İzolösün ($I_{AAU}=28$), Lösün ($L_{UUA}=22$), Asparajin ($N_{AAU}=21$) ve Metiyonin ($M_{AUA}=17$) kullanımına eğilim olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.34).

Çizelge 4.32. Böcek mitokondriyal genomu için aminoasit değişim çizelgesi

mRNA kodonları	Aminoasitler (Kısaltma)	mRNA kodonları	Aminoasitler (Kısaltma)	mRNA kodonları	Aminoasitler (Kısaltma)	mRNA kodonları	Aminoasitler (Kısaltma)
UUU	Phe (F)	UCU	Ser (S)	UAU	Tyr (Y)	UGU	Cys (C)
UUC	Phe (F)	UCC	Ser (S)	UAC	Tyr (Y)	UGC	Cys (C)
UUA	Leu (L)	UCA	Ser (S)	UAA	Dur	UGA	Trp (W)
UUG	Leu (L)	UCG	Ser (S)	UAG	Dur	UGC	Trp (W)
CUU	Leu (L)	CCU	Pro (P)	CAU	His (H)	CGU	Arg (R)
CUC	Leu (L)	CCC	Pro (P)	CAC	His (H)	CGC	Arg (R)
CUA	Leu (L)	CCA	Pro (P)	CAA	Gln (Q)	CGA	Arg (R)
CUG	Leu (L)	CCG	Pro (P)	CAG	Gln (Q)	CGG	Arg (R)
AUU	Ile (I)	ACU	Thr (T)	AAU	Asn (N)	AGU	Ser (S)
AUC	Ile (I)	ACC	Thr (T)	AAC	Asn (N)	AGC	Ser (S)
AUA	Met (M)	ACA	Thr (T)	AAG	Lys (K)	AGA	Ser (S)
AUG	Met (M)	ACG	Thr (T)	AAA	Lys (K)	AGG	Ser (S)
GUU	Val (V)	GCU	Ala (A)	GAU	Asp (D)	GGU	Gly (G)
GUC	Val (V)	GCC	Ala (A)	GAC	Asp (D)	GGC	Gly (G)
GUA	Val (V)	GCA	Ala (A)	GAA	Glu (E)	GGA	Gly (G)
GUG	Val (V)	GCG	Ala (A)	GAG	Glu (E)	GGG	Gly (G)

Çizelge 4.33. (Devam) *Hyalopterus*'un 658 bç.'lik mitokondriyal COI gen bölgesinin aminoasitlere dönüştürülmüş şekli (yer değişimi görülen bölgeler koyu renkle vurgulanmıştır)

	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200	201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215
H-1	A	I	T	M	L	L	T	D	R	N	L	N	T	S	F	F	D	P	A	G	G	G	D	P	I	L	Y
H-2
H-3
H-4
H-5
H-6
H-7
H-8
H-9
H-10

	216	217	218	219
H-1	Q	H	L	F
H-2
H-3
H-4
H-5
H-6
H-7
H-8
H-9
H-10

Çizelge 4.34. *Hyalopterus* üyelerinin 10 haplotipinde 658 bç'lik COI kısmi gen bölgesi için aminoasit kullanımının gösterimi (* dur kodunu)

UUU-F 11 (1.41)	UCU-S 4 (1.6)	UAU-Y 3 (1.4)	UGU-C 2 (1.33)
UUC-F 4 (0.59)	UCC-S 1 (0.27)	UAC-Y 1 (0.6)	UGC-C 1 (0.67)
UUA-L 22 (4.29)	UCA-S 10 (4.36)	UAA-* 0 (0.00)	UGA-W 5 (2)
UUG-L 0 (0.00)	UCG-S 0 (0.00)	UAG-* 0 (0.00)	UGG-W 0 (0.00)
CUU-L 4 (0.81)	CCU-P 7 (1.86)	CAU-H 3 (1.5)	CGU-R 1 (0.8)
CUC-L 1 (0.23)	CCC-P 1 (0.17)	CAC-H 1 (0.5)	CGC-R 0 (0.00)
CUA-L 3 (0.52)	CCA-P 7 (1.94)	CAA-Q 4 (2.00)	CGA-R 2 (3.2)
CUG-L 0 (0.08)	CCG-P 0 (0.03)	CAG-Q 0 (0.00)	CGG-R 0 (0.00)
AUU-I 28 (1.8)	ACU-T 4 (1.31)	AAU-N 21 (1.96)	AGU-S 0 (0.18)
AUC-I 3 (0.2)	ACC-T 0 (0.07)	AAC-N 0 (0.04)	AGC-S 0 (0.00)
AUA-M 17 (1.95)	ACA-T 8 (2.62)	AAA-K 1 (2.00)	AGA-S 4 (1.6)
AUG-M 0 (0.05)	ACG-T 0 (0.00)	AAG-K 0 (0.00)	AGG-S 0 (0.00)
GUU-V 3 (2.08)	GCU-A 5 (2.3)	GAU-D 4 (1.68)	GGU-G 3 (0.75)
GUC-V 0 (0.00)	GCC-A 0 (0.2)	GAC-D 1 (0.32)	GGC-G 0 (0.00)
GUA-V 2 (1.76)	GCA-A 3 (1.5)	GAA-E 1 (2.00)	GGA-G 13 (3.23)
GUG-V 0 (0.00)	GCG-A 0 (0.00)	GAG-E 0 (0.00)	GGG-G 0 (0.03)

4.3.2 *Hyalopterus* popülasyonlarında mitokondriyal COI gen bölgesine bağlı filogenetik analizler

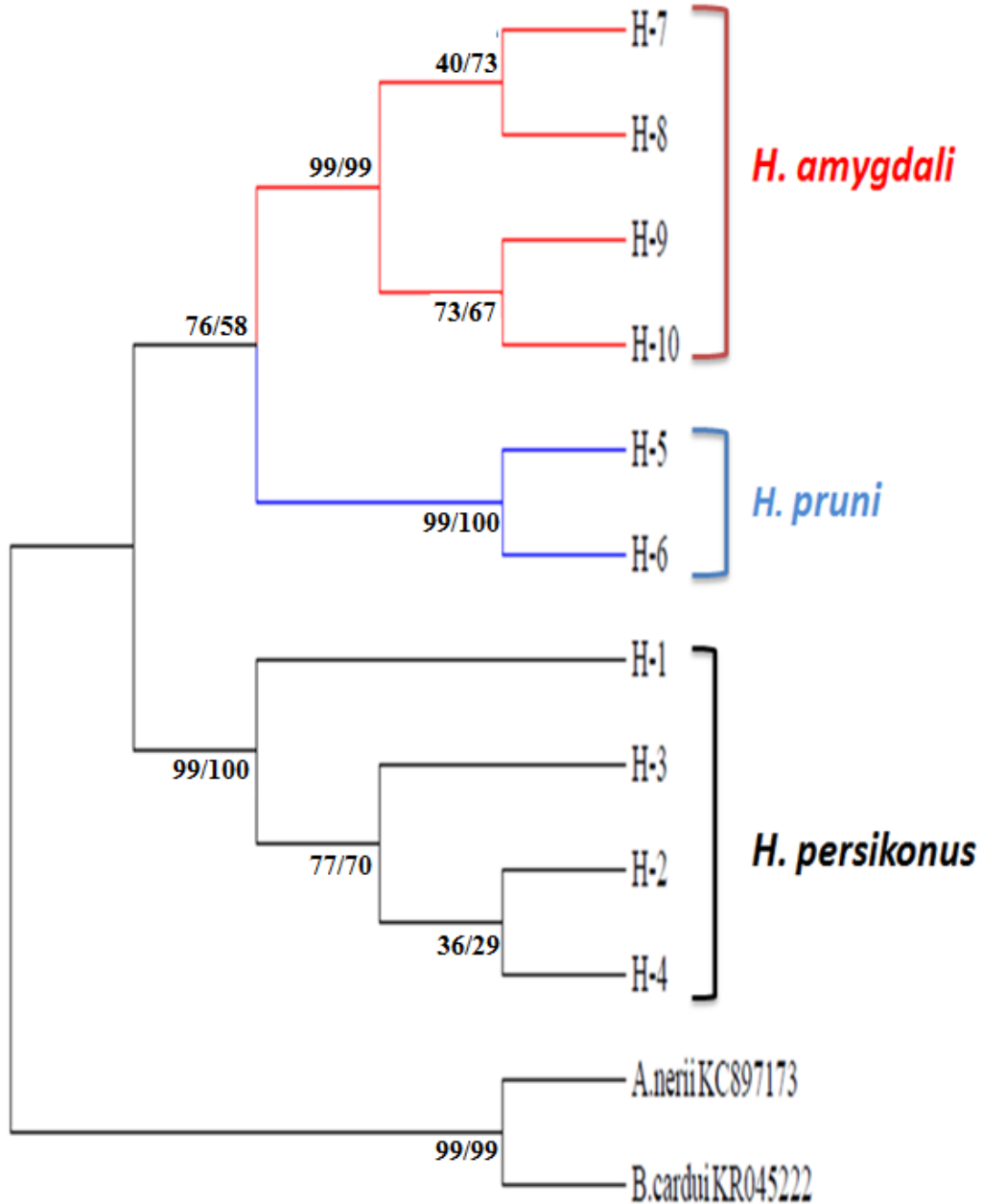
Filogenetik analizlerde *Hyalopterus* üyelerine ait birincil konakları olan *P. armeniaca*, *P. dulcis*, *P. domestica*, *P. persica*'dan koleksiyonu yapılan popülasyonları temsilen 29 birey COI gen bölgesine bağlı olarak değerlendirildi. Dış grup olarak gen bankasından elde edilen *A. nerii* ve *B. cardui* türlerine ait örneklerin mitokondriyal COI bölgesine ait diziler kullanıldı.

Birincil konaklara bağlı olarak popülasyonlarda olası filogenetik ilişkilerin değerlendirilmesi amacıyla elde edilen 10 haplotipe ait Kimura 2 Parametresine göre 10000 tekrarlı NJ, GTR+I (Tavare, 1986) baz değişim modeline göre 10000 tekrarlı ML ve 120000 nesil için BI, TBS dal karşılıklı yer değiştirme (swapping) algoritmasına bağlı olarak 10000 tekrarlı MP analizleri gerçekleştirilerek, filogenetik ağaçlar ve median joining network analizine bağlı olarak network oluşturuldu.

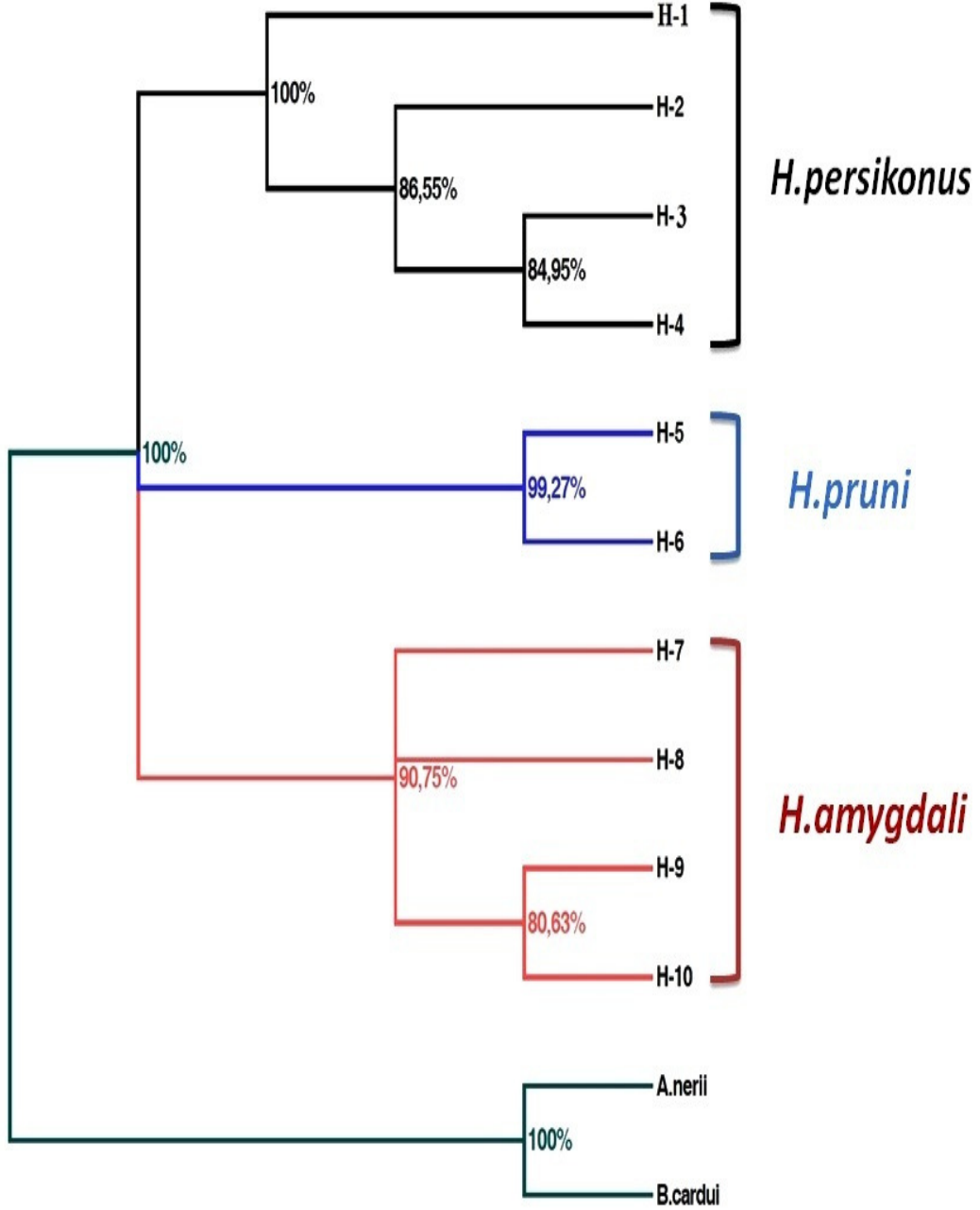
GTR+I (Tavare, 1986) evrimsel metodu kullanılarak oluşturulan ML filogenetik ağacına göre *Hyalopterus* popülasyonlarından elde edilen 10 haplotip 3 grup altında kümelenmiştir. Birinci grubun *P. dulcis* konağı üzerinde beslenen *H. amygdali* (H-7, H-8, H-9, H-10) ve ikinci grubun *P. domestica* konağı üzerinde beslenen *H. pruni* (H-5, H-6) haplotiplerinden oluştuğu görülmüştür. Üçüncü grup ise *P. armeniaca* ve *P. persica* konaklarını kullanan *H. persikonus* haplotiplerinden oluşmaktadır. Bulgusal arama seçeneği ile TBS dal karşılıklı yer değiştirme (swapping) algoritmasına bağlı olarak elde edilen MP filogenetik ağacı da ML analiz sonucuyla benzerlik göstermiştir (Şekil 4.12.).

GTR+I evrimsel metodu kullanılarak 120000 generasyon sonunda elde edilen BI filogenetik ağacına göre *Hylopterus*'a ait haplotipler yüksek bootstrap değeriyle (%100) üç farklı haplogrup altında kümelenmişlerdir. Birinci haplogrup *P. persica* ve *P. armeniaca* konaklarını kullanan *H. persikonus*; ikinci haplogrup *P. dulcis* konağı üzerinde beslenen *H. amygdali* ve son olarak üçüncü haplogrup *P. domestica* konağında beslenen *H. pruni*'dir (Şekil 4.13).

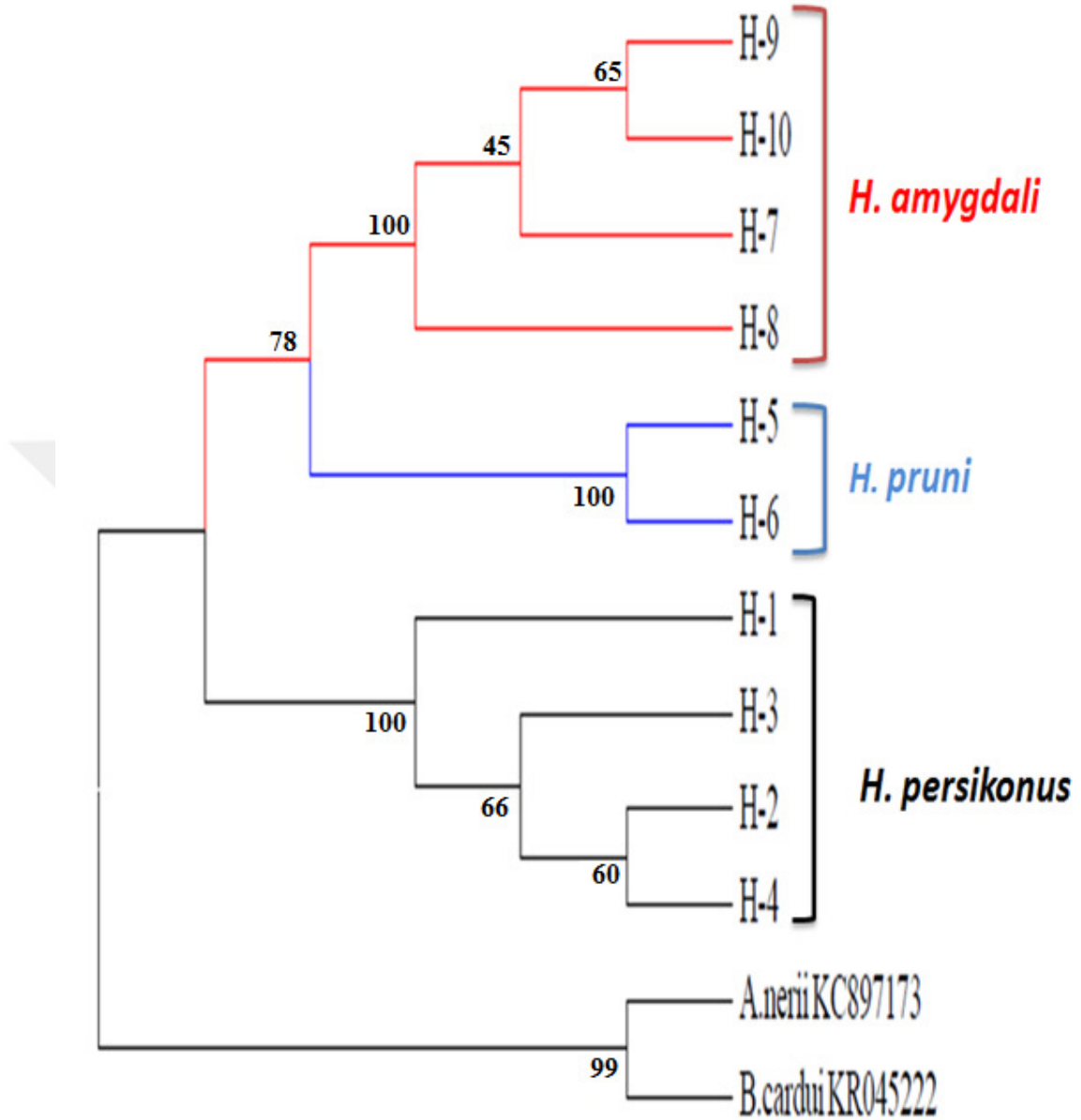
Kimura 2 parametresine göre elde edilen NJ filogenetik ağacı da yine benzer bir topoloji göstermiştir. *Hyalopterus* popülasyonları 3 haplogrup altında kümelendi. Birinci haplogrupta *P. dulcis* üzerinden beslenen *H. amygdali*, ikinci haplogrupta *P. domestica* konağını kullanan *H. pruni*; üçüncü haplogrupta *P. armeniaca* ve *P. persica* konaklarının kullanan *H. persikonus* haplotipleri kümelendi (Şekil 4.14.).



Şekil 4.12. 658 bç.'lik COI kısmi gen bölgesine bağlı 10000 tekrarlı MP (solda) ve ML (sağda) analizlerinden elde edilen konağa bağlı 10 *Hyalopterus* haplotipinin filogenetik ağacı (Dış gruplar: *A. neri* ve *B. cardui*)

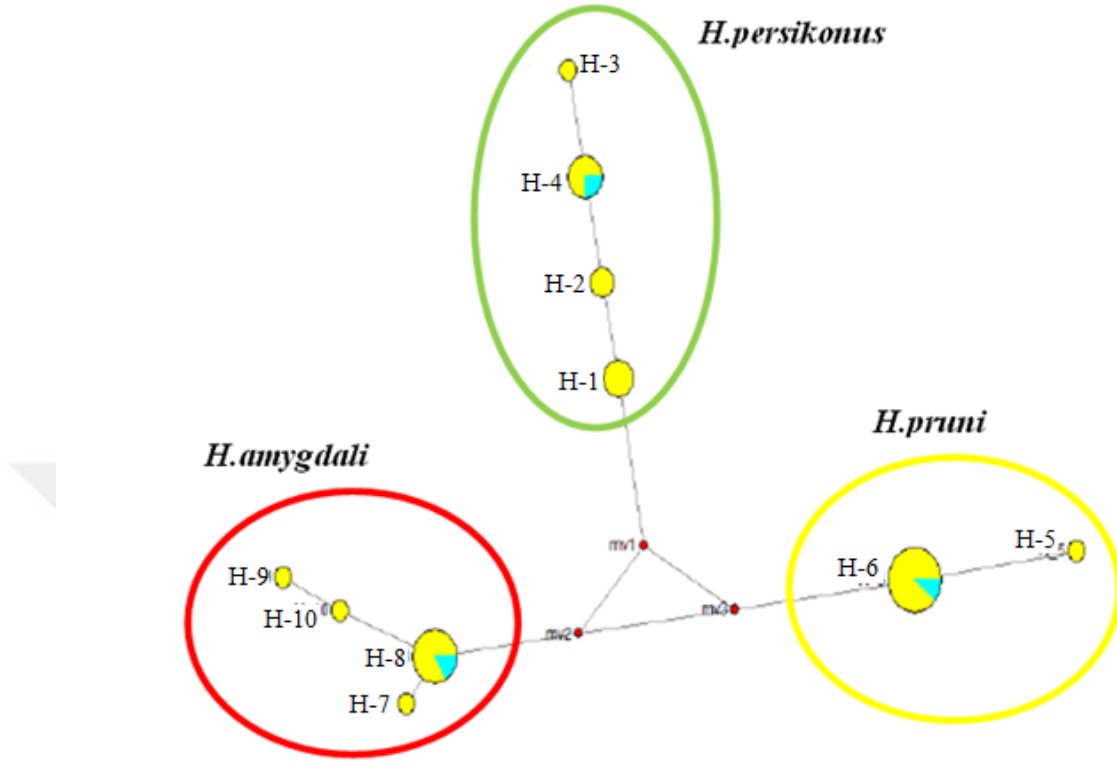


Şekil 4.13. 658 bç.'lik COI kısmi gen bölgesine bağlı GTR+I baz değişim modeli kullanılarak 120.000 nesile göre gerçekleştirilmiş BI analizinden elde edilen, konağa bağlı 10 *Hyalopterus* haplotipinin filogenetik ağacı (Dış gruplar: *A. nerii* ve *B. cardui*)



Şekil 4.14. 10 *Hyalopterus* haplotipinin konağa bağlı olarak 10000 tekrarlı olarak NJ (Neighbour Joining) analiziyle oluşturulmuş filogenetik ağacı

Medyan joining network analizi sonuçlarına göre *P. armeniaca* ile *P. persica*, *P. dulcis* ve *P. domesticus* olmak üzere üç haplogrup elde edilmiştir. Medyan joining network analizi sonuçları da ML, NJ ve Bayesian analizlerini destekler nitelikte sonuç vermiştir (Şekil 4.15).



Şekil 4.15. 10 *Hyalopterus* haplotipinin COI gen bölgesine ait network analizi (Kırmızı: *P. dulcis* konağı üzerinde beslenen haplogruplar; Sarı: *P. domestica* konağı üzerinden beslenen haplogruplar; Yeşil: *P. armeniaca* ve *P. persica* konağı üzerinden beslenen haplogruplar)

Hyalopterus popülasyonlarının genetik kompozisyonu ve farklılaşmalarının anlaşılabilmesi için iki test uygulandı. Bütün haplotipler tek bir ayrı grup olarak kabul edildiğinde, F_{ST} değeri yaklaşık 0.70 ve popülasyonlar arasında % 69.40, popülasyonlar içinde % 30.60 varyasyon olduğu gözlemlendi. Bunun yanında haplotipler network median joining analizinden elde edilen gruplara bağlı olarak üç grup olarak değerlendirildiğinde, F_{ST} değeri yaklaşık 0.72 ve gruplar arası % 70.64, gruplar içi popülasyonlar arasında % 1.02 ve % 28.34 popülasyonlar içinde varyasyon belirlendi (Çizelge 4.35).

Çizelge 4.35. Arlequin paket programı kullanılarak elde edilen *Hyalopterus* popülasyonlarının AMOVA sonuçları (df: serbestlik derecesi)

a) Tek Grup: Bütün *Hyalopterus* haplotipleri tek bir ayrı grup olarak kabul Edildiğinde

Varyasyonun Kaynağı	d.f	Kareler Toplamı	Varyasyon Bileşenleri	Varyasyon Yüzdesi	P değeri
Populasyonlar arası	3	220.524	9.83323 Va	69.40	<0.001
Populasyonlar içinde	25	108.407	4.33629 Vb	30.60	<0.001

b) Üç Grup: Grup 1: *P. persica* ve *P. armeniaca*; Grup 2: *P. dulcis*; Grup 3: *P. Domestica*

Varyasyonun Kaynağı	d.f	Kareler Toplamı	Varyasyon Bileşenleri	Varyasyon Yüzdesi	P değeri
Gruplar arası	2	215.357	10.80776 Va	70.64	<0.001
Grup içi populasyonlar arasında	1	5.167	0.15570 Vb	1.02	<0.001
Populasyonlar içinde	25	108.407	4.33629 Vc	28.34	

BÖLÜM V

TARTIŞMA VE SONUÇ

5.1 Morfometrik Karakter Temelli Çalışmalar

Morfolojik verinin rakamsal ve grafiksel analizinin bir özeti olan morfometri, böceklerin ayırt edilebilmesinde oldukça uygun bir metot olarak değerlendirilebilir. Çünkü sert yapılı dış iskeletleri kolay ölçüm yapmaya olanak sağlar ve çoğu yumuşak vücutlu hayvana nazaran daha az fiziksel deformasyona uğramaktadırlar. Afitler gibi fitofag böcekler yaşadıkları farklı konak bitki türlerine göre morfolojik ve fizyolojik değişiklikler geçirirler (Favret ve Voegtlin, 2004). Afitlerin morfolojik karakterleri farklı konak bitkilere adapte olmalarında oldukça etkilidir. Ayrıca gün uzunluğu, sıcaklık gibi çevresel faktörler popülasyon farklılıklarının ortaya konulmasında kullanılan morfolojik karakterler üzerine oldukça karmaşık etkilere sahiptir. Afitlerin morfolojileri ve konak bitki ilişkisi sınıflandırılmalarında oldukça önemlidir. Konak bitkilerle yakından ilişkili olmaları özgün yaşam döngülerine bağlıdır. Yaşam döngülerinin neticesi olarak ortaya çıkan yüksek fenotipik plastisite, mevsimsel polifenizm, konağa özelleşmiş biyotipler yanlış tanımlamalara yol açabilmektedir (Lee vd., 2011; Lee vd., 2015). Lozier vd. (2008) *Hyalopterus* üyelerinin ayırımında kullanılan tayin anahtarını güncellemeden önceki kullanılan anahtarlarda cinse gelindiğinde *H. amygdali* veya *H. pruni* şeklinde belirtilmekte, çoğu kez de bu 2 tür teşhis esnasında birbirine karıştırılıyordu. Ayrıca yine Lozier vd. (2008)'nin çalışmasından önce *Hyalopterus* ile ilgili çalışmalarda şu anda ayrı bir tür olarak tanımlanmış olan *H. persikonus* ile *H. amygdali* türleri *H. amygdali* A ve *H. amygdali* B şeklinde tanımlanmaktaydı. *Hyalopterus* cinsi tayin anahtarları güncellenmiş olmasına rağmen hala en etkin ve yaygın olarak kullanılan web tabanlı tayin anahtarında “*H. amygdali* ve *H. persikonus*’un genel özelliklerine bakınız” şeklinde bir ifade ile karşılaşılmaktadır (Mosco vd.1997; Poullos vd., 2007; Blackman ve Eastop, 2017). Bu durum *Hyalopterus* cinsi tayin anahtarlarının daha fazla güncellenmeye ihtiyacını ortaya koymaktadır. Gerçekleştirilen bu çalışma farklı karakterlerin de tayin anahtarına eklenebileceğini göstermiştir.

Şekil ve boyuta bağlı belli başlı farklılıkları ortaya çıkarmak için ölçüm ve uygulama tekniklerinin kullanımı bazı durumlarda gereklilik haline gelebilmektedir. Polimorfizm, fenotipik plastisite ve ergin bireylerin olmayışı gibi zorluklara rağmen morfolojik taksonomi tür seviyesindeki tanımlamalarda kullanışlı bir yöntem olarak değerlendirilebilir. Bu anlamda morfolojik olarak ayrımı zor olan afitler gibi grupların rutin tanımlamalarında morfolojik karakter temelli teşhis anahtarları araştırmacılar tarafından yaygın olarak kullanılmaktadır (Van Emden ve Harrington, 2007; Blackman ve Eastop, 2017).

Favret ve Voegtlin (2004), *Cinara*'da konağa bağlı meydana gelen morfometrik farklılıkları ortaya koymak amacıyla Temel Bileşen Analizini kullanmışlardır. Gerçekleştirdikleri çalışmada 1997-2001 yılları arasında *Pinus edulis* ve *P. monophylla* konaklarından beslenen *C. edulis*, *C. terminalis* ve *C. wahtolca*'ya ait 123 koloniden elde ettikleri örnekleri analizlerde kullanmışlardır. 21 morfometrik karaktere Temel Bileşen Analizi, Tek ve Çok Yönlü Varyans analizlerini uygulamışlar ve sonuçta konağın bu üç türün morfolojik karakterleri üzerinde etkili olduğu kanısına varmışlardır. Valenzuela vd. (2009), *Rhopalosiphum*'a ait tanımlanan yeni türün morfolojik ve morfometrik olarak desteklenip desteklenmediğini belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada Avustralya'da elde ettikleri örnekleri değerlendirmişlerdir. Morfometrik olarak 15 karakter kullanarak 76 kanatsız ve 62 kanatlı birey üzerinden çalışmalarını yapmışlardır. Kanonikal ayırım, özdeğer istatistiklerini kullanarak elde ettikleri sonuçlara göre *R. spp.* ve *R. padi* için önemli ayırt edici karakterler, arka bacak femurda bulunan en uzun tüy uzunluğu ve kanatlı bireylerin anten III. segment uzunluğudur. Bununla beraber morfolojik olarak yeni türün *R. padi*'ye oldukça benzer olduğunu tespit etmişlerdir. Araştırmacılar tarafından *Cinara* ve *Rhopalosiphum* üyelerinin morfolojik karakterleri üzerinde konak bitkinin önemli etkisine benzer etki genel olarak değerlendirildiğinde, *Hyalopterus* popülasyonlarının morfolojileri üzerinde de konak bitkinin etkisi açıkça ortaya konulmuş ve istatistiksel olarak desteklenmiştir.

Foottit vd. (2010), *Pentolonia nigronervosa* Coquerel ve *Pentolonia caladii* van der Goot konak tercihinine bağlı olarak moleküler ve morfometrik analizlerini yapmışlardır. Musaceae konağından 38 ve Araceae, Zingiberaceae ve Heliconiaceae konaklarından 40 örneklem yaptıkları çalışmada 20 morfometrik karakter kullanmışlardır. Temel Bileşen Analizi sonuçlarına göre vücut uzunluğu, hortum IV ve V. segment uzunlukları, baş

genişliği ve sifunkuli uzunluğu bakımından Musaceae üyelerini konak olarak kullanan popülasyonların diğer konaklardan (Zingberaceae, Araceae ve Heliconiceae) ayrıldığını ve buna bağlı olarak *P. nigronervosa*'nın muz konağını kullandığını ve *P. caladii*'nin genel olarak Zingberaceae ve Araceae üyelerini konak olarak kullandığını belirtmişlerdir.

Avustralya'da yayılış gösteren ve uzun yıllardır taksonomik yeri belirsiz olan birkaç popülasyondan birinin de *Sitobion* Mordvilko üyeleri olduğunu belirten Hales vd. (2010), Temel Bileşen Analizi ve Kanonikal Ayrım Analizi'nin taksonomik ilişkilerin açığa kavuşturulmasında kullanılabileceğini vurgulamışlardır. Bu amaçla Avustralya, Avrupa ve Kuzey Amerika'dan elde ettikleri 184 kanatlı ve 222 kanatsız örnekte 12 morfometrik karakter üzerinden Temel Bileşen ve Kanonikal Ayrım Analizlerini uygulamışlardır. Kanatlı ve kanatsız partenogenetik dişi bireylerin Temel Bileşen analizine göre benzer sonuçlar gösterdiği ve buna göre *S. miscanthi* ile *S. fragariae* ve *S. near fragariae*'nin birbirlerinden ayrı gruplandığını saptamışlardır. Kanatlı ve kanatsız ovipar dişi bireyleri Kanonikal Ayrım Analizine göre değerlendirdiklerinde *S. avenae*'nin diğer gruplardan ayrıldığını belirtmişlerdir. Erkek bireyler Temel Bileşen Analizine göre test edildiğinde *S. avenae*'nin gruplardan ayrıldığını, Kanonikal Ayrım Analizine göre ise *S. miscanthi*, *S. avenae* ve *S. fragariae*+*S. near fragariae* olmak üzere üç grup oluştuğunu gözlemlemişlerdir. Bunun yanında erkek bireylerin morfolojileri hakkında detaylı bilgi vermişlerdir.

Kim vd. (2010), *Aphis* üyelerinin tanımlamalarının doğruluğunu test etmek amacıyla morfometrik ve moleküler analizleri kullanmışlardır. *Aphis*'in 40 türüne ait popülasyonlardan elde ettikleri örneklerin olası farklılıklarını ya da benzerliklerini ortaya çıkarmak amacıyla 28 morfometrik karakter kullanarak, Temel Bileşen Analizi ve Tek Yönlü Varyans Analizi (ANOVA) yöntemlerini uygulamışlardır. Morfometrik analiz sonuçlarına göre *gossypii* grup, *crassivora*+*spiraecola*+*fabae* gruplarından ayrılmıştır. "*gossypii* grubu"nın, diğer grup üyelerinden vücut uzunluğu, anten segmentleri, bacak uzunlukları ve kıl gibi hemen hemen bütün karakterler bakımından nispeten kısa olmasıyla ayrıldığını ve bu sonuçların daha önceki çalışmaları desteklediğini gözlemlemişlerdir.

Bu çalışmada Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak illerinde farklı lokalitelerden *P. domestica*, *P. persica*, *P. dulcis*, *P. armaniaca* ve *Phragmites* üyeleri üzerinde beslenen popülasyonlardan 148 örneklem yapılmıştır ve yaklaşık 670 kanatsız birey üzerinden 20 morfometrik karakter için istatistiksel analizler gerçekleştirilmiştir. *Hyalopterus*'un konağa, lokaliteye ve türe bağlı morfolojik varyasyonlarının ortaya konulmasında bu çalışmalara benzer şekilde ANOVA, Tukey-HSD Testi (Çoklu Karşılaştırma Analizi) ve Kanonikal Varyans Analizi (CVA) uygulanmıştır ve morfometrik varyasyonların ortaya çıkarılmasında bu yöntemlerin etkin bir şekilde kullanılmasına ilişkin önceki çalışmalarla uyumluluk gösterilmiştir.

Lee ve Lee (2013), *Acyrtosiphon* ve *Aulacorthum* üyelerinin ayrımlarının geçerliliğini denemek için morfolojik ve morfometrik karakterleri göz önünde bulundurmuşlardır. *Acyrtosiphon*'dan üç ve *Aulacorthum*'dan sekiz türe ait popülasyonların ayrımlarını, 19 morfometrik karaktere bağlı Kanonikal Ayrım Analizi kullanarak yaptıkları çalışmada bu cinslerin üyelerinin ayrımlarının doğruluğunu desteklemişlerdir.

Kanturski vd. (2014), Türkiye'den elde ettikleri *Quercus* (meşe) konağını kullanan *Lachnus* örneklerini morfometrik karakterlerine bağlı gerçekleştirdikleri çalışmada *Lachnus pseudonudus*'u yeni tür olarak tanımlayarak, çalışılan *Lachnus* üyelerini "pallipes grup" olarak değerlendirmişlerdir. Ayrıca bu gruba ait morfometriye bağlı teşhis anahtarı sunmuşlardır.

Rakauskas vd. (2015), Avrupa'da dağılışı gösteren *Aphis pomi* ve *Aphis spiraecola*'nın dağılımları, moleküler ve morfolojik özellikleri hakkında bilgi vermek amacıyla yaptıkları çalışmada tayin anahtarlarındaki 7 morfometrik karakter kullanmışlardır. Bu afitler için en iyi ayırt edici karakterler olan rostrum (hortum) uzunluğu, abdomendeki marjinal tuberkül sayısı ve kuyruktaki tüy sayısı arasından Avrupa'daki türlerde en iyi ayırt edici karakterin rostrum uzunluğu (127-982) olduğunu belirtmişlerdir. Ancak karışık kolonilerin elde edilememiş olmasının bir dezavantaj olabileceğini belirtmişlerdir.

Benzer şekilde büyük bir kısmı konak spesifik olan afitlerin morfolojileri üzerinde konak bitki tercihlerine bağlı olarak ortaya çıkan ya da çıkabilecek olası farklılıkların ortaya çıkarılabilmesi amacıyla gerçekleştirilen ANOVA ve Tukey-HSD testine göre URSG ve MDHSM karakterleri dışında kullanılan morfometrik karakterler farklı konak

bitkiler üzerinde beslenen *Hyalopterus* popülasyonlarının ayırt edilmesinde önemli karakterler olduğu ortaya konulmuştur.

Mdellel ve Ben Halima-Kamel (2015), Tunus'ta yaptıkları çalışmada *Prunus persica*, *P. domestica* ve *P. dulcis* konaklarını kullanan *Pterochloroides persicae* Cholodvsky, 1899 popülasyonlarında konağa bağlı olarak farklılık olup olmadığını araştırmışlardır. 90 kanatsız (aptera) bireyde 13 morfometrik karakter kullanarak elde ettikleri veriler konak bitki seçiminin *P. persicae*'nin morfolojisi üzerinde etkili olduğunu göstermiştir.

Rodriguez vd. (2017), Güney Afrika'da dağılışı gösteren *mulinum* üyeleri üzerinden beslenen *Aphis* üyelerindeki olası varyasyonları 25 morfometrik karakter kullanarak tespit etmeye çalışmışlardır. Çalışmalarının neticesinde *A. vurilocensis*'i yeni tür olarak tanımlayarak, bu yeni tür ile birlikte *A. roberti*, *A. martinezi* ve *A. parvanoii*'nin de morfometrik özelliklerine dayalı bir tayin anahtarı oluşturmuşlardır.

Poulios vd. (2007), Yunanistan'da yaptıkları çalışmada 74 örneklem yapmışlardır. *P. armeniaca*, *P. cerasifera*, *P. domestica*, *P. spinosa*, *P. dulcis*, *P. persica* konak bitkilerini kullanan farklı *Hyalopterus* popülasyonlarından 766 kanatsız birey üzerinden minimum 4 ve maksimum 12 birey üzerinden olmak üzere 13 morfometrik karaktere bağlı ölçümleri gerçekleştirmişlerdir. Kanonikal Varyans Analizi sonuçlarına göre ilk iki Kanonikal Vektör (CV) toplam çeşitliliğin %62,6'sını açıklamış ve bu iki vektör grupların ayrılmasında kullanılmıştır. Birinci Kanonikal Vektörde (CV1) değişkenlerin ayrımında ön bacak femur uzunluğu, orta bacak tibia uzunluğu, altıncı anten segment uç kısmının uzunluğu, kuyruk uzunluğu ve hind tarsus 2 uzunluğu; ikinci Kanonikal Vektörde (CV2) ön bacak femur uzunluğu, arka bacak femur uzunluğu, orta bacak tibia uzunluğu, anten III. segment uzunluğu ve altıncı anten segment uç kısmının uzunluğunu önemli karakterler olarak bulmuşlardır. Buna göre *P. persica* üzerinde beslenen popülasyonların diğer popülasyonlardan belirgin bir şekilde ayrıldığını belirlemişlerdir. Bununla birlikte *P. armaniaca* ve *P. dulcis* popülasyonlar birlikte kümelenirken; *P. domestica*, *P. cerasifera* ve *P. spinosa* popülasyonları birlikte ve bu iki popülasyona daha yakın kümelenmiştir. Sonuç olarak *P. dulcis* ve *P. armaniaca*'yı konak olarak kullanan popülasyonları *H. amygdali* A, *P. persica*'yı konak olarak kullanan popülasyonları *H. amygdali* B ve son olarak *P. domestica* ve diğer konakları kullanan popülasyonları *H. pruni* olarak belirlemişlerdir.

Lozier vd. (2008), İspanya, İtalya, Yunanistan, Tunus, İsrail, Amerika, Gürcistan'da *Prunus* üyelerini konak olarak kullanan popülasyonlar üzerinde beslenen *Hyalopterus* popülasyonlarını moleküler ve morfometrik metotlar kullanarak 50 örnek üzerinden değerlendirmişlerdir. Morfometrik 16 karaktere bağlı ölçümleri kanatsız bireyleri dikkate alarak gerçekleştirmişlerdir. Konak bitki tercihini göz önünde bulundurarak yaptıkları Temel bileşen sonuçlarına göre Birinci Bileşende, anten beşinci segment uzunluğu, arka bacak femur uzunluğu, arka bacak tibia uzunluğunu ve İkinci Bileşende, rostrum (hortum) IV-V. segment uzunluğu, kuyruk uzunluğu, sekizinci abdominal tergite orta tüy uzunluğunu önemli karakterler olarak elde etmişlerdir. Buna göre *P. persica* (*H. persikonus*), *P. dulcis* (*H. amygdali*) ve *P. domestica* (*H. pruni*) üzerinde beslenen popülasyonların ayrı ayrı gruplandığını gözlemlemişlerdir. Çalışma neticesinde *H. persikonus*'u yeni tür olarak tanımlamışlardır ve alın kısmındaki tüy / anten II. segment genişliği, III. anten segment uzunluğu / kuyruk uzunluğu, III. anten segment uzunluğu / IV. anten segment uzunluğu, arka bacak uzunluğu / kuyruk uzunluğu, arka bacak tibia uzunluğu / kuyruk uzunluğu oranlarına bağlı *Hyalopterus* üyelerine ait tayin anahtarı oluşturmuşlardır.

Rakauskas vd. (2013), Bulgaristan, Slovakya, Romanya, Litvanya, Macaristan'dan koleksiyonunu yaptıkları, 21 *Hyalopterus* popülasyonunda konak bitki tercihine bağlı olası farklılıkları değerlendirmek amacıyla moleküler ve morfometrik analizler uygulamışlardır. 22 morfometrik karakter kullanarak elde ettikleri verileri Kanonikal Varyans Analizi ve Çoklu karşılaştırma analizi kullanarak değerlendirmişlerdir. *Hyalopterus* türlerini ayırt etmede MDHSU, IV. ve V. segment uzunluğu ve arka bacak Tibia uzunluğu / Kuyruk uzunluğuna oranının önemli indikatörler olduğunu belirtmişlerdir. Kanonikal Varyans Analizine göre *P. dulcis*, *P. persica* ve *P. domestica* konakları üzerinde beslenen popülasyonların birbirlerinden ayrı kümelendiği neticesine ulaşmışlardır.

CVA analizine göre toplam 4 Kanonikal Vektör elde edilmiştir ve Wilks Lambda Analizine göre ilk iki Kanonikal vektör toplam çeşitliliğin %81,5'ini açıklamıştır. Bu nedenle popülasyonlar arası farklılıkları grafik üzerinde göstermek amacıyla ilk Kanonikal Vektör kullanılmıştır. CV1'de T3U (0.640) ile MDHSU (0.553) karakterleri ve CV2'de HTII (0.716), FFG (0.634) ile URSG (0.566) karakterlerinin ayırt edici karakterler olarak belirlenmiştir. CVA' ya göre oluşturulan grafikte konak tercihinin

Hyalopterus popülasyonları üzerinde etkili olduğu belirlenmiştir. Buna göre *P. domestica* ve *Phragmites* üzerinden elde edilen popülasyonlar birbirine oldukça yakın kümelenmiştir. *P. persica* ile *P. armaniaca* popülasyonları birlikte ancak diğer popülasyonlardan farklı olarak kümelenmişlerdir. *P. dulcis* konağındaki popülasyonlar ise *P. domestica* ve *Phragmites* popülasyonlarına daha yakın kümelenmiştir.

Bu çalışmada *Hyalopterus* popülasyonları konak ve lokalite dikkate alınmadan tür seviyesinde muhtemel çeşitliliği belirleyebilmek amacıyla daha önce bu cinsle ilgili yapılan çalışmalarda dikkate alınarak 9 morfometrik oran değerlendirmeye alınmıştır (Poulios vd., 2007; Lozier vd., 2008; Rakauskas vd., 2013). *P. dulcis* ve *P. domestica* konaklarından gerek saf koloni olarak gerekse karışık olarak elde edilen bazı popülasyonlara ait bireylerin diğer popülasyonlardan oldukça farklı morfometrik değerlere sahip olduğu tespit edilmiştir ve farklılık gösteren grup *H. pruni* X olarak isimlendirilmiştir. Ancak bu popülasyonlara ait birey sayısı oldukça az olduğu için sağlıklı bir sonuca ulaşabilmek amacıyla Kanonikal Varyans Analizine (CVA) dahil edilmemiştir. ANOVA ve Tukey-HSD analiz sonuçlarına göre kullanılan morfometrik oranlar türlerin ayrımında önemli olarak bulunmuştur. Wilks Lambda analizine göre 2 Kanonikal Vektör elde edilmiştir (CV) ve CV1 çeşitliliğin %70.7 ve CV2 çeşitliliğin %29,3'ünü açıklamıştır. CV1'de A2G / FrsU (0.904), T3U / ANT3U (0.765), A3U /CaL (0.747) ve CV2'de A3U / CaL (0.514) önemli karakterler olarak belirlenmiştir. CV1 ve CV2'ye bağlı olarak oluşturulan grafikte *H. pruni* popülasyonları *H. persikonus* popülasyonlarıyla yakın olarak kümelenirken, *H. amygdali* popülasyonları bu iki popülasyondan bağımsız kümelenme göstermiştir (Şekil 4.4). ANOVA, Posthoc-HSD Testi ve Kanonikal Varyans Analizlerine göre lokalitenin popülasyonların ayrımında etkili olmadığı belirlenmiştir.

5.2. Moleküler Temelli Çalışmalar

Afitler taşıdıkları virüsleri yayarak dolaylı yoldan ya da üzerinde beslendikleri konak bitkilerde direk floemden beslenerek zarara neden olabilmektedirler. Ayrıca salgıladıkları balsı madde sebze ve meyveler üzerinde küf mantarı oluşumuna yol açarak bu ürünlerin market değerlerinin düşmesine yol açabilmektedirler. Mesela; Amerika için işgalci olan *Diuraphis noxia*, *Toxoptera citricidus* ve *Aphis glycines*, ekinler üzerinde milyarlarca dolar zarara neden olmaktadır (Coeur d'acier vd., 2014;

Kinyanjui vd., 2015). Bununla birlikte Aphididae, Avrupa'ya da gelerek yerleşmiş çok sayıda işgalci afit türünü içermektedir. Ekonomik olarak önemli bitkiler aracılığıyla ya da kanatlı formlarının doğrudan kolay bir şekilde yayılabilmeleri, afitlerin işgalci tür olarak da risk grubunda değerlendirilmelerine neden olabilmektedir. Partenojenezle üremeleri tek bir bireyin kolayca işgal ettiği alana yerleşebilmesine ve kısa sürede çok sayıda nesil vererek çoğalabilmesine imkan tanır. Bu anlamda afitler dünya genelinde ekonomik olarak önemli bir işgalci zararlı grubu olarak değerlendirilebilir (Footit vd., 2008; Coeur d'acier vd., 2014). Sonuç olarak bitki koruma sistemleri ve etkin zararlı kontrolünde hızlı ve doğru teşhis kritik öneme sahiptir (Kinyanjui vd., 2015). Bu nedenle afitlerin doğru teşhisi kritik bir öneme sahiptir ve doğru teşhis taksonomistlerin iyi bir entomoloji ve botanik bilgisine sahip olmalarını gerektirir (Coeur d'acier vd., 2014). Ancak yılın farklı zamanlarında, farklı konak bitkiler üzerinde bulunabilen tek bir türde farklı formların varlığı ortaya çıkabilir (Footit vd., 2009). Konak bitki seçimine bağlı olarak ortaya çıkan bu durum "fenotipik plastisite" tanımlanmaktadır (Görür, 2005; Mdellel ve Ben Halima-Kamel, 2015). Ayrıca taksonomik olarak kullanışlı olan morfolojik karakterler, afitlerin üzerinde beslendikleri konak bitki çeşitliliği ve diğer çevresel faktörlerden dolayı zamanla önemini yitirme eğilimindedir. Afitlerin morfolojilerinin oldukça benzer olması yanlış teşhislere yol açabilmektedir. Mesela, *A. gossypii* ve *A. glycines* sadece birkaç karakterle birbirinden ayırt edilebilmektedir (Cocuzza vd., 2015; Lee vd., 2015). Blackman ve Eastop (2017)'un oluşturduğu ve afit taksonomistlerinin sık olarak başvurdukları teşhis anahtarına göre de *Hyalopterus* üyelerinin ayrımı yine benzer şekilde sadece sifunkuli uzunluğunun genişliğine oranına bağlı olarak yapılabilmektedir. Afitler gibi kriptik omurgasız türlerde, morfolojik ve ekolojik gözlemlerin çelişkili olduğu durumlarda, yumurta veya juvenil bireyler üzerinden teşhis işlemlerinde moleküler yöntemler başarılı bir şekilde uygulanmaktadır. Mitokondriyal COI gen bölgesi de afit gruplarının tür ve türler arası seviyedeki genetik varyasyonların ortaya çıkarılmasında hızlı ve yüksek oranda doğru sonuç vermesi açısından önemlidir (Simon vd., 1994; Footit vd., 2009; Valenzuela, 2009; Cocuzza vd., 2015; Lee vd., 2015; Mutun ve Karagözoğlu, 2015). Son yıllarda, afitlerin de içinde bulunduğu çeşitli böcek gruplarında mevcut taksonomik problemlerin çözülebilmesi amacıyla DNA barkod çalışmaları birçok afidolog tarafından sıklıkla başvurulan yöntemlerden biri haline gelmiştir (Hebert vd., 2003).

Simon vd. (1994), mitokondriyal gen bölgelerinin, farklı hayvan taksonlarının tanımlanmasında, evrimsel süreçlerinin anlaşılabilmesi açısından kullanılabilirliğini anlamak amacıyla gerçekleştirdikleri çalışmada mitokondriyal gen bölgelerinin yüksek oranda doğru sonuç verdiğini belirtmişlerdir. Bu araştırmacılar böcek mitokondriyal genomunun A-T bakımından zengin olduğunu gözlemlemişlerdir. Böcek mitokondriyal genomunun evrimsel süreçte hücre metabolizmasında meydana gelmiş muhtemel değişimlerin gruplar arasında farklılıklara yol açabilmiş olacağına değinmişlerdir. Mesela; COI gen bölgesine ait A-T oranlarını *Locus*'ta %73; *Apis*'te %81.5 ve *Drosophila*'da %77-79 olarak bulmuşlardır.

Hyalopterus ile ilgili yapılan çalışmalarda ise A-T oranlarını Lozier vd. (2008) %74.98 (R: 3.375) ve Rakauskas vd. (2013) %74 (R: 2.805) olarak saptamışlardır. Bu çalışmada ise Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak illerinden elde edilen popülasyonlara ait COI gen bölgesi A-T oranı %75,05 (2,152) olarak bulunmuştur. Bu veriler A-T zenginliği bakımından Simon vd. (1994), Lozier vd. (2008) ve Rakauskas vd. (2013) belirttiği oranlara benzerlik göstermektedir.

Simon vd. (1994), bazı yakın ilişkili gruplarda protein kodlayan COI ve COII gen bölgelerinden kodlanan aminoasitlerde meydana gelen değişimlerin filogenetik ilişkilerin ortaya konulmasında kullanışlı olabileceğini vurgulamıştır. Bununla beraber aminoasitlerde görülen yer değişimlerinin proteinlerde oldukça çeşitlilik gösterdiğini belirtmişlerdir. Nigro vd. (1991) *Drosophila*da 101 bölgede sadece 1 değişim bölgesi gözlemlemiştir. *Hyalopterus* popülasyonları ile ilgili gerçekleştirilen bu çalışmada ise 658 bç.'lik COI gen bölgesine ait on haplotip belirlenmiş olup, bu haplotiplere ait dizilerin aminoasit ifadeleri elde edilmiştir. 219 aminoasit bölgesinden 4'ünde aminoasit değişimi gözlemlenmiştir.

Hebert vd.(2003), yürüttükleri çalışmada COI nükleotid çeşitliliğinin yakın ilişkili hayvan gruplarının tanımlanmasında kullanışlı bir yöntem olduğuna değinmişlerdir. Kinyanjui vd. (2016), *Aphis*, *Brevicoryne*, *Lipaphis*, *Myzus*, *Acyrtosiphon* türleri arasındaki farklılığı araştırmak amacıyla gerçekleştirdikleri DNA barkod çalışmasında 1540 bç.'lik COI gen bölgesini çoğaltmışlardır. Analizlerin neticesinde nükleotid çeşitliliğinin türler arasında %5.67 ila %7.91 arasında değişiklik gösterdiğini belirtmişlerdir. Wang vd. (2011) COI gen bölgesini çoğaltarak gerçekleştirdiği analizler

neticesinde, Aphidinae üyeleri arasında tür içi nükleotid çeşitliliğinin %0 ile %2.95 arasında değiştiğini ve türler arası nükleotid çeşitliliğinin ise %0.68 ile %11.40 arasında olduğunu tespit etmişlerdir. *Hyalopterus* ile ilgili mevcut çalışmada ise, tür içi nükleotid çeşitliliğinin %0.2 ile %0.6 arasında değişiklik gösterirken; türler arası nükleotid çeşitliliğinin %4.1 ile %7.7 arasında değişiklik gösterdiği gözlemlenmiştir. Bu bulgular daha önce gerçekleştirilen çalışmalara benzer şekilde *Hyalopterus* türlerinin ayırt edilmesinde iyi bir indikatör olduğunu desteklemiştir.

Lozier vd. (2008), *Hyalopterus* üyeleri arasında konak bitkiye bağlı olarak muhtemel varyasyonları belirleyebilmek amacıyla COI gen bölgesini çoğaltarak yaptıkları analizlerin neticesinde; *P. domestica* (8 birey) popülasyonlarına ait 2, *P. dulcis* (8 birey) popülasyonlarına ait 4 ve *P. armeniaca* ile *P. persica* (8 birey) popülasyonlarına ait 1 haplotip belirlemişlerdir. Bu çalışmada ise COI gen bölgesi analiz sonuçlarına göre *P. domestica* (6 birey) popülasyonlarına ait 2; *P. armeniaca* ile *P. persica* (13 birey) popülasyonlarına ait 4 ve *P. dulcis* (10 birey) popülasyonlarına ait 4 haplotip olduğu gözlemlenmiştir. Haplotip sayısı ve dağılımı bakımından elde edilen veriler Lozier vd. (2008) ile benzerlik göstermektedir.

Moleküler çeşitlilik analizi (AMOVA) popülasyonlardaki varyasyonların ortaya çıkarılmasında araştırmacılar tarafından sık uygulanan bir analizdir. AMOVA analizi sonucunda elde edilen F_{ST} değeri popülasyonların birbirinden ne kadar farklılaştığını belirlemek amacıyla yaygın olarak kullanılır ve 0 ile 1 arasında değişiklik gösterir. Eğer F_{ST} değeri 0'a yakınsa gruplar arasında gen akışının devam ettiğini, eğer 1'e yakınsa afitler gibi zararlı türlerde olduğu gibi farklı konak bitki kullanımına bağlı olarak ya da diğer hayvan gruplarında coğrafi izolasyondan dolayı popülasyonlar arasında gen akışının azaldığı ya da durduğunu ifade eder (Freeland, 2005; Mutun ve Karagözoğlu, 2015). Ülkemizde dağılım gösteren *Hyalopterus* popülasyonlarında ise, 0.86264 F_{ST} değeriyle en yüksek farklılık *P. persica* (*H. persikonus*) ve *P. domestica* (*H. pruni*) popülasyonları arasında gözlemlenmiştir. En fazla görülen haplotip ise *P. dulcis* (2 birey), *P. armeniaca* (1) ile *P. persica* ve *P. domestica* (6 birey)'dan 9 bireyle H-6'dır. Lozier vd. (2008), konak bitki tercihlerine göre *Hyalopterus* üyeleri arasındaki varyasyonları belirleyebilmek amacıyla gerçekleştirdikleri çalışmada, Bayesian Yaklaşımına (BI) bağlı olarak elde ettikleri filogenetik ağaçta *P. domestica* (*H. pruni*), *P. dulcis* (*H. amygdali*) ve *P. persica* (*H. persikonus*) haplogrupları yüksek bootstrap

değerleriyle birbirinden farklı, ancak *P. domestica* ve *P. dulcis* haplogrupları birbirine daha yakın olarak gruplanmışlardır. Rakauskas vd. (2013) konak bitki tercihlerine göre *Hyalopterus* üyeleri arasındaki varyasyonları belirleyebilmek amacıyla gerçekleştirdikleri çalışmada, MP, ML ve NJ filogenetik ağaçlarının benzer topolojiye sahip olduğunu belirtmişlerdir. MP, ML ve NJ filogenetik ağaçlarında *H. persikonus*, *H. pruni* ve *H. amygdali* popülasyonları birbirinden farklı olarak gruplanmışlardır. Türkiye’de dağılım gösteren *Hyalopterus* popülasyonları arasındaki filogenetik ilişki hakkında bilgi edinebilmek amacıyla Bayesian Yaklaşımı (BI), Maksimum Likelihood (ML), Maksimum Parsimoni (MP) ve Neighbour Joining (NJ) filogenetik ağaçları elde edilmiştir. Bütün filogenetik ağaçlar benzer topoloji göstermişlerdir ve buna göre *H. persikonus*, *H. amygdali* ve *H. pruni* popülasyonları farklı haplogruplar halinde kümelanmişlerdir. Ayrıca Network median joining analizi sonuçları da bu verilerle benzerlik göstermektedir. Elde edilen filogenetik ağaçlar Lozier vd. (2008) ve Rakauskas vd. (2013)’ün filogenetik ağaç topolojilerini destekler niteliktedir.

Lozier vd. (2008) COI, 12S rDNA ve birincil simbiyontları olan *Buchnera aphidocola*’ya ait 16S rDNA, EF1 α gen bölgelerini çoğalttıktan sonra moleküler analizler neticesinde elde ettikleri verileri morfometrik karakterleri kullanarak elde ettikleri istatistiksel sonuçlarla karşılaştırmışlardır. Kanonikal Varyans Analizi (CVA) sonuçlarıyla moleküler verilerden elde edilen sonuçların birbiriyle uyumlu olduğunu saptamışlardır. Buna göre konak bitki tercihine göre, *Hyalopterus* üyeleri arasında farklılaşmanın görüldüğünü *P. domestica* konağında bulunan popülasyonların *H. pruni*; *P. dulcis* konağı üzerinde bulunan popülasyonların *H. amygdali* ve son olarak yeni tür olarak tanımladıkları *P. persica* konağı üzerinde bulunan popülasyonların *H. persikonus* olduğu sonucuna ulaşmışlardır. Rakauskas vd. (2013) COI gen bölgesinin dizilerini ve morfometrik verileri kullanarak *Hyalopterus* üyelerini değerlendirmiş ve bulguları Lozier vd. (2008)’ne paralellik göstermiştir.

Türkiye’de dağılım gösteren *Hyalopterus* cinsi üyelerinin konak bitkileriyle etkileşimleri ve tayin anahtarlarının revizyonunu gerçekleştiren iki önemli çalışmadan (Lozier vd., 2008; Rakauskas vd., 2013) elde edilen verilerle çalışmamızda elde edilen sonuçlar birbirini çok büyük oranda desteklemektedir. Bu çerçevede *Hyalopterus* türlerinin morfolojik varyasyonları üzerinde konak bitki oldukça önemli etki yapmaktadır, bu etki zaman içerisinde tayin anahtarlarının dinamik bir şekilde

revizyonuna ve yeni türlerin tanımlanmasına yol açabilir. Çalışmamızda elde edilen ve *H. pruni* X olarak belirlenen popülasyon net olarak tanımlanmış olan diğer 3 türden anten segment sayısı ve sifunkuli şekli-büyüklüğü gibi karakterlerle net bir şekilde farklılık göstermesine rağmen moleküler veriler yeni tür olarak tanımlanmasına imkan vermemiştir. Benzer şekilde *Hyalopterus* popülasyonlarıyla ilgili Mosco vd. (1997) allozim temelli çalışmasında *P. dulcis* ve *P. persikonus* üzerindeki popülasyonları *H. amygdali* A ve *H. amygdali* B olarak belirtmiş ve Pouilous vd. (2007) morfometrik temelli çalışmasında CVA sonuçlarına göre yine benzer sonuçlar elde etmiştir. Mosco vd. (1997) ve Pouilous vd. (2007) tarafından *H. amygdali* A ve *H. amygdali* B ile ilgili farklılıklar ortaya konulmuş, ancak bu çalışmalardan belirli bir zaman sonra Lozier vd. (2008) morfolojik ve morfometrik verilerin birlikte değerlendirildiği çalışmasında *H. amygdali* B'yi *H. persikonus* olarak tür seviyesine yükseltmiştir. Bu durum fenotipik plastisite ile açıklanabilir ve afitler gibi konağa özgü popülasyonlarda fenotipik plastisitenin simpatrik türleşmenin başlangıcını oluşturabileceği ortaya konulmuştur (Görür 2000, Görür 2005). *H. pruni* X popülasyonu türleşmenin başlangıç aşamasında olabilir ve daha fazla örnekleme şansı yakalanarak ve farklı lokalitelerden veya farklı gen bölgeleri çalışılarak taksonomik durumu daha net ortaya konulabilir. Böyle bir popülasyonun varlığı ve morfolojik farklılıkları da konak bitkinin morfolojik varyasyonlardaki rolünü ortaya koymuştur.

Ülkemizde Akyıldırım Beğen (2016)'nın *Cinara* üyeleri arasındaki lokalite ve konak tercihinin etkisine bağlı varyasyonları ortaya koymak amacıyla gerçekleştirdiği COI gen bölgesine ait moleküler bulguları ve morfometrik karakterlere dayalı istatistiksel analiz verilerini birlikte değerlendirdiği tez çalışmasının dışında, afitlerle ilgili detaylı bir çalışma bulunmamaktadır. Anadolu, Avrupa dağılımlı türlerin çoğunun genetik çeşitliliğinin merkezi konumunda olması nedeniyle Türkiye'de dağılım gösteren popülasyonların moleküler belirteçlere bağlı analizlerle filocoğrafik kompozisyonunun ve genetik çeşitliliğinin ortaya çıkarılması dikkat çeken bir olgudur (Mutun ve Karagözoğlu, 2015). Bu nedenle ülkemiz afit faunasının ortaya konulabilmesi, türlerin filocoğrafik ve filogenetik geçmişlerinin daha iyi anlaşılabilmesi açısından moleküler çalışmalar daha fazla gerçekleştirilmesi gerekmektedir. Morfometrik verilere bağlı yeni tür tanımlamalarının özellikle afitler gibi yüksek fenotipik plastisite gösteren gruplarda yanıltıcı olabileceği mevcut çalışmada net bir şekilde görülmektedir. Bu nedenle

alıřılan afit gruplarında yeni tr tanımlaması yapılmadan nce ekolojik, morfolojik, morfometrik ve molekler verilerin birlikte deęerlendirilmesi nemli bir olgudur.



KAYNAKLAR

Akyıldırım Beğen, H., İç Batı Anadolu ve Niğde ilinde yayılım gösteren *Cinara* spp.'nin morfolojik ve moleküler varyasyonlarının belirlenmesi, Doktora Tezi, **Ömer Halisdemir Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü**, 191, Niğde, 2016.

Bandelt, H.J., Forster, P. and Röhl, A., “Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies”, ***Molecular Biology and Evolution*** 16 (1), 37-48, 1999.

Basky, Z., “Predators and parasites of *Hyalopterus pruni* and *Hyalopterus amygdali* populations living on peach, plum and reed”, ***Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica*** 17, 311-316, 1982.

Barbagallo, S. and Cocuzza, G.E., “Morphological discrimination of six species of the genus *Anuraphis* (Hemiptera: Aphididae), including description of a new species”, ***The Canadian Entomologist*** 135, 839–862, 2003.

Barjadze, S., Özdemir, I. and Blackman, R., “Two new species of Aphidini Latreille, 1802 (Hemiptera: Aphididae) from Turkey”, ***Zootaxa*** 3873(2), 187-194, 2014.

Ben Halima-Kamel, M., Mdellel, L., Karboul, H. and Zouari, S., “Natural enemies of *Hyalopterus pruni* species complex in Tunisia”, ***Tunisian Journal of Plant Protection*** 8, 119-126, 2013.

Blackman, R. L. and Spence, J. M., “Electrophoretic distinction between the peach-potato aphid, *Myzus persicae* and the tobacco aphid, *M. nicotianae* (Homoptera: Aphididae)”, ***Bulletin of Entomological Research*** 82(02), 161-165, 1992.

Blackman, R.L. and Eastop, V.F., *Aphids on the World's Crops* (2nd edn), **Wiley** Chichester, 2000.

Blackman, R. and Eastop, V., “Aphids on the World’s plants: An online identification and information guide”, <http://www.aphidsonworldsplants.info>, 6 Mart 2017.

Chen, J., Zhang, B., Zhu, X., Jiang, L. and Qiao, G., "Review of the aphid genus *Aspidophorodon* Verma, 1967 with descriptions of three new species from China (Hemiptera: Aphididae: Aphidinae)", *Zootaxa* 4028(4), 551-576, 2015.

Cocuzza, G. E. M., Di Silvestro, S., Giordano, R. and Rapisarda, C., "Congruence between cytochrome oxidase I (COI) and morphological data in *Anuraphis* spp.(Hemiptera, Aphididae) with a comparison between the utility of the 5'barcode and 3'COI regions", *ZooKeys* 529, 123, 2015.

Coeur d'acier, A., Cruaud, A., Artige, E., Genson, G., Clamens, A. L., Pierre, E., Hudarverdian, S., Simon, J. C., Jousset, E. and Rasplus, J. Y., "DNA barcoding and the associated PhylAphidB@ se website for the identification of European aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae)", *PloS One* 9(6), e97620, 2014.

Çanakçıoğlu, H., The Aphidoidea of Turkey, *Istanbul University, Forestry Faculty Publication*, İstanbul, 1975.

Darriba, D., Taboada, G., Doallo, R. and Posada, D., "jModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing", *Nature Methods* 9 (8), 772-772, 2012.

Depa, Ł., Mróz, E., and Brożek, J., "Description of the oviparous female and new information on the biology of the rare aphid *Stomaphis radicolata* Hille Ris Lambers 1947 (Hemiptera, Aphidoidea)", *Entomologica Fennica* 24(2), 100-106, 2013.

Dixon, A.F.G., Aphid Ecology, *Chapman&Hall 2-6 Boundary Row* London SE1 8HN, UK.,1997.

Dixon, A. F. G., Aphid ecology: an optimisation approach, *Chapman and Hall*, 1998.

Durante, M. P. M., Hidalgo, N. P., Martínez-Torres, D., García-Tejero, S., Martínez, R. P., and Nafría, J. M. N., "A new genus and species of Asteraceae-inhabiting aphid (Hemiptera: Aphididae) from Costa Rica and Mexico", *Florida Entomologist* 96(2), 323-331, 2013.

Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S., "Arlequin ver. 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis", *Evolutionary Bioinformatics Online* 1, 47-50, 2005.

Favret, C., “Aphid Species File”, Version 5.0/5.0, <http://Aphid.SpeciesFile.org.>, 6 Mart 2017.

Favret, C. and Voegtlin, D. J., “Host-based morphometric differentiation in three *Cinara* species (Insecta: Hemiptera: Aphididae) feeding on *Pinus edulis* and *P. monophylla*”, *Western North American Naturalist* 364-375, 2004.

Fahringer, J., “Eine Rhynchotenausbeute aus der Türkei, Kleinasien und benachbarten Gebieten” *Konowia* 1, 137-144, 1922.

Footitt, R.G., Maw, H.E.L., Dohlen, C.D.V. and Herbert, P.D.N., “Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes”, *Molecular Ecology Resources* 8, 1189–1201, 2008.

Footitt, R.G., Maw, H.E.L. and Pike, K.S., “DNA barcodes to explore diversity in aphids (Hemiptera: Aphididae and Adelgidae)”, *Redia* 92, 87–91, 2009.

Footitt, R. G., Maw, H. E. L., Pike, K. S. and Miller, R. H., “The identity of *Pentalonia nigronervosa* Coquerel and *P. caladii* van der Goot (Hemiptera: Aphididae) based on molecular and morphometric analysis”, *Zootaxa* 2358, 25-38, 2010.

Freeland, J., Molecular markers in ecology, *Molecular Ecology* (Ed. H. Kirk.), 2005.

Görür, G., “The role of phenotypic plasticity in host race formation and sympatric speciation in phytophagous insects, particularly in aphids”, *Turkish Journal of Zoology* 24(1), 63-68, 2000.

Görür, G., “The importance of phenotypic plasticity in herbivorous insect speciation. Insects and phenotypic plasticity”, *ISBN* 2005.

Görür, G., Akyıldırım, H., Olcabey, G. and Akyürek, B., “The aphid fauna of Turkey: An updated checklist”, *Archives of Biological Science Belgrade* 64 (2), 675-692, 2012.

Görür, G., Toper Kaygin, A., Şenol, Ö. and Akyıldırım Beğen, H., “*Cinara curvipes* (Patch, 1912) (Hemiptera; Aphididae) as new aphid species for Turkish aphidofauna”, *Artvin Coruh University Journal of Forestry Faculty* 16(41), 37-39, 2015.

- Gwiazdowski, R.A., Foottit, R.G., Maw, H.E. and Hebert, P.D., “The hemiptera (insecta) of Canada: constructing a reference library of DNA barcodes”, *PLoS One* 10, 4, 2015.
- Hales, D., Foottit, R. G. and Maw, E., “Morphometric studies of the genus *Sitobion* Mordvilko 1914 in Australia (Hemiptera: Aphididae)”, *Australian Journal of Entomology* 49(4), 341-353, 2010.
- Hebert, P. D., Cywinska, A. and Ball, S. L., “Biological identifications through DNA barcodes”, *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences* 270 (1512), 313-321, 2003.
- Hillis, D. M., “Molecular versus morphological approaches to systematics”, *Annual review of Ecology and Systematics* 23-42, 1987.
- Holman, J., Host plant catalog of aphids, Palearctic region, New York, *Springer*, 2009.
- Houard, C., “Les Zoocécidies des Plantes d’Afrique, d’Asie et d’Océanie. Tome premier, *Cryptogames, Gymnospermes, Monocotylédones, Dicotylédones (Ire partie)* 1922.
- Hoy, M. A., Insect molecular genetics: an introduction to principles and applications, *Academic Press*, 2003.
- Kanturski, M., Wieczorek, K. and Junkiert, Ł., “A new oak-feeding species of *Lachnus* Burmeister and some remarks on the taxonomic status of *L. chosoni* Szelegiewicz (Hemiptera, Aphididae, Lachninae)”, *Deutsche Entomologische Zeitschrift* 61, 77, 2014.
- Kim, H., Hoelmer, K. A., Lee, W., Kwon, Y. D. and Lee, S., “Molecular and morphological identification of the soybean aphid and other *Aphis* species on the primary host *Rhamnus davurica* in Asia”, *Annals of the Entomological Society of America* 103(4), 532-543, 2010.
- Kinyanjui, G., Khamis, F.M., Mohamed, S., Ombura, L.O., Warigia, M. and Ekesi, S., “Identification of aphid (Hemiptera: Aphididae) species of economic importance in Kenya using DNA barcodes and PCR-RFLP-based approach”, *Bulletin of Entomological Research* 1-10, 2015.

Kinyanjui, G., Khamis, F.M., Mohamed, S., Ombura, L.O., Warigia, M., and Ekesi, S., “Identification of aphid (Hemiptera: Aphididae) species of economic importance in Kenya using DNA barcodes and PCR-RFLP-based approach”, *Bulletin of Entomological Research* 1-10, 2016.

Kumar, S., Stecher, G. and Tamura, K., “MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets”, *Molecular Biology and Evolution* 33, 1870–1874, 2016.

Lagos-Kutz, D., Favret, C., Giordano, R. and Voegtlin, D.J., “Molecular and morphological differentiation between *Aphis gossypii* Glover (Hemiptera, Aphididae) and related species, with particular reference to the North American Midwest”, *Zookeys* 459, 49-72, 2014.

Lagos-Kutz, D., Favret, C., Giordano, R. and Voegtlin, D. J., “The Status of the Members of the *Aphis asclepiadis* species group (Hemiptera: Aphididae) in the United States of America”, *Annals of the Entomological Society of America* 020, 2016.

Lee, W., Kim, H., Lim, J., Choi, H-R., Kim, Y., Kim, Y-S., Ji, J-Y., Foottit, R.G. and Lee, S., “Barcoding aphids (Hemiptera: Aphididae) of the Korean Peninsula: updating the global data set” , *Molecular Ecology Resources* 11, 32–37, 2011.

Lee, W. and Lee, S., “Molecular and morphological characterization of two aphid genera, *Acyrtosiphon* and *Aulacorthum* (Hemiptera: Aphididae)”, *Journal of Asia-Pacific Entomology* 16(1), 29–35, 2013.

Lee, W. and Akimoto, S. I., “Development of new barcoding loci in gall-forming aphids (Eriosomatinae: Eriosomatini): comparing three mitochondrial genes, ATP6, ATP8, and COI”, *Journal of Asia-Pacific Entomology* 18 (2), 267-275, 2015.

Lee, Y., Lee, W., Lee, S. and Kim, H., “A cryptic species of *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae) complex revealed by genetic divergence and different host plant association”, *Bulletin of entomological research* 105 (01), 40-51, 2015.

Librado, P. and Rozas, J., “DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data”, *Bioinformatics* 25, 1451–1452, 2009.

Lozier, J. D., Roderick, G. K. and Mills, N. J., “Genetic evidence from mitochondrial, nuclear, and endosymbiont markers for the evolution of host plant associated species in the aphid genus *Hyalopterus* (Hemiptera: Aphididae)”, *Evolution* 61(6), 1353-1367, 2007.

Lozier, J. D., Footitt, R.G., Miller, G. L., Mills, N. J. and Roderick, G. K., “Molecular and morphological evaluation of the aphid genus *Hyalopterus* Koch (Insecta: Hemiptera: Aphididae), with a description of a new species”, *Zootaxa* 1688, 1–19, 2008.

Lozier, J. D., Roderick, G. K. and Mills, N. J., “Tracing the invasion history of mealy plum aphid, *Hyalopterus pruni* (Hemiptera: Aphididae), in North America: a population genetics approach”, *Biological Invasions* 11(2), 299-314, 2009.

Martin J. H., “The identification of common aphid pests of tropical agriculture”, *Tropical Pest Management* 29, 395-411, 1983.

Mdellel, L., and Ben Halima-Kamel, M., “Effect of host plant on morphology of *Pterochloroides persicae* Cholodkovsky 1899 (Hemiptera, Aphididae)”, *Journal of Entomology and Zoology Studies* 3(3), 324-327, 2015.

Meirmans, P. G., “The trouble with isolation by distance”, *Molecular ecology* 21(12), 2839-2846, 2012.

Mehrparvar, M., Madjdzadeh, S. M., Arab, N. M., Esmailbeygi, M. and Ebrahimpour, E., “Morphometric discrimination of Black Legume Aphid, *Aphis craccivora* Koch (Hemiptera: Aphididae), populations associated with different host plants”, *North-Western Journal of Zoology* 8(1), 172-180, 2012.

Mosco, M. C., Arduino, P., Bullini, L. and Barbagallo, S., “Genetic heterogeneity, reproductive isolation and host preferences in mealy aphids of the *Hyalopterus pruni* complex (Homoptera, Aphidoidea)”, *Molecular Ecology* 6(7), 667-670, 1997.

Mróz, E. and Depa, Ł., “Molecular identification of atypical morph of *Paracletus cimiciformis* VON HEYDEN, 1837 described as *Forda rotunda* THEOBALD, 1914 (Hemiptera: Aphidoidea: Eriosomatidae)”, *Genus* 23(1), 17-24, 2012.

Mutun, S. and Karagözoğlu, H., “Investigation of genetic variation among Turkish populations of *Andricus lignicola* using mitochondrial cytochrome b gene sequence data”, *Turkish Journal of Zoology* 39 (5), 721-733, 2015.

Nigro, L., Solignac, M. and Sharp, P. M., “Mitochondrial DNA sequence divergence in the *Melanogaster* and oriental species subgroups of *Drosophila*”, *Journal of molecular evolution* 33(2), 156-162, 1991.

Özdemir, Y., Özdemir, M., Özdemir, I. ve Güler, Y., Nazife Tuatay Bitki Koruma Müzesi Tip Örnekleri ve Türkiye Faunasına Eklenmiş yeni Kayıtlar. T.C. Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, *Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü Bitki Sağlığı Araştırmaları Daire Başkanlığı*, Ankara, 2015.

Poulios, K. D., Margaritopoulos, J. T. and Tsitsipis, J. A., “Morphological separation of host adapted taxa within the *Hyalopterus pruni* complex (Hemiptera: Aphididae)”, *European Journal of Entomology* 104(2), 235, 2007.

Rakauskas, R., Havelka, J. and Zaremba, A., “Mitochondrial COI and morphological specificity of the mealy aphids (*Hyalopterus* spp.) collected from different hosts in Europe (Hemiptera, Aphididae) Advances in Hemipterology”, *ZooKeys* 319, 255-267, 2013.

Rakauskas, R., Havelka, J., Zaremba, A. and Bernotienė, R., “Mitochondrial COI and morphological evidence for host specificity of the black cherry aphids *Myzus cerasi* (Fabricius, 1775) collected from different cherry tree species in Europe (Hemiptera, Aphididae)”, *ZooKeys* (388), 1, 2014.

Rakauskas, R., Basilova, J. and Bernotiene, R., “*Aphis pomi* and *Aphis spiraecola* (Hemiptera: Sternorrhyncha: Aphididae) in Europe-new information on their distribution, molecular and morphological peculiarities”, *European Journal of Entomology* 112(2), 270, 2015.

Rambout, A., FigTree v. 1.3.1., <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>, 2009.

Rebijith, K. B., Asokan, R., Kumar, N. K., Krishna, V., Chaitanya, B. N. and Ramamurthy, V. V., “DNA barcoding and elucidation of cryptic aphid species

(Hemiptera: Aphididae) in India”, *Bulletin of entomological research* 103(05), 601-610, 2013.

Remaudière, G., Toros, S. and Özdemir, I., “New contribution to the aphid fauna of Turkey (Hemiptera, Aphidoidea)”, *Revue française d’Entomologie* 28 (2), 75-96., 2006.

Rodríguez, S. G., Brown, P. A., Ortego, J., Ciruelos, S. I. L. and Nafría, J. M. N., “Aphis species (Hemiptera, Aphididae) living on Mulinum (Apiaceae) in South America, with a description of a new species”, *Zootaxa* 4216(1), 47-54, 2017.

Ronquist, F., Huelsenbeck, J. P. and Teslenko, M., “MRBAYES 3.2: Bayesian phylogenetic inference undermixed models”, *Bioinformatics* 19, 1572–1574, 2003.

Simon, C., Frati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Liu, H. and Flook, P., “Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers”, *Annals of the entomological Society of America* 87(6), 651-701, 1994.

Spampinato, R., Arduino, P., Barbagallo, S. and Bullini, L., “Analisi genetica di *Hyalopterus pruni* e *H. amygdali* e dimostrazione dell'esistenza di una nuova specie (Homoptera, Aphidoidea)”, *In Atti XV Congresso nazionale italiano di Entomologia. L'Aquila* 261-265, 1988.

Şenol, Ö., Akyıldırım, H., Görür, G. and Demirtaş, E., “New records for the aphid fauna (Hemiptera: Aphidoidea) of Turkey”, *Acta Zoologica Bulgarica* 66, 163-166, 2014.

Şenol, Ö., Akyıldırım Beğen, H., Görür, G. and Gezici, G., “Some new aphid records for the Turkish aphidofauna (Hemiptera: Aphidoidea)”, *Zoology in the Middle East* 61(1), 90-92, 2015a.

Şenol, Ö., Akyıldırım Beğen, H., Görür, G. and Demirtaş, E., “New additions and invasive aphid to Turkey aphidofauna [Hemiptera: Aphidoidea]”, *Turkish Journal of Zoology* 39(1), 39-45, 2015b.

Tavaré, S., “Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences”, *Lectures on mathematics in the life sciences* 17, 57-86, 1986.

Trotter, A., Galle della penisola balcanica e Asia minore, *Pellas*, 1903.

Tuatay, N. and Remaudiere, G., “Première contribution au catalogue des Aphididae (Hom.) de la Turquie”, *Review of Pathological Vegetariana Entomologica Agriculture* 43, 243-278, 1964.

Valenzuela, I., Hoffmann, A. A., Malipatil, M. B., Ridland, P. M. and Weeks, A. R., “Identification of aphid species (Hemiptera: Aphididae: Aphidinae) using a rapid polymerase chain reaction restriction fragment length polymorphism method based on the cytochrome oxidase subunit I gene”, *Australian journal of entomology* 46(4), 305-312, 2007.

Valenzuela, I., Eastop, V. F., Ridland, P. M. and Weeks, A. R., “Molecular and morphometric data indicate a new species of the aphid genus *Rhopalosiphum* (Hemiptera: Aphididae)”, *Annals of the Entomological Society of America* 102(6), 914-924, 2009.

Van Emden, H.F. and Harrington, R., Aphids as Crop Pests, Oxford, UK, *CAB International*, 2007.

Vilcinskas, A., Aphid Immunity, *Biology and Ecology of Aphids*, 126, 2016.

Von Dohlen, C. D., “Aphid molecular systematics: history, progress and prospects” *Redia* 92, 39-45, 2009.

Wang, J-F., Jiang, L-Y. and Qiao, G-X., “Use of a mitochondrial COI sequence to identify species of the subtribe Aphidina (Hemiptera, Aphididae)”, *Zookeys* 122, 1-17, 2011.

Wieczorek, K., Kanturski, M., Junkiert, Ł. and Bugaj-Nawrocka, A., “A comparative morphometric study of the genus *Drepanosiphoniella* Davatchi, Hille Ris Lambers and Remaudière (Hemiptera: Aphididae: Drepanosiphinae)”, *Zoologischer Anzeiger-A Journal of Comparative Zoology* 257, 39-53, 2015.

Ek-A Arazi Defteri

Sıra	Kodlar	Tür	Konak Bitki	Lokaliteler
1	İBA 28	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Bolvadin
2	İBA33	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Eber Gölü-Bolvadin
3	İBA 67	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Sultandağı
4	İBA 192	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Efe Kasabası-Şuhut Yolu
5	İBA 240	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Dumlupınar
6	İBA 403	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Eber Gölü
7	İBA 454	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Şuhut Çıkışı
8	İBA 469	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Aslanapa-Hisarcık
	İBA 659	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Dumlupınar
9	İBA 744	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Şuhut-Sandıklı
10	İBA 199	<i>H.pruni X</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Hocalar-Yeşilhisar
11	İBA 257	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Eski Gediz
12	İBA 272	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Hisarcık-Hamamköy
13	İBA 295	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Çavdarhisar
14	İBA 296	<i>H.pruni X</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Çavdarhisar
15	İBA 346	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Uşak
16	İBA 366	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Uşak/Eşme
17	İBA 373	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Uşak/Eşme Çıkışı
18	İBA 379	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Uşak/Eşme Çıkışı
19	İBA 391	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Uşak/Karahallı
21	İBA 420	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Uşak/Banaz
22	İBA 427	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar
23	İBA 443	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar
24	İBA 444	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Şuhut
25	İBA 447	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Şuhut
26	İBA 457	<i>H.amygdali</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Gazlıgöl
27	İBA 465	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/İhsaniye
28	İBA 476	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/İhsaniye Çıkışı
29	İBA 482	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Bayat Çıkışı
30	İBA 497	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Bolvadin
31	İBA 506	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Bolvadin-Hamidiye
32	İBA 517	<i>H.amygdali</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Çobanlar
33	İBA 563	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Uzunpınar
34	İBA 568	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Sandıklı-Başören Köyü
35	İBA 591	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Sandıklı -Hocalar
36	İBA 599	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Hocalar
37	İBA 607	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Uşak
38	İBA 671	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Şaphane-Merkez
39	İBA 674	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Şaphane-Çıkışı

Ek-A (Devam) Arazi Defteri

40	İBA 683	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Simav Yolu
41	İBA 726	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Tavşanlı Yolu
42	İBA 736	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Tavşanlı Yolu
43	İBA 755	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Domaniç Yolu
44	İBA 762	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Domaniç Yolu
45	İBA 795	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Gediz-Muratdağı
46	İBA 819	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Gecek Termal
47	İBA 917	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya
48	İBA 998	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Pazarlar
49	İBA 1260	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Afyonkarahisar/Şuhut
50	İBA 1491	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Uşak/Banaz
51	İBA 1569	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Simav Yolu-Karamanca Kasabası
52	İBA 1599	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kütahya/Murat Dağı
53	N 7	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Kemerhisar/Bereket Köyü
54	N 79	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Bor-Mertkavak
55	N 83	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Niğde-Merkez
56	N 88	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Bor-Niğde
57	N 72	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Niğde-Merkez
58	N 98	<i>H.pruni</i>	<i>P.armeniaca</i>	Ulukışla
59	N 102	<i>H.pruni</i>	<i>P.domestica</i>	Ulukışla
60	İBA 146	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Eşme-Kolonkaya Köyü
61	İBA 149	<i>H.pruni X</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Eşme-Ahmetler Köyü
62	İBA 150	<i>H.pruni X</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Eşme-Ahmetler Köyü
63	İBA 155	<i>H.pruni X</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Ulubey-Karacahmet
64	İBA 156	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Ulubey-Karacahmet
65	İBA 168	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Sivaslı-Banaz Ayrımından 5km
66	İBA172	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Sivaslı-Selçikler Kasabası
67	İBA 191	<i>H.pruni X</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/ Ahat Köyü-Akmonia
68	İBA 201	<i>H.pruni X</i>	<i>P.dulcis</i>	Afyonkarahisar /Hocalar-Yeşilhisar Köyü
69	İBA 224	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Kütahya/Gediz-Şaphane Yol Ayrımı
70	İBA 247	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Kütahya/Gediz
71	İBA 279	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Kütahya/Emet
72	İBA 336	<i>H.pruni X</i>	<i>P.dulcis</i>	Kütahya/ Afyonkarahisar -Ehrami Karataş Ormanı
73	İBA 347	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Merkez
74	İBA 348	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Merkez
75	İBA 371	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/ Eşme
76	İBA 385	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/ Karahallı
77	İBA 393	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/ Sivaslı
78	İBA 406	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Ulubey
79	İBA 408	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Ulubey
80	İBA 471	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Afyonkarahisar /İhsaniye
81	İBA 516	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Afyonkarahisar /Çobanlar-Kocaöz

Ek-A (Devam) Arazi Defteri

82	İBA 538	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Afyonkarahisar /Çay-Pınarkaya Köyü
83	İBA 559	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Afyon/Uzunpınar
84	İBA 562	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Afyonkarahisar /Uzunpınar
85	İBA 624	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Uşak/Eşme-Güneyköy
86	İBA 672	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Kütahya/Şaphane
87	İBA 740	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Kütahya/Tavşanlı Yolu
88	İBA 831	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Afyon/Yeşilçiftlik Kasabası
89	N 93	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Niğde/Niğde Evleri
90	N 95	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Niğde/Sazlıca
91	N 100	<i>H.amygdali</i>	<i>P.dulcis</i>	Niğde/Merkez
92	İBA 712	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar /Dazkırı
93	İBA 100	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Gediz
94	İBA 238	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Simav
95	İBA 410	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Uşak/Ulubey
96	İBA 416	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Uşak/Banaz
97	İBA 432	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar/Merkez
98	İBA 539	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar /Çay-Pınarkaya Köyü
99	İBA 600	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar /Hocalar
100	İBA 659	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Gediz-Yenikent Kasabası
101	İBA 682	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Simav Yolu
102	İBA739	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Tavşanlı Yolu
103	İBA 798	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Gediz-Muratdağı Çıkışı
104	İBA 818	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar /Gecek Termal
105	İBA 873	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar /Sandıklı
106	İBA 932	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Tavşanlı
107	İBA 1152	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar /Sinanpaşa
108	İBA 1197	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Gediz-Simav Yolu
109	İBA 1550	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Kütahya/Şaphane
110	İBA 1652	<i>H.persikonus</i>	<i>P.persica</i>	Afyonkarahisar /Hocalar
111	İBA 205	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyon/Dinar
112	İBA 728	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyon/Şuhut
113	İBA 430	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar
114	İBA 454	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Şuhut
115	İBA 461	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Gazlıgöl
116	İBA 472	<i>H.amygdali</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/İhsaniye
117	İBA 485	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Çay
118	İBA 513	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Bolvadin-Çobanlar
119	İBA 522	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Çobanlar
120	İBA 552	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Çay-Dinar
121	İBA 759	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Domaniç
122	İBA 817	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Altıntaş
123	İBA 822	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Gecek Termal
124	İBA 892	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Merkez
125	İBA 910	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Altıntaş
126	İBA 931	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Tavşanlı

Ek-A (Devam) Arazi Defteri

127	İBA 1093	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Sandıklı
128	İBA 1116	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/İhsaniye
129	İBA 1132	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/İşçehisar
130	İBA 1425	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Tavşanlı-Harmancık
131	İBA 1439	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Tunçbilek
132	İBA 1489	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Uşak/Banaz
133	İBA 1548	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Kütahya/Şaphane
134	İBA 1625	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Afyonkarahisar/Zafertepe-Şuhut
135	N 2	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Bor
136	N 3	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Bor
137	N 11	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Kemerhisar-Bereket Köyü
138	N 42	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Bağlama Kasabası
139	N 49	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Çiftlik-Bozköy
140	N 54	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Kayırlı
141	N 63	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Devlet Hastanesi
142	N 73	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Merkez
143	N 76	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Bor-Mertkavak
144	N 80	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Bor-Mertkavak
145	N 87	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Bor
146	N 89	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Niğde Evleri
147	N 90	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Niğde Evleri
148	N 92	<i>H.persikonus</i>	<i>P.armeniaca</i>	Niğde/Niğde Evleri

ÖZ GEÇMİŞ

Özhan ŞENOL 14.04.1985 tarihinde Erzurum'da doğdu. İlköğretimini Diyarbakır, ortaöğretimini Ankara ve lise öğretimini Siirt'te tamamladı. 2004 yılında girdiği Niğde Üniversitesi Biyoloji Bölümü'nden Haziran 2008'de mezun oldu. 2008 Temmuz ayında Niğde Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Ana Bilim Dalında başladığı yüksek lisans öğrenimini 2011 Ağustos'ta tamamladı. 2011 Ağustos ayında Ömer Halisdemir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsünde Biyoloji Ana Bilim Dalında Başladığı Doktora öğrenimini 2017 Şubat ayında tamamlamıştır. Bilim dalındaki ilgi alanı afit taksonomisi, ekolojisi, işgalci afit türleri, moleküler biyolojidir.

TEZ ÇALIŞMASINDAN ÜRETİLEN ESERLER

Bu tez çalışmasından, 1 (bir) adet uluslararası makale ile 1 (bir) adet ulusal ve 1 (bir) adet uluslararası bildiri üretilmiştir. Bu üretilen çalışmalar aşağıda sunulmuştur.

Şenol Ö., H. Akyıldırım Beğen, G. Görür, E. Demirtaş, G. Gezici (2014). İç Batı Anadolu Bölümünde Dağılım Gösteren *Hyalopterus* (Hemiptera:Aphidoidea) Üyelerinin Morfometrik Olarak Değerlendirilmesi. 22. Ulusal Biyoloji Kongresi, 23-27 Haziran, Eskişehir.

Şenol Ö., Akyıldırım H, Emin Demirtaş, Görür G (2013) Determination of the morphometric variations in *Hyalopterus pruni* (Hemiptera: Aphidoidea) populations associated with different host plants and localities. *9th International Symposium on Aphids, Beijing (China)*, 2–6 June 2013.

Şenol Ö., H. Akyıldırım Beğen, G. Görür, Gezici, G (2015). Some new aphid records for Turkey aphidofauna (Hemiptera: Aphidoidea). *Zoology in the Middle East* 61(1): 90-92.

