

T.C.
ISPARTA UYGULAMALI BİLİMLER ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

TÜRKİYE *Eurygaster austriaca* SCHRK. (HEMIPTERA:
HETEROPTERA: SCUTELLERIDAE)
POPÜLASYONLARINDAKİ GENETİK FARKLILIKLARIN
BELİRLENMESİ

Serdar BİLGİNTURAN

Danışman
Prof. Dr. Erhan KOÇAK

ISPARTA – 2019



© 2019 [Serdar BİLGİNTURAN]

TEZ ONAYI

**TÜRKİYE *Eurygaster austriaca* SCHRK. (HEMIPTERA:
HETEROPTERA: SCUTELLERIDAE)
POPÜLASYONLARINDAKİ GENETİK FARKLILIKLARIN
BELİRLENMESİ**

Serdar BİLGİNTURAN tarafından hazırlanan bu tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

		<u>İmza</u>
Danışman	Prof. Dr. Erhan KOÇAK Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi	
Üye	Prof. Dr. Fedai ERLER Akdeniz Üniversitesi	
Üye	Prof. Dr. Bülent YAŞAR Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi	
Üye	Doç. Dr. Sibel YORULMAZ SALMAN Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi	
Üye	Dr. Öğretim Üyesi Cengiz İKTEN Akdeniz Üniversitesi	

Yukarıdaki Jüri kararı Lisansüstü Eğitim Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun .../.../... tarih ve .../... sayılı kararıyla onaylanmıştır.

Prof.Dr. Yusuf UÇAR
Enstitü Müdürü

ETİK BEYANI

Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi Lisansüstü Eğitim Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak ve bilimsel ahlak ve geleneklere aykırı düşecek bir yol ve yardıma başvurmaksızın hazırladığım bu tez çalışmasında;

Tez içinde sunduğum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi, tüm bilgi, belge, değerlendirme ve sonuçları bilimsel etik ve ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu, tez çalışmasında yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi, kullanılan verilerde ve ortaya çıkan sonuçlarda herhangi bir değişiklik yapmadığımı, bu tezde sunduğum çalışmanın özgün olduğunu, tezime ilgili yaptığım bu beyana aykırı bir durumun saptanması durumunda, ortaya çıkacak tüm ahlaki ve hukuki sonuçlara katlanacağımı bildirir, aksi bir durumda aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiğimi beyan ederim.

26/06/2019

Serdar BİLGİNTURAN

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
İÇİNDEKİLER	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR.....	iv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	v
ÇİZELGELER DİZİNİ	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	vii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ	12
3. MATERYAL VE YÖNTEM	22
3.1. Morfolojik-Klasik Taksonomik Çalışmalar	22
3.2. Genetik Çalışmalar.....	23
3.2.1. DNA izolasyonu (CTAB/Kloroform-İzoamil Alkol DNA Ekstraksiyon Protokolü)	23
3.2.2. AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism - Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi).....	25
4. BULGULAR.....	31
5. TARTIŞMA VE SONUÇ	37
KAYNAKLAR	42
EKLER.....	52
ÖZGEÇMİŞ	69

ÖZET

Doktora Tezi

**TÜRKİYE *Eurygaster austriaca* SCHRK.
(HEMIPTERA: HETEROPTERA: SCUTELLERIDAE)
POPÜLASYONLARINDAKİ GENETİK FARKLILIKLARIN
BELİRLENMESİ**

Serdar BİLGİNTURAN

**Isparta Uygulamalı Bilimler Üniversitesi
Lisansüstü Eğitim Enstitüsü
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı**

Danışman: Prof. Dr. Erhan KOÇAK

Bu tez çalışmasında, Türkiye genelinde 17 ilin buğday ekim arazilerinden toplanan *Eurygaster austriaca* Schrk. popülasyonlarının 14 farklı AFLP moleküler marker primer kombinasyonu ile genotip farklılıklarının ortaya konulması hedeflenmiştir. Yassı vücutlu süne (*E. austriaca*) ile ilgili gerçekleştirilmiş herhangi bir moleküler çalışmaya rastlanmadığı için genotipleme protokolü olarak AFLP metodu tercih edilmiştir. Yassı vücutlu süne için hiçbir genom bilgisi mevcut olmadığından, herhangi bir dizi bilgisine bağlı olmayan ve ayrıca duyarlı ve güvenilir bir teknik olduğu kabul edilmiş olan AFLP tekniği kullanılmıştır.

Moleküler çalışmaların sonucunda, en yüksek polimorfizm Uşak popülasyonunda %45.4, en düşük polimorfizm oranı Bursa popülasyonunda %17.7 olarak belirlenmiştir. En yüksek polimorfizm oranını (%86.8) elde ettiğimiz reaksiyonda kullanılan primer çifti EcoRI ATT – MseI CGG'dir. En düşük polimorfizm oranını (%53.9) elde ettiğimiz reaksiyonda kullandığımız primer çifti ise, EcoRI ACC – MseI CCC'dir. AMOVA (Analysis of Molecular Variance) analizi sonucunda elde edilen popülasyonlar arası varyasyon değeri %23.08 düzeyinde bulunmuş, popülasyonlar içerisinde ise bu değer %76.91 seviyesinde tespit edilmiştir. PhiST değeri 0.23 olarak bulunmuştur. Popülasyonlar arası genetik farklılaşma, neighbour joining ve UPGMA dendrogramları popülasyonların farklılaşmalarını belirlemiştir. Görsellik açısından ek olarak Principle Coordinate Analizi popülasyonların gruplanmalarını daha net bir şekilde ortaya koymuştur.

Anahtar Kelimeler: *Eurygaster austriaca*, AFLP, Popülasyon, Polimorfizm, Genetik varyasyon, Türkiye

2019, 70 sayfa

ABSTRACT

Ph.D. Thesis

DETERMINATION OF GENETICAL DIFFERENCES IN TURKISH POPULATIONS OF *Eurygaster austriaca* SCHRK. (HEMIPTERA: HETEROPTERA: SCUTELLERIDAE)

Serdar BİLGİNTURAN

Isparta University of Applied Sciences
The Institute of Graduate Education
Department of Agricultural Biotechnology

Supervisor: Prof. Dr. Erhan KOÇAK

In this thesis work, it was aimed to find out genetical differences of *Eurygaster austriaca* Schrk. populations collected from cultivated areas of 17 provinces across Turkey by using 14 different AFLP molecular marker primer combinations. In order to conduct studies concerning genetic variability of pest (*E. austriaca*), genotyping protocol was slightly modified. There were no genome information available for the pest so amplified fragment length polymorphism (AFLP) technique was chosen since it does not depend on any prior sequence information of the samples and also is a sensitive and reliable technique.

As a result of molecular studies, while the highest polymorphism was 45.4% in the Uşak population, the lowest polymorphism rate was 17.7% in the Bursa population. The highest polymorphism rate (86.8%) was obtained by using EcoRI ATT - MseI CGG primer combination. The lowest polymorphism rate (53.9%) was obtained by using EcoRI ACC - MseI CCC primer combination. As a result of the AMOVA analysis, the variation value was found as 23.08% among the populations and 76.91% within the populations. The PhiST value was 0.23. Genetic differentiation between populations, neighbor joining and UPGMA dendrograms have identified differentiation of the populations. In terms of visuality, Principle Coordinate Analysis has clearly demonstrated the groupings of populations.

Key Words: *Eurygaster austriaca*, AFLP, Population, Polymorphism, Genetic variation, Turkey

2019, 70 pages

TEŐEKKÜR

Tez alıőmam sırasında kıymetli bilgi, birikim ve tecrübeleri ile bana yol gösterici ve destek olan deęerli danıőman hocam sayın Prof. Dr. Erhan KOAK'a, ilgisini ve önerilerini belirtmekten kaçınmayan Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakóltesi öęretim üyesi Dr. Cengiz İKTEN'e sonsuz teőekkür ve saygılarımı sunarım.

alıőmalarım boyunca yardımlarını hiç esirgemeyen deęerli hayat arkadaőım Arő. Gör. Melis BİLGİNTURAN'a teőekkürü bir bor bilirim.

alıőmalarım boyunca maddi manevi destekleriyle beni hiçbir zaman yalnız bırakmayan aileme de sonsuz teőekkürler ederim.

Bu alıőma "Türkiye *Eurygaster austriaca* Schrk. (Hemiptera: Heteroptera: Scutelleridae) Popölasyonlarındaki Genetik Farklılıkların Belirlenmesi" adlı, 3679-D2-13 numaralı proje ile Süleyman Demirel Üniversitesi Bilimsel Araőtırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiőtir.

Serdar BİLGİNTURAN
ISPARTA, 2019

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa

Şekil 3.1. <i>E. austriaca</i> popülasyonlarının toplandığı coğrafi lokasyonlar.....	22
Şekil 3.2. a-c) <i>E.austriaca</i> türü d) başın ventralden görünümü e) başın dorsalden görünümü.	23
Şekil 3.3. DNA jel görüntüleri	25
Şekil 3.4. Kesim ve adaptör ligasyonu sonrası jelde koşturulan DNA'lar.....	26
Şekil 3.5. Örnek bir poliakrilamid jel elektroforez görüntüsü	30
Şekil 4.1. Tüm popülasyonların PCoA verileri.....	33
Şekil 4.2. Popülasyonların neighbour joining tree verileri (bootstrappedx1000).....	34
Şekil 4.3. Tüm popülasyonların UPGMA verileri.	35
Şekil C.1. Tüm bireylere ait neighbour joining phylogramı ve dendrogramı.....	66
Şekil C.2. Tüm bireylere ait UPGMA dendrogramı.....	68



ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa

Çizelge 3.1. Restriksiyon enzimlerinin kesim bölgeleri ve adaptörlerin yapısı.....	26
Çizelge 3.2. Her bir örnek için amplifikasyon reaksiyonu.....	27
Çizelge 3.3. Pre-selektif PCR amplifikasyonunda kullanılan primer yapıları	27
Çizelge 3.4. Her bir örnek için selektif amplifikasyon reaksiyonu.....	28
Çizelge 3.5. Selektif PCR amplifikasyonunda kullanılan primer yapıları	28
Çizelge 4.1. Bireylerdeki veri kaybı (%)......	31
Çizelge 4.2. AMOVA sonuçları.....	32
Çizelge B.1. Popülasyonlarda tespit edilen polimorfik bant sayıları ve tüm polimorfizme oranının yaklaşık yüzde değerleri.....	54
Çizelge B.2. Popülasyon-popülasyon arası mesafe.....	55
Çizelge B.3. Standart Jaccard katsayısıyla hesaplanan mesafe sonuçları.....	56
Çizelge B.4. İkili ϕ ST değerleri.....	57
Çizelge B.5. Popülasyonların olası yeniden gruplandırılması.....	58
Çizelge B.6. Popülasyonlar için Shannon indeksi sonuçları.....	59
Çizelge B.7. Popülasyonlar için t-testi sonuçları.	61
Çizelge B.8. Tüm primerlerin ortaya çıkardığı polimorfizm oranları.....	64

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism
AMOVA	Analysis of Molecular Variance
APS	Amonyum Per Sülfat
Bp	Bazçifti
BSA	Bovin Serum Albumin
Blast	Basic Local Alignment Search Tool
cDNA	Komplementer DNA
CTAB	Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide
ddH ₂ O	Saf su
dNTP	Deoksi Nükleotid Tri Fosfat
EDTA	Etilen Diamin Tetra Asetikasit
EtBr	Ethidium Bromide
<i>g</i>	Relative Centrifugation Force=rcf
Kb	Kilobaz
KCL	Potasyum Klorür
M	Molar
mM	Milimolar
NCBI	National Center for Biotechnology Information
ng	Nanogram
PAGE	Poliakrilamit jel elektroforez
PcoA	Principle Coordinate Analysis
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
Ppm	Milyonda Bir Kısım
RAPD	Randomly Amplified Polymorphic DNA
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism
TAE	Tris-Acetate-EDTA
<i>Taq</i>	<i>Thermus aquaticus</i>
TEMED	N'-tetramethylethylenediamine
UPGMA	Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre

1. GİRİŞ

Heteroptera, Hemiptera takımının bir alttakımıdır. Heteroptera alttakımı bünyesinde sekiz infraorder ihtiva eder (Gerromorpha, Nepomorpha, Enicocephalomorpha, Dipsocoromorpha, Leptopodomorpha, Cimicomorpha, Pentatomomorpha ve Aradomorpha). Bunlardan son beşi ekonomik öneme sahip türler içerir ve bunlardan, sadece Cimicomorpha ve Pentatomomorpha ekonomik anlamda pek çok önemli tür içermektedir (Schaffer ve Panizzi, 2000).

Kapsamlı dünya katalogların erişilebilir olmasıyla, tahmin edilen gerçek böceklerin sayısının son tahminlerle doğruluğu yeni bir düzeye taşınmıştır. Neredeyse bütün büyük familyalar için dünya katalogları mevcuttur (Örneğin, Aradidae, Lygaeoidea, Miridae, Reduviidae, Tingidae). Buna ek olarak, Kuzey Amerika (Henry ve Froeschner, 1988), Avustralya (Cassis ve Gross, 1995, 2002), ve Palearktik Bölge için (Aukema ve Rieger, 1995-2006) büyük bölgesel katalogların var oluşu, dünya faunasına önemli katkılar sağlamıştır. Schuh ve Slater (1995), 'Dünyanın Gerçek Böcekleri' olarak adlandırdıkları kapsamlı yorumlarıyla, Heteroptera alttakımı hakkında ek bilgi için hazır erişim sağlamıştır. Polhemus ve Polhemus (2008), sucül böceklerin global çeşitliliği üzerine yaptıkları bir çalışmada sucül böcek sayısına önemli katkılar sağlamışlardır. Toplamda, Schaffer ve Panizzi (2000)'ye göre Heteroptera yaklaşık 37.000 türü bünyesinde barındırmaktadır. Bu kaynaklar da göz önüne alındığında, en son tahmini tür sayısı 38.000'den 39.300'e kadar (Schuh ve Slater, 1995; Schaefer, 2003; Cassis ve Gross, 1995, 2002) değişmektedir. Cimicomorpha, Enicocephalomorpha ve Pentatomomorpha için 2002 yılında Zoolojik Kayıt (Zoological Record) kullanılarak ve yazılan belgelere dayanarak açıklanan türlerin sayısı 42.300'den fazladır (Henry, 2009).

Hemiptera takımının bir alttakımı olarak kabul edilen Heteroptera, hemimetabol böceklerin en büyük grubunu temsil etmektedir. Böcek taksonomisindeki eski adıyla Homoptera takımının hem morfolojik hem de moleküler kanıtlara dayalı olarak parafiletik olduğunun belirlenmesini takiben son yıllarda Hemiptera'nın sınıflandırılmasına büyük önem verilmiştir. Bununla birlikte, alttakım Heteroptera kısmen sklerotize kısmen zarımsı önkanatların genellikle vücut üzerinde düz durması, kafada öne doğru çıkık bir delici emici labium, dört-beş parçalı anten, iyi gelişmiş

scutellum, nimflerde dorsal abdominal koku bezleri, erişkinlerde metatorasik koku bezleri ile bir monofiletik grup olarak kabul edilir (Schuh ve Slater, 1995).

Heteroptera alttakımı, diğer Hemiptera üyelerine benzer şekilde, beslenecekleri organizmaları sokma ve bunların sıvılarını emmek için tasarlanmış uzun ağız parçaları ile karakterize edilir. Organizmanın vücuduna ağız parçaları ile sindirim enzimleri enjekte edilir ve sonra sindirilerek sıvılaştırılmış doku geri emilir. Hemipterlerin ağız organizmaya sindirim sıvısının pompalandığı (dış sindirim, dokuları ve hücreleri bozmak için) bir kanal ve sıvıların tekrar geriye böcek içine emileceği bir diğer kanal olmak üzere iki farklı hat barındırır. Diğer pek çok hemipter gibi, heteropterler de çoğunlukla gündüzcül oldukları için bileşik gözleri iyi gelişmiştir. Kanatlar (iki çift çoğu böcekte olduğu gibi) birbirinden farklılık göstermektedir. Ön kanatlar kısmen sertleşmiş ve kısmen zarımsı, arka kanatlar ise tamamen zarımsı yapıdadır. Bu yapısal farklılıkla ön kanatları tamamen sertleşmiş "Sternorrhyncha" alttakımına ait bireylerden farklılaşmaktadırlar. Heteropterler, toraksta bir kalkan şeklindeki "scutelluma" sahip oluşlarıyla da farklılık sergilemektedirler. Erginliğe ulaşmamış heteropterler ('Nimf' olarak adlandırılır) yarı başkalaşım geçirdikleri için erginlere benzer ancak, kanatlar ve genital organlar henüz gelişmemiş ve bazı vücut parçaları orantısız bir durumdadır. Nimflerin abdomenlerinde ve erginlerin ise abdomen ve torakslarında koku bezleri bulundurmaları en önemli farklılıklardan birisidir. Erginlerin koku bezlerinin bazıları (genellikle tümü) işlevsiz olabilmektedir. Bu bezlerinin salgıları türlere özgü farklı işlevler gösterebilmektedir (Schaffer ve Panizzi, 2000).

Hemipterler genellikle fitofagtır. Sadece bazı heteropterler başka şekillerde beslenir. Bunlardan bazıları eklembacaklılar ile ve tahtakurusu (Cimicidae) gibi bazıları da sıcakkanlı omurgalıların kanı ile beslenirler. Bir kaç sucül heteropter dışında hiçbiri soğukkanlı omurgalılarından beslenmez. Ayrıca heteropterler içerisinde sadece denizde yaşayan (ya da yarı-denizel) olanlar mevcuttur. Bunlar karadan uzak, okyanus yüzeyinde yaşamaktadır (Schaffer ve Panizzi, 2000).

Heteroptera, yarı başkalaşım geçiren böcek grupları içinde en baskın olan ve aynı zamanda muhtemelen en fazla çeşitliliğe sahip olanıdır. Bazı grup üyeleri ağaçların kabuğu altında mantarlar üzerinde, karıncalarla, kırkayaklarla ve diğer böceklerle

beslemek için uzmanlaşmıştır. Bazıları ise örümcek ağlarında yaşar ve örümceklerin avlarını çalarak beslenirler. Başka hiçbir yarı başkalaşım geçiren böcek takımında, beslenme alışkanlıkları bu kadar çeşitli değildir (Schaffer ve Panizzi, 2000).

Beşinci büyük takım olarak kabul edilen Hemiptera ile bu farklı grubun tahmini 90.000 türünün (Cassis vd., 2006) neredeyse yarısını içeren Heteroptera alttakımının beslenme alışkanlıkları (Schuh ve Slater, 1995), çevremizi oldukça etkilemektedir. Bitkilerde her yıl, önemli miktarlarda kayıplara neden olması, Heteroptera alttakımını incelememizin en önemli nedenidir (Henry, 2009).

Birçok ara varyasyonları bulunmasına rağmen Heteroptera, fitofag ve predatör olmak üzere iki geniş beslenme tipi içerisinde incelenebilir (Schaefer ve Panizzi, 2000; Wheeler, 2000, 2001). Küreselleşmenin bir sonucu olarak, uluslararası ticaret yoluyla pek çok önceden bilinmeyen taksonların da içinde olduğu heteropter türleri (Dolling, 1972) kendi doğal yayılış aralıkları dışına taşınmaları sonucu yabancı topraklarda yeni zararlılar durumuna geçmiştir (Wheeler ve Hoebeke, 2009). Coreidae (Mitchell, 2000), Lygaeoidea (Sweet, 2000), Miridae (Wheeler 2000, 2001), Pentatomidae (McPherson ve McPherson, 2000) ve Schaefer ve Panizzi (2000)'de sunulan bu gibi farklı familyaların son zamanlarda incelenmesi, belli zararlı gruplarına ait önemli ölçüde dağınık ihtiyaç duyulan bilgilerin sentezinin çok daha iyi anlaşılmasını sağlamıştır (Henry, 2009).

Temas yoluyla etki gösteren ya da sistemik pestisitler hemipterlere karşı etkilidir. Hemipterler -homopter ve heteropterler- insanların yetiştirdiği ve bakımını gerçekleştirip ürün elde etmek istediği bitkilerin de sıvılarını emmektedirler. Ciddi bir rekabet eksikliğinden dolayı zararlarının boyutları önemli seviyelere çıkabilmekte (evrimsel açıdan başarılı zararlılar denebilir) bunun sonucu olarak da sayıları ve çeşitliliği yüksek bir düzeyde olan hemipterler bitkilerin savunma mekanizmalarının birçoğunu geçebilmektedir. Bu bolluk sonucunda, muhtemel bir konukçuyu insanlar bir ürün olarak yetiştirdiklerinde hemipterler saldırmak için evrimsel ve ekolojik olarak hazırda beklemektedir (Panizzi, 1997a-d; Schaefer, 1998).

Özetle, hem homopterler hem de heteropterler beslenme şekilleri bakımından birbirlerinden farklılıklar sergilemektedir. Böyle bir çeşitlilik, bu böceklere bitkilerin

geliştirdiği savunmaların birçoğunu aşabilme ve aynı zamanda insanların geliştirdikleri pestisitlerin bazılarında da kaçınabilme olanağı vermektedir. Bu sebeple heteropterler ve homopterler büyük sayılarda popülasyonlar oluşturabilir ve hasara neden olur, ama ikincisi daha büyük popülasyonlar geliştirmekte ve daha fazla yerde sorunlara neden olmaktadır (Schaffer ve Panizzi, 2000).

Heteropterler, tarımsal, tıbbi ve veterinerlikle ilişkili entomologlar açısından birçok yönden benzersizdir. Böcekler hakkında daha fazla bilgi edindikçe, zararlı olanlarla mücadele etmek ve yararlı olanlardan faydalanmakta daha başarılı olacağız. Bilgi birikimimiz arttıkça, ihtiyaçlarımızla uyumlu ve sürdürülebilir bir dünyada yaşayabilmemiz mümkün olacaktır. Zararlı heteropterlerin temel biyoloji, genetik ve ekolojileri hakkında bilinenler oldukça azdır (Panizzi, 1997a) ve aynı durum diğer zararlı gruplar için de benzerdir. Bu zararlı grupların tamamını ele almak mümkün değildir ancak *Eurygaster* cinsini de içinde barındıran önemli bir zararlı üstfamilyası olan Pentatomidae dikkate değer bir ekonomik önem arz etmektedir.

Pentatomidae içerisinde sınıflandırılan piskokulu böceklerin birçoğu bitkilerle beslenir ve bunlardan birkaçı büyük ekonomik öneme sahiptir. *Nezara viridula* (L.) Eski ve Yeni Dünya'nın sıcak bölgelerinde bulunan büyük, yeşil bir türdür. Genellikle fasulye ve domates gibi birçok sebze ve 90'dan fazla tür bitkiye ciddi zarar verdiği bilinmektedir (Schuh ve Slater, 1995). Pis kokulu böcekler Eski ve Yeni Dünya'daki kakaoya sadece doğrudan beslenme ile değil, patojenleri taşımak suretiyle de ciddi şekilde zarar verirler. Daha yıkıcı türler arasında *Mecistorhinus tripterus* (F.) ve *Bathycoelia thalassina* (Herrich-Schaeffer) bulunmaktadır. Görünüşe göre doğal düşmanlarının böcek öldürücü kullanımı sonucunda ortadan kaldırılması, yabancı konukçu bitkilerin tahrip edilmesi ve yeni daha duyarlı kakao çeşitlerinin kullanımıyla bahsedilen ikinci tür önem kazanmıştır (Owusu-Manu, 1977).

Diğer zararlı pentatomidler şöyle sıralanabilir: *Scotinophara* spp. hububatta, özellikle *S. lurida* (Burmeister) pirinçte, Afrika ve Asya'daki otların zararlısı *Eysarcoris ventralis* (Westwood) bazen Güneydoğu Asya'da pirinç zararlısıdır; *Oebalus pugnax* (F.), batı yarım kürede pirinç zararlısıdır; *Piezodorus hybneri* (F.), Afrika ve Asya'daki çeşitli baklagillerle beslenir; *Bagrada cruciferarum* Kirkaldy Eski Dünya'daki turpgillerle beslenir; *Biprorlulus bibax* Breddin narenciye zararlıdır; *Antestiopsis*

lineaticollis (Stål) yaygın bir kahve zararlısıdır; *Euschistus* Dallas'ın çeşitli türleri Kuzey Amerika'da soya fasulyesi için yıkıcıdır; *Agonoscelis versicolor* (F.) darı, pamuk ve kakaoda zarar yapar; *Aelia rostrata* (De Geer), Yakın Doğu'da ciddi bir buğday zararlısıdır. Son tür, birkaç scutellerid ve diğer bazı pentatomidler gibi alışılmadık bir yaşam döngüsüne sahiptir; böcekler yaz sonunda buğday tarlalarını 50 km'ye kadar erişen uzaklıklarda terk ederler ve 1500-1800 metre yüksekliklerde dağlarda meşeliklere kışlamak için göç ederler. Göç sürekli bir hareket değil, birkaç gün içinde aşamalı olarak gerçekleşir. Fas'ta *Aelia germari* Kuster'in birkaç yüz kilometre göç ettiği bilinmektedir. Yakın Doğu'da *Dolycoris* spp. Mulsant & Rey, *Carpocoris* spp. Kolenati, *Codophila* spp. Mulsant & Rey ve *Eurydema* türlerinde de benzer göçler gözlemlenmiştir (Schuh ve Slater, 1995).

Scutelleridae, diğer bir adıyla kalkan böcekleri, özellikle tropik ve subtropikal bölgelerde, altı altfamilya, 81 cins ve yaklaşık 450 türle temsil edilmektedir (Schuh ve Slater, 1995, Göllner-Scheiding, 2006). Tüm türler fitofag olmasına rağmen, sadece nispeten az sayıdaki türün zararlı olduğu bildirilmiştir. Bununla birlikte, bu zararlılardan bir grup olan *Eurygaster* spp. veya süne, Ortadoğu ve Yakın Doğu'da ekinlere büyük oranda zarar vermektedir.

Uzunlukları ortalama 5 ile 20 mm arasında olabilen kalkan böcekleri, hemelytranın tamamına yakınına kaplayan, oval, genellikle dışbükey ve büyük bir scutellum ile ayırt edilir. "Kalkan böceği" adı, bu geniş scutellum'dan gelmektedir. Çoğu scutellerid kahverengi ya da gri benekli donuk renklere sahiptir, ancak birçok Scutellerinae üyesi genellikle parlak renklidir (Javahery vd., 2000). Bu durum onları tüm Heteroptera içerisinde en olağanüstü renklere sahip grup haline getirmiştir (Schuh ve Slater, 1995).

Belirtildiği gibi, süne haricinde, birkaç scutellerid büyük ekonomik önem taşımaktadır. Bununla birlikte, süne türleri yüksek oranda hububata zarar vererek tüm familyayı ekonomik açıdan önemli bir konuma getirmiştir (Putschkov, 1961, 1965; Martin vd., 1969; Paulian ve Popov, 1980; Javahery, 1995). Dünyada *Eurygaster* cinsine ait 18 tür bilinmektedir. Bunlar, Palearktık Bölgede 13 tür (*E. austriaca* Schranck, *E. integiceps* Puton, *E. maura* L., *E. dilaticollis* Dohrn, *E. hottentota* (F.), *E. schreiberi* Mtd., *E. testudinaria* (Geoffr.), *E. minor* Montandon, *E. fokkeri* Puton, *E. laeviuscula* Jakovlev, *E. paderewskii* Bliven, *E. sinica* Wk., *E. latus* Mtd.); bir fosil

tür (*E. granulosus*), (Puton 1881, Vojdani 1954; Southwood ve Leston 1959; Putschkov 1961, 1965; Javahery 1995) ve Nearctic'ten dört türdür (*E. alternata* Say, *E. shoshone* Kirkaldy, *E. amerinda* Bliven, *E. minidoka* Bliven) (Bliven, 1956, 1962; Vojdani, 1961; Lattin, 1964; McPherson, 1982; Froeschner, 1988). Palearktik türlerin yalnızca üçü *E. austriaca* Schranck, *E. integriceps* Puton ve *E. maura* L., Yakın Doğu, Orta Doğu ve Güneybatı Asya ülkelerinde Rusya'nın güneyi, Türkiye, Irak ve İran'da buğday ve arpada zarara neden olmaktadır (Fedotov, 1960; Brown, 1962, Brown ve Eralp, 1962; Popov, 1972; Paulian ve Popov 1980; Gaffour-Bensebbane, 1981; Lodos, 1981; Stamenković, 1990; Mohaghegh vd., 1991; Javahery, 1995, 1996; Koçak vd., 2007; Koçak ve Babaroğlu, 2005; Koçak vd., 2014; Özkan vd., 2017).

Süne, geniş bir dağılım alanında (28-55° kuzey enlemleri) çeşitli habitatlara uyum sağlayabilir ve yaşam döngüsünde ve davranış özelliklerinde değişkenlik sergileyebilir (Javahery, 1995). Bu böcekler, o kadar önemlidir ki araştırma ve eğitim programlarının düzenlenmesi ve koordinasyonu açısından Gıda ve Tarım Örgütü (FAO) gibi çeşitli uluslararası organizasyonların ilgisini çekmiştir (Brown, 1962; Javahery, 1967, 1978, 1992, 1995; Martin vd., 1969; Miller ve More, 1996).

Ülkemizde ise, *Eurygaster* cinsi içerisinde 7 adet süne türü bulunmaktadır. Bu türler *E. integriceps* Put, *E. maura* L., *E. austriaca* Schrk, *E. dilaticollis* Dohrn, *E. hottentota* F., *E. schreiberi* Mtd ve *E. testudinaria* Geoff.'dir. Bu süne türlerinden *E. integriceps* Put. (süne), *E. maura* L. (Avrupa sünesi) ve *E. austriaca* Schrk. (Yassı vücutlu süne) türleri ülkemiz için ekonomik açıdan önemli olup çeşitli yoğunluklarda farklı bölgeleri işgal etmektedir (Lodos, 1986).

Koçak vd., (2014), *E. integriceps*, *E. maura* ve *E. austriaca* türlerinin ülke genelinde dağılımlarını belirlemek amacıyla 6 bölgede 28 ilden süne erginleri toplamış, Marmara Bölgesi'nde (Edirne, Kırklareli, Çanakkale, Balıkesir, Bursa, Kocaeli ve Sakarya) *E. austriaca* %21.1; Ege Bölgesi'nde (Manisa, Aydın, Denizli, Muğla ve Uşak) *E. austriaca* %28.7; Akdeniz Bölgesi'nde (Antalya, Burdur, Adana ve Mersin) *E. austriaca* %11.2; İç Anadolu Bölgesi'nde (Ankara, Konya, Kırşehir ve Yozgat) *E. austriaca* %1.6; Doğu Anadolu Bölgesi'nde (Elazığ, Van, Ağrı ve Iğdır) *E. austriaca* %2.6 ve Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde (Diyarbakır, Şanlıurfa, Mardin ve Gaziantep) ise *E. austriaca* türüne rastlanılmadığını belirtmiştir. Görüldüğü üzere,

türün dağılışı oranları ile popülasyon yapısı tahminleri arasında oldukça ilginç korelasyon mevcuttur. Avrupa kaynaklı yayılışı göstermesi sebebiyle Ege ve Marmara bölgelerinde oldukça yüksek yoğunlukta bireyler bulunurken, tahıl yetiştiriciliği konusunda söz sahibi İç ve Doğu Anadolu'da türün dağılışı oranındaki azalma ve Güneydoğu Anadolu'da hiç tesadüf edilememesi *E. integriceps*'in bölgedeki hakim tür oluşunu ve *E. austriaca*, *E. maura* türünü baskıladığını göstermesi adına oldukça anlamlıdır.

Süne türlerinin erginleri genellikle toprak renginde, bazen de siyah veya kırmızı renklerde olabilmektedir. Tüm bu renklerin yer aldığı alaca desenli renkte olan süne erginleri de doğada mevcuttur. Süne türleri familya özelliği dolayısıyla, pis koku salgırlarlar. Erkek ve dişi bireyler genital segmentlerinin farklı yapıda olmalarından ayırt edilebilirler. Ergin bireyler ters çevrilerek son abdomen segmentleri kontrol edildiğinde; erkek bireylerde bu yapı tek bir plakadan oluşurken, dişi bireylerde ise bu yapı üç çift plakadan meydana gelmiştir.

E. austriaca'nın erginleri 11-14 mm boyundadır. Üstten bakıldığında vücudun genel görünüşü oval olup geniş vücutlu böceklerdir. Baş, thorax ve abdomen birbirlerinden belirgin bir biçimde ayrılmıştır.

Baş, üçgen şeklinde öne doğru hafif eğimlidir. Tylus bazı bireylerde önde açık bazılarında ise kapalıdır. Bileşik gözler başın yanında konumlandırılmıştır. İki adet ocelli prothoraxın ön kenarına yerleşmiştir. Antenler başın alt kısmında göz hizasındadır. Silindir şeklinde olup 5 segmentlidir. Hortum (beak) arka coxa hizasında veya biraz daha uzundur.

Altıgen yapıda olan pronotum hafif konveks lateral kenarları yassı, ön ve arka köşeleri ise yuvarlaktır. Scutellumun uzunluğu genişliğinden fazla olup abdomeni tamamen örter. Üzeri yüzeysel sık çukurlarla kaplıdır, scutellumun ortasında boyuna bir omur vardır. Metasternumda coxa'ların her iki yanında iki adet koku bezi açıklığı bulunur.

Abdomen geniş, hafifçe şişkin olup 6 segmentten oluşmaktadır. Her segmentin yanında bir çift stigma bulunur.

Tarsus üç segmentlidir. Abdomenin son sternitinde dişi genitali üç çift plakadan oluşmaktadır. Orta plakalar elips şeklinde olup türe özgüdür. Abdomenin son sternitinde erkeklerde pygophore tek bir plaka halindedir.

Burada bahsi geçen zararlının tanımına benzer şekilde, birbirleriyle aynı özellikleri taşıyan canlıların (tür) oluşturduğu topluluklar 'popülasyon' olarak ifade edilmektedir. Böyle toplulukları incelerken ilk bakışta gözümüze çarpmayan ancak var olduğunu tespit ettiğimiz alışkanlıklar, davranışsal değişiklikler veya bir başka şekilde dışı vuran farklılıklar incelendiğinde aslında her bir bireyin kendisine has çeşitli özellikleri olduğu ortaya çıkmaktadır. Biyolojik çeşitlilik kavramının varyasyonu olan genetik farklılık, bize, türün gen havuzundaki genetik özelliklerinin toplamını anlatmaktadır ve popülasyonun değişen çevreye uyum sağlamasında kilit rol oynar. Her bir birey, kendisine has özelliklerin kaynağı olan bir gen dizilimine sahiptir. Bu dizilimdeki farklılıklar polimorfizm olarak adlandırılır. Doğal seçim, genetik sürüklenme, mutasyon ve gen akışı sayesinde bir popülasyondaki bireyler birbirlerinden farklılaşmakta ve ayrılmaktadır. Gen diziliminde görülen değişkenlikler, aynı zamanda bireylerin veya popülasyonların herhangi bir etmenden kaynaklanan baskılara dayanma yeteneğini de göstermektedir. Bazı bireyler artmakta olan strese dayanabilirken, farklı gen dizilimlerine sahip olan diğer bireyler, çevresel koşullar tamamen aynı olsa bile, üreme gücüne düşebilir, göçe zorlanabilir ve hatta ölümlerle karşılaşabilir. Bu süreç doğal seçim olarak adlandırılır ve bir habitat içinde genetik çeşitliliğin yok olmasına neden olabilir. Bununla birlikte, habitat içinde artık mevcut olmayan bireyler, bir başka baskı unsuruna karşı direnç gösterebilen genlerini de taşımış veya tamamen ortadan kaldırmış olabilir. Üstelik bir tür içindeki genetik çeşitliliğin azalması; yararlı veya arzu edilen özelliklerin kaybolmasına da sebep olmaktadır. Varyasyonların artması ile genetik çeşitlilik artar ve bu sayede, popülasyondaki bazı bireyler, çevre için uygun olan allel (belirli bir gen veya lokusun alternatif formları) varyasyonlarına sahip olabilirler. Bu bireylerin, aynı alelleri taşıyan döller vererek hayatta kalma olasılığı böylece artar. Bu bireylerin başarılı olmaları sonucu popülasyon, hayatta kalmaya devam eder. Popülasyonların buna benzer değişimlerini anlamak ve yorumlamak için uzun soluklu çalışmalar gerçekleştirmek gerekmektedir. Popülasyon genetiği, Mendel genetiği ile biyometrik modellerin bir araya getirilip denkleştirilmesi ile geliştirilmiştir. Popülasyon genetiğinin temellerini atan ilk kişiler Sewall Wright, J.B.S. Haldane ve Ronald Fisher olarak

değerlendirilmekte ve aynı zamanda kantitatif genetik ile ilişkili olan diğer disiplinlerin de temellerini oluşturmuşlardır. Bu konuda kilit adım, İngiliz biyolog ve istatistikçi Ronald Fisher'in Doğal Seçilim'in Genetik Teorisi isimli kitabında, biyoistatistikçiler tarafından ölçülen devamlı varyasyonun, birçok ayrı genlerin ortak eylemleri sonucu oluştuğunu ve doğal seçilimin, popülasyondaki gen frekanslarını değiştirebileceğini ve bunun evrimle sonuçlandığını göstermiş ve Darwin'in ortaya attığı doğal seçim prensibinin ilk defa matematiksel biçimde ifade edilmesini başarmıştır. 1960'lı yılların sonlarında, laboratuvarlardan çok miktarda fitness verisi ve kantitatif bileşenlerdeki varyasyonlar üzerine deneyler gerçekleştirilmiş, görünür ve kromozomal polimorfizm çalışmalarından, doğal popülasyonlarda insan kan gruplarının yanı sıra biyokimyasal polimorfizm belirleme çalışması gerçekleştirilmiştir (Lewontin, 1974). Her ne kadar hem kantitatif özelliklerde bol varyasyon hem de çaprazlama deneyleri ile ortaya çıkan 'gizli değişkenlik' ile ilgili kanıtlar ortaya çıkarılmış olsa da, ilintili genlerin sayıları ve söz konusu özelliklerin üzerindeki etkilerinin boyutları ile ilgili kesin bir bilgi yoktur. Ekolojik genetikçiler, kabuk rengi *Cepaea nemoralis*'in bantlama varyantları gibi göze çarpan polimorfizmlerden (Ford, 1975) doğal seçilimin tür içi varyasyonları tetikleyen kuvvetli bir etki olduğunu belirlemişlerdir. *Drosophila pseudoobscura*'nın inversiyon polimorfizmleri birçok genin, seçim dengelemesi adına popülasyonlarda orta frekanslarda tutulan iki veya daha fazla alternatif alel içerebileceğini öne sürmüştür (Dobzhansky, 1955). Rastgele genetik sürüklenmeye karşı seleksiyonun evrimdeki rolü de uzun süre tartışılmış, sonuçta Kimura ve Crow, (1964), nötr mutasyon ve sürüklenmenin, popülasyonlarda büyük değişkenliklere neden olabileceğini bildirmişlerdir. Son 50 yılda deneysel olarak evrimin genetik seviyede çalışılmasındaki en büyük gelişme, görünür değişkenler yerine türler içindeki çeşitliliği ve türler arasındaki farklılıkları incelemek için moleküler araçların ortaya çıkarılması olmuştur. Daha sonrasında *Drosophila* spp. ile yapılan klonlanmış *Drosophila* spp. genlerinin bolluğu ve dağılımı çalışmaları (Langley vd., 1982; Aquadro vd., 1986) genom çapında varyasyon modelleri hakkında ilk bilgileri sağlamıştır. Bu modellemeler daha sonra Kreitman (1983) tarafından yapılan DNA sekans çalışmaları ile doğrulanmıştır. Varyasyonların büyük ölçekli sekans çalışmaları, genomun belirli küçük bölgelerini çoğaltmak için PCR ve otomatik Sanger sekans makineleri kullanılıncaya kadar erişilememiştir. Bugün, elbette, genom çapında varyasyon araştırmaları, yüksek verimlilikte sekans teknolojisi kullanılarak tek bir tür

için yüzlerce hatta binlerce bağımsız genom oluşturulabilmektedir. Bu tarz çalışmalar sayesinde yapılan çalışmaların niteliği ve ulaşılan sonuçların güvenilirliği artmıştır. Ancak, günden güne nesli tükenen canlılar ve insan eliyle gerçekleştirilen ekosistemdeki bozulmalar endişe verici boyutlara ulaşmıştır. Gelişen dünyamızda aşırı nüfus artışı, kentleşme ve zirai üretime uygun alanların azalması gibi kritik faktörlerden dolayı, doğal kaynakların giderek güvensiz bir duruma gelmesi durumu bir gerçektir. Genetik çeşitlilikteki azalış, besin üretimi, sanayi ve ilaç üretimi için bakir kaynakların kullanılmasına yönelik eldeki seçeneklerimizin sayısını da azaltmaktadır. Ziraatle uğraşan bilim insanları, bitkilerin genetik çeşitliliğinin gen bankaları ve DNA kütüphaneleri gibi bitki genetik kaynakları biçiminde uzun süreli olarak saklanması ve bitkisel ıslahta kullanılmasının gıda güvenliği açısından gerekliliğinin altını çizmektedir. Bu çeşitlilik, özellikle yoğun bir şekilde zirai öneme sahip tarla ve bahçe bitkilerinin üretimiyle genetik çeşitliliği daralan risk grubu ticari kültürler söz konusu olduğunda gelecekte gıda güvenliği ile ilgili karşılaşılabilecek global zorluklara göğüs germemiz açısından önem arz etmektedir (Govindaraj vd., 2015). Buna paralel olarak, ekolojik açıdan besin zincirinde, zirai açıdan da avcı ve parazitik yaşam tarzları bakımından insanlar için vaz geçilmez bir yeri olan böceklerin de son yıllarda korunmaya muhtaç olduğu anlaşılmış ve gen kaynakları koruma altına alınmaya başlanmıştır.

Ekolojik, ekonomik ve taksonomik olarak böceklerin genetik varyasyonu, popülasyonlar içindeki ve popülasyonlar arasındaki dağılımı, demografik ve evrimsel tarihlerini yorumlamak için yaygın olarak kullanılmaktadır (Slatkin, 1987; Avise, 2004; Nielsen, 2005; Patterson vd., 2006). Seçilim, popülasyonlar arasında ve popülasyon içinde genetik varyasyon dağılımını etkilemektedir (Wright, 1931; Beaumont ve Balding, 2004; Barrett vd., 2008). Popülasyon içindeki genetik çeşitlilik, nüfus oranlarına bağlı olarak, diğer popülasyonlardan göç alma-verme durumundan veya mutasyon oranlarından etkilenirken (Wright, 1931; Gillespie, 2004; Hedrick, 2005) genetik çeşitliliğin popülasyonlar arasında bölünmesi, popülasyonlar arasındaki gen akışından ve popülasyonların ortakata popülasyonundan ayrılma süresinden etkilenir (Wright, 1943; Felsenstein, 1982; Slatkin, 1993). Bu durum popülasyonların filocoğrafyasını daha iyi anlamak için genom düzeyinde veri kullanma potansiyelinin ne kadar önemli olduğunu ortaya koymaktadır (Gompert vd., 2010).

Hemiptera takımında genomik düzeyde ilgi çekici birkaç çalışmaya göz atmak gerekirse, Mustafa vd., (2014) Amerika’da laboratuvar ve açık alanda yaşayan *Podisus maculiventris* (Say) (Hemiptera: Pentatomidae) örnekleri arasındaki genetik farklılaşma olup olmadığını AFLP tekniğiyle incelemiş olduğu ve popülasyonlar arasında ortalama bir gen akışı olduğu sonucuna vardığı çalışma kayda değerdir. Grazia vd., (2008) ve Wu vd., (2018), Scutelleridae familyasının neredeyse 150 yıl gibi uzun bir süredir dokunulmamış sınıflandırmasını tekrar moleküler yöntemlerle irdelemiştir. Araştırmacılar çalışmalarında şu anda geçerli kabul edilen Scutelleridae sınıflandırmasının uygun olmadığı yönünde görüş belirtmektedirler.

Bu güne kadar *E. austriaca* ile ilgili gerçekleştirilmiş bir moleküler çalışmaya rastlanılmamıştır. *E. austriaca* popülasyonları arasında daha önceden tespit edilmiş herhangi bir genetik bilgi mevcut değildir. Çalışmaya temel teşkil eden bu eksikliği gidermek adına popülasyon çalışmalarında dikkat çekici bir şekilde sıklıkla kullanılan marker tekniği olan AFLP yöntemini kullanmamızda bizi teşvik eden unsurlardan bir tanesi yüksek polimorfizm tanılama kabiliyetidir. Ek olarak tekniğin tutarlılığı, tekrarlanabilirliği, sonuçlarının yorumlanmasındaki esneklik, her bir primerle oluşturulabilecek lokus sayısının yüksek olması ve öncü çalışmaların bir hayli fazla oluşu gibi sebeplerden dolayı bu teknik tercih edilmiştir.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Dörtbudak (1974), Diyarbakır, Urfa, Mardin, Adıyaman, Gaziantep, Kahramanmaraş, Hatay, Malatya, Elazığ, Erzurum, Erzincan, Ağrı, Bingöl, Tunceli, Muş, Van, Siirt, Bitlis ve Hakkâri illerinde *Eurygaster* türlerinin tanımları, yayılış alanları ve popülasyon yoğunlukları üzerine araştırma yapmış ve *E. austriaca* türünün bahsedilen bölgedeki yayılış alanlarını belirlemiştir. Araştırmacı sonuçta toplanan tüm örneklerin %95,3'ünün *E. integriceps*, %2,5'inin *E. maura* ve %2,2'sinin ise *E. austriaca* olduğunu belirtmiş; hâkim türün *E. integriceps* olduğunu da vurgulamıştır. Ayrıca türün morfolojik teşhis karakterleri hakkında detaylı bilgiler sunmuştur.

Dörtbudak vd., (1978), Orta Anadolu Bölgesi'nde 1973-1978 yılları arasında yürütülen çalışmalar sonucunda; *E. maura* ve *E. austriaca* türleri saptanmıştır.

Altınayar (1981), Orta Anadolu Bölgesi'nde tahıl alanlarındaki yaptığı faunistik çalışma sonucunda; Konya, Ankara, Eskişehir, Çankırı, Yozgat ve Sivas illerinde *E. maura*, Eskişehir, Sivas, Çankırı ve Yozgat illerinde *E. austriaca* ve Isparta ilinde ise *E. integriceps* türünü saptamıştır.

Kavut ve Derin (1991), Ege Bölgesi'nde Balıkesir, Çanakkale, Uşak, Denizli ve Muğla illerinde yürüttükleri "Süne kışlaklarının, türlerinin ve bulunuş oranlarının tespiti" adlı proje çalışmaları sonucunda; *E. integriceps*, *E. maura* ve *E. austriaca* türlerini saptamışlar ve illere göre bu türlerin bulunuş oranlarını vermişlerdir.

Schuh ve Slater (1995), bu referans çalışması, tüm dünyadaki hemiptera alt takımını inceler. Hem biyolojik hem de sistematik bir perspektiften, birçoğu tarım ve halk sağlığı için önemli olan yaklaşık 35.000 türü içeren Heteroptera hakkındaki güncel bilgileri özetler. Okuyucuya bu gruba tanıtmak için, Randall T. Schuh ve James A. Slater, Heteroptera araştırmalarının tarihçesi, araştırma teknikleri ve kaynak örneklerine ilişkin bölümler sunmaktadır. Ayrıca, habitat, davranış, mimikri ve polimorfizm gibi genel biyolojik özellikleri de kapsar; Ekonomik önem taşıyan seçilmiş taksonlar; Heteroptera'nın mevcut bir sınıflandırmasını temsil eden yazarlar, teşhisler, anahtarlar, genel doğal geçmişi, dağılımların özetini ve önemli faunistik eserlerin bir listesini içeren muazzam dağınık edebiyata alt gruplara sentez

yapmaktadır. Ayrıntılı illüstrasyonların zenginliğine ek olarak, bibliyografya ile uğraşmaya yardımcı olmak için bir sözlük oluşturuyor. Dünyanın önde gelen uzmanlarından ikisi tarafından titizlikle hazırlanan bu eser Heteroptera'nın gelecek yıllardaki standart referansı olacaktır.

Öncüler ve Kıvan (1995), Trakya'da *Eurygaster* türlerinin yayılışları ve yoğunlukları üzerinde yaptığı çalışma sonucunda; Trakya'da *E. integriceps*'in %76,54, *E. austriaca*'nın %20,15 ve *E. maura*'nın ise %3,31 oranlarında bulunduğunu ortaya koymuşlardır.

Lodos vd., (1998), yaptıkları çalışmada Orta Anadolu, Akdeniz ve Batı Karadeniz bölgelerinde farklı zamanlarda gerçekleştirdiği çalışmalarıyla Pentatomoidea üstfamilyasının Plataspidae, Acanthosomatidae, Cydnidae, Scutelleridae ve Pentatomidae familyalarına bağlı türler hakkında taksonomik bilgiler vermiş, *Eurygaster austriaca* Schk. türünün Türkiye'deki dağılışını bir haritayla ortaya koymuştur.

Koçak ve Babaroğlu (2005), *Eurygaster* türlerinin durumunu değerlendirmek amacıyla Afyon, Aksaray, Ankara, Çankırı, Çorum, Eskişehir, Karaman, Kırıkkale, Kırşehir, Konya, Nevşehir, Sivas ve Yozgat olmak üzere 13 ile ait 36 kışlaktan topladıkları Kışlamış Ergin Bireylerin tür tanımlamalarını yapmışlar ve sonuçta *E. maura*, *E. austriaca* ve *E. dilaticollis* türlerini saptamışlardır. Bu türlerden *E. maura*'nın %93,7 oranıyla baskın tür olduğunu, *E. austriaca*'nın %6,2 oranında ve *E. dilaticollis*'in ise %0,1 oranında bulunduğunu ayrıca vurgulamışlardır. Araştırmacılar *E. maura*'nın sürvey yapılan tüm illerde, *E. austriaca*'nın Eskişehir, Karaman ve Sivas dışındaki tüm illerde, *E. dilaticollis*'in ise sadece Çankırı ilinde bulunduğunu ve Orta Anadolu için ilk kayıt olduğunda belirtmişlerdir.

Koçak vd., (2007), Güney Marmara illerinden (Bilecik, Bursa, Kocaeli, Sakarya ve Yalova) 2004 ve 2005 yıllarında toplam 94 köyün hububat alanından 1480 adet birey üzerinden *Eurygaster* türleri ve bu türlere karşı mücadele durumu hakkında bilgi vermiştir. Bölge genelinde *Eurygaster austriaca* türünün % 14 bulunma oranlarına sahip olduğunu belirten araştırmacılar, Kocaeli ve Yalova için ilk kez bu türü

kaydetmişlerdir. Ayrıca arařtırıcılar Bursa ilinde *E. hottentota* türünü ise ilk kayıt olarak bulmuşlardır.

Candan vd., (2011), *Eurygaster austriaca* türünün dişilerinin spermatheca ve yumurtalarının yapısı hakkında ışık ve taramalı elektron mikroskobundan elde ettiđi verileri paylaşmıştır. Detaylı bir şekilde yapılan inceleme sonucunda daha önceden genital plakalar kullanılarak yapılan tür teşhisinin bundan sonra daha kesin bir karakter olan genital organlarla yapılmasına yardımcı olmuştur.

China (1938), İspanya'dan toplanan *E. austriaca* türündeki genel renk, şekil ve genital varyasyonlarından dolayı, yeni bir alttür grubunu *E. austriaca serabrai* olarak kaydetmiştir.

Rieger (2011), *E. austriaca serabrai* olarak kaydedilen alttürün aslında sadece varyasyonel özelliklerden dolayı bir alttür kategorisine alındığını, fakat aslında türün gerçekte *E. austriaca* olması gerektiğini belirtmektedir.

Gözüaçık (2012), Güneydođu Anadolu Bölgesi'nde Adıyaman, Diyarbakır ve Şanlıurfa illerinde 2007-2009 yılları arasında yaptığı tür tespitine yönelik çalışmalar sonucunda; *E. integriceps*, ve *E. austriaca* türlerini saptamıştır. Arařtırıcı *E. integriceps* türünün bölgede en yaygın tür olduğunu vurgulamıştır.

Koçak vd., (2014), Türkiye hububat alanlarında ekonomik öneme sahip üç süne türünün (*Eurygaster integriceps*, *E. maura* ve *E. austriaca*) ülke genelinde dağılımlarını belirlemek amacıyla 2013 yılında 6 bölgede 28 ilden süne erginleri toplamıştır. Süne türlerinin bulunma oranları Marmara Bölgesi'nde (Edirne, Kırklareli, Çanakkale, Balıkesir, Bursa, Kocaeli ve Sakarya) *E. integriceps* %75,0, *E. austriaca* %21,1 ve *E. maura* %3,9; Ege Bölgesi'nde (Manisa, Aydın, Denizli, Muđla ve Uşak) *E. maura* %71,2, *E. austriaca* %28,7 ve *E. integriceps* %0,1; Akdeniz Bölgesi'nde (Antalya, Burdur, Adana ve Mersin) *E. integriceps* % 50,0, *E. maura* %38,8 ve *E. austriaca* %11,2; İç Anadolu Bölgesi'nde (Ankara, Konya, Kırşehir ve Yozgat) *E. maura* %98,4 ve *E. austriaca* %1,6; Dođu Anadolu Bölgesi'nde (Elazığ, Van, Ağrı ve Iğdır) *E. integriceps* %72,4, *E. maura* %25,0 ve *E. austriaca* %2,6 ve Güneydođu Anadolu Bölgesi'nde (Diyarbakır, Şanlıurfa, Mardin ve Gaziantep) ise *E.*

integriceps %100,0 olarak saptanmıştır. Ege Bölgesi'nde Manisa ilinde saptanan *E. integriceps* türü bölge için yeni kayıt olup bu türün Trakya'dan güneye ilerlemeye devam ettiğini göstermektedir. Akdeniz Bölgesi'nin batı illerinde ise *E. integriceps* türüne rastlanılmamıştır.

Nei (1973), alt popülasyonlar arasında ve içerisinde popülasyonların gen farklılıklarını inceleme imkanı veren ve daha sonra kendi adıyla anılan bir metot geliştirmiştir. Yazar, yöntemin lokuslarda barındırılan allellerden, mutasyonlar, seleksiyon ve göç gibi kuvvetlerden bağımsız olarak her popülasyon için uygulanabilir bir yöntem olduğunu savunmaktadır.

Excoffier vd., (1992), tek bir tür içindeki moleküler varyasyon çalışmalarına ışık tutacak bir çerçeve hazırlamışlardır. DNA haplotip farklılaşması hakkındaki bilgiler, tüm haplotip çiftleri arasındaki kare uzaklık matrisinden türetilen bir varyans formatı analizine dahil edilmiştir. Bu moleküler varyans analizi (AMOVA), burada farklı seviyelerdeki hiyerarşik alt bölümlerdeki haplotipik çeşitliliğin korelasyonunu yansıtan Φ istatistik olarak belirtilen varyans bileşenlerinin ve F-istatistik analoglarının tahminlerini üretmektedir.

Vos vd., (1995), bir DNA parmak izi yöntemi olarak AFLP prosedürünü tanımlamıştır. Bu tekniğin, genomik DNA'nın enzimlerle kesilen fragmanlarının selektif PCR amplifikasyonuna dayandığını belirtmiştir. Üç aşamalı yöntemde, birinci aşama; DNA'nın kesimi ve çift zincirli oligonükleotid adaptörlerin eklenmesi, ikinci aşama; restriksiyon fragmanlarının selektif amplifikasyonu ve son aşama ise bu fragmanların jelde analizi olduğunu belirtmektedir. Restriksiyon fragmanlarının PCR amplifikasyonunda çift zincirli adaptör ve restriksiyon bölgelerinin dizilerinin primer uzamasında hedef bölge olarak kullanıldığını göstermiş, herhangi bir sekans bilgisine gerek olmaksızın restriksiyon fragmanlarının PCR'da gözlemlenebileceğini bu metotla kanıtlamıştır. AFLP adaptörlerinin bir 'core sekans', 'enzim spesifik sekans' ve bir de 'seçici genişleme bölgesinden' oluştuğunu belirten yazarlar, genellikle *EcoRI* primerlerin preamplifikasyondan sonra radyoaktif olarak işaretlendiğini de eklemiştir. Reaksiyon profillerini belirten yazarlar, kesim enzimlerinin özelliklerine göre fragmanların sınırlandırılabileninden de bahsetmiştir.

Reineke vd., (1998), AFLP metoduyla analiz edilecek böcek örnekleri için 6 farklı DNA ekstraksiyonu ve 2 saflaştırma yöntemini karşılaştırmışlardır. CTAB yöntemi kullanıp ardından spermine çöktürmesiyle elde edilen DNA'ların AFLP protokolü için yeterli miktar ve saflıkta DNA ürettiğini, Fenol-Fenol Kloroform izolasyon yönteminin ise yeterli miktarda DNA eldesi için kullanılabileceğini ancak sağlığa zararlı maddeler içerdiği için tercih edilmemesi gerektiğini vurgulamıştır. Araştırmacılar saflaştırma aşamasından geçen DNA'larla yapılan analizlerin, saflaştırılmamış DNA'ların analizine göre fazladan birkaç bant ürettiğini de bildirmişlerdir.

Cervera vd., (2000), *Bemisia tabaci* (Gennadius) (Hemiptera: Aleyrodidae) türünün 13 örneği (dokuz referans biyotipi ve iki açık arazi popülasyonu örneği) üzerinde AFLP yöntemiyle 2 primer kombinasyonu kullanarak 354 polimorfik bant elde etmiş, oluşan bu bantlar vasıtasıyla genetik benzerlikleri araştırmış, sonuçta dört farklı küme içerisinde gruplanan biyotipler daha önceden RAPD yöntemiyle yapılan biyotip gruplandırmasıyla benzer özellikler göstermiştir.

Suinaga vd., (2004), Brezilya'dan sekiz *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) popülasyonunun genetik farklılıklarını belirlemişlerdir. AFLP tekniğini kullanan araştırmacılar 15 primer kombinasyonu ile elde ettikleri verilere Dice, 1945 formülasyonunu uygulayıp genetik benzerliği bulmuşlardır. Buna dayalı olarak UPGMA dendrogramını yorumlayan araştırmacılar sonuçları iki boyutlu principle coordinate analizi ile görsel olarak ifade etmişlerdir. Sonuçta iki farklı kümelenme tespit ettiklerini bildiren araştırmacılar ortaya çıkan bu durumun çok fazla miktarda zirai ilaç uygulaması sonucu yoğun seçim baskısından veya konukçu değişimlerinden kaynaklanabileceğinin altını çizmişlerdir.

Deng vd., (2005), Kısmi nükleer ribozomal 18S geninden ve mitokondriyal COX1 geninden gelen dizileri ayrı ayrı ve kombinasyonlar halinde analiz etmiş ve 17 familyayı temsilen 40 türe dayalı bir Pentatomomorpha ön moleküler filogenisi ortaya koymuşlardır. Sonuçlar, Pentatomomorpha infraorderinin monofiletik durumunu kuvvetle desteklemektedir.

Sosa Gómez vd., (2005), yayınladıkları çalışmalarında kozmopolit bir tür olan *Nezara viridula* (L.)'nın Brezilya'da soya fasulyesi üzerinden toplanan popülasyonlarının genetik farklılaşmaları ve gen akışı düzeylerini belirlemişlerdir. Bu analizleri RAPD marker sistemiyle elde ettikleri verilere dayandıran araştırmacılar tüm popülasyonların birbirinden genetik olarak ayrıldığını belirtmişlerdir. Aralarında herhangi bir coğrafi bariyer olmayan yakın iki popülasyonun farklı gruplarda kümelenmesi düşük bir gen akışı değerine bağlanmaktadır.

Kavar vd., (2006), coğrafi olarak izole örneklem noktalarından aldıkları 11 *Nezara viridula* (L.) bireyi üzerinde 16S ve 28S rDNA, sitokrom b, sitokrom c oksidaz alt ünite1 gen parçalarının sekansı ve RAPD marker analizi çalışmalarını gerçekleştirmişlerdir. Sekans sonuçları türü üç farklı kökünde gruplamıştır. RAPD sonuçlarının da mtDNA sonuçları ile örtüşüğünü belirten araştırmacılar türün Afrika kökenli olduğunu buradan Asya'ya ve ardından Avrupa ve Amerika'ya yayılış gösterdiğini bildirmektedir.

Porretta vd., (2007), zararlılarla mücadele için popülasyon genetiği verilerinin nasıl kullanılabileceği üzerine *Ochlerotatus caspicus* (Pallas) popülasyonu örneğinden yola çıkarak bilgi aktarmaktadır. Popülasyonların birbirleri ile bağlarının (coğrafi ve genetik mesafeleri), tarihi demografik yapılarının, üreme alanlarının heterojenliğinin ve popülasyonların dağılımlarının bilinmesinin kimyasal ilaç kullanım miktarlarını rasyonalize edeceğinden bahseden yazarlar, hem mitokondriyal marker hem de nükleer marker kullanarak genetik yapıyı araştırmışlardır. Bölgesel bazda paleoklimatik hadiselerden kaynaklı bir tarihi demografik patlama yaşandığı hipotezini de savunmaktadırlar. Ek olarak, yazarlar yoğun bir gen akışının popülasyonların genetik şekillerini oluşturan en kuvvetli evrimsel güç olduğunu bildirmektedirler. Yakın zamanda miktarı artan çeltik tarımının da popülasyonun demografik olarak artışıdaki sebeplerden biri olarak gösteren yazarlar zararlılarla mücadele bağlamında hedef türlerin hem geniş coğrafi ölçekte hem de yerel olarak belirlenmesi gerekliliğine değinmekte popülasyonların durumuna etki gösteren mekanizmaların (genetik sürüklenme, gen akışı, seleksiyon) ve buna göre kontrol programlarının şekillendirilmesi gerektiğini vurgulamaktadır. Sonuç olarak parsimony networke bakıldığında genetik mesafeler ve varyans tüm popülasyonlarda çok az ve coğrafi mesafe artışıyla doğru orantılı olarak artış göstermemiştir. F istatistiğinde (Fu,

1997) negatif sonuç elde edilmesi de benzer olarak arařtırmacılara popülasyonların dengede olduđu yorumunu yapmalarına sebep olmuřtur. Yazarlar, zararlı kontrol programlarında izole uygulamaların etkili olamayacađını ve dirençli allellerin hızla yayılması riski oluřturduđunu belirtmektedir.

Kil vd., (2008), farklı cinsler ve familyalara ait dokuz hemipter türü üzerinde RAPD yöntemiyle analizler yapmıř, OPA06 ve GT09 primerlerini kullanan arařtırmacılar küme analizleri sonucunda Scutelleridae familyasına dahil olan *Eurygaster integriceps* türünün Pentatomidae familyası özellikleri tařıdıđı sonucunu çıkartmıřlardır.

Grazia vd., (2008), 18S ve 28S nükleer rDNA'ların tam sekanslarına ve mitokondriyal genomun 13 protein kodlayan geninin tamamına dayanan bir Scutelleridae filogenisi ve řu anda tanınan tüm altfamilyaları kapsayan taksonları yeniden yapılandırmıřtır. Bayesian çıkarımı, maksimum likelihood ve maksimum parsimoni kullanılarak yapılan analiz sonuçlarından Scutelleridae familyasının monofiletik olduđu sonucu doğrulanmıřtır. Altfamilyalar arasındaki filogenetik iliřkiler ilk defa düzgün bir şekilde çözülmüřtür. Ayrıca Scutelleridae'nın kökeninin Erken Kretase'de (142.1-122.8 Milyar yıl önce) olduđunu tahmin etmiřlerdir.

Ali vd., (2010), Batı ve Orta Asya ülkelerinden Irak, İran, Özbekistan, Kazakistan, Türkiye ve Suriye'den toplanmıř 19 farklı *Eurygaster integriceps* popülasyonundaki genetik farklılıkları AFLP yöntemi kullanarak belirlemiřtir. Sonuçları Nei genetik mesafe ölçümü deđerlerini kullanarak ele alan arařtırmacılar genetik farklılıđın (G_{ST}) incelenen tüm ülkelerde genelde benzer olduđunu fakat en yüksek farklılıđın Özbekistan'da ortaya çıktıđını belirlemiřtir. Ülkeler arası gen akıř oranının yüksek olduđu sonucuna ulařan arařtırmacılar ülkeler arası göç oranlarının da bu bağlamda yüksek olduđu sonucuna varmıřlardır. Küme analizleri sonucunda da yine en yüksek genetik farklılıklar Özbekistan'dan elde edilmiř ve bu durum türün kökeninin bu bölgeden orijinlenebileceđi konusunda bir fikir öne sürmelerine neden olmuřtur.

Fan vd., (2010), Çin'de tıbbi açıdan önemli bir tür olan *Asponus chinensis* Dallas (Hemiptera: Pentatomidae) türü popülasyonları hakkında çeřitlilik parametrelerini arařtırmak için AFLP yöntemini 4 primer kombinasyonuyla kullanmıř, 362 banttan 293'ünü polimorfik olarak nitelendirmiřtir (%80.94). Ayrıca Nei'nin genetik çeřitlilik

indeksi, Shannon polimorfik bilgi indeksi, popülasyonlardaki gen farklılaşma indeksine (G_{ST}) göre bu grupta AFLP analizinin çok nadiren uygulandığını fakat genetik farklılaşmaları etkin bir biçimde gösterebildiğini ve popülasyon farklılaşmaların çok yüksek olduğunu belirtmiştir. AFLP analizlerinde GENEMAPPER v3.7, veri analizlerinde ise POPGENE v1.32 programlarını kullanmışlardır.

Weirauch ve Schuh (2011) Heteroptera ile ilgili 25 yıllık sistematik çalışmalara kladistik bakış açısının etkisini ve gelişim süreci içerisinde moleküler sistematik çalışmaların morfolojik çalışmalardan daha fazla oranda büyük taksonların evrimini anlamamızda yardımcı olduğunu belirtmiş ve Heteroptera içerisinde kladistik çalışmalardan fazlaca etkilenmeyen bazı grupların olduğu tespitine yer vermişlerdir. Heteropterlerin model organizma olması sebebiyle biyocoğrafi ve evrimsel bağlamda geniş kladistik çalışmaların yürütülmesinde önemli bir rol oynamalıdır.

Chandra vd., (2011), *Blissus insularis* Barber (Hemiptera: Blissidae) popülasyonlarının genetik farklılıklarını ortaya çıkarabilmek için AFLP tekniğinden yararlanmış, 5 primer kombinasyonu (*EcoRI/MseI*) ile Teksas ve Florida'dan toplanmış 46 bireyle yaptıkları çalışmada bu popülasyonların genetik farklılıklarının düşük bir seviyede kaldığını belirtmiştir. Ancak popülasyon içi farklılıkların %95 oranında olduğunu, POPGENE programından elde edilen düşük G_{ST} ve F_{ST} değerlerinin popülasyonlar arasında yüksek oranda gen akışından ve göç olayları sonucunda olabileceğini öngörmüşlerdir. Uygulanan Mantel testi sonuçları da genetik mesafe ve coğrafi mesafe arasında bir korelasyon olmadığını göstermiştir.

Kneeland vd., (2012), *Podisus maculiventris* (Say) (Hemiptera: Pentatomidae) türünün doğal ve laboratuvar popülasyonları arasındaki genetik varyasyonları AFLP yöntemiyle belirlemiştir. Dört primer kombinasyonu ile 209 loci belirleyen yazarlar, Mississippi popülasyonu ve Missouri popülasyonu arasında belirgin genetik farklılaşma tespit etmişler, Missouri popülasyonu ile laboratuvar popülasyonu arasında ise belirgin bir farklılık tespit edememişlerdir. Bu durumun Missouri ve Mississippi popülasyonlarının izolasyonlarıyla ilgili olabileceğini belirtmiştir.

Barman vd., (2013) yılında yayınladıkları çalışmalarında Amerika’da pamukta zarara neden olan *Pseudatomoscelis seriatus* (Reuter) (Hemiptera: Miridae) türünün yayılışının yalnızca üç bölgeden bildirildiğini ve zirai mücadelenin yalnızca bu bölgelerde gerçekleştiğini belirtmiştir. Bu bölgelerden toplanan 172 bireyi AFLP marker yöntemiyle inceleyen araştırmacılar 559 polimorfik loci tespit etmişlerdir. Popülasyonlar arasındaki belirgin fakat düşük düzeydeki genetik farklılıklar türün üç farklı grup içerisinde kümelenmesine neden olmuştur. Sonuçta bölgesel popülasyonlar arasında hatırısayılır gen akışı olduğu fakat doğu ve batı popülasyonları arasında kısıtlanmış bir gen akışı olabileceğinin altını çizmişlerdir.

Mustafa vd., (2014) orman ve zirai alanlarda zarar meydana getiren lepidopter ve coleopter yumurta ve erginleriyle mücadelede önemli bir biyolojik kontrol ajanı olan *Podisus maculiventris* (Say) (Hemiptera: Pentatomidae) popülasyonlarının 4 farklı bölgeden toplanmış bireyleri ve laboratuvarda yetiştirilmiş bir popülasyonunu 4 primer çifti ile AFLP yöntemini kullanarak taramıştır. Toplam 14 bireyden 340 marker elde edilen çalışmada AMOVA sonuçları genetik varyasyonun büyük bir kısmının popülasyonlar içerisinde gözlemlendiğini, Nei’nin metoduna göre laboratuvar popülasyonlarının diğer popülasyonlara oranla daha düşük bir genetik çeşitliliğe sahip olduğu, ancak bu iki tipteki popülasyonların panmiktik olduğundan dolayı biyolojik kontrol ajanı olarak laboratuvarda yetiştirilen popülasyonların da kullanılabileceği çıkarımını yapmışlardır.

Chen vd., (2015), *Ericerus pela* Chavannes (Hemiptera: Coccidae) Çin popülasyonlarından 7 farklı bölgeden gelen örneklerle AFLP çalışması gerçekleştirmişlerdir. 9 primer kombinasyonu kullanan araştırmacılar 435 polimorfik loci elde etmişlerdir. Polimorfik bantların yüzdesi %85.29 olarak hesaplanmıştır. Nei’nin genetik indeksi ve Shannon indeksi tutarlı sonuçlar vermiştir. Dendrogramlarda en kısa mesafedeki iki popülasyonun yakın akraba olduğunu, tüm popülasyonlar içerisinde genetik farklılığın düşük derecede olduğu ancak popülasyonlar arasında bu düzeyin yüksek olduğunu belirlemişlerdir. Gen akışı tahmin değerleri ise tüm bireylerde düşük seviyelerde olup, bu durumu göç ve üremedeki kısıtlılıklara bağlamışlardır. Türün kuvvetli seçilim etkisi altında olabileceği ve iyi bir şekilde lokalize olduğunu değerlendirmişlerdir.

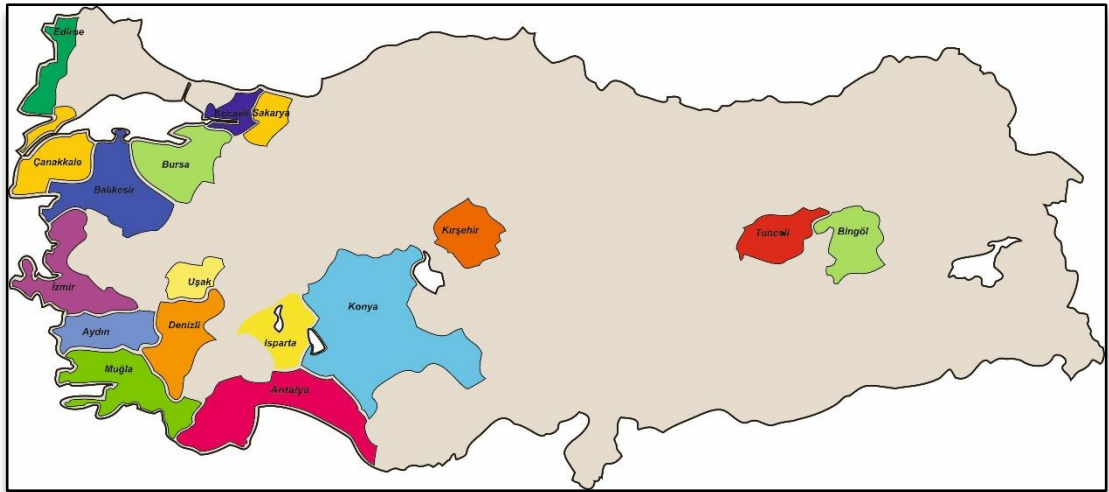
Charlesworth ve Charlesworth, (2016), 1966 yılından sonraki elli yılı ve bu zaman zarfı içerisinde gerçekleşen önemli biyoteknolojik gelişimleri popülasyon genetiği penceresinden bakarak yorumlamışlardır. Bu süre zarfında, popülasyon genetikçilerini meşgul eden başlıca soru ve tartışmaları ele almışlardır. Teorik ve ampirik çalışmanın moleküler düzeyde varyasyonları karakterize etmek, elde edilen verilerle matematiksel modeller uygulamak ve sonuçları yorumlayarak biyolojik temel sorulara yanıtlar aramak üzere verimli bir etkileşimi oluşturmak için nasıl kombine edildiğini, model olmayan organizmalarda bile ortaya koymuşlardır. Ek olarak yazarlar konunun tarihçesine bir bakış atarken aynı zamanda da gelecekteki muhtemel problemlere bu günün ışığında çözüm yolları aramaktadır.

Wu vd., (2018), Pentatomomoidea üstfamilyası içindeki filogenetik ilişkileri, morfoloji ve DNA dizilerinden üretilen karakter verilerinin kodlanması ve analizi yoluyla incelenmişlerdir. 18 s rRNA, 16S rRNA, 28S rRNA ve COI gen bölgelerini içeren çalışmanın sonuçları tüm üstfamilyanın bilgilerinin güncellenmesi adına önemlidir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

Çalışmanın temel materyalini 2016 yılında, Marmara (Çanakkale, Edirne, Balıkesir, Sakarya, Kocaeli, Bursa), Ege (Muğla, Aydın, Uşak, Denizli, İzmir), Akdeniz (Antalya, Isparta), Doğu Anadolu (Bingöl, Tunceli) ve İç Anadolu (Konya, Kırıkkale) Bölgesi olmak üzere toplam beş farklı bölgedeki 17 ilin ekim alanlarından toplanan *E. austriaca* popülasyonları oluşturmaktadır (Şekil 3.1). Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde *E. integriceps* türünün hakim tür olmasından dolayı *E. austriaca* türüne rastlanılamamıştır. Türün Karadeniz Bölgesi'nde ekim alanlarındaki durumu kesin olarak bilinmediği için bölgeden örnekleme yapılmamıştır. Toplanan örnekler genetik materyalin degradasyonuna sebep olmamak adına canlı olarak Abbas, 1990'a göre teşhisi yapıldıktan sonra -20°C'de moleküler çalışmalar için saklanmıştır.

Morfolojik olarak teşhisi yapılan ve -20°C'de saklanan 313 erkek bireyden, Antalya, Bingöl, Tunceli, Edirne, İzmir, Denizli, Aydın, Uşak, Muğla illerinden 15'er birey, Sakarya 3, Kocaeli 3, Konya 3, Bursa 5, Çanakkale 6, Kırşehir 6, Isparta 7, Balıkesir 8 birey olmak üzere toplam 176 bireyin moleküler çalışmalarda kullanılacak saflık ve miktarda DNA'ya sahip olduğu belirlenmiştir.

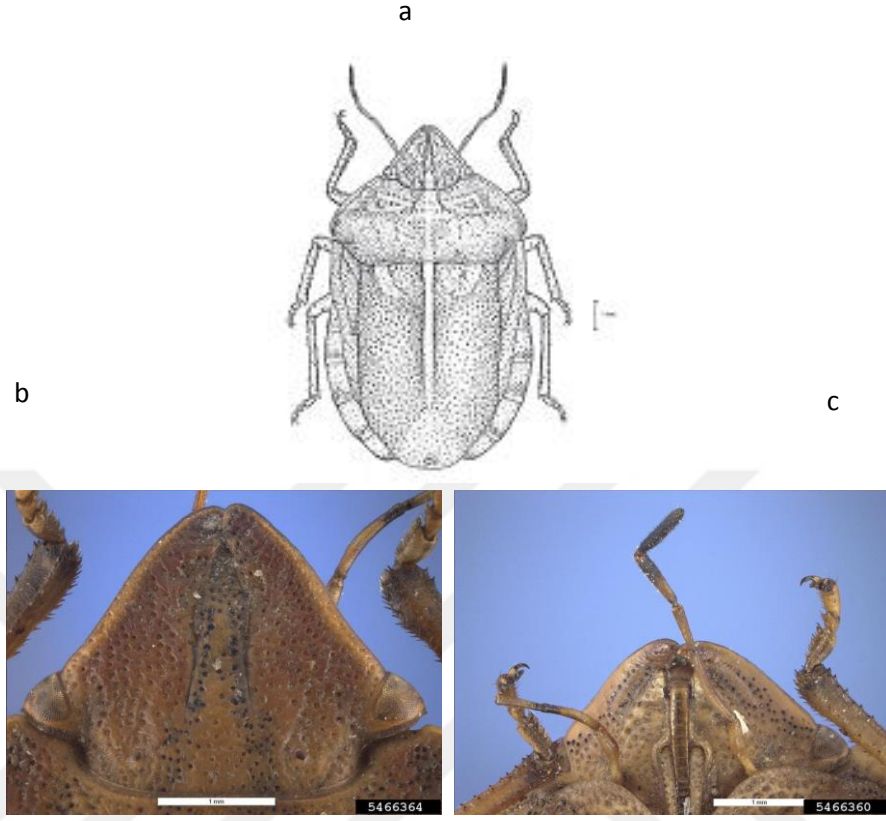


Şekil 3. 1. *Eurygaster austriaca* popülasyonlarının toplandıđı coğrafi lokasyonlar

3.1. Morfolojik-Klasik Taksonomik Çalışmalar

Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanan materyallerin canlı olarak laboratuvara getirilmesinin ardından Leica EZ4 stereo mikroskop altında teşhis işlemleri gerçekleştirilmiştir. Erkek bireyler seçilip genital diseksiyon yapılmış, aedeagus

%10'luk KOH içerisinde yaklaşık 2 saat bekletilip temizlenmiştir. Teşhis karakterlerinin incelenmesinde Abbas, 1990 temel kaynak olarak kullanılmıştır.



Şekil 3. 2. a) *Eurygaster austriaca* türü (Abbas, 1990); b) başın dorsalden görünümü, c) başın ventralden görünümü (Anonim, 2019)

3.2. Genetik Çalışmalar

3.2.1. DNA izolasyonu (CTAB/Kloroform-İzoamil Alkol DNA Ekstraksiyon Protokolü)

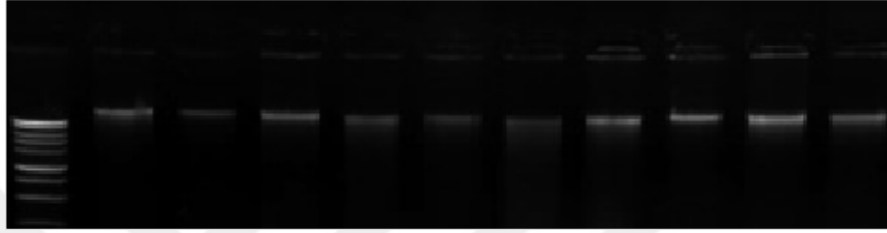
Doyle ve Dickson, 1987; Doyle ve Doyle, 1987; Cullings, 1992'den modifiye edilmiştir.

1. Öncelikle CTAB buffer hazırlanmıştır (Ek-A). Hazırlandıktan sonra kısa süre içerisinde kullanılmıştır, ağzı sıkıca kapalı bir şekilde muhafaza edilmiştir. İzolasyona başlamadan önce, viskozite için polivinylpyrrolidone (PVP-40) ve proteinlerin disülfid bağlarını koparmak için β -merkaptotanol eklenip iyice karıştırılmıştır.

<u>CTAB</u>	<u>PVP-40</u>	<u>β-merc</u>
0.5 ml	0.02 g	2.5 μ l
5 ml	0.2 g	25 μ l
20 ml	0.8 g	100 μ l

- Herhangi bir paraziter kontaminasyon ihtimalini düşürmek adına böceğin baş ve bacaklarından alınan 40-50 mg doku ezme işlemi için 1.5 ml'lik tüpe alınmıştır.
- 500 μ l CTAB buffer eklenerek örnekler ezme çubuğuyla homojen bir şekilde ezilmiştir.
- Solüsyon 1.5 ml tüpe aktarılmıştır. 4 μ l RNase A (Qiagen) eklenerek hafifçe çalkalanmıştır.
- Örnekler 65°C'ye önceden ısıtılmış ısı bloklarında 2 saat boyunca inkübe edilmiştir.
- 500 μ l 24:1 kloroform-izoamil alkol eklenmiş ve elle bir emülsiyon oluşturuncaya kadar çalkalanmıştır.
- 10 dakika (10,000 g) santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrasında üst (DNA içeren), orta (protein ve kalıntıları içeren) ve alt (kloroform içeren) olmak üzere tüp içerisinde üç faz oluşmuştur.
- Üst faz, orta ve alt faza karıştırılmadan pipetle alınmıştır.
- 1.5 ml tüpe aktarılmıştır.
- Üst faz ortalama olarak 350 μ l kadar alınmıştır.
- 250 μ l soğuk isopropanol (=2-propanol) eklenmiştir. İyi karıştırılarak -20°C'de en az 1 saat bekletilmiştir.
- Maksimum hızda (14.000 g) 25 dakika santrifüj edilmiştir. Tabanda çöken pellet hariç geriye kalan sıvı kısım atılmıştır.
- 500 μ l soğuk %70'lik etanol eklendikten sonra maksimum hızda (14.000 g) 10 dakika santrifüj edilmiştir. Tabanda çöken pellet haricindeki sıvı kısım atılmıştır.
- 500 μ l soğuk %70'lik etanol eklendikten sonra maksimum hızda (14.000 g) 10 dakika santrifüj edilmiştir. Tabanda çöken peleti kaybetmeden geriye kalan sıvı kısım atılmıştır. Tabanda bir miktar etanol kalabileceğinden dolayı 15-20 dakika etanolün buharlaşması beklenmiştir.
- Tabandaki DNA içeren pellet 50 μ l saf su eklenerek +4°C'de bir gece bekletilmiştir. Saf su içerisindeki DNA, ileri çalışmalar için -20°C'de muhafaza edilmiştir.

Elde edilen DNA'nın kalitesi ve miktarı jelde yürütülerek kontrol edilmiştir. Bu amaçla %1'lik agaroz jel kullanılmıştır. Agaroz jel, erlenmayer içerisine 1 g agaroz tartılarak 100 mL 1xTBE içerisinde mikrodalga fırında eritilerek hazırlanmıştır. Oda sıcaklığında 60°C'ye kadar soğutulduktan sonra içerisine 1 µl 10 mg/ml konsantrasyonundaki ethidium bromid eklenmiştir. Hazırlanan karışım tanka dökülerek jelleşmesi beklenmiştir. 3 µl DNA ve 1 µl yükleme boyası ile karıştırılarak jel kuyularına yüklenmiştir. Yaklaşık 20 dk 80 V'da yürütülen jel transilüminatör yardımıyla görüntülenmiş, bilgisayara kaydedilmiştir (Şekil 3.3.).



Şekil 3. 3. DNA jel görüntüleri

3.2.2. AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism - Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi)

AFLP tekniği, kesim enzimlerinin güvenilirliğini PCR tekniğinin gücü ile birleştirerek amplifikasyon sonucu oluşan genomik kesim fragmanlarını tespit eder (Vos vd., 1995). Eş zamanlı olarak, genom boyunca rasgele dağıtıldığı düşünülen birçok farklı DNA bölgesini kesim bölgesi varyasyonu açısından tarar. Parmak izleri, genel jenerik primerler kullanılarak ön dizi bilgisi olmadan üretilir ve herhangi bir organizmanın DNA'sı için kullanılabilir. Çok sayıda genetik markör oluşturulabilmesine olanak verir. Her bir markör bir lokus olarak düşünülür ve lokusların varlığı veya yokluğu gözle veya belirli programlarla skorlanır.

Popülasyon genetiği analizinde AFLP markörleri, çok sayıda lokusun düşük maliyetle genotiplenmesine uygun oldukları için klasik kodominant markörlere bir alternatif olarak sunulmaktadır. Ayrıca bu yöntem, hedef türlerdeki primer sekansları hakkında önceden bilgi sahibi olmayı gerektirmemektedir (Guillot ve Santos, 2010).

AFLP prosedürü temel olarak üç basamakta gerçekleştirilmektedir:

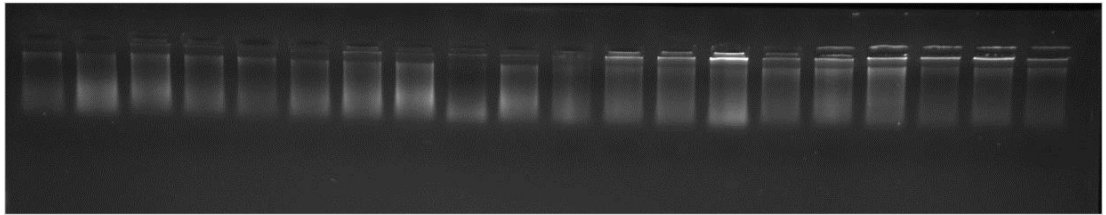
i-) Genomik DNA'nın enzimlerle kesimi ve oligonükleotid adaptör ligasyonu

Genomik DNA'nın kesim enzimleri (Çizelge 3.1) vasıtasıyla kesilip oligonükleotit adaptörlerin oluşan kesim bölgelerine eklenmesi.

Çizelge 3. 1. Restriksiyon enzimlerinin kesim bölgeleri ve adaptörlerin yapısı

Enzim	Tanım Bölgesi	Kesim
<i>EcoRI</i>	5'GAATTC 3'CTTAAG	5'---G AATTC---3' 3'---CTTAA G---5'
<i>MseI</i>	5'TTAA 3' AATT	5' ---T TAA---3' 3' ---AAT T----5'

Konsantrasyon ölçümleri yapılan 176 bireyin DNA'larından yüksek konsantrasyona (200-275 ng) sahip durumda olan 150 örnek seçilmiş AFLP protokolü bu örnekler üzerinden yürütülmüştür. 250 ng (4 µl) DNA ölçülerek 0,2 ml'lik PCR tüpüne alınmıştır. DNA'nın üzerine 0,125 µl *EcoRI* enzimi (Promega), 0,22 µl *EcoRI* adaptörü ve 0,0625 µl *MseI* enzimi (Promega) ile 0,11 µl *MseI* adaptörü eklenmiştir. 0,5 M NaCl 0,55 µl, BSA(1 mg/ml) 1,1 µl, T4 DNA ligaz 0.125 µl, Ligaz buffer 0.55 µl, 4 µl su ilave edilerek tek bir reaksiyon 6,85 µl'ye tamamlanmıştır. Hazırlanan kesim ve adaptör ligasyon reaksiyonunu içeren tüp thermocycler cihazına konularak 37°C'de 3 saat bekletilmiştir. Son olarak 10 dakika 70°C'de bekletilerek tüm kesim enzimleri inaktive edilmiştir. Ardından buz üzerine alınan örneklerden 5'er µl %1'lik agaroz jelde 150 Volttta 45 dakika koşturulmuştur. İstenilen görüntüye (Şekil 3.4) sahip örnekler preselektif aşama çalışmaları için 1:15 oranında sulandırılmıştır.



Şekil 3. 4. Kesim ve adaptör ligasyonu sonrası jelde koşturulan DNA'lar

ii-) Pre-Selektif PCR amplifikasyonu

Tek selektif nükleotidli primerler yardımıyla restriksiyon fragmanlarından belirli kısımların ön seçilimi.

Her bir örneğin DNA kesim fragmanları, her biri bir seçici nükleotid ile uzatılmış adaptörler ve komşu kesim bölgelerinden biri için spesifik olan iki primer ile PCR amplifikasyonu gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 3. 2. Her bir örnek için amplifikasyon reaksiyonu

MgCl ₂ (2mM)	1 µl
Taq Buffer (1x)	1.2 µl
Taq Polimeraz	0.1 µl
dNTP (5mM)	2 µl
<i>Mse</i> I +1	1 µl
<i>Eco</i> RI +1	1 µl
ddH ₂ O	4.2 µl
1:15 sulandırılmış DNA	2.5 µl

Çizelge 3. 3. Pre-selektif PCR amplifikasyonunda kullanılan primer yapıları

<i>Eco</i> RI +1 5' GAC TGC GTA CCA ATT C+N 3'
<i>Mse</i> I +1 5' GAT GAG TCC TGA GTA A+ N 3'
<i>Eco</i> RI+A ve <i>Mse</i> I+C
<i>Eco</i> RI+C ve <i>Mse</i> I+T
<i>Eco</i> RI+C ve <i>Mse</i> I+G
<i>Eco</i> RI+G ve <i>Mse</i> I+A

Pre-selektif amplifikasyonda aşağıdaki PCR Programı uygulanmıştır:

94 °C 30 sn ↴
56 °C 60 sn | 25 Döngü
72 °C 60 sn ↵
72 °C 5 dk

Bu aşamadan sonra elde edilen ürünler %1.5'luk agaroz jelde koşurulmuş ve jel görüntüleri elde edilmiştir.

iii-) Selektif PCR amplifikasyonu

Genomun karmaşıklığı ve istenen bant sayısına göre iki veya daha fazla selektif nükleotidli primerlerle ön seçilimli kısımlar içerisinden son amplifikasyon yapılması basamağıdır (Vos vd., 1995).

Bu aşamada IRD 800 ve IRD 700 floresan boya ile işaretlenmiş *Eco*RI primerleriyle işaretlenmiş *Mse*I primerleri kombine edilerek pre-selektif aşamada tek bir baz uzantısına sahip primerlerle seçilmiş DNA bölgelerinin ek olarak üç baz uzantılı primerlerle tekrar amplifikasyonu sağlanmıştır. Bu durum seçilen DNA bölgelerinin daha spesifik özelliklere sahip olması ve temsil edilen genom bölgesinin daraltılması anlamını taşımaktadır. Selektif PCR aşamasına geçmeden önce pre-selektif PCR ürünleri 1: 15 oranında sulandırılmıştır.

Çizelge 3. 4. Her bir örnek için selektif amplifikasyon reaksiyonu

MgCl ₂ (2mM)	1 µl
Taq Buffer (1x)	1 µl
Taq Polimeraz	0.08 µl
dNTP (5mM)	1 µl
<i>Mse</i> I +NNN	1 µl
<i>Eco</i> RI +NNN	1 µl
ddH ₂ O	2.84 µl
1:15 sulandırılmış pre-selektif DNA	2 µl

Çizelge 3. 5. Selektif PCR amplifikasyonunda kullanılan primer yapıları

<i>Eco</i> RI (IRD 800) + <i>Mse</i> I primerleri	<i>Eco</i> RI (IRD 700) + <i>Mse</i> I primerleri
<i>Eco</i> RI	<i>Eco</i> RI
5' GACTGCGTACCAATTC+NNN3'	5'GACTGCGTACCAATTC+NNN 3'
<i>Mse</i> I	<i>Mse</i> I
5' GATGAGTCCTGAGTAA+NNN3'	5'GATGAGTCCTGAGTAA+NNN 3'
<i>Eco</i> RI CCC+ <i>Mse</i> I GTT	<i>Eco</i> RI CGC+ <i>Mse</i> I TGG
<i>Eco</i> RI CCG+ <i>Mse</i> I TGG	<i>Eco</i> RI ACC+ <i>Mse</i> I CCC
<i>Eco</i> RI AAG+ <i>Mse</i> I CCC	<i>Eco</i> RI GTT+ <i>Mse</i> I AGG
<i>Eco</i> RI AAG+ <i>Mse</i> I CAA	<i>Eco</i> RI GTT+ <i>Mse</i> I ACC
<i>Eco</i> RI GAT+ <i>Mse</i> I ACC	<i>Eco</i> RI ATT+ <i>Mse</i> I CGG
<i>Eco</i> RI GAT+ <i>Mse</i> I AGG	<i>Eco</i> RI CGC+ <i>Mse</i> I TCG
<i>Eco</i> RI GGC+ <i>Mse</i> I ACG	<i>Eco</i> RI GAA+ <i>Mse</i> I ACC

Üç seçici nükleotide sahip olan primerler ile AFLP selektif reaksiyonları 36 döngüde gerçekleştirilmiştir: Döngülerin profili şu şekildedir: 94°C'de 30 saniyelik bir DNA denatürasyon aşaması, 65°C'de 30 saniyelik ilk bağlanma basamağı ve 72°C'de 1 dakika uzatma basamağı. Birinci döngüde ilk sıcaklık 65°C iken, daha sonraki ilk 12 döngüde her döngüde 0.7°C azaltılarak geri kalan 23 döngü için 56°C'de bağlanma sıcaklığı devam ettirilmiştir. Bütün PCR reaksiyonları MyGenie96 Thermal Block (Bioneer, Korea) PCR cihazında gerçekleştirilmiştir.

Poliakrilamid Jel Analizi

Selektif aşamada elde edilen PCR ürünlerinin her bir hacmi için 5 hacim olacak şekilde 0,5 M NaEDTA (5 ml), 50 mg/ml Bromofenol Blue (5 µl), Formamide (200 µl) içeren boyadan ortalama 50 µl eklenerek 95°C'de 3 dakika inkübasyon yapıldıktan sonra PCR ürünü ve boya karışımı hızlı soğutma için buza konulmuştur.

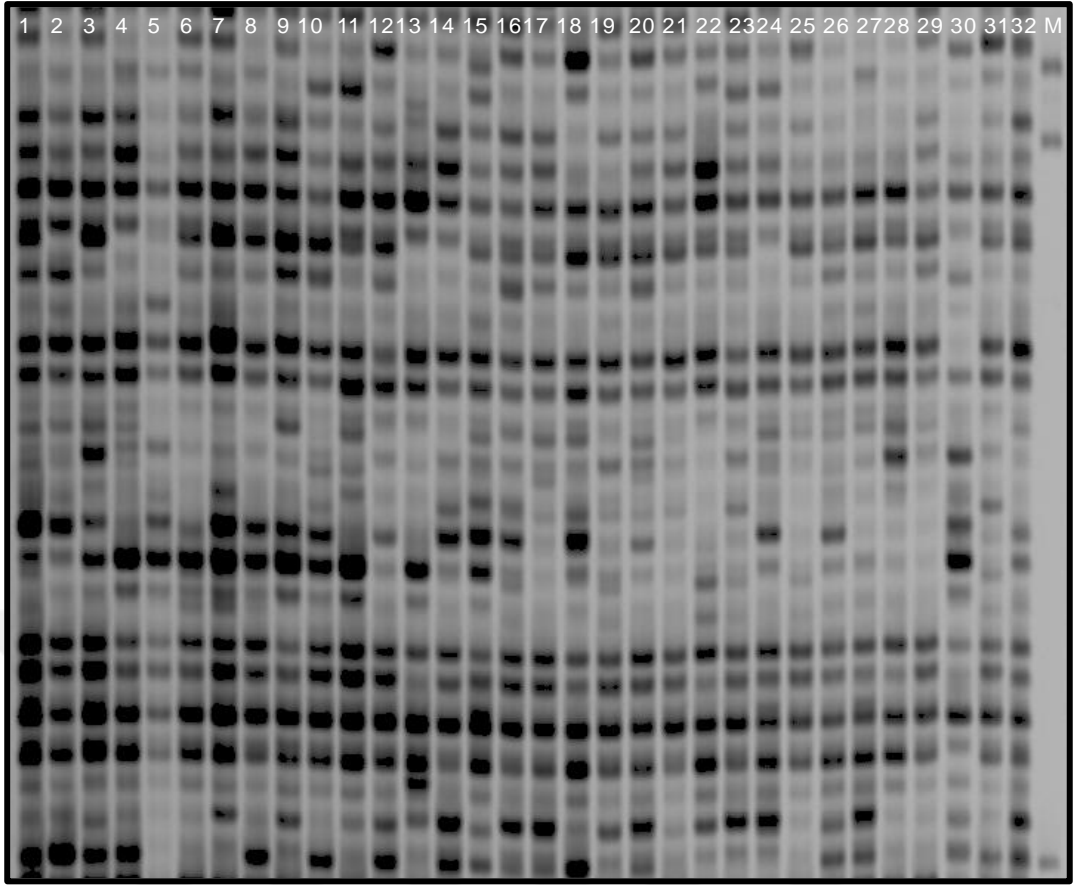
Poliakrilamid jel hazırlamak için Üre (8,4 gr), 10x TBE (2 ml), %40'luk akrilamid (2,75 ml), Bis akrilamid (35 mg), saf su (7 ml) eklenmiştir. Daha sonra hazırlanan bu

karışıma %10'luk APS (AmonyumPerSülfat) (243 µl) ve TEMED (17 µl) karıştırılarak iki kanallı jel görüntüleme sistemi LI-COR GLOBAL EDITION IR2 DNA GENE SEQUENCER LONG READIR 4200'de (LI-COR Inc.) kullanılan iki cam levha arasına 0.25 mm kalınlıkta olacak şekilde enjekte edilmiştir. Daha sonra 32'li kuyucuk oluşturma tarağı cam levhaların arasına jelin içinde kalacak şekilde yerleştirilerek 1 saat yere paralel vaziyette polimerizasyona bırakılmıştır.

Polimerize olan jelden kuyucuk oluşturma tarağı çıkarılmıştır. Saf su ile yıkanarak yüzeyindeki poliakrilamid jel kalıntılarından temizlenen cam levhalar LI-COR cihazına dikey olarak yerleştirilmiştir. Daha sonra elektriksel iletkenliği sağlamak adına kuyucuklar ve cam levhanın tabanı makinada belirtilen seviyeye kadar 1x TBE ile doldurulmuştur. Hamilton marka 8'li cam pipetler yardımıyla formamide ile boyanmış selektif PCR ürünlerinden önce IRD 700 floresan boyalı *EcoRI* primerli olanlardan 1'er µl sırayla kuyucuklara yüklenmiş ve önceden kameraların odaklama ayarları yapılmış olan LI-COR 1500 volt, 30watt, 35 amper, 45°C maksimum sıcaklık, 12 saat okuma süresi ayarlarıyla 3 dakika çalıştırılmıştır. Aynı ayarlarla daha sonra IRD 800 floresan boyalı primerlerle oluşturulan ürünler 1'er µl'den daha az miktarda aynı sıra ile üst üste gelecek şekilde yüklenmiştir. En son olarak hem IRD 800 hem de IRD 700 floresan boya ile boyanmış DNA Ladder'dan 1 µl en son kuyucuğa yüklenmiştir. 12 saat sonra poliakrilamid jel görüntüleri kaydedilmiştir (Şekil 3.5). Aynı işlem tüm örneklerle tekrarlanarak görüntüleme tamamlanmıştır.

Görüntülerin Analizi

LI-COR GLOBAL EDITION IR² DNA GENE SEQUENCER LONG READIR 4200'den elde edilen 150 *E. austriaca* bireyine ait görüntüler bilgisayarda Corel Draw Graphic Suite X5 programı yardımıyla skorlanmıştır. Herbir primer kombinasyonu sonucunda elde edilen beş adet 32'li jel görüntüsü yanyana getirilerek DNA ladder baz alınarak eşit bir şekilde skorlanmıştır. Varolan bantlar için '1', gözlemlenemeyen bantlar için '0' rakamı, varlığı şüpheli bantlar için ise '?' kullanılarak görüntüler sayısal hale getirilmiştir. Mesafe analizleri yapılan popülasyonların ve bireylerin dendrogramları ise TreeviewX version 0.5.0 (Page, 1996) programı vasıtasıyla görüntülenmiştir.



Şekil 3. 5. Örnek bir poliakrilamid jel elektroforez görüntüsü

4. BULGULAR

On dört primer kombinasyonu kullanılarak 150 bireyden seçilmiş 50 bp - 316 bp arasındaki bölgelerden elde edilen skorlama verileri Fingerprint Analysis with Missing Data -FAMD- (Schlüter vd., 2006) programına aktararak incelenen lokus sayısı, kayıp veri yüzdesi ve bireylerdeki kayıp veri oranı, popülasyonlardaki polimorfik bant sayılarının belirlenmesi ve yaklaşık yüzde değerlerinin hesaplanması, standart similarite, Bayesian allel frekans tahminleri, AMOVA (Analysis of Molecular Variance), (Excoffier vd., 1992) popülasyon-popülasyon mesafeleri, popülasyonlar için neighbour-joining dendrogram, tüm türler için neighbour-joining phylogram, tüm türler ve popülasyonlar için UPGMA dendrogramları, Shannon indeksi sonuçları, popülasyonların olası yeniden gruplandırılması için uygulanan frekans doğrulaması ve Principal Coordinate Analizleri gerçekleştirilmiştir.

Veri Matris İstatistikleri

Birey sayısı: 150 Loci: 2804 Kayıp veri: %6.64 Rastlanan toplam
polimorfik bant sayısı: 2073

Çizelge 4. 1. Bireylerdeki veri kaybı (%)

Uşak1 19.72 %	Çanakkale1 7.70 %	Bingöl2 17.76 %	Aydın5 1.14 %	İzmir13 9.81 %
Uşak2 23.97 %	Çanakkale2 19.72 %	Bingöl3 1.00 %	Aydın6 9.34 %	İzmir14 0.96 %
Uşak3 5.96 %	Çanakkale3 9.13 %	Bingöl4 1.18 %	Aydın7 1.28 %	Edirne1 0.75 %
Uşak4 1.28 %	Çanakkale4 1.07 %	Bingöl5 1.36 %	Aydın8 16.76 %	Edirne2 1.21 %
Uşak5 8.88 %	Çanakkale5 12.70 %	Bingöl6 8.81 %	Aydın9 9.31 %	Edirne3 8.67 %
Uşak6 8.38 %	Çanakkale6 0.86 %	Bingöl7 0.93 %	Denizli1 26.07 %	Edirne4 5.35 %
Uşak7 9.49 %	Konya1 6.24 %	Bingöl8 4.21 %	Denizli2 1.03 %	Edirne5 1.28 %
Uşak8 9.02 %	Konya2 8.88 %	Bingöl9 1.18 %	Denizli3 5.31 %	Edirne6 6.10 %
Uşak9 9.38 %	Konya3 14.48 %	Bingöl10 18.58 %	Denizli4 4.35 %	Edirne7 1.00 %
Uşak10 2.35 %	Konya4 1.14 %	Bingöl11 10.13 %	Denizli5 5.10 %	Edirne8 1.18 %
Uşak11 2.25 %	Antalya1 0.96 %	Bingöl12 15.12 %	Denizli6 1.07 %	Edirne9 4.46 %
Uşak12 1.71 %	Antalya2 1.46 %	Bingöl13 0.89 %	Denizli7 9.17 %	Edirne10 0.93 %
Uşak13 21.47 %	Antalya3 2.32 %	Bingöl14 1.21 %	Denizli8 8.06 %	Bursa1 0.68 %
Isparta1 9.59 %	Antalya4 1.71 %	Muğla1 1.07 %	Denizli9 1.07 %	Bursa2 12.16 %
Isparta2 13.80 %	Antalya5 1.68 %	Muğla2 1.89 %	Denizli10 15.09 %	Bursa3 12.77 %
Isparta3 6.88 %	Antalya6 1.36 %	Muğla3 2.14 %	Denizli11 1.43 %	Bursa4 10.52 %
Isparta4 9.63 %	Antalya7 1.57 %	Muğla4 16.76 %	Denizli12 9.66 %	Bursa5 0.86 %
Isparta5 8.63 %	Antalya8 10.31 %	Muğla5 9.06 %	Denizli13 7.60 %	Sakarya1 6.31 %
Isparta6 1.68 %	Tunceli1 0.86 %	Muğla6 1.71 %	İzmir1 0.96 %	Sakarya2 2.67 %
Isparta7 1.43 %	Tunceli2 23.36 %	Muğla7 8.10 %	İzmir2 1.03 %	Kocaeli1 25.75 %

Çizelge 4. 1. Bireylerdeki veri kaybı (%) (Devamı)

Kırşehir1 0.93 %	Tunceli3 1.36 %	Muğla8 0.75 %	İzmir3 9.59 %	Kocaeli2 1.57 %
Kırşehir2 1.00 %	Tunceli4 9.13 %	Muğla9 27.53 %	İzmir4 16.37 %	Kocaeli3 1.21 %
Kırşehir3 12.05 %	Tunceli5 1.00 %	Muğla10 1.07 %	İzmir5 7.74 %	Balıkesir1 1.64 %
Kırşehir4 17.01 %	Tunceli6 8.70 %	Muğla11 1.25 %	İzmir6 12.20 %	Balıkesir2 13.37 %
Kırşehir5 10.31 %	Tunceli7 8.27 %	Muğla12 0.82 %	İzmir7 1.25 %	Balıkesir3 22.57 %
Kırşehir6 1.82 %	Tunceli8 17.48 %	Muğla13 0.64 %	İzmir8 1.32 %	Balıkesir4 7.92 %
Kırşehir7 1.00 %	Tunceli9 9.70 %	Aydın1 7.70 %	İzmir9 10.84 %	Balıkesir5 1.39 %
Kırşehir8 1.11 %	Tunceli10 1.46 %	Aydın2 17.23 %	İzmir10 0.86 %	Balıkesir6 1.75 %
Kırşehir9 1.28 %	Tunceli11 0.82 %	Aydın3 9.81 %	İzmir11 7.99 %	Balıkesir7 1.53 %
Kırşehir10 9.56 %	Bingöl1 0.64 %	Aydın4 0.93 %	İzmir12 17.19 %	Balıkesir8 0.82 %

Popülasyonlar içerisindeki polimorfik bant sayıları ve yüzdeleri Ek-B Çizelge B.1’de verilmiştir. Popülasyon-popülasyon arası mesafe: Bayesian (non-uniform prior from among-population information) metoduna dayanan allel frekans tahminlerinden mesafe hesaplaması verileri Ek-B Çizelge B.2’de verilmiştir.

Popülasyonların standart Jaccard katsayısıyla hesaplanan mesafe sonuçları Ek-B Çizelge B.3’te verilmiştir.

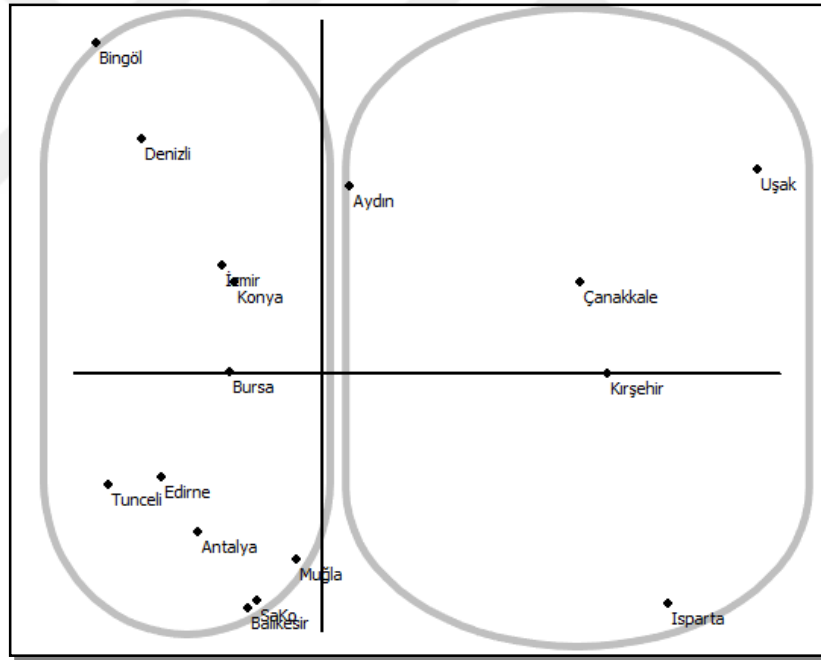
Popülasyonlar arası genetik mesafe (ϕ_{ST}) popülasyonlar içerisinde ve popülasyonlar arasında tüm ikili bireylerin Euclidean mesafelerinin hesaplanmasına dayanmaktadır. AMOVA bu mesafe hesaplarındaki varyans miktarını popülasyon içi ve popülasyonlar arası olmak üzere iki bileşene ayırır. AMOVA sonuçları Shannon çeşitlilik indeksi analizindekilerle örtüşür vaziyettedir (Wolff ve Morgan-Richards, 1999).

Çizelge 4.2. AMOVA sonuçları

Coefficient: Standard Jaccard. Distance Transformation: d=1-s.
Sum of Squared Deviation (AP)= 0.868678271, degrees of freedom (AP)= 15
SSD(WP)= 2.046925699, df(WP)= 134
SSD(T)= 2.915603970, df(T)= 149
Va= 0.004585646, %Var= 23.088452218 (Popülasyonlar arasında)
Vb= 0.015275565, %Var= 76.911547782 (Popülasyonlar içinde)
Vt= 0.019861211
ϕ_{ST} = 0.230884522 (500 randomizasyon)

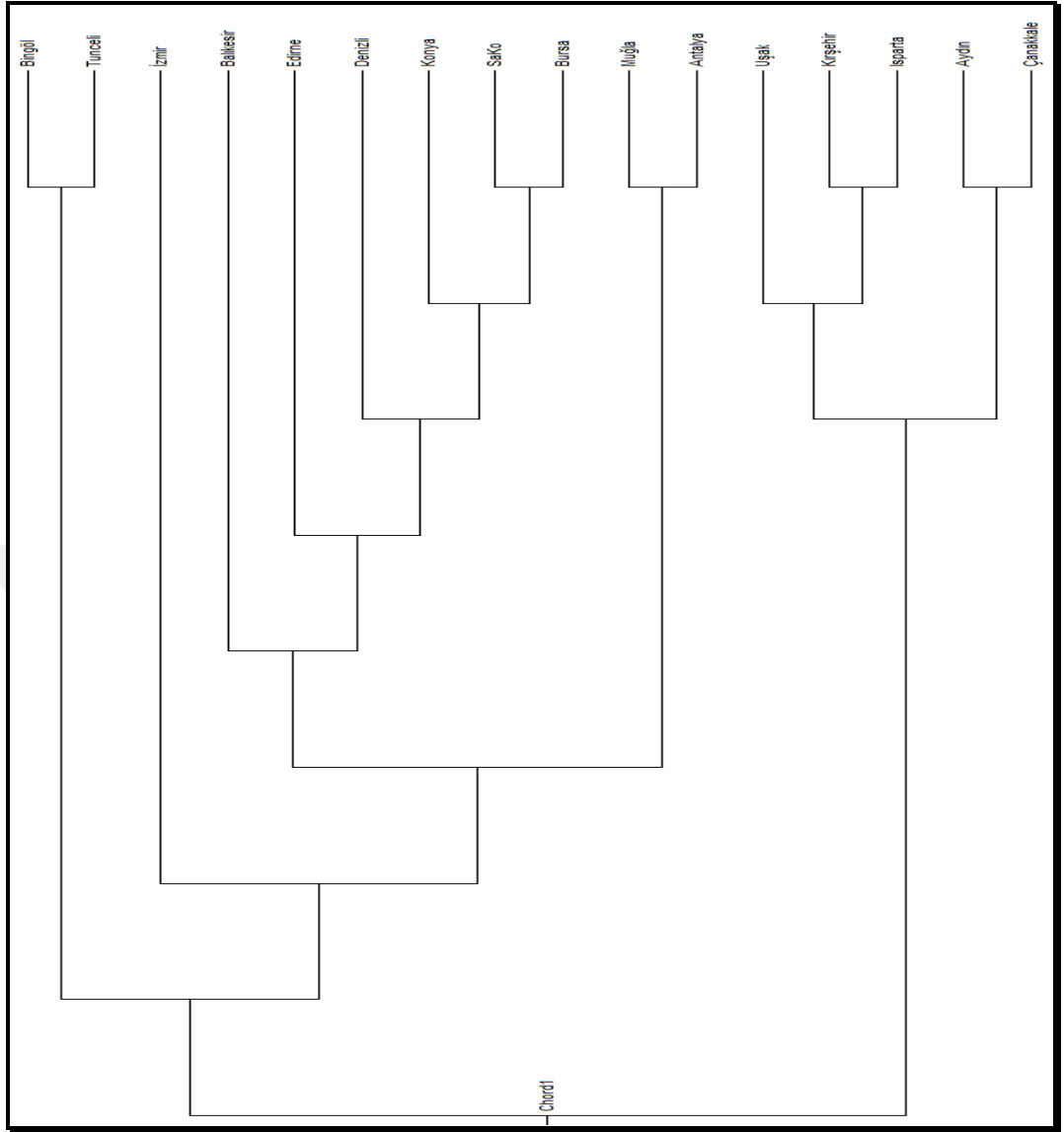
İkili ϕ_{ST} değerleri Ek-B Çizelge B.4’te verilmiştir.

Temel Koordinatlar Analizi (PCoA, = Çok Boyutlu Ölçeklendirme), verilerin benzerliklerini veya farklılıklarını arařtırmak ve görselleřtirmek için kullanılan bir yöntemdir. Benzerlik matrisiyle veya farklılık matrisiyle (= uzaklık matrisi) başlar ve her ögeye düşük boyutlu bir alanda, örneğin; 3D grafikler olarak görselleřtirir. PCoA, ana eksenleri bir matris aracılığıyla bulmaya çalışır. Bir tür özdeğer (eigenvalue) analizidir (bazen "tekil deęer ayrışması" olarak adlandırılır) ve bir dizi özdeğer ve özvektör hesaplar. Her bir özdeğer bir özvektöre sahiptir ve başlangıç matrisinde satırlar kadar özvektör ve özdeğer vardır. Sonuç, döndürülebilir bir veri matrisidir. Noktaların birbirlerine göre konumları deęiřtirmez, sadece koordinat sistemleri deęiřir. Dikkat edilmelidir ki Principal Component Analysis (PCA Temel bileřenler Analizi) benzerlikler için ve PCoA farklılıklar için kullanılır. Principal Coordinate Analizi verileri Şekil 4.1'de verilmiřtir.



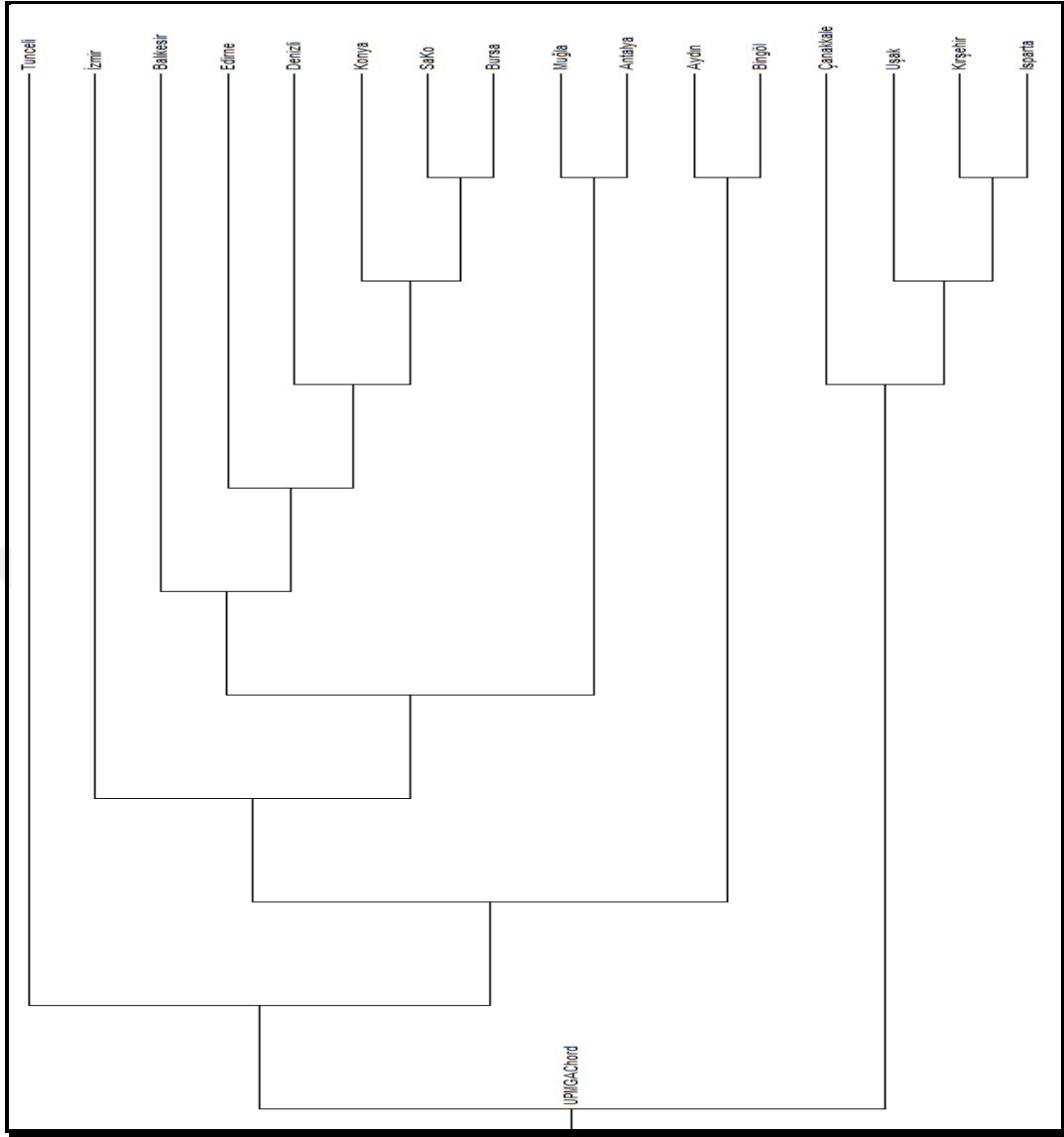
Şekil 4.1. Tüm popülasyonların PCoA verileri

İncelenen popülasyonlara ait neighbour joining tree verileri Şekil 4.2’de verilmiştir.



Şekil 4.2. Popülasyonların neighbour jioning tree verileri (bootstrapped x1000)

İncelenen popülasyonlara ait UPGMA verileri Şekil 4.3'te verilmiştir.



Şekil 4.3. Tüm popülasyonların UPGMA verileri

Tüm bireylere ait neighbour joining phylogramı ve dendrogram Ek-C Şekil C.1a ve Ek-C Şekil C.1b'de verilmiştir.

Tüm bireylere ait UPGMA dendrogramı Ek-C Şekil C.2'de verilmiştir.

Popülasyonların olası yeniden gruplandırılması için uygulanan frekans doğrulaması sonuçları Ek-B Çizelge B.5'te verilmiştir.

Shannon indeksindeki temel mantık, ne kadar farklı karakter olursa ve ilgilenilen dizi içindeki orantılı bollukları ne kadar eşitse, hangi karakterin bir sonraki sıradaki

karakter olacağını doğru bir şekilde tahmin etmenin de aynı oranda zor olmasıdır. Shannon entropisi, bu tahminde ortaya çıkan belirsizliğin (entropi veya sürpriz derecesi) miktarını belirlemektedir. Karakterlerin bolluğu ne kadar eşitsiz olursa, karşılık gelen Shannon entropisi o kadar küçük olacaktır. Veri kümesinde yalnızca bir tür olduğunda, Shannon entropisi tam olarak sıfıra eşittir (bir sonraki rastgele seçilen varlığın türünü öngörmeye belirsizlik yoktur). Log 2 tabanında Shannon indeksi sonuçları ve varyans/santard sapma sonuçlarına göre,

Veri matrisi başına frekans: $p(i) := \text{varolan}(i) / \text{varolan}(\text{verimatriksi})$

$I = 10.422442421$

$\text{var}(I) = 0.050792220$

santard sapma = 0.225371293

Nümerik değişkenlerin ya da grupların arasında istatistiki olarak anlamlı bir fark olup olmadığını test etmek, ya da ortalama değer varsayılan ya da öngörülen değerden farklı olup olmadığını tespit etmek için t-testi kullanılır. Popülasyonlar için Shannon indeksi sonuçları ve t-testi sonuçları sırasıyla Ek-B Çizelge B.6 ve Çizelge B.7'de verilmiştir.

Tüm primerlerin ortaya çıkardığı polimorfizm oranları Ek-B Çizelge B.8'de verilmiştir.

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Türkiye'nin beş farklı bölgesindeki 17 ili temsilen kışlaklardan toplanan ve DNA izolasyonu aşamasında miktar ve bulaşıklık bakımından dikkatle incelenen örnekler AFLP ön çalışmaları sonucunda seçilmiştir. Yüzelli erkek *E. austriaca* bireyi 14 primer kombinasyonu kullanılarak değerlendirmeye alınmıştır.

Morfolojik olarak tür oldukça değişken karakterlere sahiptir. Bu karakterlerin en göze çarpanları renklenme ve baş bölgesindeki formasyonlardır. Ek olarak erkek genitalinde de göze çarpan varyasyonlar mevcuttur. China (1938), İspanya'dan toplanan *E. austriaca* türündeki bu tip varyasyonlardan dolayı, yeni bir alttür grubunu *E. austriaca serabrai* olarak kaydetmiştir. Görsel olarak değerlendirilip tür altı kategoride yapılan bu taksonomik yanılısma daha sonra Rieger tarafından 2011 yılında düzeltilerek, *E. austriaca serabrai* olarak kaydedilen alttürün aslında sadece varyasyonel özelliklerden dolayı bir alttür kategorisine alındığını, fakat aslında türün gerçekte *E. austriaca* olması gerektiğini belirtmiştir. Bu düzeltme çalışması da yine görsel verilere dayanmaktadır. Tür ile ilgili herhangi bir genetik çalışma mevcut olmadığı gibi son yıllara kadar Scutelleridae familyasında da kayda değer bir genetik çalışma gerçekleştirilmemiştir.

AFLP ve RAPD gibi dominant markerler için veri analizi yöntemleri iki ana kategoriye ayrılabilir. Popülasyona dayalı yaklaşımlarda, popülasyon alel frekansları, genetik çeşitliliğin popülasyon içi ve popülasyonlar arası bileşenlerine ayrılmasının ölçüsünü elde etmek için karşılaştırılır. Buna karşılık, bireysel temelli yaklaşımlar analiz birimi olarak bireysel genotipleri kullanır. Gen akışı gibi popülasyon süreçlerine ilişkin çıkarımlar, neighbour joining tree gibi fenetik diyagramlarda görüldüğü gibi, bireyler arasındaki karşılıklı ilişkilere dayanmaktadır. Neighbour joining analizlerinde, popülasyon genetik yapısının dominant verileri ağaç şeklinin önemli bir belirleyicisi olmasına rağmen, incelenen lokus sayısının da topolojiyi etkilediği bilinmektedir. Bu nedenle, ağaç topolojisi ile popülasyonların genetik yapılanmasının kapsamı arasındaki ilişki, baskın lokusların sayısına bağlı olarak belirlenmektedir (Hollingsworth ve Ennos, 2004).

Kullanılan AFLP primerleri selektif nükleotidlerinin kombinasyonu ile tüm popülasyonlarda incelenmek üzere toplam 2804 lokus ortaya çıkarmıştır. Tüm bireylerde %6.64'lük bir veri kaybı, skorlamalar manuel olarak gerçekleştirildiğinden ve poliakrilamid jelin koşturulmasındaki maddi hatalardan kaynaklı olarak karşımıza çıkmıştır. En çok kayıp %27.53 ile Muğla9, en az kayıp ise %0.68 ile Bursa1 örneğinde gerçekleşmiştir. FAMD programının standart kayıp veri protokolü kullanılarak analizler gerçekleştirilmiştir (ReplaceMissingData %50).

Tüm popülasyonlar içerisinde toplam polimorfik bant sayısı 2073 adettir. Popülasyonlar içerisinde yüzde polimorfizm oranı en yüksek olan Uşak'tır (%45.4). En düşük polimorfizm oranı Bursa'da (%17.7) karşımıza çıkmıştır. Oldukça farklı iki uçtaki bu değerler, farklı iki grubun ortaya çıkabileceğini düşündürmektedir. Amerika'da 2011 yılında gerçekleştirilen bir çalışmada Chandra ve diğerleri *Blissus insularis* (Heteroptera: Blissidae) Teksas ve Florida popülasyonları içerisinde oldukça yüksek (%97), popülasyonlar arasında ise düşük oranda (%3) polimorfizm gözlemişlerdir. Bu durum bölgelere bağlı belirgin bir farklılığın olmadığı sonucuna varmalarına neden olmuştur.

Son yıllarda, çok çeşitli değişkenli veri dizilerinin sistematik biyolojide, hem taksonomik hem de biyo-topluluksal (biyocoğrafik, ekolojik, paleoekolojik ve biyostratigrafik) yorumlar için kullanımı artmıştır. Birimleri oluşturan örneklerin veya vakaların sayısı veya onları tanımlayan niteliklerin sayısı büyükse, birimler arasında yeterli karşılaştırma, benzerlik veya farkın sayısal katsayılarına bağımlı hale gelir. İkili verilerle tanımlanan birimler arasındaki benzerlik veya fark ilişkisini ifade eden katsayılar, mevcut olan veya olmayan özellikler gibi verilerin çok fazla oluşu, sistematik biyolojide özellikle önemlidir (Cheetham ve Hazel, 1969). Benzerlik ve mesafeleri ölçmek, kümeleme, sınıflandırma ve benzeri birçok problemde kritik bir rol oynar. Jaccard 1901'de ekolojik türlerin sınıflandırılması için benzerlik ölçütü önerdiğinden beri, çeşitli alanlarda çok sayıda ikili benzerlik ve mesafe ölçümü önerilmiştir. Toplanan değerler arasındaki benzerliği tahmin etmek için hiyerarşik kümeleme yapılır. İki ölçü arasındaki korelasyon katsayısı değerleri bir dendrogram oluşturmak için kullanılır (Choi vd., 2010). İncelenen popülasyonlar arasında en yüksek mesafe değeri Kırşehir ile Muğla arasındaki (0.40) en düşük değer ise Konya ile Bursa arasındaki (0.14) mesafe olarak hesaplanmıştır.

Moleküler Varyans Analizi (AMOVA), popülasyon farklılaşmasını doğrudan moleküler verilerden tahmin etme ve bu farklılaşma ile ilgili hipotezleri test etme yöntemidir. Çeşitli moleküler veriler - moleküler marker verileri (örneğin, RFLP veya AFLP), doğrudan sekans verileri veya bu tür moleküler verilere dayalı filogenetik ağaçlar - bu yöntem kullanılarak analiz edilebilir (Excoffier vd., 1992). AMOVA verilerinin ışığında popülasyonlar arasında %23'lük, popülasyonlar içinde ise %77'lik bir genotipik varyasyon olduğunu görmekteyiz. Chandra vd., 2011 popülasyonlar içerisinde %95 ve popülasyonlar arasında %3'lük bir varyasyon tespit etmiş bu durum araştırmacıların incelediği popülasyonlar arasındaki farklılığın ne kadar az olduğunu göstermektedir. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma miktarının az olması genellikle yeterli gen akışı varlığıyla yani popülasyonlar arasında göçün varlığı ve seçim veya genetik sürüklenmenin etkisinden uzak olduğu aynı zamanda dengede olduğu şeklinde yorumlanmaktadır. Aksi durumlarda bir bariyer veya yüksek dozlarda ve sıklıkta kullanılan zirai ilaçların etkisinin ve farklı konukçuların da içerisinde değerlendirilebileceği (Suinaga vd., 2004) farklılaştırıcı seçim baskısından bahsetmek mümkün olmaktadır. Genetik çeşitlilik indekslerinden F_{ST} analogu olan ϕ_{ST} 0.23 değeriyle alleller arasındaki çeşitliliğin popülasyonlara yansımaları göstermektedir. İkili ϕ_{ST} değerleri içerisinde Kırşehir popülasyonunun istatistiki olarak önemli ve negatif değeri (-1.02) mutasyonların önemli ölçüde fazlalığı ve popülasyonun ani bir genişleme altında olabileceğini düşündürmektedir. Benzer bir durum Porretta ve diğerlerinin 2007'de *Ochlerotatus caspius* (Pallas, 1771) (Diptera: Culicidae) popülasyonlarıyla mücadele amacıyla hazırlamış olduğu çalışmasının F istatistiği sonuçlarında karşılaşılmıştır.

Neighbour joining dendrogram (Bootstrapped x 1000) verilerine göre tüm popülasyonlar iki gruba ayrılmaktadır. Bazı coğrafi pozisyonlar, muhtemel coğrafi göç yolları nedeniyle veya bariyer etkisinden kaynaklı olabileceği tahmin edilen karışık bir tablo sergilemiştir. Bu duruma etki eden diğer muhtemel bir faktörün de tarım faaliyetleriyle başka bölgelerden zararlıların taşınımı olabileceği düşünülmektedir. Zira ülkemizde 1930'lu yıllara kadar tohumluk hububat desteği veya sertifikasyon sistemi olmayışı hasadı yapılan böceklerle bulaşık ürünlerin başka bölgelere taşınmasının önünü açmış olabilir.

UPGMA verileri Bingöl ve Aydın illerinin pozisyonu hariç neighbour joining verileriyle örtüşmektedir. Tunceli, İzmir, Balıkesir, Edirne, Denizli, Konya, Sakarya/Kocaeli, Bursa, Muğla, Antalya, Aydın ve Bingöl bir grupta, Çanakkale, Uşak, Kırşehir, Isparta bir diğer grupta kümelenmiştir.

Tüm bireylere ait neighbour joining phylogramı verileri her ne kadar popülasyonlardaki tüm bireyler aynı şartları sağlamasa da Marmara Bölgesi'ndeki popülasyonlardan Bursa popülasyonu en eski popülasyon olarak gözükmekle birlikte Ege Bölgesi popülasyonları ve Doğu Anadolu Bölgesi popülasyonları İç Anadolu Bölgesi popülasyonlarından daha eski gözükmektedir. Bazı İç Anadolu Bölgesi, Ege ve Marmara Bölgesi popülasyonu bireyleri diğer bireylere göre daha sonraki bir dönemde ortaya çıkmış olabilir.

Tüm bireylere ait UPGMA dendrogramında iki grup kümelenmesi gözükmektedir. Uşak³, Çanakkale⁵, Bingöl⁸, Denizli⁴ ve Edirne⁹ bireylerinin oluşturduğu grup coğrafi bağlamda anlamlandırılmamıştır.

PCoA sonuçlarına göre, incelenen tüm popülasyonlar iki grupta toplanma eğilimindedir. Bu gruplardan ilki Bingöl, Denizli, İzmir, Konya, Bursa, Edirne, Tunceli, Antalya, Muğla, Sakarya/Kocaeli ve Balıkesir illerinin yer aldığı popülasyonlar, ikinci grup ise Aydın, Uşak, Çanakkale, Kırşehir ve Isparta illerini kapsamaktadır. Bu grupların oluşumu ve etki eden etmenlerin araştırılması için yeterli veri bulunmadığından dolayı herhangi bir yorum yapılmamıştır.

Popülasyonların olası köken gruplarına yeniden yerleştirilmesi için uygulanan frekans doğrulaması sonuçlarında kökenleri en az değişen popülasyonun Kırşehir popülasyonu olduğu, Tunceli, Bingöl ve Muğla popülasyonlarının da kökenlerinin en az değişim gösterdiği düşünülmektedir.

Çeşitlilik endeksi, bir veri setinde kaç farklı tür bulunduğunu yansıtan ve aynı zamanda temel türlerin (bireyler gibi) bu gruplar arasında tam olarak nasıl dağıldığını dikkate alan nicel bir ölçüdür. Çeşitlilik endeksleri topluluk kompozisyonu hakkında basitçe tür zenginliğinden daha fazla bilgi sağlar ayrıca, farklı türlerin göreceli bolluklarını da dikkate alır. Shannon endeksi ekolojik literatürde popüler bir çeşitlilik indeksi

olmuştur; Shannon'un çeşitlilik endeksi, Shannon-Wiener endeksi, Shannon-Weaver endeksi ve Shannon entropisi olarak da bilinir (Spellerberg ve Fedor, 2003). Shannon indeksi sonuçları AMOVA sonuçlarıyla uyumludur. Uşak= 10.33, Tunceli= 10.01, Denizli= 10.06, İzmir= 10.07 yüksek Shannon çeşitlilik analizi sonuçları popülasyonların entropisinin veya çeşitliliğinin yüksek olduğunu bunun da sebebini dağılımın düşük saflık derecesinde olmasına bağlamaktadır.

İki topluluk verisi örneklerinden her biri için bir çeşitlilik endeksi hesaplayabilirsiniz. Bununla birlikte, iki endeks değerini klasik hipotez testlerini kullanarak karşılaştıramazsınız çünkü çoğaltılmış verileriniz yoktur. Hutcheson t-testi, iki numuneyi karşılaştırmanın bir yolunu sunan klasik t-testinin değiştirilmiş bir versiyonudur. Shannon indeksine dayalı t-testi sonuçlarında ikili olarak FAMD programının belirlediği popülasyonlar karşılaştırılmış, sonuçta Uşak popülasyonu dikkat çekici bir şekilde diğer popülasyonlardan farklı bulunmuştur.

En yüksek polimorfizm oranını (%86.8) elde ettiğimiz reaksiyonda kullanılan primer çifti *EcoRI* ATT – *MseI* CGG'dir. En düşük polimorfizm oranını (%53.9) elde ettiğimiz reaksiyonda kullandığımız primer çifti ise, *EcoRI* ACC – *MseI* CCC'dir.

KAYNAKLAR

- Abbas, H. (1990). *Türkiye'deki Eurygaster Lap. (Heteroptera: Scutelleridae) Türleri Üzerinde Sistemik Araştırmalar*. (Yüksek Lisans Tezi. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü).
- Ali, L., El Bouhssini, M., Udupa, S., Baum, M. & Nayef Al-Salti, M. (2010). Genetic Variation Among Sunn Pest *Eurygaster integriceps* Put. Populations in Some Countries of West and Central Asia. *Arab Journal of Plant Protection*, 28, 1-8.
- Altınayar, G. (1981). Orta Anadolu Bölgesi tahıl alanlarındaki böcek faunasının saptanması üzerine çalışmalar. *Bitki Koruma Bülteni*, 21, 2, 53-58.
- Anonim, (2019). *Pest and Diseases Image Library*. *Bugwood.org* <https://www.invasive.org/browse/subthumb.cfm?sub=61046&view=20&fam=451> (Son erişim tarihi: 01.06.2019).
- Aquadro, C.F., Deese, S.F., Bland, M.M., Langley, C.H. & Laurie Ahlberg, C.C. (1986). Molecular population genetics of the alcohol dehydrogenase gene region of *Drosophila melanogaster*. *Genetics*, 114, 1165–1190.
- Aukema, B. & Rieger, C. (2006). *Catalogue of the Heteroptera of the Palearctic Region*. Volume 1: Enicocephalomorpha, Dipsocoromorpha, Nepomorpha, Gerromorpha and Leptopodomorpha, 222 pp; volume 2: Cimicomorpha I, 360 pp.; volume 3: Cimicomorpha II, 576 pp.; volume 4: Pentatomomorpha I, 346 pp.; volume 5: Pentatomomorpha II, 550 pp. Netherlands Entomological Society, Amsterdam.
- Avise, J.C. (2004). *Molecular Markers, Natural History, and Evolution*. Chapman & Hall, London.
- Barman, A.K., Sansone, C.G., Parajulee, M. N. & Medina, R. F. (2013). Population Genetic Structure of *Pseudatomoscelis seriatus* (Hemiptera: Miridae) in the Cotton-Growing Regions of the United States. *Journal of Economic Entomology*, 106, 5, 2225-2233, DOI: <http://dx.doi.org/10.1603/EC12520>.
- Barrett, R. D. H., Rogers, S. M., & Schluter, D. (2008). Natural selection on a major armor gene in threespine stickleback. *Science*, 322, 255–257.
- Beaumont, M. A. & Balding, D. J. (2004). Identifying adaptive genetic divergence among populations from genome scans. *Molecular Ecology*, 13, 969–980.
- Bliven, B. P. (1956). *New Hemiptera from the western states with previously described species and new synonymy in the Psyllidae*. Eureka, California, U.S.A. 27 pp.
- Bliven, B. P. (1962). Contributions to a knowledge of the Scutelleridae I: on the identity of *Eurygaster minidoka*. *Occidental Entomology*, 1, 66–67.

- Brown, E. S. (1962). Researches on the ecology and biology of *Eurygaster integriceps* Put. (Hemiptera, Scutelleridae) in Middle East countries, with special reference to the overwintering period. *Bulletin of Entomological Research*, 53, 445–514.
- Brown, E. S. & Eralp, M. (1962). The distribution of the species of *Eurygaster* Lap. (Hem., Scutelleridae) in Middle East countries. *The Annals and Magazine of Natural History*, 13, 5, 65–81.
- Candan, S., Suludere, Z. & Güllü, M. (2011). Description of spermatheca and eggs of *Eurygaster austriaca* (Schrank, 1778) (Heteroptera: Scutelleridae), based on optical and scanning electron microscopy. *Turkish Journal of Zoology*, 35, 5, 653-662.
- Cassis, G. & Gross, G. F. (2002). Hemiptera: Heteroptera (Pentatomomorpha). In *Zoological Catalogue of Australia*. 27.3B CSIRO, Melbourne, Australia. pp737.
- Cassis, G. & Gross, G. F., 1995. Hemiptera: Heteroptera (Coleorrhyncha to Cimicomorpha). In *Catalogue of Australia*. 27.3A CSIRO, Melbourne, Australia. pp. 506.
- Cassis, G., Wall, M. A. & Schuh, R. T. (2006). Insect biodiversity and industrialising the taxonomic process: the plant bug case study (Insecta: Heteroptera: Miridae). In *Reconstructing the Tree of Life. Taxonomy and Systematics of Species Rich Taxa*. CRC Press, Boca Raton, Florida. pp. 193–212.
- Cervera, M. T., Cabezas, J. A., Simón, B., Martínez-Zapater, J. M., Beitia, F. & Cenis, J. L. (2000). Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bulletin of Entomological Research*, 90, 391–396.
- Chandra, A., Reinert, J. A., LaMantia, J., Pond, J. B. & Huff, D. R. (2011). Genetic variability in populations of the southern chinch bug, *Blissus insularis*, assessed using AFLP analysis. *Journal of Insect Science*, 11, 1-10.
- Charlesworth, B. & Charlesworth, D. (2016). Population genetics from 1966 to 2016. *Heredity*, 118, 2–9. doi:10.1038/hdy.2016.55.
- Cheetham, A. & Hazel, J. (1969). Binary (Presence-Absence) Similarity Coefficients. *Journal of Paleontology*, 43, 5, 1130-1136.
- Chen, H., He, R., Wang, Z. L., Wang, S. Y. Chen, Y., Zhu, Z. C. & Chen, X. (2015). Genetic diversity and variability in populations of the white wax insect *Ericerus pela*, assessed by AFLP analysis. *Genetics and Molecular Research*, 14, 17820-17827. DOI: 10.4238/2015.December.22.6.
- China, M. A. (1938). A new subspecies of *Eurygaster austriacus* (Schrk) (Hemiptera: Heteroptera Scutelleridae). *Memorias de Estudos do Museu Zoologico do Universidade de Coimbra*, 1, 111, 1-4.

- Choi, S. S., Cha, S. H., & Tappert, C. C. (2010). A survey of binary similarity and distance measures. *Journal of Systemics, Cybernetics and Informatics*, 8,1, 43-48.
- Cullings, K. W. (1992). Design and testing of a plant-specific PCR primer for ecological and evolutionary studies. *Molecular Ecology*, 1,233-240.
- Deng R. Q., Wang J. W., Chen Z. Y., Jia F. L. & Wang X. Z. (2005). A preliminary phylogeny of the Pentatomomorpha (Hemiptera: Heteroptera) based on nuclear 18S rDNA and mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 37, 2, 313-326. doi: 10.1016/j.ympev.2005.07.013.
- Dobzhansky, T. (1955). A review of some fundamental concepts and problems of population genetics. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology* 20, 1-15.
- Dolling, W. R. (1972). A new species of *Dicyphus* Fieber (Hem., Miridae) from southern England. *Entomologist's Monthly Magazine*, 107, 244-245.
- Doyle, J. J. & Dickson. E. E. (1987). Preservation of plant samples for DNA restriction endonuclease analysis. *Taxon*, 36, 715-722.
- Doyle, J. J. & Doyle. J. L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemistry Bulletin*, 19, 11-15.
- Dörtbudak, Y. (1974). *Güneydoğu Anadolu'da Eurygaster Türleri Tanınmaları, Yayılış Alanları ve Populasyon Yoğunlukları Üzerinde Araştırmalar*. Ziraî Mücadele Ziraî Karantina Genel Müdürlüğü Araştırma Eserleri Serisi, Yenigün Matbaası, 40s.
- Dörtbudak, Y., Koyuncu, N., Memişoğlu, H. & Melan, K. (1978). Orta Anadolu'da Süne (*Eurygaster*) türleri ve yoğunlukları üzerinde araştırmalar. 104.654 E Projesi Nihai Raporu.
- Excoffier, L., Smouse, P. E. & Quattro, J. M. (1992). Analysis of Molecular Variance Inferred From Metric Distances Among DNA Haplotypes: Application to Human Mitochondrial DNA Restriction Data. *Genetics*, 131. 479-91.
- Fan, Q., Zhu, G. L., Sun, X. G., Cai, H. B., Lian, Z. M. & Wang, Q. R. (2010). AFLP analysis on genetic diversity of physic-edible *Aspongopus chinensis* Dallas. *Medicinal Plant*, 1,12, 42-44.
- Fedotov, D. M. (1960). *The Noxious Pentatomid Eurygaster integriceps Put.* Vols. I-IV. (Vol. I, 272 pp., 1947; Vol. II, 271 pp., 1947; Vol. III, 278 pp., 1955; Vol. IV, 239 pp., Moscow. Akademii Nauk U.S.S.R.
- Felsenstein, J. (1982). How can we infer geography and history from gene-frequencies? *Journal of Theoretical Biology*, 96, 9-20.

- Ford, E. B. (1975). *Ecological Genetics* (4th eds.). Chapman and Hall: London.
- Froeschner, R. C. (1988). Family Scutelleridae Leach, 1815. The shield bugs. In *Catalog of the Heteroptera, or True Bugs, of Canada and the Continental United States*. E. J. Brill, Leiden, the Netherlands. pp. 684–693.
- Fu, Y. X. (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147,2, 915-925.
- Gaffour-Bensebbane, C. (1981). Les punaises des blés en Algérie. *Bulletin EPPO*, 11,2, 33–38.
- Gillespie, J. (2004). *Populations Genetics: A Concise Guide*, 2nd eds. Johns Hopkins University Press, Baltimore, Maryland.
- Gompert, Z., Forister, M. L., Fordyce, J. A., Nice, C. C., Williamson R. J. & Buerkle, C. A. (2010). Bayesian analysis of molecular variance in pyrosequences quantifies population genetic structure across the genome of *Lycaeides* butterflies. *Molecular Ecology*, 19, 2455–2473.
- Govindaraj, M., Vetrinetta & M., Srinivasan, M. (2015). Importance of Genetic Diversity Assessment in Crop Plants and Its Recent Advances: An Overview of Its Analytical Perspectives. *Genetics Research International*, 7,3,14.
- Göllner-Scheiding, U. (2006). Family Scutelleridae Leach, 1815 – shield bugs. In *Catalogue of the Heteroptera of the Palaearctic Region*. Volume 5. Pentatomomorpha II. Netherlands Entomological Society, Amsterdam. Pp. 190–227.
- Gözüaçık, C. (2012). Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Scutelleridae (Hemiptera) faunası üzerinde araştırmalar. *Bitki Koruma Bülteni*, 52,4, 313-323.
- Grazia, J., Schuh, R. T. & Wheeler, W. C., 2008. Phylogenetic relationships of family groups in Pentatomidea based on morphology and DNA sequences (Insecta: Heteroptera). *Cladistics*. 24, 932–976.
- Guillot, G., & Santos, F. (2010). Using AFLP markers and the Geneland program for the inference of population genetic structure. *Molecular Ecology Resources*, 10, 1082–1084.
- Hedrick, P. (2005). *Genetics of Populations*, 3rd edition. Jones and Bartlett Publishers, Sudbury, Massachusetts, USA.
- Henry, T. J. & Froeschner, R. C. (1988). *Catalog of the Heteroptera, or True Bugs, of Canada and the Continental United States*, E. J. Brill, Leiden and New York. 958pp.
- Henry, T. J. (2009). Biodiversity Of Heteroptera. In *Insect Biodiversity: Science and Society* Blackwell Publishing Ltd. ISBN: 978-1-405-15142-9. pp 223-263.

- Hollingsworth, P. M. & Ennos, R. A. (2004). Neighbour joining trees, dominant markers and population genetic structure. *Heredity*, 92,6, 490-498.
- Jaccard, P. (1901). étude Comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et des Jura. *Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles*, 7, 547-579.
- Javahery, M. (1967). *The biology of some Pentatomidea and their egg parasites*. (Ph.D. thesis, University of London, London, U.K. pp 475.
- Javahery, M. (1978). Management of economically important Pentatomidea in Iran. *Antenna, Bulletin of the Entomological Society of London*, 2, 74.
- Javahery, M. (1992). *Economic importance and application of IPM for controlling Sunn pests*. Proceedings of Sunn Pests Conference, Tehran. Pp. 43–48.
- Javahery, M. (1995). A technical review of sunn pests (Heteroptera: Pentatomidea) with special reference to *Eurygaster integriceps* Puton. FAO, Regional. Office for the Near East, Cairo, Egypt. 80 pp.
- Javahery, M. (1996). Sunn pest of wheat and barley in the I. R. of Iran; chemical and cultural methods of control. Pp. 61–74, In R. H. Miller and J. G. Morse [eds.], *Sunn Pest and Their Control in the Near East*. FAO Publication No. 138. Rome, Italy. 165 pp.
- Javahery, M., Schaefer, C. W. & Lattin, J. D. (2000). Shield bugs (Scutelleridae). In *Heteroptera of Economic Importance*. CRC, Boca Raton, Florida. Pp. 475–503.
- Kavar, T., Pavlovčič, P., Sušnik, S., Meglič V. & Virant-Doberlet, M. (2006). Genetic differentiation of geographically separated populations of the southern green stink bug *Nezara viridula* (Hemiptera: Pentatomidae). *Bulletin of Entomological Research*, 96, 117–128. DOI: 10.1079/BER2005406.
- Kavut, H. & Derin, A. (1991). Ege Bölgesi'nde Süne(*Eurygaster* spp. Hemiptera :Scutelleridae) türlerinin, mücadeleye esas biyolojik kriterlerinin tespiti ve doğal düşmanları üzerinde araştırmalar. BK/96/01/05/109 Nolu proje 1991 yılı gelişme raporu, 11s.
- Kil, V. V., Gronin, D.V., Krutenko, V. & Ismailov, Y. (2008). About DNA Polymorphism Of Different Bug Species (Hemiptera) With RAPD Markers. *Agricultural Biology*, 1, 70-76.
- Kimura, M. & Crow, J. F. (1964). The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*, 49, 725–738.
- Kneeland, K., Coudron, T. A., Lindroth, E., Stanley, D. & Foster, J. E. (2012). Genetic variation in field and laboratory populations of the spined soldier bug, *Podisus maculiventris*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, DOI: 10.1111/j.1570-7458.2012.01239.x

- Koçak, E. & Babaroğlu, N. (2005). Orta Anadolu Bölgesi kışlaklarındaki *Eurygaster* (Heteroptera: Scutelleridae) türleri. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 29, 4, 301–307.
- Koçak, E., Bilginturan, S., Kaya, E., Gözüaçık, C., Babaroğlu, N., İslamoğlu, M., Çetin, G. & Tülek, A. (2014). *Türkiye Hububat Alanlarındaki Süne (Eurygaster spp.) Türlerinin Dağılımı*. Türkiye V. Bitki Koruma Kongresi, 115, 3-5 Şubat 2014, Antalya.
- Koçak, E., Çetin, G. & Hantaş, C. (2007). Güney Marmara İlleri Hububat Alanlarındaki Süne (*Eurygaster* spp., Heteroptera, Scutelleridae) Türleri ve Mücadele Durumu. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21,1, 43–50.
- Kreitman, M. (1983). Nucleotide polymorphism at the alcohol dehydrogenase locus of *Drosophila melanogaster*. *Nature*, 304, 412–417.
- Langley, C. H., Montgomery, E. A. & Quattlebaum, W. F. (1982). Restriction map variation in the *Adh* region of *Drosophila*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 79, 5631–5635.
- Lattin, J. D. (1964). *The Scutellerinae of America north of Mexico (Hemiptera: Heteroptera: Pentatomidae)*. (Ph.D. dissertation, University of California, Berkeley, California, U.S.A. 350 pp).
- Lewontin, R. C. (1974). *The Genetic Basis of Evolutionary Change*. Columbia University Press: New York, NY, USA.
- Lodos, N. (1981). Pentatomid pests of wheat in Turkey. *EPPO Bulletin*, 11, 9–12.
- Lodos, N. (1986). *Turkey Entomology II. General, Applied and Faunistic*. Ege University, Agriculture Faculty Publications, No: 429, Bornova, 580 p.
- Lodos, N., Önder, F., Pehlivan, E., Atalay, R., Erkin, E., Karsavuran, Y., Tezcan, S. & Aksoy, S. (1998). *Faunistic Studies on Pentatomidea (Plataspidae, Acanthosomatidae, Cydnidae, Scutelleridae, Pentatomidae) of Western Black Sea, Central Anatolia and Mediterranean Regions of Turkey*. E. Ü. Basımevi, Bornova-İzmir, 75s.
- Martin, H. E., Javahery, M. & Radjabi, G. (1969). Note sur la punaise des céréales *E. integriceps* Put. et de ses parasites du genre *Asolcus* en. *Journal of Applied Entomology and Phytopathology*, 28, 38–46.
- McPherson, J. E. & McPherson, R. M. (2000). *Stink Bugs of Economic Importance in America North of Mexico*. CRC Press, Boca Raton, Florida. 253 pp.
- McPherson, J. E. (1982). *The Pentatomidea (Heteroptera) of Northeastern North America with Emphasis on the Fauna of Illinois*. Southern Illinois University Press, Carbondale, Illinois, U.S.A. 240 pp.

- Miller, R. H. & More, J. G. (eds.) (1996). Sunn pests and their control in the Near East. FAO Publication No. 138. Rome, Italy. 165 pp.
- Mitchell, P. L. (2000). Leaf-footed bugs (Coreidae), In *Heteroptera of Economic Importance*. Boca Raton, CRC Press, pp. 337-403.
- Mohaghegh, J., Esmaili, M. & Bagheri-zonouz E. (1991). A systematic review of genus *Eurygaster Laporte* (Heteroptera: Scutelleridae). Proceedings of Tenth Plant Protection Congress, Iran. Kerman, p. 66.
- Mustafa, F., Ullah, M., Kneeland, K., Coudron, A. T., Stanley, D., Hoback, W., Skoda, S., Molina-Ochoa, J. & Foster, J. (2014). Genetic Variability of Spined Soldier Bugs (Hemiptera: Pentatomidae) Sampled From Distinct Field Sites and Laboratory Colonies in the United States. *Florida Entomologist*. 97. 1631-1639. 10.1653/024.097.0437.
- Nei, M. (1973). Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70, 12, 3321-3323.
- Nielsen, R. (2005). Molecular signatures of natural selection. *Annual Review of Genetics*, 39, 197–218.
- Owusu-Manu, E. (1977). Distribution and abundance of the cacao shield bug *Bathicoelia thalassina* (Hemiptera: Pentatomidae) in Ghana. *Journal of Applied Ecology*, 14, 331-341.
- Öncüer, C. & Kıvan, M. (1995). Tekirdağ ve çevresinde *Eurygaster* Lap. (Heteroptera: Scutelleridae) türleri, tanınmaları, yayılışları ve bunlardan *Eurygaster integriceps* Put.'in biyolojisi ve doğal düşmanları üzerinde araştırmalar. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 19, 4, 223-230.
- Özkan, M., Babaroğlu, N. E., Gökdoğan, A., Kan, M. & Koçak, E. (2017). Orta Anadolu Bölgesi'nde buğdayda Avrupa Sünesi (*Eurygaster maura* L. Hemiptera: Scutelleridae)'nin neden olduğu ürün kayıpları ve ekonomik zarar eşliğinin belirlenmesi. *Bitki Koruma Bülteni*, 57, 2, 137 - 203.
- Page, R. D. M. (1996). TREEVIEW: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*, 12, 357–358.
- Panizzi, A. R. (1997a). Wild hosts of pentatomids: ecological significance and role in their pest status on crops. *Annual Review of Entomology*, 42, 99–122.
- Panizzi, A. R. (1997b). *Entomofauna changes with soybean expansion in Brazil*. Proceedings of World Soybean Research Conference V, Chiang Mai, 1994. Bangkok, Kasetsart University Press, 166-169.
- Panizzi, A. R. (1997c). Dynamics in the insect fauna adaptation to soybean in the tropics. *Trends in Entomology*, 1, 71–88.

- Panizzi, A. R. (1997d). A expansão da agricultura no centro-oeste brasileiro e os surtos recentes do percevejo-castanho. *Revista Plantio Direto* Julho/Agosto 1997, 27–28.
- Patterson, N., Richter D. J., Gnerre, S., Lander, E. S. & Reich, D. (2006). Genetic evidence for complex speciation of humans and chimpanzees. *Nature*, 441, 1103–1108.
- Paulian, F., & Popov, C., (1980). *Wheat documenta*. Pp. 69–74 in CIBA-GEIGY Ltd., Basel, Switzerland.
- Polhemus, J. T. & Polhemus, D. A. (2008). Global diversity of true bugs (Heteroptera; Insecta) in freshwater. *Hydrobiologia*, 595, 379–391.
- Popov, C. (1972). Cercetări privind aria de răspindire intensitatea atacului la *Eurygaster* Lap. in România. *An, Ser C Amelior Genet Fiziol Teh Agric Inst Cercet Pentrucereal Plant Teh Fundulea*, 38, 77–90.
- Porretta, D., Canestrelli, D., Bellini, R., Celli, G. & Urbanelli, S. (2007) Improving Insect Pest Management through Population Genetic Data: A Case Study of the Mosquito *Ochlerotatus caspius* (Pallas). *Journal of Applied Ecology*, 44, 682–691.
- Puton, J.-P. A. (1881). Enumeration des Hemipteres recoltés en Syrie par M. Abeille de Perrin avec la description de especes nouvelles. *Mitteilungen der Schweizerischen Entomologischen Gesellschaft*, 6, 119-129.
- Putschkov, V. G. (1961). *Fauna of Ukraine. Shieldbugs*, Vol. 21, Ac. Sci. U.K. SSR. Kiev, Ukraine, U.S.S.R. 338 pp.
- Putschkov, V. G. (1965). Shieldbugs of Central Asia. In *Catalog of the Heteroptera, or True Bugs, of Canada and the Continental United States*. E. J. Brill, Leiden, the Netherlands. 329 pp.
- Reineke, A., Karlovsky, P. & Zebitz, C. P. W. (1998). Preparation and purification of DNA from insects for AFLP analysis. *Insect Molecular Biology*, 7, 95-99.
- Rieger, C. H. (2011). What is *Eurygaster austriaca seabrai* China, 1938 (Hemiptera: Heteroptera: Scutelleridae)? *Heteropterus Revista de Entomologia*, 11,2, 339-343.
- Schaefer, C. W. (1998). Phylogeny, systematics, and practical entomology: the Heteroptera (Hemiptera). *Annals of the Entomological Society of Brasil*, 27, 499–511.
- Schaefer, C. W. & Panizzi A. R. (2000). *Heteroptera of Economic Importance*. CRC Press; Boca Raton. 828 p. ISBN 0-8493-0695-7.
- Schaefer, C. W. (2003). Prosorrhyncha (Heteroptera and Coleorrhyncha). In *Encyclopedia of Insects*. Academic Press, Amsterdam. pp. 947–965.

- Schlüter, P. M. & Harris, S. A. (2006). Analysis of multilocus fingerprinting data sets containing missing data, *Mol. Ecol. Notes*, 6, 569-572.
- Schuh, R. T. & Slater, J. A. (1995). *True Bugs of the World: Classification and Natural History*, Cornell University Press, ISBN: 0801420660.
- Slatkin, M. (1987). Gene flow and the geographic structure of natural-populations. *Science*, 236, 787–792.
- Slatkin, M. (1993). Isolation by distance in equilibrium and nonequilibrium populations. *Evolution*, 47, 264–279.
- Sosa-Gómez, D. R., da Silva, J. J., Costa, F., Binneck, E., Marin, S. R. R. & Nepomuceno, A. L. (2005). Population structure of the Brazilian southern green stink bug, *Nezara viridula*, *Journal of Insect Science*, 5,23, 1-10. DOI: [http://dx.doi.org/10.1673/1536-2442\(2005\)5\[1:PSOTBS\]2.0.CO;2](http://dx.doi.org/10.1673/1536-2442(2005)5[1:PSOTBS]2.0.CO;2)
- Southwood, T. R. E. & Leston, D. (1959). *Land and Water Bugs of the British Isles*. Frederick Warne & Co. Ltd., London, U.K. 436 pp.
- Spellerberg, I. F. & Fedor, P. J. (2003). A tribute to Claude Shannon (1916–2001) and a plea for more rigorous use of species richness, species diversity and the ‘Shannon–Wiener’ Index. *Global Ecology and Biogeography*, 12, 3, 177-179.
- Stamenković, S. (1990). The Suni bugs on small grains in Yugoslavia. *Scopolia*, Suppl. 1, 113–116.
- Suinaga, F. A., Casali, V. W. D., Picanço, M. & Foster, J. (2004) Genetic divergence among tomato leafminer populations based on AFLP analysis. *Journal of Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 7, 645–651.
- Sweet, M. H. (2000). Seed and chinch bugs (Lygaeoidea). In *Heteroptera of Economic Importance*. CRC Press, Boca Raton, Florida. Pp. 143–264.
- Vojdani, S. (1954). Contribution à l'étude des punaises des céréales et en particulier d'*E. integriceps*. *Ann. Epiphyt.* 5, 105–160.
- Vojdani, S. (1961). The Nearctic species of the genus *Eurygaster* (Hemiptera: Pentatomidae: Scutellerinae). *Pan-Pacific Entomologist*, 37, 97–107.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. & Zabeau, M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23, 21, 4407-4414.
- Weirauch, C. & Schuh, R. T. (2011). Systematics and evolution of Heteroptera: 25 years of progress. *Annual Review of Entomology*, 56, 487-510 doi: 10.1146/annurev-ento-120709-144833.

- Wheeler, A. G. Jr. & Hoebeke, E. R. (2009). Adventive (non-native) insects: Importance to science and society. In *Insect Biodiversity: Science and Society*. Wiley-Blackwell Publishing, Oxford.
- Wheeler, A. G. Jr. (2000). Plant bugs (Miridae) as plant pests. In *Heteroptera of Economic Importance*. CRC, Boca Raton, Florida. pp. 37–83.
- Wheeler, A. G. Jr. (2001). *Biology of the Plant Bugs (Hemiptera: Miridae): Pests, Predators, Opportunists*. Cornell University Press, Ithaca, New York. 507 pp.
- Wolff, K. & Morgan-Richards, M. (1999). The use of RAPD data in the analysis of population genetic structure: case studies of *Alkanna* (Boraginaceae) and *Plantago* (Plantaginaceae). In *Molecular Systematics and Plant Evolution* Taylor & Francis, London, pp 51-73.
- Wright, S. (1931). Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16, 0097–0159.
- Wright, S. (1943). Isolation by Distance. *Genetics*, 28, 2, 114–138.
- Wu Y. Z., Rédei, D., Eger Jr, J., Wang, Y. H., Wu, H. Y., Carapezza, A., Kment, P., Cai, B., Sun, X. Y., Guo, P. L., Luo, J. Y. & Xie, Q. (2018). Phylogeny and the colourful history of jewel bugs (Insecta: Hemiptera: Scutelleridae). *Cladistics*, 34, 502-516. 10.1111/cla.12224.

EKLER

EK A. Kimyasal Bileşenleri Hazırlama Kılavuzu

EK B. Çizelgeler

EK C. Şekiller



EK A. Kimyasal Bileşenleri Hazırlama Kılavuzu

CTAB: 1L CTAB buffer hazırlamak için,
100 ml 1 M Tris, pH 8.0
280 ml 5 M NaCl
40 ml 0.5 M EDTA
20 g CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide) ddH₂O ile 1L'ye tamamlanır

1 M Tris, pH 8.0: 1 L çözelti hazırlamak için,
121.1 g Tris
700 ml ddH₂O
Önce Tris 900 ml'ye kadar çözücüde tamamen çözdürülür.
pH 8.0'e HCl ile ayarlanır (~50ml)
1L'ye ddH₂O ile tamamlanır.

0.5 M EDTA pH 8.0: 1 L çözelti hazırlamak için,
186.12 g EDTA
750 ml ddH₂O
20 g NaOH peleti eklenir
Gerekirse daha fazla NaOH pH 8.0 oluncaya kadar eklenir, çünkü EDTA pH 8.0'e yaklaşımadan tam çözünmez.

5 M NaCl: 1 L çözelti hazırlamak için,
292.2 g NaCl
700 ml ddH₂O
1L'ye ddH₂O ile tamamlanır.

7.5 M Ammonium acetate: 250 ml çözelti hazırlamak için,
144.5 g ammonium acetate
250 ml'ye ddH₂O ile tamamlanır.

10x TBE çözeltisi hazırlamak için,
108gr Tris
55gr Borik asit
7,44 gr EDTA saf su eklenerek 1 litreye tamamlanır.

EK B. Çizelgeler

Çizelge B.1. Popülasyonlarda tespit edilen polimorfik bant sayıları ve tüm polimorfizme oranının yaklaşık yüzde değerleri

AllData/Uşak: 940 (%45,35)	AllData/Muğla: 722 (%34,82)
AllData/Isparta: 671 (%32,37)	AllData/Aydın: 709 (%34,20)
AllData/Kırşehir: 874 (%42,16)	AllData/Denizli: 802 (%38,68)
AllData/Çanakkale: 634 (%30,58)	AllData/İzmir: 772 (%37,24)
AllData/Konya: 464 (%22,38)	AllData/Edirne: 734 (%35,40)
AllData/Antalya: 680 (%32,80)	AllData/Bursa: 366 (%17,65)
AllData/Tunceli: 730 (%35,21)	AllData/SaKo: 503 (%24,26)
AllData/Bingöl: 800 (%38,59)	AllData/Balıkesir: 795 (%38,35)

Çizelge B.2. Popülasyon-popülasyon arası mesafe

Population-population distances: chord distance from allele frequency estimates based on the Bayesian (non-uniform prior from among-population information) method.															
	Sakso	Bursa	Edirne	Izmir	Denizli	Aydin	Mugla	Bingöl	Tunceli	Antalya	Konya	Çanakkale	Kırşehir	Isparta	Uşak
0.0478966273	0.0000000000														
0.0450295587	0.0321253739	0.0000000000													
0.0541339488	0.0491626757	0.0468358034	0.0000000000												
0.0574436824	0.0550549685	0.0477289092	0.0550340844	0.0000000000											
0.0565872279	0.0504718597	0.0437220239	0.0542753509	0.0548090880	0.0000000000										
0.0582447276	0.0581266913	0.0498580139	0.0553555535	0.0586460104	0.0538629072	0.0000000000									
0.0552344334	0.0430355437	0.0469929777	0.0540445574	0.0583353051	0.0572312679	0.0550366895	0.0000000000								
0.0554043940	0.0609185184	0.0502119973	0.0599840004	0.0598928295	0.0548812528	0.0558318186	0.0585312512	0.0000000000							
0.0654014776	0.0545814938	0.0569647596	0.0583760456	0.0646233973	0.0601329611	0.0602412823	0.0552875942	0.0613954372	0.0000000000						
0.0539192521	0.0461188322	0.0452789339	0.0564581304	0.0596945705	0.0589228785	0.0575821063	0.0490265925	0.0570829568	0.0596073464	0.0000000000					
0.0567673436	0.0478423022	0.0332065395	0.0557135134	0.0557757990	0.0511528516	0.0527401039	0.0540366697	0.0561258195	0.0594851105	0.0525270283	0.0000000000				
0.06388894236	0.0596658103	0.0547569849	0.0574605530	0.0636240354	0.0638372273	0.0593949897	0.0620334715	0.0674933404	0.0689587595	0.0604698714	0.0560161453	0.0000000000			
0.0611404674	0.0603838090	0.0573890633	0.0609284998	0.0635241401	0.0635241401	0.0563431592	0.0640109857	0.0672284796	0.0642775049	0.0652627332	0.0630683512	0.0643272937	0.0000000000		
0.0579462017	0.0504194278	0.0520497761	0.0606333299	0.0631598193	0.0669298042	0.0583943527	0.0511687974	0.0676231396	0.0639163445	0.0583117373	0.0583209512	0.0572883457	0.0630965683	0.0000000000	
0.0682121722	0.0584672925	0.0551970301	0.0722401760	0.0657906410	0.0604958182	0.0624865769	0.0586659769	0.066658298	0.0730000551	0.0654389550	0.0613409122	0.0596420197	0.0604285060	0.0555565344	0.0000000000

Çizelge B.3. Standart Jaccard katsayısıyla hesaplanan mesafe sonuçları

Distances d=1-s (Standard Jaccard coefficients)															
Uşak	Isparta	Kirşehir	Çanakkale	Konya	Antalya	Tunceli	Bingöl	Muğla	Aydın	Denizli	İzmir	Edirne	Bursa	Sako	Balıkesir
0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000	0.00000000
0.3209876543	0.3245089667	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3638025594	0.3038897893	0.3522064946	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3468158348	0.2715756136	0.3487629689	0.2594936709	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3475760066	0.3179190751	0.3880972339	0.2996688742	0.2709677419	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3611599297	0.3154447836	0.3552519214	0.3000000000	0.2933227345	0.3071065990	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3798785776	0.3024227235	0.3634812287	0.2910758966	0.225806452	0.3399141631	0.3127177700	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3833034111	0.3409648406	0.3715986395	0.2734177215	0.2884615385	0.3319362951	0.3195615514	0.3252173913	0.2843560933	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3612334802	0.3082706767	0.3672413793	0.3082706767	0.2888349515	0.3156544055	0.3202725724	0.3477883781	0.2966175195	0.3149122807	0.3167381974	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3577817531	0.3252710592	0.3672413793	0.3082706767	0.2888349515	0.3156544055	0.3202725724	0.3477883781	0.2966175195	0.3149122807	0.3167381974	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3485513608	0.3116776316	0.3483816014	0.2502113271	0.2829888712	0.3075630252	0.3177648040	0.3102253033	0.2799657534	0.2825342466	0.3057491289	0.2902670112	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3282258065	0.2392156863	0.3299373041	0.2202989772	0.1480314961	0.2519809826	0.2728694292	0.3013481364	0.2448165869	0.2679752020	0.2890312250	0.26395553429	0.2266560255	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3595317726	0.2941646683	0.3670169766	0.2750601443	0.2587412587	0.2728771641	0.3148594378	0.3433931485	0.2826622843	0.3018714402	0.3017602682	0.2967848310	0.2809446254	0.0000000000	0.0000000000	0.0000000000
0.3775419982	0.3275000000	0.3567708333	0.2991596639	0.2992759453	0.3310755359	0.3472222222	0.3472222222	0.3077586207	0.3262169086	0.3371778459	0.3080279232	0.2777777778	0.2592000000	0.3018092105	0.0000000000

Çizelge B.4. İkili ϕ_{ST} değerleri

Uşak	Isparta	Karşıehir	Çanakkale	Konya	Antalya	Tunceli	Bingöl	Muğla	Aydın	Denizli	İzmir	Eđirne	Bursa	SaKa	Balıkestr
0.0000000000	0.0724876636	0.0000000000													
0.1266161381	0.0569953345	0.0000000000													
0.1139082950	0.1963363338	0.1292085020	0.0000000000												
0.2108148173	0.3009159553	0.2572092058	0.2350154294	0.0000000000											
0.1929495798	0.1562235201	0.1739052530	0.1248247995	0.1296089746	0.0000000000										
0.2448280669	0.2421006040	0.1493355990	0.1727431624	0.2666781663	0.0982703955	0.0000000000									
0.1443406747	0.1894942458	0.1880511005	0.0791693146	0.1802074756	0.1064193574	0.1253623861	0.0000000000								
0.1720342997	0.1371309899	0.0812644395	0.1042884092	0.2544420080	0.1347623955	0.1163636840	0.0993185049	0.0000000000							
0.1441225817	0.2334396717	0.1800755345	0.0690267605	0.2582417259	0.1803887590	0.1988013708	0.1126569672	0.0867936411	0.0000000000						
0.1564382639	0.1473828907	0.1625350098	0.1474727788	0.2763715418	0.1301812157	0.2025126070	0.1062181851	0.0873465969	0.1414177809	0.0000000000					
0.1740349187	0.1904543393	0.1036756411	0.1215387928	0.3193395300	0.1977254158	0.1615747061	0.1422838802	0.0668396672	0.1230109375	0.1011279539	0.0000000000				
0.1108191350	0.1474625826	0.1502657344	0.0883919630	0.1748482115	0.1052139299	0.1779846911	0.0370485764	0.0902522183	0.0871995338	0.0424403084	0.0715485163	0.0000000000			
0.5746453927	0.3169019860	0.5560812699	0.3678472158	-0.0053366464	0.3973257357	0.6513690856	0.7006581518	0.6962640152	0.5562171067	0.6943563207	0.6817964796	0.5947783316	0.0000000000		
0.7158176598	0.5835771637	0.6741078319	0.4988681037	0.3815147920	0.7068238163	0.7630222956	0.8101357274	0.7993995531	0.7024413321	0.8070073063	0.8017453577	0.7245822102	0.1508679055	0.0000000000	
0.5136853270	0.6522363956	-1.0297095248	1.8912741349	1.5574603502	1.5417517056	0.9192636083	0.7475233308	0.0438049021	4.4775207959	0.4084350097	0.1496699990	2.1280627987	1.4483244595	1.5825858561	0.0000000000

Çizelge B.6. Popülasyonlar için Shannon indeksi sonuçları

Shannon's index of group AllData/Uşak= 10.338884926
Shannon's variance of group AllData/Uşak= 0.000599075
Shannon's std. dev of group AllData/Uşak= 0.024476000
Size of group AllData/Uşak= 13
Shannon's index of group AllData/Isparta= 9.890710261
Shannon's variance of group AllData/Isparta= 0.001120619
Shannon's std. dev of group AllData/Isparta= 0.033475649
Size of group AllData/Isparta= 7
Shannon's index of group AllData/Kırşehir= 9.997083791
Shannon's variance of group AllData/Kırşehir= 0.000985611
Shannon's std. dev of group AllData/Kırşehir= 0.031394443
Size of group AllData/Kırşehir= 10
Shannon's index of group AllData/Çanakkale= 9.885062412
Shannon's variance of group AllData/Çanakkale= 0.001135200
Shannon's std. dev of group AllData/Çanakkale= 0.033692725
Size of group AllData/Çanakkale= 6
Shannon's index of group AllData/Konya= 9.447717772
Shannon's variance of group AllData/Konya= 0.001955700
Shannon's std. dev of group AllData/Konya= 0.044223296
Size of group AllData/Konya= 4
Shannon's index of group AllData/Antalya= 9.496022796
Shannon's variance of group AllData/Antalya= 0.001695994
Shannon's std. dev of group AllData/Antalya= 0.041182445
Size of group AllData/Antalya= 8
Shannon's index of group AllData/Tunceli= 10.011983856
Shannon's variance of group AllData/Tunceli= 0.000955719
Shannon's std. dev of group AllData/Tunceli= 0.030914705
Size of group AllData/Tunceli= 11
Shannon's index of group AllData/Bingöl= 9.924856579
Shannon's variance of group AllData/Bingöl= 0.001097154
Shannon's std. dev of group AllData/Bingöl= 0.033123309
Size of group AllData/Bingöl= 14
Shannon's index of group AllData/Muğla= 9.957668001
Shannon's variance of group AllData/Muğla= 0.000991413
Shannon's std. dev of group AllData/Muğla= 0.031486707
Size of group AllData/Muğla= 13

Çizelge B.6. Popülasyonlar için Shannon indeksi sonuçları (Devam)

Shannon's index of group AllData/Aydın= 9.938711812
Shannon's variance of group AllData/Aydın= 0.001062109
Shannon's std. dev of group AllData/Aydın= 0.032590012
Size of group AllData/Aydın= 9
Shannon's index of group AllData/Denizli= 10.067823661
Shannon's variance of group AllData/Denizli= 0.000888517
Shannon's std. dev of group AllData/Denizli= 0.029807995
Size of group AllData/Denizli= 13
Shannon's index of group AllData/İzmir= 10.076620270
Shannon's variance of group AllData/İzmir= 0.000874914
Shannon's std. dev of group AllData/İzmir= 0.029578943
Size of group AllData/İzmir= 14
Shannon's index of group AllData/Edirne= 9.643387823
Shannon's variance of group AllData/Edirne= 0.001432610
Shannon's std. dev of group AllData/Edirne= 0.037849831
Size of group AllData/Edirne= 10
Shannon's index of group AllData/Bursa= 9.318488949
Shannon's variance of group AllData/Bursa= 0.002074337
Shannon's std. dev of group AllData/Bursa= 0.045544885
Size of group AllData/Bursa= 5
Shannon's index of group AllData/SaKo= 9.628603718
Shannon's variance of group AllData/SaKo= 0.001584988
Shannon's std. dev of group AllData/SaKo= 0.039811909
Size of group AllData/SaKo= 5
Shannon's index of group AllData/Balıkesir= 9.959715789
Shannon's variance of group AllData/Balıkesir= 0.001033161
Shannon's std. dev of group AllData/Balıkesir= 0.032142820
Size of group AllData/Balıkesir= 8

Çizelge B.7. Popülasyonlar için t-testi sonuçları

AllData/Isparta vs. AllData/Uşak: t(15)= 10.807413196, p= 0.000000018	AllData/Edirne vs. AllData/Uşak: t(18)= 15.430045756, p= 0.000000000
AllData/Kırşehir vs. AllData/Uşak: t(21)= 8.586218592, p= 0.000000026	AllData/Edirne vs. AllData/Isparta: t(17)= 4.894616328, p= 0.000136690
AllData/Kırşehir vs. AllData/Isparta: t(17)= 2.317825120, p= 0.033183494	AllData/Edirne vs. AllData/Kırşehir: t(20)= 7.192537592, p= 0.000000579
AllData/Çanakkale vs. AllData/Uşak: t(13)= 10.897506638, p= 0.000000066	AllData/Edirne vs. AllData/Çanakkale: t(16)= 4.769244606, p= 0.000209042
AllData/Çanakkale vs. AllData/Isparta: t(13)= 0.118913442, p= 0.907161823	AllData/Edirne vs. AllData/Konya: t(10)= 3.361497661, p= 0.007224082
AllData/Çanakkale vs. AllData/Kırşehir: t(15)= 2.432483810, p= 0.027987216	AllData/Edirne vs. AllData/Antalya: t(18)= 2.634627184, p= 0.016826335
AllData/Konya vs. AllData/Uşak: t(7)= 17.631240965, p= 0.000000465	AllData/Edirne vs. AllData/Tunceli: t(20)= 7.542296694, p= 0.000000286
AllData/Konya vs. AllData/Isparta: t(9)= 7.986944706, p= 0.000022425	AllData/Edirne vs. AllData/Bingöl: t(22)= 5.596161635, p= 0.000012604
AllData/Konya vs. AllData/Kırşehir: t(9)= 10.129577264, p= 0.000003214	AllData/Edirne vs. AllData/Muğla: t(21)= 6.383350222, p= 0.000002503
AllData/Konya vs. AllData/Çanakkale: t(9)= 7.866496540, p= 0.000025314	AllData/Edirne vs. AllData/Aydın: t(19)= 5.912728617, p= 0.000010812
AllData/Antalya vs. AllData/Uşak: t(14)= 17.593762600, p= 0.000000000	AllData/Edirne vs. AllData/Denizli: t(21)= 8.809731310, p= 0.000000017
AllData/Antalya vs. AllData/Isparta: t(15)= 7.436862579, p= 0.000002091	AllData/Edirne vs. AllData/İzmir: t(21)= 9.018782268, p= 0.000000011
AllData/Antalya vs. AllData/Kırşehir: t(16)= 9.675940966, p= 0.000000043	AllData/Bursa vs. AllData/Uşak: t(9)= 19.734942308, p= 0.000000010
AllData/Antalya vs. AllData/Çanakkale: t(14)= 7.311543264, p= 0.000003841	AllData/Bursa vs. AllData/Isparta: t(10)= 10.123521618, p= 0.000001420
AllData/Antalya vs. AllData/Konya: t(11)= 0.799365001, p= 0.440998553	AllData/Bursa vs. AllData/Kırşehir: t(10)= 12.267429257, p= 0.000000237
AllData/Tunceli vs. AllData/Uşak: t(22)= 8.290485737, p= 0.000000032	AllData/Bursa vs. AllData/Çanakkale: t(10)= 10.000807952, p= 0.000001588
AllData/Tunceli vs. AllData/Isparta: t(17)= 2.661443321, p= 0.016444668	AllData/Bursa vs. AllData/Konya: t(9)= 2.035658390, p= 0.072270557
AllData/Tunceli vs. AllData/Kırşehir: t(21)= 0.338172638, p= 0.738590582	AllData/Bursa vs. AllData/Antalya: t(12)= 2.891288733, p= 0.013543675
AllData/Tunceli vs. AllData/Çanakkale: t(15)= 2.775661063, p= 0.014136695	AllData/Bursa vs. AllData/Tunceli: t(10)= 12.598475175, p= 0.000000185
AllData/Tunceli vs. AllData/Konya: t(9)= 10.457589699, p= 0.000002463	AllData/Bursa vs. AllData/Bingöl: t(11)= 10.767238321, p= 0.000000352
AllData/Tunceli vs. AllData/Antalya: t(16)= 10.019676266, p= 0.000000027	AllData/Bursa vs. AllData/Muğla: t(11)= 11.543944117, p= 0.000000173
AllData/Bingöl vs. AllData/Uşak: t(26)= 10.052820652, p= 0.000000000	AllData/Bursa vs. AllData/Aydın: t(10)= 11.074621820, p= 0.000000619
AllData/Bingöl vs. AllData/Isparta: t(19)= 0.725079075, p= 0.477239328	AllData/Bursa vs. AllData/Denizli: t(10)= 13.766412845, p= 0.000000080
AllData/Bingöl vs. AllData/Kırşehir: t(24)= 1.582634948, p= 0.126594869	AllData/Bursa vs. AllData/İzmir: t(10)= 13.960102725, p= 0.000000070

Çizelge B.7. Popülasyonlar için t-testi sonuçları (Devam)

<p>AllData/Bingöl vs. AllData/Çanakkale: t(17)= 0.842244055, p= 0.411344251 AllData/Bingöl vs. AllData/Konya: t(9)= 8.635584827, p= 0.000011958 AllData/Bingöl vs. AllData/Antalya: t(18)= 8.114131947, p= 0.000000200 AllData/Bingöl vs. AllData/Tunceli: t(25)= 1.922972798, p= 0.065945644 AllData/Muğla vs. AllData/Uşak: t(25)= 9.558881240, p= 0.000000001 AllData/Muğla vs. AllData/Isparta: t(18)= 1.456969823, p= 0.162349082 AllData/Muğla vs. AllData/Kırşehir: t(23)= 0.886470519, p= 0.384539485 AllData/Muğla vs. AllData/Çanakkale: t(16)= 1.574439125, p= 0.134949874 AllData/Muğla vs. AllData/Konya: t(9)= 9.393542832, p= 0.000006008 AllData/Muğla vs. AllData/Antalya: t(17)= 8.905158351, p= 0.000000082 AllData/Muğla vs. AllData/Tunceli: t(24)= 1.230917531, p= 0.230281007 AllData/Muğla vs. AllData/Bingöl: t(27)= 0.717961080, p= 0.478948044 AllData/Aydın vs. AllData/Uşak: t(19)= 9.818363477, p= 0.000000007 AllData/Aydın vs. AllData/Isparta: t(16)= 1.027437625, p= 0.319497516 AllData/Aydın vs. AllData/Kırşehir: t(19)= 1.289938913, p= 0.212552031 AllData/Aydın vs. AllData/Çanakkale: t(15)= 1.144509340, p= 0.270347523 AllData/Aydın vs. AllData/Konya: t(9)= 8.937794370, p= 0.000009036 AllData/Aydın vs. AllData/Antalya: t(16)= 8.429339275, p= 0.000000280 AllData/Aydın vs. AllData/Tunceli: t(20)= 1.631158829, p= 0.118504335 AllData/Aydın vs. AllData/Bingöl: t(23)= 0.298168044, p= 0.768251887 AllData/Aydın vs. AllData/Muğla: t(21)= 0.418313021, p= 0.679965127 AllData/Denizli vs. AllData/Uşak: t(26)= 7.027901408, p= 0.000000184 AllData/Denizli vs. AllData/Isparta: t(17)= 3.951361739, p= 0.001030291 AllData/Denizli vs. AllData/Çanakkale: t(15)= 4.062649013, p= 0.001020743</p>	<p>AllData/Bursa vs. AllData/Edirne: t(12)= 5.486351808, p= 0.000139275 AllData/SaKo vs. AllData/Uşak: t(9)= 15.198396660, p= 0.000000101 AllData/SaKo vs. AllData/Isparta: t(11)= 5.039013165, p= 0.000378552 AllData/SaKo vs. AllData/Kırşehir: t(12)= 7.267697295, p= 0.000009904 AllData/SaKo vs. AllData/Çanakkale: t(11)= 4.917201251, p= 0.000458897 AllData/SaKo vs. AllData/Konya: t(9)= 3.039911874, p= 0.014019905 AllData/SaKo vs. AllData/Antalya: t(13)= 2.314616904, p= 0.037623747 AllData/SaKo vs. AllData/Tunceli: t(12)= 7.605929811, p= 0.000006282 AllData/SaKo vs. AllData/Bingöl: t(13)= 5.720338050, p= 0.000070496 AllData/SaKo vs. AllData/Muğla: t(12)= 6.482970281, p= 0.000030108 AllData/SaKo vs. AllData/Aydın: t(12)= 6.027374509, p= 0.000059613 AllData/SaKo vs. AllData/Denizli: t(11)= 8.831321263, p= 0.000002521 AllData/SaKo vs. AllData/İzmir: t(11)= 9.033065496, p= 0.000002022 AllData/SaKo vs. AllData/Edirne: t(13)= 0.269131401, p= 0.792052701 AllData/SaKo vs. AllData/Bursa: t(10)= 5.126512024, p= 0.000446436 AllData/Balıkesir vs. AllData/Uşak: t(17)= 9.385157664, p= 0.000000039 AllData/Balıkesir vs. AllData/Isparta: t(15)= 1.486904986, p= 0.157756538 AllData/Balıkesir vs. AllData/Kırşehir: t(18)= 0.831679994, p= 0.416486893 AllData/Balıkesir vs. AllData/Çanakkale: t(14)= 1.603185233, p= 0.131208831 AllData/Balıkesir vs. AllData/Konya: t(9)= 9.365164978, p= 0.000006160 AllData/Balıkesir vs. AllData/Antalya: t(16)= 8.875982967, p= 0.000000140 AllData/Balıkesir vs. AllData/Tunceli: t(19)= 1.172012286, p= 0.255679141 AllData/Balıkesir vs. AllData/Bingöl: t(21)= 0.755258588, p= 0.458481599 AllData/Balıkesir vs. AllData/Muğla: t(20)= 0.045511198, p= 0.964151209</p>
--	--

Çizelge B.7. Popülasyonlar için t-testi sonuçları (Devam)

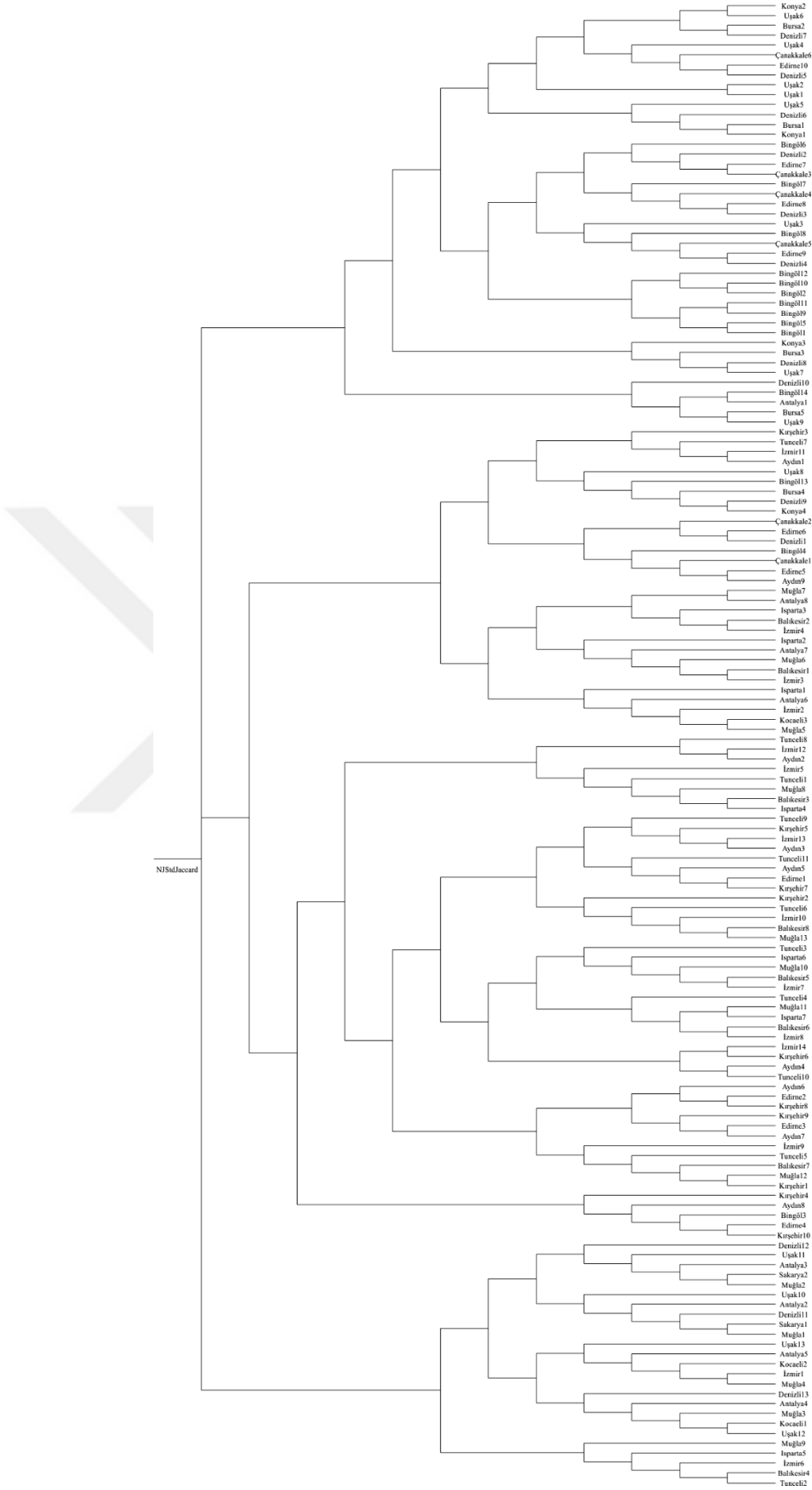
<p>AllData/Denizli vs. AllData/Konya: t(8)= 11.627451254, p= 0.000002725</p> <p>AllData/Denizli vs. AllData/Antalya: t(16)= 11.247491398, p= 0.000000005</p> <p>AllData/Denizli vs. AllData/Tunceli: t(24)= 1.300276478, p= 0.205855061</p> <p>AllData/Denizli vs. AllData/Bingöl: t(27)= 3.208355570, p= 0.003427021</p> <p>AllData/Denizli vs. AllData/Muğla: t(26)= 2.540598625, p= 0.017379114</p> <p>AllData/Denizli vs. AllData/Aydın: t(21)= 2.923338847, p= 0.008123286</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Uşak: t(27)= 6.831132679, p= 0.000000245</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Isparta: t(18)= 4.161724433, p= 0.000586000</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Kırşehir: t(23)= 1.843947776, p= 0.078112235</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Çanakkale: t(15)= 4.272574776, p= 0.000667660</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Antalya: t(16)= 11.450696491, p= 0.000000004</p> <p>AllData/Balıkesir vs. AllData/Aydın: t(17)= 0.458861437, p= 0.652146030</p>	<p>AllData/Balıkesir vs. AllData/Denizli: t(20)= 2.466136277, p= 0.022821945</p> <p>AllData/Balıkesir vs. AllData/İzmir: t(20)= 2.676291811, p= 0.014510669</p> <p>AllData/Balıkesir vs. AllData/Edirne: t(18)= 6.370320105, p= 0.000005326</p> <p>AllData/Balıkesir vs. AllData/Bursa: t(10)= 11.502872448, p= 0.000000434</p> <p>AllData/Balıkesir vs. AllData/SaKo: t(11)= 6.471095913, p= 0.000046066</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Konya: t(8)= 11.820694890, p= 0.000002404</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Tunceli: t(25)= 1.510694450, p= 0.143403912</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Bingöl: t(28)= 3.417487948, p= 0.001952382</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Muğla: t(27)= 2.753460857, p= 0.010417788</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Aydın: t(21)= 3.133455573, p= 0.005020258</p> <p>AllData/İzmir vs. AllData/Denizli: t(27)= 0.209476882, p= 0.835648532</p> <p>AllData/Denizli vs. AllData/Kırşehir: t(23)= 1.634047509, p= 0.115864093</p>
--	--

Çizelge B.8. Tüm primerlerin ortaya çıkardığı polimorfizm oranları

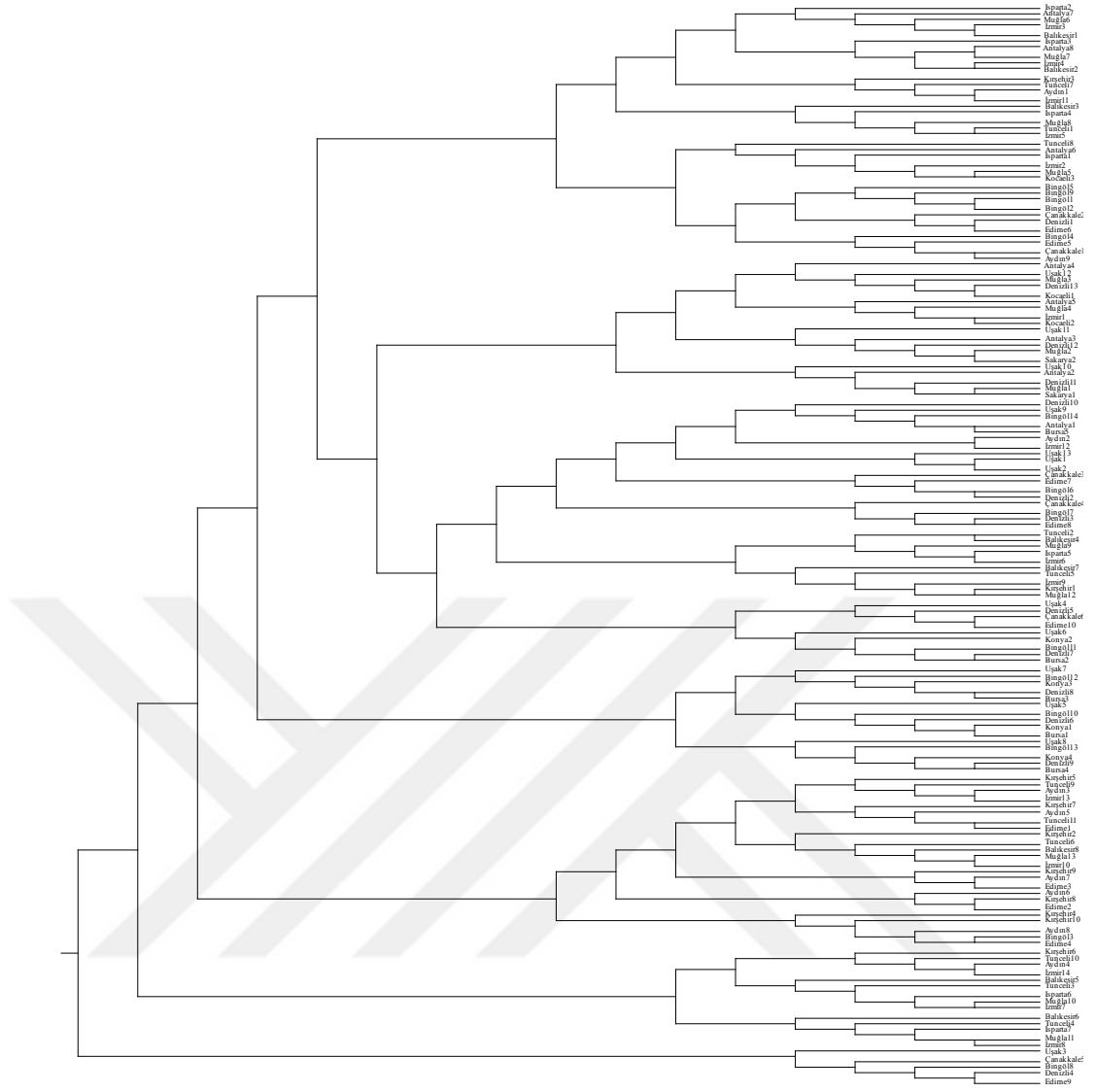
aag-caa	aag-ccc	acc-ccc	att-cgg	caa-tgg	ccc-gtt	ccg-tgg
Individuals: 148	Individuals: 135	Individuals: 145	Individuals: 143	Individuals: 150	Individuals: 144	Individuals: 142
Loci: 139	Loci: 267	Loci: 226	Loci: 206	Loci: 191	Loci: 232	Loci: 191
Matrix size: 20572	Matrix size: 36045	Matrix size: 32770	Matrix size: 29458	Matrix size: 28650	Matrix size: 33408	Matrix size: 27122
Missing data: 1.02%	Missing data: 0.90%	Missing data: 2.96%	Missing data: 0.44%	Missing data: 0.90%	Missing data: 2.61%	Missing data: 1.48%
polymorphic bands: 109 %78.4	polymorphic bands: 210 %78.6	polymorphic bands: 122 %53.9	polymorphic bands: 179 %86.8	polymorphic bands: 153 %80.1	polymorphic bands: 155 %66.8	polymorphic bands: 123 %64.3
poly. bnds/Uşak: 22	poly. bnds/Uşak:136	poly. bnds/Uşak: 74	poly. bnds/Uşak: 44	poly. bnds/Uşak: 39	poly. bnds/Uşak: 50	poly. bnds/Uşak: 99
poly. bnds/Isparta: 12	poly. bnds/Isparta: 101	poly. bnds/Isparta: 64	poly. bnds/Isparta: 35	poly. bnds/Isparta: 27	poly. bnds/Isparta: 35	poly. bnds/Isparta: 56
poly. bnds/Kırşehir: 37	poly. bnds/Kırşehir: 111	poly. bnds/Kırşehir: 66	poly. bnds/Kırşehir: 55	poly. bnds/Kırşehir: 58	poly. bnds/Kırşehir: 59	poly. bnds/Kırşehir: 74
poly. bnds/Çanakka le: 44	poly. bnds/Çanakka le: 58	poly. bnds/Çanakka le: 7	poly. bnds/Çanakka le: 48	poly. bnds/Çanakka le: 38	poly. bnds/Çanakka le: 19	poly. bnds/Çanakka le: 93
poly. bnds/Konya: 24	poly. bnds/Konya: 80	poly. bnds/Konya: 23	poly. bnds/Konya: 44	poly. bnds/Konya: 21	poly. bnds/Konya: 35	poly. bnds/Konya: 52
poly. bnds/Antalya: 22	poly. bnds/Antalya: 54	poly. bnds/Antalya: 34	poly. bnds/Antalya: 49	poly. bnds/Antalya: 44	poly. bnds/Antalya: 53	poly. bnds/Antalya: 75
poly. bnds/Tunceli: 45	poly. bnds/Tunceli: 101	poly. bnds/Tunceli: 43	poly. bnds/Tunceli: 38	poly. bnds/Tunceli: 43	poly. bnds/Tunceli: 42	poly. bnds/Tunceli: 79
poly. bnds/Bingöl: 36	poly. bnds/Bingöl: 87	poly. bnds/Bingöl: 50	poly. bnds/Bingöl: 46	poly. bnds/Bingöl: 46	poly. bnds/Bingöl: 56	poly. bnds/Bingöl: 94
poly. bnds/Muğla: 19	poly. bnds/Muğla: 65	poly. bnds/Muğla: 38	poly. bnds/Muğla: 37	poly. bnds/Muğla: 37	poly. bnds/Muğla: 43	poly. bnds/Muğla: 80
poly. bnds/Aydın: 30	poly. bnds/Aydın: 93	poly. bnds/Aydın: 29	poly. bnds/Aydın: 42	poly. bnds/Aydın: 34	poly. bnds/Aydın: 34	poly. bnds/Aydın: 100
poly. bnds/Denizli: 33	poly. bnds/Denizli: 81	poly. bnds/Denizli: 25	poly. bnds/Denizli: 51	poly. bnds/Denizli: 59	poly. bnds/Denizli: 9	poly. bnds/Denizli: 105
poly. bnds/İzmir: 25	poly. bnds/İzmir: 78	poly. bnds/İzmir: 30	poly. bnds/İzmir: 43	poly. bnds/İzmir: 54	poly. bnds/İzmir: 46	poly. bnds/İzmir: 77
poly. bnds/Edirne: 43	poly. bnds/Edirne: 58	poly. bnds/Edirne: 39	poly. bnds/Edirne: 51	poly. bnds/Edirne: 42	poly. bnds/Edirne: 25	poly. bnds/Edirne: 94
poly. bnds/BuSaKo : 24	poly. bnds/BuSaKo : 61	poly. bnds/BuSaKo : 28	poly. bnds/BuSaKo : 48	poly. bnds/BuSaKo : 25	poly. bnds/BuSaKo : 47	poly. bnds/BuSaKo : 73
poly. bnds/Balıkesi r: 46	poly. bnds/Balıkesi r: 80	poly. bnds/Balıkesi r: 16	poly. bnds/Balıkesi r: 70	poly. bnds/Balıkesi r: 63	poly. bnds/Balıkesi r: 34	poly. bnds/Balıkesi r: 65

Çizelge B.8. Tüm primerlerin ortaya çıkardığı polimorfizm oranları (Devam)

cgc-tcg	gaa-acc	gat-acc	ggc-acg	ggc-agg	gtt-acc	gtt-agg
Individuals: 140	Individuals: 146	Individuals: 145	Individuals: 149	Individuals: 147	Individuals: 117	Individuals: 129
Loci: 118	Loci: 206	Loci: 225	Loci: 203	Loci: 128	Loci: 226	Loci: 246
Matrix size: 16520	Matrix size: 30076	Matrix size: 32625	Matrix size: 30247	Matrix size: 18816	Matrix size: 26442	Matrix size: 31734
Missing data: 0.89%	Missing data: 0.29%	Missing data: 0.51%	Missing data: 1.48%	Missing data: 1.61%	Missing data: 1.33%	Missing data: 1.14%
polymorphic bands: 91 %77.1	polymorphic bands: 177 %85.9	polymorphic bands: 193 %85.7	polymorphic bands: 159 %78.3	polymorphic bands: 91 %71	polymorphic bands: 171 %75.66	polymorphic bands: 139 %56.5
poly. bnds/Uşak:29	poly. bnds/Uşak: 65	poly. bnds/Uşak: 86	poly. bnds/Uşak: 43	poly. bnds/Uşak:37	poly. bnds/Uşak: 100	poly. bnds/Uşak: 114
poly. bnds/Isparta: 26	poly. bnds/Isparta: 44	poly. bnds/Isparta: 33	poly. bnds/Isparta: 34	poly. bnds/Isparta: 19	poly. bnds/Isparta: 77	poly. bnds/Isparta: 98
poly. bnds/Kırşehir : 23	poly. bnds/Kırşehir: 61	poly. bnds/Kırşehir: 76	poly. bnds/Kırşehir: 59	poly. bnds/Kırşehir : 34	poly. bnds/Kırşehir: 72	poly. bnds/Kırşehir: 89
poly. bnds/Çanakk ale: 18	poly. bnds/Çanakk ale: 47	poly. bnds/Çanakk ale: 49	poly. bnds/Çanakk ale: 34	poly. bnds/Çanakk ale: 19	poly. bnds/Çanakkal e: 63	poly. bnds/Çanakk ale: 88
poly. bnds/Konya: 14	poly. bnds/Konya: 1	poly. bnds/Konya: 39	poly. bnds/Konya: 27	poly. bnds/Konya: 0	poly. bnds/Konya: 23	poly. bnds/Konya: 81
poly. bnds/Antalya : 24	poly. bnds/Antalya: 39	poly. bnds/Antalya: 48	poly. bnds/Antalya: 30	poly. bnds/Antalya : 24	poly. bnds/Antalya: 81	poly. bnds/Antalya: 103
poly. bnds/Tunceli: 28	poly. bnds/Tunceli: 47	poly. bnds/Tunceli: 37	poly. bnds/Tunceli: 40	poly. bnds/Tunceli: 23	poly. bnds/Tunceli: 67	poly. bnds/Tunceli: 97
poly. bnds/Bingöl: 33	poly. bnds/Bingöl: 48	poly. bnds/Bingöl: 47	poly. bnds/Bingöl: 46	poly. bnds/Bingöl: 28	poly. bnds/Bingöl: 78	poly. bnds/Bingöl: 105
poly. bnds/Muğla: 29	poly. bnds/Muğla: 43	poly. bnds/Muğla: 37	poly. bnds/Muğla: 42	poly. bnds/Muğla: 32	poly. bnds/Muğla:1 08	poly. bnds/Muğla:1 11
poly. bnds/Aydın: 24	poly. bnds/Aydın: 48	poly. bnds/Aydın: 48	poly. bnds/Aydın: 42	poly. bnds/Aydın: 16	poly. bnds/Aydın: 74	poly. bnds/Aydın: 95
poly. bnds/Denizli: 21	poly. bnds/Denizli: 39	poly. bnds/Denizli: 57	poly. bnds/Denizli: 53	poly. bnds/Denizli: 39	poly. bnds/Denizli: 111	poly. bnds/Denizli: 117
poly. bnds/İzmir: 22	poly. bnds/İzmir: 48	poly. bnds/İzmir: 59	poly. bnds/İzmir: 46	poly. bnds/İzmir: 32	poly. bnds/İzmir: 87	poly. bnds/İzmir: 123
poly. bnds/Edirne: 40	poly. bnds/Edirne: 48	poly. bnds/Edirne: 47	poly. bnds/Edirne: 55	poly. bnds/Edirne: 11	poly. bnds/Edirne: 72	poly. bnds/Edirne:1 09
poly. bnds/BuSaK o: 13	poly. bnds/BuSaKo : 21	poly. bnds/BuSaKo : 39	poly. bnds/BuSaKo : 56	poly. bnds/BuSaK o: 26	poly. bnds/BuSaKo: 90	poly. bnds/BuSaKo : 114
poly. bnds/Balıkesi r: 36	poly. bnds/Balıkesi r: 51	poly. bnds/Balıkesi r: 68	poly. bnds/Balıkesi r: 61	poly. bnds/Balıkesi r: 28	poly. bnds/Balıkesir : 70	poly. bnds/Balıkesi r: 102



Şekil C.1b. Tüm bireylere ait neighbor joining dendrogramı



Şekil C.2. Tüm bireylere ait UPGMA dendrogramı

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Serdar BİLGİNTURAN
Doğum Yeri ve Yılı : Uluborlu, 1982
Medeni Hali : Evli
Yabancı Dili : İngilizce
E-posta : serdarbilginturan@windowslive.com

Eğitim Durumu

Lise : Isparta Anadolu Lisesi, 2000
Lisans : SDÜ, Eğitim Fakültesi, Fen Bilgisi Öğretmenliği, 2005
Yüksek Lisans : SDÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 2009

Mesleki Deneyim

MEB Uluborlu Çok Programlı Lisesi, Biyoloji öğretmenliği 2006-2007

Yayınlar

- Gök, A., Çağlar, Ü., Bilginturan, S. & Tabur, M. A. (2008). Redescription of the Female and Variability of *Cryptocephalus (Asionus) pseudoreitteri* Tomov, 1976 (Coleoptera, Chrysomelidae, Cryptocephalinae) in Turkey. *Entomological News*, 119, 5, 454-459.
- Gök, A., Ekiz, A. N., Bilginturan, S. & Şen, İ. (2008). Notes on the host plant, habitat and distribution in Turkey of *Cryptocephalus (Burlinius) pusillus* Fabricius, 1777 (Coleoptera: Chrysomelidae) *North-Western Journal of Zoology*, 4, 2, 270-273.
- Ekiz, A. N., Gök, A., Borowiec, L. & Bilginturan, S. (2009). Redescription of *Donacia kraatzii* Weise, 1881, a poorly known aquatic leaf beetle, (Coleoptera, Chrysomelidae, Donaciinae), with notes on its taxonomic status and geographical distribution. *Deutsche Entomologische Zeitschrift*, 56, 2, 299-302.
- Demirözer, O. & Bilginturan, S. (2014). First report of *Psyllopsis repens* Loginova, 1963 (Hemiptera: Psylloidea) from Isparta, Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 38, 4, 522-524.

- Demirözer, O. & Bilginturan, S. (2014). Insect species associated with cereals in Lakes Region of Turkey with distributional remarks and a new record. *Türkiye Entomoloji Bülteni*, 4,1, 3-13.
- Koçak, E., Bilginturan, S., Kaya, E., Gözüaçık, C., Babaroğlu, N., İslamoğlu, M., Çetin, G. & Tülek, A. (2014). Türkiye Hububat Alanlarındaki Süne (*Eurygaster* spp.) Türlerinin Dağılımı. *Türkiye V. Bitki Koruma Kongresi*, Sayfa 115, 3-5 Şubat 2014, Antalya.
- Bilginturan, S. & Koçak, E. (2017). Determination of Genetic Differences in *Eurygaster austriaca* (Hemiptera: Scutelleridae) Populations. p. 210. *International Dna Day and Genome Congress 2017 (IDDGC'17)*, April 24-28, 2017, Kırşehir/Ahi Evran University.
- Kocak, E., Yılmaz, A., Alpkent, Y. N. & Bilginturan, S. (2018). Phosphine Resistance of Rusty Grain Beetle *Cryptolestes ferrugineus* (Coleoptera: Laemophloeidae) Populations in Turkey. University of Agronomic Sciences and Veterinary Medicine of Bucharest, Faculty of Agriculture, Romania, *SCIENTIFIC PAPERS SERIES A. AGRONOMY*, 61,1, 286-290.