

**TÜRKİYE *CALAMEUTA* (CEPHIDAE:
HYMENOPTERA) TÜRLERİNİN
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER
YÖNDEN İNCELENMESİ**

**MAHİR BUDAK
YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
2007**

T.C.
CUMHURİYET ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TÜRKİYE *CALAMEUTA* (CEPHIDAE: HYMENOPTERA) TÜRLERİNİN
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER YÖNDEN İNCELENMESİ

MAHİR BUDAK
YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

2007

Danışman: Prof Dr. HASAN H. BAŞIBÜYÜK

**TÜRKİYE *CALAMEUTA* (CEPHIDAE: HYMENOPTERA) TÜRLERİNİN
MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER YÖNDEN İNCELENMESİ**

**MAHİR BUDAK
YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
2007**

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE

Bu çalışma, jürimiz tarafından, Biyoloji Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans Tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: -----
Üye: -----
Üye: -----
Üye: -----
Üye: -----

ONAY

Yukarıdaki imzaların, adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

-----/-----/-----

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRÜ

Prof. Dr. Hasan Hüseyin BAŞIBÜYÜK

Bu tez, Cumhuriyet Üniversitesi Senatosunun 05.01.1984 tarihli toplantısında kabul edilen ve daha sonra 30.12.1993 tarihinde C. Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürlüğü'nce hazırlanan ve yayınlanan "Yüksek Lisans ve Doktora Tez Yazım Kılavuzu" adlı yönergeye göre hazırlanmıştır.

ÖZET	i
SUMMARY	ii
TEŞEKKÜR	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ	iv
TABLolar DİZİNİ	viii
EKLER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
1. 1. Genel Bilgiler	3
1.1.1. Moleküler SistematiK	3
1.1.2. Filogenetik Bir Çalışmanın Süreçleri	3
1.1.2.1. Veri Tercihi ve Örnekleme	3
1.1.2.1.1. İdeal moleküler belirteçlerin özellikleri	4
1.1.2.1.1.1. Tek-kopya (Single-copy)	4
1.1.2.1.1.2. Kolay hizalama	5
1.1.2.1.1.3. Her Bölgede Eşit Serbest Değişim	5
1.1.2.1.1.4. Yeterli Sayıdaki Pozisyonda Yeterince Yüksek Yedekleme Oranı	5
1.1.2.1.1.5. Fazla Sayıda Çoklu Yedeklemeye Fırsat Vermeyen Düşük Yedekleme Oranı	6
1.1.2.1.1.6. Yaklaşık Eşit Baz Kompozisyonu	6
1.1.2.1.1.7. Evrensel Primerler	6
1.1.2.1.1.8. Uygun Gen Nasıl Bulunabilir?	6
1.1.2.1.1.9. Kodlama Yapmayan Bölgeler	7
1.1.2.1.2. Çekirdek rDNA'sının Genel Özellikleri ve Filogenide Kullanımı	7
1.1.2.1.3. mtDNA'nın Genel Özellikleri ve Filogenide Kullanımı	9
1.1.2.2. Dizileme	11
1.1.2.3. Hizalama	11
1.1.2.4. Evrimsel Modelin Seçimi	11
1.1.2.5. Filogenetik Analiz – Ağaç Oluşturma	12
1.1.2.6. Filogenetik Analiz – Optimum Kriter	13

1.1.2.8. Bootstrap Analizi	14
1.1.3. DNA Çubukkodlama	14
2. MATERYAL ve METOT	17
2.1. Materyalin Araziden Toplanması ve Müze Materyali Haline Getirme	17
2.2. Morfolojik Veri İçin Örneklerin Hazırlanması	18
2.3. Moleküler Çalışma İçin Örneklerin Hazırlanması	19
2.4. Total Genomik DNA İzolasyonu	20
2.4.1. Genomik DNA'nın Kalite ve Kantitesinin Belirlenmesi	20
2.5. COI ve Cyt b Gen Bölgesinin Polimeraz Zincir Reaksiyonuyla Çoğaltılması	21
2.6. Agaroz Jel Hazırlanışı (%1)	22
2.6.1. Mitokondri DNA Fragmanlarının Jelden İzolasyonu	23
2.7. Mitokondri DNA Dizi Analizi	24
2.8. Veri Analizi	25
2.8.1. Morfolojik Veri Analizi	26
2.8.2. Moleküler Veri Analizi	26
2.8.3. Morfolojik ve Moleküler Verinin Birlikte Analizi	26
3. BULGULAR	27
3.1. Tanı Anahtarları	27
3.2. Tür Betimleri (Deskripsiyon)	36
3.3. Morfolojik Karakter Analizi	45
3.3.1. Karakter ve Karakter Durumlarının Tanımı	45
3.4. Moleküler Veri Seti	60
3.5. Fenetik ve Filogenetik Analizler	61
3.5.1. Tutumluluk (Parsimony)	61
3.5.1.1. Analiz 1	61
3.5.1.2. Analiz 2	62
3.5.1.3. Analiz 3	63
3.5.1.4. Analiz 4	64
3.5.1.5. Analiz 5	65

3.5.2. Uzaklık Analizi	67
3.5.2.1. Analiz 6	67
3.5.2.2. Analiz 7	69
3.5.3. Maksimum Olasılık	69
3.5.3.1. Analiz 8	69
3.5.3.2. Analiz 9	71
3.5.3.3. Analiz 10	72
4. TARTIŞMA VE SONUÇ	74
5. KAYNAKLAR	78
6. EKLER	83
7. ÖZGEÇMİŞ	94

ÖZET**Yüksek Lisans Tezi****Türkiye *Calameuta* (Cephalidae: Hymenoptera) Türlerinin Morfolojik ve Moleküler Yönden İncelenmesi****MAHİR BUDAK****Cumhuriyet Üniversitesi****Fen Bilimleri Enstitüsü****Biyoloji Anabilim Dalı*****Danışman: Prof. Dr. Hasan H. Başbüyük***

Bu çalışmada İç Anadolu *Calameuta* cinsi türlerinin morfolojik ve moleküler veriler kullanılarak tanımlanması amaçlanmıştır. Yeni morfolojik karakterler tanımlanarak morfotipler elde edilmiş ve bu morfotipleri temsil eden örneklerin mitokondri DNA'sı COI ve Cyt b gen bölgelerinin dizisi çıkarılmıştır. Morfolojik ve moleküler veri seti fenetik ve kladistik yaklaşımlarla analiz edilmiştir. Analizler sonunda, *C. idolon*, *C. pallipes*, *C. pravei*, *C. filiformis* ve *C. haemorrhoidalis* morfolojik türlerinin geçerliliği ortaya konulmuştur. Bunun yanında, iki farklı taksonun yeni türler olabileceği önerilmiş, ancak her takson için yeterli örnek serisi bulunmadığından, kesin bir taksonomik karar verilmemiştir.

Anahtar kelimeler: Saparı, *Calameuta*, COI, Cyt b, Filogenetik Sistematiği

SUMMARY**MSc Thesis****Molecular and Morphological Investigation on Turkish Species of the Genus
Calameuta (Cephidae: Hymenoptera)****MAHİR BUDAK****Cumhuriyet University****Graduate School of Natural and Applied Sciences****Department of Biology*****Supervisor: Prof. Dr. Hasan H. Başbüyük***

In this study, it was aimed to describe Central Anatolian species of the genus *Calameuta* on the basis of morphological and molecular findings. Morphotypes are described from an analysis of new morphological characters and COI gene of mtDNA is sequenced representing each morphotype. Morphological and molecular data are analysed by phenetic and cladistic approaches. Result of the analyses show that *C. idolon*, *C. pallipes*, *C. pravei*, *C. filiformis* and *C. haemorrhoidalis* are valid morphological species. In addition, two different taxa are suggested to be putatively new species but a long series of specimen for each taxon is required for a final taxonomic decision.

Keywords: Sawfly, *Calameuta*, COI, Cyt b, Phylogenetic Systematic

TEŞEKKÜR

Tez konusunun seçimi, arařtırmaların yürütülmesi ve karşılaşılan her türlü zorluk aşamasında deneyimleri ve birikimleri ile bana yol göstermekten kaçınmayan danışman hocam sayın Prof. Dr. Hasan H. Başıbüyük'e teşekkür ederim.

Tezimin çalışma aşamalarında yardım ve katkılarından dolayı sayın hocam Doç. Dr. A. Fazıl Yenidünya, arkadaşlarım Arş Gör. Ertan Mahir Korkmaz'a ve Arş. Gör. Mahir Yıldırım'a teşekkür ederim.

Bu çalışmanın (F-195 no.lu proje) gerçekleşmesi için maddi kaynak sağlayan Cumhuriyet Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Fonu'na teşekkür ederim.

Tez çalışmam süresince maddi ve manevi destek sağlamaktan kaçınmayan sevgili eşime ve aileme teşekkür ederim.

Mahir BUDAK

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 1. rDNA gen kümesi	8
Şekil 2. Böcek toplama tuzakları. (a) Malaise tuzağı ile toplama. (b) Atrap aracılığı ile toplama. (c) Sarı kap tuzağı.....	17
Şekil 3. PZR ürünlerinin UV ile görüntülenmesi.....	23
Şekil 4. Jelden izole edilen örneklerin UV altında görüntülenmesi.....	24
Şekil 5. MEGA versiyon 3.1 programı yardımı ile DNA dizi görüntülenmesi ..	25
Şekil 6. (a) <i>Pachycephus</i> 'ta anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi; (b) <i>Characopygus</i> 'ta başın boy-en oranı.....	28
Şekil 7. (a) <i>Calameuta</i> 'da anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi; (b) <i>Hartigia</i> 'da başın boy-en oranı	28
Şekil 8. Üçüncü ve 4. anten segmentleri; a) <i>Hartigia</i> , b) <i>Calameuta</i>	28
Şekil 9. Sol mandibul dişleri; (a) <i>Pachycephus</i> , (b) <i>Characopygus</i>	29
Şekil 10. Maksillar palp; (a) <i>Hartigia</i> ; (b) <i>Syristra</i>	30
Şekil 11. Ovipozitör kılıfı;(a) <i>Syristra</i> ; (b) <i>Hartigia</i>	30
Şekil 12. <i>Cephus</i> 'da anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi.....	31
Şekil 13. Pronotumun en boy oranı; (a) <i>Cephus</i> (b) <i>Calameuta</i>	31
Şekil 14. Serkusun uzunluğunun ovipozitör kılıfının uzunluğuna oranı; (a) <i>Cephus</i> (b) <i>Calameuta</i>	32
Şekil 15. ♂ bireylerde 7 ve 8. sternit; (a) <i>Trachelus</i> (b) <i>Calameuta</i>	32
Şekil 16. <i>Trachelus</i> 'da (a) Anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi; (b) Ovipozitör kılıfı.....	32
Şekil 17. (a) Abdomen tergiti; (b) skutellum	33
Şekil 18. <i>C. filiformis</i> 'de (a) skutellum; (b) abdomen tergiti.....	34
Şekil 19. Maksil palp (a) Maksil palpinin 6. segmenti 5.'den oldukça uzun; (b) Maksil palpinin 6. segmenti uzunluğu yaklaşık 5. kadar	34
Şekil 20. <i>Calameuta</i> 'da preapikal mahmuz a. <i>C. idolon</i> , b. <i>C. pravei</i>	35
Şekil 21. <i>Calameuta</i> 'da abdomen; (a) <i>C. pallipes</i> ; (b) <i>C. pravei</i>	35
Şekil 22. <i>T. tabidus</i> genel görünüş; (a)♀ birey; (b) ♂ birey	36
Şekil 23. <i>C. pygmeus</i> genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey.....	38

Şekil 24. <i>C. haemorrhoidalis</i> (Morfotip 1) genel görünüş (a) ♀ birey (b) ♂ birey	39
Şekil 25. <i>C. haemorrhoidalis</i> (Morfotip 2) genel görünüş, ♂ birey	40
Şekil 26. <i>C. pallipes</i> (Morfotip 3) genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey	41
Şekil 27. <i>C. pravei</i> (Morfotip 4) genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey	42
Şekil 28. <i>C. filiformis</i> (Morfotip 5) genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey	43
Şekil 29. <i>C. idolon</i> (Morfotip 6) genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey	43
Şekil 30. <i>C. sp</i> (Morfotip 7) genel görünüş, ♂ birey	44
Şekil 31. Antenin yapısı; (a) Uca doğru birden kalınlaşıyor; (b) Uca doğru hafifçe kalınlaşıyor	45
Şekil 32. Anten seta durumu; (a) sık setalı; (b) seyrek setalı	45
Şekil 33. Eni boyundan uzun olan ilk anten segmenti.	46
Şekil 34. Son anten segmentinin boyunun enine oranı; (a) 1,5 katı; (b) 1 katı	46
Şekil 35. Antenin uç segmentlerinin renk durumları. (a) tamamen siyah; (b) yan tarafları sarı	47
Şekil 36. İlk anten segmentlerinin birleşim yerlerinin renk durumları. (a) koyu renkli ; (b) açık renkli	47
Şekil 37. Pedicelin şekli (a) küresel; (b) huni şeklinde	48
Şekil 38. Genanın ön kısmı (a) az setalı, parlak ve pürüzsüz; (b) çok setalı, pürüzlü ve mat	48
Şekil 39. Anten soketleri ile tent-pit arası (a) kabarık değil; (b) kabarık	49
Şekil 40. Lateral ocelluslar arasındaki mesafe; (a) ocelluslar arası mesafe fazla; (b) mesafe eşit	49
Şekil 41. Mandibul renk durumu; (a) çoğunlukla açık renkli; (b) çoğunlukla koyu renkli	50
Şekil 42. Bileşik gözün ventrali; (a) oval; (b) köşeli	50
Şekil 43. Occiputun üstten görünüşü; (a) kubbemsi şekilde; (b) köşeli şekilde	51
Şekil 44. Pronotumun yapısı; (a) kenarda köşeleniyor; (b) ortada köşeleniyor	51
Şekil 45. Ön bacadaki tırnakların yapısı; (a) kısaç şeklinde; (b) orak şeklinde; (c) tırpan şeklinde	52
Şekil 46. Metapimeron; (a) setalı; (b) setasız veya çok az setalı	52

Şekil 47. Ön bacakta femur; (a) bazal kısmından itibaren üçte biri koyu renkli; (b) bazal kısmından itibaren yarısından fazlası koyu renkli	53
Şekil 48. Arka kanatta humuli.....	53
Şekil 49. Ön kanatta 3 rm ve 1 rm damarları	54
Şekil 50. Sc1 damar uzunluğunun Sc damar kalınlığına göre oranı	54
Şekil 51. M + Cu damarı ile cua damarının kesişiminin Sc1 damarına oranı.....	55
Şekil 52. Ön kanatta damar yapısı.....	55
Şekil 53. Başın dorsalden görünümü (a) anten çukurları arasındaki çıkıntı sivri ; (b) anten çukurları arasındaki çıkıntı düz.....	56
Şekil 54. Pronotumun dorsalden şekli; (a) dört köşeli; (b) altı köşeli.....	56
Şekil 55. Pronotumun dorsalden en-boy oranı; (a) eni boyundan uzun; (b) eni boyu ile aynı	57
Şekil 56. Stigma; (a) orta kısmında çukur var; (b) yok.....	57
Şekil 57. Sarkusun hemen dibinden çıkan çizgi; (a) 0, (b) 1, (c) 2, (d) 3 karakter durumları	58
Şekil 58. Anal segmentin yapısı; (a) yatay durumlu; (b) dik durumlu.....	59
Şekil 59. Ovipozitor kılıfının perialvalve açısı; (a) dik durumlu; (b) paralel durumlu	59
Şekil 60. Morfolojik veri seti ile üretilen tutumluluk ağacı	62
Şekil 61. ‘Heuristik’ yöntemeye dayalı Çoğunluk Kuralı Uyumluluk Ağacı.....	63
Şekil 62. a) COI geni tutumluluk ağacı, b) COI geni uyumluluk ağacı.....	64
Şekil 63. COI ve Cyt b gen bölgeleri veri seti ile oluşturulan uyumluluk ağacı... 65	65
Şekil 64. Moleküler ve morfolojik veriler ile oluşturulan tutumluluk ağaçları	66
Şekil 65. Moleküler ve morfolojik veriler ile oluşturulan uyumluluk ağacı.....	67
Şekil 66. (a) Cyt b geni UPGM A ağacı; (b) COI geni UPGMA ağacı; Total Moleküler veri ile oluşturulan UPGMA ağacı	68
Şekil 67. (a) Cyt b geni NJ ağacı; (b) COI geni NJ ağacı; (c) Total moleküler veri ile oluşturulan NJ ağacı	70
Şekil 68. Cyt b gen bölgesi veri seti kullanılarak, (a) yıldız parçalama; (b) dörtlü bulmaca algoritmaları ile oluşturulan Maksimum Olasılık ağaçları	71

Şekil 69. COI gen bölgesi veri seti kullanılarak oluşturulan Maksimum Olasılık Ağacı	72
Şekil 70. COI ve Cyt b gen bölgeleri veri seti kullanılarak Gamma dağılımı ve baz frekanslarını kullanan algoritmalarla oluşturulan Maksimum Olasılık ağaçları...	73

TABLolar DİZİNİ

	Sayfa No
Tablo 1. rDNA ve mtDNA belirteçlerinin kullanılabilceđi taksonomik katogoriler.	10
Tablo 2. Moleküler alıřmada kullanılan morfotipler ve lokalite bilgileri.....	19
Tablo 3. Analizlerde kullanılan rnek isimlerin kısaltmaları	25

EKLER DİZİNİ

	Sayfa No
Ek 1. Morfolojik Veri Analizinde Kullanılan Örnekler ve Lokalite Bilgileri	83
Ek 2. Morfotipler ve Morfolojik Karakter Veri Seti	87
Ek 3. Cyt b Gen Bölgesi DNA Dizisi	89
Ek 4. COI Gen Bölgesi DNA Dizisi	91

1. GİRİŞ

Canlılığın kökenine dair sorular tarihin en erken zamanlarından beri merak konusu olmuştur. Organizmalar arasında yüksek düzeyde biyolojik çeşitliliğin var oluşu ve onların kökenleri bu tartışmaların temelini oluşturmuştur. Bu sorulara yönelik bilimsel bir yaklaşım 19.yy'da Charles Darwin'in Evrim teorisindeki "doğal seleksiyon" kavramı ile mümkün olmuştur (Mayr ve Ashlock, 1991). Uzun yıllar boyunca doğa bilimcileri dünyadaki biyolojik çeşitliliği tanımaya ve açıklamaya çalışmışlardır. Aralarında benzerlik kurabildikleri canlıları ortak gruplar içine yerleştirerek ilk sınıflandırma çalışmalarını başlatmışlardır. Zaman içinde canlılarla ilgili bilgilerin artışına bağlı olarak sistematik biyoloji ortaya çıkmıştır. İlk zamanlardaki genetik çeşitliliğin tanımlanması ve sınıflandırılması evrimsel teoriden bağımsız olsa da, son yıllardaki çalışmalarla filogenetik akrabalıklara bağlı olarak canlıların sınıflandırılmasına çalışılmaktadır.

Çeşitliliğin oluşması ve adaptasyonun başarılması evrimin başlıca iki sürecidir. Darwin başlangıçta çeşitliliğin kökeni ve yeni türlerin ortaya çıkması ile ilgilenmiştir. Daha sonraları bu ilgisi adaptasyon ve etkileri üzerine yoğunlaşmıştır. Bu son ilgi alanı yirminci yüzyılın başlarında birçok evrimsel genetikçi tarafından ilgi görmüştür. Fisher, Haldane ve Wright gibi popülasyon genetikçileri birçok evrimsel mekanizmanın anlaşılmasına katkıda bulunmuşlardır. Dobzhansky yazdığı *Genetik ve Türlerin Kökeni* kitabı ile evrime dengeli bir bakış açısı getirmiştir. Mayr *Sistematik ve Türlerin Kökeni* kitabı ile çeşitliliğin evrimsel süreçteki önemini işaret ederek yeni bir çığır açmıştır (Mayr, 1994).

Organik çeşitlilik ile ilgilenen sistematik, uzun zaman modası geçmiş imajından çok zarar görmüştür. Modern sistematik evrimsel, ekolojik ve davranış biyolojisi ile içi içe girmiştir. Öyle ki çeşitlilik ile ilgili bütün sorulara adres olmuştur (Mayr, 1994).

Modern biyologların çoğu türleri evrimsel birim olarak gen akışı ile birlikte düşünmektedirler. Örneğin Mayr şöyle yazmıştır "rastgele olmayan biyolojik türler gen havuzunun iç seçimidir." Merrel ise " türler doğal biyolojik

birimlerdir, çifleşme ve ortak bir gen havuzunu paylaşma bağı ile bağlanırlar” demiştir. Bu fikir Dobzhansky’ın öncü çalışmaları ile bulunmuştur ve daha sonraları Mayr, Stebbins ve diğerleri populasyon genetiğini laboratuvar çalışmaları ile bütünleştirmişlerdir. Bu araştırmacılar oldukça mantıklı olarak, populasyonların farklılaşmasının nedeninin gen akışının engellenmesinin sonucu olduğunu belirtmişlerdir ve tartışmalarını bu akışın engellenmesi sonucu oluşan türleşme üzerinde yoğunlaştırmışlardır. Diğer bir deyişle yalıtım mekanizmalarına önem vermeye başlamışlardır (Ereshefsky ve Ereshefsky, 1992).

Özellikle son otuz yılda moleküler biyoloji alanında kaydedilen başdöndürücü gelişmeler, moleküler bilginin (DNA veya protein dizi verisi), türleşme süreçlerinin anlaşılmasında, taksonları tanımlamada ve taksonlar arası akrabalık ilişkisinin belirlenmesinde kullanılmasını olanaklı hale getirmiştir. Geleneksel yöntemlerle (morfolojik vb.) tanımlanan taksonlar, moleküler veriler yardımıyla yeni bir sınıma tabi tutulmakta ve doğrulukları test edilmektedir. Bunun yanında, morfolojiden elde edilebilen sınırlı veri yerine, örneğin bir gen bölgesinin dizi analizi ile dizi büyüklüğünde veriye kolayca ulaşılabilmektedir.

Bu çalışmada, morfolojik olarak tanımlanan *Calameuta* cinsi türlerinin, moleküler verilerle sınılanması yanında, morfolojik olarak benzer veya tanımı zor taksonların (ayrık populasyonların-distinct population) taksonomik durumlarının incelenmesi amaçlanmıştır. Bunun için, yapılan morfolojik değerlendirme yanında, araştırma altındaki cinse ait taksonların mtDNA COI ve Cyt b genlerinin belirli bölgelerinin dizileri çıkarılmış ve taksonların taksonomik durumlarının test edilmesi ve taksonlar arasındaki akrabalık ilişkisinin belirlenmesinde kullanılmıştır.

Kullanılan moleküler belirteçlerin seçimi, verinin analizinde yararlanılan metotlar ve sonuçların değerlendirilmesi sırasında kullanılan kavram ve yaklaşımlar konusunda kısa bir değerlendirme aşağıda sunulmuştur.

1.1 GENEL BİLGİLER

1.1.1 Moleküler Sistemik

Moleküler filogenetik metotlar DNA veya protein dizileri üzerinde etkili olan moleküler evrim sürecinin çıkarımlarına dayanmaktadır. Belli dizi verilerinin çeşitli algoritmik modeller altında simülasyonu ile belli soy hatlarının ayrılması ve evrimi ortaya konulabilir. Bu koşullar altında, doğru filogenetik ağaç bulunur ve bu ağaç filogenetik metotlar ve evrimsel modeller için doğruluk, tutarlılık ve sağlamlık kriterleri açısından test edilebilir. Ancak biyolojik veriler kullanıldığında filogenetik ağaç tam olarak bilinmez. Bir organizma grubunun veya gen ailesinin farklı soy hatlarına ayrılması gibi evrimsel olaylar milyonlarca yıl önce gerçekleşmiş olabilir. Sonuçta, simülasyon deneylerinde sağlamlığı kanıtlanan metotlar biyolojik verilerden filogenetik ağaçlar oluşturmak için kullanılır. İdeal olarak sonuçta çıkan hipotetik ağaç doğal ağaç topolojisine mümkün olduğunca yakın olmalıdır. Biyolojik verilere veya metotsal hatalara özgü olan hatalar negatif bir şekilde filogenetik analizi etkileyerek sonuçta yanlış ağaç topolojisi oluşmasına neden olabilir (Huelsenbeck, 1995).

1.1.2 Filogenetik Bir Çalışmanın Süreçleri

1.1.2.1 Veri Tercihi ve Örnekleme

Eğer bir projede bir gen ailesinin filogenisi incelemek amaçlanıyorsa (ör. Glycerin aldehyde dehydrogenases) veri tercihi önceden yapılmıştır. Eğer bir organizma grubunun filogenisi yapılacaksa, farklı genler veya gen bileşimleri veya DNA bölgeleri filogenetik ağaç oluşturmak için kullanılır. Organizmaların yakın veya uzak akraba olmalarına göre kullanılan belirteçler çok değişken (ör. ITS2 veya intronlar) veya korunmuş DNA bölgelerinden (ör. Ribozomal LSU rDNA, protein kodlayan genler) seçilir. Eğer seçilen DNA bölgesi çok değişken veya çok korunmuş ise, farklı DNA bölgesi seçmek çözünürlüğü artırabilir. En iyi tercih ise birden çok, farklı DNA bölgelerinin kombinasyonlarını birlikte kullanmaktır (Baptiste *vd*, 2002). Hataları azaltmak için, seçilen takson üzerinde çalışılan organizma grubunu en iyi şekilde temsil edecek şekilde olmalıdır. Bir

organizma grubunun filogenetik analizine başlamanın en iyi yolu her morfolojik türden onları temsil edecek birkaç örneğin seçilmesidir. Bir gen familyasının filogenetik analizi için takson örneklemede iki noktaya dikkat edilmelidir: a) organizmaların biyolojik çeşitliliğini en iyi şekilde temsil etmeli ve b) her bir organizma için gen familyasının ortolog ve paralog dizileri çıkartılmalıdır. Taksa sayısı filogenetik analizlerin sonucunu etkilemektedir. Ne kadar çok taksa kullanılırsa doğru filogenetik tarihi ortaya koyma olasılığı aynı derecede artmaktadır. Yüksek evrimleşme oranına sahip olan karmaşık filogeniler üzerinde çalışıldığı zaman, çok sayıda yakın taksonla çalışmak yararlı olur. Evrimin yönünü tayin edebilmek için genellikle veri setine dışgrup eklenir. Homoplaziler (kökendaş olmayan benzer evrimsel değişimler) ağacın çözünürlüğünü düşürdüğü için çok yakın bir kardeş grup dış grup için en iyi seçimdir. Ancak köksüz ağaç analizleri yapmak iç dallanmaların çözülmesini daha iyi ortaya koyabilir (Hoef-Emden, 2004).

1.1.2.1.1. İdeal Moleküler Belirteçlerin Özellikleri

1.1.2.1.1.1. Tek-kopya (Single-copy)

İdeal bir moleküler belirteç haploit genomda tek kopya olarak bulunmalıdır. Eğer birden fazla kopya bulunuyorsa bu durumda filogenide kullanılacak olan farklı bireylerden elde edilen dizinin, genin farklı kopyalarına (paralog) ait olması muhtemeldir. Tek-kopya genleri kullanmak bu duruma çözüm getirecektir. Ancak hangi genin genomda tek-kopya olarak bulunduğu her zaman bilinmeyebilir. Diğer bir sorun ise tek-kopya genleri çoğaltmanın zorluğudur. Eğer çoklu-kopya genlerin dizileri aynı ise hangi kopyanın dizisinin yapıldığı önemli değildir. Böyle genlerin çoğaltılması daha kolay ve yüksek verimli olduğu için daha avantajlıdır. Bu kategoride iki grup gen vardır. Bunlar mitokondriyal genler ve çekirdek ribozomal genlerdir. Bir hücrede birçok mitokondri bulunduğundan aynı diziye sahip çok sayıda mitokondri genleri vardır (Simon *vd.*, 1994). Birlikte evrim mekanizmaları sayesinde çekirdek ribozomal gen küme kopyaları aynı kalmıştır (Hillis ve Dixon, 1991).

1.1.2.1.1.2. Kolay Hizalama

DNA segmentinden parça çıkartılması ve parça girişi nedeniyle taksonlar arasında gen uzunlukları değişebilir. Filogenetik analiz öncesinde bu sekansların hizalanması (alignment) gerekmektedir. Protein kodlayan genler için hizalama kolaydır ve uzunluk farkı daha az olasıdır, aksi durumda çerçeve kayması mutasyonlar oluşabilir. Proteine çevrilmeyen ribozomal genler için hizalama daha zor olabilir. Hizalamadaki belirsizlik filogenide belirsizliğe yol açar. Problemlerli hizalamaların üstesinden gelmek için bazı yollar vardır. Bu yollardan biri problemlerli bölgeleri çıkartmak veya ikincil yapı bilgisini kullanarak hizalama yapmaktır (Cruickshank, 2002).

1.1.2.1.1.3. Her Bölgede Eşit Serbest Değişim

Protein kodlayan genlerin kodon yapısından dolayı sadece kodonların üçüncü pozisyonu proteinin yapısını bozmadan değişebilir. Proteini değiştiren değiştirici baz değişimi mutasyonlar fonksiyon kaybına yol açacağından daha az meydana gelirler. Bu yüzden dizisi çıkarılan DNA segmentinin sadece üçte biri filogenetik açıdan bilgi vericidir. En azından çok yakın ilişkili taksonlar için bu durum geçerlidir. Maksimum olasılık yöntemi farklı bölgelerde farklı yedekleme oranlarını hesaba katsa dahi bu duruma sahip gruplarda filogeni yapmak zor olabilir (Cruickshank, 2002).

1.1.2.1.1.4. Yeterli Sayıdaki Pozisyonda Yeterince Yüksek Yedekleme Oranı

Farklı belirteçler farklı oranlarda evrimleşirler. Bu yüzden kullanılacak belirtecin kullanım için uygun derecede yedekleme oranına sahip olması önemlidir. Çok yakın türler için bir genin, taksanın evrimleşeceği kısa sürede yeterince mutasyonu biriktirmiş olması gerekir (Cruickshank, 2002).

1.1.2.1.1.5. Fazla Sayıda Çoklu Yedeklemeye Fırsat Vermeyen Düşük Yedekleme Oranı

Aşırı hızlı mutasyon oranına sahip bir genin bazı bölgelerinde iki veya daha fazla yedekleme olabilir. Bir sonra gelen yedekleme bir öncekini örteceğinden birçok filogenetik metot için bu durumda ağaç oluşturmak oldukça zordur. Bu durum doygunluk (saturation) olarak adlandırılır. Bu problem “nükleotid bileşimi sapması” ile daha da ağırlaşır. Bir pozisyonda meydana gelen ikinci yedekleme pozisyonu orijinal durumuna çevirecektir (örneğin A-> T yi T->A takip eder) (Cruickshank, 2002).

1.1.2.1.1.6. Yaklaşık Eşit Baz Kompozisyonu

Eğer baz kompozisyonu eşit değilse, aynı mutasyonun ağaç üzerinde birden fazla ortaya çıkma olasılığı artacaktır. Bu ise veri setinde homoplazi miktarında artışa sebep olacaktır. AT içeriği zengin olma eğiliminde olan mitokondriyal genler için bu bir problemdir. Örneğin Navajas *vd.* (1996a) bir mitokondriyal gen olan sitokrom oksidaz I (COI) Tetranychidae de %75 oranında AT içeriğine sahip (%95 üçüncü kodon pozisyonunda) olduğunu bildirmişlerdir (Cruickshank, 2002).

1.1.2.1.1.7. Evrensel Primerler

Pratik nedenlerden dolayı daha geniş takson grupları için çalışan primerler daha az takson gruplarına özgü primerlerden daha kullanışlıdır. Daha geniş takson gruplarında çalışan primerler çok daha korunmuş olmasından dolayı primer bölgelerinde mutasyon olma olasılığı daha azdır. Ancak primerler çok fazla evrensel olmamalıdır. Çünkü örneklerin bağırsaklarında bulunan simbiyont ve parazitlerden dolayı kontaminasyon olabilir (Yli-Mattila *vd.*, 2000).

1.1.2.1.1.8. Uygun Gen Nasıl Bulunabilir?

Hiçbir moleküler belirteç yukarıda sıralanan şartları sağlamaz. Değişik amaçlar için değişik belirteçler kullanmak daha uygundur. Örneğin, ribozomal genlerin hizalanması zor olsa dahi protein kodlayan genlerden daha bilgi vericidir.

Hizalama yapılamayan diziler bu genlerden çıkartılsa bile aynı uzunluktaki protein kodlayan genlerden daha çok bilgi verici olabilir (Cruickshank, 2002).

1.1.2.1.1.9. Kodlama Yapmayan Bölgeler

Kodlama yapmayan bölgeler (Non-coding regions) mitokondriyal kontrol bölgeleri (Zhang ve Hewitt, 1997), çekirdek genlerindeki intronlar (Friesen, 2000), ve dahili yazılan ayıraç bölgeleridir (Internal transcribed spacer regions)'dir. Bu bölgeler seçim baskısı altında olmadığından dolayı çok çabuk evrimleşirler. Bundan dolayı bu bölgeler tür içi veya çok yakın akraba olan türler için kullanılabilir. Yerine geçme oranındaki yükseklikten dolayı bu genler için heterozigotluk oranı yüksektir. Bundan dolayı PZR ürünlerini dizin öncesi klonlamak gerekmektedir (Cruickshank, 2002).

1.1.2.1.2. Çekirdek rDNA'sının Genel Özellikleri ve Filogenide Kullanımı

rRNA'ları kodlayan çekirdek rDNA (Şekil 1) genleri genellikle filogenetik yaklaşımlarda kullanılmaktadır. Ökaryotik çekirdek rDNA'lar yaklaşık 5000 kopya ile genomda ardışık sıralı bir şekilde bulunurlar. Her tekrar eden birim küçük altbirim (SSU), büyük altbirim (LSU) ve 5.8S rDNA'lardan oluşur. Bu rRNA kodlayan bölgeler birbirlerinden ayıraçlar ile ayrılır. SSU ve LSU rDNA'ları iki dış yazılan ayıraçlar (external transcribed spacer, ETS) ve bir yazılmayan ayıraçlar (non-transcribed spacer, NTS) ile ayrılır. Bu ayıraçların hepsi genarası ayıraçlar (intergenic spacer, IGS) olarak adlandırılır. 5.8 S rDNA ise iki dahili yazılan ayıraçlar (internal transcribed spacerlar, ITS1 ve ITS2) arasına yerleşmiştir (Şekil 1).

Ayıraç bölgelerinde meydana gelen mutasyonlar ölümcül etkiye sahip olmadığından, rRNA şifreleyen bölgelere göre daha hızlı evrimleşirler. rRNA şifreleyen bölgelerde meydana gelen mutasyonlar rRNA'larda da görüleceğinden, bu mutasyonlar başarılı bir ribozom oluşumunu engelleyebilir. Farklı evrim oranlarından dolayı rDNA'lar geniş spektrumlu bir filogenetik ilişkiyi çözümlemede kullanılabilir.

Çekirdek SSU rDNA en çok korunan DNA bölgelerinden birisi olduğundan dolayı alem (kingdom), şube (filum), sınıf (classis) veya takımları (ordo) içeren derin filogenetik dallar oluşturmada kullanılabilir (Friedrich ve Tautz, 1995)



Şekil 1. rDNA gen kümesi

En küçük çekirdek rDNA olan 5.8 S rDNA'nın nükleotid dizisindeki korunma SSU rDNA ile aynı olmasına karşın uzunluğu (yaklaşık 150 bp) çok kısa olduğundan, yeteri kadar filogenetik bilgi içermemektedir. Bu nedenle 5.8S rDNA bölgesi filogenetik çalışmalar için önerilmemektedir (Hwang *vd.*, 1999).

LSU rDNA, SSU rDNA ile karşılaştırıldığında çok daha büyük ve daha fazla değişkenlik göstermektedir. Bu bölge birçok farklılaşmış domain veya genişletilmiş parçalara sahiptir. Bundan dolayı, genin büyüklüğü şubeler arasında değişkenlik göstermektedir. Çekirdek LSU rDNA takım veya familya seviyesindeki filogenetik ilişkiler için kullanışlıdır (Fredrich ve Tautz, 1997; Hwang *vd.*, 1998).

Çekirdek SSU ve LSU rDNA'ları birkaç domainden oluşmaktadır. Bu domainlerden bazıları çok korunmuş olmasına rağmen diğerleri değişkendir. Hızlı evrimleşen segmentler yüksek miktarda değişkenlik gösterirler ve bunlar “genişleyen segmentler (expansion segments)” veya “değişken bölge (variable regions)” olarak adlandırılırlar. Çekirdek SSU ve LSU rDNA'larında görülen uzunluklarındaki değişkenlik, değişken bölgelerin genişlemesinden kaynaklanmaktadır (Hwang *vd.*, 1998; Choe *vd.*, 1999). SSU ve LSU rDNA'larının değişken bölgelerindeki nükleotid dizileri familya veya nadiren cins gibi alt kategorik seviyelerde kullanılır (Hwang *vd.*, 1998,1999).

1.1.2.1.3. mtDNA'nın Genel Özellikleri ve Filogenide Kullanımı

Bazı haşlamlılar (cnidaria) dışındaki çok hücreli canlılarda mtDNA kapalı halkasal DNA molekülünden oluşur. Bu molekülün ortalama büyüklüğü 14 ile 17 kb kadardır. Mitokondri DNA'sındaki bu büyüklük değişimine rağmen gen içeriği çok az değişmiştir. Büyüklük değişiminin temel nedeni şifreleme yapmayan bölgelerin uzunluğundaki değişim veya mtDNA'nın bazı bölgelerinin tekrarlamasıdır (Hwang *vd.*, 1999).

Metazoa mtDNA'ları genellikle 36 veya 37 gen içerir; iki tanesi ribozomal RNA'lar için (16S rRNA ve 12S rRNA), 22 tanesi tRNA'lar için ve 12 veya 13 tanesi multimerik proteinlerin alt üniteleri içindir (sitokrom oksidaz I-III [COI-III], ATP sentetaz VI ve VIII [A6 ve A8], NADH dehidrojenaz 1-6 ve 4L [ND1-6, ND4L], ve sitokrom b apoenzim [Cytb]). Bunlara ek olarak genellikle en az bir tane değişken uzunlukta şifreleme yapmayan diziler vardır (kontrol bölgesi veya A+T'ce zengin bölgeler, vb.). Omurgalılarda ve böceklerde bu şifrelenmeyen bölgeler mtDNA replikasyonunu ve transkripsiyonunu düzenleyen ve başlatan elementler içerir (Hwang *vd.*, 1999).

Mitokondri DNA'sı çekirdek genomundan daha hızlı evrimleşir. Bundan dolayı birçok mitokondri proteini şifreleyen genler familya, cins, tür ve populasyon gibi alt kategorik seviyelerin filogenetik ilişkilerini incelemek amacıyla kullanılır (Tablo 1). Protein şifreleyen genlerin üçüncü kodonlarındaki yüksek yer değiştirme mutasyonları frekanslarından dolayı bu tür genler tür veya populasyon seviyesindeki filogenilerde kullanılır (Navajas *vd.*, 1996). Diğer yandan, amino asit dizileri daha fazla korunduğu için, amino asit dizileri familya gibi daha üst kategorilerde kullanılır (Fratl *vd.*, 1997).

Tablo 1. rDNA ve mtDNA belirteçlerinin kullanılabilceği taksonomik katogoriler (Hwang vd., 1999).

	Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	Population
Nuclear rDNA								
SSU (16-18S)	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
LSU (23-28S)	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
5.8S	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
IGS	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
ITS	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
MtDNA								
rDNA								
12S	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
16S	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Protein								
Coding genes								
ND1	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
ND2	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
COI	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
COII	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Cytb	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----
Control region								
Gene arrangement	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

mtDNA kontrol bölgesi çok yüksek mutasyon oranına sahiptir. Aynı türün bireyleri arasında dahi değişkenlikler mevcuttur. Bu bölge genellikle uzunluk olarak değişken ve bazı durumlarda ise nükleer rDNA'nın IGS bölgesi gibi sıralı dizilere sahiptir. Yukarıda değinilen nedenlerden dolayı bu bölge tür, tür altı ve populasyonların filogenetik çalışmalarında kullanılır (Zhang ve Hewitt, 1997).

mtDNA çekirdek genomundan daha hızlı değişmesine rağmen, 12S rDNA yüksek oranda korunmuştur. 12S rDNA şube veya altşube gibi üst taksonomik seviyelerin filogenetik çalışmaları için kullanılır. Diğer yandan 16S rDNA 12S rDNA'dan daha fazla değişkenlik göstermektedir (Hwang vd., 1999).

Çekirdek rDNA'ya göre mtDNA'nın daha değişken olması nedeniyle, mtDNA için özel gen bölgeleri için evrensel primerler tasarlamak daha zordur. Bu sebepten dolayı filogenetik çalışmalarda sınırlı mitokondriyal genler (12S rDNA, 16S rDNA, Cytb, ND1 ve COI-III) kullanılmaktadır. Mitokondriyal genler arasında 12S ve 16S rDNA daha fazla korunmuştur. COI diğer 3 sitokrom oksidaz şifreleyen gene göre daha fazla korunmuştur. Cytb ND1'den daha fazla COI den daha az korunmuştur (Hwang vd., 1999)..

Kocher ve ark. (1989) geniş taksonomik kullanımı olan üç mtDNA primer çifti geliştirmişlerdir. Daha sonra Simon ve ark. (1994) mtDNA'nın amplifikasyonu ve sekansı için kullanışlı primerleri içeren bir derleme

yayınladılar. Bunlara ek olarak, Zhang ve Hewitt (1997) böcekler için COI evrensel primerlerini tasarlamışlardır.

1.1.2.2. Dizileme

Filogenetik analizler, ağaçları hizalanmış DNA dizilerinden oluşturduğu için dizileme hataları yanlış ağaç topolojilerine neden olabilir. Eğer karmaşık evrimsel modeller kullanılıyorsa, daha fazla korunmuş DNA bölgeleri için yapılan dizileme hataları ağaç topolojisi üzerinde daha fazla etkiye sahiptir (Hoef-Emden, 2004).

1.1.2.3. Hizalama

Dizi hizalamaları Clustal X/W gibi programlar kullanılarak otomatik olarak yapılabilmektedir. Ancak diziler yüksek oranda korunmuş değilse veya delesyonlar içeriyorsa hizalama yüksek oranda hatalara açıktır. Bu yüzden ribozomal DNA ve çok değişken gen bölgelerinin hizalamaları göz ile kontrol edilmelidir. Hizalanamayan bölgelerdeki hatalardan kaçınmak için, bu bölgeler analiz öncesinde diziden çıkartılmalıdır.

1.1.2.4. Evrimsel Modelin Seçimi

DNA dizileri için evrimsel modeller yıllar içerisinde oldukça kuvvetlenmiştir. Bu modeller baz frekansı, yedekleme oranı matrisi, gamma dağılımı, sabit pozisyonların oranı ve kovariyon/kovariyotid evrim gibi bazı parametreleri içermektedir. Basit evrimsel modellerde baz frekansları eşit olarak kabul edilir. Ancak baz frekansları farklı veri setlerine göre her bir nükleotid için değiştiğinden, baz frekansları ancak veri setinden tahmin edilebilir.

Basit evrimsel modellerde, her bir nokta mutasyonlar için yedekleme oranı eşit olarak kabul edilir. Bu modellerde yedekleme tipi bir tane olarak ayarlanmıştır. Transversiyon ve transisyon olmak üzere iki yedekleme tipini kullanan evrimsel modeller farklı yedekleme oranlarına sahiptirler. En karmaşık yedekleme oranını bulandıran matrisler her bir nokta mutasyon için ($A \leftrightarrow C$, $A \leftrightarrow G$, $A \leftrightarrow T$, $C \leftrightarrow G$, $C \leftrightarrow T$, $G \leftrightarrow T$) farklı altı yedekleme oranından oluşmaktadır.

Non-reversible modeller için yedekleme oranı matrisleri, on iki farklı yedekleme oranı içermektedirler. Ancak birçok standart moleküler filogeni programlarında kullanılmamaktadır.

Gamma-dağılımı ve sabit pozisyonların orantısı ribozomal DNA dizileri gibi az veya çok korunmuş bölgeleri dikkate alır. Protein kodlayan DNA bölgelerinde kodonların üçüncü pozisyonu birinci ve ikinci pozisyonlara göre daha değişkendir. Sabit pozisyonların orantısı, ne kadarlık bir bölgenin hiç evrimleşmediğini ortaya koyar. Ancak gamma dağılımı modellerinde yavaş ve hızlı evrimleşen bölgelerin oranları analiz edilir.

Kovariyon/kovariyotid evrim filogeni programlarında çok nadir kullanılır. Bireysel dizilerin diğerlerinden daha hızlı bir şekilde evrimleştiğini ortaya koymak amacıyla kullanılmaktadır.

PAUP programı yukarıda bahsedilen evrimsel modeller ile birlikte 56 farklı evrimsel modelin kullanılmasına izin verir (Posada ve Crandall, 1998).

1.1.2.5. Filogenetik Analiz – Ağaç Oluşturma

Filogenetik ağaç oluşturmak için çeşitli metotlar geliştirilmiştir. Bu metotlar, bir optimal kriter ile bir ağaç oluşturma algoritmasını birleştirmiştir. Seçilen optimal kriter altında, ağaç oluşturma algoritması olası optimal ağaçları oluşturmada kullanılır.

Teorik olarak parsimoni (tutumluluk kriteri) altında en iyi seçenek tüketme analizi (exhaustive search) metodudur. Bu metot bütün olası ağaçları inceleyerek seçilen optimal kriter altında en iyi ağacı bulma garantisi verir. Pratik olarak bu metot ancak taksa sayısı az olduğunda kullanılabilir. Hizalamalar genellikle birçok takson içerdiğinden tüketme analizi yapmak PC hafızası ve zaman sınırlamaları yüzünden imkansızdır (Hoef-Emden, 2004).

Genellikle filogenetik analizlerde kes-bağla (branch-and-bound) ve heuristic ağaç oluşturma algoritmaları kullanılır. Kes-bağla ağaç oluşturma algoritmasında her zaman en iyi ağaç hafızada tutulur ve optimal kritere göre eşik değeri olarak atanır. Bu eşik değerini aşamayan bütün ağaçlar oluşturma aşamasında yanlış olarak değerlendirilir ve ağaç oluşturulmadan başka bir ağaca

geçilir. Eğer yeni oluşturulan bir ağaç daha iyi ise yeni referans olarak alınır ve yeni eşik değeri tanımlanır. Bu algoritma ağaç oluşturma sürecini hızlandırır ancak geniş veri setleri için çok fazla zamana ihtiyaç vardır.

Heuristic arama algoritması bir başlangıç ağacı seçerek bu ağacın topolojisini yeniden düzenler ve en iyi ağacı bulmaya çalışır. Tepe tırmanma algoritması da denilebilir. Bu arama algoritması en iyi ağacı bulmayı garanti etmez.

Star-decomposition metodunda ilk olarak bütün taksonlar köksüz bir ağaçta tek bir iç düğümde bağlanır. Daha sonra en yakın taksonlar birbirleriyle bağlanır. Bu süreç tekrar tekrar yapılarak tamamen çözümlenmiş bir ağaç elde edilmesi amaçlanır.

1.1.2.6. Filogenetik Analiz – Optimum Kriter

Maksimum tutumluluk (maksimum parsimony, MP) kriterinde evrimsel model kesindir. Maksimum tutumluluk bir ağacın mümkün olan en az değişime sahip olmasını savunur. Böyle bir ağacın evrimsel süreci en iyi ifade ettiğini söyler. Karakter ağırlaması tutumluluk kriterinde, her pozisyonda bütün nükleotidler eşit mutasyon oranına sahiptirler. Ağaç arama algoritması olarak genellikle heuristic search kullanılır.

Uzaklık matrisi (distance matrix) metodunda hizalanmış diziler çiftler halinde karşılaştırılır. Her bir dizi çifti için genetik uzaklık mesafesi hesaplanır. Taksalar arasındaki genetik uzaklığı hesaplamak amacıyla birkaç evrimsel model seçilebilir. Bu metot genellikle komşu bağlama (neighborjoining) algoritmasını kullanılır. Bu algoritma en hızlı metotlardan birisidir ve genellikle takson sayısı çok geniş veri setleri için kullanılır.

Maksimum olasılık (maximum likelihood, ML) kriteri en çok zaman alan, ancak dizi verileri için en kuvvetli optimal kriterdir. Verilen bir ağaç topolojisi için, dizideki her pozisyonun iç düğümlerdeki atasal durum kombinasyonlarının olası her pozisyonları eklenerek olasılık hesaplanır. En iyi ağacı elde etmek için genellikle heuristic search kullanılır.

Bayesian analizi uzaklık matrisi, maksimum tutumluluk veya maksimum olasılık metotlarında daha farklı bir yaklaşım kullanır. Bu metot Bayesian teoremine dayanmaktadır. Posterior olasılık formülündeki tüm parametreleri hesaplamak imkansız olduğu için Markov Chain Monte Carlo simülasyonu kullanılır. Analiz rastgele dal uzunluğuna sahip rastgele ağaç topolojisi ve rastgele olasılık parametreleri (baz frekansları, yedekleme oranı, gamma dağılımı, değişken olmayan pozisyonların orantısı, kovarion) ile başlar.

Markov zinciri birkaç bin ile milyonlara kadar döngü yapar. Her bir döngüde ufak parametre değişiklikleri ile yeni ağaçlar oluşturur. Oluşturulan ağaçlar posteriori olasılığına göre kabul edilir veya ret edilir. Ağaç oluşturma süreci bittiğinde, posteriori prensibi ile ölçeklendirilmiş uyumluluk (konsensus) ağacı ortaya çıkar (Hoef-Emden, 2004).

1.1.2.8. Seç-Bağla (Bootstrap) Analizi

Seç-bağla analizi her bir dalın ne oranda desteklendiğini test etmek amacıyla yapılır. Program test edilecek veri setindeki diziler içerisinde rasgele parçalar alarak alt örneklemeler oluşturur (bootstrap replicates). Alt örnekler filogenetik analize tabi tutulur (maksimum tutumluluk, komşu bağlama veya maksimum olasılık). Sonuç olarak her bir dalın desteklenme yüzdesini veren uyumluluk ağacı oluşturulur. Sonuçlar yüzde olarak verildiğinden sağlıklı bir sonuç alabilmek için 100 veya daha fazla örneklem döngüsü yapılmalıdır. Seç-bağla analizi sonucunda yüzde doksan beş veya daha fazla alt örnek analizinde aynı dal bulunuyorsa, bu soy hattının önemli bir şekilde desteklendiği anlamına gelmektedir.

1.1.3. DNA Çubuk kodlama (DNA Barcoding)

DNA dizi analizi evrimsel geçmişi araştıran çalışmalar için çok yararlı bir araçtır. DNA dizi analizi, yaşamın çeşitliliğini ortaya çıkarmasına ve grup içi evrimsel ilişkilerin araştırılmasına yardımcı olmaktadır. Sistematikçiler için diğer bir faydası ise birbirlerine çok benzer olan organizmaların tür sınırlarını çözümlenmede yardımcı olmaktadır. DNA'ya dayalı filogenetik analiz yöntemleri

ve gen çeşitliliği şaşırtıcı derecede çok olmasına rağmen, çalışılan bazı gruplar dışında uygulamalar sınırlıdır. Tek bir genin bütün türler için dizilemesinin yapılması taksonomi için büyük ölçüde potansiyel kullanıma sahiptir olacaktır.

Birçok araştırmacının merak ettiği soru, DNA analizi ile tür tanımlamasının mümkün olup olmadığıdır. Teorik olarak kısa bir DNA dizisi, 10 milyon ile 100 milyon türü teşhis etmek için yeterlidir. Örneğin protein kodlayan 600 nükleotid uzunluğundaki bir gen için kodonların üçüncü pozisyonunda 200 nükleotid vardır. Bu konumlarda, yedekleme oranı seçici olarak nötrdür ve rastgele sürüklenme ile mutasyonlar biriktirilir. Bir organizma grubunun üçüncü nükleotid pozisyonunda sadece adenin veya timin (alternatif olarak guanin veya sitozin) – en kötümser ihtimalle- bulundursa dahi üçüncü nükleotid pozisyonu için 2^{200} veya 10^{60} farklı dizi ihtimali vardır (Stoeckle, 2003).

Tek bir hedef gen ile DNA sekans analizi yapılarak teşhis yapılması *DNA çubuk kod* (DNA barcoding) olarak adlandırılır. Hayvanlar aleminde en azından farklı şubelerden bazı yakın türler için COI analizi ayırarak DNA çubuk kodlamaya destek vermiştir (Hebert vd, 2003a).

DNA çubuk kodun faydaları nelerdir? Evrensel olduğundan tür teşhisleri için pratik bir metottur ve geniş bilimsel uygulama alanına sahiptir. Koruma biyolojisi ve biyolojik çeşitlilik araştırmaları için çok kullanışlı bir araçtır. Yumurta ve larva formlarının teşhisi, mide içeriği ve dışkı analizlerinde potansiyel bir kullanıma sahiptir. Taksonomi uzmanları tür teşhisleri için yeterli sayıda olmadığından DNA ya dayalı tür teşhisi biyolojik bilgi hazinesinin kapılarını açacaktır.

Yeryüzünde yaşayan tür sayısı bilinmemektedir. Yaklaşık olarak 1.7 milyon canlı türü isimlendirilmiş ve muhtemelen 10 milyon tür (Bacteria ve Archaea hariç) tanımlanmayı beklemektedir. Belki de büyük hayvanlar arasında dahi sanıldığından daha yaygın olan gizli (cryptic) türlerin tanımlanmasına ayrıntılı populasyon analizleri yardımcı olacaktır. Aynı genin (veya gen setinin) farklı organizmalarda DNA dizilemesi, şu an için mümkün olmayan hayatın çeşitliliğinin kavranmasına ve türleşmenin altında yatan süreçlerin aydınlatılmasına katkıda bulunacaktır.

DNA çubukkodlamasının zorlukları da vardır. DNA'ya dayalı tür teşhisi tür içi (intraspecific) ve türler arası (interspecific) genetik varyasyonlara dayanmaktadır. Bu varyasyonların sınırları bilinmemekle birlikte gruplar arasında da değişiklik göstermektedir. Bu yüzden yeni ayrılmış türlerin veya hibridizasyon ile oluşmuş türlerin çözümlenmesi zor olabilir. Evrensel bir DNA çubukkod geni bulunmamaktadır. Çok yakın türleri ayırt etmek için başlıca sınırlayıcı faktör, biriktirdikleri yeni mutasyon oranlarının hemen hemen aynı olmasıdır. Tür ayrımı için yeterince değişken ve her domain için korunmuş tek bir gen yoktur.

DNA çubukkod için ideal hedef gen geniş ölçüde korunmuş primerlerle çoğaltılabilmelidir. Diğer yandan bu gen çok yakın türleri ayıracak ölçüde farklılaşmış olmalıdır. Taksonlar arası paylaşılması ve PZR'da zorluk çıkaracak intronların olmaması açısından mitokondriyal genler hayvanlar için ilgi çekicidir. Farklı omurgasız şubeler için geniş ölçüde kullanılan COI primerleri sayesinde bu gen tür teşhisi için ümit vermektedir (Folmer *vd.*, 1994).

Bu çalışmada, çoğunlukla Orta Anadolu'dan olmak üzere, ülkemizin birçok bölgesinden toplanan *Calameuta* örnekleri değerlendirilmiştir. Ülkemiz *Calameuta* faunası üzerine yapılmış çalışmalar son derece azdır (Benson, 1968; Başbüyük *vd.*, 2004). Benson (1968), ülkemizden *C. haemorrhoidalis*, *C. idolon* ve *C. pallipes* türlerini bildirmiştir. Ancak, Başbüyük *vd.* (2004), bunlara ek olarak *C. pravei* ve *C. filiformis* türlerinin de mevcut olduğunu rapor etmişler ve mevcut morfolojik sınıflandırmanın bazı türlerin teşhisinde yeterli olmadığına işaret etmişlerdir. Buradan hareketle, bu çalışmada mevcut türlerin, filogenetik tür kavramı ile de sınanması, şüpheli bulunan veya hiçbir tür içerisinde değerlendirilemeyen örneklerin tanımlanması amaçlanmıştır.

2. MATERYAL ve METOT

2.1. Materyalin Araziden Toplanması ve Müze Materyali Haline Getirme

Bu çalışmada incelenen *Calameuta* cinsine ait örnekler büyük ölçüde 2001–2004 yılları arasında İç Anadolu Bölgesi'nden TÜBİTAK-TOGTAG–2717 numaralı, “Orta Anadolu Ekin Sap Arılarının (Cepidae: Hymenoptera: Insecta) Saptanması” adlı proje kapsamında toplanan materyalden karşılanmıştır. Türkiyenin çeşitli bölgelerine ait az sayıda örnek de bu çalışmada değerlendirilmiştir. Örnekler çapı 40 cm olan bir atrap (Şekil 2b), Sarı Kap Tuzağı (yellow pan trap) ve Malaise Tuzağı (Şekil 2 a,c) yardımıyla toplanmıştır.



Şekil 2. Böcek toplama tuzakları. (a) Malaise tuzağı ile toplama. (b) Atrap aracılığı ile toplama. (c) Sarı kap tuzağı.

Laboratuara getirilen %70-85'lik etil alkol içindeki örnekler ayırma kaplarına boşaltılmıştır. Kurutma kâğıtları aracılığıyla seçilen örneklerden alkoller uzaklaştırılmıştır. İğneleme sırasında iğne torakstan, kanat yaprakçığı (tegula) hizasında sola yakın olacak şekilde geçirilmiştir. Aynı zamanda inceleme sırasında örneklerin zarar görmemesi için iğnenin yaklaşık olarak 1/3'ü üstte kalacak şekilde yerleştirilmesine özen gösterilmiştir. Toplanan her örneğe yer, tarih, toplama yöntemi ve toplayıcı ismini belirten etiket takılarak Cumhuriyet Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Entomoloji Müzesi koleksiyonunda saklanmaktadır.

2.2. Morfolojik Veri İçin Örneklerin Hazırlanması ve Teşhisi

Calameuta cinsine ait türlerin morfolojik veri setlerini oluşturmak için müze koleksiyonundan seçilen örnekler ve bu örneklerin lokalite bilgileri Ek 1'de verilmiştir. Örneklerin seçimi yapılırken, mevcut lokalitelerin tümünü temsil etmesi amaçlanmıştır. Bu çalışmada ikisi dış grup olmak üzere toplam yedi türe ait 156 örnek incelenmiştir.

Morfolojik veri analizi yapmak için seçilen toplam 156 örneğin, 2'şer tanesi dış grup olarak seçilen *Cephus pygmeus* (Linnaeus) ve *Trachelus tabidus* (Fabricius) türlerine aittir. Çalışmada değerlendirilen her bir örnek numaralanmış olup, takson adı ve numarası Ek 1.'de belirtilmiştir.

Karakterleri tanımlamada Nikon SMZ-645 marka zumlu ve Comecta-SQF-E model mikroskoplar kullanılmıştır. Yapılan morfolojik karakter incelemesi sonucunda örnekler 7 morfotip (muhtemel takson) içinde toplanmıştır. Morfotipler oluşturulduktan sonra, tür tanı anahtarları düzenlenmiştir. Tanı anahtarında kullanılan bazı karakterlerin mikroskop görüntüleri Olympus C-500 fotoğraf makinesi yardımıyla bilgisayara aktarılarak anahtar karakterlerin gösterilmesinde kullanılmıştır.

Türlerin teşhisleri sırasında birçok anahtar birlikte kullanılmıştır (Benson, 1946, 1951, 1968; Mucke, 1981).

2.3. Moleküler Çalışma İçin Örneklerin Hazırlanması

Morfotip örnekleri, %70-85'lik etil alkol içerisinde alınarak moleküler çalışmada kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan örneklerin tür adı ve lokalite bilgileri Tablo 2'de verilmiştir. Bu örneklerin tüm morfolojik karakterleri, müze materyali ile kıyaslanarak yeniden taranmıştır. Moleküler çalışmada kullanılmak üzere örneklerin her birinden sağ ön ve arka bacakları pens yardımıyla alınarak moleküler saflıkta etil alkol içeren ependorf tüplere aktarılmıştır. Ependorf tüpler etiketlendikten sonra -20 °C'de saklanmıştır.

Tablo 2. Moleküler çalışmada kullanılan morfotipler ve lokalite bilgileri

Takson (örnek numaraları)	Lokalite	Tarih	Enlem	Boylam	Yükseklik
<i>Cephus pygmeus</i>					
C1	Yozgat-Boğazlayan	01.06.2001	39°11'N	35° 14'E	1090m
C2	Aksaray-Güzelyurt	02.06.2002	38° 16'N	34° 25'E	1785
<i>Trachelus tabidus</i>					
T1	Ankara-Ayaş	31.05.2002	40° 0'N	32° 31'E	1190m
T2	Konya-Aksaray	01.06.2002	38°15'N	33° 30'E	950m
Morfotip 1					
25	Çorum-İskilip	06.06.2003	40° 55'N	34° 16'E	1510m
28	Konya-Beyşehir	08.05.2003	37° 38'N	31° 38'E	1124m
47	Karaman-Çiftehane	06.05.2003	37° 30'N	34° 44'E	975m
55	Sivas-Gemerek	06.05.2001	39° 16'N	36° 11'E	1300m
57	Ankara-Ayaş	31.05.2002	40° 0'N	32° 31'E	1190m
66	Sivas-Zara	29.05.2002	39° 52'N	37° 45'E	1437m
Morfotip 2					
63	Samsun-Çarşamba	05.06.2002	40°52'N	35° 35'E	27m
Morfotip 3					
92	Ankara-Kulu	05.06.2003	39° 14'N	33° 0'E	1056m
Morfotip 4					
84	Ankara-Beynam	30.05.2002	39° 41'N	32° 55'E	1215m
72	Sivas-Kampüs	20.05.2004	39°N	37°E	1278m
77	Balıkesir-Edremit	12.05.2002			
Morfotip 5					
106	Niğde	02.06.2002	37° 58'N	34° 40'E	1214m
	Van-Dilimli				
Morfotip 6					
149	Eskişehir-Mihalıççık	31.05.2002	39° 53'N	31° 28'E	1432m
114	Edirne				
112	Ankara-Beynam	30.05.2002	39° 41'N	32° 55'E	1215m
Morfotip 7					
156					

2.4. Total Genomik DNA İzolasyonu

Total genomik DNA, %85'lik etil alkol içinde saklanan örneklerden c DNA izolasyon protokolünde bazı değişiklikler yapılarak izole edildi. Örneklerden alkol uzaklaştırılarak, mikrosantrifüj tüplerine konuldu ve steril bir tip ile örnekler iyice ezildi. Üzerlerine 100 µl TNE (0.05 M Tris, 0.1 M NaCl ve 0.001 M EDTA, pH: 8) tamponu ve 1 µl proteinaz K (Sigma; 20 mg/ml) eklenerek karıştırıldı. 5 µl SDS (%10) eklenen tüpler 37°C'de, zaman zaman alt-üst edilerek, gece boyu (over-night) inkübe edildi. İnkübasyondan sonra üzerlerine 106 µl PCI (Fenol:kloroform:izoamil alkol 25:24:1) eklenen tüpler yavaşça alt-üst edildi ve oda sıcaklığında dakikada bir karıştırılmak şartıyla 5 dakika bekletildi. Karışım 13.200 rpm'de beş dakika santrifüj edildi. Bir mikropipet yardımıyla üst berrak tabaka alınarak yeni bir mikrosantrifüj tüpe aktarıldı. Bu sırada interfazın (orta tabakanın) bozulmamasına dikkat edildi. Üzerlerine üst berrak tabakadan alınan miktar kadar PCI ilave edildi ve oda sıcaklığında dakikada bir karıştırılmak şartıyla beş dakika bekletildi. Sonra 13 200 rpm'de beş dakika santrifüj edildi. Mikropipetle üst berrak tabaka alındı ve yeni bir mikrosantrifüj tüpe aktarıldı. İnterfazın bozulmamasına dikkat edildi. Üzerlerine, alınan miktarın 1/10 hacmi kadar 3M NaAsetat (pH 5.0) ve 2 hacim kadar da %99 soğuk mutlak etanol eklendi. Tüpler -20° C'de 2-3 saat veya gece boyu çöktürülmeye bırakıldı. -20° C'den çıkarılan örnekler 15 dakika 13.200 rpm'de santrifüj edildi. Çöktürülen örneklerden alkol uzaklaştırıldı ve orijinal hacmin iki katı %70'lik soğuk mutlak etanol ilave edildi. Tüpler beş dakika 13 200 rpm'de santrifüj yapıldıktan sonra, etanol uzaklaştırıldı. Örnekler 37° C' de 20 dakika kurutulmaya bırakıldı. Daha sonra örnekler üzerine 50µl TE (0,01M Tris, 0,001M EDTA pH: 7.5) tamponu eklendi ve 10 dakika kadar dinlendirildikten sonra -20° C'de saklandı.

2.4.1. Genomik DNA'nın Kalite ve Kantitesinin Belirlenmesi

İzole edilerek distile su içerisinde çözülen DNA örneklerinin konsantrasyonlarının belirlenmesi için spektrofotometrede 260 nm'de

absorbansları (soğurumları) okundu. Okunan optik dansite değerlerinden yararlanılarak aşağıdaki formülle DNA konsantrasyonu hesaplandı:

$$C_{DNA} = O.D. \times S.K. \times 50$$

O.D.- Optik Dansite (260 nm'de okunan absorbans değeri).

S.K.- Sulandırma katsayısı.

50 - Çift iplikli DNA için her absorbanstaki µg DNA miktarı.

2.5. COI ve Cyt b Gen Bölgesinin Polimeraz Zincir Reaksiyonuyla Çoğaltılması

Daha önceden izole edilmiş ve konsantrasyonları hesaplanmış total DNA'dan mitokondriyal COI ve Cyt b gen bölgeleri, seçici primer kullanılarak çoğaltılmıştır. Primer çiftleri, bu gen bölgeleri için Hymenoptera takımı ile yapılan çalışmalardan belirlenmiştir (Simon ve ark., 1994). Buna göre kullanılan COI s1859/a2590 primerinin dizisi şu şekildedir:

COI s1859 Forward : 5' GGAACIGGATGAACWGTTTAYCCICC 3'

COI a2590 Reverse : 5'GCTCCTATTGATARWACATARTGRAAATG 3'

Cyt b CB1/CB2 primerinin dizisi:

Cyt b CB1 Forward : 5' TATGTACTACCATGAGGACAAATATC 3'

Cyt b CB2 Reverse : 5' ATTACACCTCCTAATTTATTAGGAAT 3'

CO I gen bölgesi için elde edilecek PZR ürünlerinin yaklaşık büyüklüğü 750, Cyt b gen bölgesi için ise 450 baz çiftinden oluşmaktadır (Simon ve ark., 1994). Her bir gen bölgesi için PZR reaksiyonu toplam 50 µl hacimde hazırlandı ve reaksiyon ortamında buharlaşmayı önlemek için mineral yağ kullanıldı. Hazırlanan 50 µl'lik reaksiyon içeriğinde, 10µl (100 µM/µl her dATP, dGTP, dCTP ve dTTP (MBI Fermentas)), 5 µl 1x *Taq* DNA polimeraz Tamponu (75 mM Tris-HCl pH 8.8 at 25 °C, 20 mM (NH₄)₂SO₄, %0.01 Tween 20), 4µl (1.5 mM/µl MgCl₂, 1 pmol primer forward ve 1 pmol primer reverse, 0.3U (5 U/µl), *Taq* DNA Polimeraz (MBI Fermentas) ve 1µl (200 ng/µl) kalıp DNA bileşenleri kullanıldı. Son hacim saf su ile 50 µl'ye tamamlandı.

Otuz yedi döngü olarak gerçekleştirilen COI PZR sıcaklık profili aşağıdaki gibi hazırlanmıştır:

- Başlangıç denatürasyonu: 94° C' de 5 dakika
- Denatürasyon: 94° C' de 0.5 dakika
- Primer bağlanması (Annealing): 48° C' de 45 saniye
- Uzama- Sentez (Extension): 72° C' de 2 dakika
- Son Uzama (Final Extension): 72° C' de beş dakika

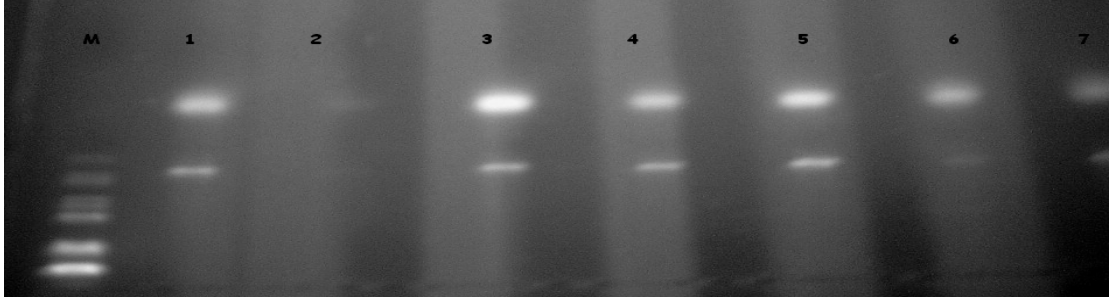
Otuz yedi döngü olarak gerçekleştirilen Cyt b PZR sıcaklık profili aşağıdaki gibi hazırlanmıştır:

- Başlangıç denatürasyonu: 95° C' de 5 dakika
- Denatürasyon: 94° C' de 0.5 dakika
- Primer bağlanması (Annealing): 46.5° C' de 45 saniye
- Uzama- Sentez (Extension): 72° C' de 2 dakika
- Son Uzama (Final Extension): 72° C' de beş dakika

Elde edilen PZR ürünleri, %1'lik agaroz jelde (1g Agaroz, 100 ml 1 x TBE) yürütülerek PZR'unda çoğaltılan spesifik bölgenin yeterince saf olup olmadığına bakıldı ve bu şekilde PZR'nun çalışması kontrol edildi.

2.6. Agaroz Jel Hazırlanışı (%1)

Cam balon içerisine 90 ml distile su, 10 ml TBE tamponu eklendi ve üzerine 1gr agaroz konarak kaynayıncaya dek karıştırıldı. Daha sonra biraz soğutuldu ve içerisine 15 µl Ethidium bromid eklendi ve iyice karıştırıldı. Daha sonra jel, hazırlanan plate içerisine aktarıldı ve soğumaya bırakıldı. Jeldeki kuyular içerisine, PCR ürünlerinin yüklenişi 3/1 oranında (15µl PCR Ürünü / 5µl Loading Buffer) gerçekleştirildi. Elektroforez tamponu jel içeriği ile aynı olmak şartı ile (%10'luk TBE) hazırlandı. Başlangıçta, yürütme 20 mA'de 1 saat ve daha sonra 50 mA'de 3 saat gerçekleştirildi. DNA'nın jel içerisinde yürütülme işlemi gerçekleştirildikten sonra UV ışığı altında belirteç ile birlikte kontrol edilerek istenilen gen bölgesinin kaç baz çiftinden oluştuğu belirlendi (Şekil 3).

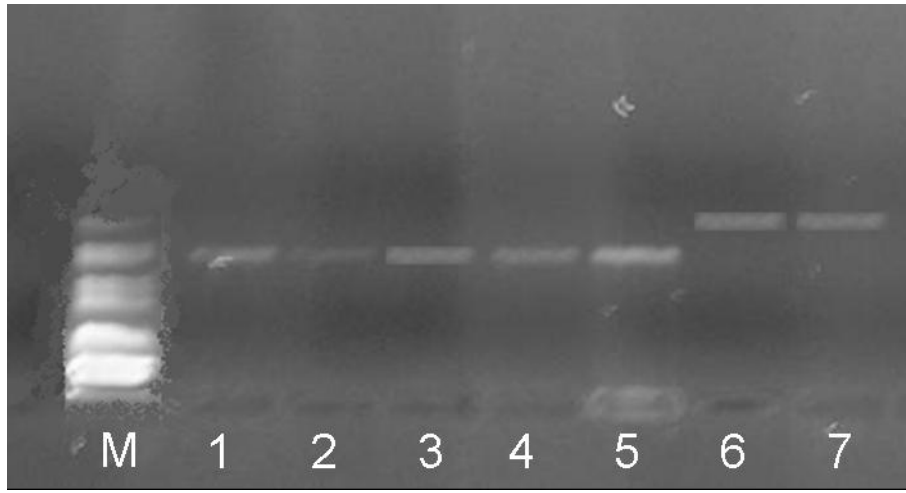


Şekil 3. PZR ürünlerinin UV ile görüntülenmesi

2.6.1. Mitokondri DNA Fragmentlerinin Jelden İzolasyonu

Polimeraz zincir reaksiyonu sonucunda elde edilen gen ürünleri alkol ile presipitasyon (çöktürme) yapıldıktan sonra 20 µl TE (0,01M Tris, 0,001M EDTA pH: 7.5) tamponu içerisinde çözündürüldü. Örneklerin yürütülmesi için, % 1'lik agaroz jel hazırlandı. Yürütme işlemi 20 mA'de bir saat ve 60 mA'de 2 saat ve jelin 2/3'lük kısmına kadar yürütüldü. Agaroz jelde (% 1) yürütülen örnekler ultraviyole ışık altında görüntüldü. Jelden PZR ürününün izolasyonu amacıyla DNA Ekstraksiyon Kiti (Fermentas) kullanıldı. UV altında istenilen bantlar jelden sırasıyla temiz bir neşter aracılığı ile dikkatlice kesilerek darası alınan ependorf tüplere aktarıldı. Tüpler etiketlendikten sonra içerisindeki hacim ölçülerek 3 katı kadar Binding Solution (DNA bağlama solüsyonu) eklendi. Tüpler karıştırılarak, agaroz jel parçaları eriyinceye dek 55°C'de inkübe edildi. İnkübasyondan sonra ilk hacmin yarısı kadar TBE tamponu; 4.5 katı kadar ise Binding Solution eklendi. Her bir tüpe DNA'nın 2.5 µg'ı için 5µl ve sonraki her 1µg DNA için ise 2µl Silica Powder Suspension (Silika Toz Çözeltisi) eklendi ve karıştırıldı. 55°C'te her iki dakikada bir karıştırılarak 5-10 dakika inkübe edildi. Beş saniye 13.200 rpm'de santrifüj edildi. Üst tabaka uzaklaştırıldı. Dip kısımda kalan pelet içerisine 500 µl ice cold washing buffer (Soğuk Yıkama Tamponu) eklendi. Karıştırıldı ve beş saniye 13.200 rpm'de santrifüj edildi. Üst tabaka tekrar uzaklaştırıldı ve bu basamak toplam üç kez tekrar edildi. Son tekrardan sonra pelet, tekrar 2-3 saniye santrifüj aracılığıyla döndürüldü ve dipte kalan sıvı kısım pipet aracılığıyla dikkatlice uzaklaştırıldı. Pelet boncuklar şeklinde kuruyuncaya dek alkolün

uzaklaşması için bekletildi. Kalan pelete, konulan silika toz çözeltisi miktarı kadar distile su eklendi. Pelet çözününceye kadar karıştırıldı. 55°C’de 7 dakika inkübasyona bırakıldı. 30 saniye 13.200 rpm’de santrifüj edildi. Üst tabaka alınarak yeni bir tüpe aktarıldı. Bu işlem tekrar gerçekleştirildi. Tüpler etiketlendikten sonra, elde edilen 20 µl’lik DNA çözeltisinin 2 µl’si %1’lik agaroz jelde yürütüldü ve fotoğrafı çekildi (Şekil 4).

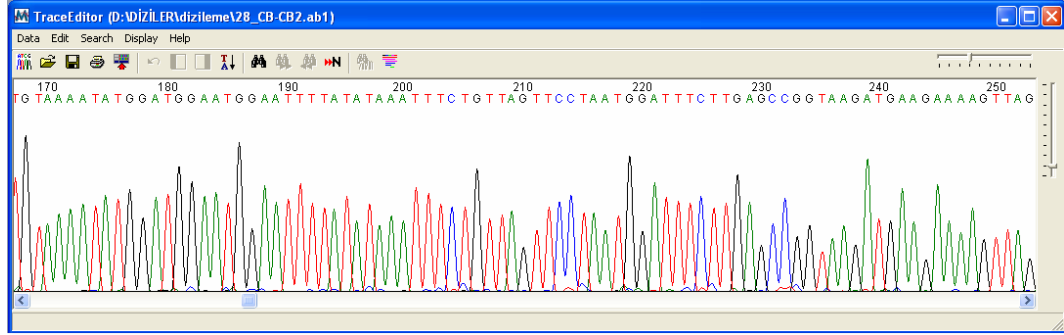


Şekil 4. Jelden izole edilen örneklerin UV altında görüntülenmesi.

2.7. Mitokondri DNA Dizi Hizalaması

Agaroz jelden izole edilen saf DNA örnekleri, Sanger (1975) tarafından geliştirilen enzimatik sentez yöntemi kullanılarak gelişmiş bir kapiller sistem aracılığıyla otomatik DNA dizi analizi yaptırıldı. DNA dizi analiz sonuçları MEGA versiyon 3.1 (Kumar, Tamura, Nei 2004) programı aracılığıyla görüntülendi (Şekil 5). Diziler kontrol edildiğinde dizi başlangıç ve sonlandırma sırasında çok farklı ve üst üste pikler verdiği fark edildi ve dizilerin bu bölgeleri dikkate alınmadı. Programda her bir baz farklı renklerle gösterilmiştir. Adenin nükleotidi yeşil, Guanin nükleotidi siyah, Timin nükleotidi kırmızı ve Sitozin nükleotidi ise mavi renkle tanımlanmıştır. DNA dizi uzunlukları örnekler arasında farklılık göstermekle birlikte 735-800 baz arasında değişkenlik göstermekteydi. *Calameutas* cinsi mitokondriyal DNA COI ve Cyt b gen bölgelerine özgün DNA dizi verileri, Clustal W çoklu dizi hizalama programı (Clustal W multiple

sequence alignment program) (Thompson *vd.*, 1994) tarafından bilgisayar aracılığıyla gerçekleştirildi. Diziler arasında baz sayısı açısından farklılık olması nedeniyle örneklerin başlangıç ve sonlanma noktalarından hizalamalar yapıldı.



Şekil 5. MEGA versiyon 3.1 programı yardımı ile DNA dizi görüntülenmesi

2.8. Veri Analizi

Morfolojik ve moleküler veriler, Power Mac G4 marka bilgisayarla Swofford (2002) tarafından geliştirilen PAUP* 4.0b10 (Altivec) Beta Versiyon (Phylogenetic Analysis Using Parsimony) filogenetik analiz programı ile analiz edilmiştir. Analiz aşamasında kullanılan morfotiplere ait bireylerin isimlendirilmesi Tablo 3'deki gibidir.

Tablo 3. Analizlerde kullanılan örnek isimlerin kısaltmaları

Takson	İsimlendirme	Takson	İsimlendirme
<i>Cephus pygmeus</i>	Cephus Yoz	Morfotip 4	
<i>Cephus pygmeus</i>	Cephus Aks	<i>Calameuta pravei</i>	C.pravei Ank
<i>Trachelus tabidus</i>	Trachelus Ank	<i>Calameuta pravei</i>	C.pravei Blk
<i>Trachelus tabidus</i>	Trachelus Kon	<i>Calameuta pravei</i>	C.pravei Kmp
Morfotip 1		Morfotip 5	
<i>Calameuta haemorrhoidalis</i>	C.haemorrhoidalis Ank	<i>Calameuta filiformis</i>	C.filiformis Div
<i>Calameuta haemorrhoidalis</i>	C.haemorrhoidalis Crm	<i>Calameuta filiformis</i>	C.filiformis Ngd
<i>Calameuta haemorrhoidalis</i>	C.haemorrhoidalis Gem	Morfotip 6	
<i>Calameuta haemorrhoidalis</i>	C.haemorrhoidalis Krm	<i>Calameuta idolon</i>	C.idolon
<i>Calameuta haemorrhoidalis</i>	C.haemorrhoidalis Kon	<i>Calameuta idolon</i>	C.idolon
Morfotip 2		<i>Calameuta idolon</i>	C.idolon
<i>Calameuta haemorrhoidalis</i>	C.haemorrhoidalis Sms	Morfotip 7	
Morfotip 3		<i>Calameuta sp.</i>	C.sp
<i>Calameuta pallipes</i>	C. pallipes Ank		

2.8.1. Morfolojik Veri Analizi

Morfolojik çalışmada karakterler, karakter durumlarına bağlı olarak “0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, ?” şeklinde kodlandı. Kodlamada, “0” karakterin en yaygın görülen durumunu ve “1, 2, 3, 4, 5, 6, 7” farklı gözlenen karakter durumlarını göstermektedir. “?” ise karakter açısından o örneğin yoksun (örneğin, eşeyler arasında eşeyssel dimorfizm görülmesi durumunda) ya da hatalı olabileceğini göstermektedir. Aynı morfotip içerisinde birden fazla karakter durumu olduğu hallerde, bu karakter durumu polimorfik olarak (örneğin, 0 ve 1) kodlandı. Her morfotip için toplam 45 karakter incelendi. Ortaya çıkan tüm morfotiplere ait karakter veri seti Ek 2’de sunulmuştur.

Morfolojik veri analizi için elde edilen veri seti PAUP* 4.0b10 programına aktarıldı. Değerlendirilmede kullanılan *Cephus Aks*, *Cephus Yoz*, *Trachelus Kon* ve *Trachelus Ank* dış grup olarak atandı. Veri seti, **Tutumluluk (Parsimony) Metodu** kullanılarak filogenetik hipotezler oluşturuldu.

2.8.2. Moleküler Veri Analizi

Elde edilen DNA dizi verilerinin 700’ü COI ve 392’si Cyt b olmak üzere toplam 1092 nükleotitten oluşmaktadır (Ek 3 ve Ek 4). DNA dizi analizleri PAUP* 4.0b10 programı aracılığıyla **DNA uzaklık (DNA distance)** (Nei, 1972), **Tutumluluk (Parsimony)** ve **Maksimum Olasılık (Maksimum Likelihood) Metodları** ile yapıldı

2.8.3. Morfolojik ve Moleküler Verinin Birlikte Analizi

Bu iki verinin birlikte analizi sonucu oluşturulan filogenetik hipotezler **Tutumluluk (Parsimony)** prensibi uygulanarak yapıldı.

3. BULGULAR

3.1. Tanı Anahtarları

Altfamilya Cephinae Kirby

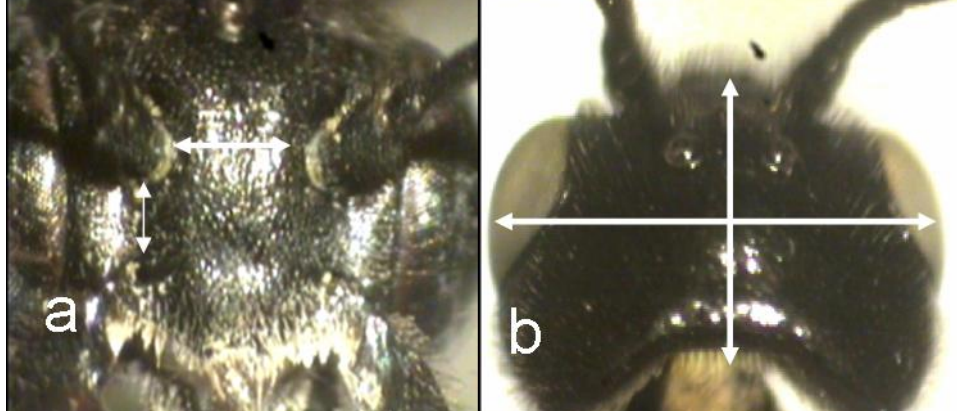
Tribus tanı anahtarı

1. Anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin 1.5-2 katı kadar (Şekil 7a); dorsalden başın eni boyundan daha fazla; (Şekil 7b); ♂'te subgenital plaka (apikal sternit) apikalde lob şeklinde; arka basitarsusun uzunluğu yaklaşık olarak izleyen üç segmentin toplam uzunluğuna eşit.....**Pachycephini**

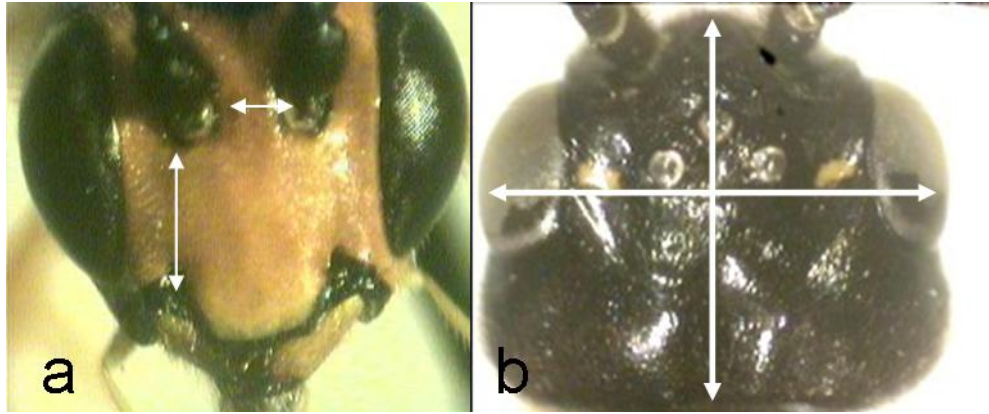
— Anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin 0.5-1 katı kadar (Şekil 8a); dorsalde başın eni yaklaşık olarak boyu kadar; (Şekil 7b); ♂'te subgenital plaka (apikal sternit) apikalde sivri; arka basitarsusun uzunluğu yaklaşık olarak izleyen üç segmentin toplam uzunluğuna eşit değil.....**2**

2. Antenler 19-36 segmentli; 3. anten segmenti 4.'den hemen her zaman uzun (Şekil 8a); tırnaklar belirgin kavisli; arka basitarsusun uzunluğu yaklaşık olarak izleyen üç segmentin toplam uzunluğundan daha fazla.....**Hartigiini**

— Antenler 16-24 segmentli; 3. anten segmenti 4.'den kısa; tırnaklar az kavisli (Şekil 8b); arka basitarsusun uzunluğu yaklaşık olarak izleyen üç segmentin toplam uzunluğundan daha kısa.....**Cephini**



Şekil 6. (a) *Pachycephus*'ta anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi; (b) *Characopygus*'ta başın boy-en oranı



Şekil 7. (a) *Calameuta*'da anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi; (b) *Hartigia*'da başın boy-en oranı

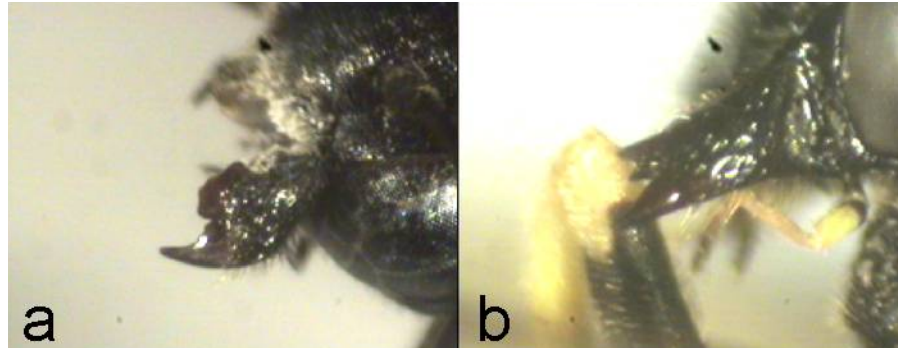


Şekil 8. Üçüncü ve 4. anten segmentleri; a) *Hartigia*, b) *Calameuta*

Tribus Pachycephini

Cins tanı anahtarı

1. Anten 16-17 segmentli; anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin 2 katı kadar (Şekil 6a); flagellum baş genişliğinin 2 katından daha fazla değil, lateralden gena karinası bileşik gözün üst kenarına kadar ulaşmaz; sol mandibulda dış diş uzun iki küçük iç diş kısa (Şekil 9a).....*Pachycephus* Stein
— Anten 15-23 segmentli; anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin 1.5-1.8 katı kadar; flagellum baş genişliğinin 2 katından daha fazla, lateralden gena karinası bileşik gözün üst kenarına kadar ulaşır; sol mandibulda dış ve iç diş yaklaşık olarak eşit uzunlukta, orta diş daha kısa (Şekil 9b).....*Characopygus* Konow



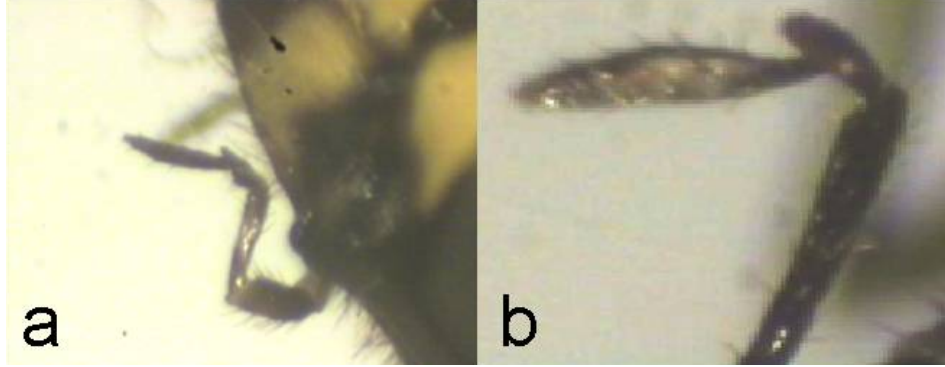
Şekil 9. Sol mandibul dişleri; (a) *Pachycephus*, (b) *Characopygus*

Tribus Hartigiini

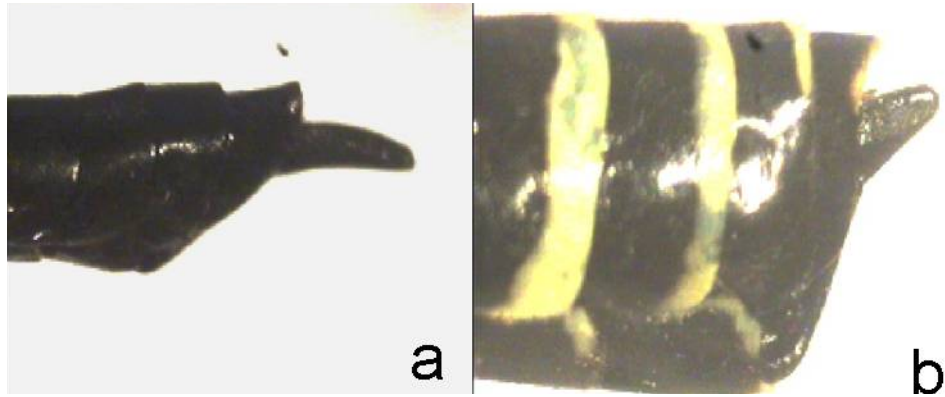
Cins tanı anahtarı

1. Maksilar palpin 6. segmenti 5. segmentin ucuna yakın çıkar (Şekil 10a); ♀ bireylerde ovipozitör kılıfı belli belirsiz aşağı kıvrık (Şekil 11a) ve oblong plakanın uzunluğunun en fazla $\frac{3}{4}$ 'ü kadar*Hartigia* Schiödte

— Maksilar palpin 6. segmenti 5. segmentin ortasından çıkar (Şekil 10b); ♀ bireylerde ovipozitör kılıfı belirgin şekilde aşağı kıvrık (Şekil 11b) ve oblong plakanın uzunluğunun $\frac{3}{4}$ 'ünden daha uzun.....*Syrista* Konow



Şekil 10. Maksillar palp; (a) *Hartigia*; (b) *Syrista*



Şekil 11. Ovipozitör kılıfı;(a) *Syrista*; (b) *Hartigia*

Tribus Cephini

Cins tanı anahtarı

1. Anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin oranı 1:1 ya da 1:1.4 katı kadar (Şekil 12); pronotumun eni boyundan fazla ve arka kenarı düz (Şekil 13a); labial palpin son segmenti maksilar palpinkinden çok daha geniş; ♀ bireylerde serkus ovipozitör kılıfının uzunluğundan belirgin olarak kısa (Şekil 14a); ♂ bireylerde 8. sternit yoğun setalı (Şekil 15a).....2

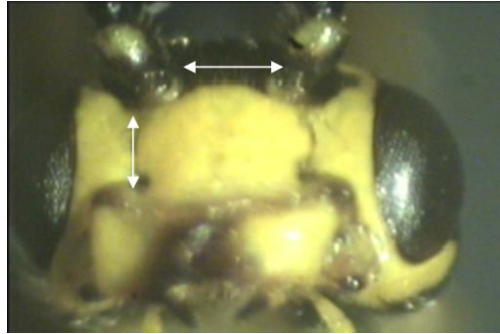
— Anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin 1-1.5 ya da 1-2 katı kadar (Şekil 7a); pronotumun boyu eninden uzundur ve arka kenarın orta kısmında girinti oluşturur (Şekil 13b); labial palpın son segmenti maksillar palpinkinden nadiren geniş; ♀ bireylerde serkus ovipozitör kılıfının uzunluğuna hemen hemen eşit (Şekil 14b); ♂ bireylerde 8. sternitte az ya da hiç seta bulunmaz (Şekil 15b)

.....*Calameuta* Konow

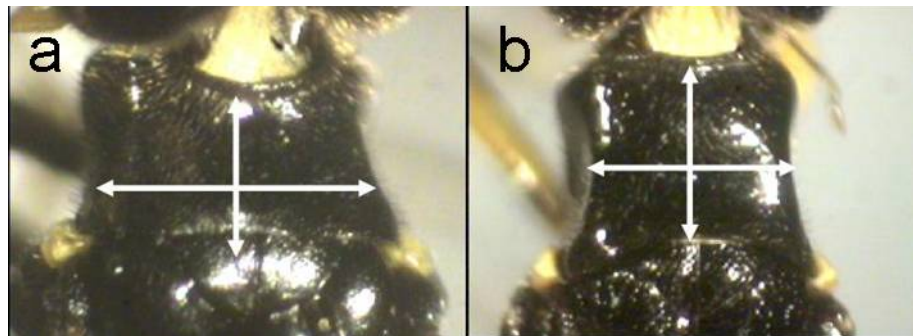
2. Anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin oranı 1:1 katı kadar (Şekil 12) ♀ bireylerde ovipozitör kılıfı uçta genişlememiş (Şekil-14a); ♂ bireylerde 8. sternit yoğun setalı bir bölge bulundurur

.....*Cephus* Latreille

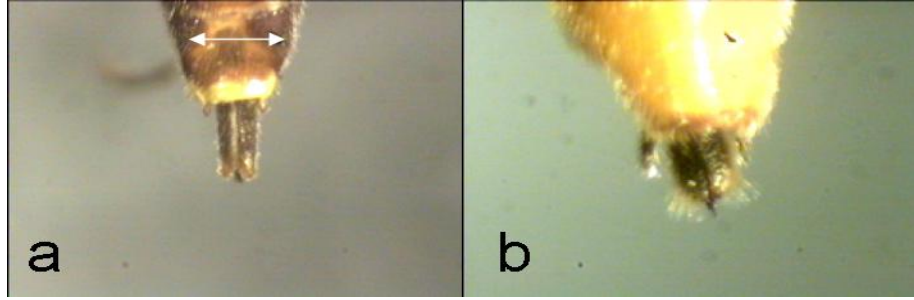
— Anten soketleri arasındaki mesafe anten soketi ile tentorial çukur arası mesafenin 1-1.4 katı kadar (Şekil 16a); ♀ bireylerde ovipozitör kılıfı uçta genişlemiş (Şekil-11 b); ♂ bireylerde 7. ve 8. sternit (bazı türlerde 6. sternitte de) yoğun setalı çukurlar bulundurur (Şekil 15a)...*Trachelus* Jurine



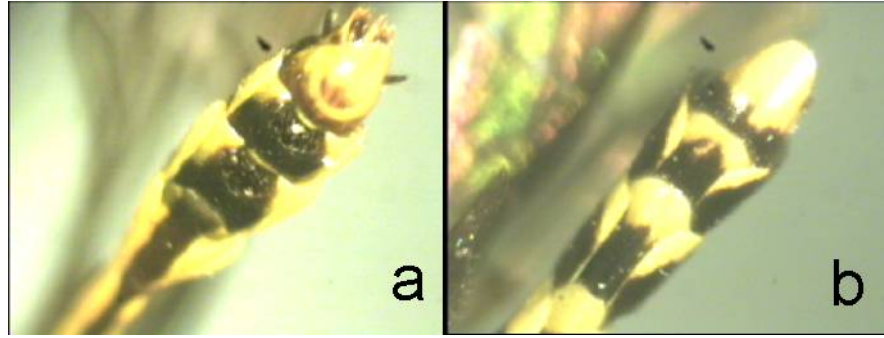
Şekil 12. *Cephus*'da anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi



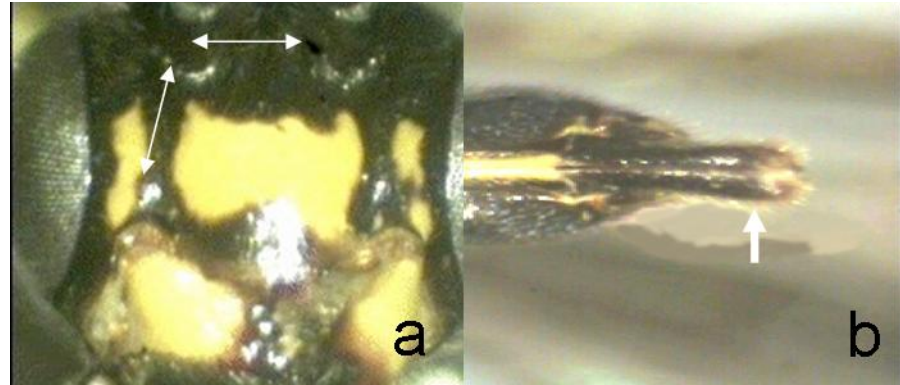
Şekil 13. Pronotumun en boy oranı; (a) *Cephus* (b) *Calameuta*



Şekil 14. Serkusun uzunluğunun ovipozitör kılıfının uzunluğuna oranı; (a) *Cephus* (b) *Calameuta*



Şekil 15. ♂ bireylerde 7 ve 8. sternit; (a) *Trachelus* (b) *Calameuta*



Şekil 16. *Trachelus*'da (a) Anten soketleri ve tentorial çukur mesafesi; (b) Ovipozitör kılıfı

Cins *Calameuta* Konow

Bu çalışmanın konusu olan *Calameuta* cinsi türlerini belirlemek için, morfolojik olarak tanımlanan türlerle birlikte geniş morfolojik varyasyon gösteren ‘türler’ kendi içlerinde morfotiplere bölünmüşlerdir. Morfolojik karakter araştırması sonucu tanımlanan morfotipler ve bağlı buldukları taksonların listesi aşağıda sunulmuştur: *Calameuta haemorrhoidalis* (Morfotip 1), (Morfotip 2), *Calameuta pallipes* (Morfotip 3), *Calameuta pravei* (Morfotip 4), *Calameuta filiformis* (Morfotip 5), *Calameuta idolon* (Morfotip 6) ve *Calameuta* sp. (Morfotip 7).

Bu morfotipler bu çalışmada sınanacak yeni takson hipotezlerimizdir. Aşağıdaki anahtar 7 morfotip (tür) içermektedir.

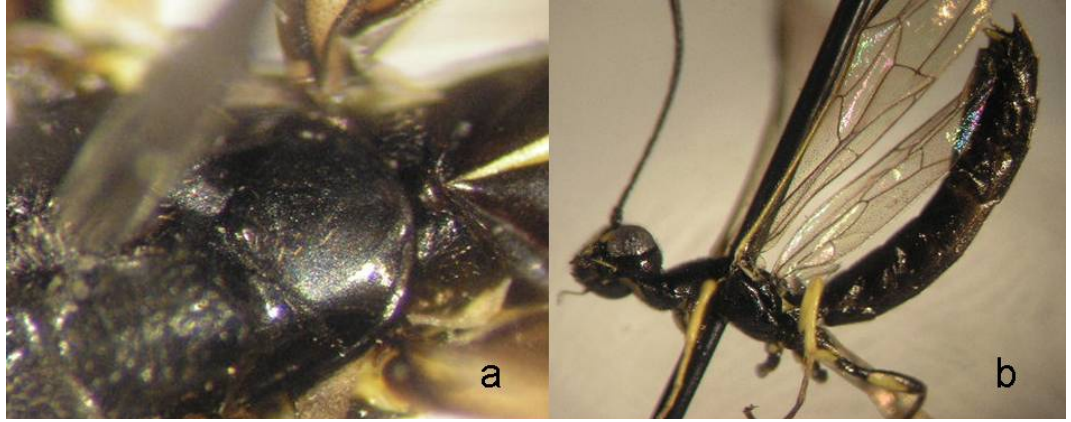
Tür tanı anahtarı

1. Skutellum parlak ve seyrek mikroskalpturlu (Şekil 17b) veya en az 1 abdomen tergiti tamamen sarı (Şekil 17a).....2



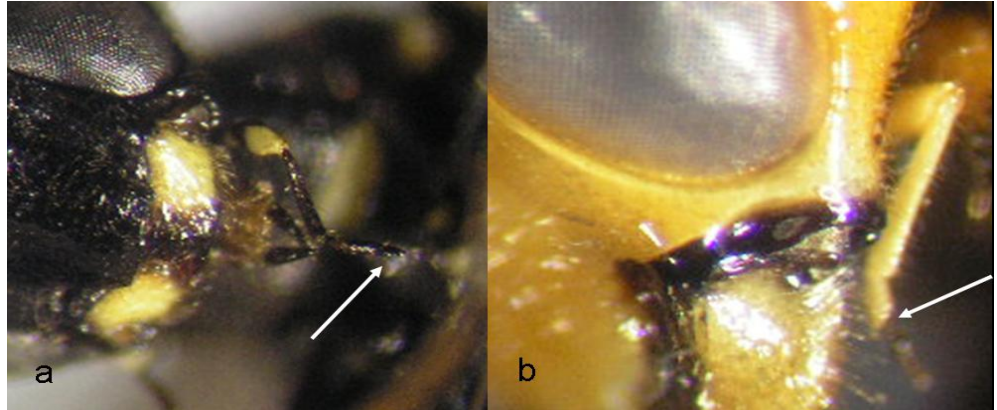
Şekil 17. (a) Abdomen tergitleri; (b) skutellum

- Skutellum ve mesonotum mat (Şekil 18a) ve sık mikroskalpturlu; hiçbir abdomen tergiti tamamen sarı değil (Şekil 18b); kanatlar donuk; hiçbir anten segmentinin genişliği uzunluğundan fazla değil; abdomen siyah veya bazı tergitleri posterior sarı kenarlı *C. filiformis* (Morfotip 5)



Şekil 18. *C. filiformis*'de (a) skutellum; (b) abdomen tergitleri

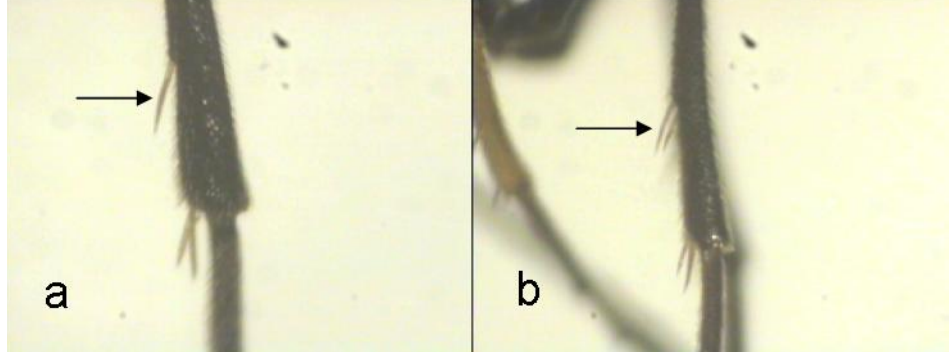
2. Maksil palpinin 6. segmenti uzunluğu yaklaşık 5. kadar (Şekil 19b).....3
- Maksil palpinin 6. segmenti 5.'den oldukça uzun (Şekil 19a).....4



Şekil 19. Maksil palp (a) Maksil palpinin 6. segmenti 5.'den oldukça uzun; (b) Maksil palpinin 6. segmenti uzunluğu yaklaşık 5. kadar

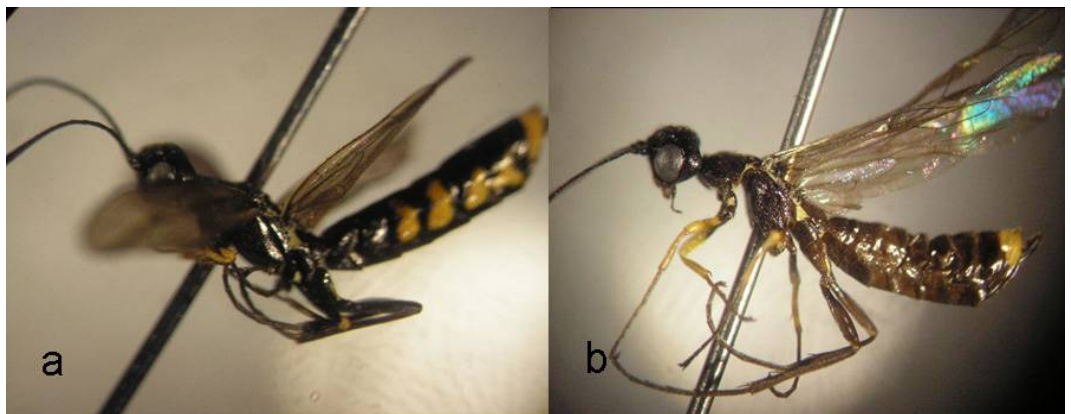
3. 3. ve 4. abdomen tergitlerinde sarı turuncu renk hakim..... *C. haemorrhoidalis*(Morfortip 1)
- 3. ve 4. abdomen tergitlerinde siyah renk hakim ve son abdomen tergiti tamamen sarı – turuncu renkte..... *C. haemorrhoidalis* (Morfortip 2)
4. Büyük vücutlü türler (10-15 mm)5
- Küçük vücutlü türler (5-10 mm).....6
5. Arka tibia bir preapikal mahmuzlu (Şekil 20a); baş ve toraks sarı leke veya bantlı..... *C. idolon* (Morfortip 6)

- Arka tibia iki preapikal mahmuzlu (Şekil 20b); baş ve toraks tamamen siyah renkli..... **C. sp (Morfortip 7)**



Şekil 20. *Calameuta*'da preapikal mahmuz a. *C. idolon*, b. *C. pravei*

6. Skutellum düz ve parlak; ♂'te abdomenin orta tergitleri sarı kenarlı (Şekil 21a); arka tibia sarı veya iç kenarı boyunca koyulaşmış.....**C. pallipes (Morfortip 3)**
- Skutellum belirgin mikroskalpturlu; ♀'de abdomenin en azından apikal tergit turuncu (Şekil 21b), ♂'te orta tergitler sarı; arka tibia sarı veya kirli sarı**C. pravei (Morfortip 4)**



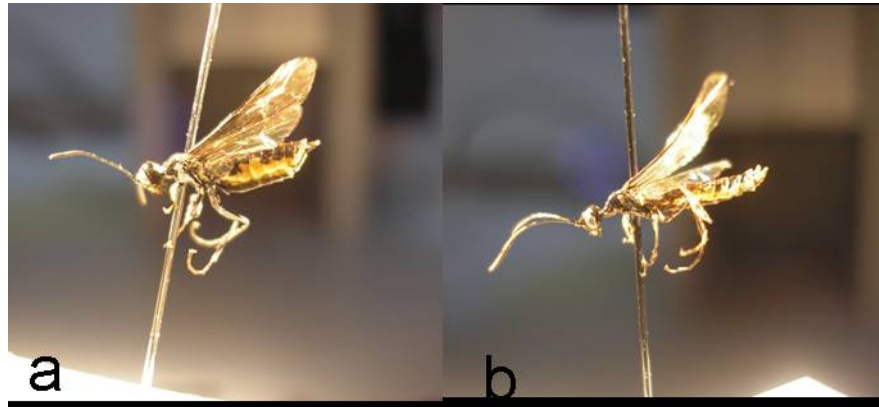
Şekil 21. *Calameuta*'da abdomen; (a) *C. pallipes*; (b) *C. pravei*

3.2. Tür Betimleri (Deskripsiyon)

Dış Grup 1. (*Trachelus tabidus* (Fabricius))

Sirex tabidus FABRICIUS, 1775, Syst. Ent. 326; *Tenthredo longicollis* FRURCROY, 1785, Ent. Paris 1: 378; *haemorrhoidalis* JURINE, 1807, N. Meth. Class Hym. P. 72; *Cephus mandibularis* LEPELETIER, 1830, Monogr. Franç. P. 96; *Cephus nigritus* LEPELETIER, 1832, Monogr. Tenthred. P. 20; *Calameuta johnsoni* Ashmead, 1900, Ins. N. Jersey p. 600.

Siyah renkli böcekler. Anten 21 segmentli, 10. segmentten sonra kalınlaşma var; mandibulun bazali sarı, apikali koyu renk; baş gözlerin arkasında hafif yuvarlaklaşmış; pronotum tamamen siyah; kanatlar hyalin siyahımsı gri, damarlar ve stigma siyahımsı gri; abdomen renklenmesi bireyler arasında farklılık gösterir; arka bacak dişilerde tamamen siyah, erkeklerde femur ve koksa sarı lekeli; arka bazitarsusun uzunluğu onu izleyen üç segmentin toplam uzunluğuna yaklaşık olarak eşit; arka tibia da bir ya da iki preapikal mahmuz var; ovipozitör kılıfı vücuda paralel; erkeklerde sondan önceki iki sternitin büyük kısmı kıllarla bezenmiş nokta çukurlu; vücut uzunluğu dişilerde 8-9 mm (Şekil 22a), erkeklerde 5-7 mm (Şekil 22b).



Şekil 22. *T. tabidus* genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey

Dış Grup 2. (*Cephus pygmaeus* (Linnaeus))

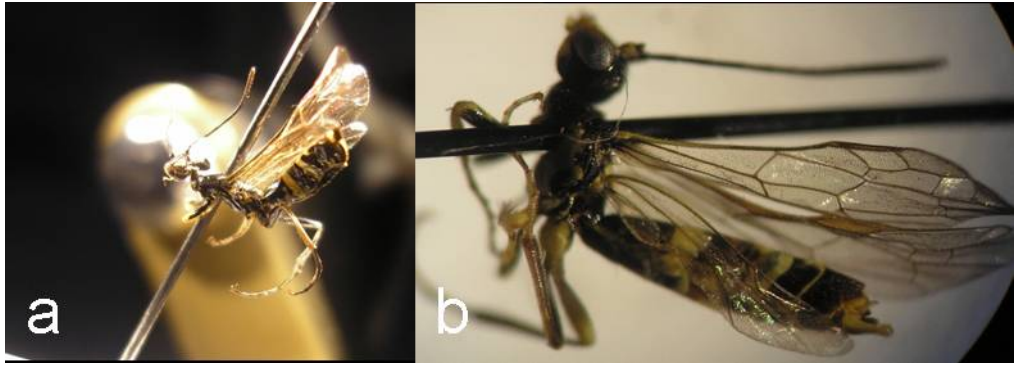
Sirex pygmaeus LINNE, 1767, Syst. Nat. ed. 12,1:929; *Tenthredo longicornis* FOURCROY, 1785, Ent. Paris. 2: 378; *polyona* GMELIN, 1790,

Linnè, Syst. Nat. ed. 13, **I**, **5**: 2670; *Banchus spinipes* PANZER, 1801, Fauna Ins. German. Fasc.**73**: t.17; *viridator* FABRICIUS, 1805, Syst. Piez.: 127; *Cephus subcylindricus* GRAVENHORST, 1807, Vergl. Uebers. Zool. Syst.: 274; *leskii* LEPELETIER, 1823, Monogr. Tenthred.: 20; *clypealis* COSTA, 1894, Prosp. Im. Ital. **3**:250; var. *flavisternum* COSTA, 1882, Rend. Acc. Napoli. **21**:198; var. *palaestinus* PIC, 1918, Échange **34**, Nr. 388 App.:2; *tanaiticus* DONVAR-ZAPOLSKIJ, 1926, Vull. N. Caucas. Plant Prot. Stat. Nr. 1:131,132; *notatus* KOKUJEV, 1910, Rev. Russe. Ent. **10**:132.

Hakim renk siyah. Anten segment sayısı 20-22, anten klavate, segmentler sık puncture yapısına sahip, yoğun seta var; segmentlerin eni boyundan daha uzun; anten soketleri arasında dudaksı şekilli çöküntü bulunmakta, başın arka kısmında dorsal açıdan anten soketleri arası alan düz şekilli; baş arka kısım parlak ve uzun setalı, baş bileşik gözler arkasında ani daralma göstermiş, başın dorsal görünüşünde eni boyunun 1-1.5 katı; mandibul sarı; maksillar palpin 6. segmenti hariç diğerleri sarı, 6. segmenti 5. den uzun (2/4); occiput köşeli şekilli; tepe ocelleri dorsal açıdan bakıldığı zaman tümsek üzerine yerleşmiş konumda; tentorial çukurlar derin bir oyuk içerisine yerleşmemişler; pronotumun eni boyundan uzun (1/1.5); kanatlarda kostanın bazali sarı; stigma kahverengi; erkeklerde gözler arası alan ve maksiler palplerin tümü sarı; dişilerde 4.ve 6. tergitler sarı bantlı, bazılarında 3-5-7-9. tergitler sarı lekeli; erkeklerde 4-6. tergitler sarı, 1-2. abdominal segmentler hariç diğerleri sarı lekeli; dişilerde ön ve orta bacakta tibia ve tarsus segmentleri, arka bacakta ise tibianın dış kenarı kahverengi; erkekde ön bacakta femurun iç yüzü, orta bacakta femurun dış yüzü, tibia ve tarsus segmentleri, arka bacakta femur ve tibianın dış yüzü sarı, tarsus segmentleri kahverengi; her iki eşeyde de arka tibianın iç yüzü koyu renk; kanatlar koyu renkli, ön kanatta M damarı 2r-m damarına birleşik olarak ayrılmakta, ön kanatta 3 r-m damarı bir tane ve yay şeklinde, R_s + M damarı 1 rm ve 1m-cu damarına alttan bağlanmakta, R_s + M, R_s, M ve 1m-cu damarlarının birleşim merkezleri kitinize yapı göstermekte; ön kanatta Sc₁ damarı uzun ve dar boyutlu; arka kanat 7 hamuli organ taşımakta; mesepisternum yoğun seta yapısına sahip; dişi ve erkeklerde abdomen düz şekilli; her iki eşeyde de arka bacağın 1.

tarsus segmenti 2. ve 3. tarsus segmentlerinin toplam uzunluğuna eşit ya da kısa; ovipositor kılıfı yukarı yönelmiş ve küt uçlu; dişilerde ovipositor kılıfı serkus uzunluğunun 3-5 katı; ovipositor şapkasının (anal segmentin uç kısmı) geriye yönelmiş şekilde; arka bazitarsus segmenti ovipositor kılıfından uzun (0.9/1.3); oblong plaka ovipositor kılıfından uzun; erkeklerde preapikal sternitin arka kenarı uzun setalı; vücut uzunluğu 6-9 mm (Şekil 23 a, b).

Holoarktik yayılışa sahiptir.



Şekil 23. *C. pygmeus* genel görünüşü; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey

***Calameuta haemorrhoidalis* (Fabricius) (Morfortip 1)**

Tenthredo haemorrhoidalis FABRICIUS, 1781, Spec. Ins. 1:417; *Astutus analis* KLUG, 1803, Monogr. Siric. German.: 55; *floralis* KUG, 1803, Monogr. Siric. German.: 53; *Cephus atripes*, STEPHENS, 1835, III. Brit. Ent. Mand. 7: 105; *quadriguttatus* COSTA, 1882, Red. Acc. Napoli 21: 198; *quadriguttulatus* DALLATORRE, 1894, Cat. Hym. 1: 412; *pseudotabidus* KOKUJEV, 1910, Rev. Russe Ent. 10: 136; *Trachelus syriacus* PIC, 1917, Échange 33, nr. 381; *pravei* DONVAR-ZAPOLSKIJ 1931, Annuaire Mus. Leningrad 32: 46; *Astutus punctatus* KLUG, 1803, Monogr. Siric. German.: 55; *variabilis* MOCSÁRY, 1886, Rovart. Lapok 3: 101, 103; var. *Signifer* KONOW, 1896, Ent. Nachr. 22:317; *Cephus gracilicornis* KONOW, 1896, Wien. Ent. Zeit. 15: 165, 171; *diversipes diversipes* GHIGI, 1915, Redia 10:308; *Calameuta festiva* BENSON, 1954, Bull. Br. Mus. nat. Hist. (Ent.) 3 (7): 270.

Anten segmentleri erkek ve dişide 17-20; antenlerde 7-8. segmente kadar boy enden uzun, bu segmentlerden sonra kalınlaşır ve ucuta topuz şeklinde; vücut renklenmesi dişi ve erkeklerde benzer; baş ve thoraks siyah, abdomen portakal renginde sarı desenlerle kaplı; mandibullar sarı renkli; kotal damar ve stigma kahverengi fakat erkeklerin bazılarında kotal damar sarı renkli; dişilerde 1. bacakta sarı renk hakim, 3. bacakta koyu renk hakim; erkeklerde her 3 bacakta sarı renkli fakat 3. bacakta siyah renkler ön bacaklara göre daha fazla; maksillar palplerde sarı renkler var; arka bacak tibiasında 2 preapikal mahmuz var; baş ve pronotum daha ince ve sık noktalı mesonotum daha geniş puntolu; dişilerde 2., 3., 4. ve ön tergum tamamen, 5. ve 6. tergum yan tarafları portakal sarısı renkte, 1. ve 7. tergum tamamen siyah; erkeklerde 3. ve 4. tamamen 5., 6., ve 7. tergum ise alt kenarlarda sarı renkli; serkus ovipozitörün 0.5-0.6 katı uzunlukta; ovipozitör kılıfı çok az yukarıya yönelmiş; vücut büyüklüğü dişilerde 8.5- 10 mm (Şekil 24a), erkeklerde 6.5- 8.5 mm (Şekil 24 b).



Şekil 24. *C. haemorrhoidalis* (Morfortip 1) genel görünüş (a) ♀ birey (b) ♂ birey

***Calameuta haemorrhoidalis* (Fabricius) (Morfortip 2)**

Tenthredo haemorrhoidalis FABRICIUS, 1781, Spec. Ins. 1:417; *Astasis analis* KLUG, 1803, Monogr. Siric. German.: 55; *floralis* KUG, 1803, Monogr. Siric. German.: 53; *Cephus atripes*, STEPHENS, 1835, III. Brit. Ent. Mand. 7: 105; *quadriguttatus* COSTA, 1882, Red. Acc. Napoli 21: 198; *quadriguttulatus* DALLATORRE, 1894, Cat. Hym. 1: 412; *pseudotabidus* KOKUJEV, 1910, Rev.

Russe Ent. **10**: 136; *Trachelus syriacus* PIC, 1917, Échange **33**, nr. 381; *pravei* DONVAR-ZAPOLSKIJ 1931, Annuaire Mus. Leningrad **32**: 46; *Astatus punctatus* KLUG, 1803, Monogr. Siric. German.: 55; *variabilis* MOCSÁRY, 1886, Rovart. Lapok **3**: 101, 103; var. *Signifer* KONOW, 1896, Ent. Nachr. **22**:317; *Cephus gracilicornis* KONOW, 1896, Wien. Ent. Zeit. **15**: 165, 171; *diversipes diversipes* GHIGI, 1915, Redia **10**:308; *Calameuta festiva* BENSON, 1954, Bull. Br. Mus. nat. Hist. (Ent.) **3** (7): 270.

Anten segmentleri dişide 18-20; antenlerde 12. segmente kadar boy enden uzun, bu segmentlerden sonra kalınlaşır ve uçta topuz şeklinde;; baş ve toraks siyah, abdomen portakal renginde sarı desenlerle kaplı; mandibullar sarı renkli; kotal damar ve stigma kahverengi fakat erkeklerin bazılarında kotal damar sarı renkli; dişilerde 1. bacakta sarı renk hakim, 3. bacakta koyu renk hakim; maksillar palplerde sarı renkler var; arka bacak tibiasında 2 preapikal mahmuz var; baş ve pronotum daha ince ve sık noktalı mesonotum daha geniş puntolu; dişilerde 2., 3., 4. ve ön tergum tamamen sarı değil, 5. ve 6. tergum yan tarafları portakal sarısı renkte, 1. ve 7. tergum tamamen siyah; serkus ovipozitörün 0.5-0.6 katı uzunlukta; ovipozitör kılıfı çok az yukarıya yönelmiş; vücut büyüklüğü dişilerde 8.5- 10 mm (Şekil 25).



Şekil 25. *C. haemorrhoidalis* (Morfortip 2) genel görünüş, ♂ birey

***Calameuta pallipes* (Klug) (Morfortip 3)**

Astatus pallipes KLUG, 1803, Monogr. Siric. German t. 6, r. 6:53; *Cephus phthisicus* FABRICIUS, 1805, Syst. Piez.: 251; *pusillus* STEPHENS, 1835, III.

Brit. Ent. Mand. 7: 107; *immaculatus* STEPHENS, 1835, III. Brit. Ent. Mand. 7: 107; *cultrarius* HARTIG, 1837, Fam. Blatt-Holzwebsp.: 363; *Tenthredo pygmaeus* BLANCHARD, 1849, Cuvier's Ränge an. Éd. 3, I, t. 109 f.: 4; *Cephus pallidipes* DALLA TORRE, 1894, Cat. Hym. 1:409.

Vücut rengi siyah. Anten 20 segmentli; anten 10. segmentten sonra uca doğru kalınlaşır; son segmentler açık renkli; pronotum siyah; thoraks sarı; ön ve arka kanat kostal hücreleri sarı; stigma siyah ya da sarı; abdomende farklı segmentlerde turuncu bantlar mevcut; erkekte son abdominal segment sarı; arka bacakta tibia ve tarsus kahverengimsi; arka bacakta 1-2 preapikal mahmuz mevcut; vücut uzunluğu 6.5-9 mm. (Şekil 26)

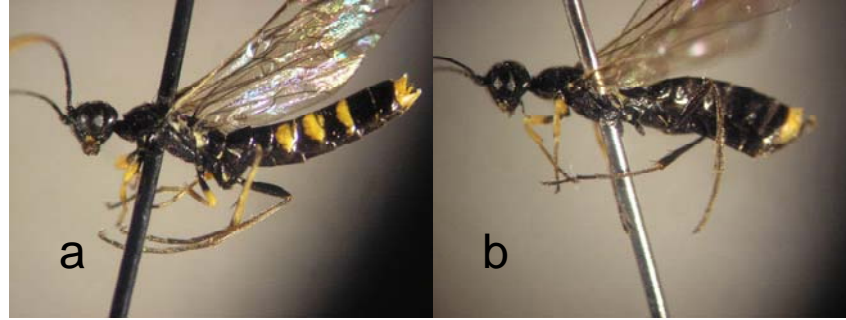


Şekil 26. *C. pallipes* (Morfortip 3) genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey

***Calameuta pravei* (Dovnar-Zapolskij) (Morfortip 4)**

Cephus pravei DOVNAR- ZAPOLSKIJ, 1926, Acta Soc. ent. Staurop. 2:19; 1928, Bull. N. Caucas. Plant. Prot. Stat. Nr. 4: 250,253.

Hakim renk siyah. Anten 20 segmentli; tamamı siyah ya da uca doğru rengi açılıyor; mandibul sarı; baş gözlerin arkasında hafif genişliyor; maksillar palpin son segmenti bir öncekinden uzun; pronotum siyah; baş, pronotum, mesoscutum belirgin sık skulpturlu; ön kanat damarları siyah, kostal hücrenin tamamı kahverengimsi ya da bazali sarı, stigmaya doğru koyulaşır; abdomenin son tergiti turuncu; dişilerde arka bacak tamamen siyah; ön bacakta femur ve tibia turuncu; arka bacakta genellikle iki nadiren bir preapikal mahmuz mevcut; vücut uzunluğu dişilerde 6-11 mm, erkeklerde 5.5-9 mm. (Şekil 27).

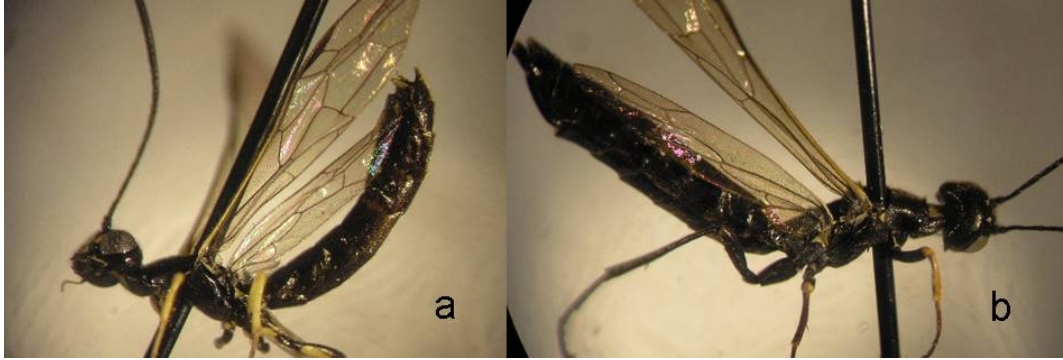


Şekil 27. *C. pravei* (Morfotip 4) genel görünüşü; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey

***Calameuta filiformis* (Eversmann) (Morfotip 5)**

Cephus filiformis EVERSMANN, 1847, Bull. Soc. Moscou **20**, I: 64; *analis* STEPHENS, 1835, III. Brit. Ent. Mand. **7**: 106; *elongata* VOLLENHOVEN, 1858, in Herklots, Bouwstoffen **II**, 3: 280; *arundinis* GIRAUD, 1963, Verh. zool. bot. Ges. Wien **13**: 1286; *marginatus* KAWALL, 1864, Bull. Soc. Moscou **37**, I: 301; *erberi* DAMIANITSCH 1866, Verh. zool. bot. Ges. Wien **16**: 994; *quadricinctus* DAHLBOM. 1835, Consp. Tenthred. Scand.: 15; *vagabundus* MOCSÁRY, 1886, Rovart. Lapok **3**: 103, 107; *Calameuta rugosa* DOVNARZAPOLSKIJ, 1931, Annuaire Mus. Leningrad **32**: 42, 43; *Cephus grombczewskii* JAKOVLEV, 1892, Hor. Soc. ent. Ross. **26**: 13; *grombtschewskii* KONOW, Syst. Zusammenstellung Chalastog. **1**: 255, 262; *infernalis* DOVNAR ZAPOLSKIJ, 1926, Bull. N. Cauc. Plant. Prot. Stat. Nr. 1: 132; *turanicus* DOVNAR ZAPOLSKIJ, 1931, Annuaire Mus. Leningrad **32**: 43; *Calameuta amurensis* GUSSAKOVSKIJ, 1935, Fauna URSS, Ins. Hym. II, **1**: 95, 97, 353, 354.

Vücut rengi siyah. Anten segment sayısı 21-25; skutellum ve mesonotum mat ve sık mikroskalpturlu; baş ve antenler siyah; dışide ön kanat kostal hücreninin bazali sarı; abdomen siyah; 4., 5., 6., abdomen segmentlerinin apikali turuncu bantlı; 7. segment lateralden sarı işaretli; arka femurun bazali siyah geri kalanı sarı yada abdomen ve arka bacak tamamen siyah; arka bacakta 1-2 preapikal mahmuz mevcut; vücut uzunluğu 9-12.5 mm (Şekil 28).

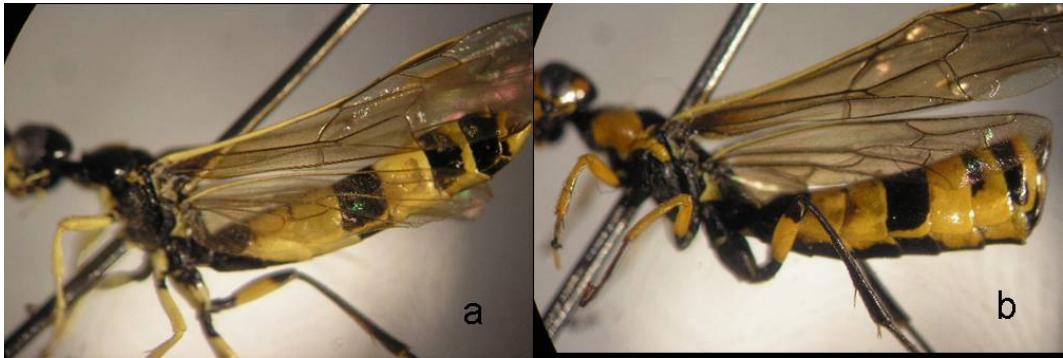


Şekil 28. *C. filiformis* (Morfotip 5) genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey

Calameuta idolon (Rossi) (Morfotip 6)

Ichneumon idolon ROSSI, 1794, Ins. Mant. 2:110; *Cephus mittrei* GUERINMENEVILLE, 1844, Iconogr. Règne an. Ins. 3: 402; *bellieri* SICHEL, 1860, Ann. Soc. ent. France, s. 3, 8, fasc. 4: 757; *variegatus* STEIN, 1876, Stett. ent. Zeit. 37: 59; *Monoplopus apicicornis* PIC, 1916, Échange 32, nr. 378: 24.

Vücut rengi siyah, portakal sarısı ve sarı renkte desenlenmiş durumda; anten segmentleri dişide 22-26, erkekte 21-29, serkus uzunluğu ovipozitör kılıfı uzunluğunun yarısı kadar, baş, thoraks ve pronotum sık ve ince skalpturlu; skutellum ve mesopleuron daha seyrek skalpturlu; basitarsus uzunluğu takip eden üç segmentin toplam uzunluğuna eşit uzunlukta; kostal damar sarı, stigma sarı-siyah renkli; ovipozitör yukarı yönelmiş durumda; siyah bölgeler hariç sarı ve portakal renkli; bu renklenme erkek ve dişide farklı; dişilerde portakal renkli, erkeklerde sarı renkli; dişilerde yüz ve pronotumun yanları, 1. abdomen segmenti, 4. ve 7 tergidler hariç portakal renkli; arka bacakta 1 preapikal mahmuz mevcut; vücut büyüklüğü dişide 11-13 mm; erkekte 11-15 mm (Şekil 29).



Şekil 29. *C. idolon* (Morfotip 6) genel görünüş; (a) ♀ birey; (b) ♂ birey

***Calameuta* sp. (Morfortip 7)**

Vücut rengi siyah, portakal sarısı ve sarı renkte desenlenmiş durumda; anten segmentleri 21, serkus uzunluğu ovipozitör kılıfı uzunluğunun yarısı kadar, baş, thoraks ve pronotum sık ve ince skalpturlu; skutellum ve mesopleuron daha seyrek skalpturlu; basitarsus uzunluğu takip eden üç segmentin toplam uzunluğuna eşit uzunlukta; kostal damar koyu, stigma siyah renkli; ovipozitör yukarı yönelmiş durumda; siyah bölgeler hariç sarı ve portakal renkli; abdomen tergitleri 1. ve 7. tergit hariç tamamen sarı, dışilerde abdomen ve bacaklar dışında sarı renkli veya desenli vücut bölgesi yok; arka bacakta 2 preapikal mahmuz mevcut; vücut büyüklüğü dişide 11-13 mm (Şekil 30);



Şekil 30. *C. sp* (Morfortip 7) genel görünüş, ♀ birey

3. 3. Morfolojik Karakter Analizi

3.3.1. Karakter ve Karakter Durumlarının Tanımı

Morfolojik Karakter Verisi Ve Karakter Kodlandırması

Karakter 1. Anten (0) uca doğru birden kalınlaşıyor (Şekil 31a); (1) uca doğru hafifçe kalınlaşıyor (Şekil 31b).



Şekil 31. Anten yapısı; (a) Uca doğru birden kalınlaşıyor; (b) Uca doğru hafifçe kalınlaşıyor

Karakter 2. Anten segment sayısı (0) 17 ; (1) 18 ; (2) 19 ; (3) 20 ; (4) 21 ; (5) 22 ; (6) 16.

Karakter 3. Anten (0) sık setalı (Şekil 32a); (1) seyrek setalı (Şekil 32b).

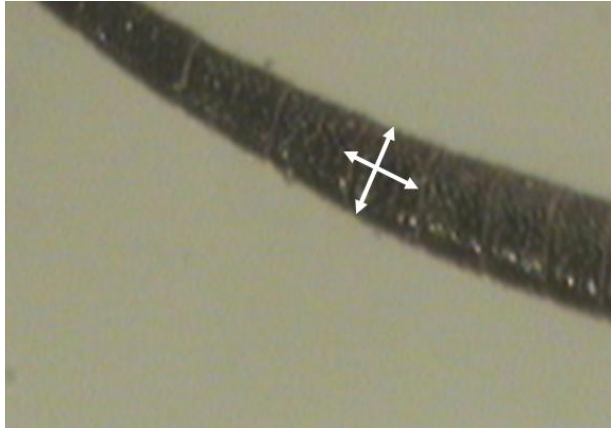


Şekil 32. Anten seta durumu; (a) sık setalı; (b) seyrek setalı

Karakter 4. Antenin (0) bütün segmentleri koyu renkli; (1) son iki segmenti açık diğerleri koyu renkli.

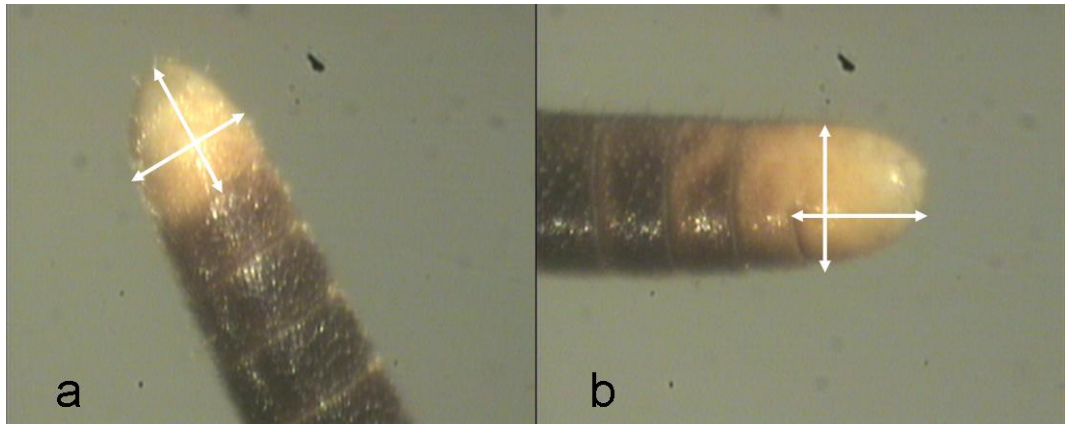
Karakter 5. Anten segmentlerinin yüzeyi (0) sık puncherlı; (1) seyrek puncherlı.

Karakter 6. Anten segmentlerinin eni boyundan (0) 10. segmentten sonra uzun; (1) 11. segmentten sonra uzun; (2) 12 segmentten sonra uzun; (3) 13. segmentten sonra uzun; (4) 16. segmentten sonra uzun; (5) 14. segmentten sonra uzun; (6) 17. segmentten sonra uzun (Şekil 33).



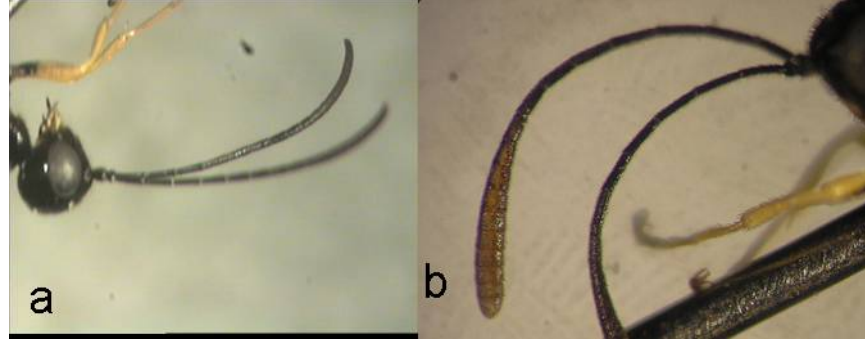
Şekil 33. Eni boyundan uzun olan ilk anten segmenti.

Karakter 7. Antenin son segmentinin boyunun enine oranı (0) hemen hemen eşit (Şekil 34a); (1) 1.5 katı (Şekil 34b).



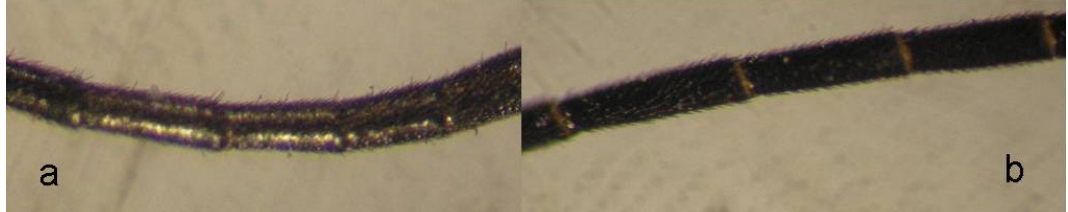
Şekil 34. Son anten segmentinin boyunun enine oranı; (a) 1,5 katı; (b) 1 katı

Karakter 8. Antenin uç segmentlerinin yan tarafları (0) koyu renkli (Şekil 35a); (1) açık renkli (Şekil 35b).



Şekil 35. Antenin uç segmentlerinin renk durumları. (a) tamamen siyah; (b) yan tarafları sarı

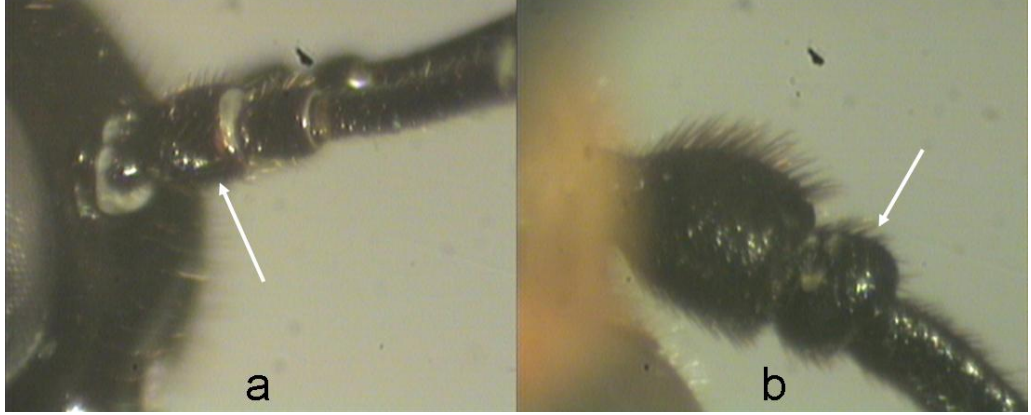
Karakter 9. İlk 6-8 anten segmentlerinin uç kısımları (0) koyu renkli (Şekil 36a); (1) açık renkli (Şekil 36b).



Şekil 36. İlk anten segmentlerinin birleşim yerlerinin renk durumları. (a) koyu renkli ; (b) açık renkli

Karakter 10. Pedicelin yüzeyi (0) az pürüzlü ve parlak; (1) çok pürüzlü ve mat.

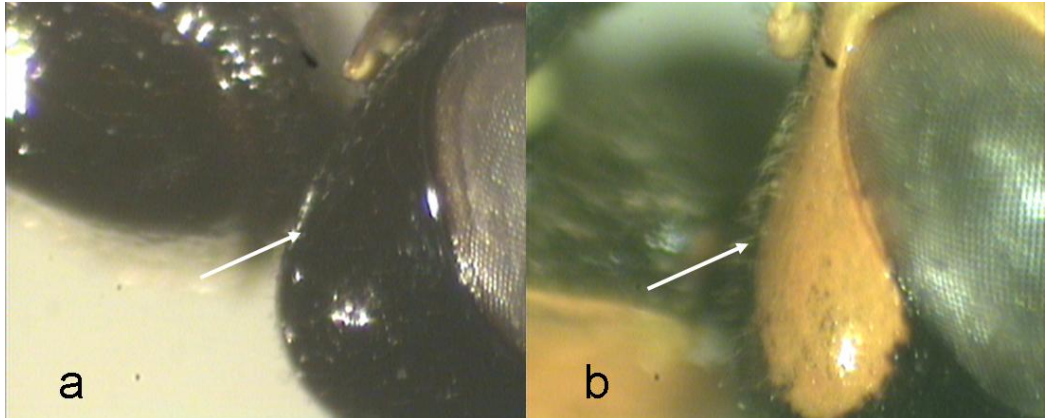
Karakter 11. Pedicelin şekli (0) küresel (Şekil 37a); (1) huni şeklinde (Şekil 37b).



Şekil 37. Pedicelin şekli (a) küresel; (b) huni şeklinde

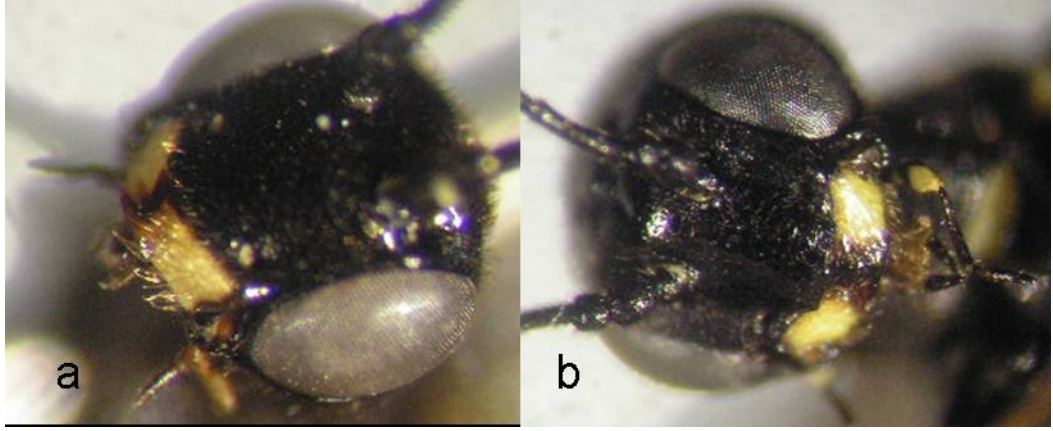
Karakter 12. Maksillar palpin 6. ve 5.segment uzunluklarının birbirlerine oranı (0): 6. segment 5. segment ile aynı uzunlukta; (1) 6. segment 5. segmentten 1-2 katı daha uzun.

Karakter 13. Genanın ön kısmı (0) az setalı, parlak ve pürüzsüz (Şekil 38a); (1) çok setalı, pürüzlü ve mat (Şekil b).



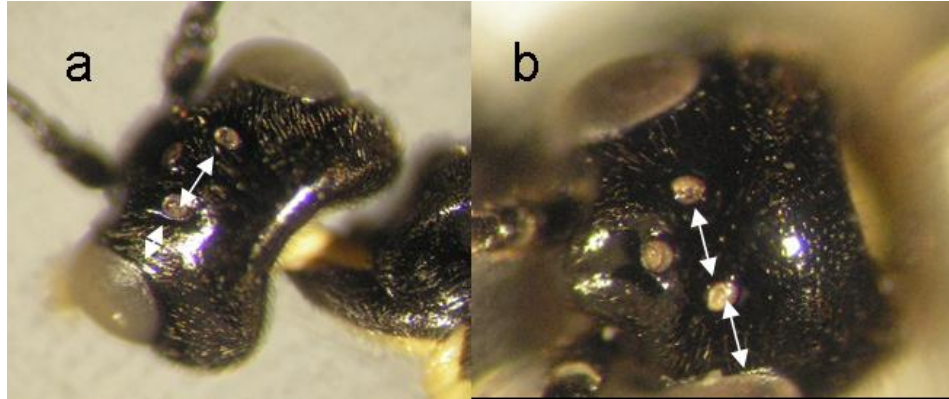
Şekil 38. Genanın ön kısmı (a) az setalı, parlak ve pürüzsüz; (b) çok setalı, pürüzlü ve mat

Karakter 14. Anten soketleri ile tent-pit arası (0) kabarık değil (Şekil 39a; (1) kabarık (Şekil 39b).



Şekil 39. Anten soketleri ile tent-pit arası (a) kabarık değil; (b) kabarık

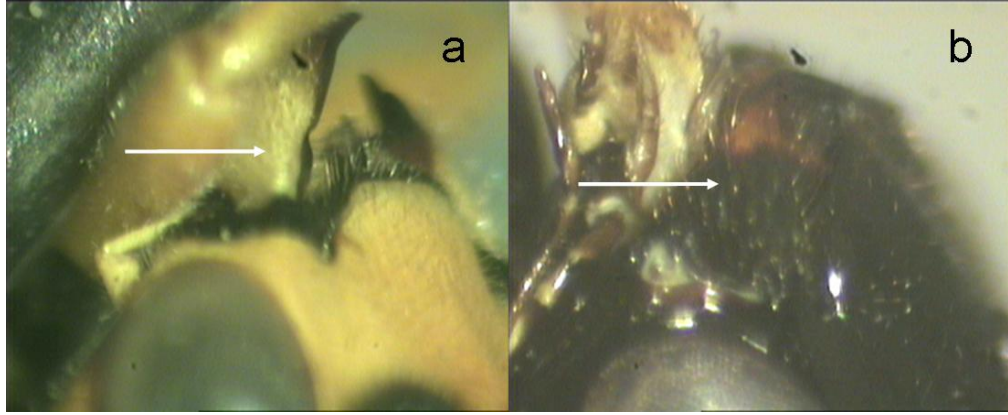
Karakter 15. Lateral ocelluslar arasındaki mesafe lateral ocellus ile bileşik göz arasındaki mesafeden (0) daha uzun (Şekil 40a); (1) hemen hemen eşit (Şekil 40b).



Şekil 40. Lateral ocelluslar arasındaki mesafe; (a) ocelluslar arası mesafe fazla; (b) mesafe eşit

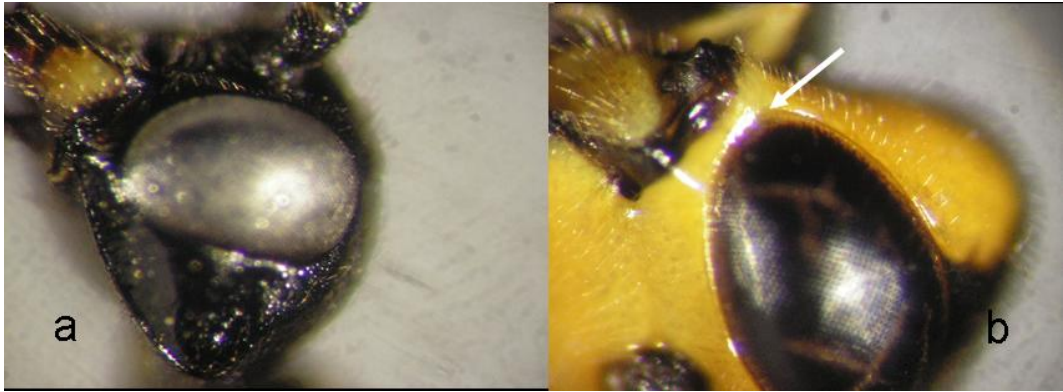
Karakter 16. İkinci maxillary palpusun (0) tamamı siyah; (1) tamamı sarı; (2) sadece son segmenti sarı; (3) uç segmentlere gidildikçe koyulaşiyor.

Karakter 17. Mandibul (0) çoğunlukla açık renkli (Şekil 41a); (1) çoğunlukla koyu renkli (Şekil 41b).



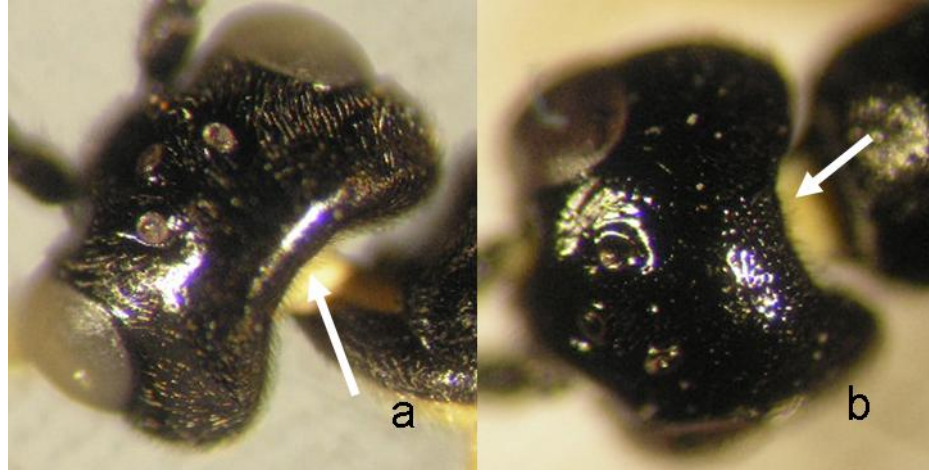
Şekil 41. Mandibul renk durumu; (a) çoğunlukla açık renkli; (b) çoğunlukla koyu renkli

Karakter 18. Bileşik gözün ventrali (0) oval (Şekil 42a); (1) köşeli (Şekil 42b)



Şekil 42. Bileşik gözün ventrali; (a) oval; (b) köşeli

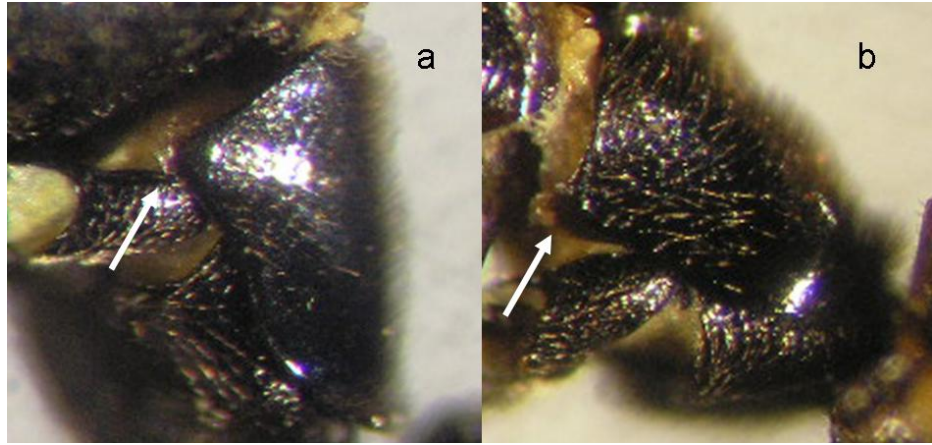
Karakter 19. Occiputun üstten görünüşü (0) kubbemsi şekilde (Şekil 43a); (1) köşeli şekilde (Şekil 43b).



Şekil 43. Occiputun üstten görünüşü; (a) kubbemsi şekilde; (b) köşeli şekilde

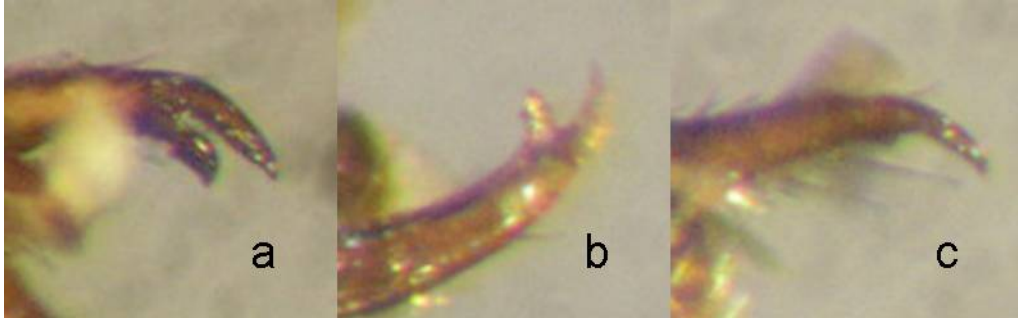
Karakter 20. Baş kısmı (0) sarı lekeli; (1) tamamen siyah.

Karakter 21. Pronotumun yapısı (0) Şekil 44a; (1) Şekil 44b;



Şekil 44. Pronotumun yapısı; (a) kenarda köşeleniyor; (b) ortada köşeleniyor

Karakter 22. Ön bacakdaki tırnakların yapısı (0) kısıkaç şeklinde (Şekil 45a); (1) orak şeklinde (Şekil 45b); (2) tırpan şeklinde (Şekil 45c).

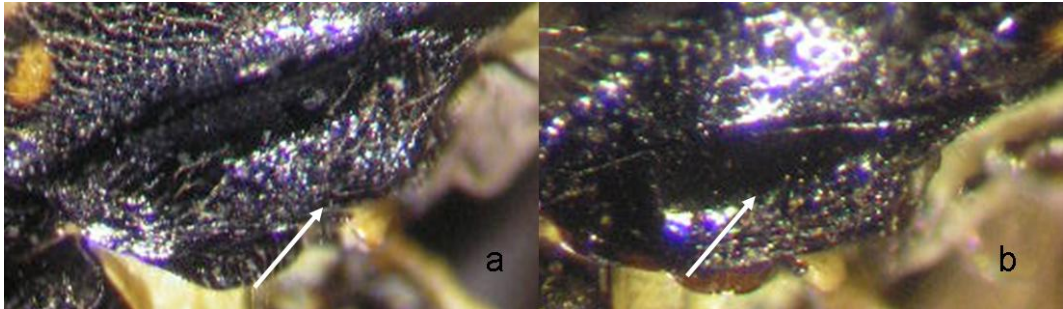


Şekil 45. Ön bacakdaki tırnakların yapısı; (a) kısaç şeklinde; (b) orak şeklinde; (c) tırpan şeklinde

Karakter 23. Arka bacak preapikal mahmuz sayısı (0) 2; (1) 1.

Karakter 24. Ön kanatta Costal damar (0) açık renkli; (1) koyu renkli.

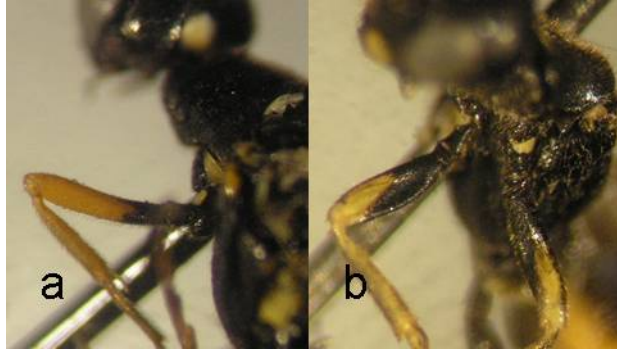
Karakter 25. Metapimeron (0) setalı (Şekil 46a); (1) setasız veya çok az setalı (Şekil 46b).



Şekil 46. Metapimeron; (a) setalı; (b) setasız veya çok az setalı

Karakter 26. Scutellum (0) pürüzlü ve parlak; (1) pürüzsüz ve parlak; (2) pürüzsüz ve mat.

Karakter 27. Ön bacakta femurun (0) bazal kısmından itibaren üçte biri koyu renkli (Şekil 47a); (1) bazal kısmından itibaren yarısından fazlası koyu renkli (Şekil 47b); (2) dış kısmı koyu içe bakan kısmı açık renkli; (3) tamamen sarı.



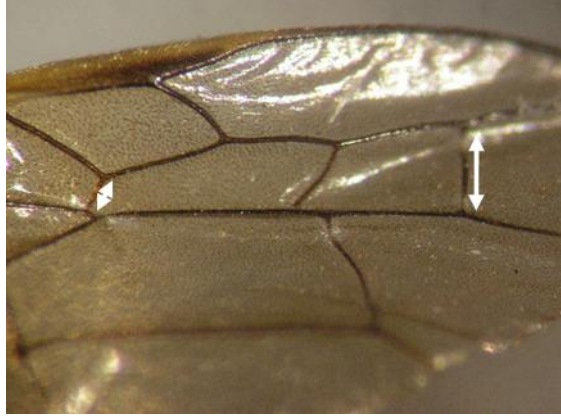
Şekil 47. Ön bacakta femur; (a) bazal kısmından itibaren üçte biri koyu renkli; (b) bazal kısmından itibaren yarısından fazlası koyu renkli

Karakter 28. Arka kanat humuli (Şekil 48) sayısı (0) 6; (1) 7; (2) 8; (3) 5; (4) 3; (5) 4; (6) 9.



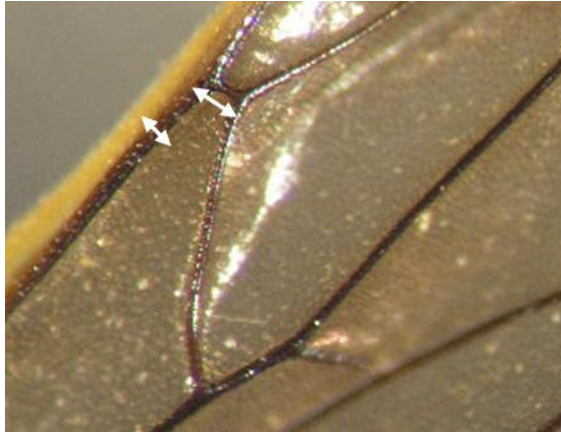
Şekil 48. Arka kanatta humuli

Karakter 29. 3 rm damarı 1 rm damarının (Şekil 49) (0) iki katı uzunlukta; (1) üç katı uzunlukta; (2) bir buçuk katı uzunlukta.



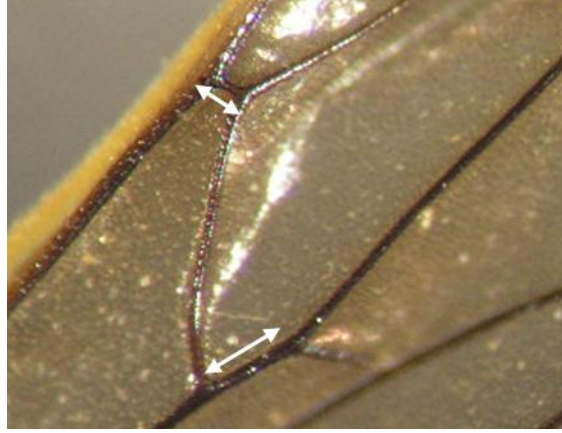
Şekil 49. Ön kanatta 3 rm ve 1 rm damarları

Karakter 30. sc1 damar uzunluğunun Sc damar kalınlığına göre oranı (Şekil 50)
(0) hemen hemen eşit; (1) daha uzun.



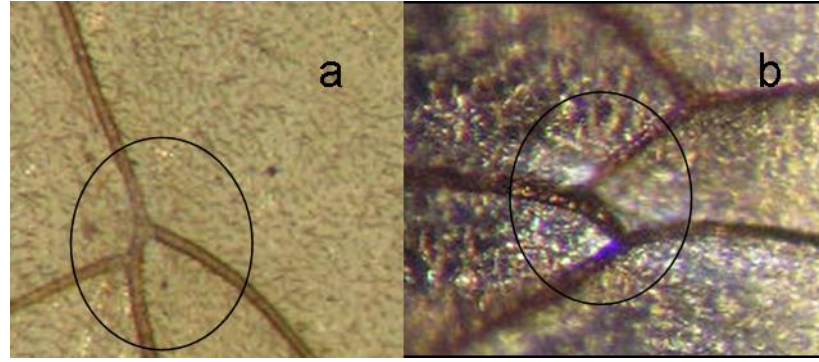
Şekil 50. Sc1 damar uzunluğunun Sc damar kalınlığına göre oranı

Karakter 31. M + Cu damarı ile cua damarının kesişiminin sc1 damarına oranı
(Şekil 51) (0) 1 katı; (1) 2 katı; (2) 3 katı; (3) 4 katı; (4) 0 katı; (5) 5 katı;
(6) >1 Sc1 damarı daha uzun.



Şekil 51. M + Cu damarı ile Sc1 damarına oranın kesişiminin Sc1 damarına oranı

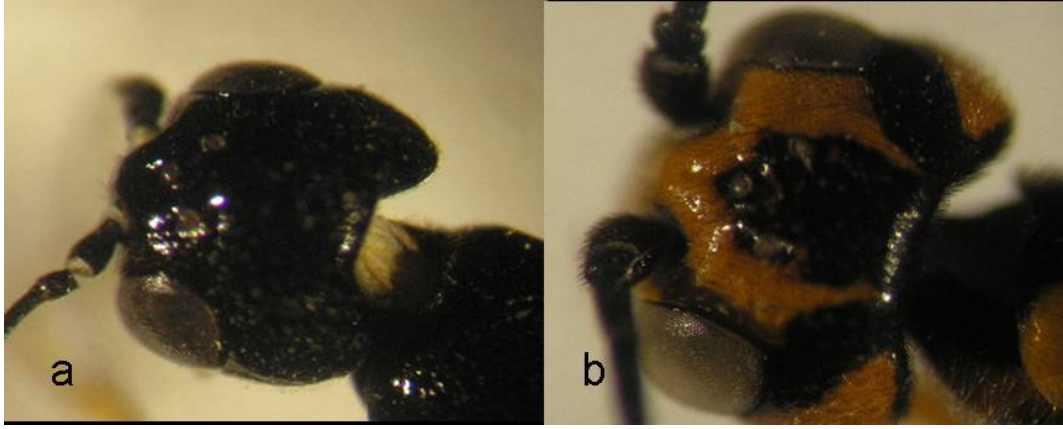
Karakter 32. (0) Şekil 52a; (1) Şekil 52b.



Şekil 52. Ön kanatta damar yapısı

Karakter 33. Başın boy / en oranı (0) 1,4; (1) 1,5; (2) 1,6; (3) 1,8; (4) 2 katından büyük (5) 1,4 den küçük.

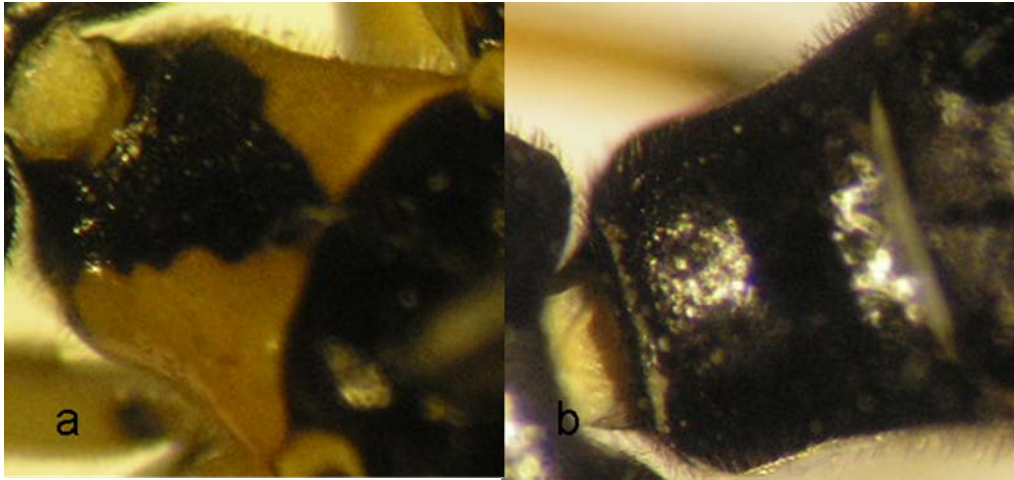
Karakter 34. Başın dorsalden görünümü (0) anten çukurları arasındaki çıkıntı sivri (Şekil 53a); (1) anten çukurları arasındaki çıkıntı düz (Şekil 53b).



Şekil 53. Başın dorsalden görünümü (a) anten çukurları arasındaki çıkıntı sivri ; (b) anten çukurları arasındaki çıkıntı düz

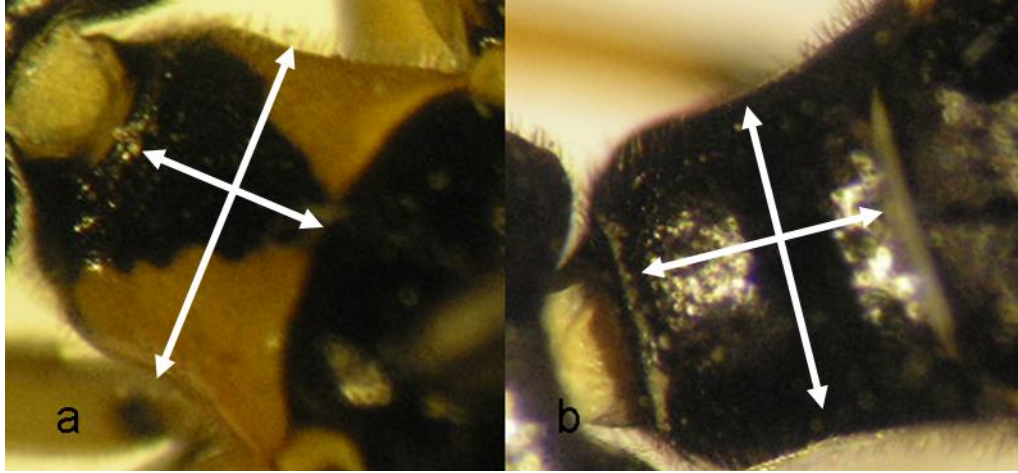
Karakter 35. Kanat renklenme durumu (0) açık renkli; (1) koyu renkli.

Karakter 36. Pronotumun dorsalden şekli (0) dört köşeli (Şekil 54a); (1) altı köşeli (Şekil 54b).



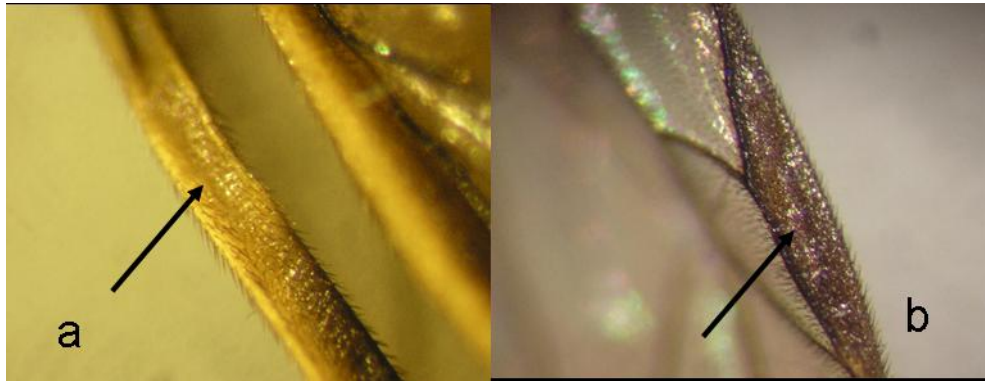
Şekil 54. Pronotumun dorsalden şekli; (a) dört köşeli; (b) altı köşeli

Karakter 37. Pronotumun dorsalden en-boy oranı (0) eni boyundan uzun (Şekil 55a); (1) hemen hemen eşit (Şekil 55b).



Şekil 55. Pronotumun dorsalden en-boy oranı; (a) eni boyundan uzun; (b) eni boyu ile aynı

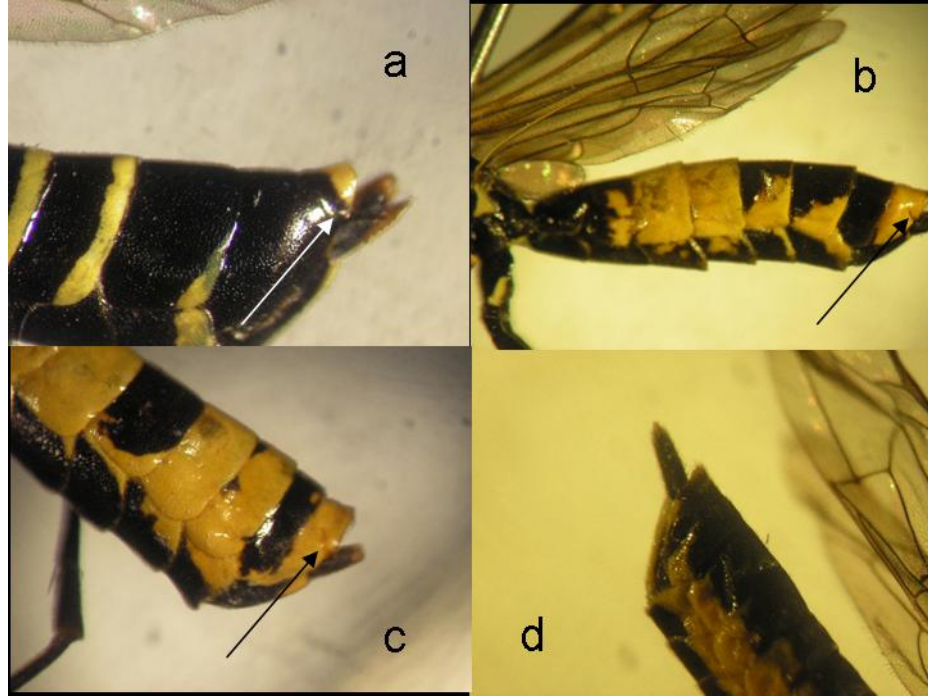
Karakter 38. Stigmanın orta kısmında çukur (0) var (Şekil 56a); (1) yok (Şekil 56b).



Şekil 56. Stigma; (a) orta kısmında çukur var; (b) yok

Karakter 39. Abdomenin boyunun enine oranı (4. segmentten) (0) 2,5; (1) 3; (2) 4; (3) 6.

Karakter 40. Serkusun hemen dibinden çıkan çizgi (0) yatay doğrultuda (Şekil 57a); (1) üste kadar uzanıyor (Şekil 57b); (2) az belirgin (Şekil 57c); (3) çizgi belirsiz (Şekil 57d).



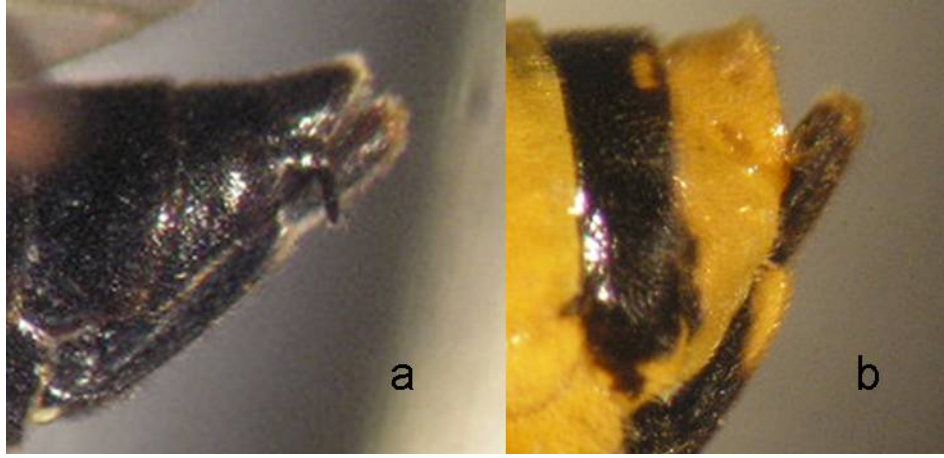
Şekil 57. Sarkusun hemen dibinden çıkan çizgi; (a) 0, (b) 1, (c) 2, (d) 3 karakter durumları

Karakter 41. İlk tergite ve sternumun renk durumu (0) tamamen siyah; (1) sarı lekeli.

Karakter 42. 3. ve 4. tergitlerin renk durumu (0) tamamı sarı; (1) siyah ve sarı lekeli; (2) tamamı siyah; (3) 3 sarı, 4 sarı lekeli.

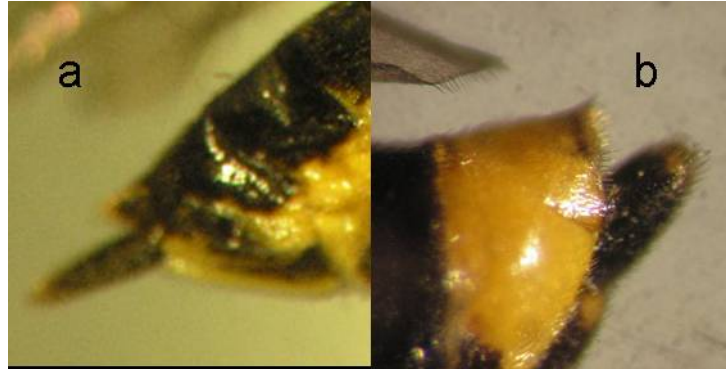
Karakter 43. Son tergite renk durumu (0) tamamen sarı; (1) siyah ve sarı lekeli; (2) tamamı siyah.

Karakter 44. Anal segmentin yapısı (0) yatay durumda (Şekil 58a); (1) dik durumda (Şekil 58b).



Şekil 58. Anal segmentin yapısı; (a) yatay durumda; (b) dik durumda

Karakter 45. Ovipozitor kılıfının perialvalve açısı (0) dik durumda (Şekil 59a);
(1) paralel durumda (Şekil 59b).



Şekil 59. Ovipozitor kılıfının perialvalve açısı; (a) dik durumda; (b) paralel durumda

3.4. Moleküler Veri Seti

Calameuta cinsi bireylerine ait moleküler analiz için Cyt b ve COI gen bölgeleri kullanıldı. Bu gen bölgelerinin DNA dizileri sırasıyla Ek 3. ve Ek 4.'de verilmiştir. İki dış grup ve 7 morfotipe ait, toplam 21 bireye ait moleküler veri bulunmaktadır. Cyt b gen bölgesine ait nükleotid sayısı 392 ve COI gen bölgesine ait nükleotid sayısı 700'dür. Bu gen bölgelerine ait dizilerde okunamayan veya tereddüte edilen nükleotidler “?” işareti ile kodlandı.

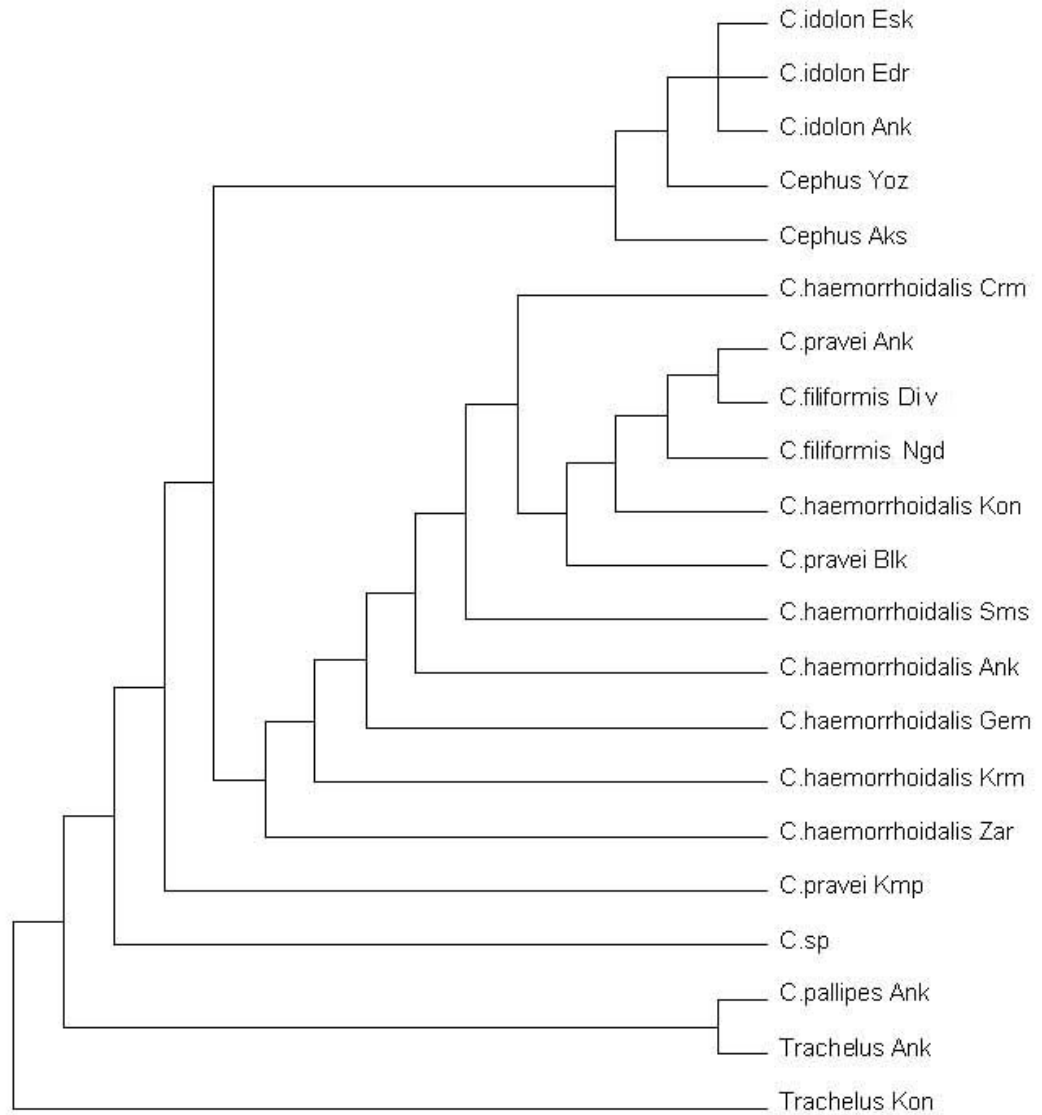
3.5. Fenetik ve Filogenetik Analizler

3.5.1. Tutumluluk (Parsimony)

Taksonlar arasında filogenetik ilişkinin açığa çıkarılmasında yaygın biçimde kullanım alanı bulan ve şimdiye kadar ki uygulamalarda iyi sonuç veren bu yöntem, Camin ve Sokal (1965) tarafından geliştirilen bir algoritmadır. Evrimin en kısa yolu izlediği, yani doğanın tutucu bir biçimde tutumlu olduğu ve evrimsel süreçlerin ekonomik olduğu kabulünden hareketle çalışmaktadır. Parsimoninin bu anlamda kullanılması evrimsel parsimoni olarak adlandırılır (Kluge, 1984). Bir grubun filogenisini en iyi tahmin eden ağacın en az evrimsel değişme (karakter değişmesi) gösteren ağaç olduğu prensibinden hareketle çalışır. Bu yöntem, hem moleküler hem de morfolojik veri için kullanılabilir.

3.5.1.1. Analiz 1

Bu analiz sadece morfolojik veriler kullanılarak gerçekleştirildi. Çoklu karakter durumu için 'belirsizlik' (uncertainty) seçeneği tercih edildi. Karakter polarizasyonu seçeneği **düzensiz** (unordered) seçildi. Heuristic yöntemin ilk basamağında, '**adım-adım-ekleme**' algoritması '**basit**' (simple) olarak tercih edildi. İkinci basamağında ise '**dal-değiş-tokuşu**' algoritması dayalı **TBR** olarak seçildi. Analiz sonucunda *CI: 0,3895, HI: 0,6105, RI : 0,5451, RC : 0,2123* indeks değerlerine sahip adım uzunluğu 190 olan 1 tutumluluk ağacı elde edildi (Şekil 60).

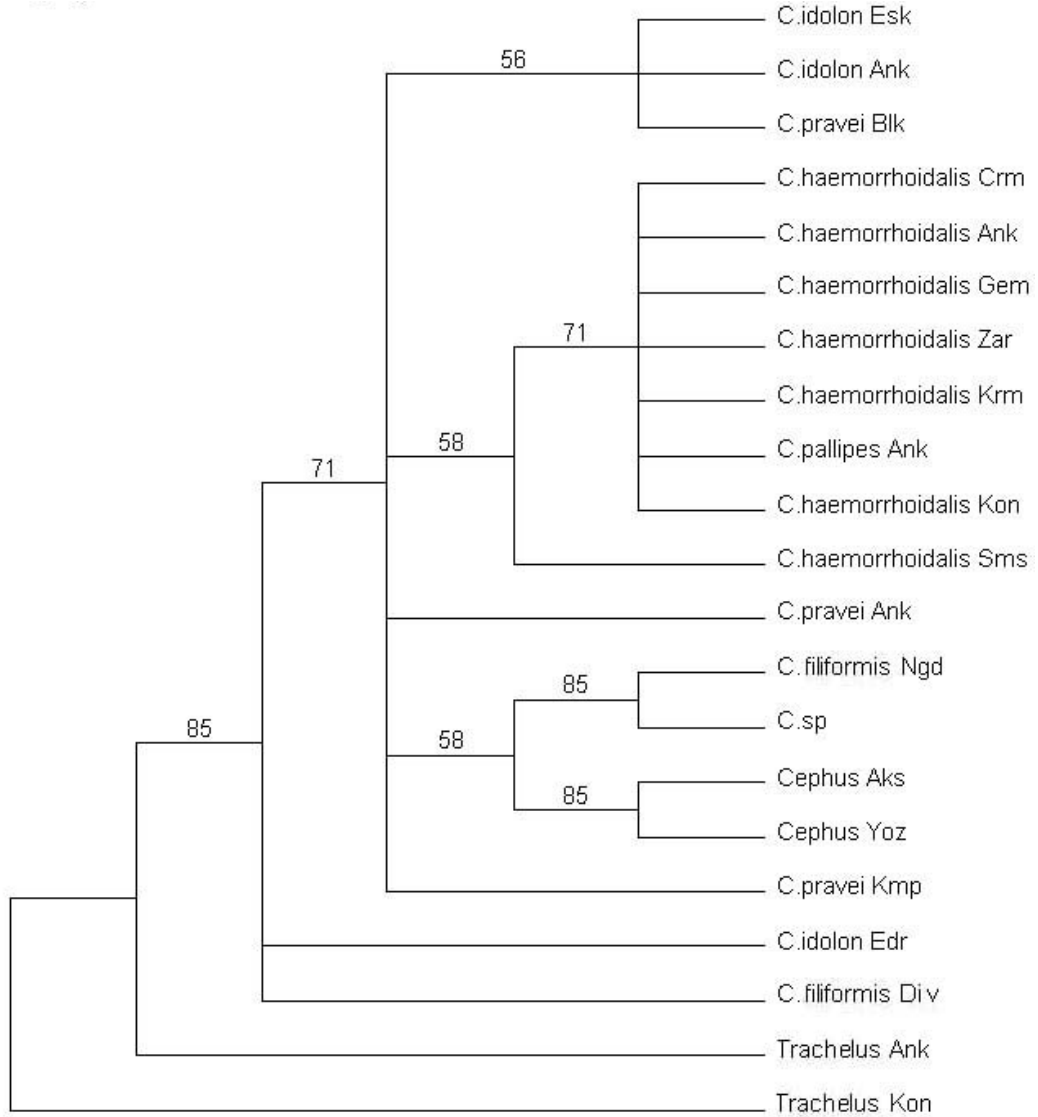


Şekil 60. Morfolojik veri seti ile üretilen tutumluluk ağacı

3.5.1.2. Analiz 2

Analiz Cyt b gen bölgesi verisi için gerçekleştirildi. Analiz kriterleri, Analiz 1’de olduğu gibidir. Analiz sonunda, 250 adım uzunluğunda 5148 tutumluluk ağacı elde edildi. Bu ağaçların indeks değerleri *CI*: 0,7440, *HI*: 0,2560 *RI* : 0,9055, *RC* : 0,6737 olarak belirlendi. Ağaç sayısı çok fazla olduğundan dolayı ağaç sayısını azaltmak için analiz sonrası karakter ağırlaması yapıldı. Analiz sonrası karakter ağırlaması, analiz ağaç sayısı sabit kalana kadar tekrar

yapıldı. Ancak bu analizler sonucunda ağaç sayısı 3405'e kadar düştü. Bu ağaçları tek bir ağaçta özetlemek için %50 çoğunluk kuralına (%50 majority rule) dayalı uyumluluk ağacı oluşturuldu. Bu ağaç Şekil 61'de gösterilmektedir.

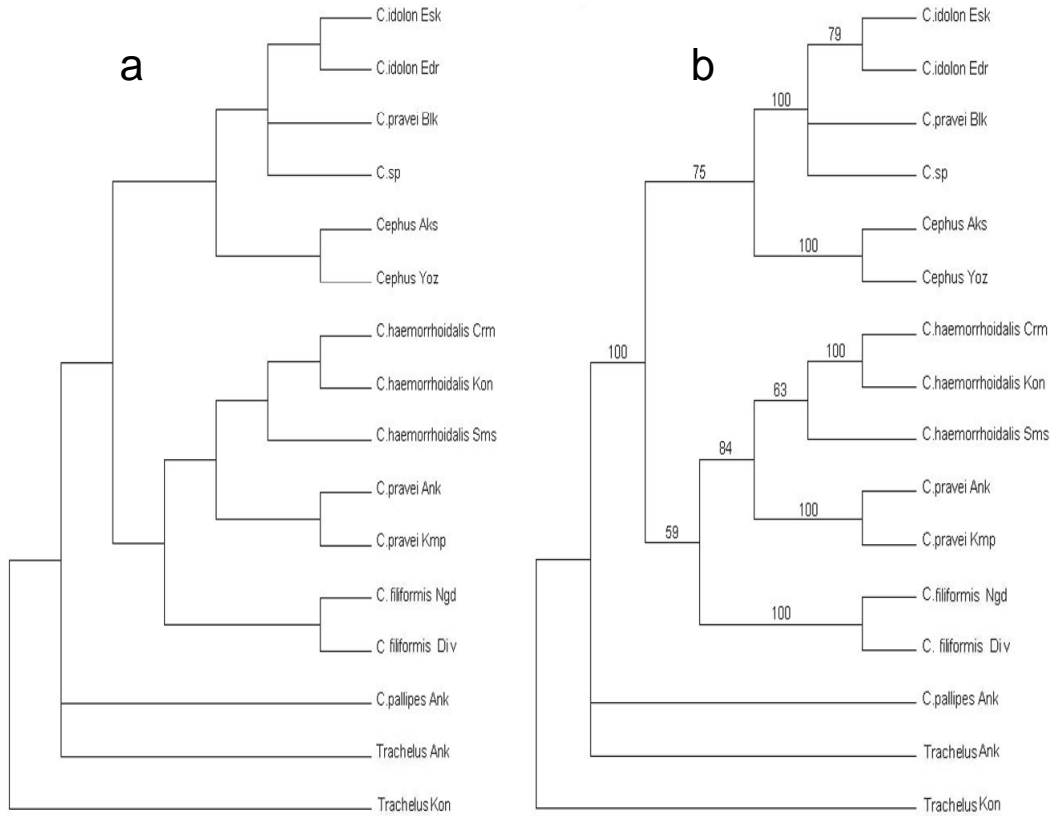


Şekil 61. 'Heuristik' yönteme dayalı Çoğunluk Kurah Uyumluluk Ağacı

3.5.1.3. Analiz 3

Analiz COI gen bölgesi verisi için gerçekleştirildi. Algoritmalar Analiz 1 için kullanılan seçeneklerle analize başlandı. Bu analiz sonucunda *CI: 0,7183, HI: 0,2817 RI: 0,8522, RC: 0,6121* değerlerine sahip 394 adım uzunluğunda 1 tutumluluk ağacı elde edildi. Bu ağaç Şekil 62a'da gösterilmektedir.

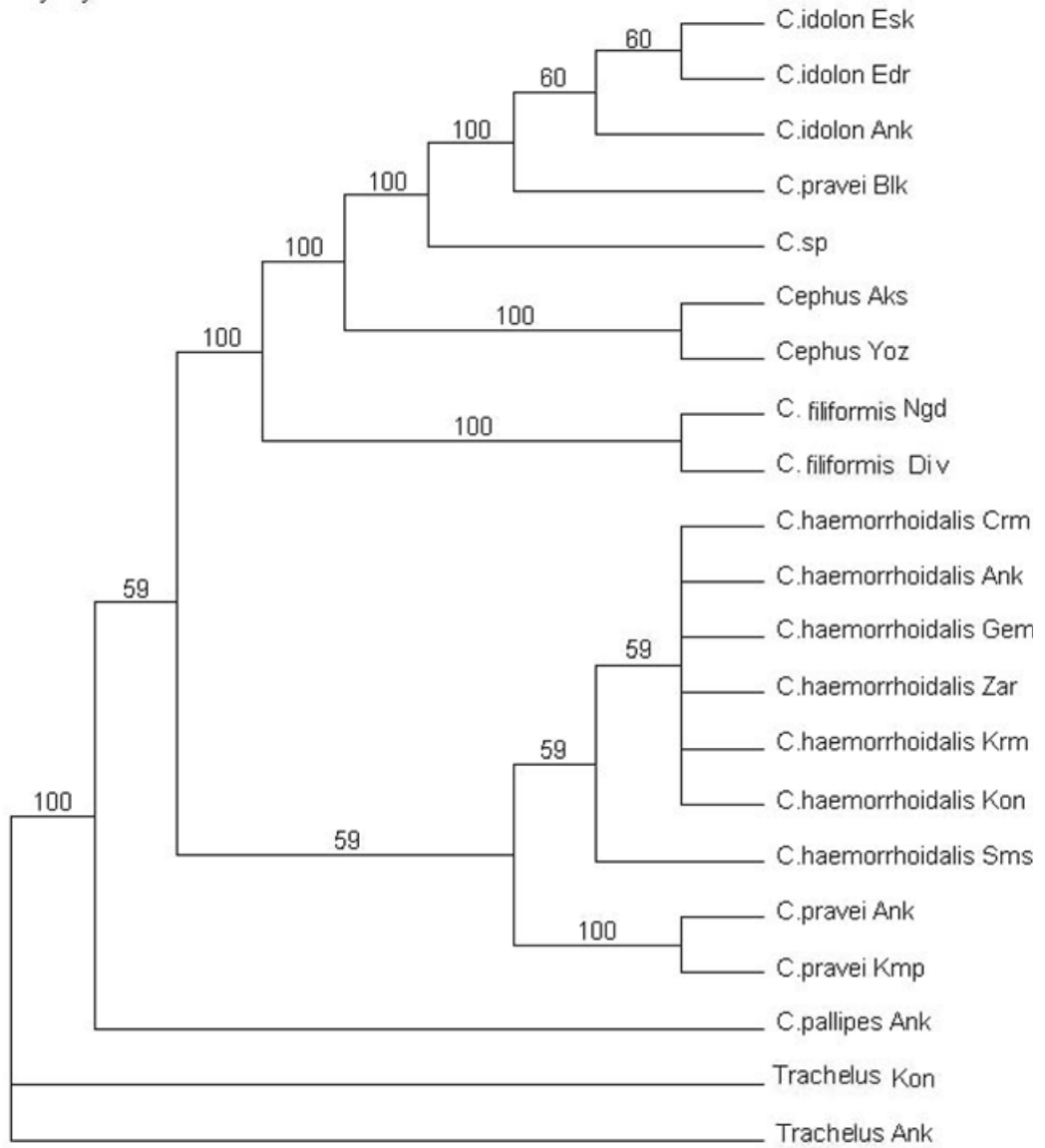
Bu analiz sonucunda elde edilen parsimonik ağaçların güvenilirlik derecesini ölçmek için ise seç-bağla (“bootstrap”) adı verilen bir istatistiksel teknik (Felsenstein, 1985) kullanıldı. Bu teknik sonucunda ortaya çıkan ‘%50 Çoğunluk kuralı uyumluluk ağacı Şekil 62b’de gösterildi.



Şekil 62. a) COI geni tutumluluk ağacı, b) COI geni uyumluluk ağacı

3.5.1.4. Analiz 4

Analiz COI ve Cyt b gen dizisi verileri birleştirilerek gerçekleştirildi. Analiz seçenekleri yukarıdaki gibidir. Bu analiz sonucunda *CI*: 0,5630, *HI*: 0,4370 *RI* : 0,7451, *RC* : 0,4195 değerlerine sahip 833 adım uzunluğunda 6805 tutumluluk ağacı elde edildi. Bu ağaçlardan %50 çoğunluk kuralı uyumluluk ağacı elde edildi (Şekil 63)

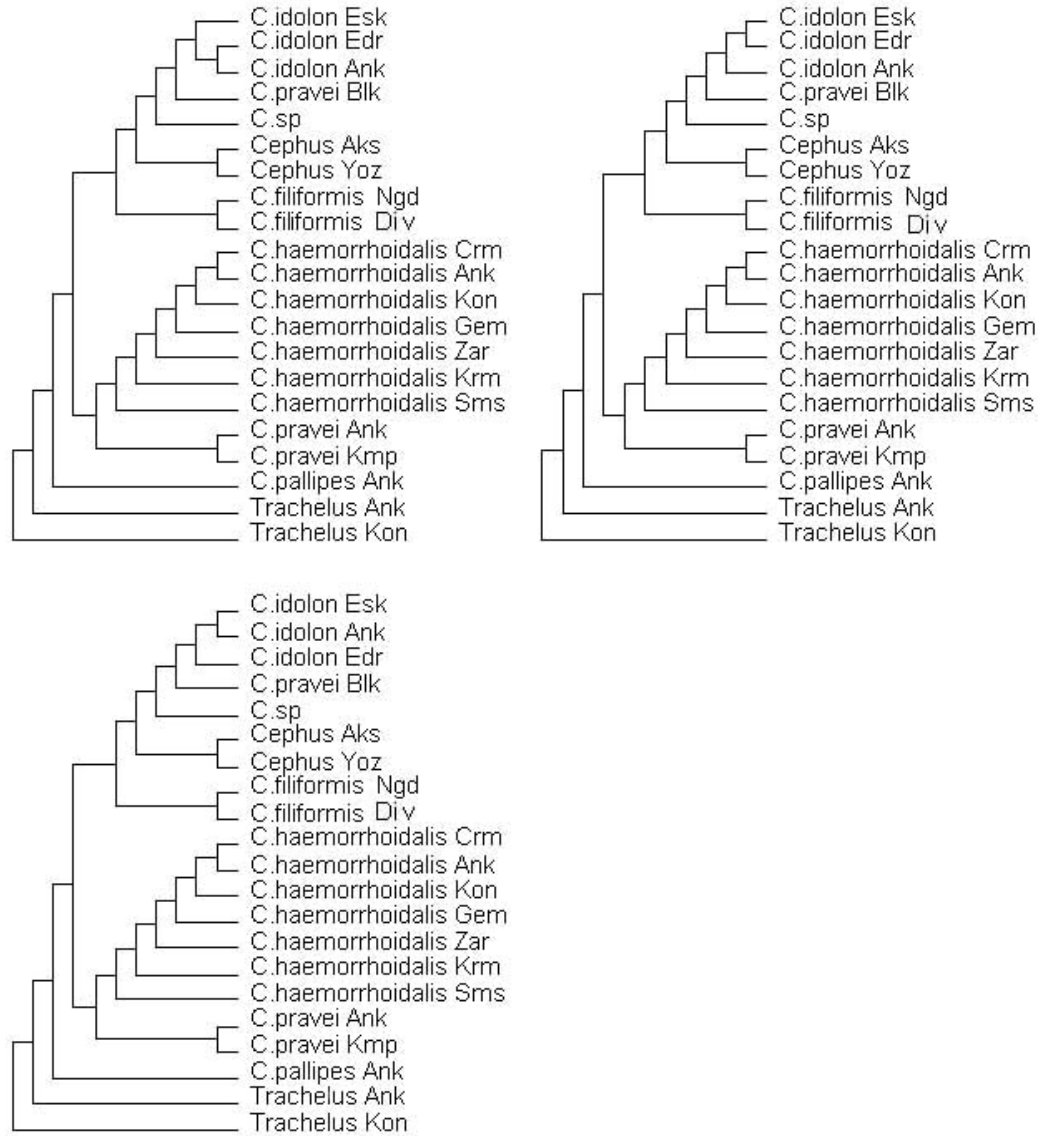


Şekil 63. COI ve Cyt b gen bölgeleri veri seti ile oluşturulan uyumluluk ağacı

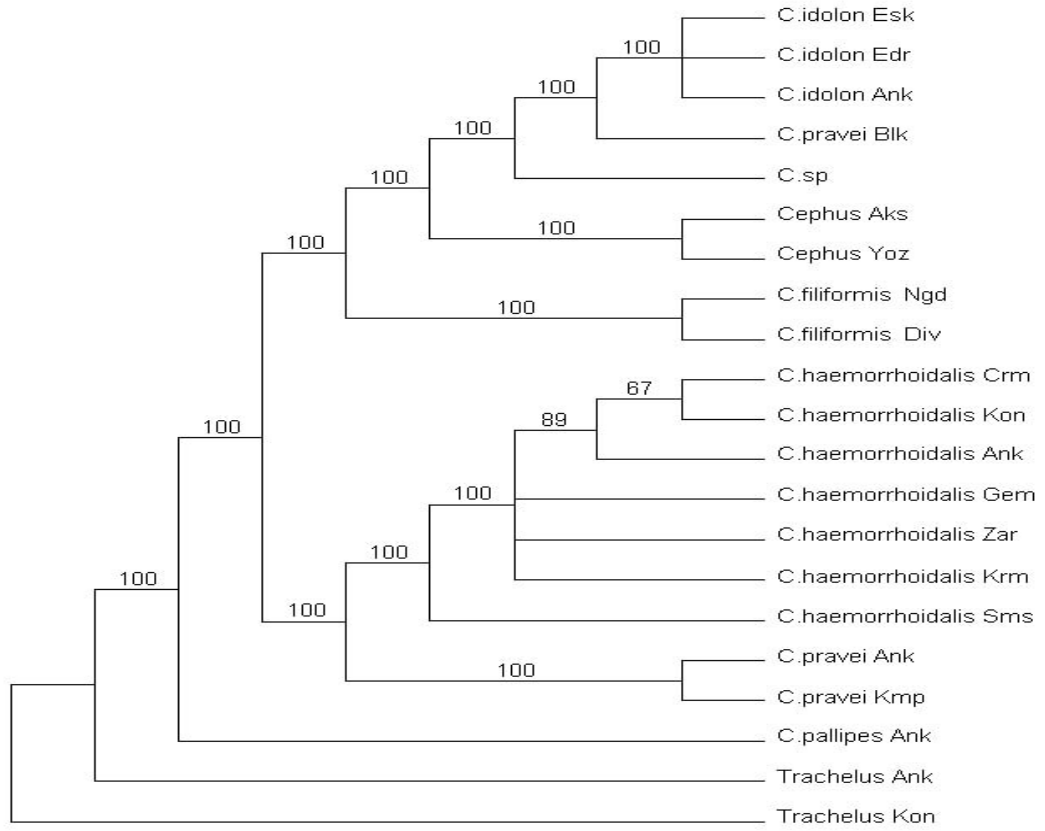
3.5.1.5. Analiz 5

Analiz birleştirilmiş moleküler ve morfolojik veri için gerçekleştirildi. Analiz yukardaki kriterler altında yapıldı. Bu analiz sonucunda 1047 adım uzunluğunda 27 ağaç elde edildi. Bu ağaçların değerleri $CI: 0,5186$, $HI: 0,4814$ $RI: 0,7005$, $RC: 0,3633$ olarak bulundu. Analiz sonrası karakter ağırlaması RC ve maksimum değere göre yapılarak tekrar edildi. Ağırlanmış karakterler ile yapılmış analiz sonucunda 1047 adım uzunluğunda 3 tutumluluk ağacı elde edildi.

Bu ağaçlar Şekil 64’de sunulmuştur. Ayrıca çoğunluk kuralına dayalı uyumluluk ağacı oluşturuldu (Şekil 65).



Şekil 64. Moleküler ve morfolojik veriler ile oluşturulan tutumluluk ağaçları



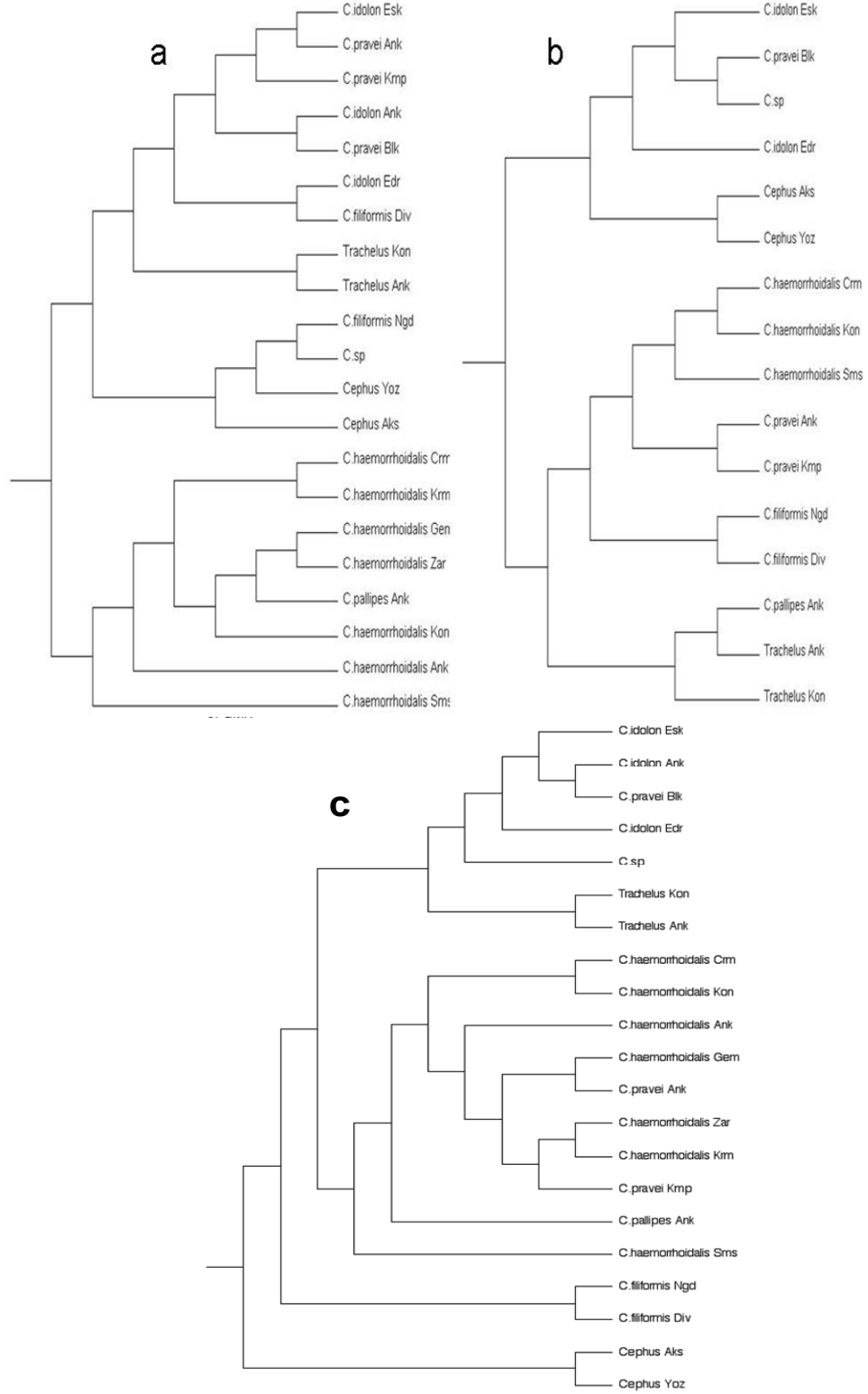
Şekil 65. Moleküler ve morfolojik veriler ile oluşturulan uyumluluk ağacı

3.5.2. Uzaklık Analizi

Moleküler veriler, türler arasındaki ya da tür içi genetik benzerlik/farklılık derecesini anlamaya yarayan genetik uzaklık ölçümü (Nei, 1972) metoduyla analiz edildi. Bu yöntem, türler (ya da taksonlar) arasındaki evrimsel ilişkiden çok, türlerin benzerlikleri veya farklılıkları temelinde gruplanması ya da ayrılmaları prensibinden hareketle takson sınırlarının belirlenmesinde işlev görür.

3.5.2.1. Analiz 6

Morfotipler arası genetik uzaklığı Cyt b, COI ve birleştirilmiş dizi veri matrisi ayrı ayrı kullanılarak fenetik bir yaklaşım olan UPGMA (unweighted pair-group method using arithmetic averages) dendogramı standart uzaklık kıstası altında inşa edildi (Şekil-66a, Şekil 66b).



Şekil 66. (a) Cyt b geni UPGM A ağacı; (b) COI geni UPGMA ağacı; (c) Total Moleküler veri ile oluşturulan UPGMA ağacı

3.5.2.2. Analiz 7

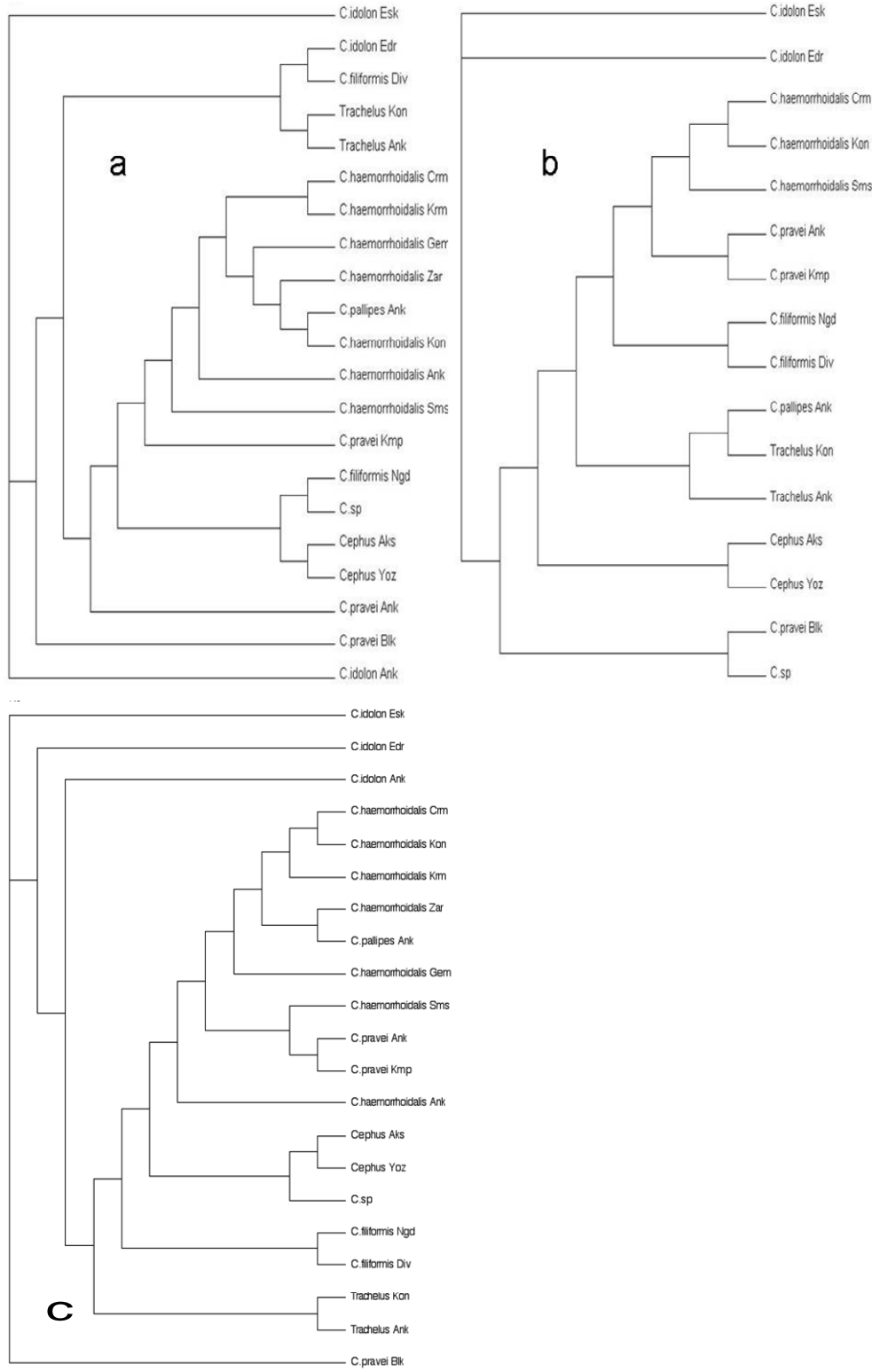
Morfotipler arası genetik uzaklığı Cyt b, COI ve birleştirilmiş moleküler veri matrisi ayrı ayrı kullanılarak fenetik bir yaklaşım olan Komşu Bağlama (Neighbour Joining) yöntemi (Saitou ve Nei, 1987) tercih edildi. Nükleotid yer değişimleri oranı mutlak (absolute) ve DNA/RNA uzaklık kriteri seçildi. (Şekil67).

3.5.3. Maksimum Olasılık

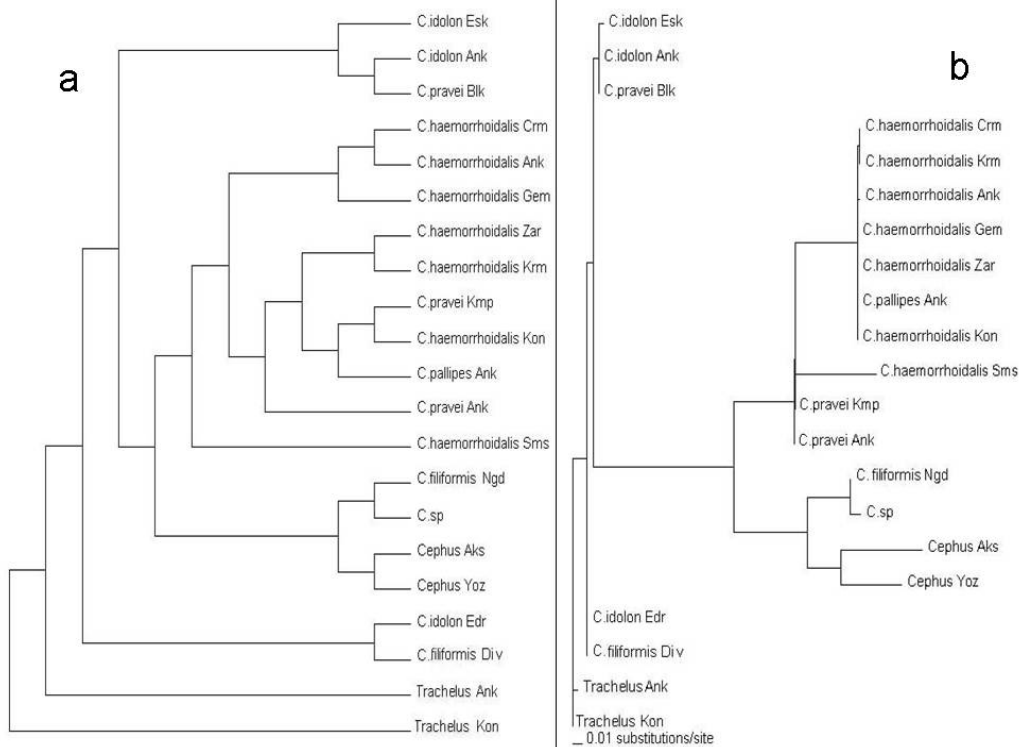
Filogeni tahmini için Felsenstein (1973) ve Farris (1973) tarafından geliştirilen bir yöntemdir. Bu yöntemin ön-kabulüne göre evrimsel değişimler yani her bir karakterin bir durumdan diğer bir duruma değişmesinin ya da yeni bir karakterin açığa çıkmasının belli bir olasılığı bulunmaktadır. Bu analiz yöntemi moleküler veri için kullanılmaktadır.

3.5.3.1. Analiz 8

Cyt b gen bölgesi veri seti kullanılarak maksimum olasılık optimal kriterine göre analiz yapıldı. Dizideki deneysel baz oranları *A*: 0,3628, *C*: 0,0947, *G*: 0,2183, *T*: 0,3248 olarak belirlendi. Bu analizde ağaç oluşturma algoritması yıldız parçalama “star decomposition” seçildi. Analiz sonucunda oluşturulan ağaç Şekil 68a’da gösterildi. Daha sonra ağaç oluşturma algoritması dörtlü bulmaca “Quartet-Puzzling”, transisyon/transversiyon oranı 2 seçilerek analiz tekrar yapıldı. Bu analiz sonucunda oluşturulan ağaç Şekil 68b’de gösterildi.



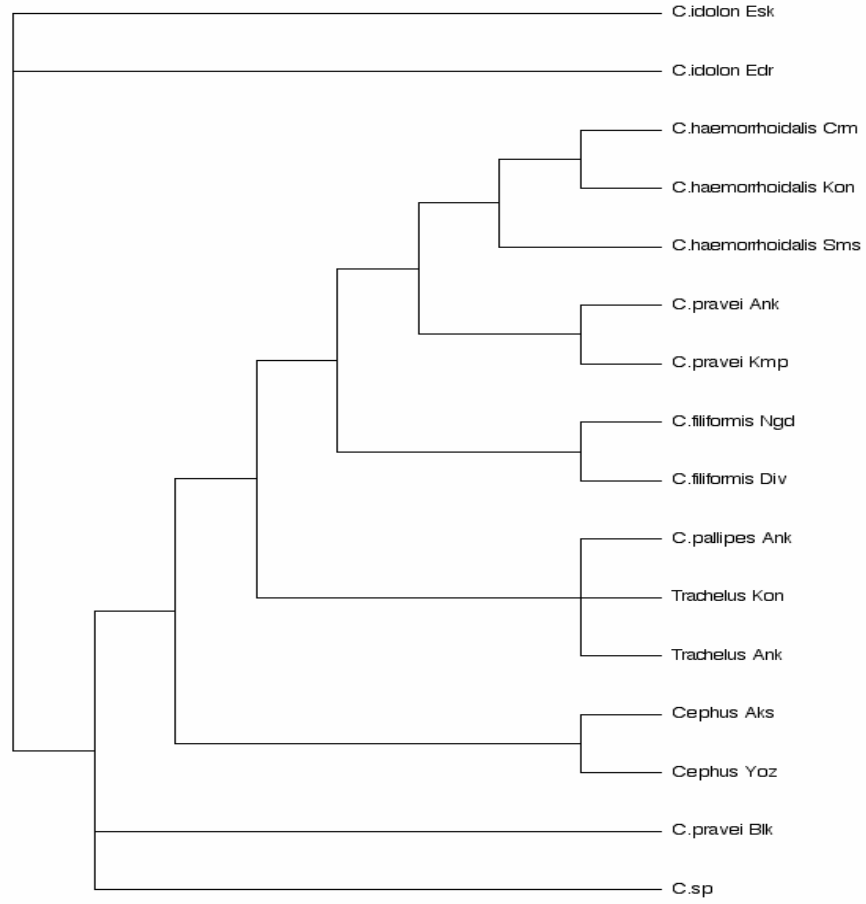
Şekil 67. (a) Cyt b geni NJ ağacı; (b) COI geni NJ ağacı; (c) Total moleküler veri ile oluşturulan NJ ağacı



Şekil 68. Cyt b gen bölgesi veri seti kullanılarak, (a) yıldız parçalama; (b) dörtlü bulmaca algoritmaları ile oluşturulan Maksimum Olasılık ağaçları

3.5.3.2. Analiz 9

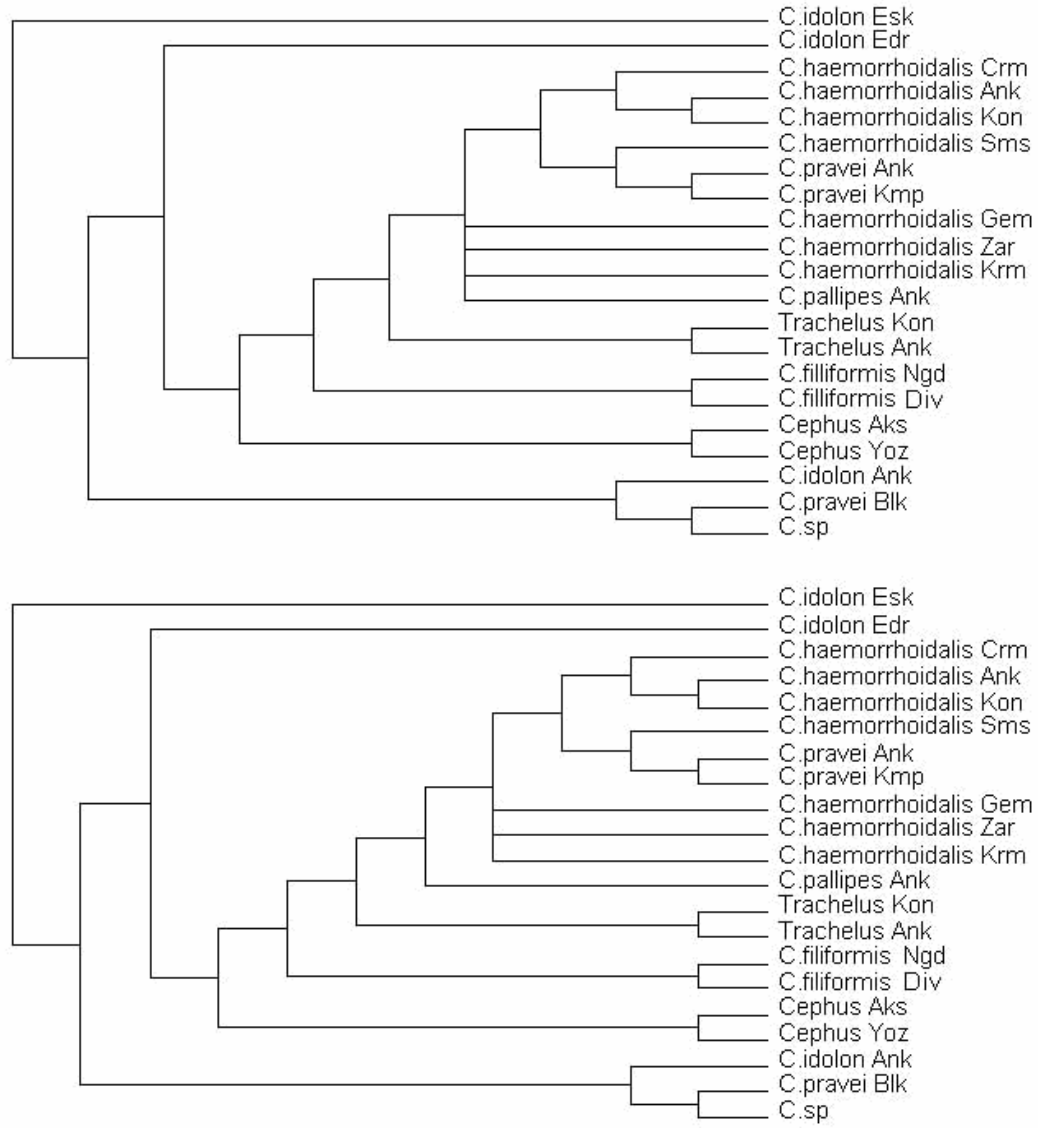
COI gen bölgesi veri seti kullanılarak maksimum olasılık optimal kriterine göre analiz yapıldı. Optimum ağaçların bulunması için *heuristic yöntem* seçildi. Bu yöntemin ilk basamağında, başlangıç ağaçlarının bulunduğu ‘adım-adım-ekleme’ (stepwise addition) seçildi. Adım-adım-ekleme algoritmasında ise ‘olduğu gibi’ (as is) seçeneği tercih edildi. Heuristic yöntemin ikinci evresi, birinci evrede elde edilen başlangıç ağaçları içerisinde en optimum ağaçların kontrol edilmesinde kullanılan ve değilse en optimum ağaçların seçilmesini sağlayan ‘dal-değiş-tokuşu’ (branch swapping) dur. Bu evrede ise, olası tüm dal-bağlanmaları değerlendirilerek optimum ağaç bulunmasında etkili olan TBR (tree bisection-reconnection) algoritması tercih edildi. Analiz sonucunda elde edilen ve üzerinde dal uzunlukları da gösterilen filogenetik hipotez Şekil 69’daki gibidir.



Şekil 69. COI gen bölgesi veri seti kullanılarak oluşturulan Maksimum Olasılık Ağacı

3.5.3.3. Analiz 10

COI ve Cyt b gen bölgeleri veri setleri birleştirilerek maksimum olasılık optimal kriterine göre analiz yapıldı. Optimum ağaçların bulunması için *heuristic yöntem* seçildi. Bu analizde ağaç oluşturma algoritması olarak Gamma dağılımı “Gamma Distribution” seçildi. Analiz sonucunda oluşturulan iki ağaç Şekil 70’de gösterildi. Ağaç oluşturma algoritması diğer analizden farklı olarak baz frekanslarına göre tekrar yapıldı. Analiz sonucunda bir önceki analiz sonucunda ortaya çıkan ağaçlar ile aynı topolojiye sahip iki ağaç elde edildi.



Şekil 70. COI ve Cyt b gen bölgeleri veri seti kullanılarak Gamma dağılımı ve baz frekanslarını kullanan algoritmalarla oluşturulan Maksimum olasılık ağaçları

4. TARTIŞMA VE SONUÇ

Anadolu coğrafik konumu, topografik ve iklimsel yapısı yanında buzul dönemlerinde sığınak (refugiyum) ödevi görmesi nedeniyle önemli bir biyolojik çeşitlilik barındırmaktadır (Çıplak, 2003). Palearktik bölge içerisinde yer alan ve geçiş yollarını içeren ülkemiz aynı zamanda birçok tür için çeşitlenme merkezidir. Biyoçeşitliliğin artmasında önemli etken olan tüm bu faktörlerden dolayı diğer birçok takson gruplarında olduğu gibi *Calameuta* cinsine ait türler de ülkemiz böcek faunası açısından oldukça zengindir.

Cephidae familyasına ait bilinen 100 türün 40'ından fazlası Avrupa ve Akdeniz Bölgesi'nde yayılış gösterir. Ülkemizde ise sadece Orta Anadolu'da Cephidae familyasına bağlı yedi cins ve 23 tür saptanmıştır (Başbüyük *vd.*, 2004; yayınlanmamış veri). Bu türlerin beş tanesi *Calameuta* cinsine ait olup, mevcut anahtarlar ile tanımlanamayan bir türün ise yeni tür olduğu düşünülmektedir.

Cephidae üyeleri ekonomik önemlerinin yanı sıra, Hymenoptera takımının Symphyta (Testereli Arılar) ve Apocrita alttakımlarının bazı özelliklerini taşımaları bakımından ilginçtir. Cephidae familyası hakkındaki filogenetik açıdan ilk öneriler Königsmann (1977, 1978a, 1978b) tarafından sunulmuştur. Königsmann'ın önermiş olduğu ağaca göre senkrinin bulunmayışı, ön kanatın anal bölgesinde pürüzlü bir alanın olmaması, birinci ve ikinci abdominal segmentler arasında az yada çok bir daralmanın olması, sperm kanalının aedeogusun apikaline açılmış olması gibi sinapomorfiler temelinde Apocrita ve Cephoidea kardeş gruptur. Ancak son yıllarda yapılan çalışmalara göre bu öneri doğrulanmamaktadır. Apocrita ve Cephidae kardeş grup ilişkisinin olmadığı, bu karakterlerin her iki grupta birbirlerinden bağımsız olarak ortaya çıktıkları konusunda kanıtlar her geçen gün çoğalmaktadır (Rasnitsyn, 1980, 1988; Ronquist ve ark., 1999; Vilhelmsen, 1996, 1997, 2001).

Calameuta cinsine ait bireylerin morfolojik açıdan tanımlanması aşamasında karşılaşılan problem, çoğunlukla mevcut tanı anahtarlarında kullanılan karakterlerin renge dayalı olmasından kaynaklanmaktadır. Renk karakterleri çoklu kalıtım (genetik ve ekolojik temelli) gösterdikleri için aynı türün farklı

populasyonları arasında yada aynı populasyonun bireyleri arasında bile değişkenlik göstermektedir. Çalışmamızda karakter farklılıklarının sadece renge dayalı olmadığı gözlemlendi. Elde edilen birçok yapısal ve morfometrik karakterlerin morfotipleri ayırt etmede kullanışlı oldukları saptanmıştır. Bu karakterler ve karakter durumları bulgular kısmında sunulmuştur. Bu çalışma sırasında incelenen 45 karakter içerisinde, aynı morfotipin bireyleri arasında polimorfizm sergilemeyen karakterler anahtarında kullanılmıştır. Morfolojik karakter temelinde oluşturulan morfotiplerin ayrı birer takson olup olmadıklarını sınamak için hem morfolojik hem de moleküler veri setlerimiz çeşitli fenetik ve filogenetik metodlarla analiz edilmişlerdir.

Yapılan filogenetik analizler, incelenen morfolojik karakterlerin gerek morfotipleri gerekse de türleri tanımlamada yetersiz kaldığını göstermektedir (Analiz 1, Şekil 60). Örneğin, *C. haemorrhoidalis* türü iki morfotip (Morfotip1 ve 2) altında değerlendirilmiş olmasına rağmen, morfolojik verinin analizi sonucunda elde edilen ağaçta bu iki morfotip, gerek kendi aralarında, gerekse de bir morfotipin bireyleri arasında monofiletik olarak gözlenmemiştir (Şekil 60). Aynı biçimde, *C. pravei* örneklerini de morfolojik veri yardımı ile aynı filogenetik tür içinde sınıflandırmak mümkün değildir (Şekil 60).

Moleküler verilerimiz olan Cyt b ve COI dizi verisinin parsimoni kriteri altında ayrı ayrı analizi, önerilen morfolojik türlerin monofilisini kısmen desteklemektedir (Şekil 61-62). İncelenen Cyt b dizisi bölgesi 392 bazdan oluşmakta olup, türlerin monofilisi konusunda çok sınırlı bilgi içermektedir. Oldukça değişken bulunan bu genin böceklerde tür düzeyinde kullanışlı olduğu ileri sürülmesine karşın (Zhang ve Hewitt, 1997; Simon vd., 1994), Cephidae için tür düzeyinde kullanışlı görülmemektedir (Korkmaz, 2005, yayınlanmamış tez). Her iki gen bölgesinin birlikte analizi morfolojik türlerin monofilisini destekler niteliktedir. Örneğin, *C. haemorrhoidalis* için önerilen iki morfotipi, oluşturulan ağaç desteklemektedir. *C. idolon* (Morfotip 6) ve *C. filiformis* (Morfotip 5) türleri bu veri seti ile oluşturulan ağaçta, ayrı birer takson oldukları desteklenmektedir (Şekil 63). İki morfotip olarak önerilen *C. haemorrhoidalis* (Morfotip 1 ve Morfotip 2) türleri, COI ve Cyt b veri setleri ile gerek ayrı ayrı, gerekse de birlikte

analizlerinde desteklenmektedir. Morfotip 1 olarak adlandırılan örneklerin hepsi, bu analizler sonucunda aynı soyhattında ve Morfotip 2 olarak adlandırın örnek ise bu soyhattına kardeş grup olarak açığa çıkmaktadır (Şekil 61, 62a-b, 63). Moleküler ve morfolojik veri setlerinin birlikte analizde ise bu iki morfotip aynı soyhattında kardeş grup olarak ortaya çıkmıştır (Şekil 64). Bu iki morfotipe ayrı iki tür diyebilmemiz için Morfotip 2'ye ait daha uzun örnek serilerine ihtiyaç vardır. Yine morfolojik ve moleküler verilerin birlikte analiz sonucunda ortaya çıkan tutumluluk ağaçlarında, *C. filiformis* (Morfotip 5) ve *C. idolon* (Morfotip 6) türlerinin monofilisi desteklenmiştir. Bu analizde, *C. pallipes* (Morfotip 3) diğer türlere göre atasal bir tür olarak açığa çıkmıştır (Şekil 64). *C. pravei* (Morfotip 4) morfolojik türüne ait üç örnekten ikisi (*C. pravei* Ank ve *C. pravei* Kmp) monofiletik iken, diğer örnek (*C. pravei* Blk) *C. idolon*'a kardeş grup olarak ortaya çıkmaktadır. Bu durum örneğin etiketlenmesinde hata olabileceği kanısını doğrulamaktadır. Morfolojik olarak anahtarlar ile tanımlayamadığımız Morfotip 7'ye ait örnek, moleküler veri seti kullanılarak yapılan bütün ağaçlarda *C. pravei* ve *C. idolon* kladına kardeş grup olarak ortaya çıkmıştır. Morfolojik olarak da bu örnek *C. idolon* morfolojik türlerine büyüklük olarak ve renklenme özelliği açısından benzemektedir. Ancak *C. idolon* türlerinde bir preapikal mahmuz mevcutken Morfotip 7'ye ait örnekte iki tane preapikal mahmuz vardır. Ayrıca renklenme özellikleri bakımından abdomen, baş ve toraksda farklılıklar bulunmaktadır. Bu örneğin, yeni bir tür olarak önerilebilmesi için, bu olası türe ait uzun bir örnek serilerine ihtiyaç bulunmaktadır.

Cyt b ve COI gen bölgelerine ait veri setlerinin ayrı ayrı ve birlikte Maksimum Olasılık kriteri altında yapılan analizleri sonucunda (Analiz 8, 9, 10) elde edilen ağaç topolojileri, birbirlerinden ve her iki gen bölgesinin verisi ile parsimoni kriteri altında elde edilen ağaçlardan farklı çıkmıştır (Şekil 63, 68, 69 ve 70'i karşılaştırınız). Karakter değişimi düzeyi düşük veri setlerinde maksimum olasılık ile parsimoni analizlerinin benzer sonuç vermesi beklenir (Quicke, 1993). Özellikle, Cyt b geninin oldukça değişken olması iki farklı kriter altında elde edilen ağaçların farklı topolojilerinden sorumlu olabilir.

Cyt b ve COI gen bölgeleri kullanılarak uzaklık kriteri altında yapılan analizlerde (Analiz 6 ve 7) ağaç topolojileri (Şekil 66 ve 67) diğer maksimum olasılık ve parsimoni kriteri altında yapılan ağaç topolojilerine benzememektedir. Özellikle COI gen bölgesi veri seti ile oluşturulan komşu-bağlama (NJ) ve UPGMA (NJ) ağaç topolojileri benzerlik göstermesine karşın Cytb gen bölgesi veri seti kullanılarak yapılan NJ ve UPGMA ağaçları daha farklı topoloji göstermiştir (Şekil 66 ve 67).

Yukarıda kısaca tartışılan ağaç hipotezlerinin genel bir değerlendirmesi yapıldığında, morfolojik ve moleküler veri setlerinin parsimoni kriteri altında birlikte analizi sonucunda ortaya çıkan ağaç hipotezinin (Şekil 65), diğer ağaçlara göre daha bilgi verici olduğu söylenebilir. Analizde dış grup olarak değerlendirilen *Trachelus* ve *Cephus* cinslerine ait örneklerden *Cephus* örneklerinin devamlı olarak iç grup içerisinde çıkması ilgi çekicidir. Bu durum, analiz edilen gen bölgesinin iki cins arasında yeteri kadar farklılaşmamış olması yanında, iki cinsin ilişkisini belirleyecek özgün sinapomorfilerin bulunmayışına bağlanabilir.

Bu ağaca göre, inceleme altında bulunan *Calameuta* cinsine ait yedi takson (filogenetik tür) bulunduğu önerilebilir. Bu taksonlar, *C. haemorhoidalis* (olası ikinci taksonu Samsun'dan toplanan bir örnek), *C. pallipes*, *C. filiformis*, *C. idolon*, *C. pravei* ve tanımlanamayan (*C. sp*) bir taksondur. *C. pallipes* türünün inceleme altındaki *Calameuta* cinsi türleri içinde en eski tür olduğu ve evrimsel bakımdan atasal bir konumda bulunduğu söylenebilir (Şekil 65). *C. pravei* ve *C. haemorhoidalis*'in ikinci morfortipi dışında bütün *Calameuta* türlerinin molofilisi desteklenmiştir. Birçok analizde hemen her zaman *C. idolon*'a kardeş grup olarak çıkan *C. pravei* Blk örneğinin yanlış etiketlenmiş olması büyük olasılıktır. Yeni olduğu düşünülen *C. sp.* (Morfortip 7) ve *C. haemorhoidalis* (Morfortip 2) konusunda kesin bir taksonomik yargıya varabilmek için her iki taksonu temsil edecek uzun örnek serilerine ihtiyaç vardır. Diğer yandan, ağaç topolojisi incelendiğinde, *C. haemorhoidalis* ve *C. pravei* türlerinin kardeş grup olduğu görülmektedir. *C. filiformis*, *C. idolon* ve *C.sp.* (olası yeni tür) ise aynı soyhattına ait türler olarak açığa çıkmaktadır.

5. KAYNAKLAR

- Avise, J.C.**, (1994) *Molecular Markers, Natural History, and Evolution*. Chapman and Hall, New York. 511.
- Bapteste, E., Bapteste E, Brinkmann H, Lee JA, Moore DV, Sensen CW, Gordon P, Durufle L, Gaasterland T, Lopez P, Muller M, Philippe H.** (2002) The analysis of 100 genes supports the grouping of three highly divergent amoebae: *Dictyostelium*, *Entamoeba*, and *Mastigamoeba*. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 5;99(3):1414–9.
- Başbüyük, H.H., Ülgentürk, S., Gencer, L., Hastaoğlu, S., ve Bağda E.** (2004) Orta Anadolu Ekin Sap Arılarının (Cephalidae: Hymenoptera: Insecta) Saptanması. TÜBİTAK, TOGTAĞ 2717-Proje Raporu
- Benson, R.B.** (1946) Classification of the Cephidae. — *Transactions of Royal Entomological Society* 96: 89–108, London.
- Benson, R.B.** (1951) Hymenoptera, Symphyta. Section (a). — *Handbooks for the the Identification of British Insects* 6(2a): 1-49, London.
- Benson, R.B.** (1968) Hymenoptera From Turkey, Symphyta. — *Bulletion of the British Museum (Natural History) Entomology*, 22(4): 111-2007, London.
- Camin, J. H., and R. R. Sokal.** (1965) A method for deducing branching sequences in phylogeny. *Evolution* 19: 311-326.
- Caterino, M. S., S. Cho, and F. A. H. Sperling.,** (2000) The current state of insect molecular systematics: A thriving Tower of Babel. *Annual Review of Entomology.* 45:1-54.
- Choe, C.P., U.W. Hwang, and W. Kim,** (1999) Putative secondary structures of unusually long strepsipteran SSU rRNAs and its phylogenetic implications. *Mol. Cells* 9(2):191–199.
- Cruickshank, R.** (2002) Molecular markers for the phylogenetics of mites and ticks. *Systematic and Applied Acarology*, 7, 3–14.
- Çıplak, B.** (2003) Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: the importance of the Anatolian Taurus Mountains in

biodiversity and implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 12, 47-64.

- Ereshefsky, M., Ereshefsky, D.** (ed.): (1992) *The Units of Evolution. Essays on the Nature of Species*, Cambridge Mass.- London, MIT Press
- Felsenstein, J.** (1985) Confidence limits on phylogenies with a molecular clock. *Systematic Zoology* 34: 152-161.
- Frati F, Simon C, Sullivan J, Swofford DL.** (1997) Evolution of the mitochondrial cytochrome oxidase II gene in Collembola. *J. Mol. Evol.* 44:145–58
- Freisen, V.** (2000) Introns. In Baker, A.J. (ed.) *Molecular Methods in Ecology*. Blackwell, pp. 274–294
- Friedrich M, Tautz D.** (1995) Ribosomal DNA phylogeny of the major extant arthropod classes and the evolution of myriapods. *Nature* 376(6536):165–67.
- Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R.** (1994) DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 3: 294–299.
- Harrison, R. G.,** (1989) Mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. *Trends in Ecology and Evolution*. 4: 6–11.
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, deWaard JR.** (2003a) Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London, B* 270: 313–322.
- Hillis, D.M. and Moritz, C.** (1990) *Molecular Systematics*. p. 45-127. Sinauer Associated Inc. USA.
- Hillis D.M., Dixon MT.** (1991) Ribosomal DNA molecular evolution and phylogenetic inference. *Q. Rev. Biol.* 66:411–54
- Hoef-Emden, K.,** (2004) *An Introduction to Molecular Phylogeny*, Universität zu Köln

- Hoef-Emden, K., Marin, B.; Melkonian, M.** (2002) Nuclear and nucleomorph SSU rDNA phylogeny in the Cryptophyta and the evolution of cryptophyte diversity. *J. Mol. Evol.* 55: 161–179
- Huelsenbeck, J.P.,** (1995) Performance of phylogenetic methods in simulation. *Syst. Biol.* 44: 17–48
- Hwang U.W., Kim W, Tautz D, Friedrich M.** (1998) Molecular phylogenetics at the Felsenstein zone: approaching the Strepsiptera problem using 5. 8S and 28S rDNA sequences. *Mol. Phylogenet. Evol.* 9:470–80
- Hwang, U.W., H.I. Ree, ve W. Kim,** (1999) General properties and phylogenetic utilities of nuclear rDNA and mitochondrial DNA commonly used in molecular systematics. *Korean J. Parasitol.* 37(4): 215–228.
- Kluge, A.G.** (1984) The relevance of parsimony to phylogenetic inference. In: *Cladistics: Perspectives on the Reconstruction of Evolutionary History* (Eds. T. Duncan and T.F. Stuessy): 24-38, Columbia University Press, New York.
- Kocher T.D., Thomas WK, Meyer A, vd** (1989) Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proc Natl Acad Sci USA* 86: 6196–6200.
- Korkmaz, E.M.,** (2006) İç Anadolu *Cephus* (CEPHIDAE: HYMENOPTERA: INSECTA) Türlerinin Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu. Cumhuriyet Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü.
- Königsmann, E.,** (1977) Das Phylogenetische System der Hymenoptera. Teil 2: Symphyta. *Deutsche Entomologische Zeitschrift.* 24: 1–40.
- Königsmann, E.,** (1978a) Das Phylogenetische System der Hymenoptera. Teil 3: Terebrantes (Unterordnung Apocrita). *Deutsche Entomologische Zeitschrift.* 25: 1–55.
- Königsmann, E.,** (1978b) Das Phylogenetische System der Hymenoptera. Teil 4: Aculeta (Unterordnung Apocrita). *Deutsche Entomologische Zeitschrift.* 25: 365–465.
- Mayr, E.,** (1994) *Toward a New Philosophy of Biology: Observation of an Evolutionist*, Harvard University Press

- Mayr, E. ve Ashlock, P.D** (1991) Principles of Systematic Zoology (Second Edition). McGraw-Hill, New York.
- Muche, H.** (1981): Die Cephidae der Erde (Hymenoptera: Cephidae). — Deutsche Entomologische Zeitschrift 28: 234–295, Berlin.
- Navajas M, Guterrez J, Lagnel J** (1996) Mitochondrial cytochrome oxidase I in tetranychid mites: a comparison between molecular phylogeny and changes of morphological and life history traits. Bull Entomol Res 86: 407–417.
- Nei, M.** (1972) Genetic distance between populations. American Naturalist 106: 283-292.
- Posada, D., Crandall, K.A.** (1998) Modeltest: Testing the model of DNA substitution. Bioinformatics 14: 817–818
- Quicke, D. L. J.** (1993) Principles and Techniques of Contemporary Taxonomy. Blackie Academic and Professional, London, 311 pp.
- Rasnitsyn, A.P.,** (1980) Origin and evolution of Hymenoptera. Trudy Paleontologicheskogo Instituta. Akademiya Nauk SSSR. 174: 1–192. (In Russian). (English translation, 1984. Agriculture Canada, Ottawa.).
- Rasnitsyn, A.P.,** (1988) An outline of evolution of the hymenopterous insects. Oriental Insects.22, 115–145.
- Ronquist, F., A.P. Rasnitsyn, A. Roy, K. Eriksson, and M. Lindren.** (1999) Phylogeny of the Hymenoptera: A cladistic reanalysis of Rasnitsyn's data (1988) data. Zoologica Scripta 28:13-50.
- Sanger, J.N.** (1975) Changing patterns of actin localization during cell division. Proc. Natn.Acad. Scl. USA. 72:1913.1916.
- Stoeckle M,** (2003) Taxonomy, DNA, and the Barcode of Life. BioScience 53: 796–797.
- Simon C, Frati F, Beckenbach A, Crespi B,Liu H, Flook P.** (1994) Evolution, weighting, and phylogenetic utility of mitochondrial gene sequences and a compilation of conserved polymerase chain reaction primers. Ann. Entomol. Soc. Am. 87.651–701

- Swofford, D.L.**, (2002) PAUP* beta version. Phylogenetic analysis using parsimony (*and other methods). Sinauer Associates, Sunderland, MA.
- Thompson, J.D., Higgins, D.G. and Gibson, T.J.** (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position specific gap penalties and weight matrix choice, *Nucleic Acids Research*, submitted, June 1994.
- Vigilant, L., Stoneking, H., Harpending, K., Hawkes, and A. C. Wilson.,** (1991) African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science* 253: 1503–1507.
- Vilhelmsen L.**, (1996) The preoral cavity of lower Hymenoptera (Insecta): comparative morphology and phylogenetic significance. *Zoologica Scripta*. 25: 143–170.
- Vilhelmsen L.**, (1997) The phylogeny of lower Hymenoptera (Insecta), with a summary of the early evolutionary history of the order. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*. 35 (1997): 49-70.
- Vilhelmsen L.**, (2001) Phylogeny and classification of the extant basal lineages of the Hymenoptera (Insecta). *Zoological Journal of the Linnean Society*. 131: 393–442.
- Yli-Mattila, T., Paavananen-Huhtala, S., Fenton, B. & Tuovinen, T.** (2000) Species and strain identification of the predatory mite *Euseius finlandicus* by RAPD-PCR and ITS sequences. *Experimental and Applied Acarology*, 24, 863–880.
- Wu, C.-I. and W.-H. Li.**, (1985) Evidence for higher rates of nucleotide substitution in rodents than in man. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 82: 1741–1745.
- Zhang, D.-X. and Hewitt, G.M.** (1997) Insect mitochondrial control region: a review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 25, 99–120.

6. EKLER

Ek 1. Morfolojik Veri Analizinde Kullanılan Örnekler ve Lokalite Bilgileri.

Taksa	Lokalite	Tarih	Enlem	Boylam	Yükseklik
<i>Cephus pygmeus</i>					
C1	Yozgat-Boğazlayan	01.06.2001	39°11'N	35° 14'E	1090m
C2	Aksaray-Güzelyurt	02.06.2002	38° 16'N	34° 25'E	1785
<i>Trachelus tabidus</i>	Lokalite	Tarih	Enlem	Boylam	Yükseklik
T1	Aksaray	03.06.2003	38° 21'N	34° 0'E	960m
T2	Konya-Aksaray	01.06.2002	38° 15'N	33° 30'E	950m
<i>Calameuta filiformis</i>					
106	Niğde	02.06.2002	37° 58'N	34° 40'E	1214m
98	Sivas-Kampüs	05.06.2001	39°N	37°E	1278m
105, 103, 109	Sivas-Kampüs	16.06.2003	39°N	37°E	1278m
102	Sivas-Divriği	10.06.200	39° 19'N	37° 52'E	1760m
104, 99	Sivas-Soğuk Çermik	23.05.2001	39° 51'N	37° 07'E	1490 m
<i>Calameuta haemorrhoidalis</i>					
34	Aksaray-Güzelyurt	02.06.2002	38° 16'N	34° 25'E	1785
57	Ankara-Ayaş	31.05.2002	40° 0'N	32° 31'E	1190m
32, 60	Ankara-Beynam	06.06.2003	39° 41'N	32° 56'E	1181m
12	Ankara-Çankırı	06.06.2003	40°07'N	33° 10'E	1330m
33, 53	Ankara-Çubuk Barajı	30.05.2002	40°19'N	33° 01'E	1026m
35	Çankırı-Çubuk	29.05.2002	40° 29'N	33° 23'E	1120m
50	Çankırı-Çubuk	29.05.2002	40° 15'N	33° 3'E	1026m
58	Çorum-Alacahöyük	28.05.2002	40° 10'N	34° 50'E	1000m
25	Çorum-İskilip	06.06.2003	40° 55'N	34° 16'E	1510m
47	Karaman-Çiftehan	06.05.2003	37° 30'N	34° 44'E	975m
7	Kayseri-Çayıralan	17.05.2002	39° 18'N	35° 38'E	1348m
62	Kayseri-İncesu	02.06.2002	38° 37'N	35° 10'E	1073m

Ek 1'in devamı

Taksa	Lokalite	Tarih	Enlem	Boylam	Yükseklik
1	Kırıkkale-Büyükyağlı	21.04.2001	39° 57'N	33° 55'E	934m
40,52	Kırıkkale-Büyükyağlı	29.05.2002	39° 57'N	33° 55'E	934m
10, 19, 20, 28, 56	Konya-Ankara	06.06.2003	39° 18'N	32° 56'E	1100m
18	Niğde-Çamardı	04.06.2003	38° 00'N	35° 02'E	1682m
22, 23, 26	Nevşehir-Ürgüp	24.04.2001	38° 37'N	34° 54'E	1043m
61,	Sivas-Akıncılar	25.05.2002	40°N	38° 20'E	1114m
44, 46, 49	Sivas-Bedirli	23.05.2002	39° 29'N	36°40'E	1338m
21	Sivas-Divriği	10..06.2001	39° 19'N	37° 52'E	1760m
24,	Sivas, Durulmuş	05.05.2001	39°50'N	37°19'E	1306 m
11, 55	Sivas-Gemerek	06.05.2001	39° 16'N	36° 11'E	1300m
48	Sivas-Gürün	05.06.2002	38° 43'N	37° 17'E	1330m
39	Sivas-Haliminhani	02.06.2002	39° 42'N	36° 49'E	1258m
2, 14, 30, 36	Sivas, Karaçayır	20.05.2001	39°54'N	36°58'E	1740 m
54	Sivas-Kangal	05.06.2002	39° 20'N	37° 8'E	1610m
45	Sivas-Kangal	13.06.2001	39°14'N	37°23'E	1520 m
17	Sivas-Paşafabrikası	20.05.2001	39°45'N	37°01'E	1270 m
29, 43	Sivas-Taşlıdere	23.05.2002	39° 39'N	37° 2'E	1230m
31	Sivas-Taşlıdere	22.05.2001	39° 39'N	37° 2'E	1230m
13	Sivas, Tecer	02.06.2000	39°23'N	37°12'E	1300 m
42	Sivas-Sıcak çermik	27.05.2002	39° 45'N	36° 44'E	1310m
9,15	Sivas, Soğuk Çermik	23.05.2001	39°51'N	37°07'E	1490 m
59	Sivas-Sızır	17.05.2002	39° 12'N	36° 5'E	1145m
6, 16, 27	Sivas-Şarkışla	02.06.2001	39° 33'N	36° 55'E	1200m

Ek 1'in devamı

Taksa	Lokalite	Tarih	Enlem	Boylam	Yükseklik
51	Sivas-Şarkışla	01.07.2002	39° 6'N	36° 24'E	1500m
3	Sivas-Yaraşbeli	07.06.2003	39° 49'N	34° 56'E	1372m
41, 66	Sivas-Zara	29.05.2002	39° 52'N	37° 45'E	1437m
4, 8	Yozgat-Alaca	07.06.2003	39° 55'N	34° 56'E	1231m
63, 65	Samsun-Çarşamba	05.06.2005	40°52'N	35° 35'E	27m
<i>Calameuta idolon</i>					
141	Ankara-Ayaş	31.05.2002	40° 0'N	32° 31'E	1190m
112, 127, 128, 129	Ankara-Beynam	30.05.2002	39° 41'N	32° 55'E	1215m
113, 125, 126, 131, 143	Balıkesir-Edremit	12.05.2002			
150,	Aksaray-Güzelyurt	02.06.2002	38° 16'N	34° 25'E	1785
147	Ankara-Beynam	06.06.2003	39° 41'N	32° 56'E	1181m
114	Ankara-Çubuk Barajı	30.05.2002	40°19'N	33° 01'E	1026m
122	Ankara-Sincan	12.06.2002	39° 57'N	32° 55'E	
123, 138, 139, 140	Çankırı-Çubuk	29.05.2002	40° 15'N	33° 3'E	1026m
117	Çorum-Alaca	07.06.2003	40° 17'N	34° 47'E	1029m
118	Çorum-Ortaköy	28.06.2003	40°N	35°E	710m
116, 120, 121, 124, 132 135, 142, 146, 148, 149	Eskişehir-Mihalıççık	31.05.2002	39° 53'N	31° 28'E	1432m
133	Kırıkkale-Büyükyazlı	29.05.2002	39° 57'N	33° 55'E	934m
115, 119, 130, 134, 137	Sivas-Durulmuş	05.05.2001	39°50'N	37°19'E	1306 m
136,144	Sivas-Yaraşbeli	07.06.2002	39° 49'N	34° 56'E	1372m
151	Sivas-Taşlıdere	22.05.2001	39° 39'N	37° 2'E	1230m
<i>Calameuta pallipes</i>					
91	Aksaray-Güzelyurt	02.06.2002	38° 16'N	34° 25'E	1785
87	Eskişehir-Mihalıççık	31.05.2002	39° 53'N	31° 28'E	1432m
86	Kayseri-Düver	17.05.2002	38□57'N	35°35'E	1171m

Ek 1'in devamı

Taksa	Lokalite	Tarih	Enlem	Boylam	Yükseklik
88	Sivas-Kampüs	19.05.2001	39°N	37°E	1278m
90	Sivas-Karaçayır	20.05.2001	39°54'N	36°58'E	1740 m
89	Karaman-Çiftahan	06.05.2003	37° 30'N	34° 44'E	975m
92	Ankara-Kulu	05.06.2003	39° 14'N	33° 0'E	1056m
93	Sivas-Zara	31.05.2005	39° 52'N	37° 45'E	1437m
94, 96	Ankara-Beypazarı	31.05.2002	40° 10'N	31° 55'E	737m
<i>Calameuta pravei</i>					
84	Ankara-Beynam	30.05.2002	39° 41'N	32° 55'E	1215m
79	Ankara-Beynam	06.06.2003	39° 41'N	32° 56'E	1181m
75	Sivas-Kayseri	02.06.2003	38° 59'N	35° 51'E	1144m
85	Sivas-Kampüs	19.05.2001	39°N	37°E	1278m
73, 82	Sivas-Kampüs	21.05.2001	39°N	37°E	1278m
76	Sivas-Kampüs	15.05.2003	39°N	37°E	1278m
72	Sivas-Kampüs	20.05.2004	39°N	37°E	1278m
78	Sivas-Kampüs	25.05.2004	39°N	37°E	1278m
70	Sivas-Karaçayır	20.05.2001	39°54'N	36°58'E	1740 m
71	Sivas-Taşlıdere	22.06.2001	39° 39'N	37° 2'E	1230m
80	Sivas-Yaraşbeli	07.06.2002	39° 49'N	34° 56'E	1372m
<i>Calameuta sp.</i>					
156	Sivas-Kampüs	?	39°N	37°E	1278m

Ek 2. Morfolojik Karakter Veri Seti

Takson	Karakter 1	Karakter 2	Karakter 3	Karakter 4	Karakter 5	Karakter 6	Karakter 7	Karakter 8	Karakter 9	Karakter 10	Karakter 11	Karakter 12	Karakter 13	Karakter 14	Karakter 15	Karakter 16	Karakter 17	Karakter 18	Karakter 19	Karakter 20	Karakter 21	Karakter 22	Karakter 23	Karakter 24	Karakter 25
C.idolon Esk	0	(24)	1	1	0	1	1	(01)	(01)	0	1	0	1	0	1	2	0	1	0	0	2	1	1	0	0
C.idolon Edr	0	(24)	1	1	0	1	1	(01)	(01)	0	1	0	1	0	1	2	0	1	0	0	2	1	1	0	0
C.idolon Ank	0	(24)	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	2	0	1	0	0	2	1	1	0	0
C.haemorrhoidalis Crm	0	3	1	1	1	3	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
C.haemorrhoidalis Sms	0	2	1	0	0	2	1	0	0	0	0	1	0	0	0	3	0	0	0	1	0	0	0	1	1
C.haemorrhoidalis Ank	0	3	1	0	0	5	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
C.haemorrhoidalis Gem	0	2	0	1	1	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
C.haemorrhoidalis Zar	0	2	0	0	0	2	0	1	0	0	0	1	1	0	0	2	0	0	0	0	0	2	0	0	1
C.haemorrhoidalis Krm	0	1	1	0	0	2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
C.haemorrhoidalis Kon	0	1	0	0	0	3	0	0	0	0	0	1	1	1	0	3	0	0	1	0	1	0	0	1	1
C.pravei Ank	0	2	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1
C.filliformis Ngd	0	4	1	0	0	?	1	0	0	0	0	0	1	0	0	3	0	0	1	0	1	2	1	1	0
C.filliformis Div	1	5	0	1	1	?	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1
C.pravei Km	0	0	1	1	1	5	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	0
C.pallipes Ank	0	(1256)	01	0	0	(024)	0	(01)	0	(01)	0	(01)	0	(01)	(01)	(02)	0	(01)	(01)	(01)	(01)	2	(01)	(01)	(01)
C.pravei Blk	0	0	1	0	0	2	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
Trachalus Kon	0	1	0	0	0	3	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	2	1	1	0
Trachalus A	0	1	0	0	0	2	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	2	0	1	0
Cephus A	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0
Cephus Yoz	0	3	1	0	1	6	2	0	1	1	0	0	0	1	1	2	0	1	1	1	2	1	0	0	0
C.sp	1	4	0	0	1	2	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0

Ek2'nin devamı

Takson	Karakter 26	Karakter 27	Karakter 28	Karakter 29	Karakter 30	Karakter 31	Karakter 32	Karakter 33	Karakter 34	Karakter 35	Karakter 36	Karakter 37	Karakter 38	Karakter 39	Karakter 40	Karakter 41	Karakter 42	Karakter 43	Karakter 44	Karakter 45
C.idolon_Esk	0	(03)	(02)	1	1	3	(01)	(34)	2	1	0	0	0	(12)	1	0	3	0	1	1
C.idolon_Edr	0	(03)	(02)	1	1	3	(01)	(34)	2	1	0	0	0	(0123)	1	0	3	0	1	1
C.idolon_Ank	0	0	(12)	1	1	(23)	(01)	(34)	2	1	0	0	0	(12)	?	0	3	0	?	?
C.haemorrhoidalis_Crm	0	0	3	0	1	1	1	1	1	0	?	?	0	1	0	0	1	1	1	1
C.haemorrhoidalis_Sms	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	2	0	0	0	1	0	1
C.haemorrhoidalis_Ank	1	1	3	0	0	4	1	0	1	0	1	0	0	3	0	0	1	1	1	1
C.haemorrhoidalis_Gem	1	1	3	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	2	0	0	1	0	0	1
C.haemorrhoidalis_Zar	0	2	3	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	2	?	0	0	0	?	?
C.haemorrhoidalis_Krm	2	1	3	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	2	2	0	0	0	1	1
C.haemorrhoidalis_Kon	0	0	3	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1
C.pravei_Ank	3	0	1	0	0	1	1	2	1	1	?	?	1	2	0	0	2	0	0	1
C.filliformis_Ngd	0	2	3	0	1	1	1	2	1	0	1	1	1	3	?	0	2	1	?	?
C.filliformis_Div	3	1	0	0	1	0	1	3	1	1	1	1	1	2	1	0	2	2	0	1
C.pravei_Km	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	?	?	1	2	?	0	1	0	?	?
C.pallipes_Ank	(012)	(012)	(03)	(01)	1	(012)	01	(12)	1	1	(01)	0	(01)	(023)	1	(01)	1	(01)	0	0
C.pravei_Blz	?	2	5	0	1	1	1	2	1	1	0	0	0	1	0	0	2	1	1	1
Trachalus_Kon	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	2	1	1	1	1	1	0
Trachalus_A	1	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	1
Cephus_A	1	1	3	1	0	2	1	4	2	1	0	0	0	0	1	0	1	2	1	1
Cephus_Yoz	?	1	3	1	0	3	1	4	2	0	?	?	0	2	?	0	1	2	?	?
C.sp	1	0	1	?	0	2	0	2	1	1	1	0	0	2	1	1	0	0	1	1

Ek 3. Cyt b Gen Bölgesi DNA Dizisi

Takson	DNA VERİSİ
C.idolon_Esk	??CAACAGGAA?TATCATTCCGGTTGAATATGAATAGGAGTAACAAAGGGGTTTGCAGGGGTAAAAATTTTCTGGGTCTCCAGTATGTATGGGTTAAATATAATTAATATAAGTATAATAAATAA
C.idolon_Edr	GCAAAACAGGAAATATCATTCCGGTTGAATATGAATAGGAGTAACAAAGGGGTTTGCAGGGGTAAAAATTTTCTGGGTCTCTCAGTATGTATGGGTTAAATATAATTAATATAAGTATGATAAATAA
C.idolon_Ank	????ACAGGAA?TATCATTCCGGTTGAATATGAATAGGAGTAACAAAGGGGTTTGCAGGGGTAAAAATTTTCTGGGTCTCCAGTATGTATGGGTTAAATATAATTAATATAAGTATGATAAATAA
C.haemorrhoidalis_Crm	GCAAAATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGATTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.haemorrhoidalis_Sms	????ATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGATTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.haemorrhoidalis_Ank	????????????????TGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGACTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.haemorrhoidalis_Gem	GCAAAATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGATTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.haemorrhoidalis_ZAr	GCAAAATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGATTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.haemorrhoidalis_Krm	GCAAAATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGATTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.haemorrhoidalis_Kon	GCAAAATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGATTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.filiformis_Ngd	GCAAAACAGGAAATATCATTCCGGTTGAATATGAATAGGAGTAACAAAGGGGTTTGCAGGGGTAAAAATTTTCTGGGTCTCTCAGTATGTATGGGTTAAATATAATTAATATAAGTATGATAAATAA
C.filiformis_Dlm	GCAAAATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGGATAGGGGTAAACAAATGGATTAGCAGGTGAAAAATTTTTCAGGGTCACCTATTAAATATGGGTTTATTATAAATTAATACTAATATAAATAAATAA
C.pallipes_Ank	GCAAAATAGAAAATATCATTCTGGTTGAATATGAATAGGGGTGACAAATGGGTTTGCAGGGGAGAAATTTTTCAGGGTCACCTATTACATATGGCCTGATTATTACTAGTATAAATTAGGGTAAATAA
C.pravei_Blak	?GCAACAGGAA?TATCATTCCGGTTGAATATGAATAGGAGTAACAAAGGGGTTTGCAGGGGTAAAAATTTTCTGGGTCTCCAGTATGTATGGGTTAAATATAATTAATATAAGTATGATAAATAA
C.sp	GGCAATAAGAAATATCATTCTGGTTGAATATGGATAGGGGTAAACAAATGGATTAG????AAAAATTTTTCAGGGTCACCTATTAAATATGGGTTTATTATAAATTAATACTAATATAAATAAATAA
Trachalus_Kon	GCAAAACAGGAAATATCATTCCGGTTGAATATGAATAGGAGTAACAAAGGGGTTTGCAGGGGTAAAAATTTTCTGGGTCTCTCAGTATGTATGGGTTAAATATAATTAATATAAGTATGATAAATAA
Trachalus_Ank	GCAAAACAGGAAATATCATTCCGGTTGAATATGAATAGGAGTAACAAAGGGGTTTGCAGGGGTAAAAATTTTCTGGGTCTCTCAGTATGTATGGGTTAAATATAATTAATATAAGTATGATAAATAA
Cephus_Aks	GCAAAATAAAAAATATCATTCTGGTTGAATATGGATTGGAGTAACAAAGGATTAGCTGGAGAAAAATTTTCTGGGTCTCCTATTATATAAGGGTTAAATATAAATTAATATAAAGAAATAAAAAAT
Cephus_Yoz	GCGAATAAGAAAATATCATTCCAGTTGAATATGGATTGGAGTAACAAATGGATTAGCTGGTAAAAATTTTTCAGGATCTCCTATAAATATAAGGGTTTATTATAAATTAATATAAATAGAAATAAAAAAT

Takson	DNA VERİSİ
C.idolon_Esk	AATTAAGATGAATCCTACAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAAGGGGATTTTTATAAAGGTTTCTGTTAGTTCCTAGGGGGTTATTTGAGCCAGTTAAGTGTAAAAAATGTTAGGTGGATGA
C.idolon_Edr	AATTAAGATGAATCCTATAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAAGGGGATTTTTATAAAGGTTTCTGTTAGTTCCTAGGGGGTTATTTGAGCCAGTTAAGTGCAAAAAATGTTAGGTGGATGA
C.idolon_Ank	AATTAAGATGAATCCTACAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAAGGGGATTTTTATAAAGGTTTCTGTTAGTTCCTAGGGGGTTATTTGAGCCAGTTAAGTGTAAAAAATGTTAGGTGGATGA
C.haemorrhoidalis_Crm	TAAATAGTAAGAAATCCTACGGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAATGGATTTCTTGAGCCGGTAAGATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
C.haemorrhoidalis_Sms	AAGTAATAGGAATCCGACAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAATGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAGCGGGTTCTTGATCCTGTAGATGTAAGAAAGTTAGGTGAATAA
C.haemorrhoidalis_Ank	TAAATAGTAAGAAATCCTACGGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAATGGATTTCTTGAGCCGGTAAGATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
C.haemorrhoidalis_Gem	TAAATAGTAAGAAATCCTACGGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAATGGATTTCTTGAGCCGGTAAGATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
C.haemorrhoidalis_ZAr	TAAATAGTAAGAAATCCTACGGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAATGGATTTCTTGAGCCGGTAAGATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
C.haemorrhoidalis_Krm	TAAATAGTAAGAAATCCTACGGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAATGGATTTCTTGAGCCGGTAAGATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
C.haemorrhoidalis_Kon	AATTAAGATGAATCCTATAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAAGGGGATTTTTATAAAGGTTTCTGTTAGTTCCTAGGGGGTTATTTGAGCCAGTTAAGTGCAAAAAATGTTAGGTGGATGA
C.filiformis_Ngd	TAAATATAAATAATCCTAATGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGAAATTTTATAAATTTTCTATTGTTCCTAATGGATTTGATCCTGTTAAATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
C.filiformis_Dlm	TAAATAGTAAGAAATCCTACGGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAATGGATTTCTTGAGCCGGTAAGATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
C.pallipes_Ank	AATTAAGATGAATCCTACAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAAGGGGATTTTTATAAAGGTTTCTGTTAGTTCCTAGGGGGTTATTTGAGCCAGTTAAGTGTAAAAAATGTTAGGTGGATGA
C.pravei_Blak	AATTAAGATGAATCCTATAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAAGGGGATTTTTATAAAGGTTTCTGTTAGTTCCTAGGGGGTTATTTGAGCCAGTTAAGTGCAAAAAATGTTAGGTGGATGA
C.sp	AATTAAGATGAATCCTATAGAGTCTTTAATTGTAAAGTATGGGTGAAAGGGGATTTTTATAAAGGTTTCTGTTAGTTCCTAGGGGGTTATTTGAGCCAGTTAAGTGCAAAAAATGTTAGGTGGATGA
Trachalus_Kon	TAAATAGTAAGAAATCCTACGGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAATGGAAATTTTATAAATTTTCTGTTAGTTCCTAATGGATTTCTTGAGCCGGTAAGATGAAGAAAAATGTTAGTGAATAA
Trachalus_Ank	TAAATAAAATAAATCCTACTGAGTCTTTGATTGTAAAAATAGGATGAAAGAAATTTTATAAATTTTCTATTGTTACCTAAGGGATTGTTAGATCCTGTTAAATGAAGAAATGTTAGGTGGATGA
Cephus_Aks	TAAATATGATAAATCCTACTGAATCCTTAATTGTAAAAATAGGATGAAAGAAATTTTATAAAGTTTCTATTGTTACCTAAGGGATTATTGTTAAATGAAGAAATGTTCAAGTGAATAA
Cephus_Yoz	TAAATATAAATAAATCCTAATGAATCTTTGATTGTAAAAATAGGGTGAATGAAATTTTATAAATTTTCCATTGTTCCTAATGGATTATTGATCCTGTTAAATGAAGAAAAATGTTAGGTGAATAA

Ek 3'ün devamı

Takson

DNA VERİSİ

C.idolon_Esk TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGGAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

C.idolon_Edr TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGTAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

C.idolon_Ank TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGTAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

C.haemorrhoidalis_Crm TTACTATGGCTAGGATGATGAATGGGAGAAGAAAAGTGAATGAATAAAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

C.haemorrhoidalis_Sms TCACTAGGGCTATAAATCACAAATGGAAGAATGAAATGTAATGAATAAAATCGATTTAATGTAGCATTATCGACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

C.haemorrhoidalis_Ank TTACTATGGCTAGGATGATGAATGGGAGAAGAAAAGTGAATGAATAAAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

C.haemorrhoidalis_Gem TTACTATGGCTAGGATGATGAATGGGAGAAGAAAAGTGAATGAATAAAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

C.haemorrhoidalis_ZAr TTACTATGGCTAGGATGATGAATGGGAGAAGAAAAGTGAATGAATAAAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

C.haemorrhoidalis_Krm TTACTATGGCTAGGATGATGAATGGGAGAAGAAAAGTGAATGAATAAAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

C.haemorrhoidalis_Kon TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGTAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

C.filiformis_Ngd TTACTATAGCTATAAATAATGAATGGTAAAAATAAAATGTAATGAGTAGAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACTGAAAATCTTCCTCAAATTCATAAAACAATTGATTCCTTAAATATGGGATA

C.filiformis_Dlm TTACTATGGCTAGGATGATGAATGGGAGAAGAAAAGTGAATGAATAAAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

C.pallipes_Ank TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGTAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

C.pravei_Blz TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGTAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

C.sp TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGTAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

Trachalus_Kon TTACTATGGCTAGGATGATGAATGGGAGAAGAAAAGTGAATGAATAAAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACAGAAAATCTTCCTCATCTCATAAAACAATTGATTCCTTAGGTAGGGGATT

Trachalus_Ank TTACTATTGCTATGATGATAAAAAGGTAGGATAAAATGAAGGGAAATAAAATCGATTTAATGTTGGGTTATCTACAGAGAATCTGCCTCAGATTCATTGGACAATTGATTCACCTAAGTATGGAATT

Cephus_Aks TTACTAATGCTAAAAATGATAAAAGGTAAAAATAAAATGTAATGAGTAGAATCGGTTAATGTTGAATTGTCTACTGAGAATCTTCCTCAGATTCATAATACAATTGATTCACCTAGATAGGGGATT

Cephus_Yoz TTACTATAGCTATAAATAATGAATGGTAAAAATAAAATGTAATGAGTAGAATCGGTTAATGTTGCGTTATCTACTGAAAATCTTCCTCAAATTCATAAAACAATTGATTCCTTAAATATGGGATA

Takson

DNA VERİSİ

C.idolon_Esk GCTGAAATTAAGTTTGT

C.idolon_Edr GCTGAAATTAAGTTTGT

C.idolon_Ank GCTGAAATTAAGTTTGT

C.haemorrhoidalis_Crm GCAGAAAT?AAATTAAGA

C.haemorrhoidalis_Sms GCAGAGATTAATTAAGT

C.haemorrhoidalis_Ank GCAGAAATTAATTAAGT

C.haemorrhoidalis_Gem GCAGAAATTAATTAAGT

C.haemorrhoidalis_ZAr GCAGAAATTAATTAAGT

C.haemorrhoidalis_Krm GCAGAAATTAATTAAG?

C.haemorrhoidalis_Kon GCTGAAATTAAGTTTGT

C.filiformis_Ngd GCCGAGATTAGGTTTGT

C.filiformis_Dlm GCAGAAATTAATTAAGT

C.pallipes_Ank ?????????????????

C.pravei_Blz GCTGAAATTAATTAAGT

C.sp GCTGAAATTAATTAAGT

Trachalus_Kon GCAGAAATTAATTAAGT

Trachalus_Ank GCAGAAATTAATTAAG??

Cephus_Aks GCAGAGATTAGGTTTGT

Cephus_Yoz GCCGAGATTAGTTGT??

Ek 4. COI Gen Bölgesi DNA Dizisi

Takson	DNA VERİSİ
C.idolon_Esk	ATGTATCATGTAAGATAATGTCAATTGATGAATTAGCTAAAGTGATTCCCTGTTAAACCTCCTAAGGTAAATAAAAAAATAAAACCAATAGATCATATTTATTGTAGGTGAATTTATTAATTTAAAT
C.idolon_Edr	ATGTATCATGTAAGATAATGTCAATTGATGAATTAGCTAAAGTGATTCCCTGTTAAACCTCCTAAGGTAAATAAAAAAATAAAACCAATAGATCATATTTATTGTAGGTGAATTTATTAACCTTAAAT
C.haemorrhoidalis_Crm	AAGTGTGATGAAATAATATCAATTGATGAATTGGCCAATGTAATTCCTGTTAATCCCTCCTAATGTAAATAGGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTAGGTGAATTTATTAATTTTGAAT
C.haemorrhoidalis_Kon	AAGTGTGATGAAATAATATCAATTGATGAATTGGCCAATGTAATTCCTGTTAATCCCTCCTAATGTAAATAGGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTAGGTGAATTTATTAATTTTGAAT
C.haemorrhoidalis_Sms	ATGTATCATGAAATAATGATGTCAATTGAAGATTAGCTAAAGTGAATTCCTGTTAATCCCTCCTAATGTAAATAAGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTAGGTGAATTTGTTAAATTTGAAT
C.pravei_Ank	ATGTATCATGAAATAATATCAATAGAGGAGTTGGCTAATGTAATTCCTGTAAGTCCTCCTAAAATAAGTAAATAGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTAGGTGAGTTATTAATTTTGAAT
C.pravei_Kmp	ATGTATCATGAAATAATATCAATAGAGGAGTTGGCTAATGTAATTCCTGTAAGTCCTCCTAAAATAAGTAAATAGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTAGGTGAGTTATTAATTTTGAAT
C.pravei_Blz	ATGTATCATGTAAGATAATGTCAATTGATGAATTAGCTAAAGTGATTCCCTGTTAAACCTCCTAAGGTAAATAAAAAAATAAAACCAATAGATCATATTTATTGTAGGTGAATTTATTAATTTAAAT
C.filiformis_Ngd	ATGTGTCATGAAGGATAATATCAATTGATGATTAGCTAGGGTAATCCGGTAAATCCCTCCTAATGTAAACAGGAAAAATAATCCAATGGATCATCATATTGTGGTGAATTTATTAATTTAAAT
C.filiformis_Dlm	?TGTCATGAAATAATATCAATTGATGATTAGCTAGGGTAATCCGGTAAATCCCTCCTAATGTAAACAGGAAAAATAATCCAATGGATCATCATATTGTGGTGAATTTATTAATTTAAAT
C.pallipes_Ank	ATGTATCATGAAATAATATCAATTGAAGATTAGCTAAAGTGAATTCCTGTAAGTCCTCCTAAAATAAGTAAATAGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTAGGTGAATTTGAACTTAAAT
C.sp	ATGTATCATGTAAGATAATGTCAATTGATGAATTAGCTAAAGTGATTCCCTGTTAAACCTCCTAAGGTAAATAAAAAAATAAAACCAATAGATCATATTTATTGTAGGTGAATTTATTAATTTAAAT
Trachelus_Kon	ATGTATCATGAAATAATATCAATTGAAGATTAGCTAAAGTGAATTCCTGTAAGTCCTCCTAAAATAAGTAAATAGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTGGTGAATTTATTGAACCTTAAAT
Trachelus_Ank	ATGTATCATGAAATAATATCAATTGAAGATTAGCTAAAGTGAATTCCTGTAAGTCCTCCTAAAATAAGTAAATAGAAAAATAATCCAATAGCTCATCATATTGTGGTGAATTTATTGAACCTTAAAT
Cephus_Aks	ATGTATCATGTAAGATAATATCAATAGATGAATTGGCTAAAGTGAATTCCTGTTAATCCCAAGGGTAAATAAGAAAAATAATCCAATAGATCATATTTATTGTGGAGAGTTATTAATTTTAAAT
Cephus_Yoz	ATGTATCATGTAAGATAATATCAATAGATGAATTGGCTAAAGTGAATTCCTGTTAATCCCAAGGGTAAATAAGAAAAATAATCCAATAGATCATATTTATTGTGGAGAGTTATTAATTTTAAAC

Takson	DNA VERİSİ
C.idolon_Esk	CCATGTAAGGTTGCTAATCAACTAAATACCTTAAATTCCTGTAGGAACAGCAATAATTAATGTTGCGGAAGTAAAGTAGGCACGAGTGTCTACGTCTATTCCCACAGTAAATATATGGTGGGCTCA
C.idolon_Edr	CCATGTAAGGTTGCTAATCAACTAAATACCTTAAATTCCTGTAGGAACAGCAATAATTAATGTTGCGGAAGTAAAGTAGGCACGAGTGTCTACGTCTATTCCCACAGTAAATATATGGTGGGCTCA
C.haemorrhoidalis_Crm	CCGTGGAGAGTGGCTAGTCATCTAAATACCTTTGATTCCCTGTGGGTACGGCAATAATTAATGTTGCAGATGTAAAGTATGCTCGAGTATCAACGTCTATACCTACGGTGAATATATGGTGAGCTCA
C.haemorrhoidalis_Kon	CCGTGGAGAGTGGCTAGTCATCTAAATACCTTTGATTCCCTGTGGGTACGGCAATAATTAATGTTGCAGATGTAAAGTATGCTCGAGTATCAACGTCTATACCTACGGTGAATATATGGTGAGCTCA
C.haemorrhoidalis_Sms	CCATGAAGAGTGGCTAATCATCTAAATACCTTAAATCCCTGTGGGTACGGCAATAATTAATGTTGCAGATGTAAAGTATGCTCGAGTGTCTACATCTATCCCTACAGTGAATATATGGCGTCTCA
C.pravei_Ank	CCATGGAGAGTAGCTAGTCATCTAAATACCTTTGATTCCCTGTGGGAACAGCAATAATTAAGGGTTGCTGATGTAAAGTATGCTCGAGTGTCTACATCTATTCCCTACAGTAAATATATGATGAGCTCA
C.pravei_Kmp	CCATGGAGAGTAGCTAGTCATCTAAATACCTTTGATTCCCTGTGGGAACAGCAATAATTAAGGGTTGCTGATGTAAAGTATGCTCGAGTGTCTACATCTATTCCCTACAGTAAATATATGATGAGCTCA
C.pravei_Blz	CCATGTAAGGTTGCTAATCAACTAAATACCTTAAATTCCTGTAGGAACAGCAATAATTAATGTTGCGGAAGTAAAGTAGGCACGAGTGTCTACGTCTATTCCCTACAGTAAATATATGGTGGGCTCA
C.filiformis_Ngd	CCATGGAGAGTTGCTAGTCATCTAAATACCTTAAATTCCTGTGGGAACAGCAATAATTAAGTTGTTAGCAGAAGTAAAGTATGCTCGGTGTATCTACGTCTATTCCAACAGTAAATATATGATGAGCTCA
C.filiformis_Dlm	CCATGGAGAGTTGCTAGTCATCTAAATACCTTAAATTCCTGTGGGAACAGCAATAATTAAGTTGTTAGCAGAAGTAAAGTATGCTCGGTGTATCTACGTCTATTCCAACAGTAAATATATGATGAGCTCA
C.pallipes_Ank	CCATGTAGTGTAGCTAGTCATCTAAATACCTTAAATTCCTGTGGGTACAGCAATAATTAAGGGTTGCGGATGTAAATATGCTCGAGTATCTACATCTATTCCCTACTGTAAATATATGGTGAGCTCA
C.sp	CCATGTAAGGTTGCTAATCAACTAAATACCTTAAATTCCTGTAGGAACAGCAATAATTAATGTTGCGGAAGTAAAGTAGGCACGAGTGTCTACGTCTATTCCCTACAGTAAATATATGGTGGGCTCA
Trachelus_Kon	CCATGTAGTGTAGCTAGTCATCTAAATACCTTAAATTCCTGTGGGTACAGCAATAATTAAGGGTTGCGGATGTAAATATGCTCGAGTATCTACATCTATTCCCTACTGTAAATATATGGTGAGCTCA
Trachelus_Ank	CCATGTAGTGTAGCTAGTCATCTAAATACCTTAAATTCCTGTGGGTACAGCAATAATTAAGGGTTGCGGATGTAAATATGCTCGAGTATCTACATCTATTCCCTACTGTAAATATATGGTGAGCTCA
Cephus_Aks	CCATGTAAGGTTGCTAATCATCTAAATACCTTAAATTCCTGTAGGTACTGCAATAATTAATGTTGCAGATGTAAAGTAAAGTCTCGGTGTATCTACGTCTATTCCAACGTGAATATATGATGAGCTCA
Cephus_Yoz	CCATGTAAGGTTGCTAATCATCTAAATACCTTAAATTCCTGTAGGTACTGCAATAATTAATGTTGCAGATGTAAAGTAAAGTCTCGGTGTATCTACGTCTATTCCAACGTGAATATATGGTGAGCTCA

Ek 4'ün devamı

Takson

DNA VERİSİ

C.idolon_Esk TACTACAAATCCTAAAATTCCGATTGCGAGATATAGCATAAAATTATTCCTAGTATTCCAAATGTTTCTTTTTTCCCAGTCTCTGAAAAAATTATATGAGATACTATTCCAAATCCAGGCAGAAATTA

C.idolon_Edr TACTACAAATCCTAAGATTCCGATTGCGAGATATAGCATAAAATTATTCCTAGTATTCCAAATGTTTCTTTTTTCCCAGTCTCTGAAAAAATTATATGAGATACTATTCCAAATCCAGGCAGAAATTA

C.haemorrhoidalis_Crm AACTACAAATCCTAAGATTCCAATAGCAGATATTGCATAAAATTATTCCTAGTATCCCAAATGTTTCTTTTTTCCCAGTTCTGAGAAAAATTATATGAGAGATTATTCCAAATCCGGGGAGAAATTA

C.haemorrhoidalis_Kon AACTACTAATCCTAAGATTCCAATAGCAGATATTGCATAAAATTATTCCTAGTATCCCAAATGTTTCTTTTTTCCCAGTTCTGAGAAAAATTATATGAGAGATTATTCCAAATCCGGGGAGAAATTA

C.haemorrhoidalis_Sms AACTACAAATCCTAAGATTCCAATAGCGGATATTGCATAAAATTATTCCTAGTATTCCGAAATGTTTCTTTTTTCTGTCTGAGAAAAATTATATGGGAGATTATTCCAAATCCGGGTAAAATTA

C.pravei_Ank AACTACAAATCCTAAAATTCCAATAGCAGATATTGCATAAAATTATACCTAGTATGCCGAAATGTTTCTTTTTTCTGTCTGAGAAAAATTATATGAGAGATTATACCAAATCCTGGTAAAATTA

C.pravei_Kmp AACTACAAATCCTAAAATTCCAATAGCAGATATTGCATAAAATTATACCTAGTATGCCGAAATGTTTCTTTTTTCTGTCTGAGAAAAATTATATGAGAGATTATACCAAATCCTGGTAAAATTA

C.pravei_Blz TACTACAAATCCTAAAATTCCGATTGCGAGATATAGCATAAAATTATTCCTAGTATTCCAAATGTTTCTTTTTTCCCAGTCTCTGAAAAAATTATATGAGATACTATTCCAAATCCAGGTAGAATTA

C.filiformis_Ngd TACTACGAATCCCAGAATACCAATGGCTGATATTGCATAAAATTATACCAAATATTCCAAATGTTTCTTTTTTCTGTCTGAGAAAAATTATATGAGAAATTATACCAAATCCTGGTAAAATTA

C.filiformis_Dlm TACTACGAATCCCAGAATACCAATGGCTGATATTGCATAAAATTATACCAAATATTCCAAATGTTTCTTTTTTCTGTCTGAGAAAAATTATATGAGAAATTATACCAAATCCTGGTAAAATTA

C.pallipes_Ank TACTACAAATCCTAAAATACCAATTGCTGTTATAGCATAAAATTATACCTAATATTCCAAAAGTTTCTTTTTTCTGTCTGTGAAAAATTATATGTGAAATTATACCAAATCCTGGAAAGAAATTA

C.sp TACTACAAATCCTAAAATTCCGATTGCGAGATATAGCATAAAATTATTCCTAGTATTCCAAATGTTTCTTTTTTCCCAGTCTCTGAAAAAATTATATGAGATACTATTCCAAATCCAGGTAGAATTA

Trachelus_Kon TACTACAAATCCTAAAATACCAATTGCTGTTATAGCATAAAATTATACCTAATATTCCAAAAGTTTCTTTTTTCTGTCTGTGAAAAATTATATGTGAAATTATACCAAATCCTGGAAAGAAATTA

Trachelus_Ank TACTACAAATCCTAAAATACCAATTGCTGTTATAGCATAAAATTATACCTAATATTCCAAAAGTTTCTTTTTTCTGTCTGTGAAAAATTATATGTGAAATTATACCAAATCCTGGAAAGAAATTA

Cephus_Aks TACAACAAAACCTAAAATCCCAATTGCTGTTATTGCATAAAATTATTCCTAATATTCCAAATGTTTCTTTTTTACCAGTTCTGAAAAAATTATATGAGAAATTATACCAAATCCAGGTAAAATTA

Cephus_Yoz TACAACAAAACCTAAAATCCCAATTGCTGTTATTGCATAAAATTATTCCTAATATTCCAAATGTTTCTTTTTTACCAGTTCTGAAAAAATTATATGAGAAATTATACCAAATCCAGGTAAAATTA

Takson

DNA VERİSİ

C.idolon_Esk AAATATAGACTTCTGGGTGACCCGAAGAATCAAAATAGATGTTGATATAAAATAGGGTCACCTCCTCCTGCTGGGTCAAAGAAATGTTGTGTTAAGATTTTCGATCTGTCAATAGTATTGTAATTGCT

C.idolon_Edr AAATATAGACTTCTGGGTGACCCGAAGAATCAAAATAGATGTTGATATAAAATAGGGTCACCTCCTCCTGCTGGGTCAAAGAAATGTTGTGTTAAGATTTTCGATCTGTCAATAGTATTGTAATTGCT

C.haemorrhoidalis_Crm AAATATAAACTTCAGGGTGACCCGAAGAATCAAAATAAGTGTGGATATAAAATAGGGTCTCCTCCTCCTGCAGGATCAAAAAATGTTGTATTTAAATTTTCGATCTGTTAAAAGTATAGTGATGGCC

C.haemorrhoidalis_Kon AAATATAAACTTCAGGGTGACCCGAAGAATCAAAATAAGTGTGGATATAAAATAGGGTCTCCTCCTCCTGCAGGATCAAAAAATGTTGTATTTAAATTTTCGATCTGTTAAAAGTATAGTGATGGCC

C.haemorrhoidalis_Sms AAATATAAACTTCAGGATGTCCAAAAAATCAAAATAAGTGTGGATATAAAATAGGGTCTCCCCCTCCTGCAGGATCGAAAAATGTTGTATTTAAATTTTCGATCTGTTAGAAATAGTGATAGCT

C.pravei_Ank AAATGTA AACTTTCAGGGTGTCCAAAAAATCAAAATAAGTGTGGATATAAAATAGGGTCTCCCCCTCCGGCAGGATCAAAAAATGTTGTATTTAAATTTTCGGTCTGTTAGAAATAGTGATAGCT

C.pravei_Kmp AAATGTA AACTTTCAGGGTGTCCAAAAAATCAAAATAAGTGTGGATATAAAATAGGGTCTCCCCCTCCGGCAGGATCAAAAAATGTTGTATTTAAATTTTCGGTCTGTTAGAAATAGTGATAGCT

C.pravei_Blz AAATATAGACTTCTGGGTGACCCGAAGAATCAAAATAGATGTTGATATAAAATAGGGTCACCTCCTCCTGCTGGGTCAAAGAAATGTTGTGTTAAGATTTTCGATCTGTCAATAGTATTGTAATTGCT

C.filiformis_Ngd AAATATATACTTCGGGATGGCCGAAAAATCAAAATAGGTGTTGGTAAAGAAATAGGGTCTCCTCCTCCTGCAGGGTCAAAAAATGAAATATTTAAGTTACGGTCTGTTAAAAGTATTGTAATAGCT

C.filiformis_Dlm AAATATATACTTCGGGATGGCCGAAAAATCAAAATAGGTGTTGGTAAAGAAATAGGGTCTCCTCCTCCTGCAGGGTCAAAAAATGAAATATTTAAGTTACGGTCTGTTAAAAGTATTGTAATAGCT

C.pAllipes_Ank AAATATAAACCTTCAGGATGTCCAAAAAATCAAAATAAATGTTGGTATAAAATTTGGATCTCCACCTCCTGCGGGGTCAAAGAAAGTTGTATTTAAATTTTCGATCAGTTAAAAATGATTGTGATAGCT

C.sp AAATATAAACCTTCAGGATGTCCAAAAAATCAAAATAAATGTTGGTATAAAATTTGGATCTCCACCTCCTGCGGGGTCAAAGAAAGTTGTATTTAAATTTTCGATCAGTTAAAAATGATTGTGATAGCT

Trachelus_Kon AAATATAAACCTTCAGGATGTCCAAAAAATCAAAATAAATGTTGGTATAAAATTTGGATCTCCACCTCCTGCGGGGTCAAAGAAAGTTGTATTTAAATTTTCGATCAGTTAAAAATGATTGTGATAGCT

Trachelus_Ank AAATATAAACCTTCAGGATGTCCAAAAAATCAAAATAAATGTTGGTATAAAATTTGGATCTCCACCTCCTGCGGGGTCAAAGAAAGTTGTATTTAAATTTTCGATCAGTTAAAAATGATTGTGATAGCT

Cephus_Aks AAATATAAACCTTCGGGTGCCAAAAAATCAAAATAAATGTTGATATAAAATAGGATCTCCTCCACCAGCAGGGTCAAAGAAATGTTGTGTTAAGTTTCGATCTGTTAAATAGTATAGTAATGGCA

Cephus_Yoz AAATATAAACCTTCGGGTGCCAAAAAATCAAAATAAATGTTGATATAAAATAGGATCTCCTCCACCAGCAGGGTCAAAGAAATGTTGTGTTAAGTTTCGATCTGTTAAATAGTATAGTAATGGCA

Ek 4'ün devamı

Takson

DNA VERİSİ

C.idolon_Esk CCTGCTAGGACTGGGAGGGATAGGAGTAGTAAAAATTGCAGTAATTCCTACTGCCCATGTGAATAAAGATATTTGATCTAAATTTGTAATCCTACTGGTCGTATATTGATAAATTGTAGAAATAAAATT
C.idolon_Edr CCTGCTAGGACTGGGAGGGATAGGAGTAGTAAAAATTGCAGTAATTCCTACTGCCCATGTGAATAAAGATATTTGATCTAAATTTGTAATCCTACTGGTCGTATATTGATAAATTGTAGAAATAAAATT
C.haemorrhoidalis_Crm CCGGCCAATACTGGAAGAGATAAATAAATAAAATTGCTGTAATGCCTACAGCTCATGTAATAAAGATATTTGGTCTAAGTTTAATCCTACGGGTCGTATATTAATGATTGTTGAAATAAAATT
C.haemorrhoidalis_Kon CCTGCCAATACTGGAAGAGATAAATAAATAAAATTGCTGTAATGCCTACAGCTCATGTAATAAAGATATTTGGTCTAAGTTTAATCCTACGGGTCGTATATTAATGATTGTTGAAATAAAATT
C.haemorrhoidalis_Sms CCTGCTAATACTGGTAAAGATAGAAGTAACAAAAATTGCTGTAATGCCAACAGCTCAAGTGAATAGAGATATTTGATCTAAATTTAACCCACAGGTCGTATATTGATAAATTGTTGAAATAAAATT
C.pravei_Ank CCTGCTAATACTGGGAGGGATAGTAGTAGTAAAGATTGCTGTAATACCCACAGCTCATGTAATAAGGATATTTGATCTAAATTTAATCCTACAGGACGTATATTAATAAATTGTTGAAATAAAATT
C.pravei_Kmp CCTGCTAATACTGGGAGGGATAGTAGTAGTAAAGATTGCTGTAATACCCACAGCTCATGTAATAAGGATATTTGATCTAAATTTAATCCTACAGGACGTATATTAATAAATTGTTGAAATAAAATT
C.pravei_Blz CCTGCTAGGACTGGGAGGGATAGGAGTAGTAAAAATTGCAGTAATTCCTACTGCCCATGTGAATAAAGATATTTGATCTAAATTTGTAATCCTACTGGTCGTATATTGATAAATTGTAGAAATAAAATT
C.filiformis_Ngd CCTGCTAATACTAGGAAGAGATAAGAATAAAAGAAATTCCTGTAATTCCTACAGCTCATGTAATAAAGATATTTGATCTAAATGATAAGCCAAACAGGACGTATGTTGATAAATTGTTGAAATAAAGTT
C.filiformis_Dlm CCTGCTAATACTAGGAAGAGATAAGAATAAAAGAAATTCCTGTAATTCCTACAGCTCATGTAATAAAGATATTTGATCTAAATGATAAGCCAAACAGGACGTATGTTGATAAATTGTTGAAATAAAGTT
C.pallipes_Ank CCTGCTAATACTGGAAGTGATAAATAAGTAAAAATTGCTGTGATTTCCTACTGCTCATCTAAATAATGATAATTTGATCTAAGTTAAGACCTATTGGTCGTATATTAATAAATTGTTGAGATAAAATT
C.sp CCTGCTAGGACTGGGAGGGATAGGAGTAGTAAAAATTGCAGTAATTCCTACTGCCCATGTGAATAAAGATATTTGATCTAAATTTGTAATCCTACTGGTCGTATATTGATAAATTGTAGAAATAAAATT
Trachelus_Kon CCTGCTAATACTGGAAGTGATAAATAAGTAAAAATTGCTGTGATTTCCTACTGCTCATCTAAATAATGATAATTTGATCTAAGTTAAGACCTATTGGTCGTATATTAATAAATTGTTGAGATAAAATT
Trachelus_Ank CCTGCTAATACTGGAAGTGATAAATAAGTAAAAATTGCTGTGATTTCCTACTGCTCATCTAAATAATGATAATTTGATCTAAGTTAAGACCTATTGGTCGTATATTAATAAATTGTTGAGATAAAATT
Cephus_Aks CCAGCTAATACTAGGTTAGTATAAATAGTAGTAAAGATTGCTGTAATTCCTACAGCTCATCTAAATAAAGATATTTGGTCTAAATCTTAATCCAAACCGGTCGCATATTAATAAATTGTAGAAATGAAGTT
Cephus_Yoz CCAGCTAATACTAGGTTAGTATAAATAGTAGTAAAGATTGCTGTAATTCCTACAGCTCATCTAAATAAAGATATTTGGTCTAAATCTTAATCCAAACCGGTCGCATATTAATAAATTGTAGAAATGAAGTT

Takson

DNA VERİSİ

C.idolon_Esk GATAGCTCCTATAATTGAGGATATTCGGCTAAGTGAAGAGAAAAGATAGCTAAGTCTACACATGGTCCTCCGTG
C.idolon_Edr GATAGCTCCTATAATTGAGGATATTCGGCTAAGTGAAGAGAAAAGATAGCTAAGTCTACACATGGTCCTCCGTG
C.haemorrhoidalis_Crm GATGGCTCCTATAATTGAGGATATTCAGCTAAATGAAGAGAGAAAATTGCTAGATCTACAGATGGTCCTCCATG
C.haemorrhoidalis_Kon GATGGCTCCTATAATTGAGGATATTCAGCTAAATGAAGAGAGAAAATTGCTAGATCTACAGATGGTCCTCCATG
C.haemorrhoidalis_Sms AATGGCTCCTATAATTGAAGATATTCCTGCCAAATGAAGGAGAAAATTGCTAGATCTACTGATGGCCCTCCATG
C.pravei_Ank GATAGCTCCTATAATTGAAGATATTCGGCTAAGTGAAGAGAAAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGGCCCTCCGTG
C.pravei_Kmp GATAGCTCCTATAATTGAAGATATTCGGCTAAGTGAAGAGAAAAAATTGCTAGGTCTACAGATGGGCCCTCCGTG
C.pravei_Blz GATAGCTCCTATAATTGAGGATATTCGGCTAAGTGAAGAGAAAAGATAGCTAAGTCTACACATGGTCCTCCGTG
C.filiformis_Ngd AATAGCACCTATAATTGAAGATATTCGGCTAAGTGAATGAAAAAATAGCTAAATCTACAGATGGCCCTCCATG
C.filiformis_Dlm AATAGCACCTATAATTGAAGATATTCGGCTAAGTGAATGAAAAAATAGCTAAATCTACAGATGGCCCTCCATG
C.pallipes_Ank AATGGCTCCTATAATAGAAGATATACCAGCTAAATGGAGAGAAAAGATAGCTAAGTCTACTGAGGGTCCACTATG
C.sp GATAGCTCCTATAATTGAGGATATTCGGCTAAGTGAAGAGAAAAGATAGCTAAGTCTACACATGGTCCTCCGTG
Trachelus_Kon AATGGCTCCTATAATAGAAGATATACCAGCTAAATGGAGAGAAAAGATAGCTAAGTCTACTGAGGGTCCACTATG
Trachelus_Ank AATGGCTCCTATAATAGAAGATATACCAGCTAAATGGAGAGAAAAGATAGCTAAGTCTACTGAGGGTCCACTATG
Cephus_Aks AATAGCACCTATGATTGATGATATTCCTGCTAAATGTAAGGAAAAAATAGCTAGGTCAACTGTTGGCCCTCTATG
Cephus_Yoz AATAGCACCTATGATTGATGATATTCCTGCTAAATGTAAGGAAAAAATAGCTAGGTCAACTGTTGGCCCTCTATG

7. ÖZGEÇMİŞ

Adı- Soyadı : Mahir BUDAK
Doğum Yeri : Süleymaniye
Doğum Tarihi : 22. 09. 1976
Medeni Hali : Evli

Eğitim ve Akademik Durumu

Lise : 1991–1994 Sivas Lisesi

Lisans : 1996–2002 Boğaziçi Üniversitesi (İstanbul)

İş Tecrübesi

Ocak 2004- C. Ü. Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji
Bölümü Zooloji
Anabilim Dalı'nda Araştırma Görevlisi olarak çalışmaktadır.