

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

**EKİN SAP ARISI [*Cephus pygmeus* L. (HYMENOPTERA: CEPHIDAE)]'NİN
GÜNEYDOĞU ANADOLU, DOĞU ANADOLU VE DOĞU KARADENİZ
BÖLGESİ BUĞDAY ALANLARINDAKİ YAYILIŞI VE POPÜLASYON
GENETİĞİ**

DOKTORA TEZİ

HAZIRLAYAN: Hilmi KARA
DANIŞMAN: Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE
II. DANIŞMAN: Doç. Dr. Nurper GÜZ

VAN-2021

T.C.
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

**EKİN SAP ARISI [*Cephus pygmeus* L. (HYMENOPTERA: CEPHIDAE)]'NİN
GÜNEYDOĞU ANADOLU, DOĞU ANADOLU VE DOĞU KARADENİZ
BÖLGESİ BUĞDAY ALANLARINDAKİ YAYILIŞI VE POPÜLASYON
GENETİĞİ**

DOKTORA TEZİ

HAZIRLAYAN: Hilmi KARA
DANIŞMAN: Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE
II. DANIŞMAN: Doç. Dr. Nurper GÜZ

Bu çalışma Van YYÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Başkanlığı tarafından FDK-2019-8040 no'lu proje olarak desteklenmiştir.

VAN-2021

KABUL VE ONAY SAYFASI

Bitki Koruma Anabilim Dalı'nda Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE danışmanlığında, Hilmi KARA tarafından sunulan “Ekin Sap Arısı [*Cephus pygmeus* L. (Hymenoptera: Cephidae)]'nin Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve Doğu Karadeniz Bölgesi Buğday Alanlarındaki Yayılışı ve Popülasyon Genetiği” isimli bu çalışma Lisansüstü Eğitim ve Öğretim Yönetmeliği'nin ilgili hükümleri gereğince 05/05/2021 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği /oy çokluğu ile başarılı bulunmuş ve Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Başkan: Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE İmza:

Üye: Prof. Dr. Remzi ATLIHAN İmza:

Üye: Doç. Dr. Nurper GÜZ İmza:

Üye: Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ İmza:

Üye: Doç. Dr. Çeknas ERDİNÇ İmza:

Üye: Doç. Dr. Behçet İNAL İmza:

Üye: Dr. Öğr. Üyesi Mustafa USTA İmza:

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu'nun/...../..... tarih ve sayılı kararı ile onaylanmıştır.

İmza

Enstitü Müdürü

TEZ BİLDİRİMİ

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

Hilmi KARA



ÖZET

EKİN SAP ARISI [*Cephus pygmeus* L. (HYMENOPTERA: CEPHIDAE)]'NİN GÜNEYDOĞU ANADOLU, DOĞU ANADOLU VE DOĞU KARADENİZ BÖLGESİ BUĞDAY ALANLARINDAKİ YAYILIŞI VE POPÜLASYON GENETİĞİ

KARA, Hilmi

Doktora Tezi, Bitki Koruma Anabilim Dalı
Tez Danışmanı: Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE
II. Danışman: Doç. Dr. Nurper GÜZ
Mayıs 2021, 103 sayfa

Bu tez çalışmasında, Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve Doğu Karadeniz Bölgeleri'nde yer alan buğday tarlalarında Ekin sap arısı, *Cephus pygmeus*'un yayılışı, yoğunluğu ve genetik yapısı araştırılmıştır. Çalışma, 30 il ve bu illere bağlı 167 ilçede 2019 yılı Mart-Ağustos aylarında yürütülmüştür. Örneklemelerde her bir tarlada 200 atraplama yapılmıştır. Popülasyon genetiğinin araştırılması amacıyla mitokondri ve çekirdek genomuna ait gen bölgelerinden farklı uzunluklarda diziler PCR tekniği ile çoğaltılmış ve yeni nesil dizileme (NGS) yapılarak diziler açığa çıkartılmıştır. Çalışmanın sonucuna göre *C. pygmeus*'un Doğu Karadeniz illerinde bulunmadığı, Doğu Anadolu Bölgesi'nde Tunceli ve Hakkâri dışında tüm illerde ve Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nin ise tamamında yaygın olduğu saptanmıştır. Zararlıya tüm bölgeler içinde en yoğun olarak Kilis ilinde, en az ise Bingöl ilinde rastlanmıştır. Moleküler analizler sonunda nDNA'nın mtDNA'ya göre daha korunmuş olduğu görülmüştür. Mitokondriyal DNA'da (*COI*, *Nd6*) 23'er adet nükleotid yer değiştirme görülürken, nDNA'da (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) test edilen üç gen bölgesinde sırasıyla 1, 2, 2 adet nükleotid yer değiştirme olduğu kaydedilmiştir. Nötralite testlerinden Fu'nun F_S analizi temelinde mtDNA'ya göre popülasyonlarda ani bir genişleme ve pozitif seçilime uğradığı anlaşılmaktadır ($F_S=-17.79$; $P<0.05$). Çalışma sonunda *C. pygmeus*'un çalışma bölgelerinde buğday tarlası bulunan birçok yerde yaygın olduğu, ancak farklı coğrafik özelliklerine göre oluşturulan bölgesel popülasyonlar arasında genetik açıdan herhangi bir farkın olmadığı tespit edilmiştir.

Anahtar kelimeler: Buğday, *Cephus pygmeus*, Ekin sap arısı, Popülasyon genetiği, Popülasyon yapısı, Popülasyon yayılışı.



ABSTRACT

DISTRIBUTION AND POPULATION GENETICS OF WHEAT STEM SAWFLY, [*Cephus pygmeus* L. (HYMENOPTERA: CEPHIDAE)] ON WHEAT AREAS IN SOUTHEASTERN ANATOLIA, EASTERN ANATOLIA AND EASTERN BLACK SEA REGIONS

KARA, Hilmi

Ph. D. Thesis, Plant Protection Science

Supervisor: Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE

II. Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Nurper GÜZ

May 2021, 103 pages

In this thesis, the distribution, density and genetic structure of wheat stem sawfly, *Cephus pygmeus* in wheat fields in Southeastern Anatolia, Eastern Anatolia and Eastern Black Sea Regions of Turkey were investigated. The study was carried out in 30 provinces and 167 districts of these provinces in March-August 2019. In the sampling, 200 sweepings were made in each field. In order to investigate population genetics, sequences of different lengths from the gene regions of the mtDNA (*COI*, *Nd6*) and nDNA (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) genome were amplified by PCR technique and the sequences were analyzed by next-generation sequencing (NGS). According to the results of the study, *C. pygmeus* was not found in any of the Eastern Black Sea provinces while it was common in all provinces except Tunceli and Hakkâri in the Eastern Anatolia Region and in all of the Southeastern Anatolia Region. Among all regions, the pest is most common in Kilis province, and least in Bingöl. At the end of the molecular analyzes, it was seen that nDNA is more protected than mtDNA. While 23 nucleotide displacements were seen in mtDNA, it was recorded that there were 1 or 2 nucleotide replacements in nDNA gene regions. It is understood from the neutrality tests that Fu undergoes a sudden expansion and positive selection in populations according to mtDNA gene regions on the basis of F_s analysis. At the end of the study, it was determined that *C. pygmeus* was common in many areas with wheat fields throughout the study areas, but there was no genetic difference between the regional populations created according to different geographical features.

Keywords: Wheat, *Cephus pygmeus*, Wheat stem sawfly, Population genetics, Population structure, Population distribution.



ÖN SÖZ

Bu tez çalışmasının konusunun belirlenmesindeki ve tezin yürütülmesindeki her aşamada yoğun destek sağlayan, ilgi duyduğum çalışma konusunda yol almama imkân tanıyan, akademik hayata önemli bakış açıları kazandıran ve bana rahat bir çalışma ortamı sunan danışman hocam Sayın Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE'ye teşekkürlerimi sunarım.

Tezin moleküler analiz kısmında sağladığı desteklerinden ötürü 2. danışman hocam Sayın Doç. Dr. Nurper GÜZ'e yardımlarından ötürü teşekkür ederim. Moleküler analizlerde tezimin derinlik kazanması için bana fikir ve imkân sunan, bu alandaki tecrübelerini benden esirgemeyen Sivas Cumhuriyet Üniversitesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü Öğretim Üyeleri'nden değerli hocalarım Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ, Doç. Dr. Mahir BUDAK ve Arş. Gör. Özgül DOĞAN'a teşekkürlerimi sunarım. Biyoinformatik analizlerde filogenetik ağaçların oluşturulmasındaki desteklerinden dolayı Arş. Gör. Ayşenur KALMER'e teşekkür ederim. Sabahtan gece yarısına kadar laboratuvarda fedakârca çalışmalarına yardım eden, güler yüzü ve enerjisi ile güç veren sevgili dostum Mehmet GÜLMEZ'e teşekkürü borç bilirim. Ayrıca "Ebrg_Labteam"ın değerli üyeleri Melissa Şafak ÇELEBİ, Birsal KIZILTEPE ve Dilara BAKMAZ'a laboratuvardaki eğlenceli kişilikleri, samimiyetleri ve yardımlarından ötürü çok teşekkür ederim.

Oldukça yoğun ve uzun günler süren arazi çalışmalarında sabahın erken saatlerinden havanın kararmasına kadar yaz sıcaklığında arazide survey çalışmalarına destek olan, her türlü arazi ve yol riskini göze alarak beni yalnız bırakmayan değerli dostlarım Ersin KULAZ, Abidin GÜNAY ve Remzi TALAY'a yürekten sevgilerimi ve teşekkürlerimi sunarım. Ayrıca günübirlik mesafelerde yapılan surveylerde destek sunan Esra KINA ve Gamze GÖKSUGÜZEL'e ve yol arkadaşlıklarından ötürü Gülüstan KORKMAZ ve Arş Gör. Mehmet Reşit KARAGEÇİLİ'ye teşekkürlerimi sunarım.

Ortak sorumluluk alanımız olan bölüm işlerinde yardımlaşma ve dayanışma içerisinde tüm işleri yürüterek herhangi bir aksamaya mahal vermeden çalışmalarına zaman ayırmam noktasında desteklerini gördüğüm mesai arkadaşlarım Arş. Gör. Mehmet Ramazan RİŞVANLI, Arş. Gör. Harun Furkan BAŞI ve Arş. Gör. Gökhan BOYNO'ya teşekkür ederim.

Bu tez projesinin finansal desteğini saęlayan Yüksek Öğretim Kurumu (YÖK)'nun Öğretim Üyesi Yetiştirme programı (ÖYP)'na ve Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Koordinasyon Birimi'ne desteklerinden dolayı teşekkür ederim.

Desteklerini her zaman yanımda hissettiğim çok değerli ailemin her bir bireyine, annem Hanife KARA, babam Mehmet KARA, abim ve yengem Fatih & Beyza KARA ve kardeşim Bilal KARA'ya gösterdikleri muhabbet, sevgi ve her türlü desteklerinden ötürü teşekkürlerimi sunarım. Hayatımın her aşamasında güç aldığım, huzur bulduğum sevgili eşim Merve KARA'ya ve varlığı ile bize mutluluk veren, hayata bağlayan, neşe kaynağım canım kızım Zeynep Asel KARA'ya en kalbi duygularıyla teşekkür ederim.

2021

Hilmi KARA

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
ÖZET	i
ABSTRACT	iii
ÖN SÖZ.....	v
İÇİNDEKİLER.....	vii
ÇİZELGELER LİSTESİ	ix
ŞEKİLLER LİSTESİ	xi
SİMGELER VE KISALTMALAR	xiii
EKLER DİZİNİ	xvii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ	7
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	21
3.1 Çalışma Alanı ve Örneklerin Toplanması.....	21
3.2 <i>Cephus pygmeus</i> 'un Yayılış ve Yoğunluğunun Belirlenmesi.....	22
3.3 DNA Analizleri	23
3.3.1 Popülasyonların oluşturulması ve DNA izolasyonu.....	23
3.3.2 Mitokondriyal ve çekirdek DNA içerisinde hedeflenen gen bölgelerinin polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile çoğaltılması.....	29
3.3.3 Agaroz jel elektroforez ile görüntüleme	32
3.3.4. PCR ile çoğaltılan hedef gen bölgelerinin yeni nesil dizileme (NGS) ile dizilerin açığa çıkartılması.....	34
3.4. Veri Analizleri.....	35
3.4.1. Genetik çeşitlilik analizleri	35
3.4.2. Coğrafik genetik yapılanma	36
3.4.3. Filogeni analizleri	37
3.4.3.1. Uzaklık analizleri.....	37
3.4.3.2. Maksimum olasılık analizleri	37
3.4.3.3. Bayesiyan tabanlı filogenetik analizler	38
3.4.3.4. Şebeke-ağ analizleri	38
3.5. Morfolojik Veri Analizi	38
4. BULGULAR ve TARTIŞMA	41

4.1 Arazi Çalışmaları ve Gözlemler	41
4.2 <i>Cephus pygmeus</i> 'un Yayılış ve Yoğunluğu	42
4.3. Genetik Çeşitlilik.....	46
4.3.1. mtDNA <i>COI</i> gen bölgesi.....	46
4.3.2. mtDNA <i>Nd6</i> gen bölgesi.....	49
4.3.3. nDNA <i>Efl-α</i> gen bölgesi.....	50
4.3.4. nDNA <i>VGSC</i> gen bölgesi.....	51
4.3.5. nDNA <i>Wnt</i> gen bölgesi	53
4.4. Coğrafik Genetik Yapılanma	59
4.5. Filogeni Analizleri.....	68
4.5.1. Uzaklık analizleri.....	68
4.5.2. Maksimum olasılık analizleri	70
4.5.3. Bayesiyan tabanlı filogenetik analizler	72
4.5.4. Şebeke-ağ analizleri.....	76
4.6. Morfolojik Veri Analizi	77
5. SONUÇ	85
KAYNAKLAR.....	89
EKLER.....	99
ÖZ GEÇMİŞ.....	103

ÇİZELGELER LİSTESİ

Çizelge	Sayfa
Çizelge 3.1. DNA analizleri yapılan popülasyonlar.....	25
Çizelge 3.2. mtDNA ve nDNA'da hedeflenen gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılabilmesi amacıyla kullanılan primer çiftleri.....	30
Çizelge 3.3. PCR reaksiyon koşulları.....	32
Çizelge 4.1. mtDNA'da bulunan gen bölgelerinin her bir popülasyon için haplotip çeşitliliği (Hd), nükleotid çeşitliliği (Pi) ve nükleotid farklılıklarının ortalaması (k).....	54
Çizelge 4.2. nDNA'da bulunan gen bölgelerinin her bir popülasyon için haplotip çeşitliliği (Hd), nükleotid çeşitliliği (Pi) ve nükleotid farklılıklarının ortalaması (k).....	55
Çizelge 4.3. mtDNA (COI , $Nd6$) gen bölgeleri için nötralite test sonuçları.....	57
Çizelge 4.4. nDNA ($Efl-\alpha$, $VGSC$, Wnt) gen bölgeleri için nötralite test sonuçları.....	58
Çizelge 4.5. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma düzeylerini gösteren mtDNA bazlı ikili F_{ST} değerleri.....	61
Çizelge 4.6. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma düzeylerini gösteren nDNA bazlı ikili F_{ST} değerleri.....	63
Çizelge 4.7. <i>Cephus pygmeus</i> 'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin anten uzunlukları.....	78
Çizelge 4.8. <i>Cephus pygmeus</i> 'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin antenler arası mesafe uzunlukları.....	79
Çizelge 4.9. <i>Cephus pygmeus</i> 'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin abdomen uzunlukları.....	79
Çizelge 4.10. <i>Cephus pygmeus</i> 'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin femur uzunlukları.....	80
Çizelge 4.11. <i>Cephus pygmeus</i> 'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin tibia uzunlukları.....	80
Çizelge 4.12. <i>Cephus pygmeus</i> 'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin tarsus uzunlukları.....	81



ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil	Sayfa
Şekil 3.1. Örnekleme yapılan tarlaların GPS ile tespit edilen konumları (Garmin BaseCamp v4.6.2).....	22
Şekil 3.2. Farklı coğrafik özelliklerine göre oluşturulan bölgesel popülasyonlar (105 noktadan oluşan 25 popülasyon).....	24
Şekil 3.3 Gradient PCR ürünlerinin % 1'lik agaroz jel görüntüleri.....	31
Şekil 3.4. A: <i>COI</i> , B: <i>Nd6</i> , C: <i>Wnt</i> , D: <i>VGSC</i> , E: <i>Efl-α</i> ait PCR sonrası jel görüntüleri.....	34
Şekil 3.5. Image J programı kullanılarak morfolojik ölçümlerin yapılması (abdomen).....	39
Şekil 4.1. 1A) Erkek birey dorsal 1B) Erkek birey ventral, 2A) Dişi birey dorsal 2B) Dişi birey ventral görüntüsü.....	42
Şekil 4.2. Çalışma bölgesinde sarı ve koyu sarı boyalı yerler örnekleme yapılan alanlar (koyu sarı renkteki alanlar, <i>Cephus pygmeus</i> 'un tespit edildiği yerlerdir).....	43
Şekil 4.3. Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde <i>Cephus pygmeus</i> ergin bireylerinin yoğunluğu (ergin/tarla) (birincil eksen) ve <i>Cephus pygmeus</i> .ile bulaşık tarla sayısı (%) (ikincil eksen).....	45
Şekil 4.4. Doğu Anadolu Bölgesi'nde <i>Cephus pygmeus</i> ergin bireylerinin yoğunluğu (ergin/tarla) (birincil eksen) ve <i>Cephus pygmeus</i> .ile bulaşık tarla sayısı (%) (ikincil eksen).....	45
Şekil 4.5. Çalışma bölgesi genelinde <i>Cephus pygmeus</i> 'un yoğunluk haritası.....	46
Şekil 4.6. mtDNA <i>COI</i> gen bölgesi için nükleotid çeşitliliği (<i>Pi</i>).....	48
Şekil.4.7. nDNA <i>Efl-α</i> gen bölgesi için nükleotid çeşitliliği (<i>Pi</i>).....	51
Şekil 4.8. nDNA <i>VGSC</i> gen bölgesi için nükleotid çeşitliliği (<i>Pi</i>).....	52
Şekil 4.9. nDNA <i>Wnt</i> gen bölgesi için nükleotid çeşitliliği (<i>Pi</i>).....	53
Şekil 4.10. SAMOVA analizinde her bir grup sayısı için elde edilen genetik varyans değerleri.....	59
Şekil 4.11. mtDNA'da bulunan gen bölgeleri (<i>COI</i> , <i>Nd6</i>) için ikili <i>F_{ST}</i> değerleri kullanılarak hazırlanan temel bileşen analizi (PCoA).....	65

Şekil	Sayfa
Şekil 4.12. nDNA’da bulunan gen bölgeleri (<i>Efl-α</i> , <i>VGSC</i> , <i>Wnt</i>) için ikili F_{ST} değerleri kullanılarak hazırlanan temel bileşen analizi (PCoA)	66
Şekil 4.13. mtDNA ikili F_{ST} değeri arasındaki mantel test grafiği.....	67
Şekil 4.14. nDNA ikili F_{ST} değeri arasındaki mantel test grafiği.....	67
Şekil 4.15. mtDNA gen bölgeleri (<i>COI</i> , <i>Nd6</i>)’ne ait dizilerde komşu bağlanma (NJ) dendogramı.....	69
Şekil 4.16. mtDNA+nDNA gen bölgeleri (<i>COI</i> , <i>Nd6</i> , <i>Efl-α</i> , <i>VGSC</i> , <i>Wnt</i>)’ne ait dizilerde komşu bağlanma (NJ) dendogramı.....	70
Şekil 4.17. mtDNA gen bölgeleri (<i>COI</i> , <i>Nd6</i>)’ne ait dizilerde maksimum olasılık (ML) yöntemine dayalı filogenetik ağaç. (phyML programında HKY85 modeli kullanılarak inşa edilmiştir).....	71
Şekil 4.18. mtDNA+nDNA gen bölgeleri (<i>COI</i> , <i>Nd6</i> , <i>Efl-α</i> , <i>VGSC</i> , <i>Wnt</i>)’ne ait dizilerde maksimum olasılık (ML) yöntemine dayalı filogenetik ağaç. (phyML programında HKY85 modeli kullanılarak inşa edilmiştir).....	72
Şekil 4.19. mtDNA gen bölgeleri (<i>COI</i> , <i>Nd6</i>) arasındaki MrBayes yaklaşımlı filogenetik ilişki.....	74
Şekil 4.20. mtDNA+nDNA gen bölgeleri (<i>COI</i> , <i>Nd6</i> , <i>Efl-α</i> , <i>VGSC</i> , <i>Wnt</i>) arasındaki MrBayes yaklaşımlı filogenetik ilişki.....	75
Şekil 4.21. mtDNA için MJ şebeke yöntemi kullanılarak hazırlanan şebeke-ağ analizi.....	76
Şekil 4.22. nDNA için MJ şebeke yöntemi kullanılarak hazırlanan şebeke-ağ analizi.....	77

SİMGELER VE KISALTMALAR

Bu çalışmada kullanılmış bazı simgeler ve kısaltmalar, açıklamaları ile birlikte aşağıda sunulmuştur.

Simgeler	Açıklama
-	eksi
\$	dolar
%	yüzde
+	artı
±	artı/eksi
°C	santigrat derece
°E	doğu boylamı
°N	kuzey enlemi
µg	mikrogram
µl	mikrolitre
bç	Baz çifti
cm	santimetre
<i>D</i>	Tajima'nın nötralite istatistiği
dk	dakika
<i>F_S</i>	Fu'nun nötralite istatistiği
<i>F_{ST}</i>	Gruplar arası popülasyonlar arası fiksasyon indeksi
<i>H</i>	Haplotip sayısı
ha	hektar
<i>H_d</i>	Haplotip çeşitliliği
<i>H_U</i>	Özgün haplotip sayısı
<i>k</i>	İkili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı
kg	kilogram
km	kilometre
m	metre
mg	miligram

ml	mililitre
mM	milimolar
N_M	gen akışı
pH	hidrojenin gücü
Pi	Baz başına nükleotid çeşitliliği
pmol	pikomol
S	Polimorfik pozisyon sayısı
sn	saniye
spp.	türleri
T_A	Bağlanma sıcaklığı
T_M	Erime sıcaklığı
θ_{TT}	Sekanslar arasındaki nükleotid çeşitliliği
Φ_{CT}	Gruplar arası total genetik varyans oranı

Kısaltmalar

Açıklama

A	Adenin
AMOVA	Moleküler varyansın analizi
ANOVA	Varyans analizi
C	Sitozin
COI	Sitokram oksidaz I geni
COII	Sitokram oksidaz II geni
dH₂O	Distile su
DNA	Deoksironükleik asit
dNTP	Deoksiribonükleotid trifosfat
EDTA	Etilendiamintetraasetik asit
Ef-1α	Elongasyon factor 1-alpha gen bölgesi
EtOAc	Etil asetat
EtOH	Ethanol
G	Guanin
GPS	Küresel konum sistemi
GTR	Genel Zaman Dönüşümlü

GTR+G+I	Gamma parametrelili, deęişken olmayan pozisyonların oranının tahmin edilmesini öneren GTR mutasyon modeli
GTR+I	Deęişken olmayan pozisyonların oranının tahmin edilmesini öneren GTR mutasyon modeli
IBD	Uzaklıkla izolasyon
K2-P	İki parametrelili Kimura genetik uzaklık modeli
KCl	Potasyum Klorür
MCMC	Markov Chain Monte Carlo
MgCl₂	Magnezyum Klorür
MJ	Median joining
ML	Maksimum Olasılık
mtDNA	Mitokondriyal deoksiribonükleik asit
NaCl	Sodyum Klorür
Nd6	Dehidrogenaz 6 gen bölgesi
nDNA	Çekirdek deoksiribonükleik asit
NGS	Yeni nesil dizileme
NJ	Neighbour Joining (Komşu Bağlama)
PCoA	Temel bileşenler analizi
PCR	Polimeraz zincir reaksiyonu
rRNA	Ribozomal ribonükleik asit
SAMOVA	Moleküler Varyansın Mekansal Analizi
SDS	Sodyum dodesil sülfat
SPSS	Sosyal Bilimler İçin İstatistik Paketi
T	Timin
TE	Tris-EDTA tamponu
TNES	Tris, NaCl, EDTA, SDS tamponu
Tris-Cl	Tris Klorür
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
UV	Ultra viole
VGSC	Voltaj kapılı sodyum kanalı gen bölgesi
Wnt	Wnt sinyal yolaęı gen bölgesi



EKLER DİZİNİ

Ek

Sayfa

- Ek 1. Popülasyonlarda mtDNA haplotiplerinin dağılımı. Toplam haplotip sayısı (H) ve herhangi başka bir popülasyon tarafından paylaşılmayan özgün haplotip sayısı (H_U). Kutu içerisinde bulunan sayılar söz konusu haplotipin ilgili popülasyonda kaç adet birey tarafından paylaşıldığını göstermekte ve boyalı kutularda yer alanlar ise özgün haplotipleri temsil etmektedir.....97
- Ek 2. Popülasyonlarda nDNA haplotiplerinin dağılımı. Toplam haplotip sayısı (H) ve herhangi başka bir popülasyon tarafından paylaşılmayan özgün haplotip sayısı (H_U). Kutu içerisinde bulunan sayılar söz konusu haplotipin ilgili popülasyonda kaç adet birey tarafından paylaşıldığını göstermekte ve boyalı kutularda yer alanlar ise özgün haplotipleri temsil etmektedir.....99



1. GİRİŞ

İnsanlığın varoluşuyla paralel tarihler içerdği bildirilen buğdayın kültüre alınması günümüzden yaklaşık olarak 10000 yıl öncesine dayanmaktadır (Tanno ve Willcox, 2006; Çıvgın, 2016). Dünya’da buğday bitkisinin kültüre alınması ilk olarak Türkiye’nin Güneydoğusunu da içine alan, Nil nehrinin kıyısı ile Mezopotamya’yı kapsayan bereketli hilal olarak bilinen bölgede gerçekleşmiştir (Atar, 2017; Baloch ve ark., 2017). Buğday bitkisi ovalarda, dağ ve tepe yamaçlarında, sulu veya susuz alanlarda, deniz seviyesinden başlayarak yükseklerle çıkıldıkça farklı yükseltilerde yetişebilen ve çeşitli iklim özelliklerine kolaylıkla uyum sağlayabilen bir üründür (Anonim, 2018a). Geçmişten günümüze buğday taneleri ile insanlar beslenme ihtiyacını karşılarken, sap ve samanıyla hayvanlarını beslemiş ve hatta barınma ihtiyaçları için ev yapım malzemelerine karıştırarak kullanmışlardır. İlk çağlardan günümüze kadar temel besin kaynağı olarak görülen buğday, dünyadaki çok sayıda insan için günlük gereksinim duydukları kalorisinin yarısından fazlasını karşıladıkları besin maddesi olmuştur (Ertugay, 2010; Igrejas ve Branlard, 2020). Buğday insan vücudunda meydana gelen metabolik olaylarda anahtar rol oynayan vitaminler (thiamin, riboflavin, niacin, pantothenic acid, pyridoxine) ve mineralleri (fosfor, potasyum, kalsiyum vb.) yüksek oranda içermektedir (Delcour ve Hosene, 2010). Karbonhidrat kaynağı olan buğday, un haline getirilerek ekmek ve diğer unlu gıdaların imalatında kullanıldığı gibi bulgur, makarna, irmik, bisküvi gibi çok değişik ürünler şeklinde günlük beslenmemizde de yer almaktadır. Öğütme teknolojisi sonucu ortaya çıkan kepek ve diğer yan ürünler ile düşük vasıflı buğdaylar hayvan yemi olarak kullanılmaktadır. Ayrıca son yıllarda ortaya çıkan yenilenebilir enerji kavramıyla buğdayın biyoetanol üretiminde de kullanımına rastlanmaktadır (Anonim, 2018b).

Artan insan nüfusunun besin gereksinimlerinin karşılanması amacıyla bitkilerin çeşit özelliklerinin iyileştirilmesi üzerine çeşitli ıslah çalışmaları yapılmış ve hala devam ettirilmektedir. Bu iyileşmeler sonucunda üretimi ve verimi arttırılan bitkilerde kalite ve kantite kayıplarına neden olan hastalık ve zararlılarda da ciddi artışlar görülmeye başlanmıştır. Buğday üretiminde yabancı ot, böcek, patojen ve virüslerin neden olduğu ürün kayıpları % 49.8 olarak hesaplanmış ve bitki koruma yöntemlerinin kullanımı ile bu oranın ancak % 28.2’ye düşürülebildiği beyan edilmiştir (Oerke, 2005).

Buğday bitkisi üzerinde beslenen çok sayıda arthropod türü vardır. Bunlar; bitki özsuyu ile beslenenler, yaprak, sap ve tane ile beslenen çiğneyici ağız yapısına sahip böcekler, sap içinde beslenenler, toprak altı aksamı ile beslenenler olmak üzere farklı takımlara ait zararlılardır (Hatchett ve ark., 1987). Bu zararlılar arasında bulunan ve başta buğday olmak üzere arpa ve çavdarda önemli oranda verim ve kalite kayıplarına neden olan Ekin sap arısı [*Cephus pygmeus* L. (Hymenoptera: Cephidae)] Avrupa, Kuzey Amerika, Kuzey Asya, Orta Doğu ülkeleri ve Akdeniz ülkelerinde yaygın, önemli bir zararlıdır (Morrill ve ark., 1992; Chen ve ark., 2004; Shanower ve Hoelmer, 2004; Özberk ve ark., 2005; Kılıç ve ark., 2017). Ülkemizin Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu, İç Anadolu ve Trakya Bölgelerinde zarar oluşturduğu ve yıldan yıla popülasyon büyüklüğünü arttırdığı bildirilmektedir (Alkan, 1948; Altınayar, 1975; Korkmaz ve ark., 2010; Tülek ve ark., 2013; Mutlu, 2019; Özgökçe ve ark., 2019).

Yılda bir döl veren ekin sap arısı, *C. pygmeus*'un biyolojisi hakkında bilgiler veren Mutlu (2019), zararlının ilk ergin uçuşlarının hava sıcaklığının ortalama 18 °C olduğu ve nispi nem miktarının % 76'ya ulaştığı günlerde başladığını ve diyapoz halinde geçirilen kıştan sonra optimum hava koşulu sağlandığında önce erkek bireylerin görüldüğünü, sayıca erkek bireylerden fazla olan dişilerin ise iki ila dört gün sonra diyapozdan çıkmaya başladığını rapor etmiştir. Çalışmada, ilaveten Güneydoğu Anadolu Bölgesi için bu belirtilen koşulların Mart sonu Nisan başında oluşmaya başladığı bildirilmiştir. Ergin böcekler buğday tarlasının kenarlarında bulunan yabancı otların çiçeklerinden nektar alarak besin ihtiyaçlarını giderirken, genellikle sarıçiçekler üzerinde çiftleşir ve ergin olduktan yaklaşık 26-27 gün sonra sıcaklığın en az 20 °C olduğu günlerin gelmesiyle dişiler ilk yumurtalarını buğday saplarının içine bırakmaya başlarlar (Fulbright ve ark., 2017; Mutlu, 2019). Dişiler yumurtalarını genellikle bir sapa bir yumurta olacak şekilde bırakır ve yumurtalar 8-12 gün içinde açılır. Larvaların ilk çıkışı buğday bitkisinin süt olum dönemine denk gelir. Aktif larva süresi Güneydoğu Anadolu Bölgesi için 30-35 gündür (Mutlu, 2019). Hava sıcaklığının daha düşük olduğu İç Anadolu Bölgesi'nde ise 36-53 gün sürmektedir (Altınayar, 1975). Olgunlaşmış larva Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Haziran başında sapı terk eder ve iki hafta içinde şeffaf bir kokon oluşturarak kışı geçirebileceği anız ya da herhangi bir bitki kalıntısında diyapoza girer (Gol'berg, 1986; Mutlu, 2019).

Isırıcı- çiğneyici ağız yapısına sahip olan ekin sap arısı larvaları bitki sapı içinde beslenirken oluşturduğu tahribattan dolayı bitki damar basıncını düşürür ve tanelere giden besin akışını zayıflatır ve bunun sonucunda tanelerde gelişme yavaşlar, tane ağırlığı azalır ve güçsüz kalan saplar devrilmeye başlar (Troccoli ve ark., 2000; Knodel ve ark., 2010). Ayrıca bitkinin protein içeriğinde de kayıplara neden olur (Wallace ve McNeal, 1966). Ülkemiz buğday alanlarında yoğun olarak görülen *C. pygmeus*'un oluşturduğu zarar makarnalık buğdayda 288 kg/ha iken, ekmeklik buğdayda 297 kg/ha olup mali değer kaybı ise sırasıyla 68.8 \$ ha⁻¹ ve 68.6 \$ ha⁻¹ olarak hesaplanmıştır (Özberk ve ark., 2005). Ürün ağırlığında % 3,11 - 23,77 arasında azalma meydana getirirken çeşide bağlı olmak üzere % 0,90 - % 2,52 oranında sapları devirdiği bildirilmiştir (Özberk ve ark., 2005). Amerika kıtasında yaygınlık gösteren ekin sap arısının diğer bir türü olan *Cephus cinctus*'un yılda % 30'dan fazla ürün kaybına ve 350 milyon Amerikan Doları ekonomik kayba neden olduğu bildirilmiştir (Beres ve ark., 2011).

Yüksek ürün kayıplarına neden olan bu zararlı ile dünya genelinde başlıca dört şekilde mücadele edilmektedir. Bunlar; kimyasal mücadele, konukçu bitki dayanıklılık programlarının oluşturulması, toprak işleme ve biyolojik mücadeledir (Banita ve ark., 1992; Berzonsky ve ark., 2003; Shanower ve Hoelmer, 2004; Wu ve ark., 2013; Pezhman ve ark., 2018). Kimyasal mücadele üzerine kimi araştırmacılar tarafından yapılan denemelerde ekin sap arısı popülasyonlarının azaltılmasında kimyasal kullanılması yüksek maliyet ve düşük sonuç alınması nedeniyle etkili bulunmamıştır (Shanower ve Hoelmer, 2004; Özberk ve ark., 2005). Ekin sap arısının oluşturduğu zararı azaltma adına daha dayanıklı genotipler geliştirmek amacıyla 1930'lu yıllardan itibaren yoğun çalışmalar sürdürülmüş ve 1946 yılında Avrupa'da 'Rescue' isimli ve 'solid-stem' olarak bilinen buğday çeşidi tescil edilmiştir (Doane, 1984). Bu çeşitler her ne kadar ekin sap arısı tarafından oluşturulan zararı azaltsa da, istenmeyen agronomik özellikler ve düşük verim potansiyeli bu çeşitlerin çiftçiler tarafından seçilmemesine yol açmıştır (Weiss ve Morrill, 1992). Kışı anızda geçiren bu zararlının diyapozda bulunan larva ve pupalarını yok etmek amacıyla derin sürüm yapmak ya da anız yakımı yapılması zararlı popülasyonunu düşürmektedir. Ancak bu işlemlerin yapılması durumunda oluşabilecek ciddi sorunlar vardır. Toprak işleme için fazladan yapılan masraflar karlılığı ciddi anlamda düşürür ve fazla toprak işleme toprağın erozyona uğramasına neden olur (Shanower ve Hoelmer, 2004). Anız yakmak ise yüzeye yakın faydalı

mikroorganizmaları yok etmesi ve çevre kirliliğine neden olması bakımından tercih edilmemelidir. Zararlıya karşı mevcut mücadele yöntemlerinden en etkili biyolojik savaştır (Portman ve ark., 2016). Ülkemizde bulunan ekin sap arılarının birincil parazitoitleri olarak Braconidae, Ichneumonidae, Eulophidae ve Pteromalidae familyalarından dokuz tür bildirilmiştir (Korkmaz ve ark., 2010). Bu türler, ekin sap arılarını baskı altına almaya çalışmaktadır. İnsanoğlunun çevre üzerindeki yoğun baskısı (kullanma ve kirtletme) sonucunda doğal denge olumsuz yönde etkilenmektedir. Zararlılar ile mücadelede kullanılan kimyasal ilaçlar herhangi bir düzen veya disiplin içinde gerçekleşmediği gibi neredeyse tamamen bilinçsiz olarak sürdürülmektedir. Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde süne mücadelesi için ruhsatlı ya da ruhsatsız sentetik ilaçların aşırı ve gelişi güzel uygulanmasının yanı sıra yanlış zamanlarda kullanılması faydalı böcek popülasyonlarını azaltmaktadır (Bommarco ve ark., 2011; Puech ve ark., 2014; Bayram ve Tonga, 2018; Mutlu ve ark., 2019).

Popülasyonların genetik yapısı, tipik olarak hem yayılış alanlarının topografik yapılanmasına hem de türün yayılış mesafelerinin genişliğine bağlı olarak değişiklik sergileyecektir (Eckert ve ark., 1996; Husband ve Schamske, 1996). Böcekler ekolojik farklılıklara yüksek adaptasyon gösterebilme yetenekleri sebebiyle çok uzun bir evrimsel geçmişe sahiptirler (Grimaldi ve ark., 2005; Engel, 2015). Seleksiyonlar ile çok yüksek genetik değişiklikler göstererek hızlı bir şekilde evrilmeye ve gelişmeye devam ederler (Hamrick ve Godt, 1990; Hamrick ve ark., 1991). Son yüzyılda bilim insanları tarımsal ekosistemlerde çok hızlı bir şekilde evrim geçirmiş zararlı böcekler arasındaki çeşitliliği tanımlamaya, tespit etmeye ve açıklamaya çalışmaktadırlar. Zararlı böceklerin çoğu, yerel koşullara uyum sağlama kabiliyetlerinden dolayı geniş coğrafik alanlara yayılabilmekte ve genetik olarak farklı özelliklere sahip olabilmektedirler (Krumm, 2005). Genetik çeşitlilik, evrimsel değişimin temelini oluşturur ve popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma, büyük ölçüde gen akışı ile genetik sürüklenme ve doğal seleksiyon arasındaki etkileşimli dengeye bağlıdır (Futuyma ve Peterson, 1985; White ve Walker, 1997). Bir zararlı popülasyonunun genetik analizi, yayılmayı anlama, pestisitlere direnç oluşturan popülasyonları izleme ve alan genelinde kontrol programlarının uygulanmasına ışık tutabilir (Krumm, 2005).

Popülasyonların genetik yapısını anlamak; coğrafik olarak yakın veya uzak popülasyonlar arasında gen akışının insektisit direnci gelişimi üzerindeki etkilerinin daha

iyi anlaşılmasını sağlar (Tiroesele ve ark., 2014). Bir popülasyonun genetik yapısı; doğal seleksiyon, göç, mutasyon ve genetik kayma sonucu meydana gelen genetik varyasyonun dağılımıdır (Coll ve ark., 1994). Bu nedenle farklı coğrafik bölgelerde zararlı türlerin yayılışı ve popülasyon yapılarının bilinmesi uygulanacak mücadele programlarının geliştirilmesi bakımından önem kazanmaktadır.

Böcek popülasyonlarının genetik yapısının belirlenmesi evrimleşme sürecine ve doğal popülasyon dinamiklerine yeni bakış açıları oluşturabildiği gibi, zararlı yönetimi için de faydalı bilgiler sunmaktadır (Lesieur ve ark., 2016). Örneğin, popülasyonlar arası genetik yapının belirlenmesi ile zararlıların istila rotalarının yapılandırılmasına olanak sağladığı ve böylelikle zararlılar ile mücadeleye olumlu katkılar sunduğu bildirilmiştir (Bon ve ark., 2005; Estoup ve Guillemaud, 2010). Ayrıca, sıklıkla karıştırılan (kriptik) türlerin tanımlanması, popülasyonlar arasındaki gen akışının belirlenmesi ve popülasyon büyüklüğündeki değişiminin hikâyesini anlamak, oluşturulacak yeni zararlı yönetim programlarının başarıya ulaşmasına yardımcı olmaktadır (Bon ve ark., 2005; Porretta ve ark., 2007; Duan ve ark., 2013; Kergoat ve ark., 2015).

Bu çalışmanın temel amacı *C. pygmeus*'un bölge geneline yayılmasının tarihsel süreçteki durumu hakkında genetik araştırmalara dayalı olarak fikir edinilmesidir. Ele alınan bu doktora tez çalışmasında birbirlerinden çok belirgin karakterlerle ayrılan Türkiye'nin üç büyük coğrafik bölgesi (Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve Doğu Karadeniz bölgeleri) çalışma alanı olarak seçilmiştir. Bu bölgelerdeki buğday alanlarında bulunan ekin sap arısı, *C. pygmeus*'un yayılışı, popülasyon yoğunluğu ve çalışma bölgesinin genelinde bulunan popülasyonların genetik yapısı incelenerek detaylı şekilde ele alınmıştır. Bu tez çalışmasında seçilen alan yer şekilleri, enlem değerleri, rakım ve toprak yapısı gibi çok büyük yapısal-fiziksel farklılıklara sahiptir. Ayrıca bu farklı alanların sahip oldukları iklim ve bitki örtüsü nedeniyle flora ve fauna bakımından da birbirlerinden ayrılan çok önemli özellikleri mevcuttur. Bu büyük coğrafik farklılıklar aynı zamanda orada bulunan böcek popülasyonlarının genetik yapıları üstünde çok önemli farklılıklar oluşturabilme potansiyeli barındırmaktadır.

2. KAYNAK BİLDİRİŞLERİ

Türkiye’de ekin sap arılarının varlığı 1906 yılında yapılan ilk beyana dayanmaktadır (Benson, 1968). Daha sonraki yıllarda çeşitli araştırmacılar ekin sap arıları üzerine çalışmış ve *Cephus pygmeus* ile *Trachelus tabidus* türlerinin Anadolu’ya yayılmış olduğunu bildirilmiş ve bu türler arasında daha geniş alanlara yayılış gösteren ve daha yoğun olarak rastlanılan türün *C. pygmeus* olduğu belirlenmiştir (Korkmaz ve ark., 2010). Ülkemizin ve dünya’nın farklı bölgelerinde Cephidae familyasına ait tür tespiti veya yoğunluk ve zararlarından meydana gelen ürün kayıplarının belirlenmesi üzerine çeşitli çalışmalar yürütülmüştür (Alkan, 1948; Altınayar, 1975; Özberk ve ark., 2005; Korkmaz ve ark., 2010; Korkmaz ve ark., 2011, Budak ve ark., 2011; Karaca ve ark., 2012; Kılıç ve ark., 2017; Mutlu, 2019; Mutlu ve ark., 2019; Morales-Hojas ve ark., 2020).

Bu doktora tez çalışmasının konusu olan yayılış ve yoğunluk üzerine Türkiye’de ve dünyada çeşitli araştırmacılar tarafından yapılan çalışmalar aşağıda özetlenmiştir.

Mutlu ve ark. (2019) *C. pygmeus* ve *Trachelus tabidus*’un buğday bitkisindeki larval bulaşma oranlarını ve bitkide oluşturdıkları ürün kaybını tespit etmek amacıyla Güneydoğu Anadolu Bölgesi’nde bulunan bazı illerde (Adıyaman, Diyarbakır, Mardin, Şanlıurfa) rastgele seçtikleri 100 adet buğday tarlasında survey yapmışlardır. Larval bulaşma oranını tespit etmek amacıyla tarla kenarından 20 m içeri doğru girilmiş, herhangi bir 3 m²’lik alan içerisinde farklı noktalara 0.25 m²’lik demir çember atmışlar ve içerisine denk gelen bitkilerde larva sayımı yapmışlardır. Ürün kaybı miktarını hesaplanabilmesi için Altınayar (1975)’e göre ($\text{Ürün kaybı (\%)} = [\text{larval bulaşma olan sap (\%)} \times \text{tane ağırlık kaybı (\%)}] / 100$) formülü ile hesaplamışlardır. Çalışma sonucunda en yüksek bulaşıklık oranı % 17.4 ile Diyarbakır’da, en düşük bulaşıklık oranı % 5.3 ile Adıyaman ilinde gözlemlenmiştir. Bin tane ağırlığında ise ortalama % 10.96 kayıp meydana getirdiği beyan edilmiştir. Buna göre *C. pygmeus*’un çalışmanın yapıldığı illerde yayılış gösterdiği görülmektedir. Üzerinde beslendikleri buğday bitkilerinde başak uzunluğuna ve bin dane ağırlığına olumsuz yönde etki ettikleri de bu çalışma içinde belirtilmiştir.

Mutlu (2019), 2014-2015 yıllarında Güneydoğu Anadolu Bölgesinde bulunan Adıyaman, Diyarbakır, Mardin ve Şanlıurfa illerinde ekin sap arısı türlerine ait

zararlıların yayılışları, yoğunlukları ve yaşam döngüleri üzerine çalışma yürütmüştür. Çalışmanın yürütüldüğü illerde ekin sap arılarına ait *C. pygmeus*, *T. tabidus* ve *T. libanensis* türlerinin yayılış gösterdiğini bildirmiştir. *Cephus* spp.'nin yoğunluklarını belirlemek amacıyla 235 tarlada standart olarak 100 atrap salladıklarını ve *C. pygmeus*'un % 77.1 oranında yoğunluk gösterdiğini tespit etmiştir Ekin sap arılarının biyolojileri üzerine değindiği çalışmasında *C. pygmeus*'un yılda bir döl verdiğini ve kışı olgunlaşmış larva olarak tarlada kalan anızların içinde geçirdiğini beyan etmiştir. Bu bilgilere ilaveten ekin sap arıları arasında en yoğun görülen türün *C. pygmeus* olduğu ve en yüksek ergin sayısının Diyarbakır ilinde (44.15 ergin), en düşük ise Adıyaman ilinde (5.73 ergin) gözlemlendiğini bildirmiştir.

Korkmaz ve ark. (2010), Orta Anadolu Bölgesi buğday tarlalarında zararlı olan ekin sap arısı türleri ve parazitoitlerini saptamak amacıyla yürüttükleri çalışmada, Cephini tribusuna üye olan ve Poaceae bitkilerini konukçu seçen türlerin buğday tarlalarında bulunma sıklıkları araştırılarak popülasyon yoğunlukları belirlenmeye çalışılmıştır. Yapılan surveylerde 2001-2003 yılları Mayıs aylarında ziyaret edilen tarlaların hemen hepsinde (yaklaşık % 95) Cephini tribusuna üye türlere rastlandığı belirtilmektedir. Ekin sap arısı türlerinin yoğunluklarını belirlemek amacıyla ortalama 20 kadar atrap sallanmıştır. Çalışma sonunda 16 sap arısı türü ile dokuz parazitoid tür saptanmıştır. Ekin sap arısı ile bulaşık olan tarla sıklığı % 78.33 olarak bulunurken yaklaşık 5000 örnek toplanmış ve bunların % 38'ini *C. pygmeus*, % 4.5'ini *T. tabidus* türlerinin olduğu araştırmacılar tarafından bildirilmiştir.

Özberk ve ark. (2005), ekin sap arısı *C. pygmeus*'un buğdayda meydana getirdiği zarara ilişkin oluşan verim ve kalite kaybının pazar fiyatlarına olan etkisini incelemiştir. Şanlıurfa ilinde bulunan Koruklu deneme alanında gerçekleştirdikleri çalışmalarında tarlaların ekin sap arısı ile bulaşıklık oranının ekmeklik ve makarnalık buğdaylarda % 12 oranına kadar görüldüğünü beyan etmişlerdir. Larval bulaşmanın olduğu tanelerde meydana gelen ürün kaybı durum buğdayda % 2.23 ekmeklik buğdayda ise % 3.32 olarak hesaplanmıştır. Ürün kayıp miktarları Altınayar (1975)'a göre (*ürün kaybı (%) = [larval bulaşma olan sap (%) x tane ağırlık kaybı (%)] / 100*) olarak hesaplanmıştır. Ekin sap arısı larvalarının buğday sapı içinde beslenmesi sonucunda ekmeklik ve makarnalık buğdayda meydana gelen maddi kaybın yaklaşık 68 \$ / ha⁻¹ olduğunu hesaplanmıştır. Ayrıca araştırmacılar bu çalışmalarında ekin sap arılarının buğday

bitkisine ciddi zararlar veren ve önemli ürün kayıplarına neden olan böceklerden biri olmasına karşın yeterince üzerinde çalışılmamış zararlılardan biri olduğuna değinmektedirler.

Karaca ve ark. (2012), Güney Doğu Anadolu Bölgesi'nde Adıyaman, Diyarbakır, Mardin ve Şanlıurfa illeri bu bölgenin diğer illerine oranla daha fazla buğday üretimi olması bakımından bu adı geçen 4 ilde buğdayda meydana gelen entomolojik sorunlar üzerine çalışma yürütmüşlerdir. Farklı böcek takımlarından farklı familyaları yararlı ve zararlı türler olarak belirleyerek çalışma sonunda beyan etmişlerdir. Buna göre Hymenoptera takımına bağlı ekin sap arısı *C. pygmeus*'un bu illerde yaygın yayılış gösteren bir zararlı olduğunu bildirmişlerdir.

Ivie (2001), yaptığı çalışmasında 19. yy'da insan eliyle *Cephus cinctus*'un Kuzeydoğu Avrasya'dan Kuzey Amerika'ya taşındığının kanıtları olduğunu ortaya koymuştur. Ekin sap arısı Kuzey Amerika'da Pennsylvania ve Gürcistan'dan Pasifik'e kadar yaygın olarak görüldüğü ve Ohio eyaletinin batısından gelen çayırlarda yaygın olduğu bilgisini vermektedir. Yine aynı araştırmacının farklı bir makalesindeki beyanına göre ekin sap arısı göçlerinin kuzeydoğu Asya'da, Rusya'da Altay'dan Kamtschatka'ya ve Hokkaido, Japonya'da da gerçekleştiğini bildirmektedir. Holarktık bölgede Cephini tribüsüne ait 3 cins içerisinde yer alan 50'den fazla tanımlanmış tür olduğunu bildirmiştir. Avrupa'da *C. pygmeus* ve *T. tabidus* olmak üzere iki türün varlığını beyan etmiştir. *Calameuta clavata*'nın ise Batı Amerika Birleşik Devletleri'nde az bilinen bir tür olduğunu söylemektedir. Filogenetik çalışmalara değindiği makalesinde henüz dünya çapında bir çalışmanın olmadığını bölgesel çalışmaların bulunduğunu bildirmiştir.

Gol'berg (1986), İsrail'in güneyinde bulunan buğday tarlalarında *C. pygmeus* ve *T. tabidus* zararlılarının yaygınlığını ve larval bulaşıklık yoğunluğunu tespit etmek amacıyla surveyler yapmıştır. Böceklerin fenolojilerini belirlemek için ergin böceklerin toplanmasında sarı su tuzakları, larvaların toplanmasında ise enfekte olmuş olan ekin sapları kullanılmıştır. Çalışma sonunda *C. pygmeus* ve *T. tabidus* yaygınlığının buğday ve arpada % 50'nin üzerinde olduğunu bildirmiştir. 1981-1983 yıllarında yaptığı survey sonuçlarına göre *T. tabidus*'un yaygınlığının *C. pygmeus*'a göre % 5 daha az yaygınlık gösterdiğini beyan etmiştir.

Budak ve ark. (2018), İran'da buğday alanlarında görülen Cephidae familyasına bağlı türleri listelemişlerdir. Buna göre 6 cinse (*Calameuta* spp., *Cephus* spp., *Phylloecus*

spp. *Pachycephus* spp., *Syrista* spp. ve *Trachelus* spp.) ait toplamda 15 ekin sap arısı türünün varlığı bildirilmiştir. *Cephus* spp.'den *C. pygmeus* türünün İran ekin alanlarında yayılış gösterdiği çalışmada beyan edilmiştir.

Miller ve ark. (1993), Suriye'nin kuzeyinde bulunan tarım alanlarında üretimi yapılan ekmeklik ve durum buğday çeşitlerinin ekin sap arılarına karşı direncini araştırdığı çalışmasında tarlalarda sıklıkla *C. pygmeus* ve *T. tabidus* türlerinin varlığını beyan etmiştir.

McCullough (2016), yüksek lisans tezinde *C. cinctus*'un örneklenmesi ve yayılış gösterdiği alanların belirlenmesi üzerinde çalışmıştır. Ekin sap arıları 20. yy. başlarından bu yana Montana, Kuzey Dakota ve Kanada'da zararlı olmaktadır. 1990'larda Nebraska'da varlığı belirlenmiş ve o zamandan itibaren büyük miktarda ürün kayıplarına neden olmuştur. Nebraska'daki ekin sap arısının ortaya çıkışı ve yayılışının belirlenmesi amacıyla 2014-2015 yıllarında buğday tarlalarında çıkış kafesleri, yapışkan tuzaklar ve atraplama tekniğinden faydalanılarak örneklemeler yapılmıştır.

Korkmaz ve ark. (2011) *C. pygmeus*'un mitokondrial sitokrom oksidaz I (*COI*) gen bölgesinin tür içi ve türler arası ilişkisinin belirlenmesindeki etkinliği üzerine çalışma yapmışlardır. Farklı bölgelerden topladıkları *C. pygmeus* örneklerinin nükleik asit ve amino asit düzeyinde karşılaştırmalı olarak bu bölgenin kullanışlılığını ölçmüşlerdir. Çalışma sonunda tür içi düzeyde kısmi *COI* geninin 5' ucu 3' ucundan daha bilgi verici olduğunu saptamışlardır. Nükleotid farklılaşma oranı tür içi düzeyde % 0.15-1.17 arasında iken, bu oran diğer *Cephus* spp. ile karşılaştırıldığında % 8.14- % 15.32 arasında gözlemlenmiştir. Her bir kodon pozisyonundaki nükleotid kompozisyonunun A+T yönünde bir eğilime sahip olduğunu beyan etmişlerdir. Çalışma sonunda *COI* bölgesinin hem tümüyle korunmuş hem de değişken bölgeler içermesi nedeniyle tür içi ve türler arası farklılıkları belirlemede bu bölgenin bilgi verici bir belirteç olabileceğini bildirmişlerdir.

Lesieur ve ark. (2016) çalışmalarında Kuzey Amerika'da ekin sap arılarının en sık rastlanılan türü olan *C. cinctus* üzerine moleküler analizler kullanarak bir çalışma yapmışlardır. Bu çalışmayı planlarken *C. cinctus* türünün orijini olarak kabul edilen Kuzey Amerika'dan güneylere doğru yayılım göstermesi ve bu zararlı ile mücadelede mevcut yöntemlerin yetersiz kalmaya başlaması ile entegre zararlı yönetiminin yeniden düzenlenmesine dikkat çekmek istemişlerdir. *Cephus cinctus* ile mücadelede yapılan bölgesel ilaçlamaların yerine genetik yapının belirlenmesi ile kuzeyde bulunan

popülasyonun Kuzey Asya ve güneye yayılan popülasyon ile karşılaştırılması ve yeni yapıdaki genetik farklılıkların ortaya konulması amaçlamışlardır. Bu sebeple toplanan böcek örneklerinin mtDNA (*COI* ve *16S*) ile mikrosatellit gibi iki farklı bölgeden elde edilen DNA ile moleküler analiz yapmışlardır. Sonuçlara göre Kuzey Asya'dan alınan örnekler ile Kuzey Amerika'dan alınan örnekler arasında güçlü genetik farklılıklar gözlenmiştir. Elde edilen DNA sonuçlarına göre *C. cinctus*'un orijininin önceki çalışmalarda da belirtildiği gibi Amerika olduğu hem mtDNA hem de mikrosatellit sonuçları ile doğrulanmıştır. Amerika'nın kuzeyinde bulunan bu zararlının genetik olarak üç farklı kümeden meydana geldiği görülmüştür. Güneyde başlayan salgıların Amerika'nın kuzeyinden hareketle olduğu anlaşılmış ve bu duruma göre entegre zararlı yönetimi planlarının gözden geçirilmesi konusuna dikkat çekilmiştir.

Buğday alanlarında görülen çeşitli zararlıların yayılışı, yoğunluğu ve popülasyon genetiği ile ilgili yürütülen çeşitli çalışmalar vardır. Xin ve ark. (2014), Çin Halk Cumhuriyeti'nde yer alan yedi farklı bölgeye ait *Sitobion avenae* popülasyonlarını moleküler yöntemlerle araştırmışlardır (Hubei, Shanxi, Beijing Hebei, Shandong, Henan, Jiangsu). Buğday afidinin farklı popülasyonları üzerinde potansiyel gen akışı, genetik çeşitlilik, genetik farklılık ve genetik yapının belirlenmesi amacıyla böceklerle ait DNA'nın elde edilmesi ile mikrosatellit marker yöntemi kullanılmıştır. Analizler sonucunda genetik farklılıkların yüksek oranda olduğu bildirilmiş ve yedi farklı bölgeye ait popülasyonlar dört farklı kümeye ayrılmıştır (i-Hubei, ii-Shanxi, iii-Beijing ve Hebei, iv-Shandong, Henan, Jiangsu). Yapılan bu çalışmanın sonuçlarının entegre zararlı yönetimi programlarında kullanılacağı belirtilmiştir.

Xu ve ark. (2011) *Sitobion avenae*'ye ait 17 farklı bölgeden 269 birey toplayarak genetik farklılıkları ortaya koymak amacıyla yaptıkları çalışmalarında mitokondriyal DNA'da bulunan *COI* bölgesini kullanmayı tercih etmişlerdir. Yapılan sekans dizi okumaları sonrasında 17 bölgeye ait bireylerden % 0.2 ile % 1.7 arasında değişen oranda farklılıklar tespit edilmiştir. En yüksek farklılık Çin'in güneyinden toplanan örnekler ile kuzeyinden toplanan örnekler arasında bulunmuştur. Düşük genetik farklılık oranı $F_{ST}=0.0695 - 0.6986$ ve gen akışını ise $Nm=0.2158$ oranında bulunmuştur.

Wang ve ark. (2016) *Sitobion miscanthi* türüne ait 12 farklı popülasyondan 708 yaprakbiti üzerinde genetik yapının ve farklılıkların belirlenmesi üzerine çalışmışlardır. Beş mikrosatellit bölgenin kullanıldığı bu çalışma sonunda değişik bölgelerden alınan

örneklerin iki farklı gruba ayrıldığı görülmüştür. Güney ve kuzey bölgelerine ait popülasyonların farklı çıkmasının mevsim geçişlerinde kuzeyden güneye göç olabileceği hipotezini desteklemediğini belirtmişlerdir.

Figueroa ve ark. (2005) buğday afidi, *S. avenae*'nin Şili'deki genetik çeşitliliğini ve yaprak bitinin popülasyon yapısının son durumunu belirlemek amacıyla farklı buğday çeşitleri ve yabancı otlar üzerinde beslenen *S. avenae* örneklerinin farklı coğrafik bölgelerde ve yıllardaki popülasyonlarının toplanması ile ilgili bir çalışma yürütmüşlerdir. Genetik yapının belirlenmesinde beş farklı mikrosatellit loci kullanmışlardır. Çalışma sonunda Şili popülasyonlarının farklı bölgelerden ve yıllarda toplanan afid örneklerinde yüksek derecede heterozigotluk ve düşük oranda genetik çeşitliliğe rastladıklarını bildirmişlerdir. Heterozigotluğun yüksek, genetik çeşitliliğin düşük olması afitlerin eşeysiz olarak çoğalmasından kaynaklandığı ifade edilmiştir.

Llewellyn ve ark. (2003) popülasyonların genetik yapısının genetik sürüklenme, mutasyon, göç ve doğal seleksiyon gibi yaşam geçmişinden gelen etkilere dayandığı bilgisini vermektedirler. Çalışmalarında tahıl yaprak afidi, *S. avenae*'nin kanatlı bireylerinin göç sonucunda genetik yapılarında yıldan yıla meydana gelen farklılığının mikrosatellitler ile belirlenmesini amaçlamışlardır. Bu çalışma farklı bölgelerde bulunan popülasyonların genetik yapıların zaman içerisinde o bölgeye adaptasyon göstermesi ile ekolojik etkiler sonucu genetik yapıda meydana gelebilecek değişimlerin göç ile ne denli farklılığa uğrayabileceğine uygun bir örnek konumundadır. Çalışma sonunda elde edilen verilerin toplamında yaprak bitlerinin uçma istekleri ve bu konudaki kabiliyetlerinin göç sonucunda genetik farklılığa neden olabileceği sonucunu ortaya koymuştur. Ancak araştırmacıların elde ettikleri sonuçların diğer afid türleri ile benzer denemenin yapılması ve sonuçların karşılaştırılması gerektiği yorumu ile sonlandırılmıştır.

Morales-Hojas ve ark. (2020) iki farklı ülkede (İngiltere ve Çin) bulunan birbiriyle yakın ilişkili iki tahıl yaprak biti türünün (*S. avenae* ve *S. miscanthi*) genetik yapılarını daha önceki çalışmalarında incelemişler. Buradaki çalışmalarında ise aradan geçen yıllar içerisinde aynı türlere ait popülasyonların genetik yapılarında insektisitlere karşı oluşmuş bir direnç durumunun yeni popülasyonların genetik yapılarında meydana getirdiği farklılıkları araştırmışlardır. Çalışma sonunda 5-20 yıl içerisinde büyük olasılıkla insan ve çevresel kaynaklı etkiler sonucunda böceklerde meydana gelen insektisit direnci gibi durumlardan dolayı genetik farklılıkların meydana geldiğini ortaya koymuşlardır.

Fields ve Phillips (1994) çalışmalarında ekin kambur bitinin Kuzey Amerika'ya 1861 yılında ortaya çıktığını ve o günden bu yana önemli bir zararlı haline geldiğini bildirmiştir. Çalışmalarında mevcut durumda ekin kambur bitinin Kanada'nın hangi bölgelerine yayılım gösterdiğini ve bu zararlının genetik yapısının Kanada popülasyonları ile diğer bölgelerdeki popülasyonları arasındaki farklılığını belirlemek amacıyla yapmışlardır. Genetik yapının belirlenmesinde RAPD-PCR tekniğini kullanmışlardır. Zararlı feromon tuzaklar ile Manitoba ve diğer batı vilayetlerinde yakalanırken, Ontario ve Quebec vilayetlerinin kuzey kesimlerinde bu zararlının olmadıkları bildirilmiştir. Popülasyonlar arasında ve içinde polimorfizme rastlanılmıştır.

Fields ve ark. (1993)'te ekin kambur bitinin Amerika, Avustralya ve dünyanın ılık hava şartlarına sahip bölgelerinde bulunduğunu ve önemli bir zararlı olduğunu beyan etmiştir. Kanada'da nadir görüldüğü bildirilen zararlının yayılış gösterdiği vilayetleri saptamak amacıyla bu çalışmayı yürütmüşlerdir. Lingden çoklu hunisi ve feromon tuzakların kullanıldığı çalışma sonunda Ontario'da zararlı ile karşılaşılmaz iken batı vilayetlerinde yayılış gösterdikleri rapor edilmiştir.

Şimşek (1998) buğday alanlarında ana zararlılardan biri olan hububat hortumlu böceği (*Pachytychius hordei*)'nin Orta Anadolu Bölgesi'nde yayılış alanı ile arpa ve buğdayda bulaşma oranı belirlemek amacıyla çalışma yürütmüştür. Çalışma sonunda Orta Anadolu Bölgesi'nin en büyük buğday alanı olan Konya yayılış ve yoğunluk bakımından ilk sırayı aldığı ardından Isparta ve Afyon illeri daha sonra ise Ankara ile Konya'nın birleştiği bölgenin yayılış alanının son sınırını oluşturduğunu beyan etmiştir.

Özgen ve ark. (2005) Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde bulunan Pentatomidae familyasına ait türlerin belirlenmesi amacıyla Adıyaman, Batman, Diyarbakır, Mardin, Muş, Siirt, Şanlıurfa ve Şırnak illerinde survey yapmışlardır. Örnekleme sırasında ağız aspiratörü ve atrap kullanılmıştır. Çalışma sonunda Pentatomidae familyasında bulunan ve buğday tarlalarında zararlı olan Kımlı (*Aelia* spp.) zararlısının yayılış ve yoğunluğuna ait bilgiler elde edilmiştir. *Aelia acuminata* Diyarbakır (Merkez), Mardin (Kızıltepe), ve Şırnak (Cizre) de toplam 45 adet birey, *Aelia rostrata* Diyarbakır (Merkez), Mardin (Mazıdağı) ve Şırnak (Silopi)'de toplam 20 birey ile karşılaşmıştır.

Salis ve ark. (2013) buğdayın İtalya'da çok önemli bir ürün olduğunu söyledikleri çalışmalarında *Eurygaster* spp ve *Aelia* spp'nin Sardunya adasında bulunan durum buğdayı tarlalarındaki popülasyon yoğunluğu ve yayılışını belirlemek için 2007-2008

yıllarında üç bölgede survey yapmışlardır. Çalışma sonunda her üç bölgede zararlıların yayılış gösterdiği görülmüştür. *Eurygaster* spp.'ye ait bireylerin adadaki toplam yoğunluğu % 82.2 ve *Aelia* spp'nin toplam yoğunluğu ise % 17.8 olarak bulunmuştur.

Alaserhat ve Canbay (2018) Ağrı ili hububat alanlarında bulunan hububat zararlısı süne (*Eurygaster integriceps*) ile sünenin yumurta parazitoitinin yayılış alanlarını belirlemek amacıyla 2012-2014 yıllarında survey yapmışlardır. Çalışma sonunda Ağrı ili merkez ilçesinde 21, Eleşkirt'te ise altı köyde bulunan tarlalarda sünenin yayılış gösterdiği tespit edilmiştir.

Ali ve ark. (2010) hububat alanlarında zararlı olan süne (*Eurygaster integriceps*)'nin altı farklı ülkeden (Türkiye, Irak, İran, Özbekistan, Kazakistan, Suriye) toplanan 19 popülasyonuna ait örneklerin genetik varyasyonunu araştırmak üzere çalışma yapmışlardır. Moleküler çalışmada AFLP tekniğinden yararlanılmıştır. Genetik uzaklık ölçüleri 0.4275 (Özbekistan- Andijan ve İran-Varamin) ile 0.029 (İran- Kermanshah, Marvdash) arasında çıkmıştır. Genetik mesafe ile coğrafik mesafe arasında anlamlı bir ilişkinin görülmediğini ($R=0.27$), genetik farklılaşmanın tüm ülkelerde düşük olduğunu aralarında ise en yüksek olanın Özbekistan'da görüldüğünü beyan etmişlerdir ($G_{ST}=0.26$). Ülkeler arasındaki gen akışı ise yüksek bulunmuş ($N_m=3.9034$) ve bu sonuç ülkeler arasında yüksek göç oranının olduğunu göstermektedir. Kümeleme analizine bakılınca genetik çeşitliliğin en fazla Özbekistan'da olduğunu bildirmektedirler.

Koçak ve Babaroğlu (2005) Orta Anadolu Bölgesi kırsaklarında bulunan *Eurygaster* türlerini belirlemek için survey sonunda zararlıya ait yoğunluk ve yayılış alanlarını saptamışlardır. Buna göre çalışmanın yapıldığı Afyon, Aksaray, Ankara, Çankırı, Çorum, Eskişehir, Karaman, Kırıkkale, Kırşehir, Konya, Nevşehir, Sivas, Yozgat) illerinden toplam 4942 birey toplanmış ve yukarıda adı geçen tüm illerde *Eurygaster* spp. ile karşılaşmış ve kaydedilmiştir.

Bon ve ark. (2005), ekin sap arılarının Kuzey Amerika'nın yarı kurak tarlalarında kronik bir sorun haline geldiğini belirttikleri çalışmalarında, bu zararlıya karşı biyolojik mücadelenin başarıya ulaşabilmesi için zararlının popülasyon yapısının ve coğrafik geçmişinin bilinmesinin biyolojik mücadelenin başarısını arttıracak olduğunu bildirmişlerdir. 104 örnek üzerinden elde ettikleri total DNA'dan mtDNA'nın COI bölgesi çoğaltılmış ve analizler sonucunda 25 farklı haplotip elde edilmiştir. AMOVA sonuçlarına göre bölgeler arasında önemli farklılıkların olduğu beyan edilmiştir. Çalışma sonuçlarına göre Kuzey

Amerika buğday alanlarında bulunan *C. cinctus* popülasyonlarının tek bir genetik yapıya sahip olmadığı ve hazırlanacak olan biyolojik mücadele programlarının bölge özelinde planlanması gerektiği bildirilmiştir.

Ceylan (2020), yüksek lisans tezinde Türkiye'nin farklı coğrafik bölgelerinde bulunan 15 ilinden toplanan *Eurygaster maura* popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliği ve göç haritalarını belirlemek amacıyla dizi analizleri yapmıştır. DNA barkodlama yöntemini kullandığı çalışmasında mtDNA'nın *COI* bölgesi çoğaltılmış ve çeşitli biyoinformatik programlar yardımı ile sonuçlar analiz edilmiştir. Coğrafik genetik yapılanma analizi sonucunda Yozgat ve Karaman popülasyonları arasında % 11.46 oranında genetik farklılaşma belirlenmiştir. Karaman popülasyonu ile Uşak, Aksaray, Eskişehir, Balıkesir popülasyonları arasında anlamlı bir fark bulunmamıştır. Karaman popülasyonu en yüksek haplotip çeşitliliğe (0.98) sahip iken, Antalya popülasyonu en düşük haplotip çeşitliliğe (0.57) sahip olduğu belirlenmiştir.

Lou ve ark. (1998) ekin sap arısının coğrafik popülasyonları arası ve popülasyon içi çeşitliliğinin incelendiği çalışmada Wyoming, Kuzey Dakota ve Montana'dan toplanan 15 farklı popülasyona ait 182 birey üzerinde çalışılmıştır. Tür içi ve türler arasında meydana gelen genetik çeşitliliğin belirlenmesinde kullanılan RAPD-PCR tekniğinde 10 bazlık nükleotid uzunluğuna kadar olan rastgele seçilmiş primerler ile örneklerin DNA'larının uyum sağlaması beklenen çalışmalardır. Bu çalışmada rastgele seçilmiş 20 primere % 52 oranında bağlanma oluşur. Popülasyon içi varyans % 71.6 oranında bulunurken bu oran % 1 önem seviyesine göre önemli bulunmuştur. Bölgeler arasında (Montana'nın Kuzey Dakota ve Wyoming'e karşı farklılığı) ve popülasyonlar arası varyans sırasıyla % 22.1 ve % 6.3 olarak bulunmuştur.

Tarım alanlarında bitkilere ve meyvelerine zarar veren çeşitli zararlıların yayılışı, yoğunluğu ve popülasyon genetikleri üzerine yapılmış çeşitli çalışmalar şu şekildedir. Tiroesele ve ark. (2014) Amerika'da *Cerotoma trifurcata*'nın popülasyon yapısı, genetik çeşitliliği ve gen akışı üzerine çalışma yürütmüşlerdir. 25 örnek bölgesinde 15-30 birey üzerinden gerçekleştirmişlerdir. Moleküler varyansın analizi (AMOVA) programı aracılığı ile popülasyon genetiği analizi yapmışlar ve örnekler arasında önemli derecede genetik varyasyonların olduğunu saptamışlardır. *C. trifurcata*'nın popülasyonlar arasındaki tahmini gen akış ortalamasını 1.83 olarak belirlemişlerdir. Yaptıkları Mantel test neticesinde hem coğrafik hem de genetik uzaklık arasında korelasyon belirti

olmadığını görmüşlerdir. Bu bulguların *C. trifurcata* 'nın çok büyük bir kısmının genetik olarak heterojen olduğunu ve popülasyonlar arasında melezleşmenin olduğunu ortaya koymuşlardır.

Valmorbida ve ark. (2019) buğday, mısır, arpa gibi kültür bitkilerinde ciddi zarar yapan *Diloboderus abderus* zararlısının Arjantin, Paraguay, Uruguay ve Brezilya'nın güney kısmını içine alan bölgeden topladıkları böcek örneklerinin genetik yapısının belirlenmesi ve genetik çeşitliliğin araştırılması amacıyla mtDNA'nın *COI* bölgesinin PCR ile çoğaltılması ve dizilenmesi üzerine çalışmışlardır. Bahsi geçen bölgelerden toplanan *D. abderus* örneklerinin 6 popülasyonundan 600 bç uzunluğunda 32 adet dizileme yapılmış. Haplotip ve nükleotid çeşitliliği sırasıyla 0.88 ve 0.0158 olarak hesaplanmıştır. Haplotip çeşitliliği 0.286 ile 1 arasında değişirken, nükleotid çeşitliliği 0.0071 ile 0.0189 arasında değiştiği görülmüştür. Genetik farklılık, Uruguay popülasyonu ile diğer popülasyonlar arasında önemli derecede farklı bulunmuştur. Genetik farklılaşma (F_{ST}) ve coğrafik uzaklık ($Z=3179.21$, $r=0.3447$, $p=0.1010$) arasında önemli bir fark bulunmadığını beyan etmişlerdir ($P<0.05$).

Sezonlin ve ark. (2006), Afrika'da mısır ve sorgumda ciddi zararlar oluşturan *Busseola fusca* zararlısının Afrika'nın doğu, merkez ve batısından seçilen 52 örnekleme noktasından 2001-2003 yılları üretim sezonunda larva örnekleri alınmıştır. Laboratuvara getirilen larvalar konukçu bitki üzerine bırakılarak ergin olmaları sağlanmış. Ergin böceklerden elde edilen total DNA kit yardımıyla elde edilmiş ve PCR işlemlerinden sonra hedeflenen mtDNA *sitokrom b* bölgesi çoğaltılmıştır. Batı Afrika ile Doğu Afrika popülasyonlarının arasında önemli farklılıkların hesaplandığı çalışma sonunda yine bu iki bölgede bulunan popülasyonlar arasında önemli genetik farklılaşmalar görülmüştür. Filogenetik ve filocoğrafik analizler Batı Afrika'da bir ve Kenya'da iki adet olmak üzere popülasyonları üç mitokondriyal kümeye ayırmıştır.

Ndiaye ve Sembène (2018) Afrika'nın iki farklı biyocoğrafik bölgesi (Merkez ve Batı Afrika)'nde bulunan *Sitophilus zeamais* popülasyonlarının filocoğrafik ve genetik yapılarının karakterize edildiği çalışmada *Cytochrome B*, *Cytochrome oxidase I* ve *matris* gen bölgelerinin sekansları kullanılmıştır. Analiz sonunda 30 yeni haplotip elde edilmiş ve yüksek oranda polimorfizm olduğu belirlenmiştir ($P_i=0.005\pm0.001$). Veriler değerlendirildiğinde bölgeler arasında filocoğrafik ilişki olmayan genetik bir yapının olduğunu göstermektedir. Bayesian filogenetik yaklaşımlar, moleküler tarihlleme ve

nötürlük testlerinin yorumlanması sonucu Pleistosen (buzul) çağında yaşanan bottleneck (dar boğaz etkisi)'ten bu yana kendiliğinden 4 ana kümeye ayrıldığı sonucuna varılmıştır.

Goftishu ve ark. (2019), *Sesamia nonagrioides* (mısır koçan kurdu) Afrika, Orta Doğu ve Avrupa ülkelerinde yayılış gösteren önemli bir mısır zararlısı iken İran'da da şeker kamışında zararlı olduğu beyan edilmiştir. 2015 yılında yapılan son surveylerde Etiyopya'da şeker kamışında görülmüş ve Botswana'da da ilk kayıt olarak literatüre geçmiştir. Yeni kayıt olan bölgelerde görülen bu zararlı ile daha önceden kayıt edilenler arasında genetik ilişkisinin belirlenmesi amacıyla mtDNA'nın *COI* bölgesi belirteç olarak kullanılmıştır. 113 bireyin ele alındığı genetik analizlerde 63 haplotip tanımlanmıştır. Filogenetik analiz, popülasyonları belirgin bir coğrafi dağılım ilişkisi olmadan iki kısma ayırmış ancak oluşan bu genetik farklılıkta coğrafik uzaklığın ve konukçu bitki ilişkisinin olmadığı görülmüştür. Moleküler analiz sonuçları *S. nonagrioides* popülasyonlarının uzun bir süredir orada olduğunu ortaya koymuştur.

Li ve ark. (2014), mısır tarlalarında oldukça önemli bir zararlı olan *Ostrinia furnacalis*'in Çin ve Kuzey Kore'den alınan örnekleri ile popülasyonlarının genetik yapısı ve popülasyon durumunun incelendiği çalışmada 4 farklı gen bölgesi karşılaştırılmıştır. Mitokondriyal DNA *COI*, *COII* ve NADH *dehydrogenase subunit 1* ve *subunit 5* gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılması sağlanmış ve sonuçlar analiz edilmiştir. Buna göre Çin'den alınan 33 nokta ve Kuzey Kore'den alınan 1 noktadaki popülasyonlar arasında genetik farklılık düşük bulunmuştur ($F_{ST}=0.020$, $P<0.05$). Çalışmadaki diğer verilerde göz önüne alındığında Çin'deki *O. furnacalis* popülasyonları arasındaki gen akışının kuzeydoğu bölgeler hariç diğer bölgeler arasında yüksek olduğu anlaşılmıştır.

Todisco ve ark. (2012) yaptıkları çalışmalarında *Parnassius phoebus*'un holarktik dağılımları boyunca mitogenetik yapısının tanımlanmasını sağlamayı amaçlamışlardır. Analizlerinde Alpin kelebeklerinin (*P. phoebus*) mitokondriyal DNA'larında meydana gelen değişimleri incelemişlerdir. Örnekler holarktik bölge boyunca bulunan dağlardan toplandığı bildirilmiştir. 72 farklı noktadan toplanan 203 örnekten elde edilen total DNA'nın mtDNA *COI* bölgesinden 824 bp bölge çoğaltılmış ve bu diziler daha önceden elde edilen 499 örnekten elde edilen diziler ile karşılaştırılmıştır. Çalışma sonunda Kuzey Amerika ile Avrupa (Alaska dâhil) arasında iki farklı yapı olduğu gözlemlenmiştir.

Yang ve ark. (2017) Kuzey Amerika orijinli istilacı bit tür olan *Corythucha ciliata*'nın çınar ağaçlarında ciddi zararlar oluşturduğu bildirilmiştir. Yapılan çalışmada

bu türün genetik yapısı, dağılımı ve istila durumu üzerine çalışılmıştır. Genetik yapının belirlenmesinde mitokondriyal DNA'nın üç bölgesi (*COI*, *ND1*, *ND5*) ve 9 mikrosatellit markör kullanılmıştır. SAMOVA analizinde F_{ST} değerinin yüksek olduğu (0.77243) 23 popülasyonun 4 gruba ayrıldığı görülmüştür. AMOVA analizinde varyasyonun % 73 oranında gruplar arasında meydana geldiği bildirilmiştir. *C. ciliata* için daha önce bulunan sonuçlarda Avrupa ve Çin popülasyonları arasında genetik çeşitliliğin düşük seviyelerde olduğu beyan edilmiş. Bu çalışmada da *C. ciliata* popülasyonlarının belirgin bir genetik yapıya sahip olduğu ve genetik farklılığın coğrafik izolasyondan kaynaklanmadığı bildirilmiştir.

Yang ve ark. (2016) tahıl depolarında yaygın dağılışı gösteren *Cheyletus malaccensis* avcı bir akar türüdür ve önemli bir biyolojik savaş ajanıdır. Çin'de dağılışı gösteren *C. malaccensis* popülasyonlarının genetik yapısını belirlenmesi amacıyla mtDNA *COI* ve *12S* rRNA gen bölgesi kullanılmıştır. 34 depodan 256 örnek toplanmış ve analizler sonrasında *COI* gen bölgesinden 50 haplotip, *12S* rRNA gen bölgesinden 9 haplotip elde edilmiştir. Haplotiplerin kümelenmeleri coğrafi dağılım ile ilişkilendirilememiştir. AMOVA sonuçlarına göre genetik farklılık popülasyonlar arasında nispeten düşük çıkarken popülasyonlar içinde önemli genetik farklılık görülmüştür.

Choudhary ve ark. (2019) mango zararlısı *Amritodus atkinsoni* Hindistan'da manganın ana zararlısı olarak literatürde geçmektedir. Altı farklı popülasyondan toplanan örneklerin genetik çeşitliliği ve popülasyon yapısının belirlenmesi amacıyla mtDNA *COI* bölgesi çoğaltılmış ve analiz edilmiştir. Nükleotid çeşitliliği düşük bulunurken 14 yeni haplotip ile karşılaşmıştır. Ayrıca yapılan analizler sonucu bu zararlı türün diğer türlerden yüksek derecede doğruluk ile ayrıştığı bildirilmiştir.

Günümüzde Avrupa'nın ortasında ve kuzeyinde bulunan popülasyonların, buzul dönemlerde Anadolu'da barınmış popülasyonlardan giden öncüler tarafından meydana geldikleri görüşü hâkimdir (Altun ve ark. (2018)). Bu çalışmada Anadolu'nun tarihsel biyocoğrafyası ve genetik çeşitliliğini araştırmak amacıyla Karadeniz Bölgesi'nde yayılışı gösteren *Bombus lapidarius* 14 civarındaki popülasyonundan *COI* ve *Nctb* gen bölgeleri üzerine çalışılmıştır. Analiz sonuçlarında her iki gen bölgesi için haplotip sayısı ve popülasyonlar arasında genetik farklılaşmanın yüksek olduğu görülmüştür. Bazı doğu

popölasyonlarının dięer popölasyonlardan oldukça farklı olduęu görölmektedir. Bu farklılık coęrafik yayılıř örüntöleri ile ilişkilidir.





3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Çalışma Alanı ve Örneklerin Toplanması

Çalışma, Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve Doğu Karadeniz Bölgeleri'nde bulunan 30 il (Adıyaman, Ağrı, Ardahan, Artvin, Batman, Bayburt, Bingöl, Bitlis, Diyarbakır, Elazığ, Erzincan, Erzurum, Gaziantep, Giresun, Gümüşhane, Hakkari, Iğdır, Kars, Kilis, Malatya, Mardin, Muş, Ordu, Rize, Siirt, Şanlıurfa, Şırnak, Trabzon, Tunceli, Van) ve bu illere bağlı toplam 167 ilçede yaklaşık 22000 km yol kat edilerek toplam 330 noktada örnekleme yapılmıştır. Çalışma bölgesi ülkemizin toplam yüzölçümünün % 42'sini kapsayan geniş bir bölümünü oluşturmaktadır. Doğu Karadeniz Bölgesi'nde Trabzon ve Rize için TÜİK bitkisel üretim verilerine göre buğday ekimi yapılmamaktadır. Diğer Doğu Karadeniz illerinin iç kısımları hariç sahil taraflarında buğday ekim alanları ile karşılaşılmamış, Ordu, Giresun ve Artvin İl Tarım Müdürlüğü ile yaptığımız görüşmeler sonucunda sahil bandında buğday üretiminin olmadığı teyit edilmiştir.

Örneklemenin yapıldığı il ve ilçelerin buğday ekimine ait istatistik bilgileri Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) veri tabanından elde edilmiştir (TÜİK, 2018). Buğday ekilen alanların sayısal değerleri üzerinden oranlamalar yapılarak ziyaret edilecek olan tarla sayıları belirlenmiştir. Örnekleme 2019 yılı Mart-Ağustos aylarında yapılmış, her bölgeye Zadoks büyüme skalasına göre (Zadoks ve ark., 1974) bitkinin kardeşlenme-sapa kalkma ve başaklanma dönemleri esas alınarak iki farklı zamanda gidilmiştir. Hedeflenen bölgeye ulaşıldığında il veya ilçe sınırları içerisinde bulunan ilk tarlaya rastlandığında örnekleme kriterlerine uygun (tarla alanı, vejetatif gelişme ve yabancı ot durumu) olarak örnekleme başlanmış, sonraki örnekleme noktaları arasında ortalama 20 km mesafe bırakılarak örnekleme devam edilmiştir. Her bir tarlada *C. pygmeus*'un yayılışını ve yoğunluğunu tespit etmek amacıyla tarlanın genelini temsil edecek şekilde uygun istikametlerde 35 cm çaplı ve tül torbalı standart atrap yardımıyla 200 defa atraplama yapılmıştır. Örneklemeden sonra atrap torbasına toplanan tüm böcekler, içerisinde etil asetat (EtOAc) bulunan öldürme şişelerinin içerisine tül ile beraber konularak kapağı kapatılmıştır. Böceklerin ölmesi için gerekli olan ortalama 15 dakikalık süre bekledikten

sonra atrap torbası içerisinde bulunan bitki parçaları vs. uzaklaştırılmış, geriye kalan tüm böcekler küçük bir kaba alınmıştır. Elde edilen bu böcekler hızlıca gözle kontrol edilerek içlerinde bulunan *C. pygmeus* örnekleri, içerisinde % 99'luk ethanol (EtOH) bulunan 2 ml'lik vida kapaklı tüp içerisine alınmıştır. Daha sonra örnekleme yapıldığı tarla GPS cihazı (Garmin BaseCamp) ile işaretlenmiş (Şekil 3.1) ve ilgili tarlaya bir lokasyon numarası verilmiştir. Tarlaya ait lokasyon numarası böcek örneklerinin bulunduğu tüplerin hem üzerine asetat kalem yardımı ile yazılmış ve hem de bir kâğıda kurşun kalem ile yazılarak tüpün içerisine bırakıldıktan sonra tarlaya ait tüm bilgiler arazi defterine işlenmiş ve örnekleme tamamlanmıştır. Araziden döndükten sonra tüplerde bulunan *C. pygmeus* örnekleri tekrar kontrolden geçirilerek alkollerini yenilenmiş ve daha sonra değerlendirilmek üzere -20 °C derin dondurucu dolaba konulmuştur.



Şekil 3.1 Örnekleme yapılan tarlaların GPS ile tespit edilen konumları (Garmin BaseCamp v4.6.2).

3.2 *Cephus pygmeus*'un Yayılış ve Yoğunluğunun Belirlenmesi

Ekin sap arısı, *C. pygmeus*'un çalışma bölgesinde yayılış gösterdiği alanları belirlemek amacıyla araziden getirilen örnekler morfolojik olarak teşhis edilmiş ve her bir lokasyona ait GPS verileriyle birlikte Microsoft Excel paket programında açılan yeni bir sayfaya kaydedilmiştir. Microsoft Excel programı menülerinde yer alan 3D harita seçeneği kullanılarak *C. pygmeus*'un yayılış gösterdiği iller haritalandırılmıştır. Yine aynı

program üzerinden koordinat verilerini ondalık derece (decimal degree) olarak kaydedilen enlem ve boylam bilgilerine örnek sayıları eklenerek *C. pygmeus*'un yoğunluğunu gösteren harita oluşturulmuştur.

3.3 DNA Analizleri

3.3.1 Popülasyonların oluşturulması ve DNA izolasyonu

Ekin sap arısının genetik yapısının incelenmesi için oluşturulan popülasyonlar çalışma bölgesinin genelini temsil edecek şekilde ve bölgeler arası izolasyon kaynakları (dağ, vadi, akarsu) göz önüne alınarak belirlenmiştir (Şekil 3.2, Çizelge 3.1).

Böcek organından DNA'nın izole edilmesi amacıyla Aljanabi ve Martinez (1997) tarafından geliştirilen tuzla çöktürme (salting out) metodu üzerinde bazı değişiklikler yapılarak kullanılmıştır. Saf alkol içerisinde saklanan örneklerden alkolün uzaklaştırılması amacıyla böcekler tüplerden çıkartılarak kurutma kâğıdı üzerinde bekletilmiştir. Daha sonra her bir örnekleme noktasına ait *C. pygmeus* dişi veya erkek bireylerinden ikişer adet böceğin sağ ya da sol tarafından birer set bacakları (ön, orta, arka) pens yardımıyla koparılmış ve mikrosantrifüj tüpüne konularak distile su (dH₂O) ile yıkanmıştır. Yıkama işleminden sonra suyu uzaklaştırılan bacaklar mikrosantrifüj tüp içerisinde -80 °C'de iyice sertleşmesi ve kırılganlıklarının arttırılması amacıyla en az 5 saat bekletilerek donmaları sağlanmıştır. Ultra soğuk dondurucudan (-80 °C) alınan tüpler metal pestil çubukları yardımıyla iyice ezilerek ufalanmış ve toz haline getirilmiştir. Toz haline getirilen böcek dokusunun üzerine 300 µl TNES tamponu (50 mM Tris-Cl, pH: 7.5; 400 mM NaCl; 20 mM EDTA, pH: 8.0; % 0.5 SDS) ve 5 µl proteinaz-K (20 mg/ml) eklenerek tüplerin kapakları kapatılmış ve parafilm ile kaplanarak 37 °C de 10-18 saat inkübasyona bırakılmıştır. Daha sonra parafilmier açılarak tüplerin içerisine 85 µl, 5 M NaCl eklenmiş ve 15 sn vortex yapılarak karıştırılması sağlanmıştır. İçerisine NaCl eklenen tüpler 14000 rpm'de 5 dk. santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrasında dibe çöken kısım oynatılmadan üst faz (süpernatant) dikkatlice alınarak yeni bir tüpe aktarılmış ve üzerine bir hacim kadar % 99'luk soğuk ethanol eklenmiştir. Ethanol eklenen bu tüpler soğutuculu santrifüj cihazında (4 °C) 15000 rpm'de 7 dk. santrifüj edilmiştir. Bu uygulamadan sonra oluşan pelete hiç temas edilmeden tüp içindeki bütün sıvı boşaltılmış

ve yeniden yıkama işlemi için % 70'lik soğuk etanol eklenerek tekrar soğutuculu santrifüj cihazında (4 °C) 15000 rpm'de 2-3 dk. santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrası kalan etanolün tamamen uzaklaştırıldıktan ve peletin kuruması beklendikten sonra DNA'nın çözündürülmesi için 35 µl 1x TE (10mM Tris-Cl pH: 7.5; 1mM EDTA) tamponu eklenmiş ve daha sonra tüpler -20 °C soğutuculu dolaba konulmuştur. İzolasyon işleminden sonra elde edilen DNA'nın konsantrasyon tayinleri ve saflık dereceleri nanodrop cihazı yardımıyla ölçülerek kaydedilmiştir.



Şekil 3.2. Farklı coğrafik özelliklerine göre oluşturulan bölgesel popülasyonlar (105 noktadan oluşan 25 popülasyon).

Çizelge 3.1. DNA analizleri yapılan popülasyonlar

Lokasyon Adı	GPS kodu	Enlem - Boylam	Rakım (m)	Birey sayısı	Pop. adı
Kilis-Merkez-1	902	N36° 49.933' E36° 47.287'	683	7	P-1
Kilis-Merkez-2	903	N36° 48.387' E36° 57.793'	457	33	P-1
Kilis-Merkez-3	901	N36° 51.235' E36° 34.934'	401	5	P-1
Kilis-Elbeyli-1	905	N36° 40.027' E37° 24.653'	505	10	P-1
Kilis-Elbeyli-2	906	N36° 41.362' E37° 28.368'	525	85	P-1
Gaziantep-İslahiye	900	N37° 07.214' E36° 40.549'	518	4	P-2
G.antep-Nurdağı-1	50	N37° 09.790' E36° 47.788'	513	2	P-2
G.antep-Nurdağı-2	51	N37° 10.706' E36° 58.642'	1066	5	P-2
G.antep-Nurdağı-3	899	N37° 09.623' E36° 53.598'	899	22	P-2
G.antep-Şehitkamil-1	52	N37° 10.491' E37° 05.909'	1086	1	P-2
G.antep-Şehitkamil-2	897	N37° 09.466' E37° 16.634'	931	6	P-2
G.antep-Şehitkamil-3	898	N37° 10.233' E37° 02.755'	1117	5	P-2
Mardin-Derik-1	916	N37° 12.192' E40° 11.807'	469	4	P-3
Mardin-Derik-2	918	N37° 11.712' E40° 21.374'	485	2	P-3
Mardin-Kızıltepe-1	919	N37° 11.505' E40° 29.742'	461	31	P-3
Mardin-Kızıltepe-2	920	N37° 14.699' E40° 38.871'	539	8	P-3
Şanlıurfa-Viranşehir-1	914	N37° 13.739' E39° 40.706'	563	14	P-3
Şanlıurfa-Viranşehir-2	915	N37° 13.383' E39° 53.112'	552	31	P-3
Şanlıurfa-Merkez-1	910	N37° 07.358' E38° 49.549'	464	8	P-3
Şanlıurfa-Merkez-2	912	N37° 06.995' E39° 03.381'	433	58	P-3
Şanlıurfa-Merkez-3	913	N37° 10.481' E39° 11.269'	517	18	P-3
Şanlıurfa-Suruç	909	N37° 02.989' E38° 16.630'	621	12	P-3
Şanlıurfa-Birecik	908	N37° 03.330' E38° 08.788'	745	28	P-3
Batman-Merkez-1	13	N37° 53.847' E41° 13.185'	729	29	P-4
Batman-Merkez-2	886	N37° 49.949' E41° 13.144'	631	5	P-4
Batman-Beşiri-1	9	N37° 57.529' E41° 23.121'	613	1	P-4
Batman-Beşiri-2	11	N37° 55.578' E41° 17.920'	703	3	P-4

Çizelge 3.1. DNA analizleri yapılan popülasyonlar (devam)

Lokasyon Adı	GPS kodu	Enlem - Boylam	Rakım (m)	Birey sayısı	Pop. adı
Diyarbakır-Silvan	74	N38° 04.691' E40° 40.736'	706	1	P-4
Diyarbakır-Bağlar	73	N38° 01.213' E40° 28.310'	695	3	P-4
Diyarbakır-Ergani	888	N38° 14.518' E39° 41.299'	853	1	P-4
Diyarbakır-Bismil	887	N37° 50.136' E40° 34.665'	551	10	P-4
Şanlıurfa-Siverek-1	66	N37° 48.545' E39° 11.195'	755	1	P-4
Şanlıurfa-Siverek-2	67	N37° 46.369' E39° 16.836'	757	2	P-4
Şanlıurfa-Siverek-3	68	N37° 46.072' E39° 25.866'	939	2	P-4
Gaziantep-Araban-1	55	N37° 24.493' E37° 36.699'	556	10	P-5
Gaziantep-Araban-2	894	N37° 27.273' E37° 42.337'	564	11	P-5
Gaziantep-Araban-3	895	N37° 25.216' E37° 37.807'	547	18	P-5
Adıyaman-Merkez-1	889	N37° 46.894' E38° 25.558'	694	36	P-5
Adıyaman-Merkez-2	891	N37° 42.928' E38° 08.264'	661	27	P-5
Adıyaman-Besni-1	892	N37° 43.272' E37° 57.155'	665	8	P-5
Adıyaman-Besni-2	893	N37° 38.091' E37° 46.345'	807	7	P-5
Şırnak-İdil-1	28	N37° 11.535' E41° 53.679'	645	2	P-6
Şırnak-İdil-2	924	N37° 20.229' E41° 54.145'	737	5	P-6
Şırnak-İdil-3	923	N37° 19.119' E41° 43.388'	809	1	P-6
Mardin-Midyat-1	921	N37° 24.527' E41° 21.569'	930	4	P-6
Mardin-Midyat-2	922	N37° 24.149' E41° 23.100'	919	21	P-6
Batman-Gercüş	19	N37° 30.375' E41° 21.477'	966	2	P-6
Şırnak-Silopi-1	25	N37° 15.569' E42° 22.908'	458	7	P-7
Şırnak-Silopi-2	926	N37° 16.064' E42° 18.049'	371	3	P-7
Şırnak-Cizre-1	27	N37° 15.624' E42° 07.445'	499	2	P-7
Şırnak-Cizre-2	925	N37° 18.336' E42° 13.535'	426	7	P-7
Şırnak-Merkez-1	929	N37° 29.984' E42° 24.723'	908	15	P-8
Şırnak-Merkez-2	930	N37° 31.368' E42° 26.090'	1231	4	P-8
Şırnak-Merkez-3	931	N37° 35.812' E42° 23.265'	1128	3	P-8

Çizelge 3.1. DNA analizleri yapılan popülasyonlar (devam)

Lokasyon Adı	GPS kodu	Enlem - Boylam	Rakım (m)	Birey sayısı	Pop. adı
Siirt-Eruh-1	935	N37° 49.809' E42° 09.234'	843	1	P-9
Siirt-Eruh-2	934	N37° 48.377' E42° 10.458'	808	2	P-9
Siirt-Eruh-3	933	N37° 45.486' E42° 10.817'	1111	2	P-9
Siirt-Eruh-4	932	N37° 41.422' E42° 17.623'	1364	1	P-9
Siirt-Baykan-1	1	N38° 06.700' E41° 43.266'	706	13	P-10
Siirt-Baykan-2	80	N38° 08.016' E41° 40.022'	775	1	P-10
Siirt-Baykan-3	82	N38° 07.315' E41° 42.059'	724	2	P-10
Siirt-Merkez-1	2	N37° 57.666' E41° 47.851'	562	3	P-10
Siirt-Merkez-2	937	N37° 57.145' E41° 48.816'	641	18	P-10
Siirt-Merkez-3	936	N37° 56.641' E41° 53.844'	819	16	P-10
Siirt-Merkez-4	4	N37° 56.850' E41° 55.740'	872	1	P-10
Van-Tuşba-1	83	N38° 38.387' E43° 17.863'	1721	1	P-11
Van-Tuşba-2	84	N38° 43.440' E43° 20.402'	1743	3	P-11
Van-Tuşba-3	85	N38° 49.532' E43° 24.910'	1683	3	P-11
Van / Gevaş-1	117	N38° 19.660' E42° 56.126'	1608	1	P-11
Van / Gevaş-2	118	N38° 19.183' E42° 58.228'	1693	1	P-11
Van / Gevaş-3	119	N38° 18.428' E43° 00.604'	1672	1	P-11
Van / Gevaş-4	120	N38° 18.456' E43° 01.832'	1665	1	P-11
Van / Gürpınar	122	N38° 14.325' E43° 53.029'	2222	5	P-12
Van / Başkale	124	N37° 50.640' E44° 06.646'	1847	5	P-12
Ağrı / Patnos-1	136	N39° 12.305' E42° 49.600'	1633	1	P-13
Ağrı / Patnos-2	187	N39° 09.723' E43° 04.166'	1842	1	P-13
Muş / Bulanık	143	N39° 06.237' E42° 13.771'	1471	1	P-13
Van / Muradiye	87	N39° 05.154' E43° 48.018'	1909	2	P-13
Muş / Merkez-1	97	N38° 48.131' E41° 29.890'	1252	2	P-14
Muş / Merkez-2	99	N38° 52.455' E41° 28.698'	1270	4	P-14
Muş / Merkez-3	101	N38° 53.122' E41° 24.126'	1299	1	P-14

Çizelge 3.1. DNA analizleri yapılan popülasyonlar (devam)

Lokasyon Adı	GPS kodu	Enlem - Boylam	Rakım (m)	Birey sayısı	Pop. adı
Muş / Hasköy	96	N38° 39.217' E41° 45.910'	1277	1	P-14
Elazığ / Merkez	112	N38° 36.369' E39° 05.396'	1084	9	P-15
Elazığ / Karakoçan	103	N38° 55.233' E40° 03.726'	1126	5	P-15
Malatya / Merkez	116	N38° 24.006' E38° 21.296'	844	3	P-16
Iğdır / Merkez	89	N40° 00.696' E43° 53.529'	895	3	P-17
Erzurum / Horasan	185	N40° 03.976' E42° 13.962'	1538	2	P-18
Kars / Sarıkamış-1	182	N40° 25.304' E42° 44.598'	1897	5	P-19
Kars / Sarıkamış-2	183	N40° 19.471' E42° 39.162'	2059	2	P-19
Kars / Selim	181	N40° 29.508' E42° 52.544'	1857	4	P-19
Kars / Merkez	180	N40° 39.213' E43° 09.221'	1768	1	P-20
Kars / Susuz-1	179	N40° 44.923' E43° 12.734'	1704	25	P-20
Kars / Susuz-2	177	N40° 48.096' E43° 18.885'	1710	1	P-20
Kars / Susuz-3	178	N40° 45.695' E43° 16.694'	1656	3	P-20
Kars / Arpaçay	175	N41° 03.409' E43° 19.483'	1984	5	P-21
Ardahan / Çıldır-1	173	N41° 05.316' E43° 09.108'	2003	8	P-21
Ardahan / Çıldır-2	174	N41° 05.486' E43° 17.625'	1972	7	P-21
Ardahan / Merkez-1	167	N41° 09.913' E42° 35.893'	1845	4	P-22
Ardahan / Merkez-2	169	N41° 07.967' E42° 51.671'	1767	6	P-22
Erzurum / Aşkale-1	147	N39° 48.035' E40° 42.448'	1897	2	P-23
Erzurum / Aşkale-2	CÜ681	N39° 59' 43" E40° 54' 54"	1883	3	P-23
Erzincan / Tercan	CÜ181	N39° 38' 60" E39° 32' 60"	1152	2	P-24
Erzincan / Refahiye-1	154	N39° 54.161' E38° 48.866'	1623	2	P-25
Erzincan / Refahiye-2	CÜ500	N39° 50' 24" E39° 18' 36"	1441	3	P-25
Erzincan / Refahiye-3	CÜ680	N39° 51' 30" E38° 45' 17"	1663	2	P-25

3.3.2 Mitokondriyal ve çekirdek DNA içerisinde hedeflenen gen bölgelerinin polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile çoğaltılması

Filogenetik çalışmalar son zamanlarda genom karşılaştırmalarında vazgeçilmez bir araç olmaya başlamıştır (Whelan ve ark., 2001; Yang ve Rannala, 2012). DNA barkodlama genomik DNA'nın belli bir parçasının kullanılarak organizmaları tanımlamada veya farklı bölgelerdeki aynı tür bireyde meydana gelen genetik farklılıkları ortaya çıkarmada kullanılan etkili bir yöntemdir (Moritz ve Cicero, 2004; Hajibabaei ve ark., 2007). Filogenetik çalışmalarda ele alınan gen bölgelerinin yapısal ve fonksiyonel olarak korunmuş bölgeler olmasına dikkat edilmelidir (Simon ve ark., 1994). Bu sayede farklı coğrafyalardan toplanan örnekler arasında meydana gelmiş olan muhtemel genetik farklılıklar meydana çıkarılabilir. Bu amaç için kullanılan birçok gen bölgesi arasından *mitokondriyal sitokrom-c oksidaz alt birimi 1 (COI)* bölgesi 2003 yılında Hebert ve ark. (2003)'nın yaptıkları yoğun çalışmalar sonucunda hızlı ve güvenilir tanılama için uygun olduğu beyan edilmiştir (Yatkin ve Güz, 2018).

Böceklerde popülasyon genetiği çalışmalarında sıklıkla mtDNA'ya ait gen bölgeleri kullanılırken çekirdekte bulunan gen bölgelerinin de hem teorik hem de pratik olarak kullanılabileceği çeşitli araştırmacılar tarafından beyan edilmiştir (Friedlander ve ark., 1992; Brower ve Desalle, 1994; Martínez ve ark., 2010).

Farklı alanlardan toplanan ekin sap arısı, *C. pygmeus* bireylerinin ait oldukları popülasyonlar arasında genetik olarak farklılıkları belirlemek amacıyla mtDNA ve nDNA'dan toplam beş adet gen bölgesi polimeraz zincir reaksiyonu (PCR) ile çoğaltılmıştır. Bu gen bölgeleri mitokondriyal DNA'da bulunan *COI* (435 bp) ve *Nd6* (466 bp) ile nükleer DNA'da bulunan; *Efl-α* (*Elongation factor 1-alpha*), *Wnt* (sinyal yolağı) ve *VGSC* (Voltage-gated sodium (Nav) channels) sırasıyla 264, 332 ve 281 bp uzunluğunda olmak üzere toplam beş adet gen bölgesi *in vitro* koşullarda çoğaltılmıştır. Bu gen bölgelerinin çoğaltılması amacıyla kullanılan primer çiftleri Çizelge 3.2'de verilmiştir.

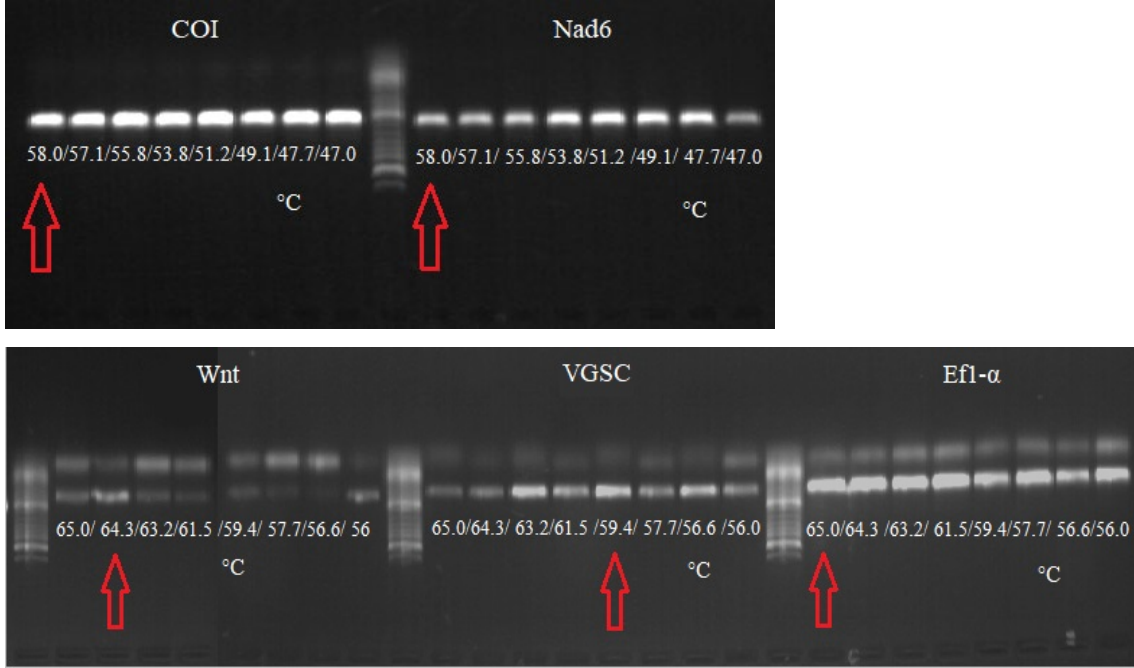
Çizelge 3.2. mtDNA ve nDNA'da hedeflenen gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılabilmesi amacıyla kullanılan primer çiftleri

Primer adı	Primer dizisi	T_M (°C)
<i>COI_F</i>	5'-GAGCTCCTGATATAGCATTC-3'	55.25
<i>COI_R</i>	5'-GTTGATATAAAATAGGATCTCCTC-3'	44.58
<i>Nd6_F</i>	5'-ATGTCAACAACACCCATTATTC-3'	52.01
<i>Nd6_R</i>	5'-GTTGAATCTATTAATATTTGATC-3'	49.95
<i>VGSC_606_F</i>	5'-TGAGAACTGGGAGCGATTTCG-3'	59.35
<i>VGSC_889_R</i>	5'-TGGAGCCGTATCCTTGGAGA-3'	59.35
<i>Wnt_F</i>	5'-GTACTGACTTACCCGGTGCC-3'	61.40
<i>Wnt_R</i>	5'-CTGGGTTTAACGCCGAAAGC-3'	59.35
<i>Efl_178_F</i>	5'-CTCGAAGAACGGACAGACCC-3'	59.35
<i>Efl_440_R</i>	5'-TCCATCCCTTGAACCATGGC-3'	59.35

Primer çiftlerinin T_M değerleri Eş. 3.1'deki formül kullanılarak hesaplanmıştır. Bu hesaplamada Marmur ve Doty (1962) GC içeriğini (% GC) belirli bir iyonik güçte uzun sarmal yapının T_M 'si ile ilişkilendirmek için bu formülü oluşturmuş daha sonra Chester ve Marshak (1993) primerlerin T_M 'sini tahmin etmek için primerin toplam uzunluğunu da formüle katarak bu formülü oluşturulmuştur.

$$T_M = 69.3 \text{ °C} + 0.41[\% (G+C)] - 650/\text{primer uzunluğu} \quad (3.1)$$

Yukarıdaki Çizelge 3.2'de verilen primerlerin PCR sırasında bağlanma sıcaklıklarını (T_A) belirlemek amacıyla gradient PCR (BIO RAD T100 Thermal Cycle) işlemi yapılmıştır. Gradient PCR işleminde uygun bağlanma sıcaklığını belirlemek için Eş 3.1'deki formülden elde edilen T_M sıcaklıkları referans alınarak gradient PCR cihazına alt ve üst sıcaklık değerleri girilmiş ve cihazın belirlediği sıcaklık aralıkları kaydedilmiştir. PCR reaksiyonları tamamlandıktan sonra sırasıyla tüpler cihazdan alınmış ve uygun reaksiyonun hangi sıcaklıkta gerçekleştiğini belirlemek amacıyla % 1'lik agaroz jel ortamında PCR ürünleri yürütülmüş ve jel görüntüsünün fotoğrafı UV altında çekilerek kaydedilmiştir (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. Gradient PCR ürünlerinin % 1'lik agaroz jel görüntüleri.

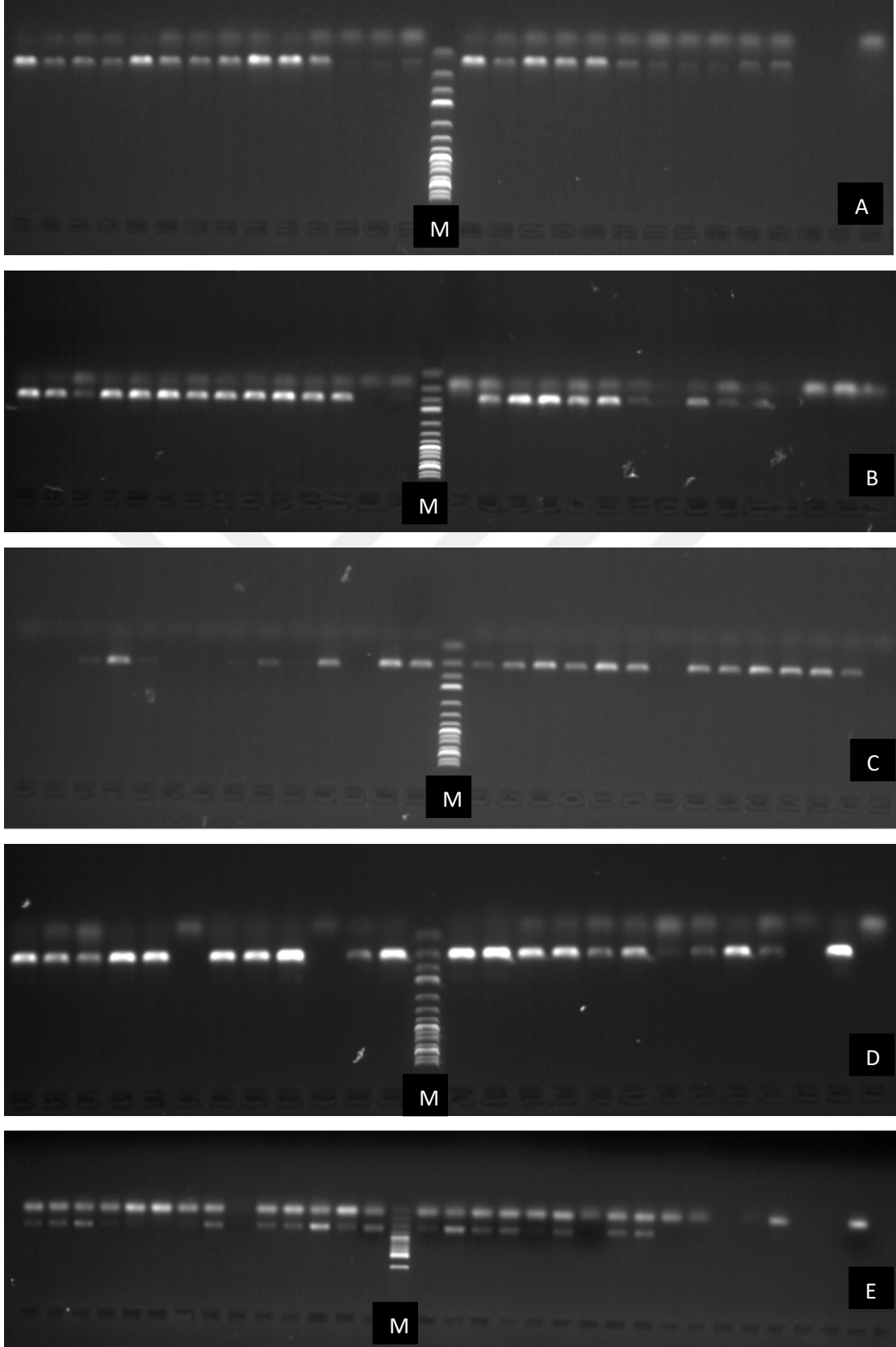
Primerlerin bağlanma (annealing) sıcaklıkları belirlendikten sonra *in vitro* koşullarda PCR reaksiyonlarının hazırlanmasına geçilmiştir. Her bir PCR reaksiyonu 25 µl son hacim için hesaplanmıştır. PCR reaksiyonu içerisine 2.5 µl 10X reaksiyon tamponu (100Mm Tris-HCl, pH 8.8, 500 Mm, KCl, % 0.8 Nonidet P40), 3 µl 25 mM MgCl₂, 10 mM her bir dNTP (Thermo Scientific), 10 pmol'e seyreltilmiş primerlerin her birinden 0.5 µl (Sentebiolab, Ankara) ve önceden izole edilen kalıp DNA'dan her bir reaksiyon için 2 µl tüplere eklenmiştir. Hazırlanan 25 µl son hacimli reaksiyon içerisine 0.625 U *Taq* DNA polimeraz (Thermo Scientific) eklenerek PCR reaksiyonu hazır duruma getirilmiştir. PCR reaksiyonları ProFlex marka PCR aletinde Çizelge 3.3'teki koşullar altında gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 3.3. PCR reaksiyon koşulları

	<i>COI</i>	<i>Nd6</i>	<i>Efl- α</i>	<i>VGSC</i>	<i>Wnt</i>	döngü
Başlangıç denatürasyonu			94 °C 5 dk			x1
Denatürasyon			95 °C 30 s			x35
Primer bağlanma (Annealing)	58 °C	58 °C	65 °C	59,4 °C	64,3 °C	
Uzama-sentez (Extension)			72 °C 45 s			
Son uzama (Final extension)			72 °C 5 dk			x1

3.3.3 Agaroz jel elektroforez ile görüntüleme

Gen bölgelerinin *in vitro* çoğaltma ürünleri % 1'lik agaroz jel elektroforezinde yürütülerek, istenilen gen bölgeleri için hazırlanan PCR reaksiyonlarının gerçekleşme durumları, istenilen uzunluk, yeterli oran ve yeterli saflıkta olup olmadıkları kontrol edilmiştir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. A: *COI*, B: *Nd6*, C: *Wnt*, D: *VGSC*, E: *Efl-α* ait PCR sonrası jel görüntüleri (M: 100 bp uzunluğunda DNA markörü)

3.3.4. PCR ile çoğaltılan hedef gen bölgelerinin yeni nesil dizileme (NGS) ile dizilerin açığa çıkartılması

Yeni nesil dizileme (next-generation sequencing-“NGS”) teknolojisi, tek bir örneğe ait DNA parçasının enzimatik reaksiyonlar ile kesilerek milyonlarca parçaya ayrılması ve bu DNA parçalarının paralel sekanslanması ile aynı anda birden çok kez okunmasına olanak sağlamaktadır (Buermans ve Den Dunnen, 2014). Her bir nükleotidin defalarca okunabilmesine olanak sağlayan bu teknoloji sayesinde genlerde meydana gelen tüm varyasyonlar güvenilir şekilde belirlenebilmektedir (McCormack ve ark., 2013; Luk ve ark., 2015).

Hedeflenen gen bölgelerinin çoğaltılması amacıyla primer diyazını yapıldıktan sonra tasarlanan ileri ve geri primer çiftlerinin 5' uçlarına adaptör diziler eklenmiştir. Adaptör dizilerin dâhil edildiği primerler ile PCR işlemleri yapılmış ve elde edilen ürünlerin jel görüntüleri incelenerek sekans işlemine geçilmiştir.

Adaptörlü primerler ile çoğaltılan PCR ürünleri, kütüphane hazırlık reaksiyonlarından önce SeraMag manyetik boncuk kullanılarak primer kalıntılarının uzaklaştırılması için saflaştırılmıştır. Saflaştırılan PCR ürünleri ile Illumina Nextera XT DNA Library Prep kit kullanılarak kütüphane hazırlığı yapılmıştır. Oluşturulan kütüphanelerin konsantrasyon ve kantite tayini Qsep100 Bioanalyzer sistemi ile ölçülmüştür. Elde edilen dizilere hangi lokaliteye ve hangi gen bölgesine ait dizi olduğunun anlaşılması için 5' bölgelerinde bulunan adaptörlere indeksler eklenerek diziler etiketlenmiştir. Kalite ve konsantrasyonu ölçülen kütüphanelerin index primerlerden uzaklaştırılması için manyetik boncuk ile saflaştırma basamağı tekrarlanmıştır. Kütüphane örneklerinin normalizasyon basamağındaki gerekli konsantrasyon ölçümleri Qubit Florometre 4.0 ile tayin edilerek 12 pM'lık son konsantrasyona sahip total kütüphane hazırlanmıştır. Sivas Cumhuriyet Üniversitesi İleri Teknoloji Uygulama ve Araştırma Merkezi (CÜTAM) bünyesinde bulunan Illumina Miseq platformunda gerçekleştirilen dizileme işlemi için Miseq Reagent Kit v2 500 döngü kullanılarak 250 döngü ileri ve geri yönlü okumalar gerçekleştirilmiştir. Dizileme analizi sonucunda ham okumalar Fastq formatında elde edilerek ileri analizler için kullanılmıştır.

3.4. Veri Analizleri

3.4.1. Genetik çeşitlilik analizleri

Çalışma kapsamında *C. pygmeus* popülasyonları arasındaki genetik çeşitliliğin ve genetik yapılanmanın açığa çıkarılması amacıyla seçilen beş farklı gen bölgesi için genetik çeşitlilik analizleri farklı biyoinformatik yaklaşımlara başvurulmuş ve yapılmıştır.

Çalışma bölgesi genelinde oluşturulan 25 popülasyon içerisinde yer alan toplam 105 lokaliteye ait ikişer adet böcekten elde edilen doku parçalarından DNA izolasyonu ve sonrasında PCR ile hedef gen bölgelerinin çoğaltım işlemleri yapılmıştır. Her bir lokaliteye ait iki bacağın sekanslarının farklılık göstermesi durumunda elde edilen konsensüs dizilerde dejenere nükleotid ile karşılaşılmış ve ilgili lokalitenin ham diziler gözle kontrol edilerek anlamlı sayıda farklı nükleotid içermesi halinde söz konusu lokalitenin sayısı dejenere nükleotid sayısı kadar artırılmıştır. Çalışmada mitokondri (mtDNA) ve çekirdek (nDNA) genomları olmak üzere 5 farklı gen bölgesinden [*mtDNA* (*COI*, *Nd6*), nDNA (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*)] diziler elde edilmiştir. Yeni nesil dizileme (NGS) sonrasında Illumina Miseq cihazından ham veriler alınarak ön hazırlık işlemleri (gözle kontrol) yapılmış ve dizilere ait konsensüsler oluşturulmuştur.

Popülasyon içi ve popülasyonlar arası nükleotid çeşitliliği (P_i ve θ_{TT}), haplotip çeşitliliği (H_d), Haplotip sayısı (H), popülasyonlara özgü haplotip sayısı (H_U) ve ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı k hem mtDNA'ya ait *COI* ve *Nd6* hem de nDNA'ya ait *Efl-α*, *VGSC* ve *Wnt* gen bölgeleri için ayrı ayrı hesaplanmıştır (Tajima, 1983). Hesaplamalar DnaSP v6.12.03 (Rozas ve ark., 2017) ve Arlequin v3.5.2.2 (Excoffier ve ark., 2005) programları kullanılarak yapılmıştır. Aynı gen bölgeleri için nükleotid çeşitliliğinin seçilim baskısına maruz kalıp kalmadığını belirlemek amacıyla nötralite testleri uygulanmıştır. Nötralite testlerinin hesaplanması için Arlequin v3.5.2.2 programından faydalanılmış ve Tajima'nın D (Tajima, 1989) ile Fu'nın F_s (Fu, 1997) istatistik değerleri elde edilmiştir. Hesaplamalar % 5 güven aralığında ve 1000 tekrarlı olarak yapılmıştır.

3.4.2. Coğrafik genetik yapılanma

Çalışma kapsamında oluşturulan popülasyonların genetik ilişkisi üzerindeki coğrafyanın etkisini araştırmak amacıyla moleküler varyansın mekânsal analizi, SAMOVA v2.0 programı kullanılmıştır (Dupanloup ve ark., 2002). Bu yazılım ile yapılan hesaplamalar sonucunda elde edilen total genetik varyans oranının (Φ_{CT}) en yüksek olduğu durumda coğrafik açıdan homojen ve genetik olarak ise farklılaşmış popülasyon gruplarını işaret etmektedir. Popülasyon gruplarına yönelik herhangi bir ön tanımlama yapılmadan popülasyonların sadece coğrafik konumları ve nükleotid verileri üzerinden analizlerinin yapıldığı bir programdır. Programda Φ istatistik analizleri ilk yapılandırma sayısı 100 rasgele başlangıç olarak seçilmiş ve anlamlılık düzeyi 1000 permütasyon kullanılarak hesaplatılmıştır. Grup sayısı 2 seçilerek ($K=2$) analiz başlatılmış daha sonra grup sayısı 10'a kadar ($K=10$) arttırılarak devam edilmiştir.

Popülasyonların genetik farklılaşmaları (F_{ST}) Arlequin v3.5.2.2 (Weir ve Cockerham, 1984) programı yardımıyla ikili (pairwise) olarak hesaplanmıştır. Genetik farklılaşma değerlerinin anlamlılık değerleri 1000 rastgele permütasyon olarak hesaplatılmıştır. Temel bileşen analizleri için (PCoA) F_{ST} değerleri kullanılarak GenAlEx v6.5 (Peakall ve Smouse, 2006) programı aracılığı ile popülasyonlar arasında genetik ilişkiye ait görseller oluşturulmuştur. Ayrıca genetik yapılanma oluşumunda coğrafik uzaklıkla genetik uzaklık arasında herhangi bir ilişkinin olup olmadığı IBD (isolation by distance) analizi yapılarak sonuçlar desteklenmiştir. Yine GenAlEx v6.5 programında yer alan Mantel seçeneği kullanılarak popülasyonların ikili F_{ST} değerlerine karşı öklidyen coğrafik uzaklıklarının regresyon analizleri yapılmıştır (Hutchison ve Templeton, 1999). Popülasyonlar arasındaki coğrafik uzaklıkların hesaplanması için aynı program (GenAlEx v6.5) içerisinde yer alan coğrafik uzaklık hesaplama seçeneği kullanılmış ve bu hesaplama için GPS cihazından (Garmin BaseCamp) elde ettiğimiz koordinat verilerinin “derece/dk/sn” cinsinden ondalık (decimal degree) cinsine dönüşümü sağlanarak hesaplamalar yapılmıştır. Bu dönüşüm için “derece+(dakika/60)+(saniye/3600)” hesaplaması kullanılmıştır.

3.4.3. Filogeni analizleri

Filogeni analizleri maksimum olasılık (ML), maksimum parsimoni (MP), Bayesiyen çıkarsamalı (BI) olmak üzere farklı yaklaşımlar ile gerçekleştirilmiştir. Ayrıca elde edilen haplotipler Network v10.1.0.0. programı aracılığı ile hesaplanarak görselleştirilmiştir. Analizler öncesinden mitokondriye ve çekirdeğe ait olan gen bölgeleri SequenceMatrix v1.7.8 (Vaidya ve ark., 2011) paket programı aracılığı ile birleştirilmiş ve filogeni analizleri mtDNA ve nDNA'ya ait diziler üzerinden yapılmıştır. Uygun mutasyon modelinin belirlenmesi amacıyla MEGA X v10.1.8 (Kumar ve ark., 2018) programı kullanılmıştır. Oluşturulan 24 farklı model arasından en düşük BIC (Bayesiyen Information Criterion) değerine sahip olan GTR+G+I mutasyon modeli olarak belirlenmiştir. Filogenetik ağaçların oluşturulmasında MEGA X ve Figtree v1.4.4. programları kullanılmıştır.

3.4.3.1. Uzaklık analizleri

Komşu bağlanma (NJ) yönteminde evrimsel uzaklık analizleri MEGA X programı aracılığı ile hesaplanmıştır (Kimura, 1980; Felsenstein, 1985; Saitou ve Nei, 1987; Kumar ve ark., 2018). Analiz edilen sekanslarda transisyonel değişimleri transversiyonel değişimlerden daha yüksek kabul ederek analiz eden Kimura 2-Parametre (K2-P) modeli kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Kimura, 1980). Transisyon ve transversiyon değişimlerin tümü nükleotid değişimlerine dâhil edilmiş ve bu değişim oranındaki varyasyonun hesaplanmasında bölgesel farklılıkların olma ihtimalini hesaba alan gamma dağılımı seçilmiştir. Analizlerde bootstrap değeri 1000 tekrarlı olarak hesaplamalar yapılmıştır.

3.4.3.2. Maksimum olasılık analizleri

Maksimum olasılık analizleri PhyML v3.0 programı kullanılarak yapılmıştır (Guindon ve Gascuel, 2003). Mega X programında hizalanan diziler DnaSP programı aracılığı ile phylip (.phy) uzantılı hale dönüştürülerek PhyML v3.0 programında diziler bootstrap 500 ve bölgesel farklılıkları dikkate alan gamma seçeneği seçilerek analizler

yapılmıştır. Elde edilen veriler FigTree v1.4.4. (Rambaut, 2018) programında açılarak filogenetik ağaç görselleştirilmiştir.

3.4.3.3. Bayesiyen tabanlı filogenetik analizler

Bayesiyen çıkarsamalı (Bayesian Inference) ve Markov Chain Monte Carlo (MCMC) temelli filogenetik analizler MrBayes v3.2.7 programı aracılığı ile yapılmıştır (Huelsenbeck ve Ronquist, 2001; Ronquist ve Huelsenbeck, 2003). Mutasyon modeli olarak nükleotid değişiminin genel yapısını baz alan GTR algortiması için “nst=6” olarak belirlenmiştir. 10^7 nesil sayısı için her biri 4 zincirli (4 sıcak, 4 soğuk zincir) iki bağımsız yürütme yapılmış ve 1000 döngüde bir örneklenmiştir. Standart sapmanın 0.05’in altında bir değer olması takip edilerek programın koşturulmasına devam edilmiştir. Program sonunda nesil/frekans oranının % 25’i burnin yapılarak uzaklaştırılmıştır. BI kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaç Figtree v1.4.4. programı kullanılarak inşa edilmiştir.

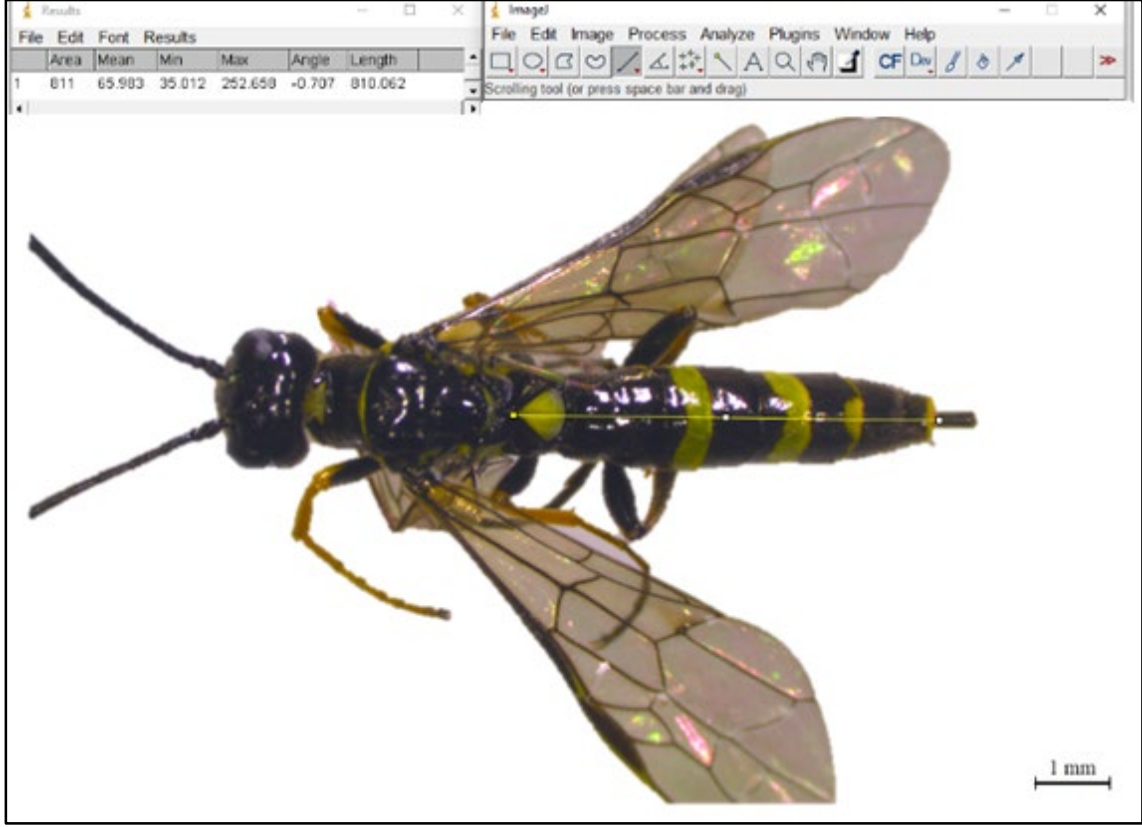
3.4.3.4. Şebeke-ağ analizleri

Oluşturulan popülasyonlardan elde edilen haplotipler üzerinden soy-hattı ilişkisinin araştırılması amacıyla ortanca-bağlanma (median-joining, MJ) şebeke yaklaşımı (Bandelt ve ark., 1995; Bandelt ve ark., 1999) Network v10.1.0.0. programı aracılığı ile hesaplanmıştır. Bu program aracılığı ile haplotipler arasındaki benzerlikleri temel alarak oluşturulan merkezi bir daireden diğer haplotiplerin farklılık gösterdiği nükleotid pozisyonlarının yerlerini belirterek çizilen yeni daireler ile farklı haplotip grupları inşa edilmiştir.

3.5. Morfolojik Veri Analizi

Farklı bölgelerden toplanan *C. pygmeus* örneklerinin abdomen, anten, femur, tibia, tarsus gibi vücut kısımlarının uzunlukları Olympos marka binoküler altında 1 mm ölçekli fotoğrafları çekilmiştir. Fotoğraf üzerinden uzunluk ölçümü yapabilen ImageJ v1.53 paket programı yardımıyla her bir vücut kısımlarına ait uzunluklar ölçülerek kaydedilmiştir (Şekil 3.5). Daha sonra her bir lokaliteden en az üç böceğe ait olan veriler

üzerinden SPSS v21.0 istatistik programı ile varyans analizi yapılmış ve ortalamalar “tukey” testine tabii tutulmuştur.



Şekil 3.5. Image J programı kullanılarak morfolojik ölçümlerin yapılması (abdomen).



4. BULGULAR ve TARTIŞMA

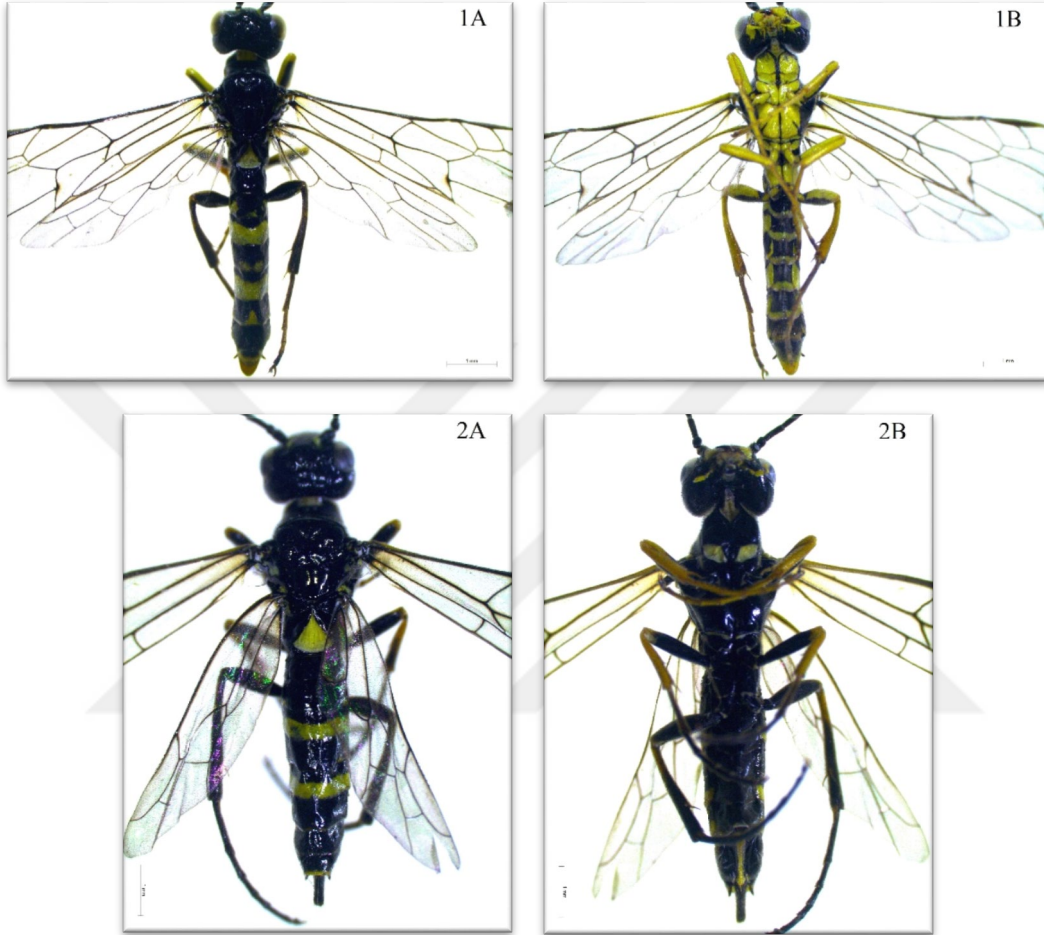
4.1 Arazi Çalışmaları ve Gözlemler

Örnekleme yapılan toplam 330 noktanın 125'inde *C. pygmeus* bireyleri ile karşılaşmış ve 992 dişi ile 571 erkek olmak üzere toplam 1563 birey toplanmıştır. Mutlu (2019) Adıyaman, Diyarbakır, Mardin ve Şanlıurfa illerinde 2014 yılında yürüttüğü çalışmada dişi ve erkek olmak üzere toplam 7053 birey, 2015 yılında ise toplam 2022 birey yakalamıştır. Toplanan örnek sayılarının çalışmamızdakinden yüksek olmasının nedeni daha küçük bir alanda çalışıldığı için 5 km gibi daha yakın mesafelerden daha fazla örnekleme yapılmasından kaynaklanmaktadır.. Çalışmamızın kapsadığı alanın büyük olması nedeniyle güvenilir veriler elde edilebilmesi ve çalışmanın yapılabilirliği açısından tarlalar arası mesafe en az 20 km olarak seçilmiştir. Ayrıca adı geçen 4 ilden toplanan örnekler toplam örnek sayımızın % 44.4'ünü oluşturmaktadır.

Cephus pygmeus bireylerinin yakalandığı örnekleme noktaları incelendiğinde en düşük rakımın 371 m (Şırnak-Silopi), en yüksek rakımın ise 2222 m (Van-Başkale) olduğu görülmüştür. Ekin sap arısı bireylerinin buğday tarlalarında genel olarak tarla kenarlarında daha çok yoğunlaştıkları gözlenmiştir. Yavaş uçucular olarak nitelendirilen Ekin sap arılarının ergin bireyleri örnekleme esnasında rahatsız edildiklerinde karakteristik uçuşları sebebi ile gözle kolay bir şekilde fark edilmektedirler. Ergin bireyleri sap üzerinde dinlenmeyi tercih ettiklerinden dolayı günün her saatinde atrap ile yakalanabildikleri tecrübe edilmiştir. Yılda bir döl veren zararlının erkek bireylerinin dişilere göre daha önce aktif oldukları gözlenmiştir. Morfolojik olarak incelendiklerinde, dişi bireylerin erkek bireylere nazaran daha büyük ve daha koyu renklerde olduğu görülmüştür (Şekil 4.1). Erkek bireylerin daha çok sarı tonlarında olduğu ve özellikle toraksın ventralinde hâkim rengin sarı olduğu görülmektedir (Şekil 4.1A-1B).

Örnekleme yapılan her bir lokasyondaki zararlı yoğunluklarını birbirleriyle kıyaslamayı mümkün kılmak amacıyla her bir tarlada standart olarak 200 defa atraplamayapılmıştır. Benzer çalışmalarda Korkmaz ve ark. (2010) tarla başına 20 atraplama, Mutlu (2019) 100 atraplama ve McCullough (2016) 150 atraplama yaptıklarını

belirtmişlerdir. Bu yönüyle değerlendirildiğinde çalışmada uygulanan atraplama sayısı oldukça yüksektir.



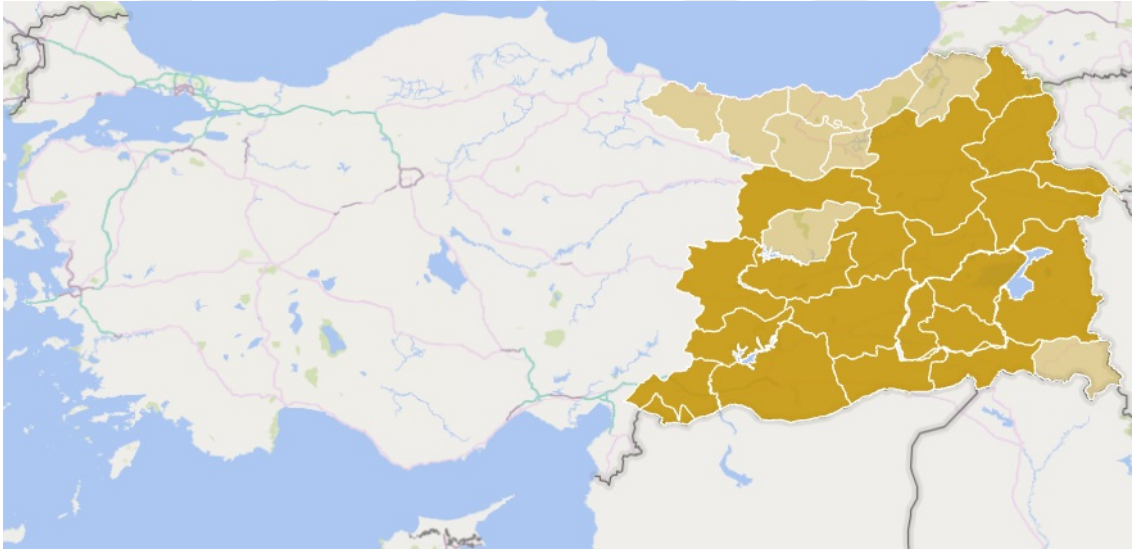
Şekil 4.1. 1A) Erkek birey dorsal 1B) Erkek birey ventral, 2A) Dişi birey dorsal 2B) Dişi birey ventral görüntüsü.

4.2 *Cephus pygmeus*'un Yayılış ve Yoğunluğu

Cephus pygmeus'un Güneydoğu Anadolu Bölgesi, Doğu Anadolu Bölgesi ve Doğu Karadeniz Bölgesi'ndeki yayılış gösterdiği ve göstermediği iller Şekil 4.2'te verilmiştir. Zararlının Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nin tamamında, Doğu Anadolu Bölgesi'nin ise Tunceli ve Hakkâri illeri hariç diğer illerinde yayılış gösterdiği saptanmıştır. Doğu Karadeniz Bölgesi'nde bulunan illerden Trabzon ve Rize illerinde resmi kayıtlarda buğday üretimi beyanı bulunmamaktadır (TÜİK, 2018). Bu illerin

haricindeki Artvin, Bayburt, Giresun, Gümüşhane ve Ordu illerinde yapılan surveylerde ise neredeyse hiç buğday tarlası ile karşılaşılmamış, karşılaşılmalarda ise *C. pygmeus* türü bulunamamıştır (Şekil 4.2).

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde *C. pygmeus*'un tüm il ve ilçelerinde yayılış gösterdiğine ilişkin bir çalışma bulunmamaktadır. Ancak *C. pygmeus*'un bu bölgenin bazı illerinde yayılış gösterdiği ve çeşitli zararlara neden olduğuna yönelik çalışmalar mevcuttur (Özberk ve ark., 2005; Budak, 2012; Karaca ve ark., 2012; Mutlu, 2019; Mutlu ve ark., 2019). Aynı şekilde Doğu Anadolu Bölgesi için de tüm illeri ve ilçelerini kapsayan herhangi bir çalışma bulunmamaktadır. Sadece bazı illerinde bu zararlının varlığına değinilen çalışmalar ile karşılaşılmalıdır (Budak, 2012; Durel, 2016; Özgökçe ve ark., 2019).



Şekil 4.2. Çalışma bölgesinde sarı ve koyu sarı boyalı yerler örnekleme yapılan alanlar (koyu sarı renkteki alanlar, *Cephus pygmeus*'un tespit edildiği yerlerdir).

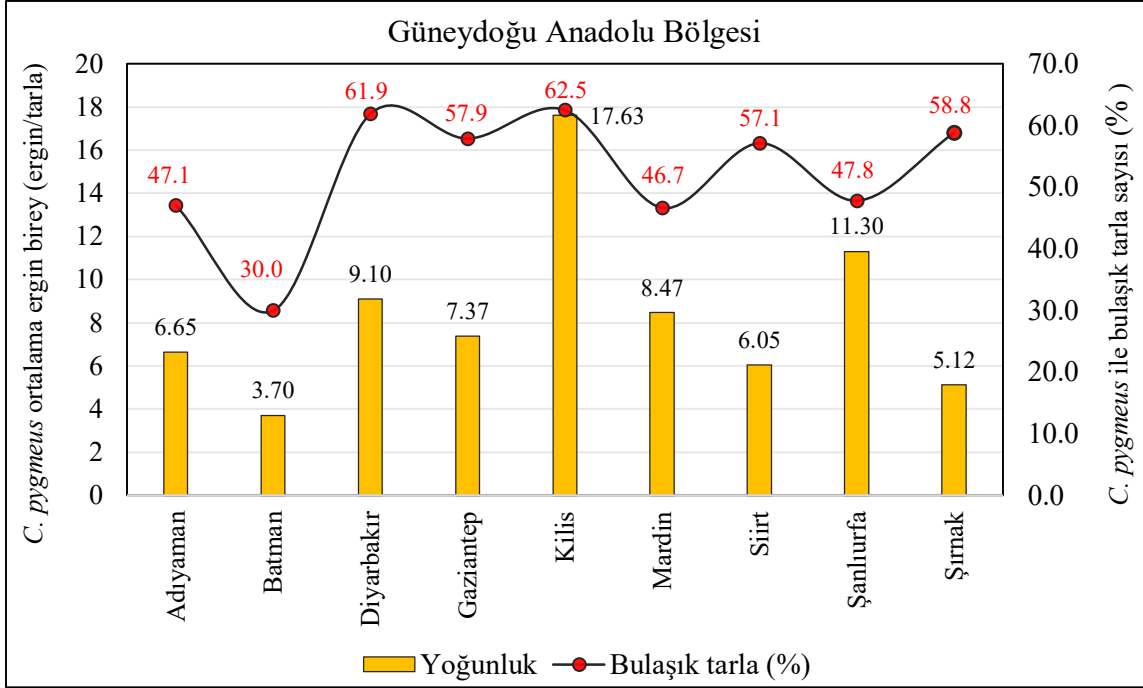
Çalışma bölgesinde bulunan tüm iller için *C. pygmeus* ile bulaşık tarla oranları yüzde olarak hesaplanmış, Şekil 4.3 ve Şekil 4.4'te verilmiştir. Bu hesaplama yapılırken illere ait buğday üretim değerleri Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK)'ndan alınarak üretim verilerine göre her bir il için ayrı ayrı örnekleme sayısı belirlenmiştir. Arazi çalışmaları tamamlandıktan sonra *C. pygmeus*'un örnekleme noktalarındaki yakalanma oranına göre yüzde hesabı yapılmıştır.

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde % 47- % 63 aralığında değişen oranlarda bulaşık tarla olduğu görülmektedir (Şekil 4.3). En yüksek bulaşıklık Kilis (% 62.5) ve

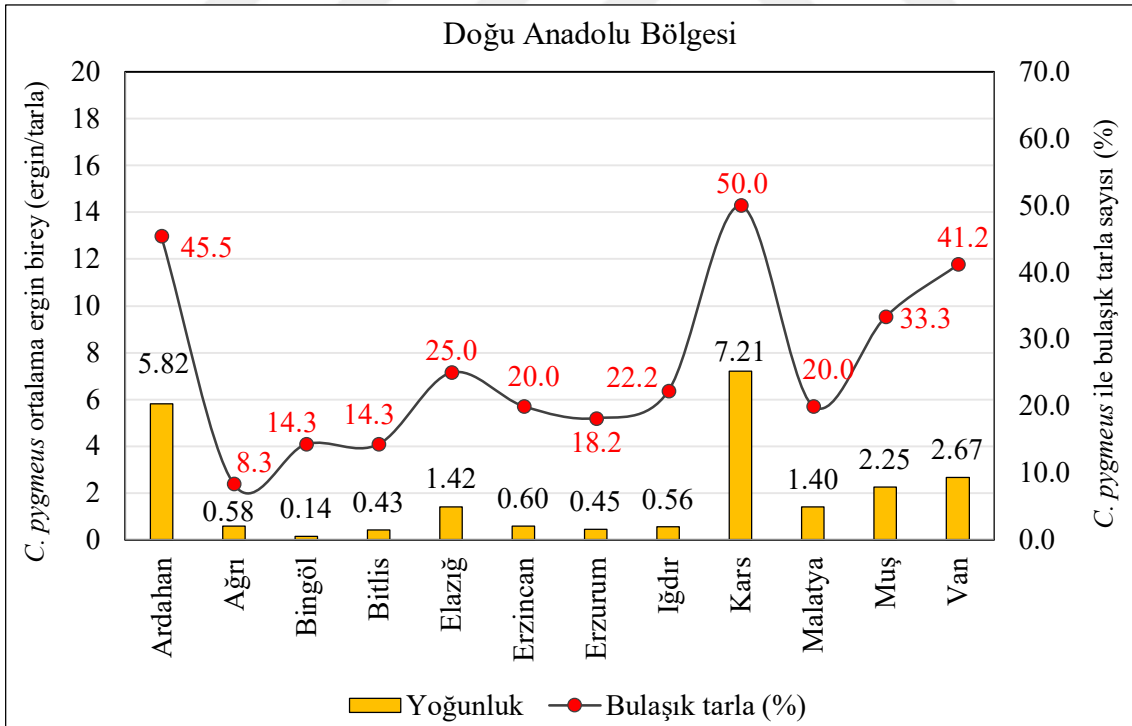
Diyarbakır (% 61.9)'da görülürken, en düşük oran ise Adıyaman'da (% 47.1) görülmüştür. Bu oranlar Mutlu ve ark. (2019)'nın 2014-2015 yıllarında Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Diyarbakır, Şanlıurfa, Mardin ve Adıyaman illerinde yaptıkları surveyde *C. pygmeus*'un larval bulaşık tarla oranını en yüksek % 17.3 ile Diyarbakır'da en düşük ise % 5.3 ile Adıyaman'da olduğu bulgusu ve bu 4 ilin bulaşık tarla oranı sıralaması ile örtüşmektedir.

Doğu Anadolu Bölgesi'nin genel coğrafyası yüksek ve dağlık bir yapı sergilemesine rağmen ülkemiz tarımına katkı sunan birçok tarımsal faaliyetin sürdürüldüğü bir bölge konumundadır. Ülkemiz buğday üretiminin yaklaşık % 10'luk bir payını bu bölge sağlamaktadır (TÜİK, 2018). Doğu Anadolu Bölgesi buğday alanlarında yapmış olduğumuz survey sonunda bölge genelinde *C. pygmeus*'un yayılış gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.2). Doğu Anadolu Bölgesi'nde tarla bulaşıklık oranının % 8.3- % 50.0 arasında olduğu görülmektedir (Şekil 4.4). Zararlının yayılış gösterdiği iller arasında Kars (% 50.0) bulaşıklılığın en fazla görüldüğü il olurken bu ili Ardahan (% 45. 5) takip etmiştir. En düşük bulaşık tarla oranı ise Ağrı (% 8.3) ilinde görülmüştür (Şekil 4.4). Doğu Anadolu Bölgesi genelinde *C. pygmeus*'un yoğunluğunun belirlenmesi üzerine yapılmış herhangi bir çalışma bulunmamaktadır.

Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Kilis ortalama 17.63 ergin/tarla ile *C. pygmeus*'un en yoğun olduğu il olarak karşımıza çıkmıştır. Bu ili Şanlıurfa (11.30 ergin/tarla), Diyarbakır (9.10 ergin/tarla), Mardin (8.47 ergin/tarla) illeri takip etmiştir. Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde *C. pygmeus* yoğunluğunun en düşük olduğu il 3.70 ergin/tarla ile Batman ili olmuştur. Mutlu (2019) Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde Adıyaman, Diyarbakır, Mardin, Şanlıurfa illerinde sırasıyla 5.73, 44.15, 17.40 ve 28.22 ergin/tarla olarak kaydetmiştir. Bu ortalama değerleri bizim bulgularımızdan daha yüksek değerler olarak karşımıza çıkmıştır. 2014-2015 yıllarında Diyarbakır'da toplam 76 tarlada örnekleme yapıldığı beyan edilen araştırmaya karşın bizim çalışmamızda 2019 yılı Nisan-Mayıs aylarında toplam 25 tarlada örnekleme yapılmıştır. Örnekleme yapılacak olan tarla için herhangi bir seçicilik göstermeden yaptığımız survey sonuçlarında bu değerler elde edilmiştir. Yoğunluk sıralaması incelendiğinde Diyarbakır ili haricindeki diğer üç il ile aynı yoğunluk sıralaması olduğu görülmektedir. Değerler arasında farklılık görülmesinin nedenleri arasında örnekleme yapılan yıllarda meydana gelen yağış miktarları ve iklimsel farklılıklar göz önüne alınmalıdır.

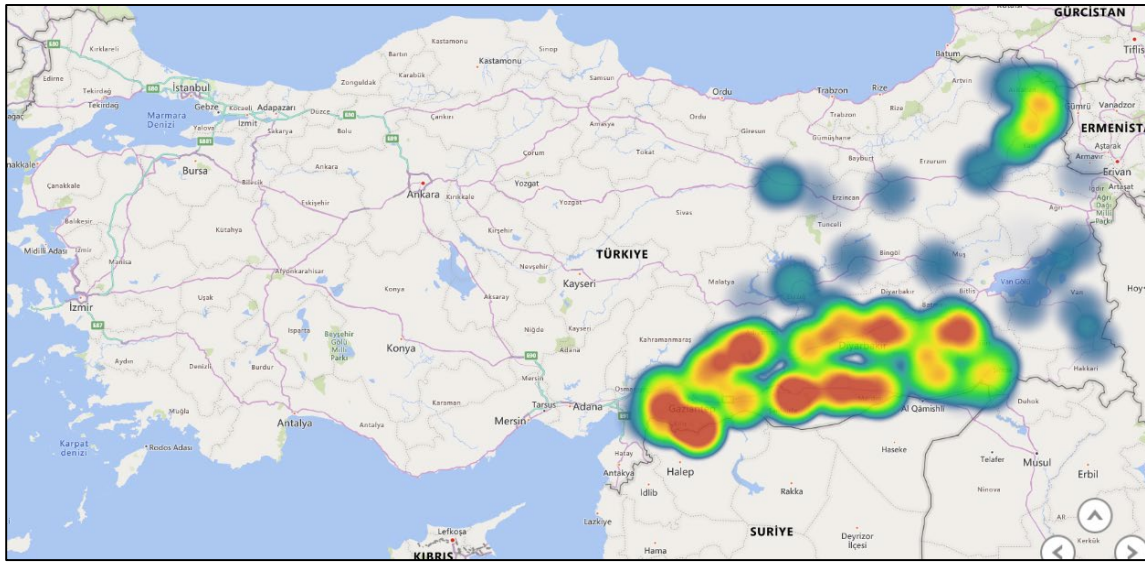


Şekil 4.3. Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde *Cephus pygmeus* ergin bireylerinin yoğunluğu (ergin/tarla) (birincil eksen) ve *Cephus pygmeus* ile bulaşık tarla sayısı (%) (ikincil eksen).



Şekil 4.4. Doğu Anadolu Bölgesi'nde *Cephus pygmeus* ergin bireylerinin yoğunluğu (ergin/tarla) (birincil eksen) ve *Cephus pygmeus* ile bulaşık tarla sayısı (%) (ikincil eksen).

Ekin sap arısı, *C. pygmeus*'un çalışma alanında yayılış gösterdiği bölgeleri belirlemek amacıyla araziden toplanan örnekler morfolojik olarak teşhis edilmiş ve her bir lokasyona ait GPS verileriyle birlikte Microsoft Excel paket programında açılan yeni bir sayfaya kaydedilmiştir. Microsoft Excel programı menülerinde yer alan 3B harita seçeneği kullanılarak *C. pygmeus*'un yayılış gösterdiği iller haritalandırılmıştır (Şekil 4.2). Yine aynı program üzerinden koordinat verilerini ondalık derece (decimal degree)'ye örnek sayıları eklenmiş ve *C. pygmeus*'un yayılışı ile birlikte yoğunluğunu da gösteren harita oluşturulmuştur (Şekil 4.5).



Şekil 4.5. Çalışma bölgesinde *Cephus pygmeus*'un yoğunluk-yayılış alanı haritası.

4.3. Genetik Çeşitlilik

DNA analiz işlemleri boyunca izolasyon, çoğaltım, dizileme ve hizalama işlemlerinden sonra mtDNA'ya ait *COI* gen bölgesi için 25 popülasyondan 142, *Nd6* gen bölgesi için 20 popülasyondan 95 adet konsensüs dizi, nDNA'ya ait *Efl-α*, *VGSC* ve *Wnt* gen bölgelerinin her biri için 25 popülasyondan 144'er adet konsensüs dizi elde edilmiştir.

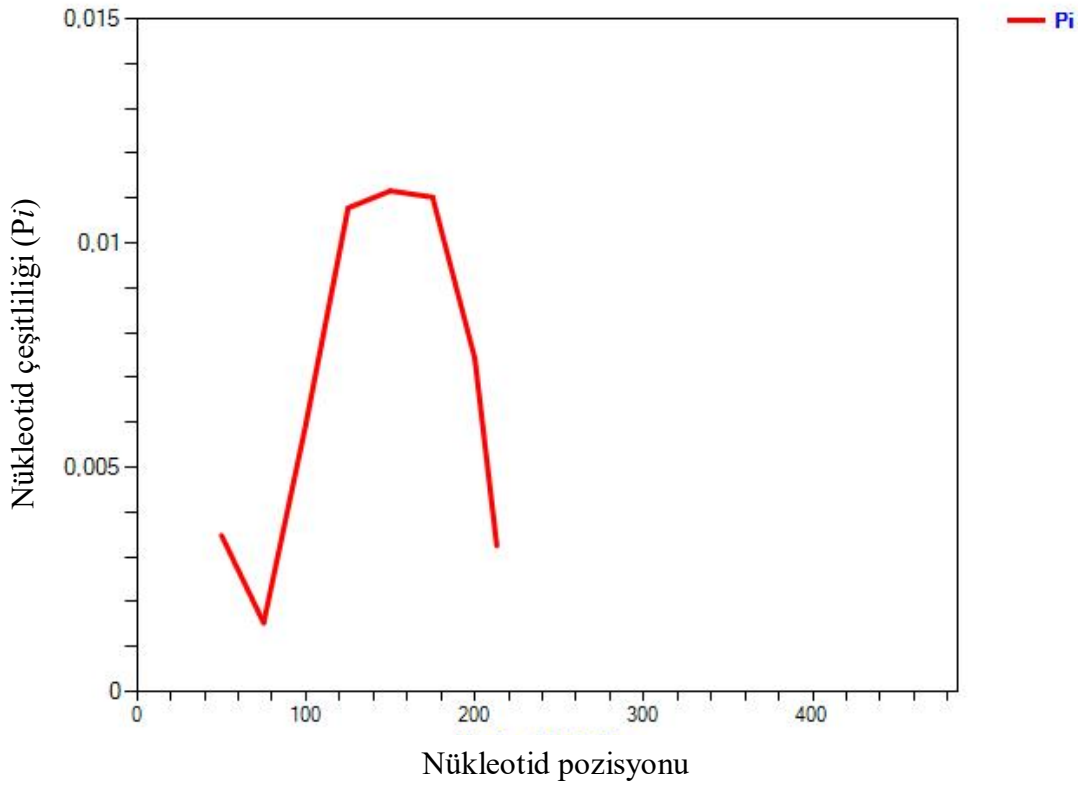
4.3.1. mtDNA *COI* gen bölgesi

Mitokondriyal DNA *COI* gen bölgesi için 25 popülasyondan elde edilen 142 konsensüs dizi içerisinde 23 adet mutasyon ve 23 adet polimorfik pozisyon (S)

bulunmuştur. Diziler arasındaki nükleotid çeşitlilik $\theta_{TT}=4.159$, baz başına nükleotid çeşitliliği $Pi=0.00633$ ve ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı $k=1.576$ olarak hesaplanmıştır. Nükleotid değişimlerinin en fazla 101-200. pozisyonlar arasında olduğu görülmektedir (Şekil 4.6).

Mitokondriyal DNA *COI* gen bölgesi için haplotip çeşitliliği (Hd) 0.793 ± 0.024 olarak bulunmuş ve toplam 54 haplotip (H) belirlenmiştir. Herhangi bir popülasyon tarafından paylaşılmayan haplotip sayısı (H_U) 39 iken, en az iki popülasyon tarafından paylaşılan haplotip sayısı ise 15 olarak bulunmuştur. En çok paylaşılan haplotipler “Haplotip_1 ve Haplotip_21” olduğu belirlenmiştir.

Çalışmayı yürüttüğümüz bölge genelinde *C. pygmeus* için yapılmış herhangi bir popülasyon genetiği ya da filogenetik çalışma bulunmamaktadır. Ancak bu bölgelere komşu Orta Anadolu Bölgesi için Korkmaz ve ark. (2011) Orta Anadolu Bölgesi’nde yer alan farklı illerden topladıkları *C. pygmeus* örneklerinden 20 adet sekans dizisi elde etmiş ve genetik analizlerini yapmışlardır. Buna göre 16 adet nükleotid polimorfik pozisyon ve 17 adet mutasyon belirlemişlerdir. Toplam 16 adet haplotipin belirlendiği çalışmada haplotip çeşitliliği (Hd) 0.974 ± 0.02 olarak bulunurken nükleotid çeşitliliği $Pi=0.0055$ olarak bulunmuştur. Oluşan farklılıklar PCR ile çoğaltılan dizilerin hedef gen bölgesinin farklı kısımları ve dizilerin farklı uzunlukta olmasından kaynaklanmaktadır. Lesieur ve ark. (2016) *C. cinctus*’a ait bireylerin mtDNA *COI* bölgesinden diziler elde etmişlerdir. Analizler sonrasında 63 haplotip elde edilirken nükleotid çeşitliliği 0.012 ± 0.006 olarak bulunmuştur.



Şekil 4.6. mtDNA *COI* gen bölgesi boyunca baz başına nükleotid çeşitliliği (P_i).

Tajima'nın D ve Fu'nun F_s değerleri nükleotid diziler arasındaki farklılaşmada nötral süreçlerden bir uzaklaşma olup olmadığını anlaşılmasını sağlamaktadır (Tajima, 1989; Fu, 1997). Nötralite testleri popülasyonların dengede olup olmadıklarını ve popülasyonların maruz kaldıkları seçilim baskısının ortaya konulması amacıyla yapılan istatistiksel bir testtir (Zhai ve ark., 2009). Nükleotid verileri üzerinde sıklıkla kullanılan nötralite testlerinden biri Tajima'nın " D " testidir. Hesaplama sonrasında çıkan D değerinin negatif ($D < 0$) olduğu durumda popülasyonda allel gen frekansının düşük olduğu ve pozitif seçilim ya da hızlı büyüme sergileyen bir popülasyon olduğu anlaşılmaktadır. D değerinin pozitif ($D > 0$) olduğu durumlarda çoklu allel varlığının olduğunu ve popülasyonun denge yöneliminde olduğu şeklinde yorumlanmaktadır. Dengede olan bir popülasyonun D değeri sıfır olarak kabul edilmektedir ($D = 0$). Sıklıkla kullanılan bir diğer nötralite testi de Fu'nun " F_s " değeridir. F_s değerinin pozitif ($F_s > 0$) olması halinde popülasyonun genetik sürüklenmeden ya da geçmiş popülasyon genişlemesinden kaynaklı olarak alellerin fazla sayıda bulunmasını, negatif ($F_s < 0$) olması halinde ise yüksek seçilim baskısından veya geçmiş bir popülasyon darboğazından kaynaklı olarak

alel gen frekansının düşüklüğünü ifade eder (Depaulis ve ark., 2003; Naderi ve ark., 2008).

Mitokondriyal DNA *COI* gen bölgesi için tüm popülasyonlar üzerinden Tajima'nın D değeri hesaplanmış ve -1.76 olarak bulunurken bu değerin istatistiki açıdan önemsiz olduğu görülmüştür ($P>0.05$). Popülasyonlarda meydana gelen ani büyümelere karşı çok hassas olan ve bu durumlarda yüksek negatif değerlere çıkması beklenen F_u 'nun F_S değeri açısından ise nötraliteden anlamlı derece bir uzaklaşmanın olduğu kaydedilmiştir ($F_S=-17.707$, $P<0.01$). Lesieur ve ark. (2016) oluşturdukları popülasyonlara ait Tajima'nın D değeri için -0.901 ile -1.732 arasında, F_u 'nun F_S değeri için ise 0.001 ile 0.518 arasında değişen değerler elde etmişlerdir.

4.3.2. mtDNA *Nd6* gen bölgesi

Mitokondriyal DNA *Nd6* gen bölgesi için 20 popülasyondan elde edilen 95 konsensüs dizi içerisinde 19 adet mutasyon ve 17 adet polimorfik pozisyon (S) bulunmuştur. Diziler arasındaki nükleotid çeşitlilik $\theta_{TT}=3.317$ baz başına nükleotid çeşitliliği $Pi=0.03158$ ve ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı $k=1.137$ olarak hesaplanmıştır.

Mitokondriyal DNA *Nd6* gen bölgesi için haplotip çeşitliliği (H_d) 0.623 ± 0.033 olarak bulunmuş ve toplam 56 haplotip (H) belirlenmiştir. Herhangi bir popülasyon tarafından paylaşılmayan haplotip sayısı (H_u) 39 iken, en az iki popülasyon tarafından paylaşılan haplotip sayısı ise 17 olarak bulunmuştur. En çok paylaşılan haplotipler “Haplotip_2 ve Haplotip_14” olduğu belirlenmiştir.

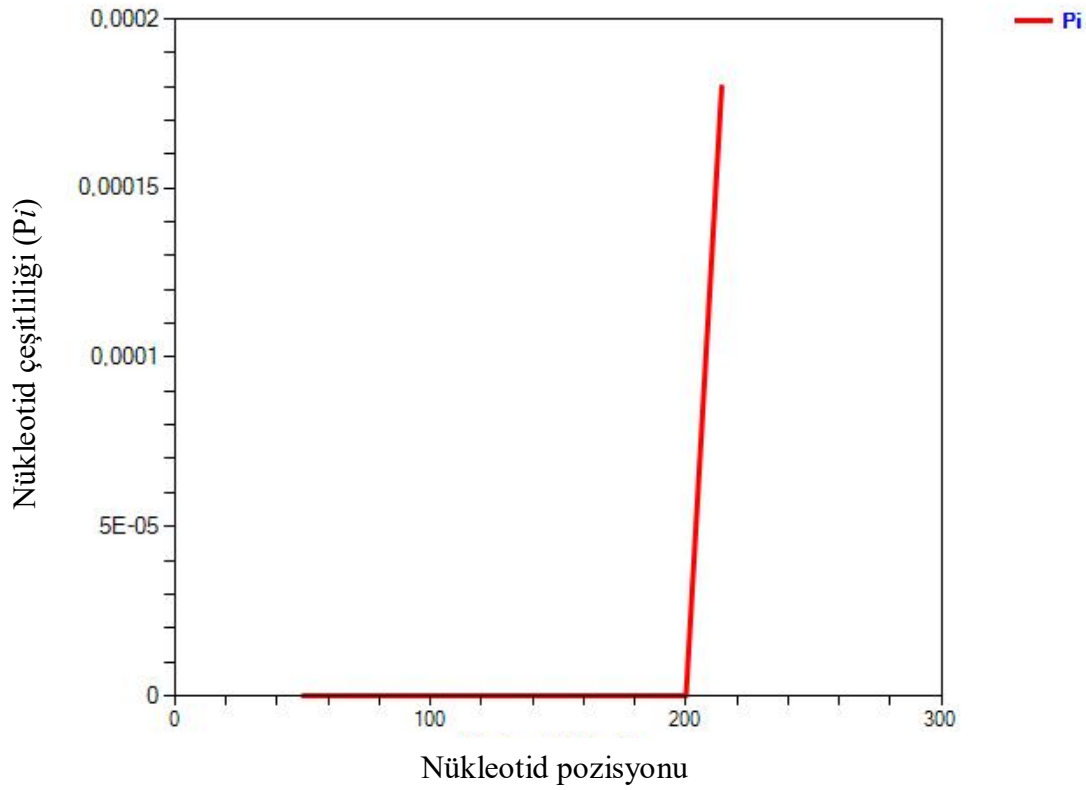
Mitokondriyal DNA- *Nd6* gen bölgesi için tüm popülasyonlar üzerinden hesaplandığı zaman her iki test içinde negatif değerler elde edilmiş ve istatistiki olarak anlamlı bulunmuştur ($D=-2.006$, $P<0.05$; $F_S=-4.448$, $P<0.05$). Bu sonuçlara göre popülasyonların pozitif seçilime maruz kaldığı ya da yakın zaman öncesinde popülasyonların hızlı bir genişleme yaşadığı anlaşılmaktadır.

Mitokondriyal DNA gen bölgesinde yer alan *COI* ve *Nd6* gen bölgeleri gibi aynı bölgede yer alan *ATP8* gen bölgesi için Durel (2016) farklı rakım değerlerinin *C. pygmeus* popülasyonlarının genomuna etkisini incelediği yüksek lisans tezinde çalışma bölgemizden Ardahan, Erzurum, Erzincan, Malatya, Kars ve Van illerinin de aralarında

bulunduğu çeşitli illerden toplam dokuz grup oluşturmuştur. Buna göre adı geçen illerin içinde yer aldığı grup 8 ve grup 9 sonuçlarında sırasıyla nükleotid çeşitliliği 0.10 ve 0.18181 bulunurken, ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı $k=0.3190$ ve $k=0.6898$ olarak bulunmuştur. Nükleotid çeşitliliğinin ve k değerinin farklılıklar göstermesi lokasyon sayılarının farklılığından kaynaklandığı düşünülmektedir. Durel (2016) çalışmasında Tajima'nın D değerini grup 8 ve grup 9 için sırasıyla -1.16439 ve -1.5148, Fu'nun " F_S " değerini -0.8793 ve -1.97435 olarak bulmuştur. Mitokondriyal DNA belirteci olan bu bölgelerin nötralite testlerinin benzer şekilde negatif sonuçlar verdiği görülmektedir. Tajima'nın D değerini dikkate alındığında negatif değerlerin bulunması bu popülasyonların yakın zamanda ani popülasyon genişlemesinin olduğunu ya da pozitif seçim baskısı altında kalınmış olduğuna işaret etmektedir. Fu'nun " F_S " değerinin negatif değerlerde olması da popülasyonlarda ani bir genişleme olduğu yorumunu desteklemektedir (Fu, 1997).

4.3.3. nDNA *Efl-α* gen bölgesi

Çekirdek DNA-*Efl-α* gen bölgesi için 25 popülasyondan elde edilen 144 konsensüs dizi içerisinde 1 adet mutasyon ve 1 adet polimorfik pozisyon (S) bulunmuştur. Diziler arasındaki nükleotid çeşitlilik $\theta_{TT}=0.180$. baz başına nükleotid çeşitliliği $Pi=0.00006$ ve ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı $k=0.014$ olarak hesaplanmıştır. Nükleotid değişimlerinin en fazla 200-220. pozisyonlar arasında olduğu görülmektedir (Şekil 4.7).



Şekil.4.7. nDNA *Efl-α* gen bölgesi boyunca baz başına nükleotid çeşitliliği (P_i).

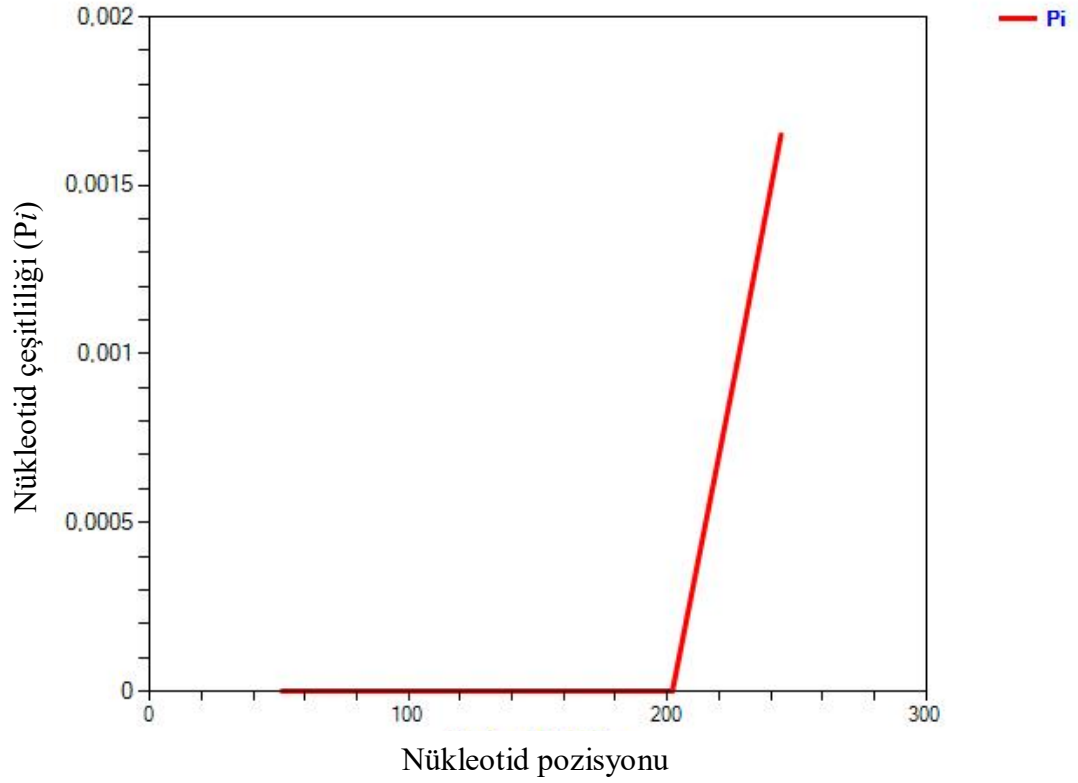
Çekirdek DNA *Efl-α* gen bölgesi için haplotip çeşitliliği (H_d) 0.014 ± 0.014 olarak bulunmuş ve toplam 5 haplotip (H) belirlenmiştir. Herhangi bir popülasyon tarafından paylaşılmayan haplotip sayısı (H_U) 3 iken, en az iki popülasyon tarafından paylaşılan haplotip sayısı ise 2 olarak bulunmuştur. En çok paylaşılan haplotipler “Haplotip_1” olarak belirlenmiş ve 139 lokasyonu kapsadığı görülmüştür.

Çekirdek DNA *Efl-α* gen bölgesi için tüm popülasyonlar üzerinden Tajima’nın D ’si -0.9875 olarak hesaplanmış ancak bu değer istatistiki açıdan önemli bulunmamıştır ($P > 0.05$). Fu’nun F_s değeri ise -2.527 olarak bulunmuş ve bu değer de istatistiki açıdan önemli bulunmamıştır ($P > 0.05$).

4.3.4. nDNA *VGSC* gen bölgesi

Çekirdek DNA *VGSC* gen bölgesi için 25 popülasyondan elde edilen 144 konsensüs dizi içerisinde 2 adet mutasyon ve 2 adet polimorfik pozisyon (S) bulunmuştur. Diziler arasındaki nükleotid çeşitlilik $\theta_{TT} = 1.804$, baz başına nükleotid çeşitliliği

$P_i=0.00049$ ve ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı $k=0.139$ olarak hesaplanmıştır. Nükleotid değişimlerinin en fazla 200-240 pozisyonlar arasında olduğu görülmektedir (Şekil 4.8).



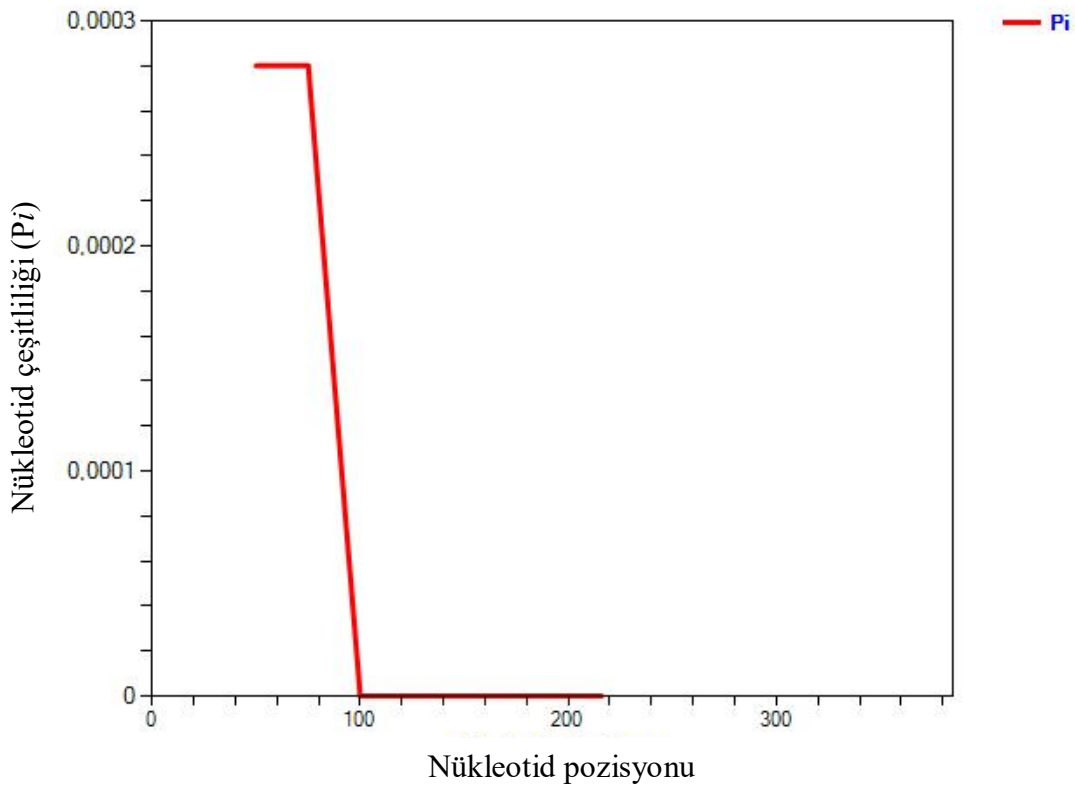
Şekil 4.8. nDNA *VGSC* gen bölgesi boyunca baz başına nükleotid çeşitliliği (P_i).

Çekirdek DNA *Efl- α* gen bölgesi için haplotip çeşitliliği (H_d) 0.028 ± 0.019 olarak bulunmuş ve toplam 7 haplotip (H) belirlenmiştir. Herhangi bir popülasyon tarafından paylaşılmayan haplotip sayısı (H_U) 3 iken, en az iki popülasyon tarafından paylaşılan haplotip sayısı ise 4 olarak bulunmuştur. En çok paylaşılan haplotipler “Haplotip_1. Haplotip_2 ve Haplotip_3” olduğu belirlenmiştir.

Çekirdek DNA *VGSC* gen bölgesi için tüm popülasyonlar üzerinden Tajima’nın D ’si -2.2439 olarak hesaplanmış ve bu değer istatistiki açıdan anlamlı bulunurken ($P < 0.01$), F_u ’nun F_s değeri ise -1.598 olarak bulunmuş ancak istatistiki açıdan önemli olmadığı görülmüştür ($P > 0.05$).

4.3.5. nDNA *Wnt* gen bölgesi

Çekirdek DNA *Wnt* gen bölgesi için 25 popülasyondan elde edilen 144 konsensüs dizi içerisinde 2 adet mutasyon ve 2 adet polimorfik pozisyon (*S*) bulunmuştur. Diziler arasındaki nükleotid çeşitlilik $\theta_{TT}=0.361$. baz başına nükleotid çeşitliliği $Pi=0.00011$ ve ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı $k=0.028$ olarak hesaplanmıştır. Nükleotid değişimlerinin en fazla 60-80 pozisyonlar arasında olduğu görülmektedir (Şekil 4.9).



Şekil 4.9. nDNA *Wnt* gen bölgesi boyunca baz başına nükleotid çeşitliliği (Pi).

Çekirdek DNA *Wnt* gen bölgesi için haplotip çeşitliliği (Hd) 0.028 ± 0.019 olarak bulunmuş ve toplam 9 haplotip (H) belirlenmiştir. Herhangi bir popülasyon tarafından paylaşılmayan haplotip sayısı (H_u) 5 iken, en az iki popülasyon tarafından paylaşılan haplotip sayısı ise 4 olarak bulunmuştur. En çok paylaşılan haplotipler “Haplotip_1 ve Haplotip_2” olduğu belirlenmiştir.

Çekirdek DNA *Wnt* gen bölgesi için tüm popülasyonlar üzerinden Tajima’nın D ’si -1.3291 olarak hesaplanmış ancak istatistiki açıdan önemli bulunmamıştır ($P > 0.05$).

Fu'nun F_S değeri ise -4.586 olarak hesaplanmış ve nötral süreçlerden anlamlı derecede uzaklaşmanın olduğu kaydedilmiştir ($P<0.01$).

Mitokondri (*COI*, *Nd6*) ve çekirdek (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*)'te bulunan gen bölgelerinin tek bir verisetine dönüştürülerek analiz edilmesi sonucunda her bir popülasyona ait haplotip çeşitliliği (Hd), nükleotid çeşitliliği (Pi) ve nükleotid farklılıklarının ortalaması (k) Çizelge 4.1 ve Çizelge 4.2'de verilmiştir. Her üç parametrede de değişimlerin mitokondride bulunan gen bölgelerinde daha fazla oranda olduğu görülmektedir.

Çizelge 4.1. mtDNA'da bulunan gen bölgelerinin her bir popülasyon için haplotip çeşitliliği (Hd), nükleotid çeşitliliği (Pi) ve nükleotid farklılıklarının ortalaması (k)

	n	<i>Hd</i>	<i>Pi</i>	<i>k</i>		n	<i>Hd</i>	<i>Pi</i>	<i>k</i>
Pop1	5	0.90	0.0051	2.20	Pop13	6	0.33	0.0008	0.33
Pop2	12	0.83	0.0088	3.82	Pop14	6	0.33	0.0015	0.67
Pop3	18	0.89	0.0083	3.60	Pop15	2	1.00	0.0627	43.00
Pop4	12	0.86	0.0062	2.68	Pop17	2	1.00	0.0011	1.00
Pop5	10	0.78	0.0064	1.60	Pop18	2	1.00	0.0046	2.00
Pop6	6	0.60	0.0046	2.00	Pop19	2	1.00	0.0023	1.00
Pop7	6	0.87	0.0057	2.47	Pop20	7	0.86	0.0053	2.29
Pop8	4	0.83	0.0088	3.83	Pop21	4	0.83	0.0023	1.00
Pop9	4	0.50	0.0046	2.00	Pop22	3	1.00	0.0030	2.67
Pop10	10	0.87	0.0127	8.73	Pop23	2	1.00	0.0069	3.00
Pop11	9	0.86	0.0047	2.06	Pop25	4	1.00	0.0180	12.33
Pop12	3	1.00	0.0155	14.00					

Çizelge 4.2. nDNA’da bulunan gen bölgelerinin her bir popülasyon için haplotip çeşitliliği (Hd), nükleotid çeşitliliği (Pi) ve nükleotid farklılıklarının ortalaması (k)

	n	Hd	Pi	k		n	Hd	Pi	K
Pop1	6	0.0	0.0	0.0	Pop13	6	0.733	0.0040	3.533
Pop2	12	0.0	0.0	0.0	Pop14	6	0.0	0.0	0.0
Pop3	18	0.111	0.0003	0.222	Pop15	2	0.0	0.0	0.0
Pop4	12	0.167	0.0002	0.167	Pop17	2	1.0	0.0011	1.0
Pop5	10	0.0	0.0	0.0	Pop18	2	0.0	0.0	0.0
Pop6	6	0.333	0.0008	0.667	Pop19	3	0.0	0.0	0.0
Pop7	6	0.0	0.0	0.0	Pop20	7	0.0	0.0	0.0
Pop8	4	0.8333	0.0021	1.833	Pop21	4	0.0	0.0	0.0
Pop9	4	0.0	0.0	0.0	Pop22	3	0.0	0.0	0.0
Pop10	11	0.182	0.0002	0.182	Pop23	3	0.0	0.0	0.0
Pop11	9	0.222	0.0003	0.222	Pop25	4	0.0	0.0	0.0
Pop12	3	0.0	0.0	0.0					

Mitokondriyal DNA’ya ait gen bölgelerinden elde edilen verilerde nükleotid çeşitliliği ve haplotip çeşitliliği çekirdek DNA’ya ait gen bölgelerine göre daha yüksek çıkmıştır. Dizilerin korunmuşluk durumları çekirdek DNA’da daha yüksek olduğu gözükmemektedir. Mitokondriyal DNA’nın mutasyon hızının yüksek olmasının nedenleri arasında etkili bir tamir mekanizmasının olmaması, iç membranlarda meydana gelen oksidatif fosforilasyon sonucunda açığa çıkan birçok oksijen radikallerinin bulunması ve histon gibi koruyucu proteinlerin bulunmaması mtDNA’da meydana gelen polimorfizmin nDNA’ya göre daha yüksek olmasının sebepleri arasında ilk sıralarda gelmektedir (Richter, 1988; Bogenhagen, 1999). Ayrıca organizmaların tükettiği besinsel değerlerin, yaşanan coğrafyanın ve yükseltinin etkileri olduğu beyan edilmiştir (Durel, 2016).

Çalışma bölgesinde oluşturulan 25 popülasyonun her birine ait nötralite test sonuçları Çizelge 4.3 ve Çizelge 4.4’te verilmiştir. “Pop16” ve “Pop24”te birer adet dizi olduğu için hesaplamalara dâhil edilmemiştir. Her iki nötralite testi için sonuçlar çoğunlukla negatif değerlerde bulunmuştur. Mitokondriyal DNA’da “Pop2, Pop6 ve Pop20” her iki nötralite testindeki sonuçları istatistiki olarak önemli bulunmuştur ($P<0.05$). Çekirdek DNA’sında Tajima’nın D ’si için sonuçlar genel itibari ile negatif

olarak bulunmuştur (Çizelge 4.4). Çekirdek DNA'sında sadece "Pop3" her iki nötralite testinde de istatistiki olarak önemli bulunmuştur ($P<0.05$). Nötralite test sonuçlarının çalışma bölgesi genelinde ağırlıkla negatif değerlerde olması bu popülasyonların yakın zaman önce ani bir artış ile yayıldığını öngörmektedir. Mitokondriyal DNA ve nükleer DNA'ya ait haplotip bilgisi Ek 1 ve Ek 2'de verilmiştir.

Nötral süreçlerden uzaklaşmanın test edildiği farklı buğday zararlısı ve hayvansal organizmlarda da yapılmış çeşitli çalışmalar bulunmaktadır. Ceylan (2020) çalışmasında *Eurygaster maura* türlerine ait farklı coğrafik alanlardan topladığı örnkelerinden oluşturduğu popülasyonlarına Tajima'nın D 'si ve F_u 'nun F_s değerlerini hesaplamış ve Yozgat ve Eskişehir popülasyonlarına ait D değerini sırasıyla -1.640 ve -1.672, F_s değerini ise -8.321 ve -1.850 olarak bulmuşlardır ($P<0.05$). Bu sonuçlar çalışmamızdaki sonuçlara benzer şekilde popülasyonların ani bir genişleme ile yayılış gösterdiği yorumuna paralellik göstermektedir. Ayrıca farklı ırklardan keçilerin karşılaştırıldığı bir çalışmada nötral süreçler incelenmiş oluşturulan popülasyonlar arasında Ankara keçisi için D değerini -1.577 ve Kilis keçisi için D değerini -1.858 olarak bulurken F_s değerini ise Kilis keçisinde -47.991 olarak bulmuştur ($P<0.05$) (Çınar Kul, 2010).

Çizelge 4.3. mtDNA (*COI*, *Nd6*) gen bölgeleri için nötralite test sonuçları

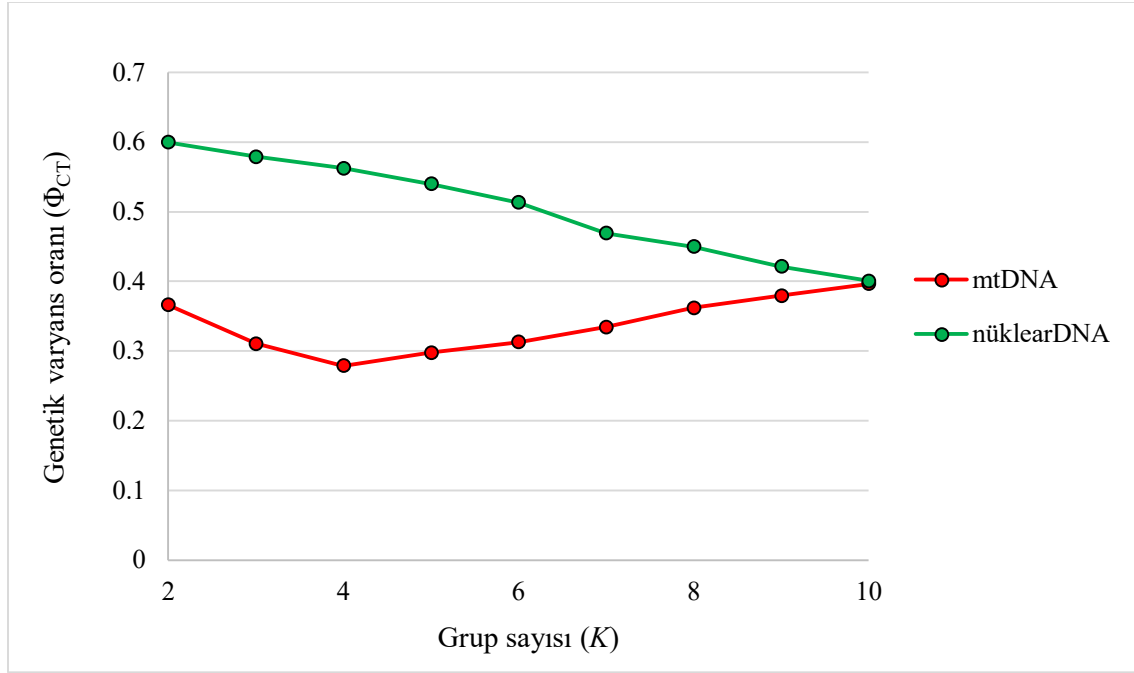
Popülasyonlar	n	Tajima <i>D</i>	<i>D</i> - <i>P</i> değeri	FU'nun <i>F_S</i>	<i>F_S</i> - <i>P</i> değeri
Pop1	5	-0.5620	0.375	-2.8620	0.010
Pop2	12	-1.9874	0.003	-6.8494	0.001
Pop3	18	-1.2093	0.105	-16.0288	0.0
Pop4	12	-0.4065	0.374	-6.4027	0.0
Pop5	10	-0.3799	0.392	-11.9448	0.0
Pop6	6	-1.3673	0.048	-4.3535	0.001
Pop7	6	0.7077	0.738	-3.7787	0.004
Pop8	4	1.6621	0.922	1.0986	0.644
Pop9	4	-0.7801	0.212	0.1335	0.325
Pop10	10	-1.3193	0.104	-0.6104	0.318
Pop11	9	-0.9006	0.205	-5.8043	0.0
Pop12	3	0.0	1.000	1.4939	0.465
Pop13	6	-0.9330	0.263	-10.9723	0.0
Pop14	6	-1.1320	0.137	-8.0930	0.0
Pop15	2	0.0	1.0	3.7612	0.628
Pop17	2	0.0	1.0	0.0	0.237
Pop19	2	0.0	1.0	0.0	0.270
Pop20	7	-1.5760	0.027	-5.2835	0.0
Pop21	4	-0.7099	0.290	-0.8873	0.093
Pop22	3	0.0	1.0	-0.3409	0.157
Pop23	2	0.0	1.0	1.0986	0.423
Pop25	4	-0.5957	0.368	0.5763	0.359

Çizelge 4.4. nDNA (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) gen bölgeleri için nötralite test sonuçları

Popülasyon	n	Tajima's <i>D</i>	<i>D</i> - <i>P</i> değeri	FU'nun <i>F_S</i>	<i>F_S</i> - <i>P</i> değeri
Pop1	6	0.0	1.0	-	1.0
Pop2	12	0.0	1.0	-8.1448	1.0
Pop3	18	-1.5078	0.0490	-7.4540	0.0
Pop4	12	-1.1405	0.1760	-3.7842	0.0
Pop5	10	0.0	1.0	-2.0175	1.0
Pop6	6	-1.1320	0.1410	-4.9804	0.0
Pop7	6	0.0	1.0	-10.2484	1.0
Pop8	4	1.0898	0.8480	0.5326	0.0
Pop9	4	0.0	1.0	0.0	1.0
Pop10	11	-1.1285	0.1900	0.0	0.0
Pop11	9	-1.0882	0.1970	0.0	0.0
Pop12	3	0.0	1.0	0.0	1.0
Pop13	6	-1.1605	0.1320	1.0609	0.6
Pop14	6	0.0	1.0	0.0	1.0
Pop15	2	0.0	1.0	0.0	-
Pop16	1	0.0	1.0	0.0	-
Pop17	2	0.0	1.0	-3.0025	0.2
Pop18	2	0.0	1.0	0.0	-
Pop19	3	0.0	1.0	1.1025	0.6
Pop20	7	0.0	1.0	0.0	1.0
Pop21	4	0.0	1.0	0.0	1.0
Pop22	3	0.0	1.0	0.0	-
Pop23	3	0.0	1.0	0.0	1.0
Pop24	1	0.0	1.0	0.0	-
Pop25	4	0.0	1.0	0.0	1.0

4.4. Coğrafik Genetik Yapılanma

Popülasyonların coğrafik olarak yayılışları ile popülasyonlar arasındaki genetik varyans oranında herhangi bir ilişkinin var olup olmadığının araştırılması amacıyla her iki genoma ait gen bölgeleri kendi içlerinde birleştirilerek ayrı ayrı analiz edilmiştir.



Şekil 4.10. SAMOVA analizinde her bir grup sayısı için elde edilen genetik varyans değerleri.

Mitokondriyal DNA gen bölgeleri için hesaplanan Φ_{CT} değerlerinde önce bir miktar azalma görülürken daha sonra aynı oranlarda artışlar görülmüştür. Genetik varyans oranında grup sayıları arasında hızlı bir artış değeri elde edilmediğinden dolayı farklı kümelenmelere ayrılmadığı şeklinde değerlendirilmiştir (Şekil 4.10).

Çekirdek DNA'da bulunan gen bölgelerinde ise grup sayısı arttırıldıkça genetik varyasın aynı oranda sürekli olarak azaldığı görülmüştür. Bu sebeple çekirdek DNA gen bölgeleri içinde her hangi bir kümelenmenin söz konusu olmadığı anlaşılmıştır (Şekil 4.10).

Farklı alanlara ait popülasyonların genetik farklılaşma düzeylerinin belirlenmesi amacıyla ikili F_{ST} değerleri Arlequin programı yardımıyla hesaplanmıştır. İkili F_{ST} değerleri mtDNA ve nDNA için ayrı ayrı Çizelge 4.5 ve Çizelge 4.6'te verilmiştir.

Çizelgede % 5 ve % 1 önem derecesine göre istatistiki olarak farklı olan ikili F_{ST} değerleri hem yıldız konularak hem de farklı renkler verilerek belirtilmiştir.

Çizelge 4.5’de mtDNA belirtecine göre hesaplanan F_{ST} değerlerinin anlamlı bulunan değer aralığı 0.081 ile 0.939 arasında değiştiği görülmüş ve ortalama F_{ST} değeri 0.390 olarak hesaplanmıştır. Bir diğer DNA belirteci nDNA’da ortalama F_{ST} değeri 0.173 olarak hesaplanırken F_{ST} değerlerinin 0 ile 0.836 arasında olduğu görülmüştür (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.5. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma düzeylerini gösteren mtDNA bazlı ikili F_{ST} değerleri (*: $P<0.05$, **: $P<0.01$)

	Pop1	Pop2	Pop3	Pop4	Pop5	Pop6	Pop7	Pop8	Pop9	Pop10	Pop11	Pop12	Pop13
Pop1	0.000												
Pop2	-0.044	0.000											
Pop3	-0.057	0.081**	0.000										
Pop4	0.163*	0.185**	0.158**	0.000									
Pop5	0.118	0.135*	0.102*	-0.049	0.000								
Pop6	0.485**	0.379**	0.382**	0.102	0.162	0.000							
Pop7	0.228	0.206**	0.173**	-0.087	-0.067	0.020	0.000						
Pop8	0.566*	0.490**	0.521**	0.381**	0.366*	0.237	0.335*	0.000					
Pop9	0.397	0.275**	0.299**	-0.019	0.045	-0.200	-0.081	0.195	0.000				
Pop10	0.377*	0.319**	0.327**	0.035	0.084*	-0.065	-0.022	0.290	-0.174	0.000			
Pop11	0.149*	0.049	0.192**	0.297**	0.305**	0.510**	0.361*	0.601**	0.427**	0.421**	0.000		
Pop12	0.666	0.459**	0.454*	0.195	0.271	-0.154	0.172	0.218	-0.091	-0.027	0.650*	0.000	
Pop13	0.104	-0.068	0.098	0.320**	0.340**	0.672**	0.475**	0.721**	0.656	0.515**	0.071	0.939*	0.000
Pop14	-0.004	0.022	-0.021	0.155	0.140	0.593**	0.277	0.678**	0.559	0.433**	0.294**	0.860*	0.438
Pop15	0.606	0.406	0.410**	0.110	0.190	-0.304	0.055	0.075	-0.263	-0.145	0.610	0.000	0.928*
Pop16	0.476	0.261	0.281	-0.192	-0.074	-1.000	-0.345	-0.394	-1.000	-0.651	0.526	0.000	0.913
Pop17	0.041	-0.179	0.042	0.271	0.285	0.574	0.372	0.555	0.513	0.446*	-0.018	0.925	0.226
Pop18	0.356*	0.113	0.250	0.434*	0.442*	0.654**	0.510**	0.610	0.619**	0.558	0.212	0.939	0.718*
Pop19	0.344	0.233**	0.332**	0.476**	0.464**	0.630**	0.524**	0.653*	0.577**	0.569**	0.259**	0.735*	0.411**
Pop20	0.409**	0.190*	0.314*	0.484**	0.482**	0.690**	0.569**	0.678*	0.667	0.597**	0.275*	0.892	0.639*
Pop21	0.435	0.152	0.277**	0.464**	0.485	0.709	0.573*	0.691	0.707	0.593**	0.233	1.000	0.803*
Pop22	0.094	0.040	0.017	-0.367	-0.327	-0.164	-0.453	0.162	-0.358	-0.269	0.281*	0.250	0.604
Pop23	-0.833	-0.636	-0.797	-0.463	-0.516	0.333	-0.345	0.333	0.200	0.111	-0.028	1.000	0.600
Pop24	0.058	0.085	0.091**	0.194	0.189**	0.474**	0.241	0.532	0.386	0.388**	0.282*	0.634*	0.355*
Pop25	0.235	0.047	0.147	0.138	0.147	0.368	0.176	0.405	0.273	0.254	0.293*	0.769	0.654*

Çizelge 4.5. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma düzeylerini gösteren mtDNA bazlı ikili F_{ST} değerleri (devam)

	Pop14	Pop15	Pop16	Pop17	Pop18	Pop19	Pop20	Pop21	Pop22	Pop23	Pop24	Pop25
Pop1												
Pop2												
Pop3												
Pop4												
Pop5												
Pop6												
Pop7												
Pop8												
Pop9												
Pop10												
Pop11												
Pop12												
Pop13												
Pop14	0.000											
Pop15	0.838*	0.000										
Pop16	0.800	0.000	0.000									
Pop17	0.503*	0.889	0.778	0.000								
Pop18	0.706*	0.909	0.818	0.500	0.000							
Pop19	0.515**	0.698	0.628	0.260*	-0.143	0.000						
Pop20	0.680*	0.866	0.818	0.500	0.000	-0.134	0.000					
Pop21	0.771*	1.000	1.000	0.769	0.250	-0.167	-0.091	0.000				
Pop22	0.301	0.000	-1.000	0.333	0.500	0.473**	0.607	0.700	0.000			
Pop23	-1.000	1.000	1.000	0.333	0.600	0.273	0.600	1.000	-1.000	0.000		
Pop24	0.192	0.554	0.370	0.187	0.394	0.431**	0.489**	0.499	0.075	-0.619	0.000	
Pop25	0.551	0.667	0.333	0.400	0.571	0.464	0.633	0.769	0.000	0.000	0.266	0.000

Çizelge 4.6. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma düzeylerini gösteren nDNA bazlı ikili F_{ST} değerleri (*: $P<0.05$, **: $P<0.01$)

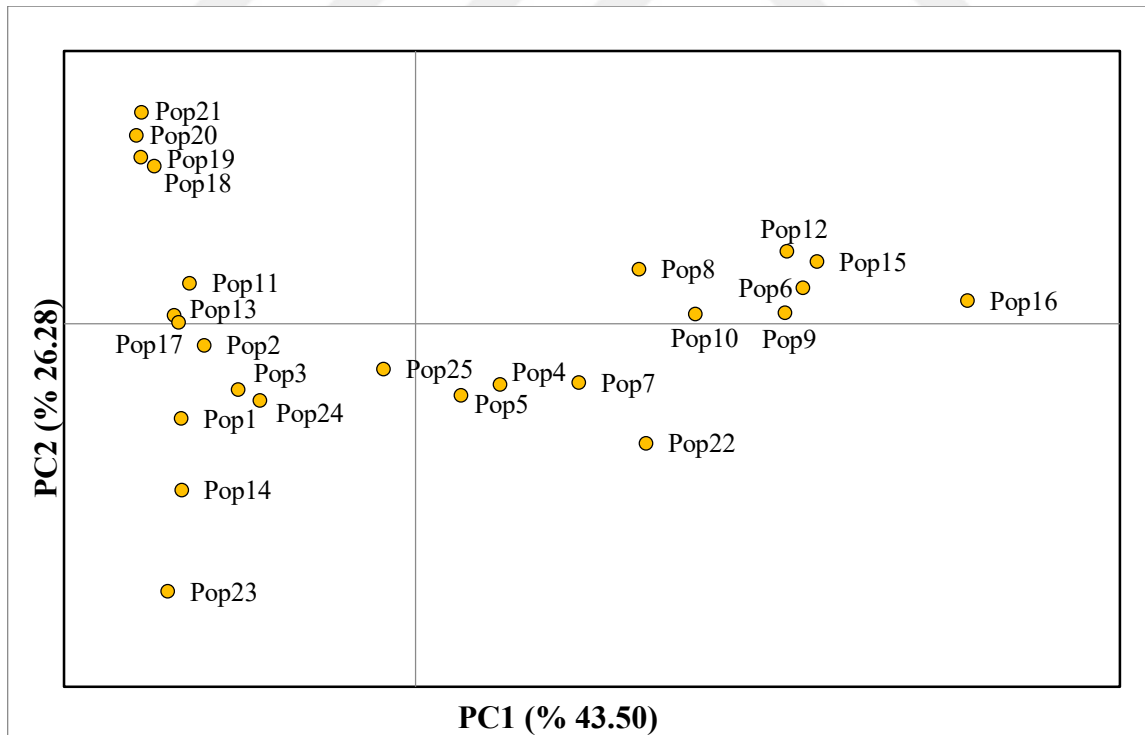
	Pop1	Pop2	Pop3	Pop4	Pop5	Pop6	Pop7	Pop8	Pop9	Pop10	Pop11	Pop12	Pop13
Pop1	0.000												
Pop2	0.000	0.000											
Pop3	-0.224	-0.024	0.000										
Pop4	-0.228	0.000	0.006	0.000									
Pop5	0.000	0.000	-0.037	-0.016	0.000								
Pop6	-0.200	0.124	0.102	0.003	0.091	0.000							
Pop7	0.000	0.000	-0.081	-0.069	0.000	0.000	0.000						
Pop8	0.235	0.559	0.518*	0.416	0.512**	0.136	0.379	0.000					
Pop9	0.000	0.000	-0.136	-0.128	0.000	-0.081	0.000	0.267	0.000				
Pop10	-0.228	0.008	0.009	-0.045	-0.009	-0.036	-0.065	0.395*	-0.125	0.000			
Pop11	-0.226	0.034	-0.029	-0.006	0.012	-0.027	-0.051	0.408	-0.116	-0.005	0.000		
Pop12	0.000	0.000	-0.195	-0.189	0.000	-0.154	0.000	0.180	0.000	-0.187	-0.180	0.000	
Pop13	-0.156	0.168*	0.210*	0.135**	0.132**	0.005	0.036	0.100	-0.047	0.121*	0.079	-0.120	0.000
Pop14	0.000	0.000	-0.081	-0.069	0.000	0.000	0.000	0.379	0.000	-0.065	-0.051	0.000	0.036
Pop15	0.000	0.000	-0.330	-0.327	0.000	-0.304	0.000	0.033	0.000	-0.325	-0.321	0.000	-0.267
Pop16	0.000	0.000	-1.000	-1.000	0.000	-1.000	0.000	-0.467	0.000	-1.000	-1.000	0.000	-0.927
Pop17	0.000	0.000	-0.330	-0.327	0.000	-0.304	0.000	0.033	0.000	-0.325	-0.321	0.000	-0.267
Pop18	0.000	0.000	-0.330	-0.327	0.000	-0.304	0.000	0.033	0.000	-0.325	-0.321	0.000	-0.267
Pop19	0.040	0.467	0.195	-0.029	0.412	-0.188	0.250	0.168	0.111	-0.053	0.149	0.000	-0.082
Pop20	0.000	0.000	-0.066	-0.189	0.000	-0.082	0.000	0.420	0.000	-0.188	-0.031	0.000	0.065
Pop21	0.000	0.000	-0.136	-0.239	0.000	-0.165	0.000	0.267	0.000	-0.239	-0.116	0.000	-0.047
Pop22	0.000	0.000	-0.195	-0.189	0.000	-0.154	0.000	0.180	0.000	-0.187	-0.180	0.000	-0.120
Pop23	0.000	0.000	-0.195	-0.189	0.000	-0.154	0.000	0.180	0.000	-0.187	-0.180	0.000	-0.120
Pop24	0.000	0.000	-1.000	-1.000	0.000	-1.000	0.000	-0.467	0.000	-1.000	-1.000	0.000	-0.927
Pop25	0.680	0.836	0.429*	0.338*	0.812**	0.157	0.736	0.333	0.667	0.320*	0.440**	0.613	0.032

Çizelge 4.6. Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma düzeylerini gösteren nDNA bazlı ikili F_{ST} değerleri (devam)

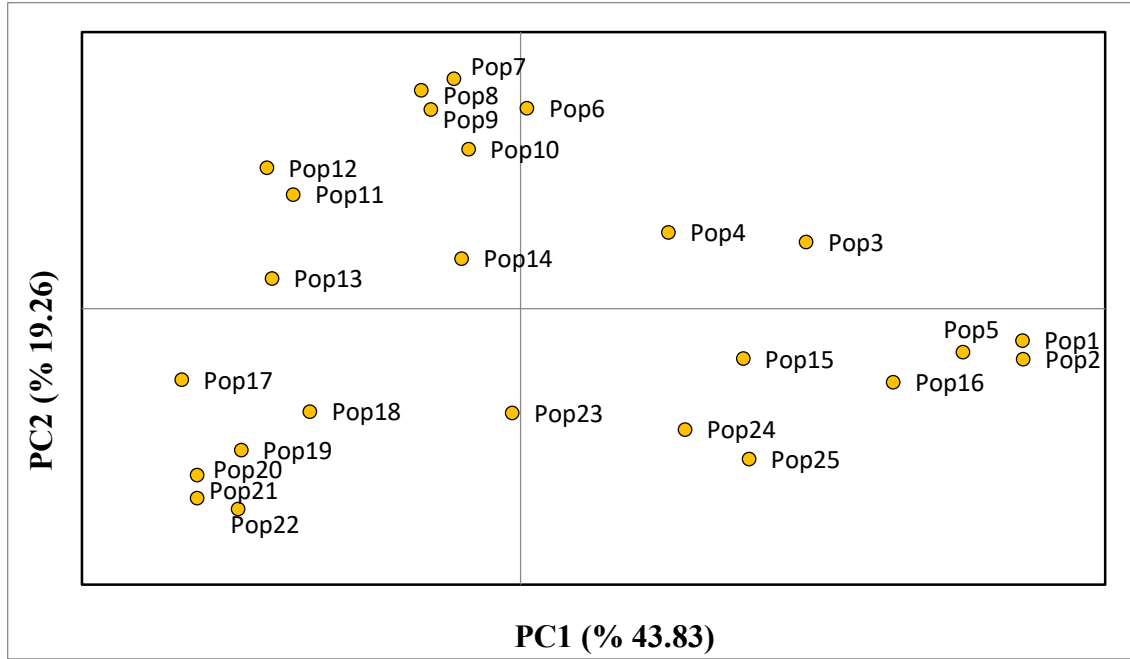
	Pop14	Pop15	Pop16	Pop17	Pop18	Pop19	Pop20	Pop21	Pop22	Pop23	Pop24	Pop25
Pop1												
Pop2												
Pop3												
Pop4												
Pop5												
Pop6												
Pop7												
Pop8												
Pop9												
Pop10												
Pop11												
Pop12												
Pop13												
Pop14	0.000											
Pop15	0.000	0.000										
Pop16	0.000	0.000	0.000									
Pop17	0.000	0.000	0.000	0.000								
Pop18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000							
Pop19	0.250	-0.200	-1.000	-0.200	-0.200	0.000						
Pop20	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-0.167	0.000					
Pop21	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-0.231	0.000	0.000				
Pop22	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000			
Pop23	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000		
Pop24	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	-1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
Pop25	0.736*	0.529	0.333	0.529	0.529	0.343	0.761	0.667	0.613	0.613	0.333	0.000

Temel bileşenler analizi (PCoA) yüksek ve çok boyutlu verileri sıkıştırarak yüksek varyans eşliğinde temel faktörleri baz alan ve iz düşümünü belirleyerek küçük düzlemlere indirgeyen, istatistikte sıklıkla kullanılan bir tekniktir. İkili F_{ST} değerleri kullanılarak gerçekleştirilen temel bileşenler analizi (PCoA) sonucunda mtDNA belirtecinde herhangi bir kümelenmenin olmadığı görülmüştür (Şekil 4.11). Toplam genetik varyasyonun % 69.78'ini ilk iki eksen (PC1 ve PC2) açığa çıkarmıştır. Diğer eksenlerde genetik varyansın PC1 ve PC3'te % 53.82'si açığa çıkarken PC2 ve PC3'te ise % 36.60'ı açığa çıkarmıştır.

Çekirdek DNA dizileri için ikili F_{ST} değerleri kullanılarak gerçekleştirilen temel bileşenler analizi (PCoA) sonucunda da nDNA için herhangi bir kümelenme oluşmamıştır (Şekil 4.12). Toplam genetik varyasyonun % 63.09'unu ilk iki eksenin (PC1 ve PC2) açığa çıkardığı görülmektedir. Diğer eksenlerde genetik varyansın PC1 ve PC3'te % 53.54'ü açığa çıkarken PC2 ve PC3'te ise % 28.97'sinin açığa çıktığı görülmüştür. Her iki gen bölgesi için elde edilen kümeler SAMOVA'da elde edilen verilere benzerlik gösterdiği görülmektedir.

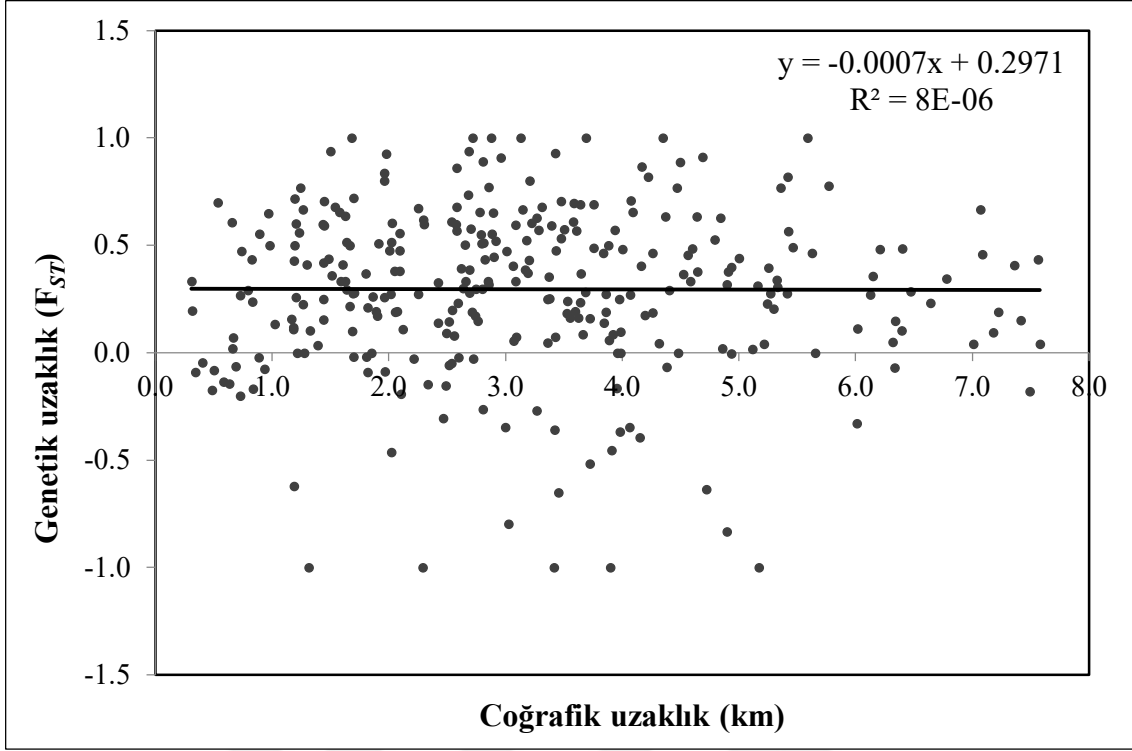


Şekil 4.11. mtDNA'da bulunan gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*) için ikili F_{ST} değerleri kullanılarak hazırlanan temel bileşen analizi (PCoA).

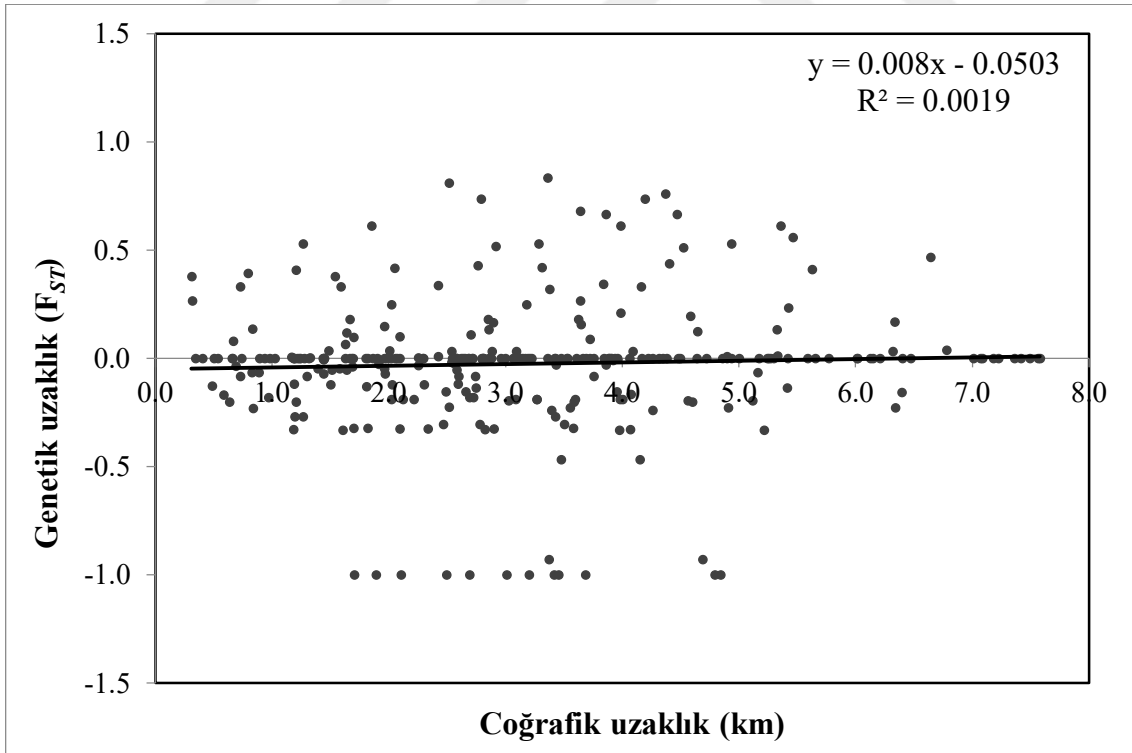


Şekil 4.12. nDNA’da bulunan gen bölgeleri (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) için ikili F_{ST} değerleri kullanılarak hazırlanan temel bileşen analizi (PCoA).

Cephus pygmeus’un çalışma bölgesinde (yaklaşık 330 bin km²) geniş alanlardan oluşturulan popülasyonlar arasında genetik sürüklenme ya da gen akışının varlığı popülasyonların genetik uzaklıkları ile coğrafik uzaklıkları arasındaki korelasyonun istatistiksel hesabı IBD örüntüleriyle test edilerek Mantel testi uygulanmıştır (Hutchison ve Templeton, 1999). Mitokondriyal DNA (*COI*, *Nd6*) ve çekirdek DNA (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*)’da bulunan gen bölgeleri için mantel testi yapılmış ve sonuçlar Şekil 4.13 ve Şekil 4.14’te verilmiştir. Popülasyonları oluşturan her bir lokasyona ait diziler ile yine o lokasyona ait coğrafik mesafeleri arasındaki mtDNA ikili F_{ST} değerleri arasında olumlu bir korelasyon bulunamamıştır ($R^2=8E-06$; $P>0.05$; Şekil 4.13). Aynı Şekilde coğrafik mesafe ile genetik veri arasında nDNA ikili F_{ST} değeri arasında da olumlu bir korelasyon bulunamamıştır ($R^2=0.0019$; $P>0.05$; Şekil 4.14).



Şekil 4.13. mtDNA ikili F_{ST} değeri arasındaki mantel test grafiği.



Şekil 4.14. nDNA ikili F_{ST} değeri arasındaki mantel test grafiği.

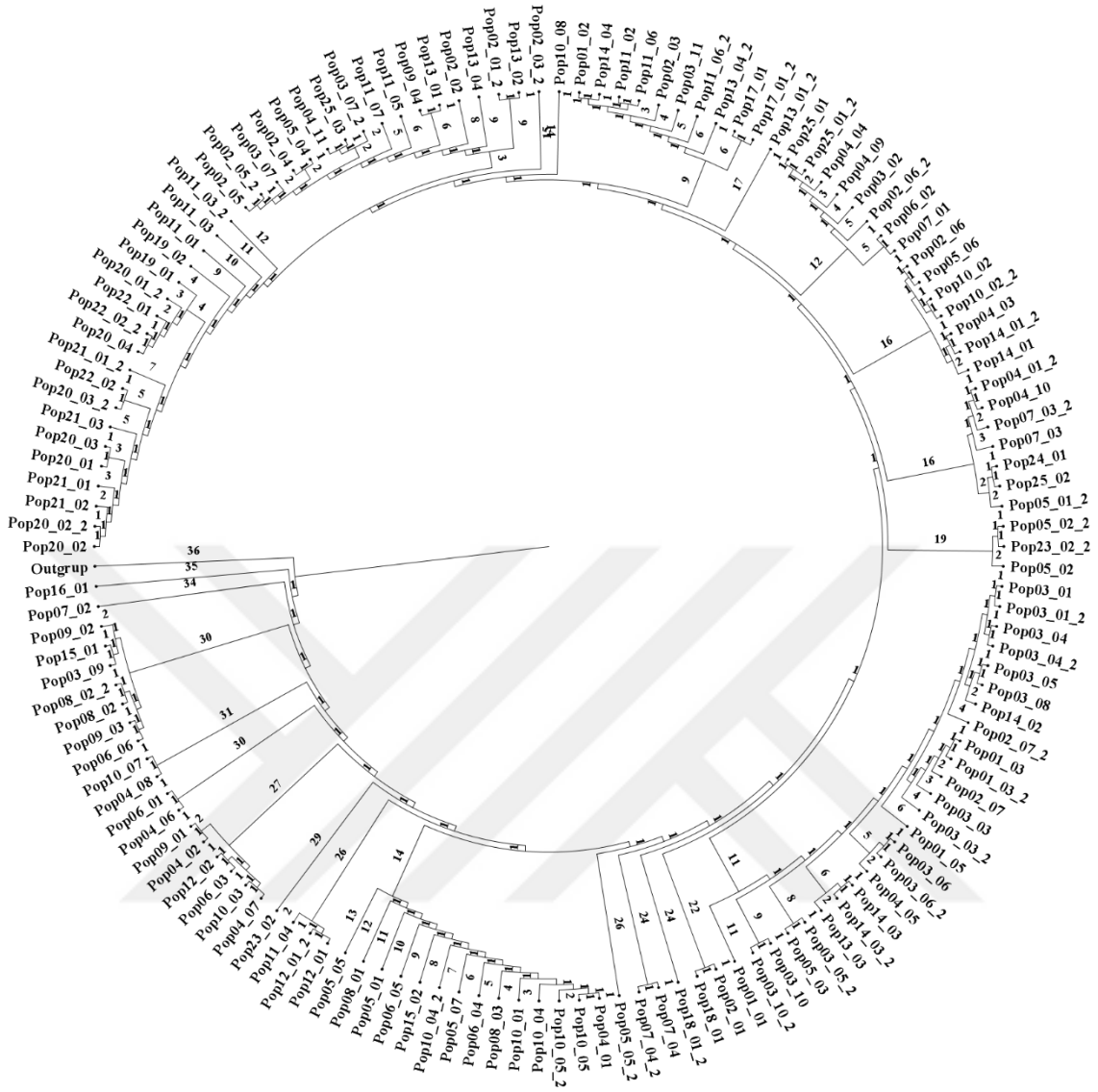
4.5. Filogeni Analizleri

Coğrafik yapı göz önünde bulundurularak oluşturulan *C. pygmeus* popülasyonlarının filogenetik analizleri hem mtDNA (*COI*, *Nd6*) hem de analiz edilen DİĞER bölgeler (*COI*, *Nd6*, *Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) üzerinden farklı programlar ve algoritmalar kullanılarak yapılmıştır. Transisyon/transversiyon oranı (R)=0.5873; denge baz frekansları $A=0.3640$, $T=0.3647$, $C=0.16$, $G=0.1113$; gamma şekil parametresi=0.4815 ve invariant şekil parametresi=0.3315 olarak hesaplanmıştır. Tüm bölgelerin dâhil edildiği (mtDNA+nDNA) analizde ise uygun mutasyon modeli GTR+G+I mutasyon modeli olarak seçilmiştir. Transisyon/transversiyon oranı (R)=0.5367; denge baz frekansları $A=0.3031$, $T=0.3198$, $C=0.1794$, $G=0.1972$; gamma şekil parametresi=0.4618 ve invariant şekil parametresi=0.6250 olarak bulunmuştur.

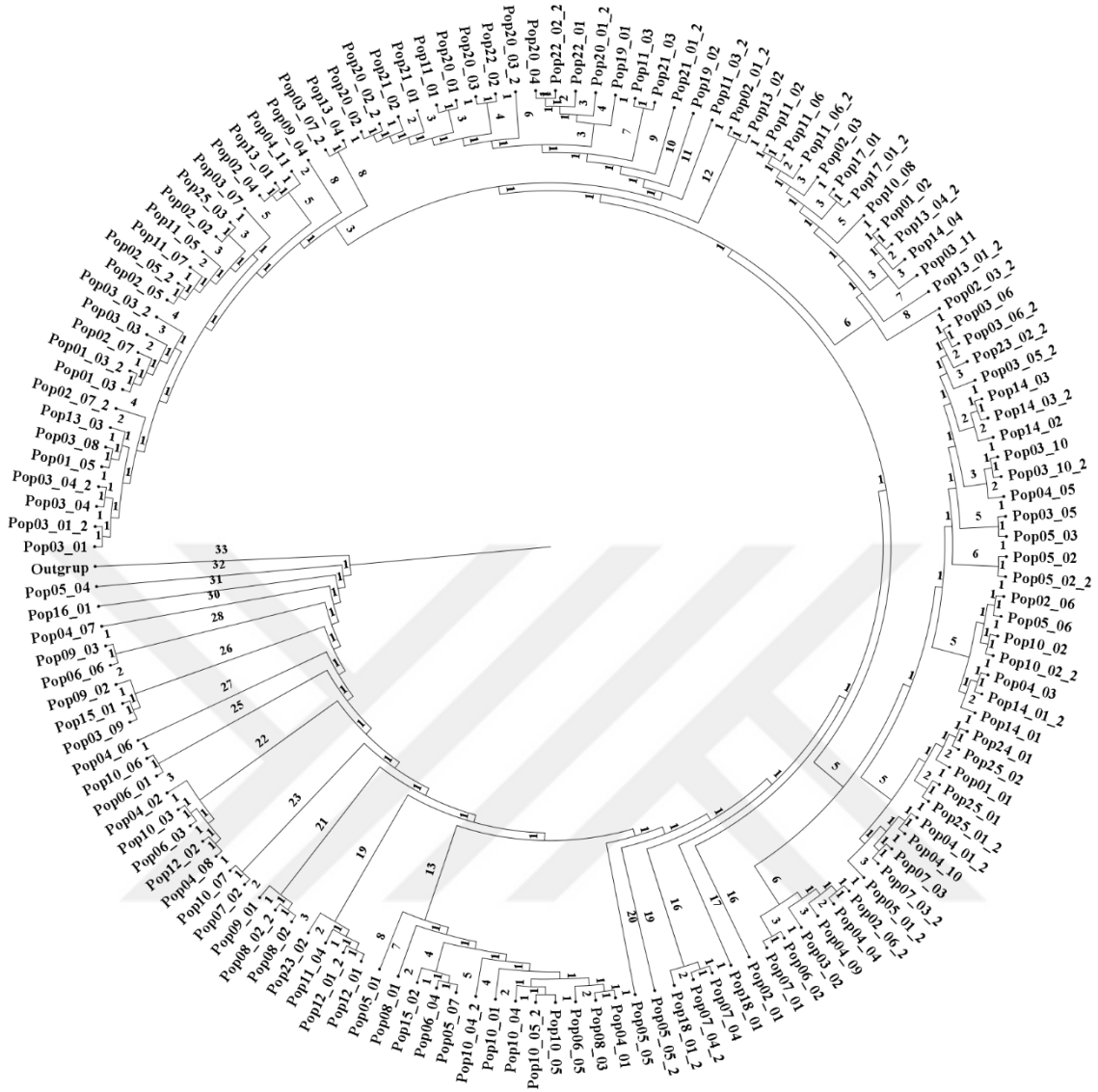
Whitfield ve Cameron (1998) Hymenoptera takımında yer alan böceklerin farklı hiyerarşik seviyelerinde (tür, cins, alt familya vb.) en uygun mutasyon modelinin GTR olduğunu ve ikinci uygun modelin HKY olduğunu beyan etmiştir. Lesieur ve ark. (2016) *16S* gen bölgesi için belirledikleri en uygun mutasyon modeli GTR+I iken, *COI* gen bölgesi için HKY+G olduğunu bildirmişlerdir. Korkmaz ve ark. (2011) *C. pygmeus*'a ait transisyon/transversiyon oranı diğer Cephidae takımına ait türlerine göre ($R=0.772$) daha yüksek bir değerde ($R=2.922$) bulduklarını beyan etmiştir.

4.5.1. Uzaklık analizleri

Mitokondriyal DNA'da bulunan gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*) ve hem mitokondriyal hemde çekirdekte bulunan gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*, *Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) üzerinden yapılan komşu-bağlanma (NJ) dendogramı sonucunda filogenetik ağaçtan elde edilen düşük nod değerleri sebebiyle *C. pygmeus* popülasyonları arasında farklı kümelenmelere ayrılmadığı görülmüştür (Şekil 4.15, Şekil 4.16). Genetik uzaklık verilerine göre oluşturulan NJ dendogramında her ne kadar yer yer dallanmalar oluşsada anlamlı bir bootstrap değerine sahip olmadığı görülmüştür. Dendogramlar genetik uzaklık veri matrisine dayalı K2-P modeline göre hesaplanmıştır (Kimura, 1980).



Şekil 4.15. mtDNA gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*)'ne ait dizilerde komşu bağlanma (NJ) dendogramı.

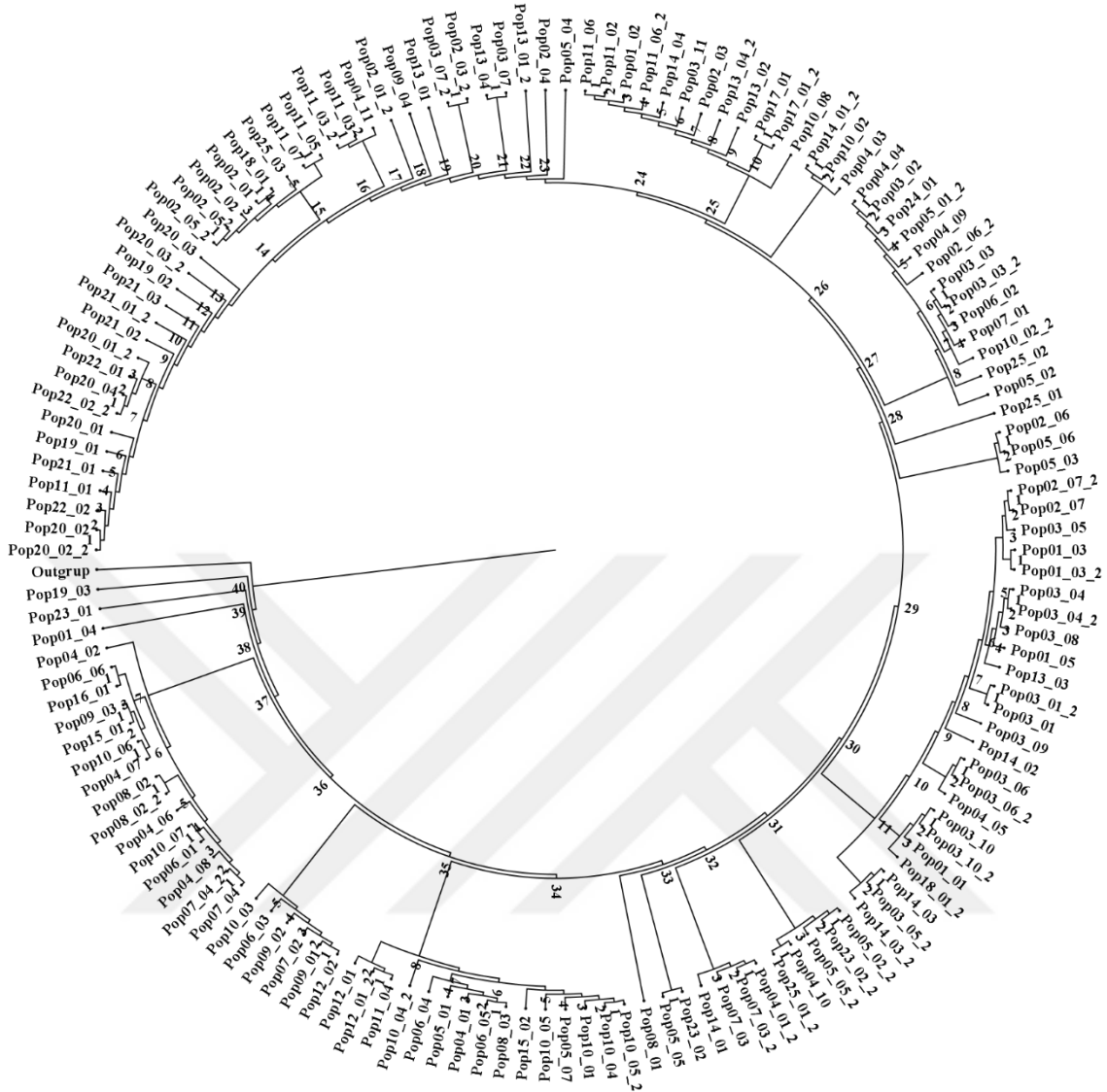


Şekil 4.16. mtDNA+nDNA gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*, *Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*)'ne ait dizilerde komşu bağlanma (NJ) dendrogramı.

4.5.2. Maksimum olasılık analizleri

Felsenstein (1985) ve Farris (1973) tarafından geliştirilen filogeni tamini her bir karakterin yeni bir duruma değişmesi ya da yeni bir karakterin açığa çıkma olasılığını hesaplamaktadır. PhyML programı aracılığı ile yapılan hesaplamalar sonunda oluşturulan filogenetik ağaçta popülasyonlar arasında anlamlı bir dallanma olmadığı görülmüştür (Şekil 4.17 ve Şekil 4.18).

Şekil 4.17. mtDNA gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*)’ne ait dizilerde maksimum olasılık (ML) yöntemine dayalı filogenetik ağaç. (phyML programında HKY85 modeli kullanılarak inşa edilmiştir).



Şekil 4.18. mtDNA+nDNA gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*, *Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*)’ne ait dizilerde maksimum olasılık (ML) yöntemine dayalı filogenetik ağaç. (phyML programında HKY85 modeli kullanılarak inşa edilmiştir).

4.5.3. Bayesiyan tabanlı filogenetik analizler

Cephus pygmeus popülasyonlarının hücrelerinde mitokondri ve çekirdekte hedeflenen gen bölgelerine (*COI*, *Nd6*, *Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) ait haplotiplerin nükleotid dizileri arasındaki filogenetik ilişkiler ve muhtemel soyhatlarının diğerlerinden ayrılma zamanları ile günümüzdeki yapısı hakkında fikir verebilen Bayesiyan tabanlı filogenetik analizleri yapılmıştır. Genel ağaç yapısı incelendiğinde dal uzunluklarının benzer olduğu, birçok popülasyon için dallanma olmadan monofiletik bir yapının görüldüğü ve

popölasyonların birbirine benzer yapıda olduđu anlaşılmaktadır (Şekil 4.19, Şekil 4.20). Dallanmanın görüldüğü bazı popölasyonlarda ise en yüksek nod değerin 0.51 ile 1 arasında olduđu ancak anlamlı bir değere sahip olmadığı görölmüştür. Filogenetik ağacın bu yapısı popölasyonların ani bir yayılış ile geniş bölgelere ulaştığı anlamını taşımaktadır. Lesieur ve ark. (2016) *C. cinctus* popölasyonları için hazırlanan Bayesiyan filogenetik ağacında nod değeri 0.83 ile 1 arasında değişen oranlarda bularak farklı bölgelerden oluşturdukları popölasyonların 3 farklı gruba almışlardır.





Şekil 4.19. mtDNA gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*) arasındaki MrBayes yaklaşımlı filogenetik ilişki.



Şekil 4.20. mtDNA+nDNA gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*, *Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) arasındaki MrBayes yaklaşımlı filogenetik ilişki.

4.5.4. Şebeke-ağ analizleri

Ceylan (2020) çalışmasında Türkiye'nin farklı illerinden topladığı *Eurygaster maura* örneklerinden elde ettiği haplotiplere şebeke analizi uygulamış ve popülasyonlar arasında çalışmamızdaki sonuca paralel şekilde yıldız benzeri yapılanmanın olduğu sonucuna varmıştır. Daha geniş alanlara yayılış gösteren ve uzak mesafelerden toplanan örnekler (Sahra altı ülkeler, Afrika ve bazı Palearktik bölge ülkeleri) arasındaki popülasyon yapısının incelenmesi amacıyla *Sesamia nonagrioides* (Akdeniz mısır kurdu) üzerinde çalışma yürütülmüştür. Bu çalışma sonucunda popülasyonlar arasında iki farklı kümelenmenin olduğu tespit edilmiş ve yapılan şebeke-ağ analiz sonuçlarına göre her iki kümelenme içerisinde de en çok haplotipi barındıran nükleotid dizisi ortada kalmış diğer haplotipler ise bunun etrafında konumlanmışlardır (Goftishu ve ark, 2019).

Farklı yükselti ve iklim özelliklerine sahip lokasyonlardan toplanan *C. pygmeus* örneklerinin genetik incelemeleri detaylı şekilde yukarıda bahsedildiği haliyle yapılmıştır. Genetik karakterin böceğin morfolojisine bir yansımasının olup olmadığını

belirlemek amacıyla genetik analizleri yapılan popülasyonlardan rastgele seçilmiş dişi bireylerin bazı morfolojik aksamaları (anten, abdomen, femur vb.) ölçülmüştür. Her bir morfolojik aksam için hesaplanan sonuçlar Çizelge 4.7, Çizelge 4.8, Çizelge 4.9, Çizelge 4.10, Çizelge 4.11 ve Çizelge 4.12’de verilmiştir.

Çizelge 4.7. *Cephus pygmeus*’un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin anten uzunlukları

Popülasyon	n	Ort.±ss	Popülasyon	n	Ort.±ss
Pop1	4	4.81±0.11ab	Pop13	6	5.20±0.18a
Pop2	5	4.81±0.16ab	Pop14	3	4.80±0.21ab
Pop3	11	5.20±0.08a	Pop15	6	5.08±0.12a
Pop4	12	4.96±0.10a	Pop16	3	5.10±0.11a
Pop5	6	5.11±0.17a	Pop17	3	4.73±0.00ab
Pop6	9	4.81±0.09ab	Pop18	3	4.48±0.12ab
Pop7	3	4.78±0.09ab	Pop19	4	4.12±0.15b
Pop8	3	5.03±0.09a	Pop20	3	4.53±0.22ab
Pop9	3	5.05±0.04a	Pop21	3	4.51±0.09ab
Pop10	6	5.16±0.17a	Pop22	3	4.61±0.16ab
Pop11	6	5.03±0.13a	Pop23	3	5.00±0.08a
Pop12	3	4.98±0.27a	Pop25	3	4.86±0.08ab

Antenler arası mesafenin tüm böceklerde hemen hemen yakın değerlerde olduğu ve istatistik açısından herhangi bir farkın olmadığı görülmüştür ($P>0.05$) (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. *Cephus pygmeus*'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin antenler arası mesafe uzunlukları

Popülasyon	n	Ort.±ss	Popülasyon	n	Ort.±ss
Pop1	4	0.41±0.04a	Pop13	6	0.42±0.03a
Pop2	5	0.37±0.01a	Pop14	3	0.35±0.01a
Pop3	11	0.38±0.02a	Pop15	6	0.42±0.01a
Pop4	12	0.42±0.02a	Pop16	3	0.39±0.02a
Pop5	6	0.41±0.02a	Pop17	3	0.35±0.01a
Pop6	9	0.35±0.00a	Pop18	3	0.38±0.02a
Pop7	3	0.35±0.02a	Pop19	4	0.34±0.01a
Pop8	3	0.38±0.01a	Pop20	3	0.40±0.02a
Pop9	3	0.35±0.01a	Pop21	3	0.30±0.01a
Pop10	6	0.37±0.02a	Pop22	3	0.33±0.01a
Pop11	6	0.34±0.01a	Pop23	3	0.40±0.02a
Pop12	3	0.38±0.02a	Pop25	3	0.42±0.02a

Çizelge 4.9. *Cephus pygmeus*'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin abdomen uzunlukları

Popülasyon	n	Ort.±ss	Popülasyon	n	Ort.±ss
Pop1	4	5.05±0.22ab	Pop13	6	5.40±0.14ab
Pop2	5	5.03±0.20ab	Pop14	3	4.88±0.20ab
Pop3	11	5.50±0.11ab	Pop15	6	5.38±0.14ab
Pop4	12	5.03±0.15ab	Pop16	3	5.44±0.39ab
Pop5	6	5.57±0.23a	Pop17	3	4.42±0.03b
Pop6	9	5.30±0.17ab	Pop18	3	4.76±0.07ab
Pop7	3	5.03±0.19ab	Pop19	4	4.44±0.12b
Pop8	3	5.46±0.11ab	Pop20	3	4.95±0.31ab
Pop9	3	4.73±0.03ab	Pop21	3	4.45±0.04b
Pop10	6	5.27±0.17ab	Pop22	3	4.66±0.25ab
Pop11	6	5.22±0.17ab	Pop23	3	4.65±0.11ab
Pop12	3	5.40±0.26ab	Pop25	3	4.77±0.09ab

Çizelge 4.10. *Cephus pygmeus*'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin femur uzunlukları

Popülasyon	n	Ort.±ss	Popülasyon	n	Ort.±ss
Pop1	4	1.50±0.06 abc	Pop13	6	1.61±0.04 ab
Pop2	5	1.57±0.06 abc	Pop14	3	1.55±0.14 abc
Pop3	11	1.63±0.03 ab	Pop15	6	1.56±0.05 abc
Pop4	12	1.65±0.05 a	Pop16	3	1.54±0.07 abc
Pop5	6	1.59±0.04 abc	Pop17	3	1.44±0.05 abc
Pop6	9	1.56±0.04 abc	Pop18	3	1.30±0.05abc
Pop7	3	1.53±0.02 abc	Pop19	4	1.25±0.03 c
Pop8	3	1.63±0.08 ab	Pop20	3	1.34±0.09 abc
Pop9	3	1.47±0.01 abc	Pop21	3	1.39±0.04 abc
Pop10	6	1.59±0.05 abc	Pop22	3	1.53±0.15 abc
Pop11	6	1.49±0.05 abc	Pop23	3	1.45±0.01 abc
Pop12	3	1.61±0.08 ab	Pop25	3	1.29±0.03 bc

Çizelge 4.11. *Cephus pygmeus*'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin tibia uzunlukları

Popülasyon	n	Ort.±ss	Popülasyon	n	Ort.±ss
Pop1	4	2.13±0.09 abcde	Pop13	6	2.30±0.09 abc
Pop2	5	2.16±0.06 abcde	Pop14	3	2.09±0.20 abcde
Pop3	11	2.35±0.05 a	Pop15	6	2.21±0.06 abcd
Pop4	12	2.24±0.04 abcd	Pop16	3	2.33±0.15 ab
Pop5	6	2.33±0.08 ab	Pop17	3	1.98±0.02 abcde
Pop6	9	2.19±0.05 abcde	Pop18	3	1.90±0.04 bcde
Pop7	3	2.28±0.09 abcd	Pop19	4	1.77±0.04 e
Pop8	3	2.29±0.09 abc	Pop20	3	1.97±0.12 abcde
Pop9	3	1.92±0.02 abcde	Pop21	3	1.89±0.07 cde
Pop10	6	2.25±0.06 abcd	Pop22	3	1.85±0.07 de
Pop11	6	2.24±0.07 abcd	Pop23	3	2.09±0.08 abcde
Pop12	3	2.21±0.08 abcd	Pop25	3	1.85±0.09 de

Çizelge 4.12. *Cephus pygmeus*'un farklı popülasyonlarında bulunan dişilerinin tarsus uzunlukları

Popülasyon	n	Ort.±ss	Popülasyon	n	Ort.±ss
Pop1	4	2.84±0.09 abc	Pop13	6	3.15±0.20 ab
Pop2	5	2.81±0.08 abc	Pop14	3	2.84±0.21 abc
Pop3	11	2.92±0.07 abc	Pop15	6	2.90±0.08 abc
Pop4	12	2.96±0.05 abc	Pop16	3	2.93±0.14 abc
Pop5	6	3.22±0.10 a	Pop17	3	2.71±0.04 abc
Pop6	9	2.82±0.06 abc	Pop18	3	2.57±0.06 bc
Pop7	3	2.88±0.07 abc	Pop19	4	2.52±0.01 c
Pop8	3	2.96±0.11 abc	Pop20	3	2.63±0.19 bc
Pop9	3	2.72±0.03 abc	Pop21	3	2.65±0.05 abc
Pop10	6	2.92±0.07 abc	Pop22	3	2.71±0.02 abc
Pop11	6	2.89±0.07 abc	Pop23	3	2.87±0.13 abc
Pop12	3	2.85±0.06 abc	Pop25	3	2.52±0.12 c

Genetik yapı bakımından popülasyonlar arasında farklılık görülmez iken dişi böceğin morfometrik ölçümleri arasında genel olarak istatistiksel farklılıklar bulunmuştur ($P<0.05$). Anten uzunlukları bakımından yapılan karşılaştırmalarda Kars Sarıkamış Selim popülasyonunun (19) anten uzunluğu, Güneydoğu Anadolu Bölgesinde (3, 4, 5, 9,10) ve Doğu Anadolu Bölgesinde bulunan bazı popülasyonlardan (11, 12, 13, 15, 16, 23) daha kısa bulunmuştur ($P<0.05$) (Çizelge 4.7.) (Popülasyon numaraları için Bknz. Çizelge 3.1).

Dişilerin antenleri arası uzunluklar için yapılan karşılaştırmalarda popülasyonlar arasında istatistiki olarak herhangi bir fark görülmemiştir ($P>0.05$) (Çizelge 4.8). Abdomen uzunlukları ölçüldüğünde, Gaziantep Adıyaman popülasyonunun (5) Kuzey bölgelerdeki bazı popülasyonlardan (17, 19, 21) daha uzun abdomene sahip olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.9).

Dişilerin femur uzunlukları karşılaştırıldığında, Batman Diyarbakır Siverek (4) popülasyonu Kars Sarıkamış Selim (19) ve Erzincan Refahiye (25) popülasyonlarından daha uzun femura sahip bulunurken, Kars Sarıkamış Selim popülasyonu (19) Güneydoğu (3, 8) ve Doğu Anadolu Bölgesindeki bazı popülasyonlardan (12, 13) daha kısa femura sahip olarak saptanmıştır (Çizelge 4.10).

Tibia uzunlukları için yapılan karşılaştırmalarda Mardin Şanlıurfa popülasyonunun (3) tibia uzunlukları Kars Sarıkamış Selim popülasyonundan (19) daha uzun bulunmuştur ($P<0.05$) (Çizelge 4.11). Tarsus uzunlukları için yapılan karşılaştırmalarda ise Gaziantep Adıyaman popülasyonunun (5) tarsus uzunluğu, Kars Sarıkamış Selim (19) ve Erzincan Refahiye (25) popülasyonlarından daha uzun olarak hesaplanmıştır ($P<0.05$) (Çizelge 4.12).

Bu değerlendirmelerden de anlaşıldığı gibi, Güneydoğu Anadolu Bölgesindeki popülasyonların morfometrik ölçüleri genel olarak kuzeydeki popülasyonlardan daha uzun olarak tespit edilmiştir. Kalinkat ve ark. (2015)'nın da belirttiği gibi ekolojik koşullar böceklerin morfolojik karakterlerinde değişiklikler meydana getirebilir. Bir hayvanın fizyolojik ve ekolojik süreçlerini etkileyen önemli özellikler arasında vücut büyüklüğünün olduğu belirtilmektedir (LaBarbera, 1989). Böceklerde vücut büyüklüğü yükselti farklılıkları, yaşanan ortamın hava sıcaklığı, besin kaynağının miktarı ve mevsimlerin süreleri gibi birçok etmenden etkilenen dinamik bir süreçtir (Atkinson ve Sibly, 1997; Mousseau, 1997; Chown ve Gaston, 2010). Ekolojide Bergmann kuralına göre kuzey enlemlerde ve soğuk bölgelerde yaşayan sıcakkanlı hayvanlar sıcak yerlerde yaşayan akrabalarına göre daha büyük olma eğilimindedirler (Bergmann, 1847). Böcekler gibi soğukkanlı hayvanlarda ise bu durumun tersinin geçerli olduğu belirtilmektedir (Mousseau, 1997). Carl Bergmann tarafından 1847'de oluşturulan bu kuramın hâlihazırda geçerliliğinin olup olmadığı tartışmaları (Geist, 1987; Ashton, 2001) ve bu kuralın bildirilmesinde genel-geçer İngilizce dili ile nitelikli yayınlanmış temel bir yayın olmamasından kaynaklanan birçok problemlerin olduğu tartışmaları yaşanmaktadır (Watt ve ark., 2010). Böcekleri yakından ilgilendirdiği ortaya konulan vücut büyüklüğü üzerine yapılmış birçok çalışma bulunmaktadır (Cushman ve ark., 1993; Hawkins, 1995; Loeschcke ve ark., 2000; Chown ve Klok, 2003; Angilletta Jr ve ark., 2004; Harrison ve ark., 2010; Zeuss ve ark., 2017; Bhusal ve ark., 2019). Bu çalışmalar enlem derecelerinin artması ile vücut büyüklüğündeki artış ya da azalışları, sıcaklığa bağlı oluşan vücut boyut değişiklikleri ile rakımsal değerlerde meydana gelen değişimlere bağlı böcek boyutlarında meydana gelen değişimleri farklı böcek takımlarına göre araştırmaları içermektedir. Zeuss ve ark. (2017) enlem derecesinin artması ile Lepidoptera takımı üyesi böceklerin vücut büyüklüklerinde küçülme meydana geldiğini, Odonata takımı üyelerinin vücut büyüklüğünde ise artma meydana geldiğini beyan etmişlerdir. Hawkins (1995)

Hymenoptera takımına ait 8 farklı familya üzerinde enleme bağılı olarak gelişen değerleri incelemiştir. Familyalara göre değişimler görülse de enlem değerlerinin artması ile vücut uzunluklarında kısaltmaların olduğunu kaydetmişlerdir. Bu veriler ışında Hymenoptera takımına üye olan *C. pygmeus*'un vücut parçalarındaki uzunluk farklılıklarının enlem derecesinin artmasıyla kısaltmaya başladığı sonucuna varılabileceği görülmektedir.





5. SONUÇ

Çalışma sonunda Türkiye'nin Güneydoğu Anadolu, Doğu Anadolu ve Doğu Karadeniz Bölgelerinde yer alan buğday tarlalarının büyük çoğunluğunda ekin sap arısı, *C. pygmeus*'un yayılış gösterdiği kaydedilmiştir. Geniş alanlara yayılan zararlının popülasyon yapısı moleküler yöntemler kullanılarak incelenmiş ve yapılan biyoinformatik analizler sonucunda popülasyonları arasında genetik açıdan herhangi bir farkın olmadığı belirlenmiştir.

Ekin sap arısı, *C. pygmeus*'un yayılış gösterdiği alanlarda zararlı popülasyonlarının yoğunluğu incelendiğinde Güneydoğu Anadolu Bölgesi başı çekmektedir. Bu bölgenin kapsadığı tüm illerde zararlının yayılış gösterdiği kaydedilmiş ve bu iller arasında Kilis, zararlı yoğunluğunun en çok görüldüğü il olarak karşımıza çıkmıştır. Bu ili takiben buğday üretiminin oldukça yüksek miktarlarda olduğu ve geniş ekim alanlarına sahip olan iller sırasıyla Şanlıurfa, Diyarbakır ve Mardin olduğu belirlenmiştir. Türkiye buğday üretiminin % 10'luk payını karşılayan Doğu Anadolu Bölgesi'nde de *C. pygmeus*'un hemen hemen tüm illerde yayılış gösterdiği kaydedilmiştir. *Cephus pygmeus* popülasyonlarının bu bölgede en yoğun olduğu iller ise Kars ve Ardahan olarak tespit edilmiştir. Buğday üretimine uygun arazi yapısına sahip olmayan Doğu Karadeniz Bölgesi'nde yapılan surveylerde ise *C. pygmeus* ile karşılaşılmamıştır.

Ekin sap arısı, *C. pygmeus*'un popülasyon genetiğinin araştırılması amacıyla mitokondriyal DNA'da bulunan iki gen bölgesi (*COI*, *Nd6*) ile nüklear DNA'da bulunan üç gen bölgesi (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) test edilmiştir. Analizler sonunda nüklear DNA'nın mitokondriyal DNA'ya göre daha korunmuş olduğu görülmüştür. Mitokondriyal DNA'da *COI* ve *Nd6* gen bölgelerinin her ikisinde de 23 adet mutasyon görülürken, çekirdek DNA (*Efl-α*, *VGSC*, *Wnt*) 'da test edilen üç gen bölgesinde sırasıyla 1, 2, 2 adet mutasyon olduğu kaydedilmiştir. Haplotipler açısından popülasyonlar incelendiğinde mitokondriyal DNA'da *COI* gen bölgesinde toplam 54 haplotip belirlenirken bunlardan 39 haplotipi özgün, *Nd6* gen bölgesinde toplam 56 haplotip belirlenirken 39 haplotipi başka herhangi bir popülasyon tarafından paylaşılmadığı görülmüştür. Çekirdek DNA'sında bulunan gen bölgeleri *Efl-α*, *VGSC*, *Wnt* için elde edilen toplam haplotip

sayıları sırasıyla 5, 7, 9 olarak bulunurken özgün haplotip sayıları ise sırasıyla 3, 3, 5 olarak belirlenmiştir.

Popülasyonların dengede olup olmadıklarını veya maruz kaldıkları seçilim baskısını ortaya çıkaran nötralite testlerinden Tajima'nın D ve Fu'nun F_S istatistikleri dikkate alındığında değerlerin çoğunluğunun negatif değerlerde olduğu görülmektedir (Bkz. Çizelge 4.3, Bkz. Çizelge 4.4). Mitokondriyal DNA gen bölgeleri (*COI*, *Nd6*) için Fu'nun F_S analizine göre popülasyonlarda ani bir genişleme ve pozitif seçilime uğradığı yorumu yapılabilirken ($F_S = -17.79$; $P < 0.05$) Tajima'nın D değerine göre ise popülasyonların genetik farklılaşmasının herhangi bir seçilim baskısına maruz kalmış olabileceği ile ilişkilendirilememiştir ($D = -1.77$; $P > 0.05$). Diğer taraftan ağ-şebeke (Network analysis) analizlerinde haplotip nodlarının yıldıza benzer bir yapılanma göstermeleri yakın zaman öncesinde ani ve hızlı bir yayılım göstermiş olabilecekleri yorumunu desteklemektedir (Bkz. Şekil 4.21, Bkz. Şekil 4.22). Moleküler varyansın mekânsal analizi (SAMOVA) için popülasyonların genetik verileri ile lokasyon bilgilerini hesaba alınarak yapılan analiz sonrasında Φ_{CT} değerlerinin anlamlı seviyede varyans göstermemesinden dolayı farklı kümelenmelere ($K=0$) ayrılmadığı görülmüştür. Mitokondriyal ve nüklear DNA dizileri için ikili F_{ST} değerleri kullanılarak gerçekleştirilen temel bileşenler analizi (PCoA) sonucunda da hem mtDNA hem de nDNA için herhangi farklı kümelenmelerin oluşmadığı görülmüştür. (Bkz. Şekil 4.11, Bkz. Şekil 4.12). Bu analizlere ek olarak popülasyon oluşumunda genetik yapının coğrafik uzaklık ile genetik uzaklık arasındaki ilişkisini belirlemek amacıyla IBD (isolation by distance) örüntülerinden Mantel testi uygulanmış ve tüm bireylerin yayılım noktaları hesaba alındığı zaman oluşan doğruların eğimlerinin varyans oluşturabilecek ölçüde olmadığı görülmüştür (Bkz. Şekil 4.13, Bkz. Şekil 4.14).

Genetik bakımdan popülasyonlar arasında farklılık görülmez iken morfolojik yapı bakımından popülasyonlar arasında böcekler için vücut uzunluk ölçülerinde farklılıklar görülmüş ve bu farklılıklar istatistiki olarak anlamlı bulunmuştur ($P < 0.05$). Bunun sebebi böcek ekolojisi bakımından araştırıldığı zaman böcek vücut yapılarının yükselti farklılıkları, yaşanan ortamın hava sıcaklığı, besin kaynağının miktarı ve mevsimlerin süreleri gibi birçok etmenden etkilenen dinamik bir sürece sahip olduğu görülmektedir (Atkinson ve Sibly, 1997; Mousseau, 1997; Chown ve Gaston, 2010). Çalışma bölgesindeki *C. pygmaeus*'a ait morfolojik uzunlukların genel olarak enlem değerlerinin

artması ile kısaldığı diğer bir deyişle güneyden kuzeye doğru gidildikçe morfolojik uzunlukların kısalmaya başladığı kaydedilmiştir. Bu durum ekolojide Bergmann kuralı olarak bilinen kural ile örtüşmektedir.

Tüm bu veriler dikkate alındığı zaman ekin sap arısı *C. pygmeus*'un çalışma bölgesinin genelinde yayılış gösterdiği, popülasyonlarının güney bölgelerde daha çok yoğun olduğu ve çalışma bölgesi genelinde oluşan popülasyonların yakın zaman önce ani bir genişleme ile hızla yayılmış olduğu bu çalışma ile ortaya konulmuştur. Yavaş ve kötü uçucular olarak adlandırılan bu zararlının uçuş kabiliyeti ile bölgeye yayılması mümkün gözükmemektedir. Bölgeler arası yoğun bir şekilde sürdürülen sap ve saman ticareti kışı anızlarda geçiren bu zararlının yayılışı hakkında önemli ipuçları verdiği değerlendirilmektedir. Buğday üretimi Anadolu topraklarında yüzyıllardır yapılmaktadır (Yiğit ve Yücedağ, 2020). Ancak yaklaşık 70-80 yıl öncesinde yapılan yoğun ıslah çalışmaları neticesinde sulanmaya, gübrelenmeye ve mekanizasyona uygun çeşit özelliklerine sahip tohumların ıslah edilmesiyle buğday üretimi tüm dünyada olduğu gibi ülkemizde de hızla artmıştır (Özberk ve ark., 2016). Doğu Anadolu Bölgesi'nde yoğun şekilde sürdürülen hayvancılık kaba yeme olan ihtiyacı arttırmış ve buğday üretiminin daha çok yapıldığı komşu bölge olan Güneydoğu Anadolu'ya talep oluşturmuştur. Bu şekilde bölgeler arasında buğday saplarının taşınması bu zararlının da taşınmasına ve yayılmasına neden olduğu anlaşılmaktadır.



KAYNAKLAR

- Alaserhat, İ., Canbay, A., 2018. Distribution areas of harmful *Eurygaster integriceps* Puton (Hemiptera: Scutelleridae) and its' egg parasitoid *Trissolcus grandis* (Thomson 1861) (Hymenoptera: Scelionidae) in cereal fields in Ağrı. **Harran Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi/Harran Journal of Agricultural and Food Science**, **22**: 413-419.
- Ali, L., El-Bouhssini, M., Udupa, S., Baum, M., Al-Salti, M., 2010. Genetic variation among Sunn pest *Eurygaster integriceps* Put. populations in some countries of west and central Asia. **Arab Journal of Plant Protection**, **28**: 1-8.
- Aljanabi, S. M., Martinez, I., 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. **Nucleic Acids Research**, **25**: 4692-4693.
- Alkan, B., 1948. The Cereal pests of Central Anatolia (harmful animals and insects). **The Cereal Pests of Central Anatolia (Harmful Animals and Insects)**.
- Altınayar, G., 1975. Studies on the distribution, bio-ecology, crop losses and methods of control of the stem sawflies (*Cephus pygmaeus* (L.) and *Trachelus tabidus* (F.) (Hymenoptera: Cephidae)) in grain crops in Konya Province, Turkey. **Türkiye Cumhuriyeti Gıda - Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı, Araştırma Eserleri Serisi 36**-135 pp.
- Altun, B. T., Korkmaz, E. M., Başbüyük, H. H., 2018. Anadolu *Bombus lapidarius* l.(Apidae: Hymenoptera) popülasyonlarının genetik yapılanması. **Anadolu University of Sciences & Technology-C: Life Sciences & Biotechnology**, **7**:
- Angilletta Jr, M. J., Steury, T. D., Sears, M. W., 2004. Temperature, growth rate, and body size in ectotherms: fitting pieces of a life-history puzzle. **Integrative and Comparative Biology**, **44**: 498-509.
- Anonim, 2018a. Hububat üretimi hakkında bilgiler. <https://www.tarimorman.gov.tr/hububat.pdf>. TC Tarım ve Orman Bakanlığı, Ankara. Erişim tarihi: 06.12.2018.
- Anonim, 2018b. Türkiye Mühendisler Odası Yıllık Hububat Üretimi ile ilgili Görüşler. <http://www.tmo.gov.tr/Upload/Document/hububat/HububatRaporu2017.pdf>: Türkiye Mühendisler Odası, Ankara. Erişim tarihi 18/12/2018.
- Ashton, K. G., 2001. Are ecological and evolutionary rules being dismissed prematurely? **Diversity and Distributions**, **7**: 289-295.
- Atar, B., 2017. Gıdamız Buğdayın, Geçmişten Geleceğe Yolculuğu. **Yalvaç Akademi Dergisi**, **2**: 1-12.
- Atkinson, D., Sibly, R. M., 1997. Why are organisms usually bigger in colder environments? Making sense of a life history puzzle. **Trends in Ecology & Evolution**, **12**: 235-239.
- Baloch, F. S., Alsaleh, A., Shahid, M. Q., Çiftçi, V., E. Sáenz de Miera, L., Aasim, M., Nadeem, M.A., Aktaş, H., Özkan, H., Hatipoğlu, R., 2017. A whole genome DArTseq and SNP analysis for genetic diversity assessment in durum wheat from central fertile crescent. **PLoS One**, **12**: e0167821.
- Bandelt, H. J., Forster, P., Röhl, A., 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. **Molecular Biology and Evolution**, **16**: 37-48.
- Bandelt, H. J., Forster, P., Sykes, B. C., Richards, M. B., 1995. Mitochondrial portraits of human populations using median networks. **Genetics**, **141**: 743-753.
- Banita, E., Popov, C., Luca, E., Cojocaru, D., Păunescu, G., Vilău, F., 1992. Elements of integrated control of wheat stem sawflies (*Cephus pygmaeus* Latr. and *Trachelus tabidus* L.). **Probleme de Protectia Plantelor**, **20**: 169-185.

- Bayram, A., Tonga, A., 2018. Methyl Jasmonate Affects Population Densities of Phytophagous and Entomophagous Insects in Wheat. *Applied Ecology and Environmental Research*, **16**: 181-198.
- Benson, R.B., 1968. Hymenoptera from Turkey. Symphyta. *Bulletin of the British Museum (Natural History), Entomology*, **22**: 109-207.
- Beres, B. L., Dosdall, L. M., Weaver, D. K., Cárcamo, H. A., Spaner, D. M., 2011. Biology and integrated management of wheat stem sawfly and the need for continuing research. *The Canadian Entomologist*, **143**: 105-125.
- Bergmann, C., 1847. Über die Verhältnisse der Wärmeökonomie der Thiere zu ihrer Grösse: Göttinger Studien, v. 3.
- Berzonsky, W. A., Ding, H., Haley, S. D., Harris, M. O., Lamb, R. J., McKenzie, R., Ohm, H. W., Patterson, F. L., Peairs, F., Porter, D. R., 2003. Breeding wheat for resistance to insects. *Plant Breeding Reviews*, **22**: 221-296.
- Bhusal, D. R., Patel, P., Ghimire, K.C., Bista, M., Kumar, B., 2019. Size-based intraspecific variations along altitudinal gradient and follow of Bergmann's rule in Parthenium beetle, *Zygogramma bicolorata* Pallister. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, **22**: 1173-1179.
- Bogenhagen D. F., 1999. Repair of mtDNA in vertebrates. *Am.J.Hum.Genet.* **64**: 1276-1281.
- Bommarco, R., Miranda, F., Bylund, H., Björkman, C., 2011. Insecticides suppress natural enemies and increase pest damage in cabbage. *Journal of Economic Entomology*, **104**: 782-791.
- Bon, M. C., Shanower, T., Morrill, W., Hoelmer, K., Hurard, C., Martin, J. C., 2005. Improving Biological Control Of An Invasive Pest With Molecular Phylogeographic And Population Genetic Approaches: The Wheat Stem Sawfly, *Cephus cinctus* Norton, (Hymenoptera: Cephidae) As A Case Study. In '*Proceedings from the International Symposium MMH Montpellier*.
- Brower, A. V., Desalle, R., 1994. Practical and theoretical considerations for choice of a DNA sequence region in insect molecular systematics, with a short review of published studies using nuclear gene regions. *Annals of the Entomological Society of America*, **87**: 702-716.
- Budak, M., 2012. *Türkiye Cephidae (Hymenoptera: Insecta) Türlerinin Sistematığı, Biyocoğrafyası ve Filogenisi*: (Doktora tezi), CÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Sivas.
- Budak, M., Korkmaz, E. M., Başbüyük, H. H., 2011. A molecular phylogeny of the *Cephinae* (Hymenoptera, Cephidae) based on mtDNA *COI* gene: a test of traditional classification. *ZooKeys*, **130**:, 363-378.
- Budak, M., Korkmaz, E. M., Ghahari, H., 2018. An annotated checklist of Iranian Cephidae (Hymenoptera: Symphyta: Cephidae). *Journal of Insect Biodiversity and Systematics*, **4**: 293-305.
- Buermans, H., Den Dunnen, J., 2014. Next generation sequencing technology: advances and applications. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular Basis of Disease*, **1842**: 1932-1941.
- Ceylan, O., 2020. *Farklı illerden Toplanan Eurygaster maura Popülasyonlarındaki Genetik Varyasyonun Belirlenmesi*: (Yüksek Lisans tezi), Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- Chen, S. B., Hoelmer, K. A., Chen, H. Y., Liu, A. P., Shanower, T. G., 2004. A review of wheat stem sawfly (Hymenoptera : Cephidae) research in China. *Journal of Agricultural and Urban Entomology*, **21**: 249-256.

- Chester, N., Marshak, D. R., 1993. Dimethyl sulfoxide-mediated primer Tm reduction: a method for analyzing the role of renaturation temperature in the polymerase chain reaction. *Analytical biochemistry*, **209**: 284-290.
- Choudhary, J. S., Prabhakar, C. S., Naaz, N., Lemtur, M., Das, B., Kumar, S., Bhatt, B. P., 2019. Genetic diversity of mango leafhopper, *Amritodus atkinsoni* (Hemiptera: Cicadellidae) based on mtCOI gene sequences from India. *Mitochondrial DNA Part B*, **4**: 261-264.
- Chown, S. L., Gaston, K. J., 2010. Body size variation in insects: a macroecological perspective. *Biological Reviews*, **85**: 139-169.
- Chown, S. L., Klok, C. J., 2003. Altitudinal body size clines: latitudinal effects associated with changing seasonality. *Ecography*, **26**: 445-455.
- Coll, M., De Mendoza, L. G., Roderick, G. K., 1994. Population structure of a predatory beetle: the importance of gene flow for intertrophic level interactions. *Heredity*, **72**: 228-236.
- Cushman, J. H., Lawton, J. H., Manly, B. F., 1993. Latitudinal patterns in European ant assemblages: variation in species richness and body size. *Oecologia*, **95**: 30-37.
- Çınar Kul, B., 2010. *Türkiye Yerli Keçi Irklarının Mitokondrial DNA Çeşitliliği ve Filocoğrafyası* (Doktora Tezi), Ankara Üniversitesi Sağlık Bilimleri Enstitüsü Genetik Anabilim Dalı.
- Çıvgın, İ., 2016. Bereketli Hilal'de Bitki Evcilleştirme Sürecini Etkileyen Faktörler: İklim, Doğal Çevre Ve Kültürlerarası Karşılaşmalar (Mö. 11000–7000) The Factors That Affect Plant Domestication Process In The Fertile Crescent: Climate, Natural Habitat And Cross-Cul. *Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Sosyal Bilimler Enstitüsü Dergisi*, **8**: 463-488.
- Delcour, J. A., Hoseney, R. C., 2010. Principles of cereal science and technology. *American Association of Cereal Chemists (AACC)*:2-378.
- Depaulis, F., Mousset, S., Veuille, M. 2003. Power of neutrality tests to detect bottlenecks and hitchhiking. *Journal of molecular evolution*, **57(1)**, S190-S200.
- Doane, J., 1984. Past, present, and future strategies in management of insect pests. In '*Soils and Crops Workshop*.
- Duan, Y., Wu, Y. Q., Luo, L. Z., Miao, J., Gong, Z. J., Jiang, Y. L., Li, T., 2013. Genetic diversity and population structure of Sitodiplosis mosellana in Northern China. *PLoS One*, **8**: e78415.
- Dupanloup, I., Schneider, S., Excoffier, L., 2002. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Molecular Ecology*, **11**: 2571-2581.
- Durel, B.S., 2016. *Yüksekliğin Cephus pygmeus (Cepidae: Hymenoptera) Popülasyonlarının Genomu Üzerindeki Etkisinin İncelenmesi*: (Yüksek Lisans Tezi), CÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Sivas.
- Eckert, C. G., Manicacci, D., Barrett, S. C., 1996. Genetic drift and founder effect in native versus introduced populations of an invading plant, *Lythrum salicaria* (Lythraceae). *Evolution*, **50**: 1512-1519.
- Engel, M. S., 2015. Insect evolution. *Current Biology*, **25**: R868-R872.
- Ertugay, Z., 2010. Buğday, un ve ekmek arasındaki kalite ilişkileri. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, **13**:
- Estoup, A., Guillemaud, T., 2010. Reconstructing routes of invasion using genetic data: why, how and so what? *Molecular Ecology*, **19**: 4113-4130.
- Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S., 2005. Arlequin (version 3.0): an integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics*, **1**: 117693430500100003.

- Farris, J. S., 1973. A probability model for inferring evolutionary trees. *Systematic Biology*, **22**: 250-256.
- Felsenstein, J., 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution*, **39**: 783-791.
- Fields, P., Phillips, T., 1993. The distribution and PCR-based fingerprints of *Rhyzopertha dominica* (F.) in Canada. In '*Proceedings, 6th International Working Conference on Stored-Product Protection B*'. 17-23.
- Fields, P., Van Loon, J., Dolinski, M., Harris, J., Burkholder, W., 1993. The distribution of *Rhyzopertha dominica* (F.) in western Canada. *The Canadian Entomologist*, **125**: 317-328.
- Figuerola, C., Simon, J. C., Le Gallic, J. F., Prunier-Leterme, N., Briones, L., Dedryver, C. A., Niemeyer, H., 2005. Genetic structure and clonal diversity of an introduced pest in Chile, the cereal aphid *Sitobion avenae*. *Heredity*, **95**: 24-33.
- Friedlander, T. P., Regier, J. C., Mitter, C., 1992. Nuclear gene sequences for higher level phylogenetic analysis: 14 promising candidates. *Systematic Biology*, **41**: 483-490.
- Fu, Y. X., 1997. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, **147**: 915-925.
- Fulbright, J., Wanner, K., Bekkerman, A., Weaver, D., 2017. Wheat stem sawfly biology. *MontGuide. Montana State University Extension Service, Bozeman, MT*: 4.
- Futuyma, D. J., Peterson, S. C., 1985. Genetic variation in the use of resources by insects. *Annual review of entomology*, **30**: 217-238.
- Geist, V., 1987. Bergmann's rule is invalid. *Canadian Journal of Zoology*, **65**: 1035-1038.
- Goftishu, M., Assefa, Y., Niba, A., Fininsa, C., Nyamukondiwa, C., Capdevielle-Dulac, C., Le Ru, B. P., 2019. Phylogeography and Population Structure of the Mediterranean Corn Borer, *Sesamia nonagrioides* (Lepidoptera: Noctuidae), Across Its Geographic Range. *Journal of Economic Entomology*, **112**: 396-406.
- Gol'berg, A., 1986. Biology of the stem sawflies *Trachelus tabidus* and *Cephus pygmaeus* in the Negev of southern Israel. *Entomologia experimentalis et applicata*, **40**: 117-121.
- Grimaldi, D., Engel, M. S., 2005. '*Evolution of the Insects*'. Eds, transl. Cambridge University Press,
- Guindon, S., Gascuel, O., 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology*, **52**: 696-704.
- Hajibabaei, M., Singer, G.A., Hebert, P.D., Hickey, D.A., 2007. DNA barcoding: how it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *TRENDS in Genetics*, **23**: 167-172.
- Hamrick, J., Godt, M., Murawski, D., Loveless, M., 1991. Correlations between species traits and allozyme diversity: implications for conservation biology. *Genetics and conservation of rare plants*, **3**: 30.
- Hamrick, J. L., Godt, M. W., 1990. Allozyme diversity in plant species. *Plant population genetics, breeding, and genetic resources*: 43-63.
- Harrison, J. F., Kaiser, A., VandenBrooks, J. M., 2010. Atmospheric oxygen level and the evolution of insect body size. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, **277**: 1937-1946.
- Hatchett, J., Starks, K., Webster, J., 1987. Insect and mite pests of wheat. *Wheat and wheat improvement*, **13**: 625-675.
- Hawkins, B.A., 1995. Latitudinal body-size gradients for the bees of the eastern United States. *Ecological Entomology*, **20**: 195-198.

- Hebert, P.D., Ratnasingham, S., De Waard, J.R., 2003. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, **270**: 96-99.
- Huelsenbeck, J. P., Ronquist, F., 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, **17**: 754-755.
- Husband, B. C., Schemske, D. W., 1996. Evolution of the magnitude and timing of inbreeding depression in plants. *Evolution*, **50**: 54-70.
- Hutchison, D. W., Templeton, A. R., 1999. Correlation of pairwise genetic and geographic distance measures: inferring the relative influences of gene flow and drift on the distribution of genetic variability. *Evolution*, **53**: 1898-1914.
- Igrejas, G., Branlard, G., 2020. The importance of wheat In *Wheat Quality For Improving Processing And Human Health*.' (Ed. Springer: 1-7.
- Ivie, M. A., 2001. On the geographic origin of the wheat stem sawfly (Hymenoptera: Cephidae): a new hypothesis of introduction from northeastern Asia. *American Entomologist*, **47**: 84-97.
- Kalinkat, G., Jochum, M., Brose, U., Dell, A. I., 2015. Body size and the behavioral ecology of insects: linking individuals to ecological communities. *Current Opinion in Insect Science*, **9**: 24-30.
- Karaca, V., Gözüaçık, C., Şimşek, Z., 2012. Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde hububatın entomolojik sorunları ve çözüm önerileri. *Turkish Journal of Scientific Reviews*, **5**: 154-159.
- Kergoat, G.J., Toussaint, E.F., Capdevielle-Dulac, C., Clamens, A.-L., Ong'Amo, G., Conlong, D., van Den Berg, J., Cugala, D., Pallangyo, B., Mubenga, O., 2015. Integrative taxonomy reveals six new species related to the Mediterranean corn stalk borer *Sesamia nonagrioides* (Lefèbvre)(Lepidoptera, Noctuidae, Sesamiina). *Zoological Journal of the Linnean Society*, **175**: 244-270.
- Kılıç, H., Bayram, Y., Tekdal, S., 2017. Farklı Fenolojik Özelliklere Sahip Ekmeklik Buğday Genotiplerinin Ekin Sap Arısı [(*Cephus pygmaeus* L.(Hymenoptera: Cephidae)] Zararına Dayanıklılık Yönünden İncelenmesi. *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, **27**: 65-76.
- Kimura, M., 1980. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of molecular evolution*, **16**: 111-120.
- Knodel, J. J., Shanower, T., Beauzay, P.B., 2010. Integrated pest management of wheat stem sawfly in North Dakota. *NDSU Extension Service North Dakota State University*. E1479.
- Koçak, E., Babaroğlu, N., 2005. Orta Anadolu Bölgesi Kışlaklarındaki Eurygaster (Heteroptera: Scutelleridae) Türleri. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, **29**: 301-307.
- Korkmaz, E. M., Budak, M., Başibüyük, H.H., 2011. Utilization of cytochrome oxidase I in *Cephus pygmaeus* (L.)(Hymenoptera: Cephidae). *Turkish Journal of Biology*, **35**: 713-726.
- Korkmaz, E. M., Örgen, S., Gencer, L., Ülgentürk, S., Başibüyük, H., 2010. Determination of some wheat pests and their parasitoids in wheat fields of Central Anatolia Region. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, **34**: 361-377.
- Krumm, J. T., 2005. *Assessment of the genetic structure, variability, and gene flow of the European Corn Borer Ostrinia nubilalis (Hübner)(Lepidoptera: Crambidae)*.'(Ed.^(Eds, transl. The University of Nebraska-Lincoln,

- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., Tamura, K., 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, **35**: 1547-1549.
- LaBarbera, M., 1989. Analyzing body size as a factor in ecology and evolution. *Annual Review of Ecology and Systematics*, **20**: 97-117.
- Lesieur, V., Martin, J. F., Weaver, D. K., Hoelmer, K. A., Smith, D. R., Morrill, W. L., Kadiri, N., Peairs, F. B., Cockrell, D. M., Randolph, T. L., Waters, D. K., Bon, M. C., 2016. Phylogeography of the Wheat Stem Sawfly, *Cephus cinctus* Norton (Hymenoptera: Cephidae): Implications for Pest Management. *PLoS One*, **11**: e0168370.
- Li, J., Coates, B. S., Kim, K. S., Bourguet, D., Ponsard, S., He, K., Wang, Z., 2014. The genetic structure of Asian corn borer, *Ostrinia furnacalis*, populations in China: Haplotype variance in northern populations and potential impact on management of resistance to transgenic maize. *Journal of Heredity*, **105**: 642-655.
- Llewellyn, K., Loxdale, H., Harrington, R., Brookes, C., Clark, S., Sunnucks, P., 2003. Migration and genetic structure of the grain aphid (*Sitobion avenae*) in Britain related to climate and clonal fluctuation as revealed using microsatellites. *Molecular Ecology*, **12**: 21-34.
- Loeschke, V., Bundgaard, J., Barker, J., 2000. Variation in body size and life history traits in *Drosophila aldrichi* and *D. buzzatii* from a latitudinal cline in eastern Australia. *Heredity*, **85**: 423-433.
- Lou, K., Weiss, M., Bruckner, P., Morrill, W., Talbert, L., Martin, J., 1998. RAPD variation within and among geographic populations of wheat stem sawfly (*Cephus cinctus* Norton). *Journal of Heredity*, **89**: 329-335.
- Luk, K.-C., Berg, M.G., Naccache, S.N., Kabre, B., Federman, S., Mbanya, D., Kaptué, L., Chiu, C.Y., Brennan, C.A., Hackett Jr, J., 2015. Utility of metagenomic next-generation sequencing for characterization of HIV and human pegivirus diversity. *PloS One*, **10**: e0141723.
- Marmur, J., Doty, P., 1962. Determination of the base composition of deoxyribonucleic acid from its thermal denaturation temperature. *Journal of Molecular Biology*, **5**: 109-118.
- Martínez, D., Iñiguez, A., Percell, K., Willner, J., Signorovitch, J., Campbell, R., 2010. Phylogeny and biogeography of Hydra (Cnidaria: Hydridae) using mitochondrial and nuclear DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **57**: 403-410.
- McCormack, J. E., Hird, S. M., Zellmer, A. J., Carstens, B. C., Brumfield, R.T., 2013. Applications of next-generation sequencing to phylogeography and phylogenetics. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, **66**: 526-538.
- McCullough, C., 2016. *Dispersal and Sampling of The Wheat Stem Sawfly, Cephus cintus Norton, (Hymenoptera: Cephidae)*: Yüksek Lisans tezi, Nebraska Üniversitesi, ABD.
- Miller, R., El Masri, S., Al Jundi, K., 1993. Plant density and wheat stem sawfly (Hymenoptera: Cephidae) resistance in Syrian wheats. *Bulletin of Entomological Research*, **83**: 95-102.
- Morales-Hojas, R., Jingxuan, S., Alvira-Iraizoz, F., Tan, X., 2020. Contrasting population structure and demographic history of cereal aphids in different environmental and agricultural landscapes. *BioRxiv*:
- Moritz, C., Cicero, C., 2004. DNA barcoding: promise and pitfalls. *PLoS Biol*, **2**: e354.
- Morrill, W. L., Gabor, J. W., Kushnak, G. D., 1992. Wheat stem sawfly (Hymenoptera: Cephidae): damage and detection. *Journal of Economic Entomology*, **85**: 2413-2417.
- Mousseau, T.A., 1997. Ectotherms follow the converse to Bergmann's rule. *Evolution*, **51**: 630-632.

- Mutlu, Ç., 2019. Wheat Stem Sawflies in the Southeast Anatolia Region of Turkey. *Entomological News*, **128**: 267-283.
- Mutlu, Ç., Karaca, V., Tonga, A., Erol, Ş., Mamay, M., 2019. Infestation and Damage Caused by Wheat Stem Sawflies (Hymenoptera: Cephidae) to Some Wheat Cultivars in Southeast Anatolia Region, Turkey. *Journal of the Kansas Entomological Society*, **92**: 359-375.
- Naderi, S., Rezaei, H. R., Pompanon, F., Blum, M. G., Negrini, R., Naghash, H. R., Taberlet, P. 2008. The goat domestication process inferred from large-scale mitochondrial DNA analysis of wild and domestic individuals. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **105** (46): 17659-17664.
- Ndiaye, M.R., Sembène, M., 2018. Genetic structure and phylogeographic evolution of the West African populations of *Sitophilus zeamais* (Coleoptera, Curculionidae). *Journal of Stored Products Research*, **77**: 135-143.
- Oerke, E.C., 2005. Crop losses to pests. *The Journal of Agricultural Science*, **144**: 31-43.
- Özberk, F., Karagöz, A., Özberk, İ., Ayhan, A., 2016. Buğday genetik kaynaklarından yerel ve kültür çeşitlerine; Türkiye’de buğday ve ekmek. *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, **25**: 218-233.
- Özberk, İ., Atlı, A., Yücel, A., Özberk, F., Coşkun, Y., 2005. Wheat stem sawfly (*Cephus pygmaeus* L.) damage; impacts on grain yield, quality and marketing prices in Anatolia. *Crop Protection*, **24**: 1054-1060.
- Özgen, İ., Gözüaçık, C., Karsavuran, Y., Meral, F., 2005. Güneydoğu Anadolu Bölgesi buğday alanlarında bulunan Pentatomidae (Heteroptera) familyasına ait türler üzerinde araştırmalar. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, **29**: 61-68.
- Özgökçe, M. S., Kara, H., Kına, E., Başı, F. H., 2019. Useful and Harmful Species and Their Distribution in the Barley Areas of Van Province. *Uluslararası Muş Ovası Tarım Kongresi*: 279-293.
- Peakall, R., Smouse, P.E., 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology notes*, **6**: 288-295.
- Pezhman, H., Jokar, L., Moayedil, M. Z., 2018. Comparison of abundance and species diversity of herbivorous arthropods in wheat fields under conservation and conventional tillage systems in Zarghan region (Fars province, Iran). *Applied Entomology and Phytopathology*, **85**:
- Porretta, D., Canestrelli, D., Bellini, R., Celli, G., Urbanelli, S., 2007. Improving insect pest management through population genetic data: a case study of the mosquito *Ochlerotatus caspius* (Pallas). *Journal of Applied Ecology*, **44**: 682-691.
- Portman, S.L., Krishnankutty, S.M., Reddy, G.V., 2016. Entomopathogenic nematodes combined with adjuvants presents a new potential biological control method for managing the wheat stem sawfly, *Cephus cinctus* (Hymenoptera: Cephidae). *PLoS One*, **11**: e0169022.
- Puech, C., Baudry, J., Joannon, A., Poggi, S., Aviron, S., 2014. Organic vs. conventional farming dichotomy: does it make sense for natural enemies? *Agriculture, Ecosystems & Environment*, **194**: 48-57.
- Rambaut, A., 2018. FigTree v1. 4.4, a Graphical Viewer of Phylogenetic Trees. 2014. Java.
- Richter, C., 1988. Do mitochondrial DNA fragments promote cancer and aging? *FEBS Lett* **241**:1-5.
- Ronquist, F., Huelsenbeck, J.P., 2003. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, **19**: 1572-1574.

- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., Sánchez-Gracia, A., 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, **34**: 3299-3302.
- Saitou, N., Nei, M., 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, **4**: 406-425.
- Salis, L., Goula, M., Izquierdo, J., Gordún, E., 2013. Population density and distribution of wheat bugs infesting durum wheat in Sardinia, Italy. *Journal of Insect Science*, **13**: 50.
- Sezonlin, M., Dupas, S., Le Rü, B., Le Gall, P., Moyal, P., Calatayud, P.A., Giffard, I., Faure, N., Silvain, J.F., 2006. Phylogeography and population genetics of the maize stalk borer *Busseola fusca* (Lepidoptera, Noctuidae) in sub-Saharan Africa. *Molecular Ecology*, **15**: 407-420.
- Shanower, T. G., Hoelmer, K. A., 2004. Biological control of wheat stem sawflies: past and future. *Journal of Agricultural and Urban Entomology*, **21**: 197-221.
- 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. *Annals of the Entomological Society of America*, **87**: 651-701.
- Şimşek, Z., 1998. Investigations on the distribution and infestation rates of Cereal weevil [*Pachytychius hordei* (Brullé)] (Col.: Curculionidae) on wheat and barley in Central Anatolia region. *Bitki Koruma Bülteni*.
- Tajima, F., 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*, **105**: 437-460.
- Tajima, F., 1989. The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*, **123**: 597-601.
- Tanno, K.-i., Willcox, G., 2006. How fast was wild wheat domesticated? *Science*, **311**: 1886-1886.
- Tiroesele, B., Skoda, S.R., Hunt, T.E., Lee, D.J., Molina-Ochoa, J., Foster, J.E., 2014. Population structure, genetic variability, and gene flow of the bean leaf beetle, *Cerotoma trifurcata*, in the Midwestern United States. *Journal of Insect Science*, **14**: 62.
- Todisco, V., Gratton, P., Zakharov, E.V., Wheat, C.W., Sbordoni, V., Sperling, F.A., 2012. Mitochondrial phylogeography of the Holarctic *Parnassius phoebus* complex supports a recent refugial model for alpine butterflies. *Journal of Biogeography*, **39**: 1058-1072.
- Troccoli, A., Gallo, A., Fonzo, N.d., Codianni, P., 2000. Damage caused by *Cephus pygmaeus* in grain. *Informatore Agrario*, **56**: 101-102.
- TÜİK, 2018. Bitkisel üretim istatistikleri.
- Tülek, A., Kahraman, T., Akan, K., 2013. An important pest on wheat production, European wheat stem sawfly (*Cephus pygmaeus* L.). *Harman Time, Monthly Plant Production-Animal Husbandry Magazine*, **1**: 64-66.
- Vaidya, G., Lohman, D.J., Meier, R., 2011. SequenceMatrix: concatenation software for the fast assembly of multigene datasets with character set and codon information. *Cladistics*, **27**: 171-180.
- Valmorbida, I., Arnemann, J., Cherman, M., Bevilacqua, C., Perini, C., Ugalde, G., Guedes, J., 2019. Phylogeography Approach of *Diloboderus abderus* (Coleoptera: Melolonthidae) in the Southern Cone of America. *Neotropical entomology*, **48**: 332-339.
- Wallace, L.E., McNeal, F.H., 1966. *Stem Sawflies of Economic Importance in Grain Crops in the United States*. (Eds, transl. Agricultural Research Service, US Department of Agriculture,

- Wang, Y., Hereward, J. P., Zhang, G., 2016. High Spatial Genetic Structure and Genetic Diversity in Chinese Populations of *Sitobion miscanthi* (Hemiptera: Aphididae). ***Journal of Economic Entomology*, 109: 375-384.**
- Watt, C., Mitchell, S., Salewski, V., 2010. Bergmann's rule; a concept cluster? ***Oikos*, 119: 89-100.**
- Weir, B. S., Cockerham, C. C., 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. ***Evolution*, 38: 1358-1370.**
- Weiss, M. J., Morrill, W. L., 1992. Wheat stem sawfly (Hymenoptera: Cephidae) revisited. ***American Entomologist*, 38: 241-245.**
- Whelan, S., Liò, P., Goldman, N., 2001. Molecular phylogenetics: state-of-the-art methods for looking into the past. ***TRENDS in Genetics*, 17: 262-272.**
- White, P.S., Walker, J.L., 1997. Approximating nature's variation: selecting and using reference information in restoration ecology. ***Restoration Ecology*, 5: 338-349.**
- Whitfield, J.B., Cameron, S.A., 1998. Hierarchical analysis of variation in the mitochondrial 16S rRNA gene among Hymenoptera. ***Molecular Biology and Evolution*, 15: 1728-1743.**
- Wu, X., Cárcamo, H., Beres, B., Clarke, F., DePauw, R., Pang, B., 2013. Effects of novel solid-stemmed wheat genotype on *Cephus cinctus* norton and its parasitoid *Bracon cephi*. ***Cereal Research Communications*, 41: 647-660.**
- Xin, J.-J., Shang, Q.-L., Desneux, N., Gao, X.-W., 2014. Genetic diversity of *Sitobion avenae* (Homoptera: Aphididae) populations from different geographic regions in China. ***PLoS One*, 9:**
- Xu, Z.-H., CHEN, J.-l., Cheng, D.-F., Yong, L., Frédéric, F., 2011. Genetic variation among the geographic population of the grain aphid, *Sitobion avenae* (Hemiptera: Aphididae) in China inferred from mitochondrial *COI* gene sequence. ***Agricultural Sciences in China*, 10: 1041-1048.**
- Yang, W.-Y., Tang, X.-T., Ju, R.-T., Zhang, Y., Du, Y.-Z., 2017. The population genetic structure of *Corythucha ciliata* (Say)(Hemiptera: Tingidae) provides insights into its distribution and invasiveness. ***Scientific reports*, 7: 1-16.**
- Yang, X., Ye, Q., Xin, T., Zou, Z., Xia, B., 2016. Population genetic structure of *Cheyletus malaccensis* (Acari: Cheyletidae) in China based on mitochondrial *COI* and 12S rRNA genes. ***Experimental and Applied Acarology*, 69: 117-128.**
- Yang, Z., Rannala, B., 2012. Molecular phylogenetics: principles and practice. ***Nature Reviews Genetics*, 13: 303-314.**
- Yatkin, G., Güz, N., 2018. Entomolojide DNA barkodlama tekniğinin kullanımı. ***Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 28: 126-134.**
- Yiğit, İ., Yücedağ, C., 2020. XIX. Yüzyıl Anadolu'sunda Tarımsal Ürün Çeşitliliği. ***Doğu Coğrafya Dergisi*, 25: 209-236.**
- Zadoks, J.C., Chang, T.T., Konzak, C.F., 1974. A decimal code for the growth stages of cereals. ***Weed Research*, 14: 415-421.**
- Zeuss, D., Brunzel, S., Brandl, R., 2017. Environmental drivers of voltinism and body size in insect assemblages across Europe. ***Global Ecology and Biogeography*, 26: 154-165.**
- Zhai, W., Nielsen, R., Slatkin, M., 2009. An investigation of the statistical power of neutrality tests based on comparative and population genetic data. ***Molecular Biology and Evolution*, 26(2),** 273-283.



1. Popülasyonlarda mtDNA haplotiplerinin dağılımı. Toplam haplotip sayısı (H_T). Kutu içerisinde bulunan sınırlı sayıda haplotip paylaşılmayan özgün haplotip sayısı (H_U). Kutu içerisinde bulunan sınırlı sayıda haplotip tarafından paylaşıldığını göstermekte ve boyalı kutularda yer alanlar is

Popülasyonlar																								
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25

Ek 1. Popülasyonlarda mtDNA haplotiplerinin dağılımı. Toplam haplotip sayısı (H) ve herhangi başka bir popülasyon tarafından paylaşılmayan özgün haplotip sayısı (H_U). Kutu içerisinde bulunan sayılar söz konusu haplotipin ilgili popülasyonda kaç adet birey tarafından paylaşıldığını göstermekte ve boyalı kutularda yer alanlar ise özgün haplotipleri temsil etmektedir. (devam)

	Popülasyonlar																								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
Hap_26	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_27	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_28	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-
Hap_29	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_30	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_31	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_32	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_33	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_34	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_35	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_36	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_37	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_38	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_39	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	1	3	2	3	-	-	-
Hap_40	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_41	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_42	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_43	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_44	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
Hap_45	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
Hap_46	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-
Hap_47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-
Hap_48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-
Hap_49	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-
Hap_50	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap_51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-
Hap_52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Hap_53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Hap_54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1

Ek 2. Popülasyonlarda nDNA haplotiplerinin dağılımı. Toplam haplotip sayısı (H) ve herhangi başka bir popülasyon tarafından paylaşılmayan özgün haplotip sayısı (H_U). Kutu içerisinde bulunan sayılar söz konusu haplotipin ilgili popülasyonda kaç adet birey tarafından paylaşıldığını göstermekte ve boyalı kutularda yer alanlar ise özgün haplotipleri temsil etmektedir.

Popülasyonlar																									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25
H	4	3	4	4	3	4	2	4	2	4	5	2	4	1	1	1	2	1	1	1	1	1	2	1	1
H _U	2	0	1	1	0	1	0	2	0	1	2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hap_1	1	3	6	2	4	2	5	-	2	1	3	-	-	-	-	1	1	2	-	-	-	-	-	1	4
Hap_2	3	5	8	6	4	2	1	1	2	5	1	2	1	6	2	-	-	-	3	7	4	3	1	-	-
Hap_3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_4	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_5	-	4	3	3	2	1	-	1	-	4	3	1	2	-	-	-	1	-	-	-	-	-	2	-	-
Hap_6	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_7	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_8	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_9	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_10	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-



ÖZ GEÇMİŞ

Hilmi KARA, İlköğrenimini Gazipaşa’da, Ortaöğrenimini ise Alanya’da tamamlamıştır. Lisans eğitimine 2008 yılında Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Ziraat Fakültesi’nde başlamış ve Bitki Koruma Alt Programı’ndan 2012 yılında mezun olmuştur. Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü’ne 2013 yılında Araştırma Görevlisi olarak atanmıştır. Van YYÜ Fen Bilimleri Enstitüsü, Entomoloji Bilim Dalı’nda 2014 yılında Yüksek Lisans eğitimine başlamış ve 2016 yılında mezun olmuştur. Daha sonra aynı alanda 2016 yılında Doktora eğitimine başlamıştır. Halen Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü’nde Araştırma Görevlisi olarak çalışmaya devam etmektedir. Evli ve 1 çocuk babasıdır.



T.C
VAN YÜZÜNCÜ YIL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
LİSANSÜSTÜ TEZ ORJİNALLİK RAPORU

Tarih: 10/06/2021

Tez Başlığı / ~~Konu~~:

EKİN SAP ARISI [*Cephus pygmeus* L. (HYMENOPTERA: CEPHIDAE)]'NİN GÜNEYDOĞU ANADOLU, DOĞU ANADOLU VE DOĞU KARADENİZ BÖLGESİ BUĞDAY ALANLARINDAKİ YAYILIŞI VE POPÜLASYON GENETİĞİ

Yukarıda başlığı/~~konusu~~ belirlenen tez çalışmamın Kapak sayfası, Giriş, Ana bölümler ve Sonuç bölümlerinden oluşan toplam 103 sayfalık kısmına ilişkin, 10/06/2021 tarihinde şahsım/~~tez danışmanım~~ tarafından Turnitin intihal tespit programından aşağıda belirtilen filtreleme uygulanarak alınmış olan orijinallik raporuna göre, tezimin benzerlik oranı % 4 (dört) tür.

Uygulanan filtreler aşağıda verilmiştir:

- Kabul ve onay sayfası hariç,
- Teşekkür hariç,
- İçindekiler hariç,
- Simge ve kısaltmalar hariç,
- Gereç ve yöntemler hariç,
- Kaynakça hariç,
- Alıntılar hariç,
- Tezden çıkan yayınlar hariç,
- 7 kelimeden daha az örtüşme içeren metin kısımları hariç (Limit inatch size to 7 words)

Van Yüzüncü Yıl Üniversitesi Lisansüstü Tez Orijinallik Raporu Alınması ve Kullanılmasına İlişkin Yönergeyi inceledim ve bu yönergede belirtilen azami benzerlik oranlarına göre tez çalışmamın herhangi bir intihal içermediğini; aksinin tespit edileceği muhtemel durumda doğabilecek her türlü hukuki sorumluluğu kabul ettiğimi ve yukarıda vermiş olduğum bilgilerin doğru olduğunu beyan ederim.

Gereğini bilgilerinize arz ederim.

Tarih ve İmza

Adı Soyadı: Hilmi KARA

Öğrenci No: 169101083

Anabilim Dalı: Bitki Koruma Anabilim Dalı

Programı: Entomoloji

Statüsü: Y. Lisans ☐

Doktora ☒

DANIŞMAN ONAYI
UYGUNDUR

ENSTİTÜ ONAYI
UYGUNDUR

Prof. Dr. Mehmet Salih ÖZGÖKÇE
(Unvan, Ad Soyad, İmza)

(Unvan, Ad Soyad, İmza)