



T.C.
NİĐDE ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

İÇ BATI ANADOLU VE NİĐDE İLİNDE YAYILIM GÖSTEREN
Cinara spp.'NİN MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER
VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ

HAYAL AKYILDIRIM BEĐEN

T.C.
NİĞDE ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

İÇ BATI ANADOLU VE NİĞDE İLİNDE YAYILIM GÖSTEREN
Cinara spp.'NİN MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER
VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ

HAYAL AKYILDIRIM BEĞEN

Doktora Tezi

Danışman

Prof. Dr. Gazi GÖRÜR

Haziran 2016

Hayal AKYILDIRIM BEĞEN tarafından **Prof.Dr. Gazi GÖRÜR** danışmanlığında hazırlanan “**İç Batı Anadolu ve Niğde ilinde Yayılım Gösteren *Cinara spp.*'nin Morfolojik ve Moleküler Varyasyonlarının Belirlenmesi**” adlı bu çalışma jürimiz tarafından Niğde Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Biyoloji** Ana Bilim Dalı'nda Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

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

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

Üye : Prof. Dr. Ayten ÖZTÜRK, Niğde Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi,
Biyoteknoloji Bölümü

Üye : Doç. Dr. Cem VURAL, Erciyes Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü

Üye : Doç. Dr. Teoman KANKILIÇ, Niğde Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi,
Biyoteknoloji Bölümü

ONAY:

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

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

Doç. Dr. Murat BARUT
MÜDÜR

TEZ BİLDİRİMİ

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



HAYAL AKYILDIRIM BEĞEN

ÖZET

İÇ BATI ANADOLU VE NİĞDE İLİNDE YAYILIM GÖSTEREN *Cinara* spp.'NİN MORFOLOJİK VE MOLEKÜLER VARYASYONLARININ BELİRLENMESİ

AKYILDIRIM BEĞEN, Hayal

Niğde Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyoloji AnaBilim Dalı

Danışman :Prof. Dr. Gazi GÖRÜR

Haziran 2016, 211 sayfa

Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden Pinaceae ve Cupressaceae bitki familyaları üyelerinde beslenen *Cinara* (Hemiptera: Aphidoidea) cinsine ait 24 tür belirlenmiştir. Bu türlerden *Cinara piniphila*, *C. indica*, *C. juniperensis*, *C. oxycedri* ve *C. setosa* Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak verilmiştir. Çalışma alanının tamamında yoğun dağılım gösteren *Cinara cedri*, *C. tujaefilina* ve *C. schimitscheki* türlerinin lokalitenin etkisiyle morfolojik karakterlerinde meydana gelecek varyasyonlar istatistiksel analizlerle belirlenmiştir. *C. cedri* türünün özellikle ANT4 ve ANT6, *C. tujaefilina* türünün tüy sayısı, HTBD, ANT4, ANT4/6, HTIBD/HTII karakterlerinde lokaliteye bağlı istatistiksel açıdan anlamlı varyasyonlar gözlenmiştir. *Cinara* cinsine mensup türlerin filogenisi ve lokaliteye bağlı genetik varyasyonları COI gen dizileri ile belirlenmeye çalışılmıştır. *Cinara* cinsi üyelerinin konak bitkiyle bağlantılı olarak farklı sayıda haplotipe sahip oldukları gözlenmiştir. Moleküler analizlerde genetik uzaklıkların düşük düzeyde olduğu, bu durumda morfolojik karakterlere dayandırılan teşhis anahtarlarında türlerin birbirleriyle çok küçük farklılıklarla ayırt edilmesiyle uyumlu olduğu ortaya konulmuştur. Moleküler ve morfolojik varyasyonlar birlikte değerlendirildiğinde monofag olan *Cinara* cinsinde ortaya çıkan varyasyonların örnekleme alanının topografik yapısı, iklimi ve buna bağlı konak bitki özelliklerinden kaynaklanmış olabileceği ortaya konulmuştur. Bu çalışma, Türkiye *Cinara* cinsi üyeleri ile gerçekleştirilen ilk kapsamlı çalışma olması nedeniyle önem arz etmektedir, daha fazla gen bölgesi ve örnek ile çalışılarak *Cinara* türlerine ait verilerin desteklenmesi önemlidir.

Anahtar Sözcükler: Afit, *Cinara*, COI, morfometri, mtDNA, Niğde, Türkiye

SUMMARY

DETERMINATION OF MORPHOMETRIC AND MOLECULAR VARIATION OF *Cinara* spp. DISTRIBUTED IN INNER WEST ANATOLIA AND NIĞDE

AKYILDIRIM BEĞEN, Hayal

Nigde University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Biology

Supervisor : Professor Dr. Gazi GÖRÜR

June 2016, 211 pages

24 *Cinara* (Hemiptera: Aphidoidea) species feed on Pinaceae and Cupressaceae plant families were determined in Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak and Niğde provinces. Among these species, *Cinara piniphila* (Ratzeburg, 1844), *C. indica* Verma, 1970, *C. juniperensis* (Gillette & Palmer, 1925), *C. oxycedri* Binazzi, 1996 and *C. setosa* (Börner, 1950) species were determined as new records for the Turkey aphid fauna. Morphological variations in *Cinara* species as a result of the locality effects determined by statistical analyses applying on *Cinara cedri*, *C. tujaefilina* and *C. schimitscheki* which are abundant species in study area. Significant variations were observed in ANT4 and ANT6 characters of *Cinara cedri*, Hair, HTBD, ANT4, ANT4/6, HTIBD/HTII of *C. tujaefilina*. Molecular variations and phylogeny of the *Cinara* species related with locality have been studied by applying COI gene sequences analyses. It was shown that each species has different number of haplotypes depend on sampled host plant. There were both lower intraspecific and interspecific distance that is consonant with the identification key based on morphological characters with distinguishing species with very small differences from each other. When both molecular and morphological results were evaluated together, it was detected that variations in *Cinara* species are due to sampled localities climatic, topographical conditions and host plant fetatures. This study is the first detailed study about *Cinara* genera and it was proposed that studying with different gene sequences and more samples support the findings of the study.

Key Words: Aphid, *Cinara*, COI, morphometry, mtDNA, Niğde, Turkey

ÖN SÖZ

Doktora çalışmamın yürütülmesi esnasında, çalışmalarına yön veren, bilgi ve yardımlarını esirgemeyen ve bana her türlü desteği sağlayan danışman hocam, Sayın Prof. Dr. Gazi GÖRÜR'e en içten teşekkürlerimi sunarım. Laboratuvar çalışmaları ve verilerin analizi konusunda tecrübelerine başvurduğum, bilgilerini esirgemeyen tez danışmanlarım Sayın Prof. Dr. Coşkun TEZ ve Doç. Dr. Teoman KANKILIÇ'a ve yardımları ve manevi desteği ile yanımda olan Sayın Prof. Dr. Ayten ÖZTÜRK'e ve Yrd. Doç. Dr. Fulya SAYGILI'ya ve Okt. Oğuzhan KALLI ve ailesine, Niğde Üniversitesi Biyoloji Anabilim dalı tüm öğretim üyesi hocalarıma sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Lisans ve Lisansüstü eğitimim boyunca yanımda olan çalışma arkadaşlarım Özhan ŞENOL, Gülay OLCABEY ERGİN, Hayriye KARABULUT, Nurcan DEMİRCAN, Emin DEMİRTAŞ, Gizem GEZİCİ ve Dilek PARMAKSIZ'a ve tez çalışmam sürecinde bilgileriyle bana destek olan Erciyes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Öğretim Üyesi Yrd. Doç. Dr. Osman İBİŞ'e teşekkürü bir borç bilirim.

Tez çalışmalarım esnasında bana tüm kolaylıkları gösteren Artvin Çoruh Üniversitesi Orman Mühendisliği Anabilim dalı Bölüm başkanı Prof. Dr. Özgür EMİNAĞAOĞLU'na, Doç. Dr. Temel GÖKTÜRK'e ve Yrd.Doç.Dr. Perinçek Seçkin Ozan ŞEKER'e ve tüm öğretim görevlisi arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Bu tezi, sadece bu çalışmam boyunca değil, tüm öğrenim hayatım boyunca maddi ve manevi koruyuculuğumu üstlenen babam Turgut AKYILDIRIM'a, annem Şenay AKYILDIRIM'a, kardeşim Serap AKYILDIRIM'a, tüm aileme ve hayat arkadaşım Selçuk BEĞEN'e ithaf ediyorum.

Bu çalışmanın moleküler ve morfolojik analizlerinin gerçekleştirilmesinde FEB2013/37-DOKTEP numaralı proje ile finansal destek sağlayan Niğde Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimine ve çalışanlarına, Artvin Çoruh Üniversitesi Merkezi Laboratuvarlar Birimi ve çalışanlarına ve TÜBİTAK 111T866 nolu projeye çalışma alanlarından *Cinara* cinsine ait türlerin örneklenmesi ve teşhis edilmesi sürecindeki katkılarından dolayı TÜBİTAK'a teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET	iv
SUMMARY	v
ÖN SÖZ	vi
İÇİNDEKİLER	vii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
ŞEKİLLER DİZİNİ	xvi
FOTOĞRAFLAR DİZİNİ	xix
SİMGE VE KISALTMALAR	xxi
BÖLÜM I GİRİŞ	1
BÖLÜM II GENEL BİLGİLER	12
2.1 Afit Sistematiği	12
2.2 Afitlerin Genel Özellikleri	13
2.2.1 <i>Cinara</i> (Aphidoidea: Lachninae) cinsinin genel özellikleri	14
2.3 Afitlerin Morfolojik Kısımları - <i>Cinara</i> Türlerinin Morfolojik Özellikleri	15
2.3.1 Baş	15
2.3.1.1 Anten	17
2.3.1.2 Rostrum (Hortum)	17
2.3.1.3 Gözler	18
2.3.2 Thoraks (Göğüs)	18
2.3.2.1 Kanatlar	19
2.3.2.2 Bacaklar	19
2.3.3 Abdomen (Karın)	20
2.3.3.1 Sifunkuli	20
2.3.3.3 Tüyer	21
2.4 Afitlerin Genel Biyolojileri	22
2.5 Afitlerin Coğrafik Dağılımı	25
2.6 <i>Cinara</i> Türlerinin Genel Özellikleri	26
2.6.1 <i>Cinara (Cedrobium) laportei</i> (Remaudière, 1954)	27
2.6.2 <i>Cinara (Cinara) acutirostris</i> Hille Ris Lambers, 1956	27
2.6.3 <i>Cinara (Cinara) brauni</i> Börner, 1940	27
2.6.4 <i>Cinara (Cinara) cedri</i> Mimeur, 1936	27

2.6.5 <i>Cinara (Cinara) confinis</i> (Koch,1856).....	28
2.6.6 <i>Cinara (Cinara) curvipes</i> (Patch, 1912).....	28
2.6.7 <i>Cinara (Cinara) indica</i> Verma, 1970.....	28
2.6.8 <i>Cinara (Cinara) juniperensis</i> (Gillette ve Palmer, 1925).....	29
2.6.9 <i>Cinara (Cinara) maghrebica</i> Mimeur, 1934.....	29
2.6.10 <i>Cinara (Cinara) palaestinensis</i> Hille Ris Lambers, 1948.....	29
2.6.11 <i>Cinara (Cinara) pilicornis</i> (Hartig, 1841).....	29
2.6.12 <i>Cinara (Cinara) pini</i> (Linnaeus, 1758).....	30
2.6.13 <i>Cinara (Cinara) pinihabitans</i> (Mordvilko, 1895).....	30
2.6.14 <i>Cinara (Cinara) pinimaritimae</i> (Dufour, 1833).....	31
2.6.15 <i>Cinara (Cinara) piniphila</i> (Ratzeburg, 1844).....	31
2.6.16 <i>Cinara (Cinara) pinivora</i> (Wilson, 1919).....	31
2.6.17 <i>Cinara (Cinara) schimitscheki</i> Börner, 1940.....	31
2.6.18 <i>Cinara (Cinara) setosa</i> (Börner, 1950).....	32
2.6.19 <i>Cinara (Cinara) wahluca</i> Hottes, 1952.....	32
2.6.20 <i>Cinara (Cinara) watanabei</i> Inouye, 1970.....	32
2.6.21 <i>Cinara (Cupressobium) cupressi</i> (Buckton, 1881).....	32
2.6.22 <i>Cinara (Cupressobium) fresai</i> Blanchard, 1939.....	33
2.6.23 <i>Cinara (Cupressobium) oxycedri</i> Binazzi, 1996.....	33
2.6.24 <i>Cinara (Cupressobium) tujafilina</i> (Del Guercio, 1909).....	33
2.7 Afitlerde Morfometrik Çalışmalar.....	34
2.7.1 Ayırma fonksiyonu analizi (DFA).....	34
2.7.2 Faktör analizi (PCA).....	34
2.7.3 Kanonikal ayırım analizi.....	35
2.7.4 Çok değişkenli varyans analizi (Multivaryete analysis).....	35
2.7.5 Tek yönlü varyans analizi (ANOVA).....	35
2.8 Afıt Filogenisinde Uygulanan Moleküler Çalışmalar.....	36
2.8.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA).....	37
2.8.2. Mitokondriyal sitokrom oksidaz I (COI) geni.....	38
2.9 Filogenetik Metodlar.....	39
2.9.1 Mesafe temelli yöntemler.....	40
2.9.1.1 UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic mean).....	41
2.9.1.2 Komşu birleştirme yöntemi (Neighbour Joining Analizi (NJ)).....	41
2.9.2 Karakter temelli yöntemler.....	41
2.9.2.1 Maksimum Parsimoni (MP).....	41
2.9.2.2 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi (ML).....	42
2.9.3 Bayesian metodu (BI).....	42

2.9.4 Network analizi.....	43
BÖLÜM III MATERYAL VE METOT.....	44
3.1 Çalışma Alanının Özellikleri	45
3.1.1 Afyonkarahisar ilinin genel özellikleri	45
3.1.2 Uşak ilinin genel özellikleri.....	45
3.1.3 Kütahya ilinin genel özellikleri	45
3.1.4 Niğde ilinin genel özelliği	45
3.2 Örneklerin Toplanması ve Saklanması	46
3.2.1 Örneklerin preparasyonu	46
3.2.1.1 Preparasyon	46
3.3 Morfolojik Çalışmalar.....	47
3.4 Morfometrik Analizler.....	47
3.4.1 Morfometrik analizlerde kullanılan karakterler.....	47
3.4.2. Morfometrik analizlerde kullanılan istatistiksel metotlar.....	48
3.5 Moleküler Analizler	48
3.5.1 Genomik DNA izolasyonu ve PCR ürünlerinin jel üzerinde görüntülenmesi 49	
3.5.1.1 Mitokondriyal DNA izolasyonu.....	49
3.5.1.2 Genomik DNA'ların yürütüleceği agaroz jelin hazırlanması	49
3.5.1.3 Genomik DNA'ların agaroz jel üzerinde yürütülmesi ve görüntülenmesi.....	50
3.5.1.4 Mitokondriyal DNA içerisinde ilgili gen bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu'yla çoğaltılması.....	50
3.5.1.5. PCR ürünlerinin UV altında görüntülenmesi	52
3.5.2 PCR ürünlerinin saflaştırılması ve gen bölgesinin DNA dizi analizi.....	52
3.5.2.1 PCR ürünlerinin saflaştırılması	52
3.5.2.2 PCR ürünlerinin DNA dizi analizi	52
3.5.2.3 Mitokondriyal DNA COI geni dizilerinin hizalanması ve düzenlenmesi.....	53
3.5.3 Mitokondriyal DNA COI geni dizilerinin filogenetik analizleri	53
3.5.3.1 Dış grup seçimi.....	54
3.5.3.3 DNA veri setleri için en uygun baz değişim modelinin belirlenmesi 54	
3.5.3.4 Mitokondriyal sitokrom c oksidaz I haplotiplerinin genetik uzaklık (Distance) analizi.....	55
3.5.3.5 Neighbor joining (Komşu Birleştirme) (NJ) analizi	55
3.5.3.6 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi (ML)	55
3.5.3.7 Maksimum parsimoni analizleri (MP-Tutumluluk analizi)	55
3.5.3.8 Bayesian analizi (BI).....	56
3.5.3.9 Network analizi	56

BÖLÜM IV BULGULAR.....	57
4.1 Örneklenen Populasyonların Tanımlanması.....	57
4.1.1 Türlerin genel özellikleri	58
4.1.1.1 <i>Cinara (Cedrobium) laportei</i> (Remaudière, 1954)	58
4.1.1.2 <i>Cinara (Cinara) acutirostris</i> Hille Ris Lambers, 1956.....	58
4.1.1.3 <i>Cinara (Cinara) brauni</i> Börner , 1940.....	60
4.1.1.4 <i>Cinara (Cinara) cedri</i> Mimeur,1936	60
4.1.1.5 <i>Cinara (Cinara) confinis</i> (Koch,1856).....	60
4.1.1.6 <i>Cinara (Cinara) curvipes</i> (Patch, 1912)	61
4.1.1.7 <i>Cinara (Cinara) indica</i> Verma, 1970.....	62
4.1.1.8 <i>Cinara (Cinara) juniperensis</i> (Gillette ve Palmer, 1925)	62
4.1.1.9 <i>Cinara (Cinara) maghrebica</i> Mimeur, 1934	63
4.1.1.10 <i>Cinara (Cinara) palaestinensis</i> Hille Ris Lambers, 1948.....	64
4.1.1.11 <i>Cinara (Cinara) pilicornis</i> (Hartig, 1841)	64
4.1.1.12 <i>Cinara (Cinara) pini</i> (Linnaeus, 1758)	65
4.1.1.13 <i>Cinara (Cinara) pinihabitans</i> (Mordvilko, 1895).....	65
4.1.1.14 <i>Cinara (Cinara) pinimaritimae</i> (Dufour, 1833).....	65
4.1.1.15 <i>Cinara (Cinara) piniphila</i> (Ratzeburg, 1844).....	66
4.1.1.16 <i>Cinara (Cinara) pinivora</i> (Wilson, 1919).....	66
4.1.1.17 <i>Cinara (Cinara) schimitscheki</i> Börner, 1940.....	67
4.1.1.18 <i>Cinara (Cinara) setosa</i> (Börner, 1950).....	67
4.1.1.19. <i>Cinara (Cinara) wahluca</i> Hottes, 1952.....	68
4.1.1.20 <i>Cinara (Cinara) watanabei</i> Inouye , 1970.....	69
4.1.1.21 <i>Cinara (Cupressobium) cupressi</i> (Buckton, 1881).....	70
4.1.1.22 <i>Cinara (Cupressobium) fresai</i> Blanchard, 1939	70
4.1.1.23 <i>Cinara (Cupressobium) oxycedri</i> Binazzi, 1996	71
4.1.1.24 <i>Cinara (Cupressobium) tujafilina</i> (Del Guercio, 1909).....	71
4.2 Morfometrik Bulgular	72
4.2.1 <i>Cinara cedri</i> türünün morfometrik ölçümleri.....	72
4.2.1.1 <i>Cinara cedri</i> türünün istatistiksel analiz çıktıları.....	72
4.2.2 <i>Cinara tujafilina</i> türünün morfometrik ölçümleri	77
4.2.2.1 <i>Cinara tujafilina</i> türünün istatistiksel analiz çıktıları	78
4.2.3 <i>Cinara schimitscheki</i> türünün morfometrik ölçümleri	83
4.2.3.1 <i>Cinara schimitscheki</i> türünün istatistiksel analiz çıktıları.....	83
4.3 Moleküler Bulgular ve Filogenetik Analizler	89
4.3.1 <i>Cinara</i> örneklerinden genomik DNA'ların elde edilmesi	90

4.3.2 Mitokondriyal DNA COI gen bölgesinin PCR ile çoğaltılması	93
4.3.3 <i>Cinara</i> türlerine ait örneklerin mitokondriyal DNA COI gen bölgesinden ve Gen Bankası'ndan elde edilen verilerin filogenetik analizleri	93
4.3.3.1 <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> türlerinin Gen Bankası verileri ile beraber filogenetik analizleri	93
4.3.3.1.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi.....	95
4.3.3.1.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi	95
4.3.3.1.3 Neighbor joining Analizi	95
4.3.3.1.4 Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi.....	96
4.3.3.1.5 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi.....	97
4.3.3.1.6 Bayesian analizi	98
4.3.3.2 Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> türlerinin Gen Bankası verileri ile beraber filogenetik analizleri	99
4.3.3.2.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi.....	101
4.3.3.2.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi	101
4.3.3.2.3 Neighbor Joining analizi.....	102
4.3.3.2.4 Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi.....	102
4.3.3.2.5 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi.....	103
4.3.3.2.6 Bayesian analizi	104
4.3.3.3 <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> türlerinin Gen Bankası verileri ile filogenetik analizi	105
4.3.3.3.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi.....	107
4.3.3.3.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi	107
4.3.3.3.3 Neighbor Joining analizi.....	108
4.3.3.3.4 Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi.....	108
4.3.3.3.5 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi.....	109
4.3.3.3.6 Bayesian analizi	110
4.3.4 Çalışma alanından tespit edilen COI haplotiplerinin filogenetik analizleri..	111
4.3.4.1 Çalışma alanındaki <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin filogenetik analizleri.....	111
4.3.4.1.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi.....	112
4.3.4.1.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi	113
4.3.4.1.3 Neighbor Joining analizi.....	113
4.3.4.1.4 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi.....	114
4.3.4.1.5 Bayesian analizi	114
4.3.4.2 Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> türlerinin filogenetik analizleri	115
4.3.4.2.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi.....	116
4.3.4.2.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi	117

4.3.4.2.3 Neighbor Joining analizi.....	117
4.3.4.2.4 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi.....	118
4.3.4.2.5 Bayesian analizi	119
4.3.4.3 Çalışma alanındaki <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin filogenetik analizleri.....	120
4.3.4.3.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi.....	122
4.3.4.3.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi	122
4.3.4.3.3 Neighbor joining analizi	122
4.3.4.3.4 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi.....	123
4.3.4.3.5 Bayesian analizi	124
4.3.5 Farklı bitki türleri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotiplerinin genetik analizi	124
4.3.5.1 Tüm haplotiplerin genetik uzaklık analizi.....	124
4.3.5.2 Tüm haplotiplerin Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi	128
4.3.5.3 Tüm haplotiplerin network analizi	129
BÖLÜM V TARTIŞMA VE SONUÇ.....	130
5.1 Tartışma	130
5.1.1 Morfolojik çalışmalar	130
5.1.2 Morfometrik çalışmalar	132
5.1.3 Moleküler çalışmalar	139
5.2 Sonuçlar	145
5.2.1 <i>Cedrus</i> spp. (sedir) üzerinden örneklenen afit türleri	146
5.2.2 Cupressaceae familyasına ait bitkiler (mazı, ardıç) üzerinden örneklenen afit türleri.....	147
5.2.3 <i>Pinus</i> spp. (çam) üzerinden örneklenen afit türleri.....	148
5.3 Öneriler	149
KAYNAKLAR	152
EKLER.....	171
ÖZ GEÇMİŞ	190
TEZ ÇALIŞMASINDAN ÜRETİLEN ESERLER	191

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Aphidoidea üst familyasının kategorik listesi	12
Çizelge 2.2. <i>Cinara</i> cinsinin sistematığı (Binazzi ve Scheurer, 2009).....	14
Çizelge 3.1. Morfometrik ölçümlerde kullanılan karakterler	48
Çizelge 3.2. mtCOI gen bölgesi için kullanılan spesifik primer çifti	51
Çizelge 3.3. mtCOI gen bölgesi PCR döngü programı.....	51
Çizelge 3.4. PCR karışım bileşenleri (Master Mix).....	51
Çizelge 3.5. Filogenetik analizlerde kullanılan dış gruplar	54
Çizelge 4.1. Konak bitki ve afit listesi.....	57
Çizelge 4.2. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>C. cedri</i> populasyonunun morfolojik karakterlerinin ortalaması	73
Çizelge 4.3. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>C. cedri</i> populasyonun morfolojik karakterlerinin üzerine lokalitenin etkisi	74
Çizelge 4.4. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>C. cedri</i> populasyonun morfolojik karakterleri üzerine lokalitelerin etkisinin belirlenmesi.....	75
Çizelge 4.5. Farklı illerden örneklenmiş <i>C. cedri</i> populasyonlarının morfometrik karakterlerinin Kanonikal Ayrım Fonksiyonu	76
Çizelge 4.6. <i>C. cedri</i> populasyonlarının morfometrik karakterlerinin Kanonikal Vektör Analizi.....	76
Çizelge 4.7. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>C. tujafilina</i> populasyonunun morfolojik karakterleri (ortalama±standart hata). 78	
Çizelge 4.8. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>C. tujafilina</i> populasyonunun morfolojik karakterlerinin üzerine lokalitenin etkisi	79
Çizelge 4.9 Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>Cinara tujafilina</i> populasyonun morfolojik karakterleri üzerine lokalitelerin etkisi	80
Çizelge 4.10. Farklı illerden örneklenmiş <i>C. tujafilina</i> populasyonlarının Kanonikal Ayrım Fonksiyonu	81
Çizelge 4.11. <i>C. tujafilina</i> populasyonlarının Kanonikal Vektör Analizi	81
Çizelge 4.12. <i>C. schimitscheki</i> populasyonunun morfolojik karakterleri.....	83
Çizelge 4.13. <i>C. schimitscheki</i> populasyonun morfolojik karakterlerinin üzerine lokalitenin etkisi	85

Çizelge 4.14. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>C. schimitscheki</i> populasyonun morfolojik karakterleri üzerine lokalitelerin etkisinin belirlenmesi	86
Çizelge 4.15. Farklı illerden örneklenmiş <i>C. schimitscheki</i> populasyonlarının Kanonikal Ayrım Fonksiyonu	87
Çizelge 4.16. Farklı illerden örneklenmiş <i>C. schimitscheki</i> populasyonlarının Kanonikal Vektör Analizi.....	88
Çizelge 4.17. Dizi analizine gönderilen örnekler, toplandığı il-ilçe ve konak bitkileri..	91
Çizelge 4.18. <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerinin COI haplotipleri (279 bç).....	94
Çizelge 4.19. Nükleotidler arasındaki transisyon/transversiyon değişim oranları	95
Çizelge 4.20. <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklerden ve Gen Bankası'ndan elde edilen haplotiplerin genetik uzaklık değerleri (K2P)(279 bç)	95
Çizelge 4.21. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden beslenen <i>Cinara</i> cinsine ait örnekler arasında tespit edilen haplotipler (222 bç)	100
Çizelge 4.22. Transisyon/ transversiyon değişim oranları (222 bç)	100
Çizelge 4.23. Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen ve Gen Bankası'ndan elde edilen <i>Cinara</i> cinsine ait COI haplotiplerinin genetik uzaklık değerleri... ..	101
Çizelge 4.24. <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait örneklerden elde edilen COI haplotipleri (238 bç)	106
Çizelge 4.25. Nükleotidler arasındaki Transisyon/ transversiyon değişim oranları	107
Çizelge 4.26. <i>Pinus</i> spp. üzerinden Gen Bankası ve bu çalışmada elde edilen örneklerden elde edilen COI haplotiplerinin genetik uzaklık değerleri (K2P) (238 bç)	107
Çizelge 4.27. <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> türlerine ait COI (438 bç) haplotipleri	112
Çizelge 4.28. Transisyon/ transversiyon değişim oranları.....	112
Çizelge 4.29. Çalışma alanındaki <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri (K2P)	113
Çizelge 4.30. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri (415 bç).....	116
Çizelge 4.31. Transisyon/ transversiyon değişim oranları.....	116
Çizelge 4.32. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri... ..	117
Çizelge 4.33. Çalışma alanındaki <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri (239 bç).....	121
Çizelge 4.34. Transisyon/ transversiyon değişim oranları.....	121
Çizelge 4.35. Çalışma alanındaki <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait	

türlerin COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri (K2P) ..	122
Çizelge 4.36. Farklı bitki türleri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait tüm COI haplotipleri	125
Çizelge 4.37. Tüm COI haplotiplerine ait genetik uzaklık değerleri	127



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Kanatsız <i>Cinara</i> türünün morfolojik kısımları	16
Şekil 2.2. Afitlerde baş ve tüberkül yapıları	17
Şekil 2.3. <i>Cinara confinis</i> türüne ait anten segmentleri (1-6 segment)	17
Şekil 2.4. <i>Cinara pini</i> türünün rostrum IV+V segmentleri.....	18
Şekil 2.5. Afitlerdeki bileşik (C), triommatidium (T) ve ocel (O) gözlerin görünümü ..	18
Şekil 2.6. Kanatlı vivipar bir afitin kanat damarlanmaları	19
Şekil 2.7. Afit arka bacağı ve tarsus'un segmentlerinin görünümü.....	20
Şekil 2.8. Bazı Sifunkuli fomları (Blackman ve Eastop, 2006).....	21
Şekil 2.9. Kuyruk şekilleri; (a-k) parmak veya dil (Blackman ve Eastop, 2006).....	21
Şekil 2.10. Tüy çeşitleri	22
Şekil 2.11 <i>Cinara</i> sp. türünün <i>Pinus</i> sp. üzerindeki 1 yıllık yaşam döngüsü	23
Şekil 2.12. Afitlerde yaşam döngüleri	24
Şekil 4.1. Çalışma kapsamında belirlenmiş <i>Cinara</i> türlerinin dünya dağılımları	59
Şekil 4.2. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan <i>C. cedri</i> populasyonunun morfolojik karakterlerinin grafiksel gösterimi	73
Şekil 4.3. <i>C. cedri</i> türünün farklı illerden toplanan bireylerinin morfometrik karakterlerine bağlı olarak Ayrışım Fonksiyon Analizi	77
Şekil 4.5. <i>C. tujaefilina</i> türünün Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinden örneklenmiş populasyonlarına ait bireylerinin Kanonikal Ayrım analizi.....	82
Şekil 4.6. <i>C. schimitscheki</i> populasyonunun morfolojik karakterlerinin grafiksel gösterimi	84
Şekil 4.7. <i>C. schimitscheki</i> populasyonunun morfolojik karakterlerinin grafiksel gösterimi (BL hariç).....	85
Şekil 4.8. <i>C. schimitscheki</i> türünün farklı illerden toplanan bireylerinin morfometrik karakterlerine bağlı olarak Ayrışım Fonksiyon Analizi	89
Şekil 4.9. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı..	96
Şekil 4.10. <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Parsinomi ağacı	97
Şekil 4.11. <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen mtCOI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Likelihood (ML) ağacı...	98
Şekil 4.12. <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait örneklerin dizileriyle	99

Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (279 bç).....	99
Şekil 4.13. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı).....	102
Şekil 4.14 Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Parsinomi ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (222 bç).....	103
Şekil 4.15. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Likelihood ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (222 bç)	104
Şekil 4.16. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (222 bç).....	105
Şekil 4.17. <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı	108
Şekil 4.18. <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan MP ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (238 bç).....	109
Şekil 4.19. <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (238 bç).....	110
Şekil 4.20. <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipler kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (238 bç).....	111
Şekil 4.21. Çalışma alanındaki <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı	114
Şekil 4.22. Çalışma alanındaki <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı	114
Şekil 4.23. Çalışma alanındaki <i>Cedrus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı).....	115
Şekil 4.24. Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı (10000	118
Şekil 4.25. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı	119

Şekil 4.26. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı	120
Şekil 4.27. Çalışma alanındaki <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı.....	123
Şekil 4.28. Çalışma alanındaki <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı (5.000 tekrarlı.....	123
Şekil 4.29. Çalışma alanındaki <i>Pinus</i> spp. üzerinden örneklenen <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (239 bç)	124
Şekil 4.30. Farklı bitkiler üzerinde örneklenen <i>Cinara</i> cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Parsinomi ağacı (5000...)	128
Şekil 4.31 Çalışma alanındaki dört farklı konak bitki üzerinden örneklenen ve Gen Bankası'ndan alınan <i>Cinara</i> cinsi türlerine ait COI haplotiplerinin Median joining networkü	129

FOTOĞRAFLAR DİZİNİ

Fotoğraf 4.1. <i>Cinara acutirostris</i> 'in <i>Pinus</i> sp. üzerinden görünümü.....	58
Fotoğraf 4.2. (a) <i>Pinus</i> sp. üzerinde <i>Cinara brauni</i> bireyleri (b) <i>Cinara brauni</i> 'nin karakteristik abdomen yapısı.	60
Fotoğraf 4.3. <i>Cinara cedri</i> türünün <i>Cedrus</i> spp.'nin dal ve sürgün (a-b) ve gövde (c) üzerindeki görünümü	61
Fotoğraf 4.4. <i>Cinara confinis</i> türünün <i>Cedrus</i> spp. üzerindeki görünümü.....	61
Fotoğraf 4.5. <i>Cinara curvipes</i> türünün <i>Cedrus</i> sp. gövdesi üzerindeki görünümü	62
Fotoğraf 4.6. <i>Cinara indica</i> 'nin <i>Cedrus</i> sürgün ve gövdesinde zarar görmüş bölgedeki bireyleri.....	62
Fotoğraf 4.7. <i>Cinara juniperensis</i> 'in <i>Juniperus</i> sp. sürgün ucu görünümü, <i>C. juniperensis</i> 'in <i>Juniperus</i> genç sürgünündeki bireyi, ayırtedici HT I dorsal uzunluk-en oranı, ANTV taban kısmı-uç kısmı görünümü	63
Fotoğraf 4.8. (a) <i>C. maghrebica</i> türünün genel görünümü (b) <i>Pinus</i> sp. üzerinde <i>Cinara maghrebica</i> bireyleri	64
Fotoğraf 4.9. <i>Cinara palaestinensis</i> 'in genel görünümü ve <i>Pinus</i> sp. geniş sürgününün açık kahverenkli bireyleri	64
Fotoğraf 4.10. <i>Cinara pilicornis</i> 'in <i>Pinus</i> sp. sürgününde açık kahverenkli bireyleri.....	65
Fotoğraf 4.11. (a) <i>Cinara pini</i> türünün <i>Pinus</i> spp. üzerindeki görünümü, (b-c) <i>Cinara pini</i> türünün ayırtedici karakterlerinin görünümü	65
Fotoğraf 4.12. <i>Cinara pinimaritimae</i> türünün <i>Pinus</i> spp. üzerindeki görünümü ve ayırt edici karakteri (RIV+V).....	66
Fotoğraf 4.13. <i>Cinara piniphila</i> türünün <i>Pinus</i> spp. üzerindeki görünümü	66
Fotoğraf 4.14. <i>Cinara pinivora</i> türünün <i>Pinus</i> spp. üzerindeki ve genel görünümü.....	67
Fotoğraf 4.15. <i>Cinara schimitscheki</i> türünün <i>Pinus</i> spp. üzerindeki görünümü	67
Fotoğraf 4.16. <i>Cinara setosa</i> 'nin ayırtedici karakterleri; HTI-HTII oranı, URS görünümü, ANT III deki tüylerin görünümü ve ANT V-ANT VI oranı gibi karakterleri.....	68
Fotoğraf 4.17. <i>Cinara wahluca</i> 'nin genel görünümü; ayırtedici HT I dorsal uzunluk-en oranı, ANT III deki tüylerin segment çapına oranı ve sifunkuli konisi..	69
Fotoğraf 4.18. <i>Cinara watanabei</i> 'nin <i>Pinus</i> sp. genç sürgününde iğne yaprak dibinde beslenen bireyleri	69
Fotoğraf 4.19. <i>Cinara cupressi</i> 'nin genel ve <i>Juniperus</i> sp.'nin uç sürgünündeki	

görünümü	70
Fotoğraf 4.20. <i>Cinara fresai</i> türünün mikroskop görüntüleri.....	70
Fotoğraf 4.21. <i>Cinara oxycedri</i> türünün <i>Juniperus</i> sp. üzerindeki görünümü	71
Fotoğraf 4.22. (a) <i>Plathycladus orientalis</i> üzerinde <i>Cinara tujaefilina</i> kolonisi ve (b) genel görünümü	71
Fotoğraf 4.23 Bazı <i>Cinara</i> örneklerine ait genomik DNA'ların agaroz jel görüntüsü...	90
Fotoğraf 4.24 Bazı <i>Cinara</i> türlerine ait genomik DNA'larının agaroz jel görüntüsü	90
Fotoğraf 4.25. mtCOI primerleri ile amplifiye edilen gen bölgesine ait bazı PCR ürünlerinin jel görüntüleri-1 (M; Belirteç).....	93
Fotoğraf 4.26. mtCOI primerleri ile amplifiye edilen gen bölgesine ait bazı PCR ürünlerinin jel görüntüleri-2 (M; Belirteç).....	93



SİMGE VE KISALTMALAR

Simgeler	Açıklama
μ l	Mikrolitre
%	Yüzde
A	Adenin
C	Sitozin
F	Varyans Analizi
G	Guanin
gr	Gram
H	Haplotip Çeşitliliği
kb	Kilo Baz
mm	milimetre
ng	nanogram
nmol	NanoMol
nst	Durum Sayısı
O	Ocel göz
°C	Santigrat derece
T	Timin
U	Urasil
π	Nükleotid çeşitliliği
p	Anlamlılık Değeri

Kısaltmalar	Açıklama
ANOVA	Tek Yönlü Varyans Analizi
bç/ bp	Baz çifti
BSA	Bovine Serum Albumine
C: IAA	Kloroform izoamil alkol
CDA	Kanonikal Ayrım Analizi

COI	SitokromOksidaz I
df	Serbestlik Derecesi
DFA	Ayrırma Fonksiyon Analizi
dH₂O	Distile su



BÖLÜM I

GİRİŞ

Yeryüzünde en fazla türe sahip olan canlı grubu böceklerdir (Trautwein vd., 2012). Böcekler, çok hücrelilerin en özelleşmiş grubudur ve fitofag böcekler, bu çeşitliliğin büyük kısmını oluştururlar (Strong vd., 1984). Bu nedenle, böceklerin evrimsel ilişkilerini anlamamanın yaşamın tarihsel gelişimini anlamak için bir anahtar olduğu düşünülmektedir (Trautwein vd., 2012). Son on yıla kadar olan süreçte böcek taksonları arasındaki ilişkiler, özellikle morfolojiden elde edilmiş toplam benzerliklerin değerlendirilmesine dayandırılmakta ve taksonomik kategoriler, taksonların farklılık derecesine göre düzenlenmiştir (Gullan ve Cranston, 2012). Entomologlar, morfolojik olarak benzer yakın akraba böcek gruplarının teşhis ve tanımlamalarında problemlerin uzun süredir farkındadırlar. Birçok grupta türlerin tasnif edilmesi için, aydınlatıcı bilgi verici morfolojik karakterlerin bulunmaması, türlerin tasnif edilmesi evrimsel ilişkilerin belirlenmesinde zorluklara neden olmaktadır. Böyle taksonlar kriptik türler olarak bilinirler. Kriptik türler, fitofag böceklerde çok yaygındırlar ve son 30 yıldır yapılan detaylı çalışmalarda üreme bakımından izole olmuş bireylerin ve daha önceden tanımlanamamış türlerin tek bir ekolojik farklılık ile morfolojik olarak benzer karakterler kazandığı belirlenmiştir. Tür içi doğal fenolojik varyasyonlar, morfolojik olarak kriptik taksonların bulunuşu, morfolojik teşhis anahtarlarının yetersizliği, bazı morfolojik kısımları olmayan (kopmuş, kaybolmuş vb.) örneklerin tanımlanamaması, teşhisler için deneyimli taksonomistlerin yetersizliği gibi nedenlerden türlerin tanımlamalarında sıkıntılar ve zorluklar yaşanmaktadır (Castalanelli, 2010).

Yapılan çalışmalarda morfolojiye dayanan toplam benzerliklerin tek başına incelenmesinin evrimsel örüntüyü aydınlatmasının pek mümkün olmadığı, anlaşılmıştır. Bu nedenle, tüm canlılarda olduğu gibi böcek gruplarında da entegre bilimler (morfoloji, morfometri, moleküler, fizyoloji, anatomi vb.) ile yapılan çalışmalar önem kazanmıştır (Gullan ve Cranston, 2012). Özellikle hızlı değişim gösteren canlı gruplarının teşhislerinde gerekli olan karakterlerinde bozulma veya anormallik olan bireyler tanımlamalarda tutarsız ve yanlış sonuçlara neden olabilir ve bu örneklerin ayrımı güçtür. Böyle hızlı bir şekilde çeşitlenen taksonlar, biyolojik olarak en farklı

statüdeki taksonlar arasındadır. Özellikle Aphididae familyasında bazı evrimsel sorular, filogenetik belirsizlikler yüzünden cevapsız kalmıştır (Gullan ve Cranston, 2012).

Afitlerin evrimiyle ilgili çalışmalar, konak bitkiye olan adaptasyonun afitlerin çeşitlenmesinde önemli rol oynadığını ortaya koymaktadır. Bu nedenle afitlerin biyocoğrafik dağılımlarını konaklarıyla sahip oldukları ilişkiler belirlemektedir. Özellikle Holoartik Bölgede afitlerin konak olarak kullandıkları bitkilerin kıtalararası ayırım ile ortadan kalktığı veya göç ettikleri gözlenmiş ve afitlerin evrimsel gelişmelerinin de bu süreçte değiştiği belirlenmiştir (Meseguer vd., 2015). Afit türlerinin büyük çoğunluğu son 40 yıl içinde tanımlanmıştır. Günümüzde Dünya üzerinde dağılım gösteren 4700 afit türü ve 250 kadar da fosil afit türü olduğu bilinmektedir (Hong vd., 2009).

Afitlerin çevresel koşullara uyum sağlayabilmek için sahip oldukları morfolojik karakterlerde farklılıklar gösterebildiği, yapılan çalışmalar ile ortaya çıkartılmıştır (Blackman, 1987; Lushai vd., 1997; Lozier vd., 2008; Footitt vd., 2010). Afit türlerinin teşhislerinde klasik morfolojik kriterlerin kullanılması iki nedenden dolayı sıkıntılara neden olmaktadır:

- 1) Bu yöntemler genellikle, sadece ergin bireyler üzerinden uygulanmaktadır (çünkü çoğu durumda nimfler kesin tanımlama yapmamıza izin vermez),
- 2) Bu kriterler, konak bitkinin fizyolojik durumu ve iklimsel faktörler gibi çevresel faktörlerden etkilenebilirler.

Bu nedenle, morfolojik özelliklere dayanan tanımlar bazı yakın akraba afit türlerinin teşhislerinde zorluk yaratmaktadır (Figueroa vd., 1999). Birçok araştırmacı, afitlerin ortam koşullarına göre morfolojik yapılarında benzerlik veya farklılık göstermeleri, teşhis anahtarlarının yetersizliği ve afitler üzerine yapılan çalışmaların azlığından dolayı afitleri sınıflandırmakta sıkıntılar yaşamaktadırlar.

Afitlerin biyocoğrafik dağılımlarını açıklamak için konağa bağlı dağılım gösterdiklerine ilişkin önerilen hipotez, onların konağa spesifik olmaları ve konağa gösterdikleri adaptasyonun dağılımlarını belirlemesi nedeniyle doğru olarak kabul edilmektedir (Peccoud vd., 2010). Günümüzde afitlerin bazı nesilleri, Kuzey Amerika ve Asya'da

geniş bir yayılım göstermelerine rağmen afit çeşitliliği, Kuzey yarım küredeki ılıman habitatlarda yoğunlaşmıştır (Blackman ve Eastop, 2016). Afitlerdeki kıtalararası ayırım, genellikle konak bitkinin vikaryanslığı ile açıklanır (konak bitkinin yok olması veya göç etmesi gibi) ve özellikle afitlerde büyük orman kümeleri ayrılmadan önce karma mesofitik nesiller ile bağlantılı atasal formlar oluşmuştur (von Dohlen vd., 2002; Ren vd., 2013).

Afitlerin evrimleşmesiyle ilgili, detaylandırılmamış filogenetik çalışmalar yapılmıştır (Peccoud vd., 2010). Afit evriminin modu ve hızı, kısım kısım anlaşılmakta ancak bu grubun biyocoğrafik dağılımı tam olarak oluşturulamamıştır (von Dohlen ve Moran, 2000). Şu ana kadar afitler üzerine yapılan çalışmalardan sadece ikisinde Amerika ve Asya'daki afit türlerinin orijinleri araştırılmıştır. Kuzey Amerika ve Asya'daki nesillerin ayırım zamanlarının konak bitkinin ayırım zamanları ile denk geldiği belirlenmiş, ancak bunu şekillendiren süreç ve faktörler biyocoğrafik olarak çözümlenememiştir (von Dohlen vd., 2002; Ren vd., 2013).

Afitler üzerine Dünya'da çok sayıda taksonomik çalışma yapılmış olmasına rağmen morfolojik ve moleküler çalışmaların birlikte değerlendirildiği çalışmalar, yeterli sayıda değildir. Yapılan araştırmaların çoğu, tahıl zararlıları ve ekonomik önem arz eden türler üzerinedir. Bu çerçevede değişik araştırmacılar tarafından morfolojik ve moleküler verilerin birlikte değerlendirildiği çalışmalar yapılmıştır. Bu çalışmalar;

Watanabe vd. (2015), Japonya'da *Quercus dentata* ve *Q. crispula* ağaçları üzerinden beslenen *Tuberculatus quercicola* afitinin moleküler ve morfometrik filogenisini çalışılarak taksonomik kategorileri yeniden düzenlemiştir. Verilerin birlikte değerlendirmesi sonucunda *Q. dentata* üzerindeki bireylerinin genetik ve morfolojik olarak *Q. crispula* üzerinden beslenen türlerden ayrıldığını göstermişlerdir. Bu nedenle tamamen tür statüsünde olduklarını belirlemişlerdir. *Q. dentata* ve *Q. crispula* üzerindeki türler, *T. quercicola* ve *T. macrotuberculatus* stat. rev., olarak yeniden tanımlanmıştır.

Chen vd. (2015), COI gen bölgesinin DNA barkodlama bölgesi olarak kullanımının geliştirilmesi ve diğer barkod genlerinin tanımlamaları için afitlerden Lachninae (Hemiptera: Aphididae) alt familyası örneklerini kullanmışlar. COI ve diğer iki gen olan

COII ve Cyt *b* genleriyle elde edilen sonuçlar karşılaştırılmış. COI veya Cyt *b* gen bölgelerinden ziyade COII gen bölgesiyle uygulanan tanımlamaların daha geçerli olduğu ileri sürülmüştür. Ancak, Cyt *b* geni sahip olduğu fazla dizi çeşitliliği ile afitlerin populasyon genetiği çalışmalarında geçerli bir belirteç olduğu da vurgulanmıştır.

Durak vd. (2014), koniferlerin iğne yaprakları ve odunsu kısımları üzerinden beslenen *Cinara* türleri arasındaki akrabalık ilişkilerini ortaya koymak için mitokondriyal COI geni ve nükleer EF1- α geni çalışılmıştır. COI geninin dizilenmesi sonucu gerçekleştirilen analizler de, *C. juniperi* ve *C. tujaefilina* türleri arasındaki genetik mesafe % 5.6 iken, *C. tujaefilina* ve *C. mordvilkoii* arasında % 10.5 olduğu tespit etmişlerdir. EF1- α geniyle yapılan çalışmalar sonucu türler arası genetik mesafenin daha düşük düzeyde olduğu saptamışlardır. Bu değerler; *C. cupressi* ve *C. juniperi* arasında % 0.1; *C. tujaefilina* ve *C. mordvilkoii* arasında ise % 2.3 olarak belirlenmiş. Her iki gen bölgesi kullanılarak elde edilen filogenetik ağaçlarda iki kardeş grup oluşmuştur. Sonuçlar, *Cinara* (*Cupressobium*) cinsine ait türlerin monofiletik bir grup olduğunu gösterilmiştir.

Rakauskas vd. (2014), farklı konaklar üzerinden Avrupa (48 populasyon) ve Türkiye (2 populasyon) *Myzus cerasi* türünde COI gen bölgesi üzerine yaptıkları çalışma sonucunda; *M. cerasi* türünün *M. borealis* ile parafiletik olduğu ortaya belirlenmiştir. Örneklerin morfolojik varyasyonları, mtCOI ve konak bitki bilgileri arasındaki ilişki Çoklu Ayrım analizi ile test edilmiştir. İlk iki Kanonikal değişkenlerindeki ortalama değerler COI haplotipleri ile uyumluluk göstermiştir. Bu iki alttürün kanatsız vivipar dişilerini ayırt edecek yeterli bir morfolojik karakter olmadığı gözlenmiştir. Üç karakter ile yapılan linear discriminant fonksiyonları *M. cerasi*'nin kanatsız vivipar dişilerinin % 92.37 oranında doğru tanımlama sağladığı gösterilmiştir.

Zhang vd. (2014), bu çalışmada afitlerde mitokondriyal genom (mitogenom) özelliklerini karakterize etmek amacıyla Rus buğday afitinin (*Diuraphis noxia*) tüm mitokondriyal genom dizisini (mitogenom) çalışmışlardır. Çalışma sonucunda, 15.784 bç'lik A+T bazları bakımından zengin (% 84.76) olan bir dizi elde edilmiştir. Bu baz diziliminin, böceklerin atalarındaki ile aynı olduğu belirlenmiştir. Tipik böcek mitogenomunun aksine *Diuraphis noxia* türünde *trnE* ve *trnF* genleri arasında büyük ve

ard arda tekrar eden gen bölgelerinin bulunduğu belirlemiştir. *D. noxia*'nın mitogenomunun ortaya çıkarılması farklı bir mitogenom yapılanması oluşturmuştur.

Rakauskas vd. (2013), *Hyaloterus* cinsinde türlerin konaklara bağlı olarak karşılaştırmalarını yapmak amacıyla mtDNA geninin COI gen dizisini çalışmışlardır. NJ analizlerinde oluşturulan ağaçlarda, konağa spesifik üç türe ait üç büyük grup oluşturduğu gözlenmiştir. Filogenetik analizler *H. pruni* ve *H. persikonus* türlerinin kardeş gruplar olduğunu göstermiştir. Ayrıca *H. amygdalii*'nin ise farklı bir dalda kümelenerek bu iki türden filogenetik açıdan daha uzak olduğu belirlenmiştir. Moleküler ağaçlardaki farklı dallarda kümelenen örnek grupları morfolojik açıdan da farklılık gösterip göstermediklerini belirlemek amacıyla Kanonical Ayrım Analizi ile test edilmişlerdir. Morfolojik çalışmalarda, başın ortasında ve arkada yer alan tüyün uzunluğu *H. amygdalii* türünü diğer türlerden % 97.3 oranıyla ayırmıştır. Morfolojik ve moleküler verilerin birbirlerini destekleyici sonuçlar ortaya koyduğu belirlenmiştir.

Ren vd. (2013), *Rhus* spp. (Sumak) ve Bryofitler (karayosunları) üzerinde konak değişimi gösteren Melaphidina afitlerinin (Hemiptera: Aphididae: Fordini) biyocoğrafik ayrımlarını araştırmışlardır. Bu türlerin Kuzey Amerika orjinlerinin ortaya çıkarılması, Asya'daki akrabalarından ayrılma zamanı ve *Rhus* türü üzerindeki populasyonlarının belirlenmesi amacıyla filogenetik analizleri yapılmıştır. Melaphidinae'ya ait altı cinsi temsil eden dokuz tür ve üç alttür örneklenilmiştir. Altı gen bölgesi (mtCOI, mtCOII, leucin Trna, mtCytb ve Elf-1á) çalışılmıştır. Toplam 3.282 bç'lik gen dizisi üzerine yapılan filogenetik analizler sonucunda (BI, ML, MP) *Nurudea* ve *Schlechtendalia* hariç tüm cinslerin monofilik olduğu gösterilmiştir.

Simon vd. (2013), bezelye afitinde (*Acyrtosiphon pisum*) entegre yaklaşımlar kullanılarak ekolojik türleşme ve bitki adaptasyonunun evrimsel genetiğini detaylı bir şekilde araştırmıştır. Bu çalışmada araştırmacı, bezelye afitinde gözlenen morfolojik ve genetik varyasyonun çoklu konak değişimi sürecinde hızlı bir şekilde gerçekleşen ekolojik değişiklikler ile oluştuğunu ileri sürmüştür. Ayrıca konak bitki ile olan adaptasyonu ile ilişkilendirilen genomik bölgeler tespit edilmiştir. Bu tespit edilen genomik bölgeler kemosenör veya salvia genleri içermektedir.

Lagos vd. (2013), ABD'nin batısından toplanan *Aphis* cinsine ait populasyonlar ile bu cinsin filogenisi oluşturmuştur. UPGMA analizi kullanılarak oluşturulan ağaç topolojisi, 73 takson ve 41 morfolojik karakter ile ortaya çıkarılmıştır. Analizler sonucunda dört ana tür (*A. gossypii*, *A. asclepiodis*, *A. middletonii* ve *A. fabae*) tespit edilmiştir. Bayesian analizleri, filogenetik ağaçların çoğunu desteklediğini belirlemiştir. Filogeni güçlü bir şekilde detaylandırıldığında morfolojik karakterler ile COI, EF1- α ve COI, EF1- α 'nin kombine dizisi, morfometrik karakterler ile uyumlu sonuçlar göstermiştir. Sonuç olarak, *Toxoptera* cinsi *Aphis*'in bir alt cinsi olarak kabul edilmiştir. Geçerli alt cinslerden biri olan *Bursaphis*'in, *Aphis* s. str. nin sinonimi olduğu belirlenmiştir. Bu filogeni çalışmasında, *Aphis middletonii*'nin, *Xerobion* cinsi içinde sınıflandırılması gerektiği ileri sürülmüştür. *Xerobion* cinsi ise *Protaphis*'in senior sinonimi olduğu, *Iowana* cinsinde *Aphis* s.str.'nin junior sinonimi olduğu ileri sürülmüştür.

Wieczorek vd. (2013), *Siphini* cinsinin moleküler, ekolojik ve morfolojik veriler ile kapsamlı bir filogenisini oluşturmaya çalışmışlardır. Moleküler analizlerde nükleer genler (EF1- α ve 18S rDNA) ve mitokondri genleri [(COI, COII ve nikotinamide adenin dinükleotit dehidrogenaz 1 (ND 1)] kullanılmış. *Siphini* cinsine mensup seçilen ergin bireylerin ışık ve elektron mikroskopları altında üreme yapıları çalışılmıştır. Filogenetik ağaçlarda *Siphini*'nin monofiletik olduğu belirlenmiştir. Ancak ilk veriler, *Chaitophorini*'nin monofiletik bir klad oluşturmadığını ortaya koymuştur. *Periphyllus* cinsi de kardeş kladları olan *Chaitophorus* ve *Siphini*'den bağımsız bir dalda kümelenmiştir.

Chen vd. (2013), Hormaphidinae alt familyasına ait türlerin filogenisini dört gen (mt COI ve mt COII ve nükleer EF1- α ve LWO) ve 65 morfolojik, yedi biyolojik karakter kullanılarak analiz etmişlerdir. Bu çalışmada, Hormaphidinae alt familyasına ait 3 tribus, 36 cinsi temsil eden 63 tür ve 9 dış grup karşılaştırmalarda kullanılmıştır. Parsinomi ve model-tabanlı yaklaşımlar kullanmışlardır. Hormaphidinae'nin ve Nipponaphidini'nin monofiletik olduğu desteklenmiş ama Cerataphidini ve Hormaphidini monofiletik olmadığı belirlenmiştir. *Cerataphidini* içinden *Doraphis* ve *Tsugaphis* cinsleri *Hormaphidini* cinsi içerisine, *Doraphis* cinsi eklenerek yeniden tanımlanmıştır. *Ceratocallis* cinsinin *Ceratoglyphina*'nin junior sinonimi olduğu belirlenmiştir.

Barjadze ve Asanidze (2013), Holoarktik Bölge’de *Vitis vinifera* ve *Salix* spp. köklerinde yaşayan *Pemphigus saliciradicis* (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae) türünün, sadece morfolojik karakterler ile yapılan teşhislerinde aynı tür olduğu ama morfometrik ölçümler ile bu türler arasında konak bitki kimyasal bileşimi ve çevresel durumlara bağlı olarak farklılıklar gösterdiği belirlenmiştir. Holoarktik bölgeden 10 farklı alandan toplanan 50 bireyin, sekiz morfolojik karakteri kullanılarak Temel Bileşenler Analizi (PCA-Principal Component Analysis) ve Kanonikal Ayırım Analizi (CDA- Canonical Discriminant Analysis) ile morfolojik farklılıkları ortaya konulmaya çalışılmıştır. Söğüt ve asma köklerinden toplanan *Pemphigus saliciradicis* bireylerinde morfometrik analizlerde kayda değer farklılıklar belirlenmiştir. Bu türün iki konak irkına veya iki alt türe sahip olduğu ileri sürülmüştür.

Lee ve Lee (2013), afitler içerisinde morfolojik olarak birbirinin neredeyse aynısı olan ve en yoğun bulunan iki cinsi (*Acyrtosiphon* ve *Aulacorthum* (Hemiptera: Aphididae) moleküler ve morfometrik açıdan incelenmiştir. Bu iki cinsin günümüzdeki taksonomisinin geçerliliği araştırılmıştır. COI, COII, srRNA, IrRNA, ve EF1- α olmak üzere beş gen bölgesi çalışılmış ve oluşturulan filogenetik ağaçlar, bu iki cinsin ayırt edici özelliklere sahip olduğu belirlenmiştir. Toplam 19 morfolojik karakterin kullanıldığı Kanonikal Ayırım Analizinde ise bu iki cinsin beş morfolojik karakter (HTB, C, AntIII, HFM ve SIPH) bakımından farklı oldukları belirlenmiştir.

Huang vd. (2012), yüksek oranda konak spesifikliğı gösteren Hormaphidinae alt familyası üyelerinin bazı alt gruplarının taksonomik durumlarının belirlenmesi, bu türler arasındaki filogenetik ilişkiyi yeniden oluşturmak ve konak ile ilişkisinin gelişimini anlamak için nüklear ve mtDNA 880-1105 bp’lik dizileri MP, ML ve Bayesian metotları ile karşılaştırmışlardır. Çalışma sonucunda, Hormaphidinae’nin monofiletik olduğu ve üç tribusunun olduğu, *Hormaphidini* ve *Nipponaphidini* birbirine çok yakın gruplar oldukları ileri sürülmüştür. Tribuslar içerisindeki mevcut ilişkiler tekrar gözlemlenmiş ve yeni akrabalıkları da ortaya konmuştur. *Cerataphidini* tribusuna ait iki alt tribus bu çalışma sonucunda belirlenmiştir.

Jalalizand vd. (2012), İran’ın Isfahan parkında farklı lokalitedeki güller üzerinden toplanmış 135 afit örneğini teşhis etmiştir. Tür teşhisinde morfolojik özellikleri ve mitokondriyal gen bölgeleri kullanmışlardır. Morfolojik analizler sonucu üç farklı tür

teşhis edilmiştir (*Macrosiphum rosae*, *Aphis gossypii* ve *Metopolophium dirhodum*). Mitokondriyal gen dizileri analiz sonucunda ise örnekler dört gruba ayrılmışlardır (*Aphis gossypii*, *Ericaphis scammelli*, *Macrosiphum rosae* ve *Wahlgreniella nervata*). Hidalgo vd. (2012), Kosta Rika’da *Chusquea tomentosa* bitkisini konak olarak kullanan afit türlerinin mtDNA COI, EF1- α gen bölgelerine ve morfolojik özelliklerine göre filogenilerini çalışmışlardır. Bu çalışma sonucunda *Rhopalosiphum* cinsine ait yeni bir tür (*R. chusqueae*) tanımlanmıştır.

Naaum vd. (2014), Real Time PCR’in afitlerin tanımlamasında kullanışlı olup olmadığını araştırmışlardır. Özellikle afitlerde, DNA barkodlama çalışmalarında Real Time PCR uygulamaları tanımlamalarda daha hızlı, kesin sonuçlar vermesi ve basit olmasıyla kullanışlı olduğu belirlenmiştir.

Huang vd. (2014), *Cervaphis quercus* türünde tüm mitokondriyal genomu çalışmışlardır. Tüm mitokondriyal genomun 15.272 bp uzunluğunda olduğu belirlenmiştir. Nükleotit bileşimi yüksek oranda A+T bazlarından oluştuğu belirlenmiştir. Diğer afit türlerinin mt-genomları ile karşılaştırıldığında, daha korunmuş gen bölgelerinin olduğu ve bununla beraber farklı afit alt familyalarındaki türlerde tekrar bölgelerinin değiştiği gözlenmiş bunun da bağımsız evrimsel olgulardan olabileceğini belirlemişlerdir.

Lassaad vd. (2012), Tunus ve diğer Akdeniz bölgelerinden 34 koloniden toplanan yaklaşık 100 *Pterochloroides persicae* afit türünün kısmi mtCOI ve nüklear dizilerini çalışmışlardır. Mitokondriyal lokuslardan elde edilen değişkenlik, tek bir nükleotit farkı ile çalışılan bölgede iki ana haplotipin varlığını ortaya çıkarmışlardır. Nüklear gen analizlerinin bu türde hiçbir farklılık ortaya çıkarmadığını tespit etmişlerdir.

Papasotiropoulos vd. (2013), COI ve 12S rRNA gen bölgelerini kullanarak belirli çoğunluğu Aphidinae alt familyasından olan ve Chaitophorinae, Lachninae, Claphidinae ve Erisomatinae alt familyalarına ait afit türleri arasındaki filogenetik ilişkileri açıklamaya çalışmışlardır. Bu türler içerisinde genetik uzaklığı % 1.3-15.7 arasında olan *Cinara tujaefilina*’nın (Lach) en farklı tür olduğunu belirlemişlerdir. Filogenetik ağaçlar ve Maksimum Parsinomi analizleri de benzer topolojiler göstermiştir. Oluşturulan ağaçlarda *C. tujaefilina* en alt grupta yer aldığından, bu türün Lachninae alt

familyasından en erken ayrılan tür olduğunu belirlemişlerdir. *Aphidini* tribusunda Aphidinae türlerinin monofiletik olduğu gözlenmiştir. Buna rağmen *Rhopalosiphum* türlerinin monofilik durumu çözümlenememiştir.

Margaritopoulos vd. (2006), farklı konak bitkiler üzerinden beslenip farklı yaşam formlarına sahip olan *A. gossypii* türünün tahıllar ve kültüre edilmemiş bitkiler üzerinden beslenen örneklerinin morfometrik varyasyonunun afitin orijinlendiği konaktan kaynaklanıp kaynaklanmadığını belirlemek için yaklaşık 1000 birey üzerinde 13 parametre ile morfometrik ölçümler yapmışlardır. Çeşitli kanonik varyete testleri uygulanmıştır. Analizler sonucunda, Asteraceae familyasından orjinlenen afitlerin belirgin bir şekilde diğerlerinden ayrıldığı gözlenmiştir. *A. gossypii* türleri arasında iki konak ırkı veya alttür bulunduğu (farklı bitki familyaları üzerinden beslenenlerde) belirlenmiştir.

Footit vd. (2010), muz, zencefilgiller (Zingiberaceae) ve gelinçeğigiller (Araceae) familyaları üzerinden toplanan *Pentolonia nigronervosa* afit türünün incelenen mtCOI ve nükleer EF1- α gen dizilerinde belirgin farklılıklar gözlenmiştir. Ayrıca morfometrik farklılıklar da belirlemişlerdir (Distal rostral segment). Bu nedenle muzla beslenen türlerin tür adı *P. nigra* diğer bitkiler üzerinden beslenenler de *P. caladii* olarak kalması gerektiği belirlenmiştir.

Zhang vd. (2013), Çin'de *Isodon eriocalyx* bitkisi üzerinden topladıkları afit örneklerinin morfolojik karakterleri ile yaptıkları teşhislerde yeni bir afit cinsi (*Nigritergaphis* gen. n.) ve yeni bir afit türü (*N. crassisetosa* sp.n.) tespit etmişlerdir. Çalışmalarında çeşitli morfolojik karakterler kullanmışlardır.

Jiang vd. (2011), morfolojik çalışmalar sonucunda bambu (*Indocalamus tessellatus*) üzerinden beslenen *Chucallis* cinsine ait yeni bir afit türü (*Chucallis latusigladius* Qiao, Jiang ve Chen, sp. n.) tespit etmişlerdir. Bu türün abdomen tergiti'nin (ABD IV) üzerinde diğer türlere oranla daha geniş kenar çıkıntılarının bulunmasıyla farklılık gösterdiğini belirtmişlerdir.

Rebijith vd. (2013), Güney Hindistan'da mtCOI barkodlama geni kullanılarak 32 afit türüne ait 142 bireyin genetik farklılıklarını belirlemeye çalışmışlardır. Ayrıca konağa

bağlı genetik formların ve kriptik türlerin varlığı da tespit etmeye çalışılmıştır. Dizi analizleri sonucunda tür içi ve türler arası mesafeleri % 0-3.8 ve % 2.31-18.9 olarak belirlemişlerdir. Buna ek olarak bu çalışma da ilk defa üç kriptik türün (*Brevicoryne brassica*, *Brachycaudus helichrysi*, *Hyperomyzus carduellinus*) varlığını göstermişlerdir. Bu çalışma ile DNA barkodlamanın afit türlerini tanımlamada kesin ve etkili bir metod olduğu, pestlerle mücadele stratejileri ve biyolojik kontrol çalışmalarında kullanılabilirliğini desteklemişlerdir.

Nibouche vd. (2014), *Melanaphis sacchari* türünün populasyon yapısının ve genetik çeşitliliğinin lokalite ve konağa bağlı olarak değişim gösterip göstermediğini araştırmışlardır. 15 ülkeden (42 istasyon) beş konak üzerinden (şeker kamışı, darı, üç yabani veya kültürü yapılan süpürge darısı) toplanan 57 afit örneği ile çalışmışlardır. Bu çalışma sonucunda beş multilokus soy hattı (MLL) tanımlanmış, gruplaşmış multilokus genotip az bir mutasyon veya skorlama hatasından farklılık gösterdiği belirlenmiştir. 96 birey üzerinden yapılan mtCOI geninin 658 bç'lik dizi analizi sonucu beş haplotip ortaya çıkartılmış, ortalama uzaklığın % 19 olduğu ve multilokus dallanmalarının dağılımı yoğun olarak coğrafyadan etkilendiğini, konaktan etkilenmediğini belirlemişlerdir. Böyle geniş bir coğrafik alanda yaptıkları bu çalışmada, *M. sacchari* afitinin afitler arasında en düşük genetik çeşitlilik gösteren gruplardan biri olduğunu belirlemişlerdir.

Afitlerin plesiomorfik karakterlere sahip olan alt familyalarının çoğu konifer konakları üzerinden beslenen türlerden oluşmaktadır. Aphididae familyası üyeleri yaşayan, kardeş familyasından biri olan Adelgidae de olduğu gibi fosillerden elde edilen filogenetik kanıtlar, atasal afit türleri konaklarının Gymnospermler olduğunu göstermektedir (Shaposhnikov, 1980; Heie, 1987; Shaposhnikov, 1987). Ancak kardeş grup karakterleri, kendi başına grup içinde atasal durum hakkında ve günümüzde var olan afit türlerinin koniferler üzerinden beslenmeleriyle ilgili bilgi vermemektedir (Crisp ve Cook, 2005). Son zamanlarda yapılan birçok filogenetik hipotezler Lachninae'yi günümüzde var olan afitlerin kardeşi olarak göstermiştir (Von Dohlen ve Moran, 2000; Ortiz-Rivaz vd., 2004; Ortiz – Rivaz ve Martinez Torres, 2010).

Lachninae afitleri özellikle konifer konakları üzerindeki dağılımları ile ilginç bir grup olduğu ileri sürülmektedir. 400 Lachninae türünün yarısından fazlası tek bir cins olan

Cinara cinsine mensup türlerden oluştuğu bilinmektedir (246 tür) ve bu türler özellikle koniferlerin Pinaceae ve Cupressaceae familyalarının üyelerini konak olarak kullanılabilir (Blackman ve Eastop, 2016).

Cinara (Aphididae: Lachninae) cinsi afitlerin en çok türe sahip cinslerinden biridir (Favret, 2004b). *Cinara* türleri yaklaşık 50 milyon yıl önce Asya'dan orijinlenmişlerdir. Angiospermae türleri üzerinden beslenen ataları daha sonra konifere göç ederek konak değişimi göstermişlerdir (Meseguer, 2015). Aphididae familyası içinde bu türler monofiletik türlerdir (Heie, 1987; Normark, 2000). Bu türün dar bir konak aralığı bulunur. *Cinara* türleri morfolojik ve biyolojik olarak benzer karakterlere sahiptirler. Ancak bu türlerin ayırımında sahip oldukları morfolojik benzerlikler problem yaratmaktadır (Favret, 2004a).

Cinara cinsine mensup afitler çoğunlukla Pinaceae ve Cupressaceae familyasındaki bitki türlerinin yaprak ve odunsu kısımlarından beslenerek, zarar oluşturmaktadırlar. *Cinara* türleri, konak bitki üzerinde kalıcı zararlar oluştururlar. Sararma ve kurumalara neden olarak bu türlerin yok olmasına neden olabilmektedir (Blackman ve Eastop, 2016).

Tez çalışmasının materyali olan *Cinara* spp. farklı konaklar üzerinde beslenebilmekte ve morfolojik olarak birbirine benzer türlerden oluşmakta ve teşhis anahtarlarına göre küçük morfolojik farklılıklara göre birbirinden ayrılmaktadırlar. Bu nedenle taksonomik durumları karmaşıktır (Favret and Voegtlin, 2004a,b).

Bu çalışmada; ülkemizde daha önce üzerinde morfometrik ve moleküler bir çalışma yapılmamış olan, Dünya'da 246 tür, Türkiye'de ise 28 tür ile temsil edilen, Cupressaceae ve Pinaceae familyasına ait bitki türleri üzerinde zarar oluşturan, sahip oldukları bazı morfolojik karakter ile (tüy, vücut uzunluğu) birbirinden taksonomik çalışmalar ile ayrılmış *Cinara* Curtis, 1835 cinsine ait türlerde, İç Batı Anadolu bölgesinde ve Niğde ilinde konağa, lokaliteye ve mikroklimatik nedenlere bağlı olarak oluşabilecek morfolojik, morfometrik ve genetik farklılıklarının araştırılması, mitokondriyal DNA sitokrom oksidaz I kısmi gen dizilerinin (COI gen bölgesi) elde edilmesi, tür içi ve türler arası genetik uzaklığın belirlenmesi ve Gen Bankası'ndan elde edilen Dünya üzerinde farklı bölgelerde dağılım gösteren taksonlarının gen dizileri ile karşılaştırılması, benzerliklerinin ve farklılıklarının ortaya konulması amaçlanmıştır.

BÖLÜM II

GENEL BİLGİLER

2.1 Afit Sistematığı

Afitler, Insecta sınıfının Hemiptera takımının Sternorrhyncha alt takımında Aphidoidea üst familyası içerisinde yer alırlar. Bu üst familya; 3 familya, 26 altfamilya, 22 tribus, 8 alttribus ve 510 cins içermektedir. Bugüne kadar afitlerle ilgili, 300 bitki familyasına ait çok sayıda bitki türü kaydedilmiştir (Blackman ve Eastop, 2016).

Aphidoidea üst familyası Phylloxeridae, Adelgidae ve Aphididae olmak üzere üç familya ile temsil edilmektedir (Blackman ve Eastop, 2016). Bazı afit taksonomistleri Adelgidae ve Phylloxeridae familyalarını, Aphidoidea üstfamilyasından ayırarak kendi üstfamilyaları içerisinde değerlendirmektedir (Çizelge 2.1.) (Heie ve Wegierek, 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

Çizelge 2.1. Aphidoidea üst familyasının kategorik listesi (Blackman ve Eastop, 2016)

Heie ve Wegierek,2009	Blackman ve Eastop, 2016 Remaudière ve Remaudière, 1997
ADELGOIDEA	APHIDOIDEA
PHYLLOXEROIDEA	Adelgidae
APHIDOIDEA	Phylloxeridae
Eriosomatidae	Aphididae
Eriosomatinae	Eriosomatinae
Pemphiginae + Prociphilinae	Eriosomatini
Fordinae	Pemphigini
Hormaphididae	Fordini
Cerataphidinae	Hormaphidinae
Hormaphidinae	Cerataphidini
Nipponaphidinae	Hormaphidini
Phloeomyzidae	Nipponaphidini
Thelaxidae	Phloeomyzinae
Anoeciidae	Thelaxinae
Aiceonidae	Anoeciinae
Tamaliidae	Aiceoninae
Drepanosiphidae	Tamaliinae
Mindarinae	Mindarinae
Drepanosiphinae	Drepanosiphinae
Neophyllaphidinae	Neophyllaphidinae
Spicaphidinae	Spicaphidinae
Lizeriinae	Lizeriinae
Pterastheniinae	Pterastheniinae
Israelaphidinae	Israelaphidinae
Taiwanaphidinae	Taiwanaphidinae
Phyllaphidinae	Phyllaphidinae
Calaphidinae	Calaphidinae
Saltusaphidinae	Saltusaphidinae
Macropodaphidini	Macropodaphidinae
Chaitophorinae	Chaitophorinae
Chaitophorini	Chaitophorini
Siphini	Siphini
Greenideidae	Greenideinae
Greenideinae	Greenideini
Cervaphidinae	Cervaphidini
Schoutedeniinae	Schoutedeniini
Aphididae	Aphidinae
Aphidinae	Aphidini
Rhopalosiphini	Rhopalosiphina
Aphidini	Aphidina
Macrosiphinae	Macrosiphini (incl. former Pterocommatinae)
Lachnidae	Lachninae
Lachninae (incl. Tramini)	Lachnini
Eulachninae	Eulachnini
	Tramini

Taksonomik kategorilerindeki ve afit alt familyalarının sayısındaki anlaşmazlıklar, afit taksonomistleri ve diğer arařtırmacılar için sorunlar oluřturmaktadır. Weiczorek (2009) tarafından familya düzeyinde gösterilen taksonların bazıları, Blackman ve Eastop (2016) tarafından altfamilya kategorisinde kabul edilmektedir. Günümüzde afit arařtırmacıları tarafından dünyada en fazla kabul gören sınıflandırma řekli, Blackman ve Eastop (2016) ile Remaudière ve Remaudière (1997)'ye göre olup bu sınıflandırma yukarıda (Çizelge 2.1.) verildiđi gibidir. Afit türlerinin çođu, Aphididae familyası içerisinde yer almaktadır. Aphididae'nin tür sayısı bakımından en büyük alt familyası, Aphidinae'dir. Aphidinae'yi sırasıyla Drepanosiphinae ve Lachninae izler (Blackman ve Eastop, 2016).

2.2 Afitlerin Genel Özellikleri

Hayvanlar aleminin en etkileyici sınıfı olan böcekler içerisinde, fenotipik plastisite, döngüsel partenogenez, teleskopik nesil oluřturma gibi özellikler nedeniyle biyoekolojik model organizma olarak deđerlendirilmeleri ve morfolojik çeřitlilikleriyle afitler, tanımlanmış yaklaşık 5000 türü ile fitofag organizmaların en ilginç gruplarından biridir.

Sahip oldukları döngüsel partenogenez ve her yıl yüksek oranda verdikleri yeni nesiller ile neredeyse tüm bitki türlerini yoğun olarak istila edebilirler. Geliřimlerinin kısa sürede olması (yedi gün) ve rüzgar ile kolaylıkla taşınabilmesi gibi özellikleri nedeniyle, kanatlı formları geniş alanlara hızla yayılabilir (Binazzi ve Scheurer, 2009).

Afitler fitofag (bitki üzerinden beslenen) böceklerdir ve beslendiđi bitkinin floeminden özsuyu çekerken bitki dokularına kendi salgılarını iletirler. Bu salgılar bazen fitopatogenik maddeler veya virüsler taşıyabilir. Bitkilerde floem özsuları řekerce zengindir (örn. sukroz, glikoz, früktoz, mannose) bununla beraber nitrojen veya aminoasit (asparajin asit, glutamin asit, histidin, leucin) ve ikincil bitki metabolitleri (organik asit, vitamin ve mikro elementler) az miktarda bulunur. řeker ve amino asitler, afitin büyüme ve geliřimi için ana besin kaynaklarıdır. Bu nedenle afit yeterli besini alabilmek için bol miktarda bitki özsuyu çeker ve fazla gelen řekeri balsı madde olarak dıřarı atar (Binazzi ve Scheurer, 2009). Bu balsı maddeyi karıncalar besin kaynađı

olarak kullanırken, afitleri de doğal düşmanlarına özellikle de uğur böceklerine karşı koruyarak aralarında mutualistik bir ilişkinin ortaya çıkmasına neden olurlar.

Afitlerin salgıladıkları balsı maddeler, üzerinde yoğun isli küf mantarı geliştiğinde bitkiyi enfekte ederek zarar oluşturabilir. Bu yüzey üzerinde mantarlaşmış doku oluşumuna neden olur ve bitkinin yeşil kısımlarında fotosentezi engelleyerek bitkinin zarar görmesine neden olurlar (Binazzi ve Scheurer, 2009).

2.2.1 *Cinara* (Aphidoidea: Lachninae) cinsinin genel özellikleri

Cinara, Aphididae familyası içerisinde yer alan en çok türe sahip cinslerden biridir. Bu cinsin sistematığı özetlenmiştir (Çizelge 2.2.).

Çizelge 2.2. *Cinara* cinsinin sistematığı (Binazzi ve Scheurer, 2009)

KATEGORİ	TAXON
Phylum	ARTHROPODA
Classis	INSECTA
Ordo	HEMIPTERA
Subordo	HOMOPTERA
Sectio	STERNORRHYNCHA
Superfamilia	APHIDOIDEA
Familia	Aphididae Latreille, 1802
Subfamilia	Lachninae
Tribus	<i>Eulachnini</i>
Alttribus	Cinarina
Cins	<i>Cinara</i> Curtis, 1835
Tür	<i>Cinara cedri</i> Mimeur, 1936

Pinaceae ve Coniferaceae familyalarındaki konifer türlerine yüksek oranda adaptasyon gösterirler. Bu türlerin tamamı konak değişimi olmaksızın konaklarının kök, gövde, dal, sürgün ve yaprakları üzerinden beslenirler. *Cinara* cinsi içerisinde iki alt cins (*Cedrobium* ve *Cupressobium*) bulunmaktadır. Yaklaşık 200 tanımlanmış türü bulunur, bunlardan 150 tür Kuzey Amerika'da doğal yayılış gösterirken 30 tür Avrupa ve

Akdeniz’de ve 25 tür de Uzak Doğu’da doğal yayılış göstermektedir (Blackman ve Eastop, 2016).

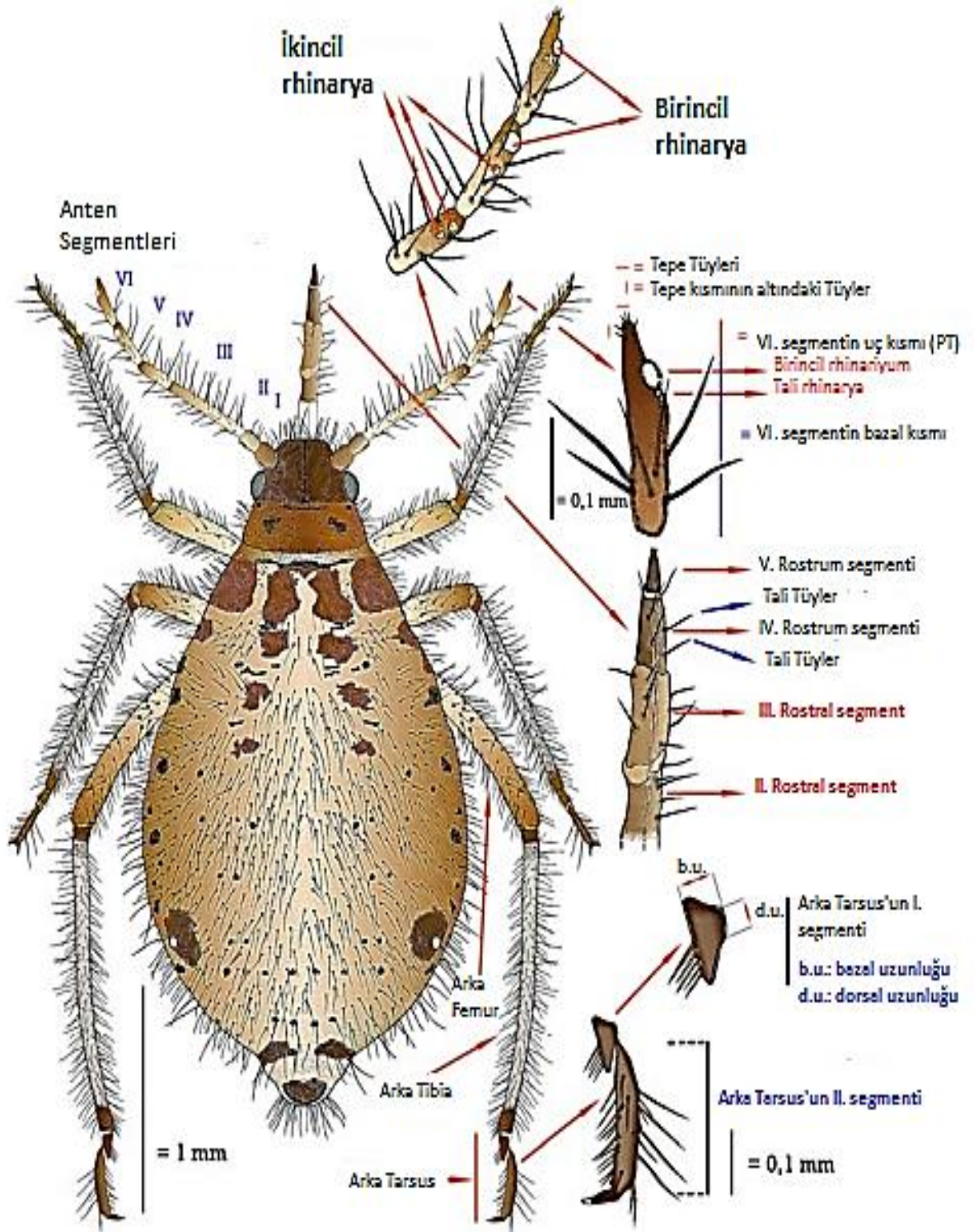
Cinara türleri, diğer bazı afit gruplarında gözlemlendiği gibi konakları üzerinde, beslendikleri alanlara göre özelleşmiş karakterlere sahiptirler. Konak bitkinin dış yüzeyinin (kabuk) kalınlığına göre daha uzun rostruma sahip olmaları gibi. (Favret ve Voegtlin, 2004a; Durak vd., 2014). Coğrafik izolasyon bu cinsin türleşme sürecinde önemli bir faktördür (Jousselin vd., 2013; Meseguer vd., 2015).

2.3 Afitlerin Morfolojik Kısımları - *Cinara* Türlerinin Morfolojik Özellikleri

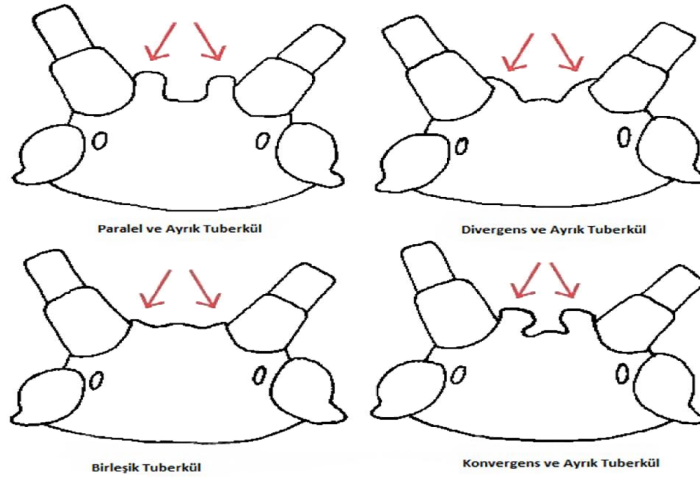
Afitlerin vücut boyutları, 1-7.8 mm arasında değişmektedir. Vücut, 18 segmente ayrılır, bu segmentlerden altı tanesi baş, üç tanesi gövde (ön, orta ve arka) ve dokuz tanesi de karın kısmını oluşturur. Segmentler arası yapılar, dorsal’den az veya çok görünebilir ve bazen az veya çok, nokta şeklinde veya yayılmış halde olup, ventral kalınlaşma ve pigmentasyon bulunabilir. Afit vücudunda birçok uzantı bulunur. Baş üzerinde genellikle altı segmentli anten ve ağız parçaları bulunurken, thorax (gövde) üzerinde meso ve metattorakik kanatlar ve üç çift bacak bulunur. Abdomen’de beşinci tergite (segment) üzerinde sifunkuli ve son segment üzerinde (distal ucu) kuyruk bulunur. Afitlerin vücudu üzerinde çok farklı sayıda tüy bulunur ve segmentler üzerinden çıkan tuberküller ile çevrelenmiştir (Şekil 2.1.). Ayrıca mumsu madde salgılayan bezler de bulunabilir. Dünya’daki konifer afitlerinin çoğu *Eulachnini* (Aphididae; Lachninae) tribusundandır. Bu tribustaki afitlerin vücutları *Cinarina* alttribusundaki gibi, oval veya armut şeklinde veya *Eulachnia* alt tribusundaki gibi ince, uzatılmış şekillerdedir (Şekil 2.1.). Vücut renkleri, bronz, koyukahve veya üzerlerindeki az veya yoğun mumsu tozdan dolayı açık turuncu, grimsi mavi tonlardadır (Binazzi ve Scheurer, 2009).

2.3.1 Baş

Afitlerde baş, küçük boyutlardadır. Baş üzerindeki tuberküller, türlere göre farklılık gösterebilir. Thoraks ve baş genellikle ayrı olmakla beraber bazı türlerde birleşik (Şekil 2.2.) olabilir. Baş üzerinde rostrum (probosis-hortum), gözler, bir çift de anten bulunur (Binazzi ve Scheurer, 2009). *Cinara* cinsine ait afit türlerinde baş üzerinde çıkıntı şeklinde tuberküller bulunmazken, birleşik tuberkül bulunmaktadır.



Şekil 2.1. Kanatsız *Cinara* türünün morfolojik kısımları (Binazzi ve Scheurer, 2009)



Şekil 2.2. Afidlerde baş ve tüberkül yapıları (Berlandier, 2016)

2.3.1.1 Anten

Afitlerde anten çeşitli şekillerde olmaktadır. Anten segment sayısı, III-VI arasında değişir. Segmentler üzerinde birincil ve ikincil rhinaria (duyargaç) denilen duyu organları vardır. Bunların sayısı, büyüklüğü ve konumu da özellikle kanatlı bireylerin ayırımında önemli rol oynamaktadır. Anten üzerindeki tüylerin uzunluğu ve şekli de tanımlamada kullanılmaktadır. Son anten segmenti (VI. segment), geniş bir bazal kısım (BASE) ile dar terminal kısımdan (PT) oluşmaktadır (Şekil 2.3.). Bu son segmentin uç kısmının tabanına oranı, sınıflandırmada en çok kullanılan karakterlerden biridir (Blackman ve Eastop, 2006).



Şekil 2.3. *Cinara confinis* türüne ait anten segmentleri (1-6 segment) (Aphidnet, 2016)

2.3.1.2 Rostrum (Hortum)

Afitin bitki özsuğunu emmek için kullandığı rostrumun (hortum) uzunluğu ve şekli, türe özgüdür ve beslendiği bitkiye göre değişiklik göstermektedir. Vücut, boyundan uzun ya da kısa olabilir ve genellikle beş segmentlidir (Şekil 2.4.). Afidlerin teşhisinde rostrum

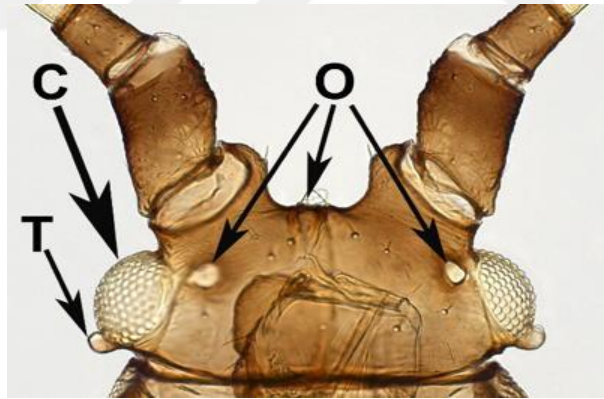
IV+V segmentlerin uzunluęu ve rostrumun son segmenti üzerindeki birincil ve ikincil tylerin sayısı da sıklıkla kullanılmaktadır (Blackman ve Eastop, 2006).



Şekil 2.4. *Cinara pini* türnn rostrum IV+V segmentleri

2.3.1.3 Gzler

Afit trlerinin çoęunda çok sayıda ommatidiumdan oluřmuř iyi geliřmiř bileřik gzlere ve az sayıda trde de ç fasetli (triommatidium) gzler bulunmaktadır (Şekil 2.5.). (Blackman ve Eastop, 2006).



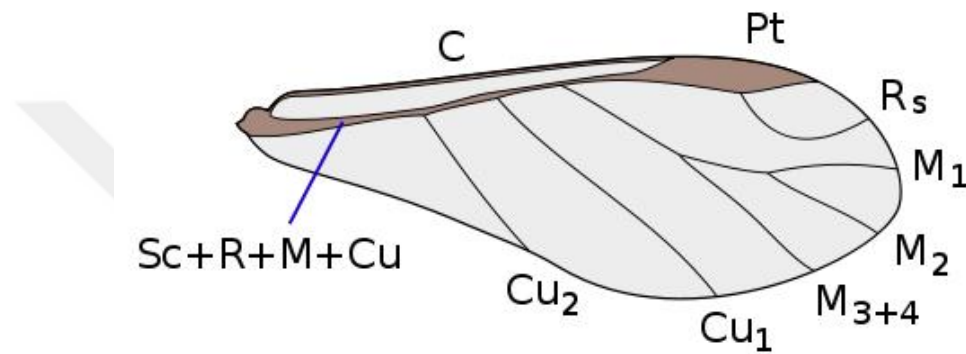
Şekil 2.5. Afitlerdeki bileřik (C), triommatidium (T) ve ocel (O) gzlerin grnm (Aphidnet, 2016)

2.3.2 Thoraks (Gęs)

Thoraks kanatlı afitlerde abdomenden ayrılmıř olup, kanatsız afitlerde abdomene birleřmiř gibidir. Thoraks, ç segmentlidir. Protoraks, mesotoraks ve metatoraks kısımlarından oluřmakta olup protoraks ve mesotoraks daha belirgin olarak ayırt edilmektedir. Bazı afit trlerinin thoraks ve abdomen segmentlerinde koyu lekeler vardır (Blackman ve Eastop, 2006).

2.3.2.1 Kanatlar

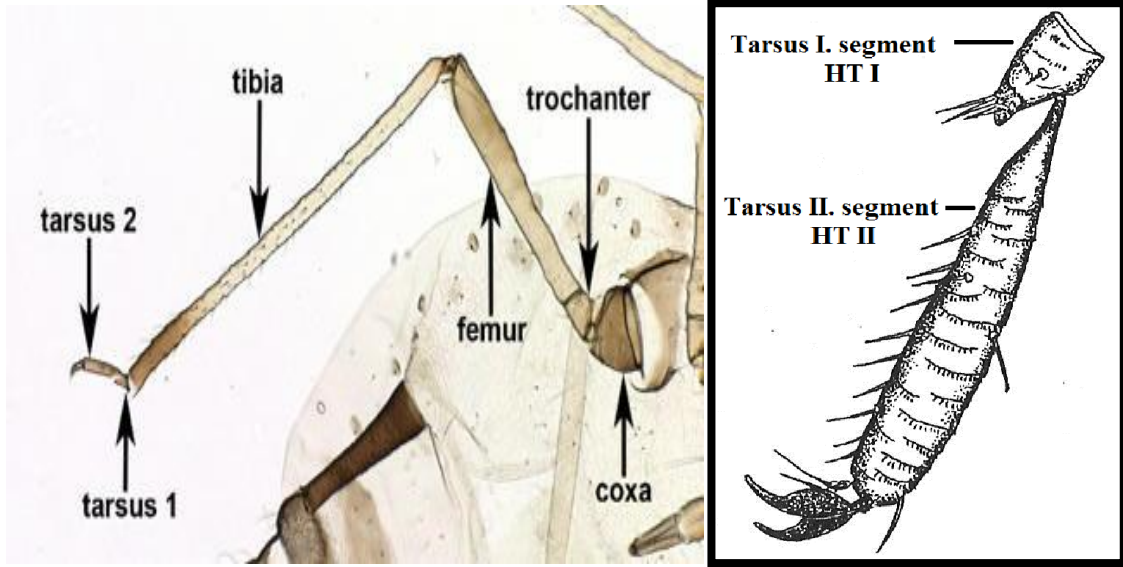
Kanatlar, ön ve arka olmak üzere iki parçadan oluşmaktadır. Ön kanat, arka kanattan daha geniştir. İki çift olan kanatlar, ince, şeffaf ve az damarlıdır. Ön kanatta biri belirgin diğeri zayıf görünümlü iki büyük boyuna damar vardır. Ön kanadın üst kenarında pterostigma denen koyu renkli kalın bir hücre bulunmaktadır. Arka kanat, daha küçük ve az damarlıdır (Şekil 2.6.). Arka kanatta, uçuş sırasında ön ve arka kanatları bir arada tutan humuli denilen bir çengel bulunmaktadır (Blackman ve Eastop, 2006).



Şekil 2.6. Kanatlı vivipar bir afitin kanat damarlanmaları (C; Ön kanadın kostal kenarı, Pt; Pterostigma, Rs; M_{1,2,3,4}; orta damarlar, Cu₁;Cu₂; Sc+R+M+Cu; (Tofilski, 2015))

2.3.2.2 Bacaklar

Thoraks'ta (gövde) üç çift yürüme bacağı bulunur. Afitlerin konak bitki üzerindeki hareketlerinde ve beslenmesinde bacak segmentlerinin yapısı önemlidir. Bitki üzerinde tüylerin uzunluğuna bağlı olarak bacak uzunluğunda farklılıklar görülmektedir. Arka bacaklar genellikle uzundur. Çünkü büyük ve ağır olan abdomeni taşımak zorundadır. Ön bacaklar, yürümenin yanı sıra beslenme sonrasında stiletler geriye çekilirken bitkiyi itmek ve tehlikeli durumlarda bitki üzerinden kaçmak için kullanılırlar. Arka bacak tarsusu, genellikle iki segmentlidir. Bitkiye tutunmada tarsusun son segmentinin önemi vardır. II. segment (HT II), I. segmentten (HT I) oldukça uzun ve güvenilir bir taksonomik karakterdir (Şekil 2.7.). Arka bacak femur ve tibia uzunluğu ile üzerlerinde kılların bulunup bulunmaması gibi özellikler afit teşhisinde kullanılan karakterlerdir (Blackman ve Eastop, 2006).



Şekil 2.7. Afit arka bacağı ve tarsus'un segmentlerinin görünümü (Blackman ve Eastop, 2006)

2.3.3 Abdomen (Karın)

Abdomen (karın), sekiz segmentten oluşur. Dokuzuncu segment kuyruk ve anal plağa dönüşmüştür. Kanatsız bireylerin abdomenleri, kanatlı bireylerinkinden daha küçüktür. Abdomenin beşinci segmentinin dorsal kısmında bir çift sifunkuli ya da kornikulus adı verilen türe özgü yapılar bulunur. Abdomenin en son segmentinde anüsün hemen üzerinde kuyruk (kauda) yer alır (Blackman ve Eastop, 2006).

2.3.3.1 Sifunkuli

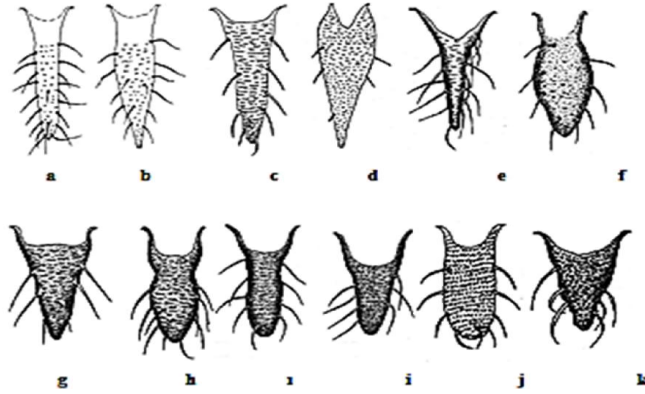
Sifunkuli, bütün afit türlerinde farklı şekillerde ve boyutlarda bulunabilir (Şekil 2.8.). Afitler, avcılar tarafından rahatsız edildiklerinde sifunkulilerinin ucundan mum içerikli, avcının ağzını yapıştırmayı sağlayan madde salgırlar. Sifunkulilerden alarm feromonları salgılanarak tehlikenin diğer bireylere bildirilmesi de sağlanır (Blackman ve Eastop, 2006).



Şekil 2.8. Bazı Sifunkuli fomları (Blackman ve Eastop, 2006)

2.3.3.2 Kauda (Kuyruk)

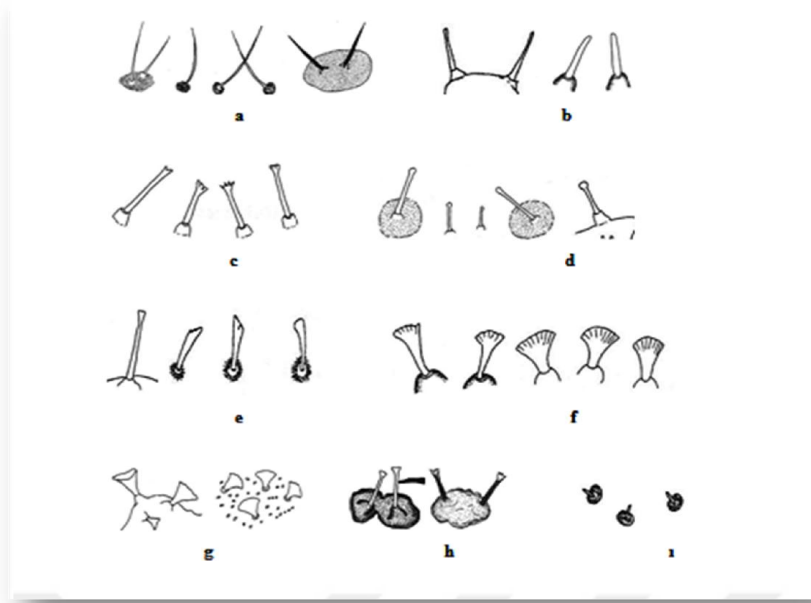
Abdomenin en son segmentinde, anüsün hemen üzerinde kauda (kuyruk) yer alır. Afit türlerine göre farklı büyüklük ve şekillerdedir. Kuyruk, genel olarak dil, üçgen, boğumlu, miğfer bazen de yuvarlak şekillerde olabilir (Şekil 2.9.). Kuyruğun şekli ve üzerinde bulunan tüylerin sayısı, sifunkuliye olan oranı ve bazen rengi afitleri sınıflandırmada önemlidir. Karışık bir afit kolonisinde bireylerin ergin olup olmadığını anlamamanın en iyi yolu belirgin bir kuyruğun olup olmadığına bakılmasıdır (Blackman ve Eastop, 2006).



Şekil 2.9. Kuyruk şekilleri; (a-k) parmak veya dil (Blackman ve Eastop, 2006)

2.3.3.3 Tüyler

Afitlerin vücutları üzerinde farklı form ve büyüklüklerde tüyler bulunmaktadır (Şekil 2.10.). Bu morfolojik yapılar, türe göre farklılık göstermekte ve teşhislerde önemlidir (Blackman ve Eastop, 2006).

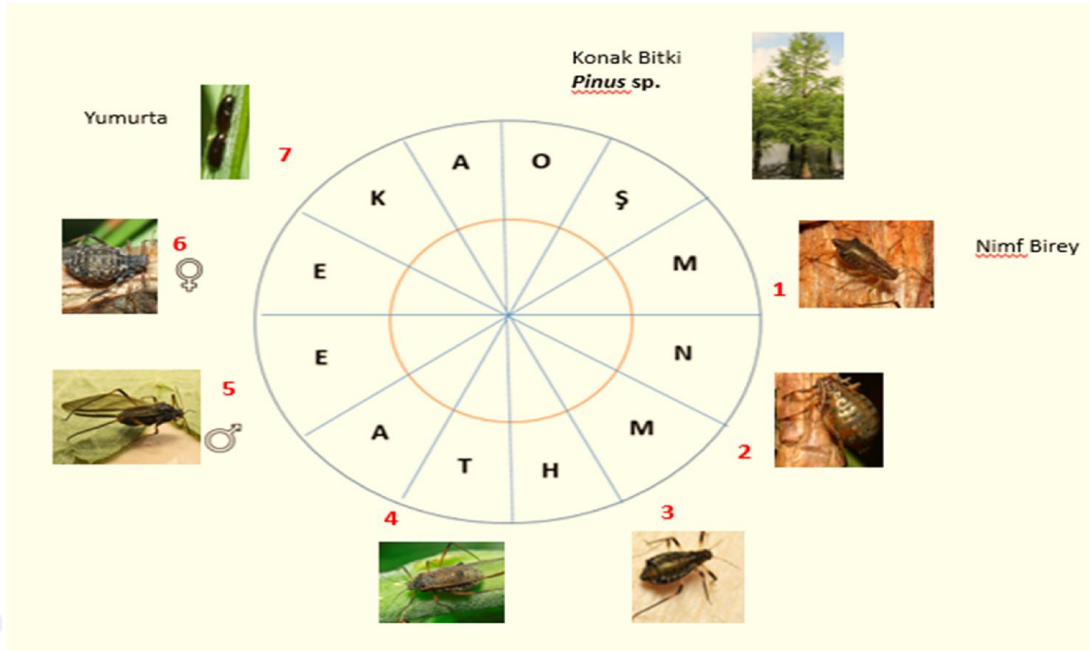


Şekil 2.10. Tüy çeşitleri; Sivri uçlu (a), küt uçlu (b), dallanmış uçlu (c), şişkin uçlu (d), spatül uçlu (e), yelpaze şekilli (f), mantar şekilli (g), tuberkül tabanları birleşmiş (h) ve kısa küt uçlu (i) tüyler (Blackman ve Eastop, 2006)

2.4 Afitlerin Genel Biyolojileri

Afitler, evrimsel ve ekolojik çalışmalarda sahip oldukları biyolojik özellikleri sayesinde (polifenizm, konak değişimi ve eşeyli ve eşeysiz üreme yetenekleri) önemli bir model organizma olmaktadır (Dixon, 1998).

Afitlerin konak bitkilerine spesifik oldukları bilinmektedir. Bunun yanında, afit türlerinin % 10'u konak bitki değişimi göstermektedir. Konak bitki değişimi, birbirine uzak olan konak bitkiler arasında gerçekleştirilen düzenli bir göçtür. Bu konaklardan biri eşeyli üreme için kullanılan birincil konak, diğeri ise üzerinde sadece partenogenetik formların bulunduğu ikincil konaktır (Şekil 2.11.). Birincil konak afit türlerinin sonbahar, kış ve ilkbahar mevsimlerini üzerinde geçirdikleri odunsu konaklarıdır. İkincil konak ise yaz mevsiminin üzerinde geçirildiği otsu konaklarıdır (Blackman ve Eastop, 2006).



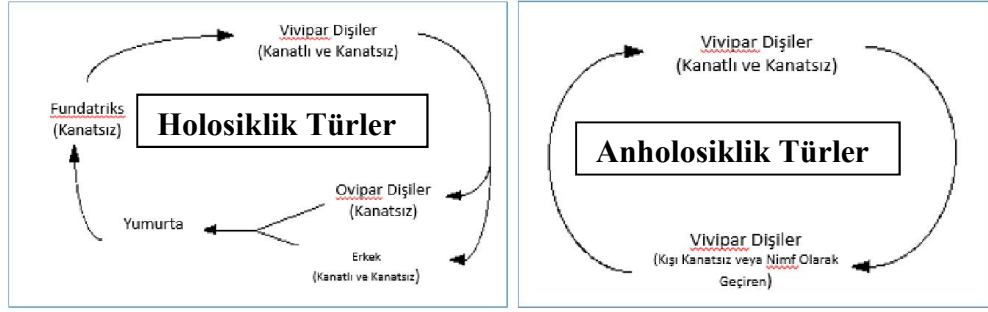
Şekil 2.11 *Cinara* sp. türünün *Pinus* sp. üzerindeki 1 yıllık yaşam döngüsü; (1) Yumurtadan çıkan ilk ergin olmayan bireyler (2) Sürgün üzerinden beslenen erginleşen bireyler (3) Kanatsız vivipar büyük koloniler (4) Kanatlı Bireyler (5) Bazı kanatlı *Cinara* türlerinde gözlenen küçük dal ve sürgünlerin Kabukları üzerinde gelişen bireyler, Kanatlı erkek bireyler (6) Kanatsız Oviparlar (7) yapraklar üzerinde parlak siyah yumurtalar (Shingleton, 2015)

Afitler çeşitli yaşam döngülerine sahiptir. Her bir yaşam döngüsü, bir ya da daha fazla formla karakterize edilen aşamalardan oluşmaktadır. Yaşam döngüsü içerisinde partenogenetik üreme fazı ile eşeyli üreme fazının her ikisinde görülüyorsa bu durum holosiklik yaşam döngüsü olarak adlandırılır. Bu afitler eşeyli üreme gerçekleştirdikten sonra mutlaka partenogenetik üreme fazına geçerler. Yaşam döngüsü yıl boyunca sadece partenogenetik üreme fazından oluşuyorsa bu durum anholosiklik yaşam döngüsü olarak adlandırılır (Şekil 2.12.).

Yaşam döngüleri belirtilirken üreme şekilleri ve konak bitki değişimleri dikkate alınır. Bu çerçevede afitlerin dört tip yaşam döngüsüne sahip oldukları belirlenmiştir (Williams ve Dixon, 2007). Bunlar:

Monoecious holocyclic: Konak bitki değişimi göstermezler ve aynı konak üzerinde eşeyli ve eşeysiz üreme safhalarını gerçekleştirirler. *Monoecious holocyclic*: Konak bitki değişimi göstermezler ve eşeyli üreme fazını da kaybetmişlerdir. *Heteroecious holocyclic*: Konak değişimi gösterirler ve birinci konak eşeyli üreme safhasını, ikincil konak üzerinde ise eşeysiz üreme safhasını gerçekleştirirler. *Heteroecious holocyclic*:

Konak bitki deęiřimi göstermelerine raęmen eřeyli üreme fazını göstermedikleri yařam döngüsüdür.



Şekil 2.12. Afiflerde yařam döngüleri (Stem, 2015)

Afifler, sahip oldukları üreme ve çoęalma stratejisi ile kendilerine büyük avantajlar sağlamaktadırlar. Bu özelliklerinden birisi, döngüsel partenogenez göstermeleridir. Eřeyli ve eřeysiz üreme fazlarının birbirini takip etmesi olayına döngüsel partenogenez olarak adlandırılır. Bu sayede kendileri açısından olumsuz çevre kořullarının olduęu dönemlerde eřeyli üreme fazına geçerek olumsuz mevsimi yumurta halinde geçirirler, böylece hem olumsuz kořullardan korunurken hem de tür içi genetik çeřitlilięi sağlamış olmaktadır. Çevresel kořullar uygun olmaya bařladıęında (sıcaklık, gün ışığı süresi, konak bitkinin besin durumu vb.) kışlayan yumurtadan ilk ana birey çıkar ve bundan sonraki nesiller vivipar olarak çoęalmaktadırlar.

Vivipar çoęalma döneminde erginlięe ulaşma sürelerinin de kısa olması sonucunda, kısa sürede çok büyük sayılara ulaşmaktadırlar (Dixon, 1998). Bir hipoteze göre, ideal kořullar altında partenogenez ile üreyen bir diři bireyden bir gelişme sezonunda, ortalama erginlięe ulaşma süresi yedi gün, bir diřiden 50 yavru ve yılda 18 jenerasyondan $7,6 \cdot 10^{28}$ birey oluşacağı tahmin edilmektedir (Mandrioli ve Manicardi, 2013). Bununla birlikte konak bitki dayanıklılıęı, kültürel kontrol, kimyasal kontrol (insektisitler), biyolojik kontrol (doęal düşmanlar) vb. mücadele yöntemleri ve iklimsel kořullar sonucunda, afifler ideal kořullar dikkate alınarak hesaplanan birey sayılarına ulaşmamaktadırlar (Van Emden ve Harrington, 2007).

Afiflerin önemli özelliklerinden birisi de teleskopik generasyondur. Tek bir ergin afif bireyinde kendisi de dahil üç nesil aynı anda bulunmaktadır, bu duruma teleskopik generasyon (nesillerin iç içe geçmesi) denilmektedir. Vivipar partenogenetik diřilerin

döllenmeye ihtiyaçları yoktur. Ovulasyon gerçekleşir gerçekleşmez anne afitin vücudu içerisindeki yumurtada embriyo gelişmeye başlar. Annedeki embriyodan gelişecek olan partenogenetik dişilerin ovarioollerinde de embriyolar bulunur (Dixon, 1998). Bu durum şu anlama gelmektedir; bir anne afitin vücudu içerisinde gelişmekte olan embriyolar vardır. Bu embriyoların ovarioollerinde de torun embriyolar bulunmaktadır. Bu sayede iki nesil daha doğmadan doğacağı ortam koşullarına hazırlıklı hale gelmektedir. Bu yüzden doğum sonrası gelişim süresi kısadır ve üreme potansiyeli yüksektir.

Uygun koşullar altında afitlerin doğumdan itibaren erginliğe ulaşma süreleri ortalama olarak yedi gündür. Bu süre diğer böcek gruplarında ise ortalama olarak üç hafta sürmektedir. Teleskopik nesil afitlere yaklaşık olarak üç misli gelişme ve üreme avantajı kazandırmaktadır (Dixon, 1998).

Afitler, yüksek oranda polifenik olan ve fenotipik plastisite gösteren gruplardır. Polifenizm, aynı tür içerisinde farklı formların ve özellikle bireylerin bulunması durumudur. Bu farklı formlara morf denilmektedir ve morflar afitlerin yaşam döngülerinin farklı dönemlerinde oluşmaktadırlar. Fenotipik plastisite, herhangi bir populasyonun çevresel faktörlere göre yaşamsal faaliyetlerini düzenleyebilme veya değiştirebilme yeteneğine denilmektedir. Fenotipik plastisite sayesinde afitler, yeni konak bitkilere adapte olma ve üreme stratejisini değiştirebilme gibi avantajlarla koşulları lehlerine değiştirebilmektedirler (Görür, 2005; Görür vd., 2005).

Afitler, son zamanlarda birçok canlı neslinin yok olmasına ve yayılım alanlarının daralmasına yol açan küresel ısınmayı da kendi lehlerine dönüştürmektedirler. Yapılan araştırmalar, meydana gelecek ısınmanın etkisiyle afitlerin ortalama iki fazla nesil verebileceğini, bu nedenle de dünya genelinde yayılım alanlarını ve özellikle de tarımsal ürünlere vermiş oldukları zarar miktarını artıracabilecekleri gösterilmiştir. (Kindlmann vd., 2010; Hulle vd., 2010).

2.5 Afitlerin Coğrafik Dağılımı

Dünya’da yaklaşık 87.000 bitki türü üzerinden 5.000 afit türü tanımlanmıştır. Afitler, daha çok kuzey ılıman bölgelerde yaşayan taksonlardır. Türlerin büyük çoğunluğu, Kuzey Amerika, Avrupa, Orta ve Doğu Asya’dan tespit edilmiştir. Afitlerin küçük

boyutları, hızlı eşeysiz üreme potansiyalleri, konak bitki tercihlerinde çeşitlilik, yüksek oranda adaptasyon yetenekleri ve çoğunlukla tarım ve zirai ürünleri konak olarak kullanmaları, yeni alanlara göç etmelerini sağlamaktadır (Akyıldırım vd., 2013).

Afitler, tüm dünya genelinde yaygın olmalarına rağmen ılıman bölgelerde tropik bölgelere kıyasla daha çok afit türü bulunmaktadır. Tropik bölgelerdeki tür sayıları, çok azdır. Şu anda Dünya üzerinde bulunan mevcut afit türlerinin % 70 kadarı Aphidinae ve Drepanosiphinae alt familyalarına aittir. Bunların birçoğu, ılıman bölgenin önemli bitki zararlıları arasındadır. Bu türlerin bazıları, tropik ve subtropik bölgelere taşınarak adapte olmaktadır. Tropik ve subtropik bölgeler, ılıman bölgelerden sıcaklık ve fotoperiyot açısından çok farklı özelliklere sahip olmasından dolayı bu bölgelerde anholosiklik yaşam döngüsüne sahip türlerin görülme olasılığı daha yüksektir. Greenideinae ve Hormophidinae familyaları ise mevcut afit türlerini % 7'sini oluşturmaktadır. Bu familyalara dâhil türler, genellikle Güneydoğu Asya ve Avustralya'da dağılım göstermektedir (Dixon, 1998).

Dünya'da mevcut afit türlerinin yaklaşık % 10'u (530) Türkiye'de dağılım göstermektedir. Bu türlerin neredeyse yarısının Avrupa'dan (238 tür) ve Asya, Avrasya ve Akdeniz'den köken aldığı gözlenmiştir (Şekil 2.14.). Türkiye'deki afit faunasının bileşimi değerlendirildiğinde Nearktik'ten kökenlenen gözardı edilmeyecek sayıda afit türünün Türkiye'de dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Bu türlerin % 2.4'ü Türkiye orijinlidir (Akyıldırım vd., 2013; Şenol vd., 2015). Bu durum afitlerin son zamanlarda yayılım alanlarını genişletmesinde ve yayılımcı türlerin etkilerinin ortaya çıkarılmasında, Türkiye afitlerinin çalışılmasının önemini ortaya koymaktadır.

2.6 *Cinara* Türlerinin Genel Özellikleri

Familya: Aphididae Latreille, 1802

Alt familya: Lachninae Herrich-Schaeffer, 1854

Tribus: *Eulachnini* Baker, 1920

Cins: *Cinara* Curtis, 1835

Altcins: *Cinara* subgen. *Cedrobium* Remaudiere, 1954

Altcins: *Cinara* subgen. *Cinara* Curtis, 1835

Altcins: *Cinara* subgen. *Cupressobium* Börner, 1940

2.6.1 *Cinara (Cedrobium) laportei* (Remaudière, 1954)

Cedrus türlerinin alt dallarında, küçük sürgünlerinde ve genç dallar üzerinde yoğun koloniler halinde yaşar ve beslenirler. Dünya’da, Palaearktik ve Etyopya zoocoğrafik bölgelerinde, Türkiye’den ise Antalya, Burdur, Muğla ve Samsun’dan kayıtlar verilmiştir (Fabre ve Chalon, 2005; Akyürek, 2006; Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016; Nafria, 2013).

2.6.2 *Cinara (Cinara) acutirostris* Hille Ris Lambers, 1956

Pinus nigra ve *Pinus pinea* türlerini konak olarak kullanıp, dalları üzerinden beslenir. *Cinara (Cinara) acutirostris* türü Palaearktik zoocoğrafik bölgesinde Türkiye’den ise Konya’dan kayıtlar verilmiştir (Remaudiere vd., 2006; Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016; Nafria, 2013).

2.6.3 *Cinara (Cinara) brauni* Börner, 1940

Pinus türlerinin genellikle uç sürgünlerinde beslenir ve genelde karıncalarca yoğun bir şekilde ziyaret edilirler. Genellikle ışığın daha fazla alındığı, gölge olmayan alanlarda, genç fidanların sürgünlerinde daha yoğun populasyon oluşturmaktadırlar. Dünya’da Palaearktik zoocoğrafik bölgesinde, Türkiye’de ise Ankara, Bartın, Bursa, İstanbul, Konya ve Muğla’dan kayıtlar verilmiştir (Toper Kaygın vd., 2008; Tuatay, 1999; Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016; Nafria, 2013).

2.6.4 *Cinara (Cinara) cedri* Mimeur, 1936

Cedrus türlerinin dallarında yoğun koloniler halinde beslendikleri belirlenmiştir. Dünya’da Palaearktik, Neoarktik ve Neotropik zoocoğrafik bölgelerinde, Türkiye’de ise Ankara, Antalya, Burdur, Eskişehir, Gaziantep, İstanbul, Konya, Kastamonu ve Samsun’dan kayıtlar verilmiştir (Tuatay, 1999; Ünal vd., 2005; Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016; Nafria, 2013).

2.6.5 *Cinara (Cinara) confinis* (Koch,1856)

Sinonim: *Lachnus abieticola* Cholodkovsky, 1899; *Aphis borealis* Curtis 1828; *Lachniella cilicica* Del Guercio, 1909; *Cinara cilicica* Ghosh, 1982; *Lachnus lasiocarpae* Gillette ve Palmer, 1930; *Aphis polaris* Curtis 1828; *Lachnus vanduzei* Swain, 1919; *Todolachnus abieticola bulgarica* Pintera, 1959; *Lachniella cilicica ceconii* Del Guercio, 1909

Genelde konak olarak *Abies* türlerini, nadiren *Cedrus* türlerini tercih ederler. Bahar aylarında *Abies* türlerinin dalları ve yaz aylarında kökleri üzerinden beslendikleri belirlenmiştir. Dünya’da Palaeartik ve Oriental zoocoğrafik bölgelerinde, Türkiye’de ise Ankara, Artvin, Bolu, Bursa, Çankırı’dan kayıtlar verilmiştir (Toper vd., 2008; Tuatay, 1999; Önder vd., 2011; Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016; Nafria, 2013).

2.6.6 *Cinara (Cinara) curvipes* (Patch, 1912)

Konak olarak genellikle *Abies* ve *Picea* türlerini, nadiren de *Pinus* ve *Cedrus* türlerini tercih ederler. Cupressaceae türlerinin sürgünleri ve dalları üzerinde beslenirler. Dünya’da Palaeartik Bölge’de ve Türkiye’den kayıtlar verilmiştir (Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016; Nafria, 2013).

2.6.7 *Cinara (Cinara) indica* Verma, 1970

Sinonim: *Cinara indica* Verma 1969

Konak olarak genellikle *Cedrus* türlerini tercih ettiği belirlenmiştir. Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler *Cedrus* sp. gövdesi üzerinden beslendikleri belirlenmiştir ve karıncalarca da ziyaret edildikleri belirlenmiştir. Dünya’da Palaeartik Bölgede, (Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016) ve Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak belirlenmiştir. Çalışma kapsamında *Cedrus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara indica* türünün 2 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır.

2.6.8 *Cinara (Cinara) juniperensis* (Gillette ve Palmer, 1925)

Genelde konak olarak *Juniperus communis* türünü tercih ettikleri belirlenmiştir. *Juniperus* türlerinin ince dalları ve genç uç sürgünleri üzerinde beslendikleri gözlenmiştir. Şu ana kadar Neoarktik zoocoğrafik bölgesinden kayıtlar verilmiştir (Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.9 *Cinara (Cinara) maghrebica* Mimeur, 1934

Sinonim: *Cinara maghrebica* subsp. *maghrebica* Mimeur, 1934; *Cinara maghrebica* subsp. *garganica* Binazzi, 1983.

Pinus spp. (*canariensis*, *halepensis*, *pinaster*, *pinea*)'nin genç dallarında yoğun koloniler oluşturduğu belirlendi. Dünya'da Palaearktik zoocoğrafik bölgesinden (Blackman ve Eastop, 2015; Holman 2009) ve Türkiye'den daha önce Samsun'dan ve Trabzon-Vakfikebir'den kayıtlar verilmiştir (Akyürek, 2006; Görür ve ark, 2009a; Görür ve ark, 2009b).

2.6.10 *Cinara (Cinara) palaestinensis* Hille Ris Lambers, 1948

Sinonim: *Cinara (Cinara) palaestinensis apulica* Binazzi, 1983;
Cinara (Cinara) palaestinensis palaestinensis Hille Ris Lambers, 1948.

Pinus halepensis (Halep çamı) üzerindeki yeni sürgünlerde karıncaların bulunduğu alanlarda yoğun koloniler oluştururlar. Palaearktik'te dağılım gösterirler (Blackman ve Eastop, 2016; Holman 2009).

2.6.11 *Cinara (Cinara) pilicornis* (Hartig, 1841)

Sinonim: *Aphis abietis* Walker, 1848; *Lachnus flavus* Mordvilko 1894;
Lachnus hyalinus Koch, 1856; *Lachnus macrocephalus* Buckton, 1881;
Lachnus pinicola Kaltenbach, 1843.

Genellikle konak bitki olarak *Picea* türlerini, nadiren de *Tsuga* türlerini tercih ettikleri belirlenmiştir. İlkbahar başlarında *Picea* türlerinin, bir önceki yıldan kalan iğne yapraklarının alt yüzlerinde beslendikleri ve daha sonra yeni büyüyen kısımlara geçerler. Ağacın her tarafında oldukça yoğun koloniler oluşturdukları belirlenmiştir. Dünya’da Afrika hariç tüm zoocoğrafik bölgelerde dağılım gösterdiği bilinmektedir (Holman, 2009). Türkiye’de ise İstanbul, Artvin, Trabzon, Giresun, Ankara, Niğde ve Konya’dan kayıtlar verilmiştir (Çanakçıoğlu, 1975; Tuatay, 1999; Toper ve Çanakçıoğlu, 2003; Görür, 2004a; Görür, 2004b; Altay ve Uysal, 2005; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.12 *Cinara (Cinara) pini* (Linnaeus, 1758)

Sinonim: *Cinara nuda* auct.nec Mordvilko, 1895; *Aphis nuda* subsp. *pini* Börner, 1952; *Aphis nudapini* DeGeer, 1773; *Lachniella oblonga* Del Guercio, 1909; *Lachnus pineti* Hartig, 1839; *Cinara (Cinara) polyseta*; *Lachnus taeniatus* Koch, 1856; *Lachnus toeniatus* Schouteden, 1900; *Aphis nuda-pini* De Geer, 1773.

İlkbaharda *Pinus sylvestris*’in genç sürgünleri üzerinden, daha sonraki dönemlerde dallarından ve yaprak altlarından kayıt verilmiştir. Dünya’da Palaearktik Bölge’den (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2015) ve Türkiye’den Bolu-Aladağlar, Antalya, Muğla-Marmaris, İzmir, Çankırı-Ilgaz dağı, Kars-Sarıkamış, Samsun-Alaçam, Çanakkale, Edirne, Kahramanmaraş, Bartın’dan kayıtlar verilmiştir (Tuatay, 1999; Aslan ve Uygun, 2005; Kaygın vd., 2008).

2.6.13 *Cinara (Cinara) pinihabitans* (Mordvilko, 1895)

Sinonim: *Lachnus taeniatus* Koch, 1856; *Lachnus toeniatus* Schouteden, 1900.

Pinus sylvestris’in ve *P. mugo* var. *mughus*’un ince 2-8 yıllık dallarındaki kabuklar üzerinden kayıt verilmiştir. Palaearktik ve Oriental Bölge’lerden bilinmektedir (Blackman ve Eastop, 2016; Holman 2009).

2.6.14 *Cinara (Cinara) pinimaritimae* (Dufour, 1833)

Sinonim: *Cinara excelsae* Hille Ris Lambers, 1948; *Cinara maritimae* Eastop ve Hille Ris Lambers, 1976; *Lachnus pineti* (Koch, 1855); *Aphis pini* subsp. *maritimae* (Dufour, 1833); *Lachnus pinicola* (Kaltenbach, 1843).

Pinus spp. üzerinden kayıt verilmiştir. *Pinus* spp. nin genç dallarında iğne yaprak tabanları arasında küçük gruplar halinde veya ayrı ayrı yaşadıkları belirlenmiştir. Dünya’da Palaearktik ve Neotropik’den kayıtlar verilmiştir (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.15 *Cinara (Cinara) piniphila* (Ratzeburg, 1844)

Pinus sylvestris’in 1-2 yıllık dallarının kabukları üzerinde ve iğne yapraklar arasından beslenirler. Palaearktik ve Oriental Bölge’den kayıtlar verilmiştir (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.16 *Cinara (Cinara) pinivora* (Wilson, 1919)

Sinonim: *Cinara osborni* Tissot, 1944; *Cinara osborniana* Tissot, 1945.

Pinus edulis üzerinden kayıt verilmiştir. Neoarktik’ten kayıtlar verilmiştir (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.17 *Cinara (Cinara) schimitscheki* Börner, 1940

Sinonim: *Cinara kosarowi* Tashev, 1962.

Pinus nigra, *Pinus mugo*, *Pinus pinea*, *Pinus tabulaeformis*, *Pinus massoniana* ve *Pinus leucodermis* türlerini konak olarak kullanırlar. Palaearktik ve Oriental Bölge’den kayıtlar verilmiştir (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.18 *Cinara (Cinara) setosa* (Börner, 1950)

Pinus mugo ve *Pinus nigra* var. *pallasiana* 'nın yaşlı dalları üzerinden kayıt verilmiştir. Dünya'da Palaearktik Bölge'den kayıtlar verilmiştir (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.19 *Cinara (Cinara) wahlua* Hottes, 1952

Juniperus türlerininin dallarında bulunan yarıklardan beslendikleri belirlenmiştir. Dünya'da Neoarktik Bölge'de dağılım göstermektedir (Blackman ve Eastop, 2016), Türkiye'de ise Akyürek vd. (2010) bu türü, Samsun'dan Türkiye afit faunasına kazandırmışlardır.

2.6.20 *Cinara (Cinara) watanabei* Inouye, 1970

Pinus spp. (*P. koraiensis*, *parviflora*) üzerinden beslendikleri belirlenmiştir. Olgun ağaçların 3-5 yıllık dalları üzerinde veya genç ağaçların gövdesinde yoğun koloniler oluşturdukları belirlenmiştir. Dünya üzerinden Palaearktik'ten kayıtlar verildiği bilinmektedir (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.21 *Cinara (Cupressobium) cupressi* (Buckton, 1881)

Sinonim: *Cinara canadensis* Hottes ve Bradley, 1953; *Cinara cupressivora* Watson ve Voegtlin, 1999; *Cinara (Cupressobium) cupressi juniperinus*; *Lachnus sabinae* Gillette ve Palmer, 1924; *Lachniella tujae* Del Guercio, 1909; *Lachniella juniperi signata* Del Guercio, 1909

Genelde konak olarak Cupressaceae familyasına mensup türleri tercih ettikleri belirlenmiştir. *Cupressus* ve *Juniperus* türlerinin ince dalları ve genç sürgünleri üzerinden beslendikleri belirlenmiştir. Dünya'da Palaearktik ve Oriental bölgelerde, Türkiye'den ise Bolu ve Kahramanmaraş'tan kayıtlar verilmiştir (Aslan ve Uygun, 2005; Holman, 2009; Blackman ve Eastop, 2015).

2.6.22 *Cinara (Cupressobium) fresai* Blanchard, 1939

Sinonim: *Cinara (Cupressobium) bresai* Toper Kaygin ve Çanakçıoğlu, 2003; *Cupressobium maui* Bradley 1965; *Cinara wacasassae* Tissot, 1944.

Genelde konak olarak *Cupressus*, *Plathycladus* ve *Juniperus* türlerini, nadiren de *Cryptomeria* türlerini tercih ettikleri belirlenmiştir. Cupressaceae türlerinin sürgünleri ve dalları üzerinde beslendiği gözlenmiştir. Dünya’da Neoarktik, Avustralya, Palaearktik bölgelerinden, Türkiye’de ise Adana ve Ankara’dan kayıtlar verilmiştir (Tuatay, 1999; Holman, 2009; Toros vd., 2002; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.23 *Cinara (Cupressobium) oxycedri* Binazzi, 1996

Juniperus oxycedrus ve *J. oxycedrus* subsp. *macrocarpa* üzerinden beslendikleri belirlenmiştir. Dünya’da Palaearktik Bölge’den kayıt verilmiştir (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016).

2.6.24 *Cinara (Cupressobium) thujafilina* (Del Guercio, 1909)

Sinonim: *Lachnus biotae* (van der Goot, 1917); *Dilachnus callitris* Froggatt, 1927; *Cinaropsis cupresi* Gomez-Menor, 1962; *Lachnus greeni* Schouteden 1905; *Cupressobium mediterraneum* Narzikulov, 1963; *Lachnus sabinae* Nevsky, 1929; *Lachniella thujafolia* Theobald, 1914; *Cinara winokae* Eastop, 1972; *Cinara winonkae* Hottes, 1934;; *Cinara winonkae* Zhang, Zhang ve Zhong, 1993.

Cupressaceae familyasına ait bitki türlerini (*Callitris*, *Chamaecyparis*, *Cupressus*, *Juniperus (communis hariç)* ve *Widdringtonia* spp.) konak olarak kullandıkları belirlenmiştir. Yapraksı dallarda ve dalların alt yüzeylerinde gövdeye yakın yerlerde buldukları gözlemlendi. Avustralya, Palaearktik ve Neotropik Bölge’den (Holman 2009; Blackman ve Eastop, 2016) ve Türkiye’den Ankara, Konya, Malatya, Eskişehir, İstanbul, Artvin, Adana ve Niğde illerinden kayıtlar verilmiştir (Çanakçıoğlu, 1975; Düzgüneş vd., 1982; Tuatay, 1999; Toros vd., 2002; Görür, 2004b).

2.7 Afitlerde Morfometrik Çalışmalar

Morfometri, nesnelerin veya organizmaların formlarındaki (büyüklük ve şekil) varyasyonlar ve değişimler ile ilgilenen bir alandır. Morfometrik analizlerde kullanılan çeşitli yöntemler vardır. Bu yöntemler, uzunluk-açı ölçümü ve analizi gibi geleneksel yöntemler ile işaretlemeler (landmark) üzerinde temellenen istatistiksel şekil analizi uygulamalarını içeren geometrik morfometrik yöntemlerdir (Oğuzhan ve Aydın, 2000; Tonya, 2008; Dedeoğlu,2014;). Geleneksel morfometrik yaklaşımlara canlıların taksonomi, sınıflandırma ve coğrafik varyasyonlarındaki problemleri çözmek için başvurulmaktadır (Ruttner, 1986).

Morfometrik çalışmalarda çok çeşitli analizler kullanılmaktadır. En çok kullanılan yöntemler ise Ayırma Fonksiyon Analizi (DFA), Faktör Analizi (PCA), Kanonikal Ayırım Analizi, Çok Değişkenli Analiz (Multivaryete Analysis) ve Tek Yönlü Varyans Analizi (ANOVA) olarak bilinmektedir (Oğuzhan ve Aydın, 2000; Tonya, 2008; Dedeoğlu, 2014).

2.7.1 Ayırma fonksiyonu analizi (DFA)

Çok yönlü ayırma analizi olarak da bilinen bu analiz, faktör analizinde olduğu gibi karakterler arasındaki korelasyona bağlı olarak grupların dağılımını ortaya çıkarır. Faktör analizinden farklı olarak ayırma fonksiyonu analizinde türler analize başlamadan önce gruplara ayrılır (Oğuzhan ve Aydın, 2000; Tonya, 2008; Dedeoğlu,2014).

2.7.2 Faktör analizi (PCA)

Faktör analizi, birbirleriyle orta düzeyde ya da oldukça ilişkili değişkenleri birleştirerek az sayıda ancak bağımsız değişken kümeleri elde etmede ampirik bir temel sağlayan tekniktir. Böylece pek çok değişkenin birkaç küme ya da boyuta indirgenmesi mümkün olmaktadır (Oğuzhan ve Aydın, 2000; Tonya, 2008;Dedeoğlu,2014).

2.7.3 Kanonikal ayırım analizi

Ayırma analizinde Wilk's Lambda istatistiği (Todorov ve Filzmoser, 2010) ayırma skorlarındaki toplam varyansın gruplar arasındaki farklar tarafından açıklanamayan oranını gösterir (Cengiz, 2008). Wilk's Lambda (Todorov ve Filzmoser, 2010) değerinin sıfıra çok yakın olması, grup ortalamalarının tamamıyla farklı olduğunun bir göstergesidir (Oguzhan ve Aydın, 2000). Söz konusu Wilks Lambda istatistiği, Bartlett'in Ki-Kare istatistiğiyle (Shanks ve Hutton, 1986) anlamlılık düzeyinde, ayırma fonksiyonlarının istatistiksel olarak anlamlı olup olmadıkları belirlenmiştir. Bu bağlamda p değeri < 0.05 olan ayırma fonksiyonları anlamlı olarak kabul edilir. Kanonikal korelasyon katsayısı ile söz konusu diskriminant fonksiyonu arasında var olan derecenin yüksek olması, söz konusu diskriminant fonksiyonunun grupları ayırma yeteneğine sahip olduğunu gösterir. Katsayı düşük olması durumunda ise, söz konusu diskriminant fonksiyonunun grupları ayırma yeteneğinin çok az olduğu ya da hiç olmadığı bir göstergesidir (Oguzhan ve Aydın 2000; Tonya, 2008). Ayırma fonksiyonunun kanonikal korelasyon değerinin karesi bağımlı değişkendeki varyansın yüzde kaçının diskriminant fonksiyonu tarafından açıklanabildiğini göstermektedir (Cengiz 2008). Varyans oranları ya da yüzdeler, ayırma fonksiyonları için gruplar arası toplam değişimin yüzdesine karşılık gelmektedir (Oguzhan ve Aydın, 2000).

2.7.4 Çok değişkenli varyans analizi (Multivaryete analysis)

Birkaç değişken arasındaki ilişkiyi incelemek amacıyla kullanılan ve ana bileşenler analizi, faktör analizi, küme analizi ve ayırıcı analizler gibi bir dizi istatistiksel tekniği içeren model oluşturma tekniğidir. Çok sayıda bağımsız ve bağımlı değişken arasında eş anlamlı analizi yapar (Oguzhan ve Aydın, 2000; Tonya, 2008; Dedeoğlu,2014).

2.7.5 Tek yönlü varyans analizi (ANOVA)

ANOVA bağımsız değişkenlerin kendi aralarında nasıl etkileşime girdiklerini ve bu etkileşimlerin bağımlı değişken üzerindeki etkilerini analiz etmek için kullanılır. T testi iki örneklemin ortalamalarının eşit olup olmadığı hipotezini test etmektedir. ANOVA ise üç ya da daha fazla ortalamaların eşit olup olmadığını test etmektedir (Tonya, 2008). ANOVA, F istatistiğini vermektedir. F istatistiği, verilerdeki sistematik varyans

miktarını sistematik olmayan varyansla karşılaştırmaktadır. ANOVA herşeyi söylemez. Deneysel uyarının başarılı olup olmadığını söylemekte (örn, üç grup ortalamasının eşit olmaması) ama hangi grupların etkilendiğini söylemez (üç ortalama da farklı olabilir, ilk ikisi aynı, üçüncüsü farklı olabilir, ilki farklı, ikinci ve üçüncüsü aynı olabilir vs.) F istatistiği, deneysel uyarının etkili olduğunu söyler ama spesifik olarak etkinin ne olduğunu söylememektedir (Tonya, 2008; Dedeoğlu, 2014).

2.8 Afıt Filogenisinde Uygulanan Moleküler Çalışmalar

Filogenetik, çeşitli organizma grupları arasındaki evrimsel akrabalıkların araştırılmasıdır. Genomik bilgiyi kullanarak canlılar arasındaki ilişkileri ve moleküler düzeydeki benzerliklerin açıklanması çalışılmaktadır. Ayrıca bir türdeki tüm bireyleri, zaman içinde soy olarak bağlantılı bireyler olarak kabul eder. Filogenetik analizde DNA ya da protein dizileri kullanılarak genom benzerlikleri bulunur. Bu dizilere ait bilginin özetlenmesi ve görsel olarak anlaşılabilmesi için filogenetik ağaçlar oluşturulur ve kullanılmaktadır. Genellikle, bu ağaçlar oldukça karmaşık metotlar ile elde edilirler. Bir filogenetik ağaç ortak bir atadan gelen bireyler arasındaki evrimsel ilişkileri göstermektedir (Brinkman ve Leipe, 2001; Krause ve Reinert, 2011).

Evrimsel çıktılar çerçevesinde güvenilir filogenilerin oluşturulması bazı organizma gruplarında ulaşılması zor çalışmalardır. Özellikle hızlı değişim gösteren ve çeşitlenen sohatlarındaki ayrımlarındaki yetersiz veriler, teşhislerde tutarsız ve kesin olmayan sonuçlara yol açabilir (Nováková vd., 2013).

2003 yılından itibaren DNA barkodlama (mtDNA) analizleri, birçok Hexapod takımının tanımlanmasında yararlanılan kullanışlı bir metot olmuştur (Remigio vd., 2003; Lee vd., 2014). Özellikle afıtlar gibi yayılımcı türlerin izlenmesinde ve bu türlerin karantina işlemlerinde etkili olmaktadır (Scheffer vd., 2006). Afıtlarda filogenetik çalışmalarda, en çok üç genom üzerinden analizler yapılmaktadır. Bunlar, kromozom, mitokondri ve zorunlu simbiyont bakterilerdir. Afıtların mitokondriyal ve simbiyont genomları parteogenetik üreme sürecinde tek bir paketmiş gibi normal olarak kalıtılmaktadır (Sabater-Muñoz vd., 2006).

Afitlerin çeşitlenme süreçlerinin kısa olması ve ortama uyum sağlamaları ile birçok farklı biyolojik özellik gösterirler ama sonuç olarak bu grupların filogenilerinin çözüm sürecinde zorluklar yaşanmaktadır. Özellikle Aphididae familyasında bazı evrimsel sorular filogenetik belirsizliklerden cevapsız kalmaktadır (Nováková vd., 2013).

2.8.1 Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Mitokondri, çekirdek dışında DNA'ya sahip organellerden biri olup, ilk kez 1963'de Nass ve arkadaşları, mitokondri içerisinde DNA karakteristiğinde fiberlerin varlığını gösterdiler. 1981'de de Anderson ve arkadaşları tarafından mtgenom dizisi tam olarak gösterilmiştir (Kivisild vd., 2006; Taanman, 1999).

Mitokondriyal genom 37 gen içerir. Bunlardan 13'ü solunum zincirindeki yapısal proteinleri (Nikotinamid Adenin Dinükleotit Dehidrogenaz, Sitokrom C oksidoredüktaz, sitokrom C oksidaz ATP sentetaz) kodlarken, 2'si RNA ve 22'si de tRNA genlerini kodlar (Taanman, 1999). mtDNA'nın çekirdek DNA'sından bağımsız replikasyon ve transkripsiyon sistemi vardır. Ancak mtDNA'nın replikasyon ve transkripsiyonu için gerekli enzimler, çekirdek DNA'sı tarafından sentezlendiğinden, mtDNA tam bir otonomiye sahip değildir (Taanman, 1999).

Mitokondriyal DNA verileri, tür seviyesindeki filogenileri çözümlenmede çok geçerli güçlü bir yöntemdir. Mitokondri'deki genlerin komutları, değişkendir. Mitokondriyal genom sıklıkla kendini yeniden düzenler ve bu nedenle aynı hücrede birçok yeniden düzenlenmiş formlar oluştururlar. mtDNA'nın filogenetik çalışmalarda ve populasyon genetiği çalışmalarında giderek daha fazla kullanılmaktadır (Taanman, 1999; Patwardhan, 2014).

Mitokondriyal DNA, çekirdek DNA'sına benzemekle birlikte belirgin farklılıklar da göstermektedir. 3.5 milyon kb'lik çekirdek DNA'sı yanında, 16.5 kb'lik mtDNA çok küçük bir genoma sahip olması, mtDNA'nın kompakt bir yapıya sahip olup intron içermemesi, mtDNA'da kodlanmayan tek bölge yaklaşık 100 baz çifti uzunluğundaki D-loop bölgesi olması, mtDNA'nın maternal kalıtımla geçmesi, sperm sitoplazma içermemesi ve mitokondrilerinin fertilizasyona katılmayan kuyruk kısmında toplanması nedeniyle, zigotdaki mitokondriler sadece ovuma ait olması, Anne tüm çocuklarına mt

DNA'sını aktarırken, sadece kız çocukların bunu ikinci kuşağa aktarması, mtDNA'nın 4 kodonunun nükleer DNA'dan farklı mesajlar taşması; örneğin mt DNA'da "DUR" kodunu olarak görev alan AGA, nükleer DNA'da arginin aminoasidini kodlaması, bir hücre çekirdeğinde anne ve babaya ait 2 allel gen bulunurken, her mitokondri 2-10 adet mtDNA genomu içermesi, mtDNA'nın evrim hızının nükleer DNA'ya göre 10-20 kat daha fazla olması, bunun nedeni, oksijen radikallerine daha fazla maruz kalması, koruyucu ve tamir sistemlerinin yokluğundan kaynaklandığını belirtmişlerdir. Bu yüzden mtDNA, mutasyonlara daha açıktır (Taanman, 1999; Patwardhan, 2014).

Mitokondrial DNA'nın bir özelliği de organizmaların evrimin aydınlatılmasında kullanılmasıdır. Nükleer DNA'ya göre daha fazla mutasyona uğrayan mtDNA mutasyonlarının hızı 1 milyon yıllık süreçte ortalama % 2-4 oranındadır: Eğer iki organizma arasında % 1 oranda mtDNA farklılığı varsa bu 250.000-500.000 yıl önce bu iki organizmanın farklılaşmaya başladığını gösterir. Ek olarak nükleer genin her nesilde farklı rekombinasyon göstermesi evrim çalışmalarında zorluk yaratırken, mtDNA'nın homoplazmik oluşu kullanılabilirliğini artırır (Taanman, 1999; Patwardhan, 2014).

Mitokondrial genom içerisinde sistematik çalışmalarda en yaygın kullanılan gen bölgelerinden biri, sitokrom oksidaz I (COI) genidir (Remigio vd., 2003). mtDNA'nın COI ve COII gen bölgesi filogenetik çalışmalar için çok kullanışlıdır (Taanman, 1999; Patwardhan, 2014).

2.8.2. Mitokondriyal sitokrom oksidaz I (COI) geni

Mitokondriyal genomdaki COI geninin baz uzunluğu yaklaşık 894 baz çiftidir. mtCOI ve mtCOII dizileri daha çok böceklerde olmak üzere yakın akraba olan türler, cinsler familyaların filogenetik problemlerini çözümlmek için kullanılır. COI geni diğer protein kodlayan mitokondriyal genlere göre daha yavaş evrimleşir ve moleküler filogeni çalışmaları için geniş kapsamda kullanılır (Patwardhan vd., 2014).

COI barkod bölgesinin metazoan mitokondriyal genomu bakımından tür içerisinde % 3'ten küçük, türler arasında ise ortalama % 10 ile % 25 arasında belirgin bir farklılık gösterdiği yapılan çalışmalar ile ortaya koyulmuştur (Hebert vd., 2003). Günümüzde metazoan türler için kullanılan standart barkodun tanımı, COI geninin 5' ucundan 652-

658 baz çiftlik bölgesi olarak ifade edilmektedir. Metazoan türler için evrensel bir barkod bölgesi arayışında, mitokondriyal genomun nükleer genoma kıyasla birçok avantajı söz konusudur. Bu avantajlar intronların bulunmaması, rekombinasyona sınırlı şekilde maruz kalması, tüm hücrelerde yüksek kopya sayısı, haploit özellikte olması ve maternal bir kalıtıma sahip olması şeklinde sıralanabilir (Taanman, 1999).

Metazoan türlerin mitokondriyal genomlarında bulunan 13 protein kodlayan gen, genellikle inversiyon ve delesyonları içermektedir. COI geninin diğer protein kodlayan mitokondriyal genlerden üstünlüğü, metazoan türler için evrensel primer çiftleri kullanılarak çoğaltılabilmesi ve birçok farklı taksonomik seviyede kullanılabilir bir filogenetik sinyale sahip olmasıdır. COI geninde bulunan kodonların üçüncü pozisyonundaki nükleotidleri yüksek oranda değişme göstermekte ve böylece mitokondriyal rRNA genlerine oranla üç kat daha yüksek moleküler evrim hızına sahip olarak değerlendirilmektedirler. Bir başka önemli nokta da COI geninde gerçekleşen evrimin yakın türlerin ayırımına imkan tanıyan ve coğrafik yapı ile ilişkilendirilebilen tür içi varyasyonu ortaya koyabilecek bir hızda gerçekleşmesidir. COI geninin standart barkod geni olarak seçilmesindeki asıl neden, birden fazla tür için göstermiş olduğu belirgin ayırım gücü ve tür içi ile türler arasındaki uzaklığın çakışmadığı tipik varyasyon modelidir (Hebert vd., 2003). Tür içi ve türler arası varyasyonda çakışma meydana gelmemesi “barkodlama açıklığı” olarak adlandırılmış ve barkod dizilerinin isabet ve güvenilirliğinde en önemli nokta olarak kabul edilmiştir (Meyer ve Paulay, 2005).

COI geni moleküler tür tayini özelinde değerlendirildiğinde, bugüne kadar yapılan çalışmalarda sürekli hata veren bir taksona rastlanmamış ve yukarıda bahsedilen nedenlerden ötürü en uygun moleküler belirteç olarak değerlendirilmektedir. Fakat filogenetik çalışmalarda ve populasyon çalışmalarında COI geni ile birlikte nükleer genlerden de en az bir belirteç kullanılması, sadece mitokondriyal bir gen ile çalışmanın doğurabileceği olası hataları en aza indirmek bakımından göz önünde bulundurulması gereken bir başka noktadır (Keskin ve Atar, 2013).

2.9 Filogenetik Metodlar

Filogeni, canlıların evrimsel ilişkilerini araştırır. Tür ve tür üstü kategoriler, jeolojik dönemlerde türleşme süreçleri ile oluşmuşlardır. Bu türleşme süreçlerinin açıklanması

ile taksonlar arasındaki akrabalık ilişki de açıklanmış olur. Filogeni, taksonlar arasındaki benzerliğin derecesini esas almaktadır. Bu yol ile de bir sınıflandırmanın oluşacağı savunulmaktadır. Çünkü en fazla benzerliğin, ortak bir ataya sahip bireyler arasında olduğu beklenmektedir (Brinkman ve Leipe, 2001).

Bireylerin eşit ölçüde değer verilmiş hemen bütün benzerliklerinin değerlendirilmesine numerik fenetik adı verilmektedir. Numerik fenetik, evrim çalışanlar ve filogenetikçiler tarafından homoplastik karakterlerin (paralel evrim veya bağımsız olarak kazanılan benzerlikler) ve eski atalardan kalan benzerliklerin eleştirilmesidir. Her bir karaktere eşit değer biçer ve olası ölçüde tüm benzerlikleri dikkate aldığı için doğal sınıflandırmaya yakın bir sınıflandırmadır (Brinkman ve Leipe, 2001; Hall, 2013; Gülperçin, 2013).

Filogenetik ağaçlar oldukça karmaşık yöntemler ile elde edilirler. Günümüzde kullanılmakta olan yöntemler temel olarak iki başlık altında toplanmaktadır. Bunlar mesafe temelli ve karakter temelli yöntemlerdir (Brinkman ve Leipe, 2001; Hall, 2013) (Şekil 2.16.).

2.9.1 Mesafe temelli yöntemler

Dizi hizalanması (alignment) temeline dayanarak hesaplanan dizi çiftleri arasındaki farklılıkların miktarına (mesafeye) dayanır. Dizi hizalanması sonucu hesaplanan evrimsel mesafeler, her bir takson çifti arasındaki mesafelerin bir matrisinin oluşturulmasında kullanılabilirler. Matristeki bu çiftli mesafe skorlarına dayanarak tüm taksonlar için bir filogenetik ağaç oluşturulabilir. Bu yöntemde kullanılan algoritmalar, kümelenme temelli veya en iyi durum (optimum durum) temelli olarak iki kola ayrılırlar. Kümelenme temelli algoritmalar, en benzer dizi çiftlerinden başlayan bir mesafe matrisine dayanarak filogenetik ağacı hesap ederler. Bu algoritmalar, aritmetik ortalamayı kullanarak ağırlıklı olmayan çift grup yöntemini (UPGMA) ve komşu birleştirme yöntemini (NJ) içerirler. Genetik uzaklık yöntemi, filogenetik ağacı oluşturmak için dizi grubunda her bir çift arasında değişikliklerin sayısını temel alır. Birbirlerine genetik uzaklığı en az olan türler birleştirilerek bir ağaç oluşturulur. Aralarında az sayıda nükleotid değişikliği olan bu dizi çiftleri komşu (neighbours) olarak adlandırılır (Brinkman ve Leipe, 2001; Hall, 2013).

2.9.1.1 UPGMA (Unweighted pair group method with arithmetic mean)

Bu yöntem, ağacın dalları boyunca değişiklik hızının sabit olduğunu varsayar. Bu nedenle hesaplamaları yaparken ağacın kökünü (root – ortak ata) de hesaplar. UPGMA yönteminde tahmin edilen mesafeler ile gerçek evrimsel mesafeler tam olarak uyuşmamaktadır. Bu da yöntemin yeterince başarılı olmadığını göstermektedir. En hızlı metotlardandır. Bundan dolayı çok geniş veri setleri çabukça analiz edebilir. Bazı orantı analizlerinde kullanılabilirler. Ama benzerlik ve ilişkiler aynı karakterde kullanılmaz. Benzerliğe göre sıralama, evrimsel ağacın verilişinde ve karakter analizinde kullanılmaz (Brinkman ve Leipe, 2001; Hall, 2013).

2.9.1.2 Komşu birleştirme yöntemi (Neighbour Joining Analizi (NJ))

Komşu Birleştirme Yöntemi'nde ise kümelenme temelli algoritmada olduğu gibi taksonların kökten eşit uzaklıkta olduğu varsayılmaz. Bu yöntem ile sadece bir tane ağaç oluşturulur ve diğer olası ağaç topolojileri test edilmez. Bu sorunun giderilmesi için genelleştirilmiş komşu birleştirme yöntemi geliştirilmiştir. NJ metodu, çok verimlidir ve geniş veri kümelerini analiz edebilir. Bununla beraber, tüm olası topolojileri inceleyemez (Brinkman ve Leipe, 2001).

2.9.2 Karakter temelli yöntemler

Karakter temelli yöntemler ile oluşturulan filogenetik ağaçlar, her bir taksondaki canlıya ait olan moleküler dizilerin oluşturduğu farklı karakterlere dayanmaktadır (Brinkman ve Leipe, 2001; Harville, 2009; Tamura, 2013).

2.9.2.1 Maksimum Parsimoni (MP)

Bu yöntem, iki birim arasında en az değişiklik gerektiren ağaç en makul olan ağaçtır ilkesine göre uygulanır. Yani en az farklı olan birimler, birbirine en yakın ve benzeyen birimlerdir. Ağacın belirlenmesinde işlemin daha kısa zamanda tamamlanması için en zengin filogenetik bilgiye sahip olan az sayıdaki bölgeler kullanılır. Bilgi verici bölgeler adını alan bu bölgelerde en azından iki tane farklı türde karakter bulunur ve bunların her biri en az iki kere bölgelerde yer alır (Brinkman ve Leipe, 2001). Maksimum Parsinomi

Analizlerinde ağacın belirlenmesinde işlemin daha kısa zamanda tamamlanması için en zengin filogenetik bilgiye sahip olan, az sayıdaki veriler kullanılır. Bilgi verici bölgeler adını alan bu bölgelerde en azından iki farklı türde karakter bulunur ve bunların herbiri en az iki kere bölgelerde yer alır. Bilgi verici olmayan bölgeler ya sabit bölgelerdir ya da sadece birkere görülen değişiklikler içerir. Sabit bölgeler, filogenetik ağaç çiziminde yararsızdırlar. Maksimum Parsinomi analizi ‘uzaklık matrisi’ kullanarak taksonları bağlamaktadır. Bir referans takson belirlenir, tüm taksonların buna uzaklığı hesaplanır. Referans taksona en yakın iki takson buna bağlanır ve ağacı oluştururlar. Diğer taksonlarda uzaklık oranlarına bağlı olarak buna bağlanırlar (Brinkman ve Leipe, 2001; Tamura, 2013).

2.9.2.2 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi (ML)

Joseph Felsenstein tarafından 1981 yılında MP’ye alternatif olarak ortaya konulmuş bir yöntemdir. Bu yöntem, farklı tipteki nükleotit değişikliğinin açığa çıkma olasılıklarını tanımlayan bir matematiksel formül ve dal uzunlukları bilinen belli bir ağaç verildiğinde, bu belli DNA dizisi setini elde etme olasılığı nedir sorusunu sormaktadır. Bu yöntem için bir bilgisayar programı, her ağaç topolojisinin değerlendirir veya gözlenen verinin oluşturulması olasılığını hesaplar. Eğer ağaç doğruysa her dalın oluşturulma olasılığı toplamı, gözlenen verinin oluşturulması olasılığını temsil eder. Mevcut metodların içinde genelde en tutarlı olanıdır. Karakter ve oran analizlerinde kullanılabilirler. Nükleotid, aminoasit dizileri ve diğer veri tiplerine uygulanabilir. Ancak diğer pek çok metotda olduğu gibi, basit ve sezgisel değildirler. Parsinomide olduğu gibi yüksek seviye homoplazilerde yanılabılırler (Brinkman ve Leipe, 2001; Harville, 2009; Tamura, 2013).

2.9.3 Bayesian metodu (BI)

Filogenetiğin en popüler metodudur. Temelde Maksimum Likelihood (ML) metoduna benzer, ancak sonraki (posterior) olasılık kullanımı ile bu yöntemden ayrılır. Bu yöntemde ağaç seçiminde, “önceki olasılık”, analiz öncesinde tüm olası ağaç topolojileri için geçerli olan olasılıktır. Ağacın oluşturulmasından önce her bir topolojinin olasılığı birbirine eşittir. “Şarta bağlı olasılık”, dizi hizalanmasında gözlenen karakterlerin değişikliğe uğrama frekansıdır. Amaç tek bir “doğru” filogeniyi bulmayı

değil, bütün muhtemel filogenilerin sonraki (posterior) olasılık dağılımlarını hesaplamaktır (Huelsenbeck, 2001).

2.9.4 Network analizi

Filogenetik ağaçlar evrimsel model için uygun olmadığında, kompleks evrimsel biçimlerin görsel hale getirilmesinde ve verilerin derinlemesine incelenmesinde, network metotları kullanılabilir (Bandelt vd.,1999). Network analizi 4.6.1.1 software programı, elde edilen dizilerin hizalanmasında oluşabilecek hataları engellemek amacıyla kullanılır (ver. 4.6; Fluxus, 2012). DnaSP version 5.00.04 (Rozas ve Librado, 2009) programı ile elde edilen gruplardan aynı haplotipe sahip bireylerinin kendi içinde gruplaşmasını, evrimsel ağaçların oluşmasını sağlar. DNA nükleotit dizileri, protein amino asit dizileri, kısa tekrarlar içeren lokuslar (STR ya da microsatellite verileri), Network programı ile analiz edilebilecek verilerdir. Verilerin evrimsel ilişkileri network ile gösterilir (Bandelt vd.,1999).

BÖLÜM III

MATERYAL VE METOT

Bu çalışmada kullanılan afit örnekleri, 2012-2014 yılları Mayıs-Ekim ayları arasında Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinde Cupressaceae ve Pinaceae familyasına ait farklı konak bitkiler (*Pinus* spp., *Cedrus* spp., *Plathyclusus* spp., *Cupressus* spp., *Juniperus* spp.) üzerinden toplandı. Arazi örneklemeleri sırasında yaklaşık 600 koloniden afit örnekleme yapıldı. Örnekleme gerçekleştirilirken çalışma alanını maksimum düzeyde temsil edecek şekilde tüm lokalitelerden örnekleme yapılmaya özen gösterilmiştir. Konak bitki üzerinden toplanan örneklerin fotoğrafları çekilmiş ve % 95 etanol içeren ependorf tüpleri içine alınmış, tüpler toplayıcı numarası ile etiketlenmiştir. Her populasyonun örneklendiği konak bitkinin yaprak, gövde, kozalak gibi kısımları doğru tanımlamada sıkıntı yaşanmaması için fotoğraflanmış, örnekleme alanına ait lokalite bilgileri ve tarih not edilmiştir. Örnekler için bilgiler EK-1’de verilmiştir.

Örneklenen her populasyon’dan elde edilen bireylerin teşhisleri, Blackman ve Eastop (2016)’ya göre yapıldı. Teşhis anahtarlarından belirlenen türlerden Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinin tamamında dağılım gösteren üç türün (*Cinara cedri*, *C. tujaefilina* ve *C. schimitscheki*) örnekleme alanının genelini temsil edecek sayıda bireyin (en az üç birey) morfometrik ölçümleri yapıldı. Moleküler çalışmalarda sekiz türe ait 54 bireyin DNA dizileri oluşturuldu ve gen dizileri arasındaki farklılığı ortaya koymak amacıyla çeşitli filogenetik analizler gerçekleştirildi. Gen Bankasından bu türlere ait aynı gen bölgesini temsil eden gen dizileri alındı ve ayrıca yine Gen Bankasından alınan *Pineus armandicola* (EF073106) ve *Adelges cooleyi* (EU786272) türlerinin dizi veri setleri filogenetik analizlerde dış grup olarak kullanıldı (Havill vd., 2007; Ahern vd., 2009). % 95’lik etanol içerisinde bulunup kullanılmayan bireyler de Niğde Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü Afrit laboratuvarında muhafaza edilmek üzere ependorf tüpleri içerisinde etiketlenerek saklandı.

3.1 Çalışma Alanının Özellikleri

3.1.1 Afyonkarahisar ilinin genel özellikleri

Denizden yüksekliği 1.015 m olan Afyonkarahisar ili ve çevresinde tipik bir bozkır iklimi gözlenmektedir. Ortalama sıcaklık, 11.27°C'dir. Yıllık yağış miktarı 410-478 mm arasındadır. Ormanlarında karaçam, akçam, meşe, kızılmeşe ve ardıç ağaçları mevcuttur (Doğanay, 1997).

3.1.2 Uşak ilinin genel özellikleri

İlin denizden uzaklığı, 911m'dir. Uşak ili ortalama sıcaklığı 12.01 °C'dir. Yıllık yağış miktarı, 430-700 mm arasındadır. Ormanlarda meşe, palamut meşesi, karaçam, kızılçam, dişbudak, karaağaç, ahlat, çınar ve ardıç ağaçları bulunur (Doğanay, 1997).

3.1.3 Kütahya ilinin genel özellikleri

İlin deniz seviyesinden yüksekliği, yaklaşık olarak 1000-1200 m arasındadır. Kütahya ilinin iklimi, Ege, Marmara ve İç Anadolu bölgelerinin iklimleri arasında bir "geçiş iklimi" niteliği taşımaktadır. Ortalama sıcaklık 10.79 °C'dir. Yıllık yağış miktarı ortalama 600-1100 mm. arasındadır. Domaniç ve Kütahya Merkez'de kızılçam ve karaçam ormanları, ilin iç kesimlerinde mazı meşesi, saçlı meşe ve Lübnan meşesinden oluşan meşe ormanları, Emet ve Tavşanlı'da ardıç ve karaçam ormanları, Gediz ve Simav'da kestane, atkestanesi ve kızılçam ormanları yaygın olarak bulunmaktadır (Doğanay, 1997).

3.1.4 Niğde ilinin genel özellikleri

İlin deniz seviyesinden yüksekliği, yaklaşık olarak 1.229 m'dir. Niğde'de yapılan gözlemlere göre ortalama sıcaklık 10,8 °C'dir. Niğde'de yıllık yağış ortalaması, 330 mm'dir. İlde doğal vejetasyon; ot formasyonu (step ve ağaçlı antropojen step), orman formasyonu (meşe, kızılçam, karaçam, göknar, sedir ve ardıç birlikleri ile karışık tipler) ve subalpin (*Astragalus*, *acontholimon birlikleri*) ve alpin formasyon (*Vicia birlikleri*) alanlarından meydana gelmektedir (Düzenli, 1976).

3.2 Örneklerin Toplanması ve Saklanması

Konak bitki üzerinden afit örnekleri yumuşak ve ince uçlu fırçalar yardımıyla içinde %95'lik etil alkol bulunan ependorf tüplerinin içine aktarıldı. Örnekleme genellikle yoğun koloniler üzerinden yapıldı ve bir koloniden yaklaşık 5-20 örnek alındı. Her ependorf tüpü üzerine çalışmanın her aşamasında kullanılacak etiket numarası yazıldı. Çalışılan örneğe ait genel bilgiler (tarih, lokalite, konak, yoğunluk, karınca varlığı) arazi defterine yazıldı.

3.2.1 Örneklerin preparasyonu

Her bir konak üzerinde ve lokaliteden toplanmış örneklerin belirli bir miktarı morfolojik ölçümler ve teşhisler için kalıcı preparasyona tabi tutuldu, bir kısmı da moleküler çalışmalarda kullanmak amacıyla % 95'lik alkolde korumaya alındı. Örneklerin preparasyonu, Martin (1983)'e göre yapıldı. Preparasyonu yapılmış örnekler bir hafta etüvde kurutulmaya bırakıldı ve teşhis aşamasına geçildi.

3.2.1.1 Preparasyon

Örneklerin preparasyonu, Martin (1983)'de belirtilen prensiplere göre yapıldı. % 95'lik etil alkol de bulunan örnekler 1-2 dakika sıcak su banyosunda kaynatıldı. Alkol pipetle uzaklaştırıldı, 1 cm derinliğinde % 10'luk KOH ilave edildi 3-5 dakika kaynatıldı. KOH boşaltıldı, her defasında en az beş dakika olmak üzere 5-6 kez distile su ile yıkandı. Distile su uzaklaştırıldı, 1 cm glasiyel asetik asit eklendi ve 2-3 dakika bekletildi. Bu işlem birkaç kez tekrarlandı. Renk açıcı olarak örneklerin içinde yüzeceği kadar karanfil yağı eklendi, örneklerin durumuna göre renk açılana kadar 20 dakika bekletildi. Lama ince bir şekilde damlatılan kanada balsamı üzerine 1-2 birey uygun şekilde yerleştirildi. Ksilene batırılıp çıkarılan lamel uygun bir açı ile hava kabarcığı bırakmadan kapatıldı. Preparatlar 50 °C'de bir hafta kurumaya bırakıldı. Preparasyonu uygun şekilde yapılan örnekler numaralandırılarak teşhis edildi. Alındığı yer, tarih, bitki adı ve afitin tür adı lamaların üzerine yazılarak, lamalar preparat kutusu içerisinde muhafaza edildi.

3.3 Morfolojik Çalışmalar

Morfometrik çalışmaların temelini morfolojik karakterlere dayalı oluşturulan teşhis anahtarlarına dayanarak türlerin teşhisleri ve lokalitenin bu morfolojik karakterler üzerinde etki düzeyinin ortaya konulması oluşturmaktadır. Türlerin teşhisleri Blackman ve Eastop (2006 ve 2016)'a göre yapılmıştır. Beş farklı konak (*Pinus* spp., *Cedrus libani*, *Plathyclusus* spp., *Cupressus* spp., *Juniperus* spp.) üzerinden yaklaşık olarak 600 koloni toplanmış ve teşhisleri konak bitkiye özelleşmiş teşhis anahtarlarıncı yapılmıştır. Teşhisler, Olympus BX-53 mikroskopu ile yapılmıştır. Bu türlere ilişkin teşhis anahtarları, EK-2'de verilmiştir.

3.4 Morfometrik Analizler

Araştırma materyalini oluşturan örneklerin, morfolojik karakterleri arasında olması muhtemel farklılıkları ortaya koymak amacıyla *Cinara* cinsine mensup teşhisi yapılan 600 koloniden belirlenen 258 bireyin morfometrik karakterlerinin ölçümleri, en az üç birey üzerinden yapıldı. Morfometrik ölçümler, DP-73 fotoğraf çekme aparatlı Olympus BX-53 mikroskobu ile yapıldı. Ölçümler sırasında mikroskobun 4x objektifi kullanıldı ve milimetrik ölçümler alındı.

Örneklenen populasyonlardan 258 birey üzerinden morfometrik ölçümler yapıldı. Toplanan örneklerin ¼'lik kısmı ergin olmadığından ölçümleri yapılmadı. Sedir üzerinden teşhis edilen *Cinara cedri*, mazı üzerinden toplanan *C.tujafilina* ve çam üzerinden örneklenen *C. schimitscheki* bireylerinin tümünün morfometrik ölçümleri tamamlandı.

3.4.1 Morfometrik analizlerde kullanılan karakterler

Çalışma materyalini oluşturan örnekler üzerinden yapılan ölçümlerde, 24 morfolojik karakter ve dört oran ele alınmıştır. Bu bilgiler, Çizelge 3.1'de ayrıntılı olarak verilmiştir.

Çizelge 3.1. Morfometrik ölçümlerde kullanılan karakterler

	Kantitatif Karakter	Betimlemesi
1	AntIV	Antenin 4. segmentinin uzunluğu
2	AntVI	Antenin 6. segmentinin uzunluğu
3	HTIBD	Hind Tarsus I taban çapı
4	RIV	Rostrum 4. segment uzunluğu
5	RV	Rostrum 5. segment uzunluğu
6	SPHBD	Sifunkuli bazal çapı
7	ANTIV/VI*	Antenin dördüncü segment uzunluğunun altıncı segmente oranı
8	ANT6 Tüy	Antenin 6. segmenti üzerindeki tüy sayısı
9	HTII	Hind Tibia II uzunluğu
10	ANTIII	Antenin 3. segmentinin uzunluğu

Elde edilen sayısal veriler, Microsoft Excel programı içerisinde dosyalandı (EK-3) ve daha sonra analiz uygulamaları için SPSS (SPSS 19 for Windows paket programı) (Landau ve Everitt, 2004) programı içine aktarıldı ve analizleri yapıldı (Kalaycı, 2009).

3.4.2. Morfometrik analizlerde kullanılan istatistiksel metotlar

Farklı konaklar üzerinden örneklenmiş bireylerin tür teşhisleri sonrasında yapılan morfometrik ölçümleri ile elde edilen sayısal değişkenler, Temel Öğeler Analizi (PCA=Faktör Analizi), Ayrışım Fonksiyon Analizi (DFA), Kanonikal Ayrım Analizi (CDA), Multivaryete analizi (General Linear Model), One way ANOVA gibi çok değişkenli istatistiksel metotlar ve nümerik taksonomik yöntemler ile analiz edildi (Oğuzhan ve Aydın, 2000; Tonya, 2008; Dedeoğlu, 2014). Analizlerin uygulamalarında SPSS 19 for Windows (Landau ve Everitt, 2004) paket programı kullanıldı.

3.5 Moleküler Analizler

Araştırma materyalini oluşturan *Cinara* türlerine ait örnekler -20°C'lik dondurucuda ve % 95'lik etil alkolde muhafaza edildi. Kullanılacak örnekler, fırça yardımıyla tek tek endoparazit tüplerine aktararak genomik DNA izolasyonu için hazır hale getirildi. Tüm laboratuvar işlemleri sürecinde DNA'nın bozulmasına neden olabilecek denatüre edici ajanlara karşı tüm kimyasallar, buz içinde muhafaza edildi. Kontaminasyonu engellemek için steril malzemeler kullanıldı.

3.5.1 Genomik DNA izolasyonu ve PCR ürünlerinin jel üzerinde görüntülenmesi

3.5.1.1 Mitokondriyal DNA izolasyonu

Preparasyonu ve teşhisi yapılmış *Cinara* türlerine ait örneklerden mtDNA çalışmaları için öncelikle DNA izolasyonu yapıldı. Genomik DNA izolasyonu, % 95'lik etil alkolde saklanan her popülasyonlardan alınan birer birey ile gerçekleştirildi. DNA izolasyonu için DNA izolasyon kiti (Invitrogen, PureLink Genomic DNA Kits) kullanıldı. Dondurulmuş haldeki örnekler, DNA kontaminasyonuna izin verilmeden 180 µl PBS tamponu ile ezildi ve aşağıda aşamaları verilen kit yöntemi (Invitrogen) uygulandı.

Eppendorf tüplerine aktarılan ezilmiş örneklerin her birine 20 µl Proteinaz K eklendi. Parçalama (Lysis) işlemi tamamlanana kadar 1-4 saat 55 °C'de inkübe edildi. Tüpler, oda sıcaklığında 3 dakika maksimum hızda santrifüj edildi. Lizata (parçalanma sonrası ortaya çıkan hücre içeriği) 20 µl RNase A eklendi ve vortekslendi. Sonra 2 dakika oda sıcaklığında inkübe edildi. 200 µl Genomic Lysis/Binding tamponu eklendi ve homojen bir solüsyon elde edebilmek için vortekslemek suretiyle iyice karıştırıldı. Lizata 200 µl % 96-100 etanol eklendi ve vortekslendi. Lizat kolonlara (~640 µl) yüklendi. Oda sıcaklığında 1 dakika 10000 g'de santrifüj edildi. Koleksiyon tüpleri çıkarıldı ve kolonlar yeni koleksiyon tüplerine yerleştirildi. 500 µl etanolle hazırlanmış Yıkama Tamponu I (Wash Buffer I) ile kolon yıkandı. Oda sıcaklığında 1 dakika 10000 g'de kolonlar santrifüj edildi. Koleksiyon tüpleri çıkarıldı ve kolonlar yeni koleksiyon tüplerine yerleştirildi. 500 µl etanolle hazırlanmış Yıkama Tamponu II (Wash Buffer II) ile kolon yıkandı. Kolonlar oda sıcaklığında üç dakika maksimum hızda santrifüj edildi. Kolonlar steril 1.5 ml mikrosantrifüj tüplerine yerleştirildi. 25-200 µl Genomic Elüsyon Tamponu (Elution Buffer) ile DNA ayrıştırıldı. Kolonlar oda sıcaklığında 1 dakika maksimum hızda santrifüj edildi. Dipte kalan kalıp DNA'dan kısa süreli olarak saklanacak kısmı +4 °C'de, uzun süreli olarak -20 °C'de muhafaza edildi.

3.5.1.2 Genomik DNA'ların yürütüleceği agaroz jelin hazırlanması

İzole edilen genomik DNA'ların ve PCR ürününün elde edilip edilmediğini ve genomik DNA'ların miktarını belirlemek için agaroz jel elektroforez metodu kullanıldı. Kullanılan tanka göre değişmekle beraber % 1'lik agaroz jel için 250 ml'lik bir erlen

içerisine 1.5 gr agaroz (Sigma) ve üzerine 150 ml 1 X TAE (Trisma Base, Glacial Asetic Acid, EDTA) eklendi. Erlen içerisinde jel ısındıkça buharlaşmaması için alimünyum folyo ile kaplandı ve karıştırıldı. Erlen mikrodalga fırında 2 dakika bekletildi, kabarcıklı bir jel görünümü oluşmuşsa yeniden karıştırılıp mikrodalga fırında 30 saniye ısıtıldı. Jel haline gelen karışım içerisine 10 mg/ml EtBr (Ethidium Bromide) çözeltisinden 8 µl eklendi ve kapağı kapatılarak hafifçe çalkalandı. Jel döküldükten sonra kuyucukları oluşturacak taraklar yerleştirildi. Hazırlanan jel soğuduktan ve katılaştıktan sonra, taraklar çıkarıldı ve tank elektroforez içinde kuyucuklar akım yönünde olacak şekilde yerleştirildi. Üzerine jelin üst kısmını kaplayacak kadar 1X TAE (Trisma Base, Glacial Asetic Acid, EDTA) tamponu eklendi. Agaroz jel, DNA ürünlerinin yüklenme aşamasına hazırlanmış oldu.

3.5.1.3 Genomik DNA'ların agaroz jel üzerinde yürütülmesi ve görüntülenmesi

İzole edilen ve ependorf tüplerinde -20 dondurucu'da bekletilen genomik DNA'dan 10 µl alınıp temiz bir PCR strip tüpüne konuldu ve üzerine 2 µl 6X yükleme boyası (Loading Dye (% 40'luk Sükroz, Xylene Cyanol FF ve Bromophenol Blue)) eklenerek, karıştırıldı ve tarakların jel içerisinde açtığı kuyucuklara yüklendi. Jele 100 volt doğrusal akım verilerek elektriksel alanda 60 dakika örneklerin jel üzerinde yürütmesi sağlandı. Bu işlemin sonunda jel tanktan çıkartılarak UV'li görüntüleme cihazına yerleştirildi ve Vilber Lourmat Quantum-ST4 sistemi ile jel görüntülendi ve fotoğrafları çekildi.

3.5.1.4 Mitokondriyal DNA içerisinde ilgili gen bölgesinin polimeraz zincir reaksiyonu'yla çoğaltılması

Elde edilen örneklerin istenen gen bölgesi, PCR metoduyla çoğaltıldı. mtDNA COI gen bölgesini (~680 bp) çoğaltmak için COIS (ileri) ve COIA (geri) isimli spesifik primer çiftleri kullanıldı (El Mujtar vd., 2009). mtCOI gen bölgesi için kullanılan spesifik primer çifti, Çizelge 3.2.'de verildi.

mtDNA COI gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan primerlerin optimizasyonu yapıldı ve en uygun bağlanma sıcaklıkları, gradient PCR (Mygenie 96 Térmica bloque

Pcr bioneer) ile tespit edildi. mtCOI gen bölgesi PCR döngü programı, Çizelge 3.3’de verildi.

Çizelge 3.2. mtCOI gen bölgesi için kullanılan spesifik primer çifti

Primer	Baz Dizisi	Bağlanma Sıcaklığı	Kaynak
COIS	5_-GGAGGATTTGGAAATTGATTAGTTCC-3	56°C	(El Mujtar vd., 2009)
COIA	5_GCTAATCATCTAAAAATTTTAATTCCTGTT GG-3	56°C	(El Mujtar vd., 2009)

Çizelge 3.3. mtCOI gen bölgesi PCR döngü programı

	Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü
1	<i>Ön Denatürasyon</i>	94 °C	6 Dakika	1 Döngü
2	<i>Denatürasyon</i>	94 °C	1 Dakika	35 Döngü
3	<i>Primer Bağlama</i>	56 °C	1dk 30 saniye	
4	<i>Zincir Uzama</i>	72 °C	1dk 30 saniye	
5	<i>Sonlandırma</i>	72 °C	5 Dakika	1 Döngü
6	<i>Saklama</i>	+4 °C	Süresiz	

Çizelge 3.4. PCR karışım bileşenleri (Master Mix)

	Kimyasal PCR Bileşenleri	Konsantrasyon	Karışıma Eklenen Hacim
1	Taq DNA Polimeraz (Fermantes)	1.5 u	0.3 µl
2	10mM dNTPmix (Fermantes)	0.2 mM	1 µl
3	10XTaq Buffer	1X	5 µl
4	25 mM MgCl ₂	1.5 mM	4µl
5	BSA		5 µl
6	10 µM COI Primer (Ella Biotech)	0.8 µM	2µl
7	10 µM COS Primer (Ella Biotech)	0.8 µM	2µl
8	dH ₂ O		28.7µl
9	Genomik DNA		2 µl
TOPLAM			50 µl

PCR bileşenleri için iki farklı firmanın ürünleri (Thermo Scientific, Maxima Hot Start Taq DNA Polimeraz) kullanıldı ve en uygun olan ürünleri seçilerek, karışıma katılacak

miktarları hesaplandı. mtDNA COI gen bölgesinin çoğaltılması için kullanılan kimyasallar ve miktarları, Çizelge 3.4. de verildi.

Örneklerin herbiri için PCR strip tüplerinin içerisine 48 µl master mix pipetlendi ve üzerine 2 µl genomik DNA yüklendi.

3.5.1.5. PCR ürünlerinin UV altında görüntülenmesi

Örneklerin PCR ürünlerinin elde edilip edilmediğini ve kalitesini belirlemek amacıyla % 1'lik agaroz jel üzerinde elektroforez yöntemi uygulandı. Jel üzerindeki kuyucuklara yüklemek amacıyla 10 µl PCR ürününden alıp steril bir PCR tüpü içerisine pipetlendi, kalanı DNA dizisi oluşturulmak üzere analiz için saklandı.

Üzerine 2 µl 6X yükleme boyası (Thermo Scientific) eklenip pipetle karıştırıldı. Hazırlanan ürün pipetle kuyucuklara yüklendi. İlk kuyucuğa 5 µl 100 bç'lik DNA Ladder (Thermo Scientific) konuldu. Elektroforez tankındaki jele 100 Volt doğrusal akım verilerek elektriksel alanda örnekler 60 dakika yürütüldü. Süre sonunda jel tanktan çıkarıldı ve Vilber Lourmat Quantum-ST4 sistemi ile jel görüntüledi.

3.5.2 PCR ürünlerinin saflaştırılması ve gen bölgesinin DNA dizi analizi

3.5.2.1 PCR ürünlerinin saflaştırılması

Jel üzerinde gözlenen her bir örneğe ait bantların kontrolünden sonra tek bant vermiş olan ve istenilen baz çifti uzunluğunda olan örneklerin DNA dizi analizi yapıldı. Örneklerin PCR ürünlerinin saflaştırılma işlemi, hizmet alımı şeklinde yapıldı (Macrogen-Seul, Güney Kore).

3.5.2.2 PCR ürünlerinin DNA dizi analizi

Dizi analizine gönderilecek örneklerin, 50–250 ng/ul DNA içeren ürünlerin PCR ürünleri saflaştırma işlemi yapılmadan doğrudan dizi analizine, Macrogen (Seul, Güney Kore) firmasına gönderildi ve hizmet alımı şeklinde PCR ürünlerinin saflaştırılması ve

PCR aşamasındaki aynı primerler kullanılarak hem ileri hem de geri yönde DNA dizi analiz işlemleri yaptırıldı.

3.5.2.3 Mitokondriyal DNA COI geni dizilerinin hizalanması ve düzenlenmesi

DNA dizileri elde edilen örneklerin dizilerinin hizalanması işlemleri Bioedit (7.2.5) ve Geneious® version R9 programları kullanılarak gerçekleştirildi. Her örneğin ileri ve geri yöndeki DNA dizi verileri alta alta getirilmiş, geri yöndeki DNA dizisi revers komutu ile ters çevrilip konsensus oluşturulmuş ve pikler tek tek kontrol edilmiştir. Alt alta eklenen örnekler, multipli alignment seçeneği ile birleştirilmiştir. Belirli bir uzunlukta düzenlenen veriler, FASTA formatında kaydedilmiştir.

3.5.3 Mitokondriyal DNA COI geni dizilerinin filogenetik analizleri

Cinara türlerinin filogenetik analizleri, üç aşamada gerçekleştirildi. Çalışılan bölgeden elde edilen mtDNA COI gen bölgesine ait DNA dizileri, her konak bitki için ayrı ayrı biraraya getirildi. Bu verilerin haplotip sayısını belirlemek amacıyla DnaSP version 5.00.04 programı (Rozas ve Librado, 2009) kullanıldı. Bu haplotipler ile oluşturulan veri seti ve Gen Bankası'ndan dış grup olarak alınan *Adelges cooleyi* (EU786272) ve *Pineus armandicola* (EF073106) ile filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. İkinci veri seti olarak çalışma alanı ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Cinara* cinsine mensup bu türlere ait tüm mtDNA COI bölgesi DNA dizileri, her konak bitki için yeniden oluşturuldu. Haplotip sayısını belirlemek amacıyla DnaSP version 5.00.04 (Rozas ve Librado, 2009) programı kullanıldı. Üçüncü veri seti olarak da sadece çalışma alanından örneklenmiş türlerin konaklarına göre filogenetik ağaçlar oluşturuldu. Farklı konaklardan örneklenen *Cinara* türlerinin dizilerinin filogenetik analizlerin de uzaklık mesafe, parsimoni ve likelihood tabanlı metotlar gibi evrimsel ağaç oluşturma metodları kullanılmıştır. Türkiye'den dört farklı lokaliteden ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Cinara* veri setlerinde Maksimum Parsimoni (MP), Maksimum olasılık (ML) ve Neighbor Joining (NJ) analizleri MEGA6 programı (Tamura, 2013) ile yapılmış ve güvenilirlikleri 5000-10.000 tekrarlı olarak test edilmiştir (Felsenstein, 1985). Ayrıca Bayesian analizi, MrBayes Programı (Huelsenbeck, 2001) programı ile yapılmıştır.

3.5.3.1 Dış grup seçimi

Filogenetik analizlerde kullanılan dış gruplar, analizi yapılacak olan gruplara uzak akraba olan bir veya birden fazla taksonun DNA dizisinden oluşturuldu. Dış grup olarak *Pineus armandicola* ve *Adelges cooleyi* türleri seçilmiştir. Dış grup olarak kullanılan DNA dizileri ile ilgili bilgiler Çizelge 3.5.'de verilmiştir.

Çizelge 3.5. Filogenetik analizlerde kullanılan dış gruplar

	Gen Bankası Numarası	Tür	Kaynak
1	EF073106	<i>Pineus armandicola</i>	(Havill vd., 2007)
2	EU786272	<i>Adelges cooleyi</i>	(Ahern vd., 2009)

3.5.3.2 Mitokondriyal sitokrom c oksidaz I gen bölgesine ait dizilerin genetik analizleri

mtDNA COI gen bölgesinden spesifik primer çifti ile elde edilen dizilerin monomorfik, polimorfik bölgeleri, haplotip çeşitlilikleri (Hd), nükleotit çeşitliliği (Pi, π) DnaSP version 5.00.04 program (Rozas ve Librado, 2009) ile hesaplanmıştır. Haplotiplerin baz kompozisyonları da hesaplanmıştır.

3.5.3.3 DNA veri setleri için en uygun baz değişim modelinin belirlenmesi

Örneklerden elde edilen DNA dizileriyle gerçekleştirilecek filogenetik analizleri (Bayesian ve Maksimum Likelihood) için en uygun baz değişim modeli jModelTest1 (Darriba vd., 2012) ve MEGA6 (Tamura, 2013) programları ile belirlenmiştir. Bu programlardan elde edilen en uygun baz değişim modelleri arasından en yüksek bootstrap değerine sahip olanlar, analizlerde model olarak kullanılmıştır. Neighbor Joining analizinde Kimura-2-Parametre (K2P) (Kimura, 1980) baz değişim modeli de kullanıldı.

3.5.3.4 Mitokondriyal sitokrom c oksidaz I haplotiplerinin genetik uzaklık (Distance) analizi

mtDNA COI gen bölgesinden spesifik primer çifti ile elde edilen her taksona ait DNA dizi setleri arasındaki genetik uzaklık değerleri, MEGA6 (Tamura, 2013) programıyla Kimura-2-Parametre (K2P) (Kimura, 1980) baz değişim modeli kullanılarak belirlendi.

3.5.3.5 Neighbor joining (Komşu Birleştirme) (NJ) analizi

Cinara örneklerinin mtDNA COI gen bölgesine ait dizileri, MEGA6 (Tamura, 2013) programına aktarıldı ve Kimura-2-Parametre (Kimura, 1980) baz değişim modeli ile analizi yapıldı (Saitou ve Nei, 1987). Bu analizde 10.000 tekrarlı bootstrap (replikasyon) değerlendirmesi kullanıldı.

3.5.3.6 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi (ML)

Cinara örneklerinin farklı lokalitelerden alınmış haplotiplerinin mtDNA gen dizilerinin Maksimum Likelihood (Olasılık) analizleri, MEGA6 (Tamura, 2013) programı ile hesaplandı. Analizde jModelTest1 (Darriba vd., 2012) programı ile elde edilen en uygun baz modeli kullanıldı ve haplotip kümelerinin desteklenme derecesini belirlemek için 5.000 tekrarlı bootstrap (replikasyon) analizi yapıldı.

3.5.3.7 Maksimum parsimoni analizleri (MP-Tutumluluk analizi)

Maksimum Parsinomi analizinde örneklerin dizi setleri, ayrı ayrı MEGA6 (Tamura, 2013) programa aktarıldı ve hesaplamalar için bootstrap analizi 5.000 tekrar (replikasyon) kullanılarak yapıldı. MP analizi sonucunda oluşturulan olası en kısa ağaçların ağaç uzunlukları (tree lenght, TL), tutarlılık indeksi (consistency index, CI) ve koruma indeksi (retention index, RI) belirlendi. Üretilen olası en kısa ağaçları özetleyen konsensus ağaçları oluşturuldu.

3.5.3.8 Bayesian analizi (BI)

Cinara türlerinin Bayesian tabanlı ve Markov Chain Monte Carlo (4-MCMC) temelli filogenetik analizlerinde, MrBayes 3.1.2 (Huelsenbeck ve Ronquist 2001; Ronquist ve Huelsenbeck 2003) programı kullanıldı. Analizler için gerekli parametreler seçilmiştir (mcmc ngen=20000 relburnin=yes burninfrac=0.25 printfreq=100 samplefreq=100 nchains=4 diagnfreq: 1000 savebrlens=yes temp=0.02). Ağaç örnekleme her 1.000 basamak için 20.000 nesile göre yapıldı. Bayesian ağaçlarının çizimi, FigTree v1.3.1 programı (Rambaut, 2009) ile yapıldı.

3.5.3.9 Network analizi

Bu çalışmada farklı lokalitelerden örneklerden ve Gen Bankası'ndan elde edilen mtDNA sitokrom oksidaz I gen bölgesi dizilerinden oluşturulan haplotip veri setinin network analizi, Network 5.0.0.0 software (Bandelth vd., 1999) programı ile Median-joining (MJ) metodu kullanılarak yapıldı.

BÖLÜM IV

BULGULAR

Bu çalışma kapsamında elde edilen verilerin analizleri sonucunda ortaya çıkan bulgular, (i) morfolojik bulgular, (ii) morfometrik bulgular, (iii) moleküler bulgular ve filogenetik analizler olmak üzere üç başlıktan oluşmaktadır.

4.1 Örneklenen Populasyonların Tanımlanması

Arazi ve laboratuvar çalışmaları sonucunda Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinde değişik konak bitkiler üzerinde koloni oluşturan *Cinara* populasyonlarına ait türler belirlenmiştir.

Çizelge 4.1. Konak bitki ve afit listesi

	KONAK BİTKİ	AFİT
Pinaceae	<i>Cedrus</i> (sedir) spp.	<i>Cinara cedri</i> <i>Cinara confinis</i> <i>Cinara curvipes</i> <i>Cinara indica</i> <i>Cinara laportei</i>
	<i>Pinus</i> (çam) spp.	<i>Cinara acutirostris</i> <i>Cinara brauni</i> <i>Cinara maghrebica</i> <i>Cinara palaestinensis</i> <i>Cinara pilicornis</i> <i>Cinara pini</i> <i>Cinara pinihabitans</i> <i>Cinara pinimaritimae</i> <i>Cinara piniphila</i> <i>Cinara pinivora</i> <i>Cinara schimitscheki</i> <i>Cinara setosa</i> <i>Cinara watanabei</i>
Cupressaceae	<i>Plathyclusus</i> (mazı) spp.	<i>Cinara tujaefilina</i> <i>Cinara fresai</i>
	<i>Cupressus</i> (servi) spp.	<i>Cinara cupressi</i> <i>Cinara tujaefilina</i>
	<i>Juniperus</i> (ardıç)spp.	<i>Cinara oxycedri</i> <i>Cinara juniperensis</i> <i>Cinara wahlua</i>

Tespit edilen türler, mevcut teşhis anahtarlarına göre tanımlandı ve beş konak bitki üzerinden toplanan yaklaşık 600 koloniden, *Cinara* cinsine mensup toplamda 24 tür teşhis edilmiştir. Bu türlerden *Cinara piniphila* (Ratzeburg, 1844), *C. indica* Verma, 1970; *C. juniperensis* (Gillette ve Palmer, 1925); *C. oxycedri* Binazzi, 1996; *C. setosa* (Börner, 1950) Türkiye için yeni kayıt olarak verilmiştir (Şenol vd., 2014, 2015). Bu türler ve konak bitkileri, Çizelge 4.1.'de verildi. Tespit edilen türlerin Dünya dağılımları da Şekil 4.1.'de verildi.

Belirlenen türlere ait genel özellikler, dağılım, görünüm, konak bitki gibi özellikler literatür bilgileri ve gözlemlere dayalı olarak verilmiştir. Bu türlere ilişkin arazi defteri kayıtları EK-1'de verilmiştir.

4.1.1 Türlerin genel özellikleri

4.1.1.1 *Cinara (Cedrobium) laportei* (Remaudière, 1954)

Çalışma kapsamında *Cedrus* türlerinin dalları üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara laportei* türünün dört popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır.

4.1.1.2 *Cinara (Cinara) acutirostris* Hille Ris Lambers, 1956

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinde iğne yaprak dip kısmından veya dalları üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara acutirostris* türünün üç popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.1.).



Fotoğraf 4.1. *Cinara acutirostris* 'in *Pinus* sp. üzerinden görünümü



Şekil 4.1. Çalışma kapsamında belirlenmiş *Cinara* türlerinin dünya dağılımları

(1. *C. laportei*, 2. *C. acutirostris*, 3. *C. brauni*, 4. *C. cedri*, 5. *C. confinis*, 6. *C. curvipes*, 7. *C. indica*, 8. *C. juniperensis*, 9. *C. maghrebica*, 10. *C. palaestinensis*, 11. *C. pilicornis*, 12. *C. pini*, 13. *C. pinihabitans*, 14. *C. pinimaritimae*, 15. *C. piniphila*, 16. *C. pinivora*, 17. *C. schimitscheki*, 18. *C. setosa*, 19. *C. wahuca*, 20. *C. watanabei*, 21. *C. cupressi*, 22. *C. fresai*, 23. *C. oxycedri*, 24. *C. tujaefilina*)

4.1.1.3 *Cinara (Cinara) brauni* Börner , 1940

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, açık kahverengi, abdomen siyahımsı kahverengi renklindedir. Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara brauni* türünün 24 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.2.).



Fotoğraf 4.2. (a) *Pinus* sp. üzerinde *Cinara brauni* bireyleri (b) *Cinara brauni*'nin karakteristik abdomen yapısı.

4.1.1.4 *Cinara (Cinara) cedri* Mimeur,1936

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, *Cedrus* sp. Dallarında ve gövde yarıklarında yoğun koloniler halinde beslendikleri ve genelde etraflarında yaz aylarında yoğun karınca ve bahar aylarında arı bulunduğu belirlendi. Çalışma kapsamında *Cedrus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara cedri* türünün 260 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.3.).

4.1.1.5 *Cinara (Cinara) confinis* (Koch,1856)

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler *Cedrus* sp. dallarında ve gövdedeki yarıklarda yoğun koloniler halinde beslendikleri ve etraflarında karınca, uğurböceği ve arı olduğu tespit edilmiştir. Çalışma kapsamında *Cedrus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara confinis* türünün altı popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.4.).



Fotoğraf 4.3. *Cinara cedri* türünün *Cedrus* spp.'nin dal ve sürgün (a-b) ve gövde (c) üzerindeki görünümü



Fotoğraf 4.4. *Cinara confinis* türünün *Cedrus* spp. üzerindeki görünümü

4.1.1.6 *Cinara (Cinara) curvipes* (Patch, 1912)

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, *Abies* sp. ve *Cedrus* sp. dallarında yoğun koloniler halinde belirlenmiştir. Ayrıca uyarılara karşı toplu olarak titreme şeklinde yanıt verdikleri ve yoğun balsı madde salgınımı yaptıkları belirlenmiştir. Çalışma kapsamında *Cedrus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara curvipes* türünün iki popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır. Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak belirlenmiş (Fotoğraf 4.5.).



Fotoğraf 4.5. *Cinara curvipes* türünün *Cedrus* sp. gövdesi üzerindeki görünümü

4.1.1.7 *Cinara (Cinara) indica* Verma, 1970

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, *Cedrus* sp. gövdesi üzerinden beslendiği ve karıncalarca da ziyaret edildikleri belirlendi. Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak belirlenmiştir. Çalışma kapsamında *Cedrus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara indica* türünün iki popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.6.).



Fotoğraf 4.6. *Cinara indica*'nın *Cedrus* sürgün ve gövdesinde zarar görmüş bölgedeki bireyleri

4.1.1.8 *Cinara (Cinara) juniperensis* (Gillette ve Palmer, 1925)

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, *Juniperus* sp. dalların uçlarında iğne yaprakların arasında beslendikleri belirlendi. Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak belirlendi. Çalışma kapsamında *Juniperus oxycedrus* üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara juniperensis* türünün bir popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.7.).



Fotoğraf 4.7. *Cinara juniperensis*'in *Juniperus* sp. sürgün ucu görünümü, *C. juniperensis*'in *Juniperus* genç sürgünündeki bireyi, ayırtedici HT I dorsal uzunluk-en oranı, ANTV taban kısmı-uç kısmı görünümü ve sifunkuli görünümü

4.1.1.9 *Cinara (Cinara) maghrebica* Mimeur, 1934

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara maghrebica* türünün 39 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.8.).



Fotoğraf 4.8. (a) *C. maghrebica* türünün genel görünümü (b) *Pinus* sp. üzerinde *Cinara maghrebica* bireyleri

4.1.1.10 *Cinara (Cinara) palaestinensis* Hille Ris Lambers, 1948

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara palaestinensis* türünün iki popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.9.).



Fotoğraf 4.9. *Cinara palaestinensis*'in genel görünümü ve *Pinus* sp. geniş sürgününün açık kahverenkli bireyleri

4.1.1.11 *Cinara (Cinara) pilicornis* (Hartig, 1841)

Çalışma bölgesinden elde edilen örneklerin, *Picea* sp.'nin iğne yapraklar arasında beslendikleri ve etraflarında karıncalar olduğu gözlemlendi. Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara pilicornis* türünün bir popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.10.).



Fotoğraf 4.10. *Cinara pilicornis*'in *Pinus* sp. sürgününde açık kahvrenkli bireyleri

4.1.1.12 *Cinara (Cinara) pini* (Linnaeus, 1758)

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara pini* türünün üç popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.11.).



Fotoğraf 4.11. (a) *Cinara pini* türünün *Pinus* spp. üzerindeki görünümü, (b-c) *Cinara pini* türünün ayırtıcı karakterlerinin görünümü

4.1.1.13 *Cinara (Cinara) pinihabitans* (Mordvilko, 1895)

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara pinihabitans* türünün üç popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır.

4.1.1.14 *Cinara (Cinara) pinimaritimae* (Dufour, 1833)

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara pinimaritimae* türünün 28 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.12.).



Fotoğraf 4.12. *Cinara pinimaritimae* türünün *Pinus* spp. üzerindeki görünümü ve ayırt edici karakteri (RIV+V)

4.1.1.15 *Cinara (Cinara) piniphila* (Ratzeburg, 1844)

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara piniphila* türünün altı popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.13.).



Fotoğraf 4.13. *Cinara piniphila* türünün *Pinus* spp. üzerindeki görünümü

4.1.1.16 *Cinara (Cinara) pinivora* (Wilson, 1919)

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara pinivora* türünün 21 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.14.).



Fotoğraf 4.14. *Cinara pinivora* türünün *Pinus* spp. üzerindeki ve genel görünümü

4.1.1.17 *Cinara (Cinara) schimitscheki* Börner, 1940

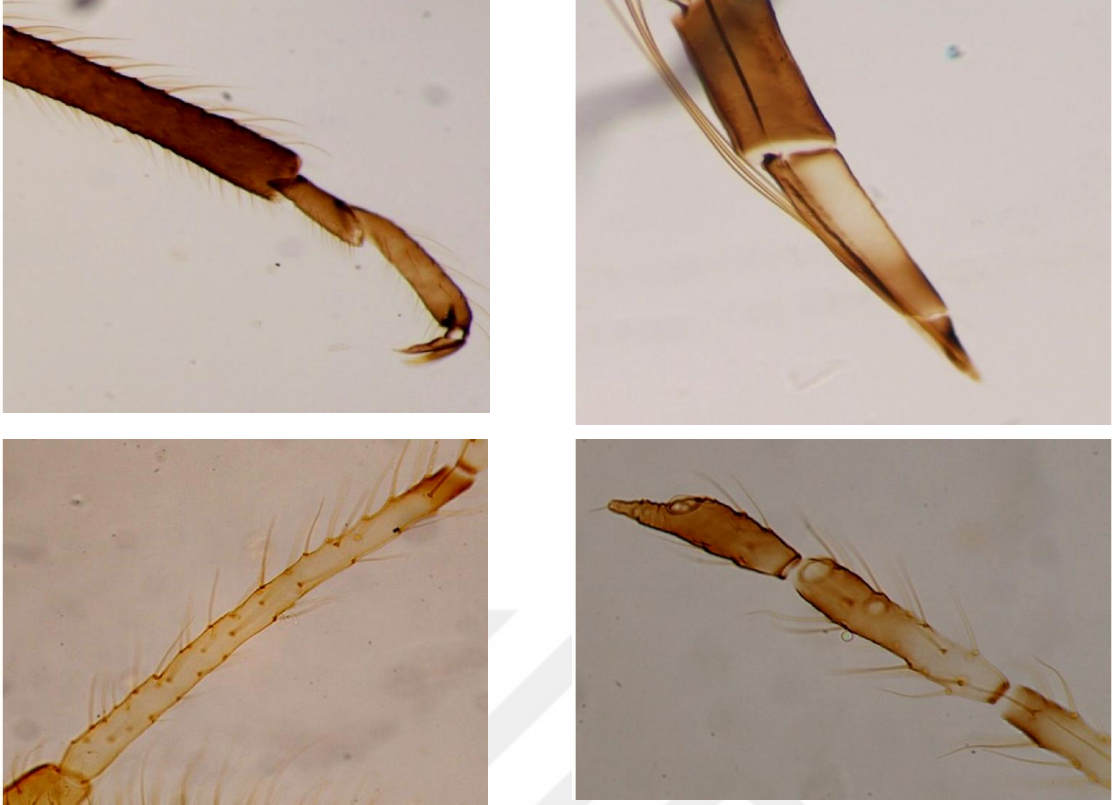
Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara schimitscheki* türünün 45 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.15.).



Fotoğraf 4.15. *Cinara schimitscheki* türünün *Pinus* spp. üzerindeki görünümü

4.1.1.18 *Cinara (Cinara) setosa* (Börner, 1950)

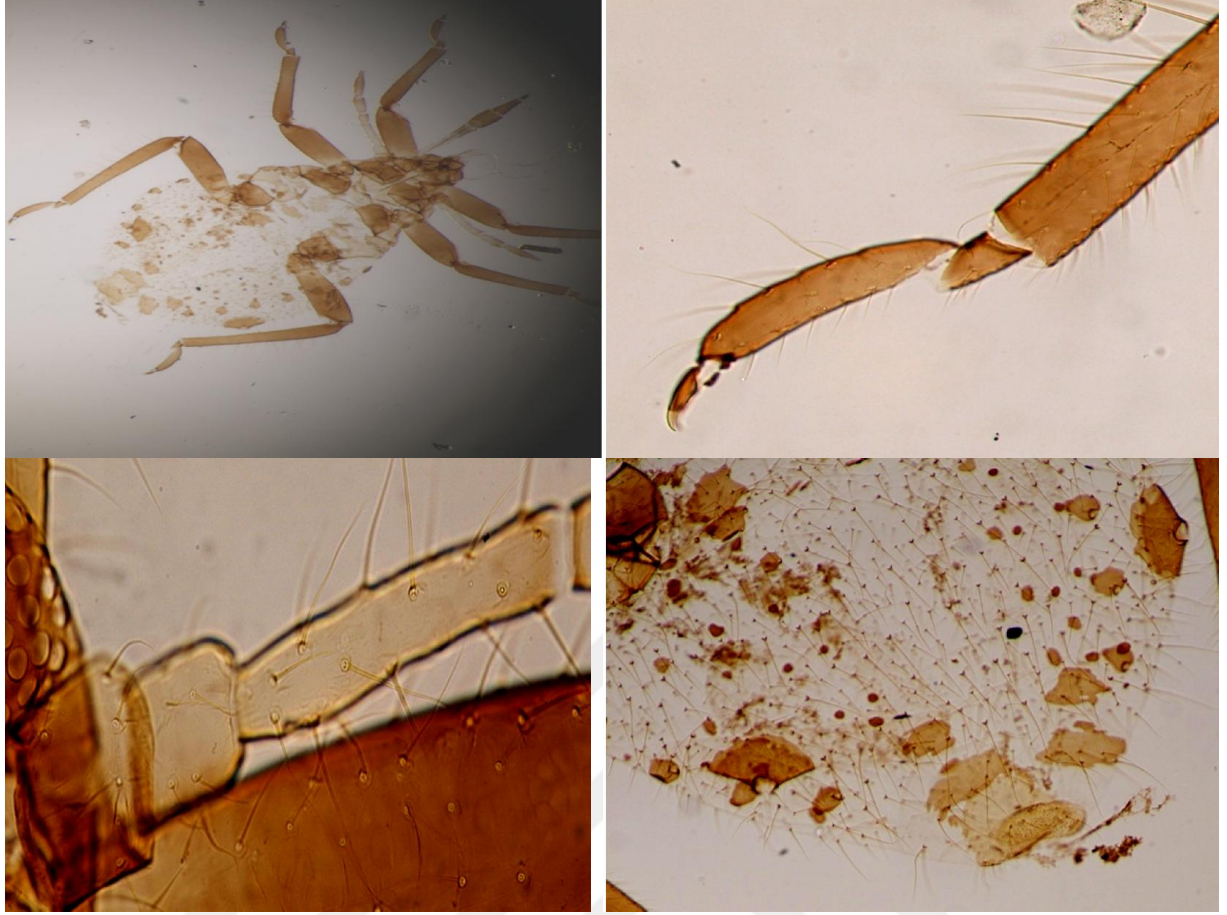
Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara setosa* türünün iki popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.16.).



Fotoğraf 4.16. *Cinara setosa*'nın ayırteıcı karakterleri; HTI-HTII oranı, URS görünümü, ANT III deki tüylerin görünümü ve ANT V-ANT VI oranı gibi karakterleri

4.1.1.19. *Cinara (Cinara) wahluca* Hottes, 1952

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, *Juniperus* sp. türünün iğne yapraklarının dip kısımlarında besleniyorlardı. Çalışma kapsamında *Juniperus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara wahluca* türünün bir popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.17.).



Fotoğraf 4.17. *Cinara wahluca*'nın genel görünümü; ayırtedici HT I dorsal uzunluk-en oranı, ANT III deki tüylerin segment çapına oranı ve sifunkuli konisi

4.1.1.20 *Cinara (Cinara) watanabei* Inouye , 1970

Çalışma kapsamında *Pinus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara (Cinara) watanabei* türünün 34 popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.18.).



Fotoğraf 4.18. *Cinara watanabei*'nin *Pinus* sp. genç sürüğünde iğne yaprak dibinde beslenen bireyleri

4.1.1.21 *Cinara (Cupressobium) cupressi* (Buckton, 1881)

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, *Juniperus* sp. dallarında koloniler oluşturdukları ve karıncalarca yoğun bir şekilde ziyaret edildikleri belirlendi. Çalışma kapsamında *Juniperus* spp. ve *Cupressus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara cupressi* türünün iki popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.19.).



Fotoğraf 4.19. *Cinara cupressi*'nin genel ve *Juniperus* sp.'nin uç sürgünündeki görünümü

4.1.1.22 *Cinara (Cupressobium) fresai* Blanchard, 1939

Çalışma bölgesinden elde edilen örnekler, *Plathycladus* sp. dallarının uç kısımlarında besleniyorlardı. Çalışma kapsamında *Plathycladus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara fresai* türünün bir popülasyonu üzerinden örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.20.).



Fotoğraf 4.20. *Cinara fresai* türünün mikroskop görüntüleri

4.1.1.23 *Cinara (Cupressobium) oxycedri* Binazzi, 1996

Juniperus spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara (Cupressobium) oxycedri* türünün bir popülasyonundan örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.21.).



Fotoğraf 4.21. *Cinara oxycedri* türünün *Juniperus* sp. üzerindeki görünümü

4.1.1.24 *Cinara (Cupressobium) tujaefilina* (Del Guercio, 1909)

Çalışma kapsamında *Plathycladus* spp. ve *Cupressus* spp. üzerinden tespit edilmiş olan *Cinara (Cupressobium) tujaefilina* türünün 42 popülasyondan örnekleme yapılmıştır (Fotoğraf 4.22.).



Fotoğraf 4.22. (a) *Plathycladus orientalis* üzerinde *Cinara tujaefilina* kolonisi ve (b) genel görünümü

4.2 Morfometrik Bulgular

Çalışma kapsamında Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinde sedir (*Cedrus* spp.), çam (*Pinus* spp.), ardıç (*Juniperus* spp.), servi (*Cupressus*spp.) ve mazı (*Plathycladus* spp.) bitkileri üzerinden örneklenen afit populasyonlarından *Cinara* cinsine mensup 24 tür tespit edilmiştir. Bu türlerin morfolojik özellikleri üzerine lokalitenin etkisini incelemek amacıyla yapılan morfometrik karakter analizlerinde, arazi kapsamında toplanmış 24 türden her 4 ilde de dağılım gösteren türler (*Cinara cedri*, *Cinara tujaefilina*, *Cinara schimitscheki*) seçildi ve ölçümleri yapıldı. Her tür için lokalitelerin tamamını temsil edecek sayıda birey tercih edildi ve her tür için farklı sayıda morfometrik karakter ölçüldü. Teşhisi yapılmış türlerin (258 birey) teşhis anahtarlarından ve bu türler üzerine yapılmış yayınlardan seçilen 10 morfometrik karakterlerinin ölçümlerinden elde edilen sayısal verileri analizlerde kullanıldı (Çizelge 3.1.). *Cinara* cinsine mensup kanatsız vivipar dişi afit bireylerinin morfometrik karakterlerinin ölçümü yapıldı. Ölçümler yapılırken ergin olmayan bireyler dikkate alınmadı. İstatistiksel analizler her tür için ayrı ayrı uygulandı ve karakterlerin ortalamaları ve standart sapmaları hesaplandı.

4.2.1 *Cinara cedri* türünün morfometrik ölçümleri

Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden Sedir (*Cedrus* spp.) örneklenmiş olan *Cinara cedri* türünün morfolojik karakterleri arasında farklılık olup olmadığını tespit etmek amacıyla yapılan analizlerin ölçüm verileri EK-3'de verilmiştir. *C. cedri* türünün dört farklı ilden toplanmış populasyonlarından 96 bireyin morfometrik kısımları ölçülmüş ve analizleri yapılmak üzere tablo haline getirildi.

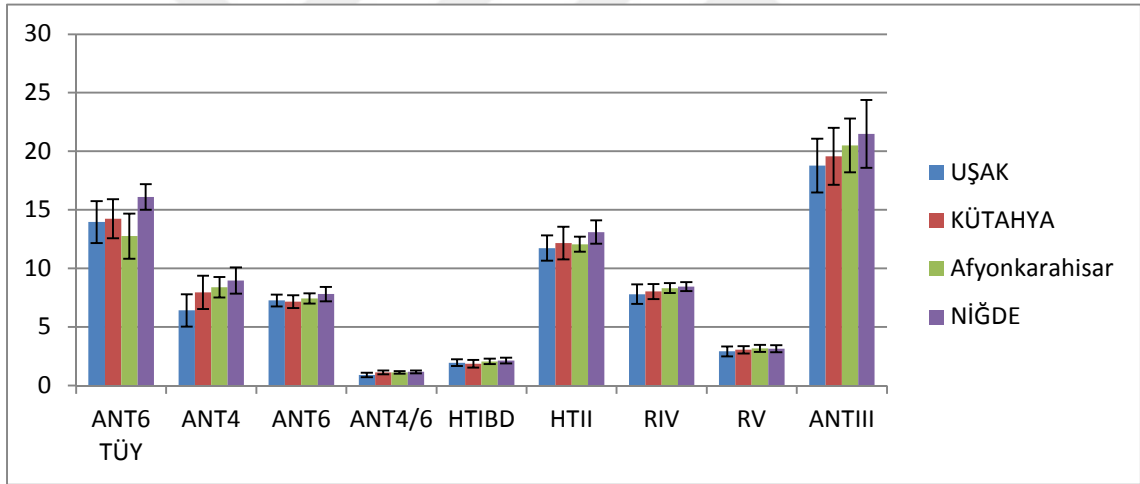
4.2.1.1 *Cinara cedri* türünün istatistiksel analiz çıktıları

Afyonkarahisar, Kütahya, Niğde ve Uşak illerinden örneklenmiş olan *Cinara cedri* populasyonlarına ait dokuz morfolojik karakter ölçülmüştür. Genel olarak ölçümlere bakıldığında Niğde ilinden örneklenen populasyona ait karakterlerinin ölçülen karakterler açısından çoğunlukla daha uzun olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2.)

Çizelge 4.2. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. cedri* populasyonunun morfolojik karakterlerinin ortalaması

Karakterler Lokalite		Ant 6 Tüy	ANT4	ANT6	ANT4/6	HTIBD	HTII	RIV	RV	ANTIII
Uşak	Ort.± Std. Sapma	13.95±1.791	6.46±1.39	7.25±.505	.89±.18	1.94±.277	11.73±1.09	7.79±.83	2.90±.418	18.77±2.305
Kütahya	Ort.± Std. Sapma	14.23±1.670	7.95±1.42	7.15±.541	1.11±.16	2±.318	12.16±1.40	8.02±.64	3.04±.31	19.57±2.435
Niğde	Ort.± Std. Sapma	16.09±1.091	8.96±1.13	7.80±.613	1.15±.127	2.12±.253	13.10±1.007	8.44±.385	3.13±.295	21.48±2.901
Afyonkarahisar	Ort.± Std. Sapma	12.75±1.916	8.38±.87	7.43±.442	1.12±.11	2.049±.229	12.66±.65	8.31±.421	3.16±.295	20.50±2.29

Morfometrik karakterlerin ortalama ve standart sapma değerlerinin grafiği Şekil 4.2’de verilmiştir. Ortalamalarda Uşak ilindeki örneklerde çalışılan dokuz karakterden sekizinin (Ant6 Tüy, ANT4, Ant4/6, HTIBD, HTII, RIV, RV, ANTIII) diğer lokalitelere göre daha küçük boyutlarda olduğu, Niğde ilinden çalışılan örneklerde ise sekiz karakterin (Ant6 Tüy, ANT4, Ant 6, Ant4/6, HTIBD, HTII, RIV, ANTIII) diğerlerine göre daha uzun olduğu gözlemlendi (Çizelge 4.2; Şekil 4.2).



Şekil 4.2. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. cedri* populasyonunun morfolojik karakterlerinin (ortalama ± standart hata) grafiksel gösterimi

Afyonkarahisar ilinden örneklenen populasyonlara ait karakterlerin ortalamalarında ise sadece ANT6 üzerindeki tüy sayısının azlığı, diğer lokalitelerden ayırım gösterdiği belirlenmiştir.

Lokalitenin *C. cedri* populasyonlarının ölçülen morfolojik karakterleri üzerine etkisini ortaya koymak amacı ile Tek Yönlü Varyans Analizi (ANOVA) testi uygulandı. Ölçülen dokuz karakterden sekiz tanesi üzerinde lokalitenin istatistiksel açıdan anlamlı farklılığa yol açtığı gözlemlenmiştir (Çizelge 4.3). ANOVA analizinde Ant6 Tüy,

ANT4, HTII, Ant4/6 karakterleri $p=0.000$ değeri ile, Ant 6, RIV karakterleri $p=0.001$ değeri ile, ANTIII, RV karakterleri $P<0.05$ değeri ile anlamlı bir farklılık göstermişlerdir (Çizelge 4.3.).

Çizelge 4.3. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. cedri* populasyonunun morfolojik karakterlerinin üzerine lokalitenin etkisi (Tek Yönlü ANOVA, anlamlılık değeri $P<0,05$)

Karakter	Gruplar arası kareler toplamı	Grup içi kareler toplamı	F Değeri	Gruplar Arası (df1)	Gruplar İçi (df2)	P Önemlilik
Ant 6Tüy	536.408	1231.270	12.053	3	83	.000
Ant4	16.717	131.329	3.522	3	83	.000
Ant6	5.300	23.935	6.348	3	83	.001
HTIBD	.593	6.516	2.698	3	83	.051
HTII	25.041	101.291	7.334	3	83	.000
RIV	6.015	31.414	5.681	3	83	.001
RV	.963	9.919	2.880	3	83	.040
Ant4/6	.966	1.934	14.320	3	83	.000
AntIII	98.300	561.811	5.249	3	83	.002

Lokalitenin *C. cedri* populasyonlarının dokuz morfolojik karakteri üzerine genel olarak istatistiksel açıdan anlamlı etkide bulunduğu belirlenmesini takiben bu farklılığın oluşmasında hangi lokalite veya lokalitelerin etkili olduğunu ortaya koymak amacı ile çoklu varyans analizi Tukey, Post-Hoc testi uygulandı. Çoklu varyans analizi sonuçlarına göre bu karakterlerin farklılığında tüm lokalitelerin istatistiksel açıdan anlamlı ölçüde etkide bulunduğu görülmüştür (Çizelge 4.4.).

Karakterlerde gözlenen bu farklılığın oluşmasında hangi lokalite veya lokalitelerin etkili olduğunu belirlemek amacıyla Çoklu Varyans Analizi yapılmış ve *Cinara cedri* populasyonlarından örneklenen bireylerden sekiz karakterin (Ant6 Tüy, ANT4, Ant4/6, Ant 6, HTII, RIV, RV, ANTIII) özellikle Uşak ve Niğde illerinde daha değişken boyutlar gösterdiğini bu nedenle analizde daha çok bu illerin arasındaki varyasyonun anlamlılığı ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.4.).

Çizelge 4.4. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. cedri* populasyonun morfolojik karakterleri üzerine lokalitelerin etkisinin belirlenmesi (Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey, Post-Hoc testi), $P < 0,05$)

Karakter	(I) Lokalite	(J) Lokalite	Ortalama Farkı (I-J)	Std. Hata	Önemlilik (p)	95% Güven Aralığı		
						Alt Sınır	Üst Sınır	
Ant6 Tüy	Tukey HSD	Afyonkarahisar	Kütahya	-1.48810	.49504	.018	-2.7863	-.1898
			Niğde	-3.34524	.49504	.000	-4.6435	-2.0470
		Kütahya	Afyon	1.48810	.49504	.018	.1898	2.7863
			Niğde	-1.85714	.51128	.003	-3.1980	-.5163
		Uşak	Niğde	-2.14524	.51763	.000	-3.5027	-.7878
			Afyon	3.34524	.49504	.000	2.0470	4.6435
		Niğde	Kütahya	1.85714	.51128	.003	.5163	3.1980
			Uşak	2.14524	.51763	.000	.7878	3.5027
Ant4	Tukey HSD	Afyonkarahisar	Uşak	1.91500	.36097	.000	.9693	2.8607
			Kütahya	Uşak	1.48636	.36874	.001	.5203
		Kütahya	Niğde	-1.01455	.36874	.036	-1.9806	-.0485
			Uşak	-1.91500	.36097	.000	-2.8607	-.9693
		Uşak	Kütahya	-1.48636	.36874	.001	-2.4524	-.5203
			Niğde	-2.50091	.36874	.000	-3.4670	-1.5348
		Niğde	Kütahya	1.01455	.36874	.036	.0485	1.9806
			Uşak	2.50091	.36874	.000	1.5348	3.4670
Ant6	Tukey HSD	Kütahya	Niğde	-.64364	.15906	.001	-1.0604	-.2269
			Uşak	-.54409	.15906	.005	-.9608	-.1273
		Niğde	Kütahya	.64364	.15906	.001	.2269	1.0604
			Uşak	.54409	.15906	.005	.1273	.9608
HTII	Tukey HSD	Afyon	Uşak	.92966	.31129	.019	.1146	1.7447
			Kütahya	Niğde	-.94867	.31489	.017	-1.7731
		Uşak	Afyon	-.92966	.31129	.019	-1.7447	-.1146
			Niğde	-1.37132	.31129	.000	-2.1864	-.5563
		Niğde	Kütahya	.94867	.31489	.017	.1242	1.7731
			Uşak	1.37132	.31129	.000	.5563	2.1864
RIV	Tukey HSD	Afyon	Uşak	.51781	.17336	.019	.0639	.9717
			Uşak	Afyon	-.51781	.17336	.019	-.9717
		Niğde	Niğde	-.65572	.17336	.002	-1.1096	-.2018
			Uşak	.65572	.17336	.002	.2018	1.1096
RV (Tukey HSD	Afyon	Uşak	.26225	.09741	.041	.0072	.5173
			Uşak	Afyon	-.26225	.09741	.041	-.5173
Ant4/6	Tukey HSD	Afyon	Uşak	.23742	.04427	.000	.1214	.3534
			Kütahya	Uşak	.21909	.04522	.000	.1006
		Uşak	Afyon	-.23742	.04427	.000	-.3534	-.1214
			Kütahya	-.21909	.04522	.000	-.3376	-.1006
		Niğde	Niğde	-.26000	.04522	.000	-.3785	-.1415
			Uşak	.26000	.04522	.000	.1415	.3785
Ant3	Tukey HSD	Uşak	Niğde	-2.71250	.72125	.002	-4.6005	-.8245
			Niğde	Uşak	2.71250	.72125	.002	.8245

Bu karakterler için yapılan ayırma analizlerinde iki farklı istatistik kullanıldı. Bunlardan ilki Özdeğer istatistiğidir. Özdeğer istatistiği her bir değişken için ayrı ayrı hesaplanır. Özdeğer (Eigenvalue) değerine bakıldığında 1. ve 2. fonksiyon $> 0,40$ olduğundan bu fonksiyonların iyi bir ayırım sağladığı söylenebilir. 3. fonksiyon için bu durum söz konusu değildir. Bu da 1. ve 2. fonksiyonda anlamlı farklılıkların olduğunu gösterir.

Kullanılan ikinci istatistik ise Wilk's Lamda testidir. Wilk's Lamda negatif değerli bir testtir ve bu testte değer küçüldükçe faktörün etkisinin modele katkısının arttığı düşünülür. Wilk's Lamda değeri de özdeğer istatistiğine paralel olarak 1. ve 2. fonksiyonların iyi ayırım sağladığını destekleyici sonuçlar ortaya koymuştur.

Çizelge 4.5. Farklı illerden örneklenmiş *C. cedri* populasyonlarının morfometrik karakterlerinin Kanonikal Ayırım Fonksiyonu

Fonksiyon (CV)	Eigenvalue Özdeğer	% Varyans	Wilks' Lambda	Ki-kare	df (serbestlik Derecesi)	Önemlilik Sig.(p)
CV1	.725 ^a	48.7	.309	90.949	27	.000
CV2	.576 ^a	38.7	.534	48.681	16	.000
CV3	.189 ^a	12.7	.841	13.418	7	.063

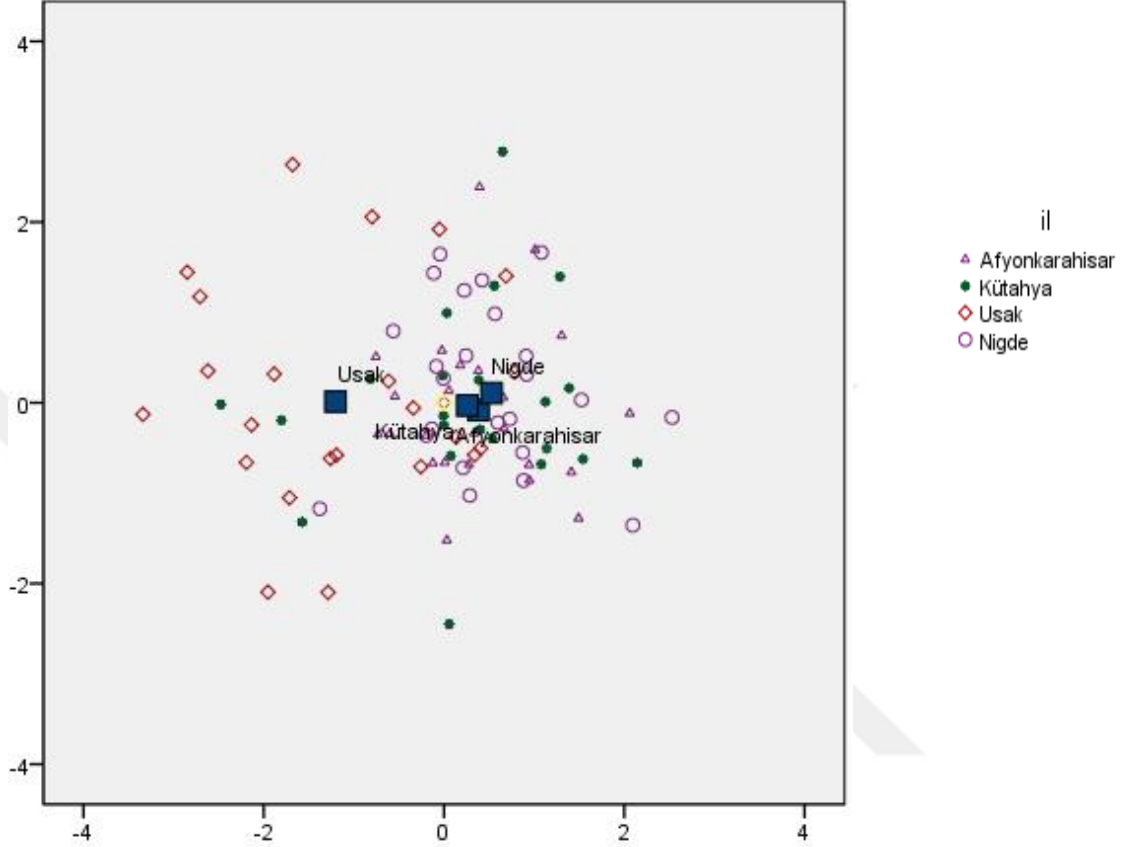
Çalışılan örneklerdeki varyasyonun ortaya çıkarılması için yapılan ayırma analizinde (kanonikal vektör analizi) kullanılan ilk test, özdeğer istatistiğinde 1. (0.725) ve 2. (0.576) fonksiyon > 0.40 olduğundan bu bireylerin lokalitelere göre iyi bir ayırım yaptığı söylenebilir. Bu iki fonksiyon varyasyonun % 87.4'ünü açıkladı. Wilks' Lambda testi sonucunda Özdeğer istatistiğindeki gibi 1. ve 2. fonksiyonun (P = 0.000) iyi bir ayırım sağladığı belirlenmiştir (Çizelge 4.5.).

Kanonikal vektör analizlerindeki fonksiyonların iyi bir ayırım sağladığı vektörler üzerindeki yüksek ağırlığa sahip karakterlere bakıldığında ise I. vektörde Ant4 (1.642); II. vektörde Ant4 (1.267); III. vektörde ise Ant 4 (1.783) ve Ant 6 (1.139)'nın yüksek oldukları ve güçlü bir katkı sağladıkları gösterilmiştir (Çizelge 4.6.).

Çizelge 4.6. *C. cedri* populasyonlarının morfometrik karakterlerinin Kanonikal Vektör Analizi

Karakter	1. Kanonikal Vektör (CV1)	2. Kanonikal Vektör (CV2)	3. Kanonikal Vektör (CV3)
Tüy	.996	.415	-.275
Ant4	-1.642	1.267	-1.783
Ant6	.659	-.189	1.139
HTBD	-.252	.270	.274
HTII	.091	.266	.436
RIV	-.231	.166	.223
RV	-.146	-.120	-.110
Ant4/6	.753	-.703	.837
Toplam Varyans Oranı	%48.7	%38.7	%12.7

Lokalitelere göre *Cinara cedri* türünün morfometrik karakterlerinde farklılık olup olmadığını ortaya koymak için çok değişkenli istatistiksel analizlerden biri olan ayrışım fonksiyon analizi uygulandı. Ayrışım fonksiyon analizi ile morfometrik karakterlerin lokaliteler üzerindeki etkisi grafik olarak verildi (Şekil 4.3.).



Şekil 4.3. *C. cedri* türünün farklı illerden toplanan bireylerinin morfometrik karakterlerine bağlı olarak Ayrışım Fonksiyon Analizi

C. cedri türünün 96 bireyi ile yapılan morfometrik analizlerden ayrışım fonksiyonu analizi sonucu elde edilen grafikte Niğde, Afyonkarahisar ve Uşak illerinden örneklenen bireylerin grup ortalamalarının birbirine daha yakın olduğu gözlenirken, Uşak ilindeki *C. cedri* popülasyonlardan örneklenen bireylerin grup ortalamalarının diğer üç ilden daha uzak olduğu gözlenmiştir (Şekil 4.3.).

4.2.2 *Cinara tujaefilina* türünün morfometrik ölçümleri

Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden Mazı (*Plathyclus* spp.) üzerinden örneklenmiş olan *Cinara tujaefilina* türünün morfometrik karakterleri arasında farklılık olup olmadığını tespit etmek amacıyla yapılan ölçümler EK-3'de verildi. *C. tujaefilina*

türünün dört farklı ilden toplanmış populasyonlarından 88 örneğin morfometrik karakterleri ölçüldü ve analizleri yapılmak üzere tablo haline getirildi.

4.2.2.1 *Cinara tujafilina* türünün istatistiksel analiz çıktıları

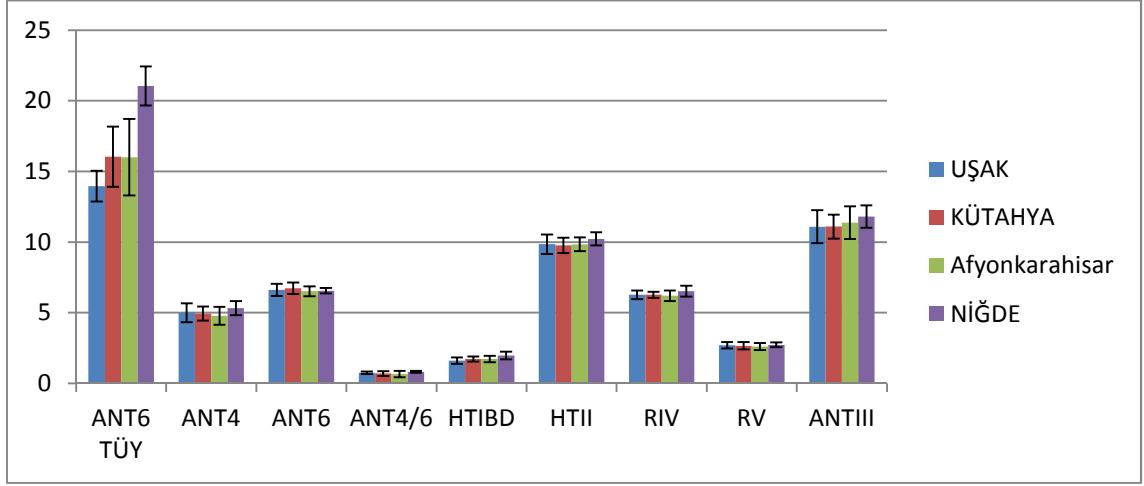
Cinara tujafilina'nın 88 bireyi üzerinden incelenen dokuz morfometrik karakterleri arasında bazı varyasyonlar gözlenmiştir. Ölçülen dokuz morfometrik karakterin çalışılan örneklerdeki boyutlarının ortalama ve standart sapmaları da istatistiki olarak anlamlı farklılıklar göstermiştir. Lokalitenin bireylerin morfometrik karakterleri üzerine etkisinin araştırıldığı bu analizlerde 88 bireyden ölçülen karakter boyutlarının ortalama ve standart sapma verilerinde Niğde ilindeki örneklerde çalışılan dokuz karakterden sekizinin (Ant6 Tüy, ANT4, Ant4/6, HTIBD, HTII, RIV, RV, ANTHI) diğer lokalitelere göre daha büyük boyutlarda olduğu gözlemlendi (Çizelge 4.7.; Şekil 4.4.).

Çizelge 4.7. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. tujafilina* populasyonunun morfolojik karakterleri (ortalama±standart hata)

Karakterler Lokalite		Ant 6 Tüy	ANT4	ANT6	ANT4/6	HTIBD	HTII	RIV	RV	ANTHII
Uşak	Ort.± Std. Sapma	16.78±1.085	5.00±.667	6.62±.428	.75±.093	1.61±.219	9.85±.696	6.27±.308	2.70±.231	11.09±1.170
Kütahya	Ort.± Std. Sapma	16.04±2.12	4.95±.50	6.73±.40	.70±.169	1.72±.177	9.77±.543	6.27±.21	2.66±.26	11.10±.85
Niğde	Ort.± Std. Sapma	21.05±1.39	5.33±.49	6.56±.20	.81±.068	1.97±.270	10.28±.466	6.53±.378	2.73±.17	11.80±.79
Afyonkarahisar	Ort.± Std. Sapma	16.0±2.71	4.79±.63	6.52±.35	.66±.23	1.73±.22	9.84±.488	6.20±.370	2.60±.25	11.37±1.16

C. tujafilina türünün ortalama ve standart sapma değerlerinden Niğde ilinde dağılım gösteren bireylerin özellikle ANT6 Tüy (Ort.± Std. Sapma = 21.05±1.39), ANT4/6 (Ort.± Std. Sapma = .81±.068), HTII (Ort.± Std. Sapma = 10.28 ± 0.466), HTIBD (Ort.± Std. Sapma = 1.97 ± 0.270), morfometrik karakterlerinde anlamlı bir farklılık gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.7.).

Morfometrik karakterlerin ortalama ve standart sapma değerlerinin grafiği Şekil 4.4.'de verilmiştir.



Şekil 4.4. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. tujaefilina* populasyonunun morfolojik karakterlerinin (ortalama±standart hata) grafiksel gösterimi

Mazı bitkisi üzerinden örneklenmiş *C. tujaefilina* türünün, lokalitenin etkisinin belirlenmesi için yapılan analizlerde morfolojik karakterlerinin ortalamaları arasında bir farklılık olup olmadığını test etmek için Tek Yönlü Varyans Analizi (ANOVA) testi uygulandı (Çizelge 4.8). ANOVA analizinde ANT 6 Tüy, HTIBD karakterleri $p=0.000$ değeri ile Ant 4, HTII, ANT 4/6, RIV karakterleri $P < 0.05$ değeri ile anlamlı bir farklılık göstermişlerdir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. tujaefilina* populasyonunun morfolojik karakterlerinin üzerine lokalitenin etkisi (Tek Yönlü ANOVA, anlamlılık değeri $P < 0,05$)

Karakter	Gruplar arası kareler toplamı	Grup içi kareler toplamı	F Değeri	Gruplar Arası (df1)	Gruplar Arası (df2)	P
Ant 6 Tüy	328.405	293.812	29.434	3	79	.000
Ant4	2.821	26.684	2.749	3	78	.048
Ant6	.484	10.415	1.207	3	78	.313
HTIBD	1.382	3.956	9.316	3	80	.000
HTII	3.128	25.395	3.285	3	80	.025
RIV	1.159	8.282	3.779	3	81	.014
RV	.196	4.477	1.182	3	81	.322
Ant4/6	.243	2.001	3.274	3	81	.025
Ant3	6.574	84.342	2.105	3	90	.106

Karakterlerde gözlenen bu farklılığın oluşmasında hangi lokalite veya lokalitelerin etkili olduğunu belirlemek amacıyla Çoklu Varyans Analizi yapılmış ve *C. tujaefilina* populasyonlarından örneklenen bireylerden yedi karakterin (Ant6 Tüy, ANT4, Ant4/6, HTIBD, HTII, RIV, HTIBD/HTII) özellikle Niğde ilinde daha değişken boyutlar

gösterdiğini bu nedenle analizde daha çok bu illerin arasındaki varyasyonun anlamlılıđı ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.9.).

Çizelge 4.9 Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *Cinara tujaifilina* populasyonunun morfolojik karakterleri üzerine lokalitelerin etkisi (Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey, Post-Hoc testi), anlamlılık değeri $P < 0,05$)

Karakter	(J)		Ortalama Farkı (I-J)	Std. Hata	Sig.	95% Güven Aralığı	
	(I) Lokalite	Lokalite				Alt Sınır	Üst Sınır
ANT6 Tüy	Afyon	Niğde	-5.05556	.62656	.000	-6.7000	-3.4111
	Kütahya	Niğde	-5.01010	.61292	.000	-6.6188	-3.4015
	Uşak	Niğde	-4.27295	.60689	.000	-5.8658	-2.6801
	Niğde	Afyon	5.05556	.62656	.000	3.4111	6.7000
		Kütahya	5.01010	.61292	.000	3.4015	6.6188
		Uşak	4.27295	.60689	.000	2.6801	5.8658
Ant4	Afyon	Niğde	-.53912	.19238	.032	-1.0442	-.0341
	Niğde	Afyon	.53912	.19238	.032	.0341	1.0442
HTIBD	Afyon	Niğde	-.24539	.07224	.006	-.4349	-.0558
	Kütahya	Niğde	-.25498	.06998	.003	-.4386	-.0714
	Uşak	Niğde	-.36367	.06998	.000	-.5473	-.1801
	Niğde	Afyon	.24539	.07224	.006	.0558	.4349
		Kütahya	.25498	.06998	.003	.0714	.4386
		Uşak	.36367	.06998	.000	.1801	.5473
HTII	Kütahya	Niğde	-.51188	.17730	.025	-.9771	-.0467
	Niğde	Kütahya	.51188	.17730	.025	.0467	.9771
RIV	Afyon	Niğde	-.32206	.10271	.013	-.5915	-.0526
	Niğde	Afyon	.32206	.10271	.013	.0526	.5915
Ant4/6	Afyon	Niğde	-.14849	.05048	.022	-.2809	-.0161
	Niğde	Afyon	.14849	.05048	.022	.0161	.2809
HTIBD/HTII	Uşak	Niğde	-.02787	.00728	.001	-.0470	-.0088
		Niğde	3.00	.02787	.007	.001	.0088

Çoklu Karşılaştırma Analizi Tukey-HSD testi sonuçlarında (Çizelge 4.9) analizi yapılan yedi morfometrik karakterlerin (Ant6 Tüy, ANT4, HTIBD, HTII, RIV, ANT4/6, HTIBD/HTII) lokalitelere göre anlamlı bir farklılık gösterdiğini belirlenmiştir. Niğde ilinden örneklenen populasyonların istatistiksel analizler neticesinde söz konusu morfometrik karakterlerinin tamamının anlamlı bir farklılık gösterdiğini belirlendi.

Özdeğer istatistiği her bir değişken için ayrı ayrı hesaplandı. Özdeğer (Eigenvalue) değerine bakıldığında 1. fonksiyon > 0.40 olduğundan bu fonksiyonların iyi bir ayırım sağladığı söylenebilir. 2. ve 3. fonksiyon için bu durum söz konusu değildir.

Çizelge 4.10. Farklı illerden örneklenmiş *C. tujafilina* populasyonlarının Kanonikal Ayırım Fonksiyonu

Fonksiyon (CV)	Eigenvalue Özdeğer	% Varyans	Wilks' Lambda	Ki-kare	df (serbestlik Derecesi)	Önemlilik Sig.(p)
CV1	2.025 ^a	91.5	.276	95.801	21	.000
CV2	.109 ^a	4.9	.836	13.347	12	.344
CV3	.079 ^a	3.6	.927	5.664	5	.340

Çalışılan örneklerdeki varyasyonun ortaya çıkarılması için yapılan ayırma analizinde (kanonikal vektör analizi) kullanılan ilk test, özdeğer istatistiğinde 1. fonksiyon (2.025) > 0.40 olduğundan bu bireylerin lokalitelere göre iyi bir ayırım yaptığı söylenebilir. Bu fonksiyon varyasyonun % 91.5'ini açıkladı.

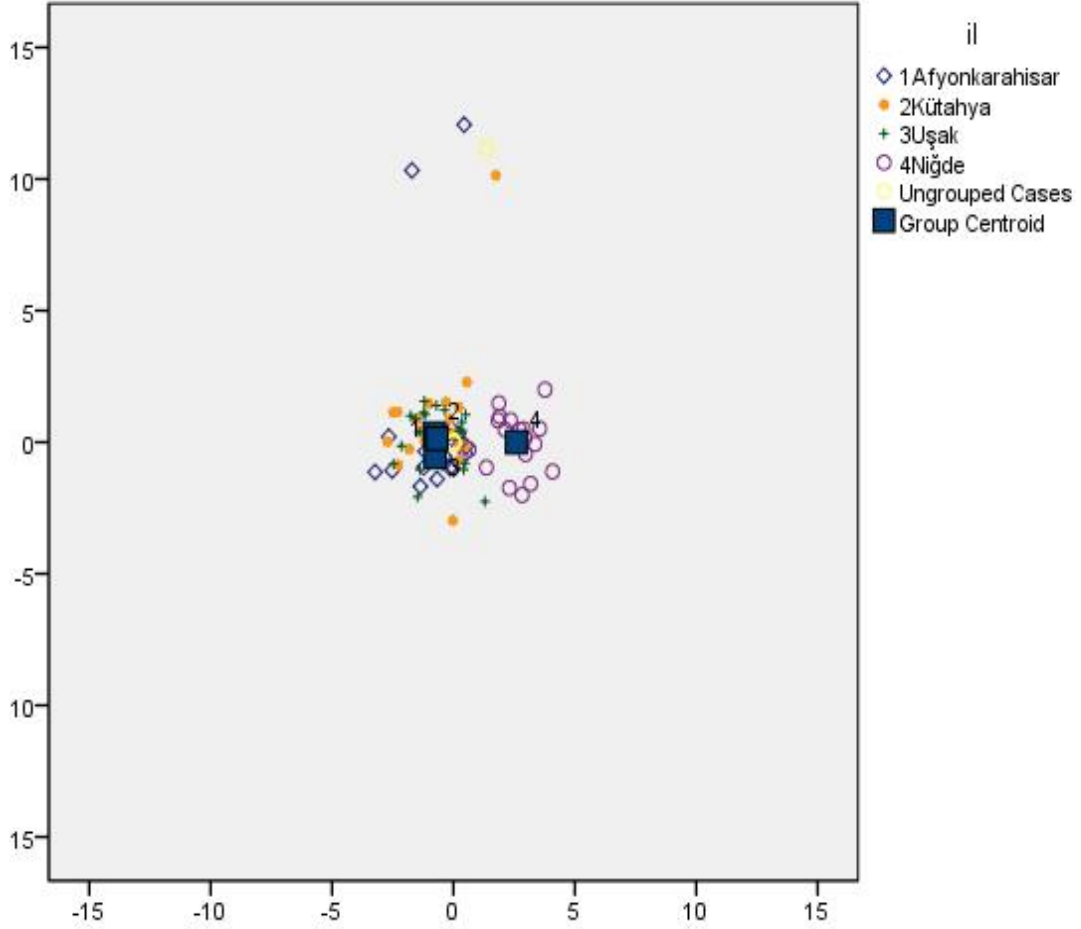
İkinci kullanılan test ise Wilks' Lamda istatistiğidir. Bu test sonucunda Özdeğer istatistiğindeki gibi 1. fonksiyonun (P=0.000) iyi bir ayırım sağlamıştır (Çizelge 4.10.).

Kanonikal vektör analizlerindeki fonksiyonların iyi bir ayırım sağladığı vektörler üzerindeki yüksek ağırlığa sahip karakterlere bakıldığında I. Vektörde Tüy (0.954), HTBD (1.407); II. vektörde Ant4 (1.850), HTBD (2.898), Ant4/6 (1.174), HTIBD/HTII (2.725); III. vektörde ise HTBD (1.269) ve HTIBD/HTII (2.152)'nin yüksek oldukları ve varyasyonda yüksek oranda katkı sağladıkları belirlenmiştir (Çizelge 4.11.).

Çizelge 4.11. *C. tujafilina* populasyonlarının Kanonikal Vektör Analizi

Değişken	1. Kanonikal Vektör (CV1)	2. Kanonikal Vektör (CV2)	3. Kanonikal Vektör (CV3)
AntVI Tüy	.954	.092	-.240
Ant4	.526	1.850	.690
HTBD	1.407	-2.898	-1.269
HTII	-.456	.589	.550
RIV	-.022	.570	.152
Ant4/6	-.143	-1.174	-.675
HTIBD/HTII	-.841	2.725	2.152
Toplam Varyans Oranı	%91.5	%4.9	%3.6

Lokalitelere göre *C. tujafilina* türünün morfometrik karakterlerinde farklılık olup olmadığını ortaya koymak için çok değişkenli istatistiksel analizlerden biri olan ayrışım fonksiyon analizi uygulandı. Ayrışım fonksiyon analizi ile morfometrik karakterlerin lokaliteler üzerindeki etkisi grafik olarak verildi (Şekil 4.5.).



Şekil 4.5. *C. tujafilina* türünün Afyonkarahisar, Uşak, Kütahya ve Niğde illerinden örneklenmiş popülasyonlarına ait bireylerinin Kanonik Ayrım analizi

C. tujafilina türünün 88 bireyi ile yapılan morfometrik analizlerden ayrışım fonksiyonu analizi sonucu elde edilen grafikte Uşak, Afyonkarahisar ve Uşak illerinden örneklenen bireylerin grup ortalamalarının birbirine daha yakın olduğu gözlenirken, Niğde ilindeki *C. tujafilina* popülasyonlardan örneklenen bireylerin grup ortalamalarının diğer üç ilden daha uzak olduğu ve ayrı bir kümelene gösterdiği gözlenmiştir (Şekil 4.5.).

4.2.3 *Cinara schimitscheki* türünün morfometrik ölçümleri

Çam (*Pinus* spp.) bitkisi üzerinden bu çalışma kapsamında *Cinara* cinsine ait toplamda 13 tür tespit edilmiş olup, tüm lokaliteleri temsil edecek sayıda örneğe sahip olan tek bir tür belirlenmiş (*Cinara schimitscheki*) ve bu türün lokaliteye bağlı olarak morfometrik karakterleri arasında varyasyon olup olmadığını tespit etmek amacıyla yapılan ölçümler EK-3’de verildi. *C. schimitscheki* türünün dört farklı ilden toplanmış populasyonlarından 74 bireyinin morfolojik karakterleri ölçüldü. Morfometrik analizle kullanılan karakterlere ek olarak bu türün diğer türlerden ayırımında kullanılan SIPH karakteride çalışmalara dahil edilmiştir. Bu çalışma kapsamında yapılan literatür çalışmalarında, *C. schimitscheki* türü üzerine şuna kadar herhangi bir morfometrik çalışma tespit edilememiştir.

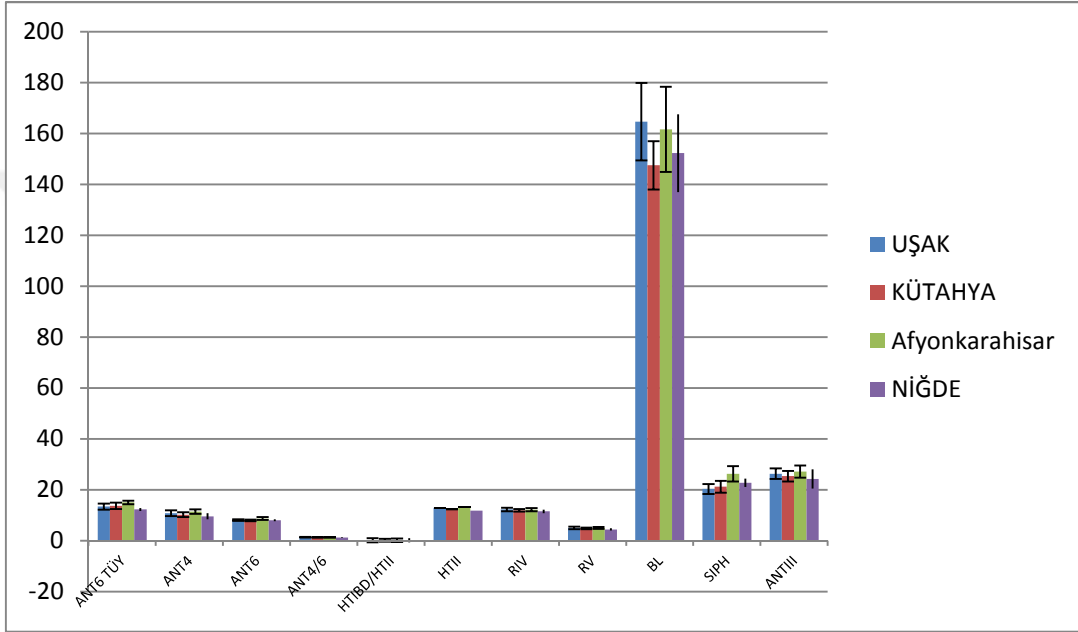
4.2.3.1 *Cinara schimitscheki* türünün istatistiksel analiz çıktıları

C. schimitscheki’nin 73 bireyi üzerinden incelenen 11 morfolojik karakterleri arasında bazı varyasyonlar gözlenmiştir. Ölçülen dokuz morfolojik karakterin çalışılan örneklerdeki boyutlarının ortalama ve standart sapmaları da istatistiki olarak anlamlı farklılıklar göstermiştir. Lokalitenin bireylerin morfolojik karakterleri üzerine etkisinin araştırıldığı bu analizlerde 73 bireyden ölçülen karakter boyutlarının ortalama ve standart sapma verilerinde Niğde ilindeki örneklerde çalışılan onbir karakterden altısı (Ant6 Tüy, ANT4, Ant6, HTII, ANTHI, SIPH) diğer lokalitelere göre daha büyük boyutlarda olduğu gözlemlendi (Çizelge 4.12.; Şekil 4.6.;4.7.).

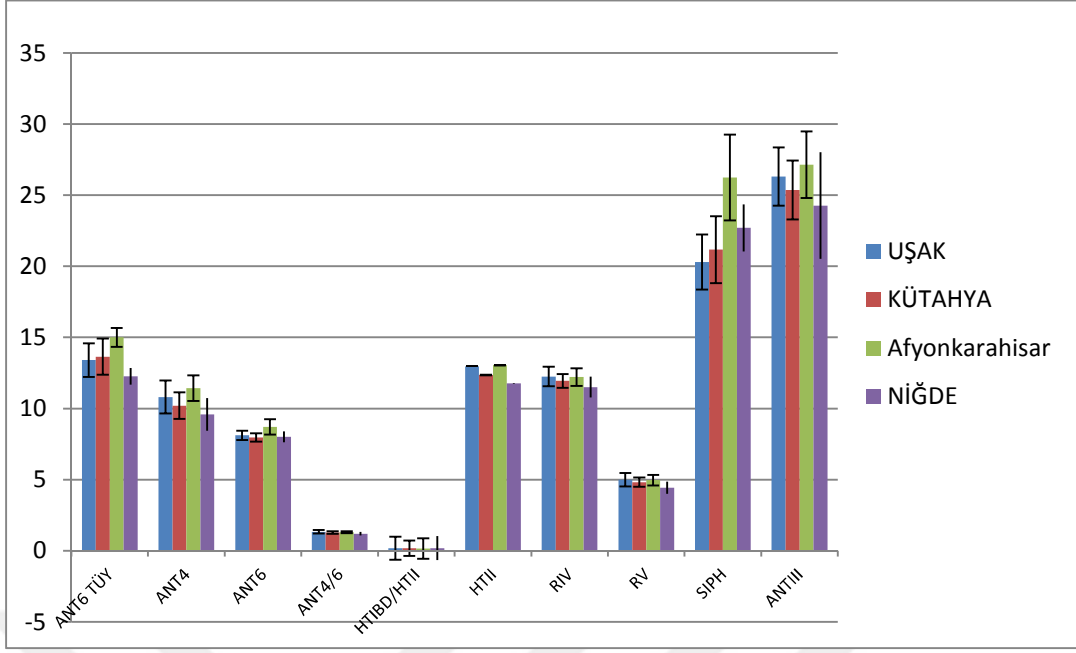
Çizelge 4.12. *C. schimitscheki* populasyonunun morfolojik karakterleri
(ortalama±standart hata)

Karakterler Lokalite		Ant 6 Tüy	ANT4	ANT6	ANT4/6	HTII	HTIBD/H TII	RIV	RV	BL	ANTHI	SIPH
Uşak	Ort.± Std.	13.40±	10.81±	8.11±	1.33±	12.96±	.17±.009	12.25±	4.99±	164.56±	26.30±	20.30±
	Sapma	1.173	1.16	.334	.121	.811		.69	.48	15.195	1.94	2.05
Kütahya	Ort.± Std.	13.64±	10.20±	7.96±	1.28±	12.35±	.17±.018	11.94±	4.82±	147.47±	25.36±	21.17±
	Sapma	1.27	.93	.30	.099	.54		.49	.33	9.50	2.35	2.07
Niğde	Ort.± Std.	15.00±	11.44±	8.70±	1.31±	13.04±	.16±.020	12.21±	4.96±	161.61±	27.14±	26.24±
	Sapma	.66	.90	.54	.070	.721		.62	.38	16.72	3.01	2.35
Afyonkara hisar	Ort.± Std.	12.26±	9.59±	8.01±	1.19±	11.76±	.18±.021	11.50±	4.43±	152.24±	24.27±	22.70±
	Sapma	.59	1.15	.38	.125	.84		.731	.42	15.303	1.65	3.75

C. schimitscheki türünün ortalama ve standart sapma değerlerinden Niğde ilinde dağılım gösteren bireylerin özellikle ANT6 tüy (Ort.± Std. Sapma = 15.00 ± 0.66), ANT4 (Ort.± Std. Sapma = 11.44±.90), HTII (Ort.± Std. Sapma = 13.04±.721), HTIBD/HTII (Ort.± Std. Sapma = .16±.020) ve Afyonkarahisar ilinden örneklenen bireylerin ANT6 tüy (Ort.± Std. Sapma = 12.26±.59), HTIBD/HTII (Ort.± Std. Sapma = .18±.021), ANTIII (Ort.± Std. Sapma = 24.27 ± 1.65), morfometrik karakterleri diğer iller ile kıyaslandığında anlamlı bir farklılık gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.12.). Ortalama ve standart sapma değerlerinin grafiği Şekil 4.6. ve 4.7.'de verilmiştir.



Şekil 4.6. *C. schimitscheki* popülasyonunun morfolojik karakterlerinin (ortalama ± standart hata) grafiksel gösterimi



Şekil 4.7. *C. schimitscheki* populasyonunun morfolojik karakterlerinin (ortalama±standart hata) grafiksel gösterimi (BL hariç)

Lokalitenin *C. schimitscheki* populasyonlarının ölçülen morfolojik karakterleri üzerine etkisini ortaya koymak amacı ile Tek Yönlü varyans analizi (ANOVA) testi uygulandı. (Çizelge 4.13). Ölçülen 11 karakterden 9 tanesi üzerinde lokalitenin istatistiksel açıdan anlamlı farklılığa yol açtığı gözlenmiştir. ANOVA analizinde ANT 6 Tüy, Ant 4, ANT 6, HTII karakterleri $p=0.000$ değeri ile BL, ANT 4/6, RIV, RV, karakterleri $P < 0,05$ değeri ile anlamlı bir farklılık göstermişlerdir (Çizelge 4.13.).

Çizelge 4.13. *C. schimitscheki* populasyonun morfolojik karakterlerinin üzerine lokalitenin etkisi (Tek Yönlü ANOVA, anlamlılık değeri $P<0,05$)

Karakter	Gruplar arası kareler toplamı	Grup içi kareler toplamı	F Değeri	Gruplar Arası (df1)	Grupiçi (df2)	P
Ant6 Tüy	45.575	42.548	16.067	3	45	.000
Ant4	25.857	51.959	7.962	3	48	.000
Ant6	4.712	7.802	9.664	3	48	.000
HTII	14.340	26.181	8.764	3	48	.000
RIV	4.859	19.750	3.936	3	48	.014
RV	2.729	7.903	5.525	3	48	.002
Ant4/6	.143	.543	4.207	3	48	.010
HTIBD/HTII	.003	.017	2.787	3	48	.051
BL	2219.21	9567.701	3.557	3	46	.021
AntII	62.275	243.902	3.915	3	46	.014
SIPH	131.898	1387.751	1.521	3	48	.221

Buna göre bu tür üzerinden ölçülen dokuz karakterin (ANT6 Tüy, ANT4, ANT6, HTII, RIV, RV, BL, ANTI) analiz değerleri $p < 0.05$ olduğundan, lokalitenin istatistiksel açıdan bu karakterler üzerinde etkisi olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.13.).

Karakterlerde gözlenen bu farklılığın oluşmasında hangi lokalite veya lokalitelerin etkili olduğunu belirlemek amacıyla Çoklu Varyans Analizi yapılmış ve *C. schimitscheki* populasyonlarından örneklenen bireylerden yedi karakterin (Ant6 Tüy, ANT4, Ant 6, Ant4/6, Ant3, HTII, RV, RIV, SIPH, BL) özellikle Niğde ilindeki bireylerin karakterlerinin daha uzun olduğu bu nedenle analizde daha çok bu illerin arasındaki varyasyonun anlamlılığı ortaya çıkmıştır (Çizelge 4.14.).

Çizelge 4.14. Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. schimitscheki* populasyonun morfolojik karakterleri üzerine lokalitelerin etkisinin belirlenmesi (Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey, Post-Hoc testi))

Çoklu Karşılaştırma Analizi								
Tukey HSD								
Karakter	(I) Lokalite	(J) Lokalite	Ortalama Farkı (I-J)	Std. Hata	Sig.	95% Güven Aralığı		
						Alt Sınır	Üst Sınır	
Tüy	Afyon	Kütahya	-1.37619*	.36134	.002	-2.3401	-.4122	
		Uşak	-1.13333*	.39697	.032	-2.1923	-.0743	
		Niğde	-2.73333*	.39697	.000	-3.7923	-1.6743	
	Kütahya	Afyon	1.37619*	.36134	.002	.4122	2.3401	
		Niğde	-1.35714*	.40260	.008	-2.4312	-.2831	
	Uşak	Afyon	1.13333*	.39697	.032	.0743	2.1923	
		Niğde	-1.60000*	.43486	.003	-2.7601	-.4399	
	Niğde	Afyon	2.73333*	.39697	.000	1.6743	3.7923	
		Kütahya	1.35714*	.40260	.008	.2831	2.4312	
		Uşak	1.60000*	.43486	.003	.4399	2.7601	
	Ant4	Afyon	Uşak	-1.21467*	.42475	.031	-2.3451	-.0842
			Niğde	-1.84528*	.39425	.000	-2.8945	-.7960
Kütahya		Niğde	-1.23676*	.40073	.017	-2.3033	-.1703	
Uşak		Afyon	1.21467*	.42475	.031	.0842	2.3451	
Niğde		Afyon	1.84528*	.39425	.000	.7960	2.8945	
		Kütahya	1.23676*	.40073	.017	.1703	2.3033	
Ant6	Afyon	Niğde	-.69359*	.15277	.000	-1.1002	-.2870	
	Kütahya	Niğde	-.74264*	.15528	.000	-1.1559	-.3294	
	Uşak	Niğde	-.59292*	.16958	.005	-1.0442	-.1416	
	Niğde	Afyon	.69359*	.15277	.000	.2870	1.1002	
		Kütahya	.74264*	.15528	.000	.3294	1.1559	
HTII	Afyon	Uşak	-1.20000*	.30150	.001	-2.0024	-.3976	
		Niğde	-1.27554*	.27985	.000	-2.0203	-.5307	
	Uşak	Afyon	1.20000*	.30150	.001	.3976	2.0024	
	Niğde	Afyon	1.27554*	.27985	.000	.5307	2.0203	

Çizelge 4.14. (Devamı) Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinden örneklenmiş olan *C. schimitscheki* popülasyonunun morfolojik karakterleri üzerine lokalitelerin etkisinin belirlenmesi (Çoklu Karşılaştırma Analizi (Tukey, Post-Hoc testi))

Çoklu Karşılaştırma Analizi							
Tukey HSD							
Karakter	(I) Lokalite	(J) Lokalite	Ortalama Farkı (I-J)	Std. Hata	Sig.	95% Güven Aralığı	
						Alt Sınır	Üst Sınır
RIV	Afyon	Uşak	-.75000*	.26187	.030	-1.4469	-.0531
		Niğde	-.71646*	.24307	.025	-1.3634	-.0696
	Uşak	Afyon	.75000*	.26187	.030	.0531	1.4469
	Niğde	Afyon	.71646*	.24307	.025	.0696	1.3634
RV	Afyon	Uşak	-.55933*	.16565	.008	-1.0002	-.1185
		Niğde	-.53179*	.15375	.006	-.9410	-.1226
	Uşak	Afyon	.55933*	.16565	.008	.1185	1.0002
	Niğde	Afyon	.53179*	.15375	.006	.1226	.9410
Ant4/6	Afyon	Uşak	-.13467*	.04341	.016	-.2502	-.0191
		Niğde	-.11574*	.04029	.030	-.2230	-.0085
	Uşak	Afyon	.13467*	.04341	.016	.0191	.2502
	Niğde	Afyon	.11574*	.04029	.030	.0085	.2230
BL	Kütahya	Uşak	-17.08521*	6.25379	.043	-33.7547	-4.158
	Uşak	Kütahya	17.08521*	6.25379	.043	4.158	33.7547
Ant3	Afyon	Niğde	-2.86938*	.87255	.010	-5.1952	-.5436
	Niğde	Afyon	2.86938*	.87255	.010	.5436	5.1952

Özdeğer (Eigenvalue) değerine bakıldığında 1., 2. ve 3. fonksiyon > 0.40 olduğundan bu fonksiyonların iyi bir ayırım sağladığı söylenebilir (Çizelge 4.15.).

Çizelge 4.15. Farklı illerden örneklenmiş *C. schimitscheki* popülasyonlarının Kanonik Ayırım Fonksiyonu

Fonksiyon (CV)	Eigenvalue Özdeğer	% Varyans	Wilks' Lambda	Ki-kare	df (serbestlik Derecesi)	Sig.(p)
CV1	2.915 ^a	51.5	.049	115.885	33	.000
CV2	2.045 ^a	36.1	.193	63.336	20	.000
CV3	.702 ^a	12.4	.588	20.473	9	.015

Çalışılan örneklerdeki varyasyonun ortaya çıkarılması için yapılan ayırma analizinde (kanonikal vektör analizi) kullanılan ilk test, özdeğer istatistiğinde 1. fonksiyon (2.915), 2. fonksiyon (2.045), 3. fonksiyon (0.702) > 0.40 olduğundan bu bireylerin lokalitelere göre iyi bir ayırım yaptığı söylenebilir. Bu fonksiyon varyasyonun %91.5'ini açıkladı. İkinci kullanılan test ise Wilks' Lambda istatistiğidir. Bu test sonucunda Özdeğer istatistiğindeki gibi 1.ve 2. fonksiyonun (P=0.000) ve 3. fonksiyonun (P<0.05) iyi bir ayırım sağladığı belirlenmiştir (Çizelge 4.15.). Örneklendikleri lokalitelere göre *C.*

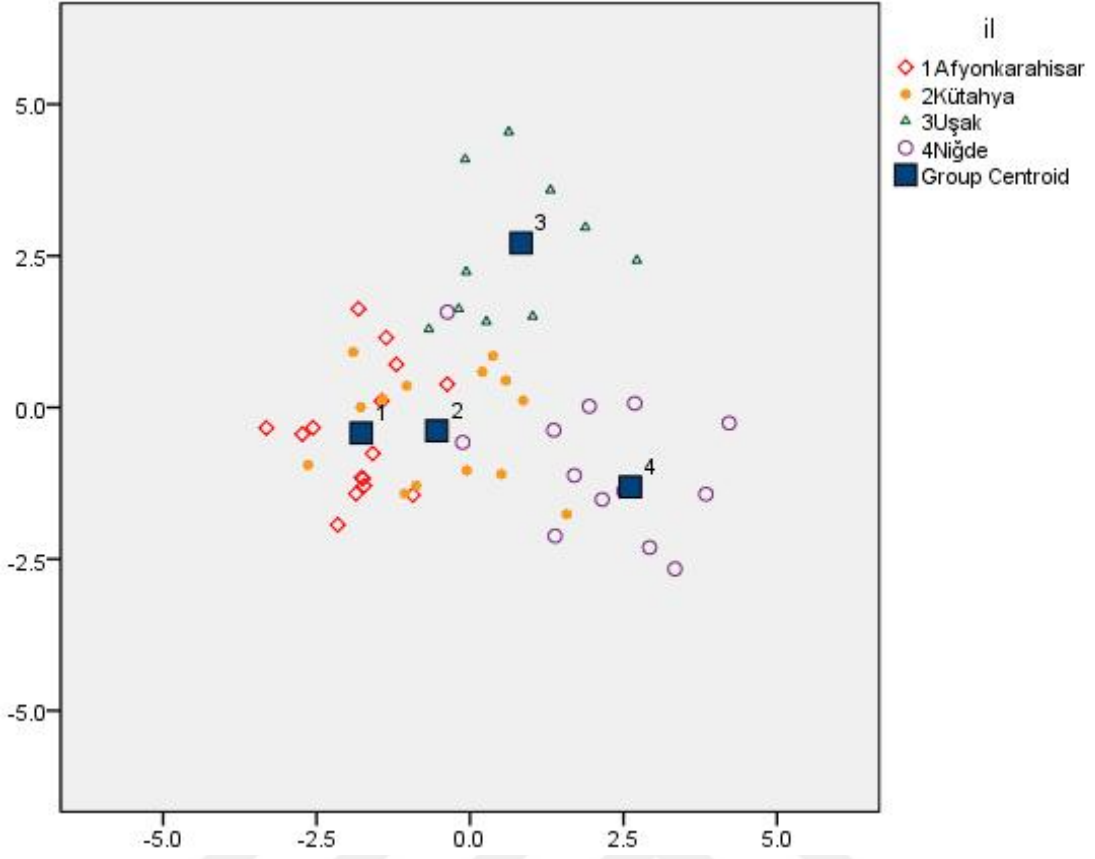
schimitscheki populasyonlarının ayırımında morfometrik karakterlerin önemini ortaya koyabilmek için kanonikal vektör analizi uygulandı (Çizelge 4.16.).

Çizelge 4.16. Farklı illerden örneklenmiş *C. schimitscheki* populasyonlarının Kanonikal Vektör Analizi

Değişken	1. Kanonikal Vektör (CV1)	2. Kanonikal Vektör (CV2)	3. Kanonikal Vektör (CV3)
Tüy	.895	-.189	.085
Ant4	1.601	-.355	-6.502
Ant6	.188	-.538	2.031
HTII	.140	.446	.534
RIV	-.388	.016	.594
RV	.353	.566	-.301
Ant4/6	-1.530	.177	5.371
HTIBD/HTII	-.558	.384	-.309
BL	.161	.485	-1.323
Ant3	-1.033	-.939	.974
SIPH	.765	1.219	-.245
Toplam Varyans Oranı	%51.5	%36.1	%12.4

Yüksek ağırlığa sahip karakterlerin vektörler üzerine yaptıkları etkisinin; I. vektörde Ant4 (1.601), Ant4/6 oranı (1.530), Ant3 (1.033); II. vektörde SPH (1.219); III. vektörde ise Ant 4 (6.502), Ant 6 (2.031), Ant4/6 (5.371) ve BL (1.323) yüksek oldukları bulundu. Morfometrik karakter ölçümleri CV'lere negatif veya pozitif yönde bir katkı sağlıyor. Yüksek olması güçlü bir katkı sağladığını gösteriyor (Çizelge 4.16.).

Lokalitelere göre *Cinara schimitscheki* türünün morfometrik karakterlerinde farklılık olup olmadığını ortaya koymak için çok değişkenli istatistiksel analizlerden biri olan ayrışım fonksiyon analizi uygulandı. Ayrışım fonksiyon analizi ile morfometrik karakterlerin lokaliteler üzerindeki etkisi grafik olarak verildi (Şekil 4.8.).



Şekil 4.8. *C. schimitscheki* türünün farklı illerden toplanan bireylerinin morfometrik karakterlerine bağlı olarak Ayrışım Fonksiyon Analizi

İlk iki CV değerinin grafiksel sunumu Şekil 4.8.'de verilmiştir. Populasyonlar arası farklılıkların derecesi de bu değeri etkilemektedir. *C. schimitscheki* türünün 73 bireyi ile yapılan morfometrik analizlerden ayrışım fonksiyonu analizi sonucu elde edilen grafikte Afyonkarahisar ve Kütahya illerinden örneklenen bireylerin grup ortalamalarının birbirine daha yakın olduğu gözlenirken, Niğde ve Uşak illerindeki *C. schimitscheki* populasyonlardan örneklenen bireylerin grup ortalamalarının hem birbirinden hemde diğer lokalitelerden daha uzak bir kümelenme gösterdiği gözlenmiştir (Şekil 4.8.).

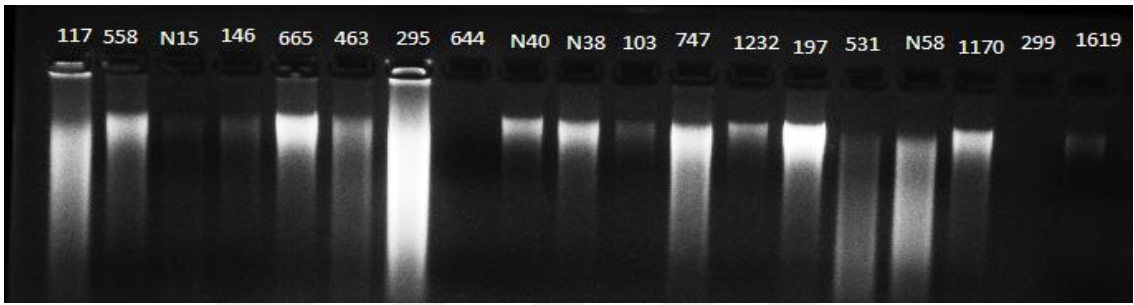
4.3 Moleküler Bulgular ve Filogenetik Analizler

Bu çalışmada *Cinara* cinsinden toplam 24 farklı popülasyona ait bireylerin DNA izolasyonları yapıldı ve toplam 150 örneğin mitokondriyal COI gen bölgesi (658 bç), PCR ile çoğaltılarak agaroz jel elektroforezinde yürütülmüştür. Jel üzerinde bant oluşturan sekiz türe ait 71 örnek, dizi analizine gönderilmiştir (Çizelge 4.17.). Bu

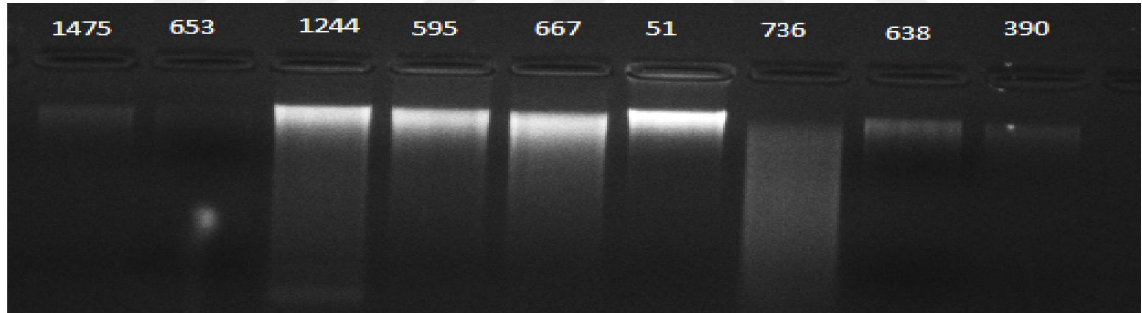
örneklerden 54'ünün COI gen bölgesine ait diziler elde edilmiştir. Elde edilen gen bölgesi dizileri, Gen Bankası'ndaki diziler ile BLAST analizi ile karşılaştırılmıştır.

4.3.1 *Cinara* örneklerinden genomik DNA'ların elde edilmesi

Aphididae familyasından Lachninae alt familyasına ait dört farklı lokaliteden örneklenen 24 *Cinara* popülasyonundan 150 bireyin genomik DNA'ları, izole edildi ve % 1'lik agaroz jelde yürütüldü. Jel görüntüleme cihazı ile UV altında görüntülendi (Fot. 4.25. – 26.).



Fotoğraf 4.23 Bazı *Cinara* örneklerine ait genomik DNA'ların agaroz jel görüntüsü



Fotoğraf 4.24 Bazı *Cinara* türlerine ait genomik DNA'larının agaroz jel görüntüsü

Çizelge 4.17. Dizi analizine gönderilen örnekler, toplandığı il-ilçe ve konak bitkileri

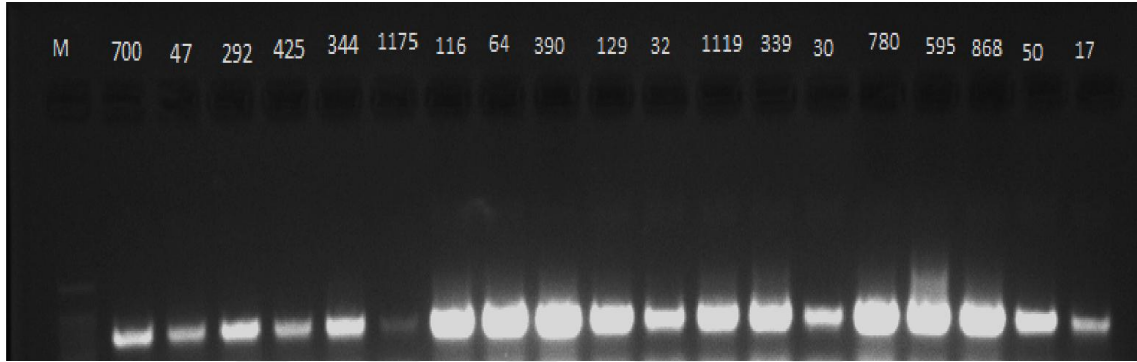
Sıra No	Kod	Tür	Lokalite	İlçe	Konak
1	32	<i>Cinara schimitscheki</i>	Afyonkarahisar	Merkez	<i>Pinus</i> spp.
2	37	<i>Cinara tujaefilina</i>	Afyonkarahisar	Sinanpaşa	<i>Plathycladus</i> spp.
3	45	<i>Cinara tujaefilina</i>	Kütahya	Altıntaş	<i>Plathycladus</i> spp.
4	50	<i>Cinara maghrebica</i>	Kütahya	Tavşanlı	<i>Pinus</i> spp.
5	51	<i>Cinara schimitscheli</i>	Kütahya	Tavşanlı	<i>Pinus</i> spp.
6	68	<i>Cinara tujaefilina</i>	Kütahya	Domaniç	<i>Plathycladus</i> spp.
7	69	<i>Cinara cedri</i>	Kütahya	Dominik	<i>Cedrus</i> spp.
8	77	<i>Cinara tujaefilina</i>	Kütahya	Merkez	<i>Plathycladus</i> spp.
9	102	<i>Cinara tujaefilina</i>	Kütahya	Gediz	<i>Plathycladus</i> spp.
10	129	<i>Cinara schimitscheki</i>	Afyonkarahisar	Bolvadin	<i>Pinus</i> spp.
11	137	<i>Cinara tujaefilina</i>	Uşak	Eşme	<i>Plathycladus</i> spp.
12	138	<i>Cinara tujaefilina</i>	Uşak	Eşme	<i>Plathycladus</i> spp.
13	153	<i>Cinara cedri</i>	Uşak	Ulubey	<i>Cedrus</i> spp.
14	187	<i>Cinara tujaefilina</i>	Uşak	Banaz	<i>Plathycladus</i> spp.
15	210	<i>Cinara tujaefilina</i>	Uşak	Gediz	<i>Plathycladus</i> spp.
16	222	<i>Cinara juniperensis</i>	Kütahya	Merkez	<i>Juniperus</i> spp.
17	280	<i>Cinara tujaefilina</i>	Kütahya	Emet	<i>Plathycladus</i> spp.
18	299	<i>Cinara juniperensis</i>	Kütahya	Gediz	<i>Juniperus</i> spp.
19	339	<i>Cinara schimitscheli</i>	Afyonkarahisar	Sultandağı	<i>Pinus</i> spp.
20	340	<i>Cinara schimitscheli</i>	Uşak	Merkez	<i>Pinus</i> spp.
21	341	<i>Cinara cedri</i>	Uşak	Merkez	<i>Cedrus</i> spp.
22	344	<i>Cinara maghrebica</i>	Afyonkarahisar	Sultandağı	<i>Pinus</i> spp.
23	355	<i>Cinara schimitscheli</i>	Uşak	Merkez	<i>Pinus</i> spp.
24	378	<i>Cinara maghrebica</i>	Afyonkarahisar	Çobanlar	<i>Pinus</i> spp.
25	380	<i>Cinara cedri</i>	Uşak	Karahallı	<i>Cedrus</i> spp.
26	390	<i>Cinara brauni</i>	Uşak	Karahallı	<i>Pinus</i> spp.
27	418	<i>Cinara cedri</i>	Uşak	Banaz	<i>Cedrus</i> spp.
28	425	<i>Cinara schimitscheli</i>	Afyonkarahisar	Merkez	<i>Pinus</i> spp.
29	450	<i>Cinara cedri</i>	Afyonkarahisar	Şuhut	<i>Cedrus</i> spp.
30	456	<i>Cinara tujaefilina</i>	Afyonkarahisar	Gazlıgöl	<i>Plathycladus</i> spp.
31	460	<i>Cinara schimitscheli</i>	Afyonkarahisar	Gazlıgöl	<i>Pinus</i> spp.
32	468	<i>Cinara cedri</i>	Afyonkarahisar	İhsaniye	<i>Cedrus</i> spp.
33	527	<i>Cinara schimitscheli</i>	Afyonkarahisar	Çay	<i>Pinus</i> spp.
34	530	<i>Cinara maghrebica</i>	Kütahya	Gediz	<i>Pinus</i> spp.
35	558	<i>Cinara cedri</i>	Afyonkarahisar	Uzunpınar	<i>Cedrus</i> spp.

Çizelge 4.17. (Devam) Dizi analizine gönderilen örnekler, toplandığı il-ilçe ve konak bitkileri

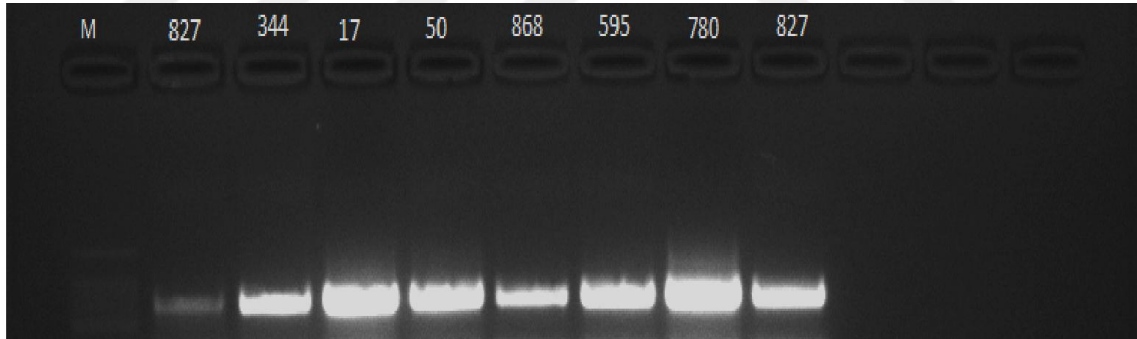
Sıra No	Kod	Tür	Lokalite	İlçe	Konak
36	582	<i>Cinara cedri</i>	Afyonkarahisar	Sandıklı	<i>Cedrus</i> spp.
37	638	<i>Cinara maghrebica</i>	Uşak	Ulubey	<i>Pinus</i> spp.
38	653	<i>Cinara schimitscheli</i>	Kütahya	Gediz	<i>Pinus</i> spp.
39	662	<i>Cinara maghrebica</i>	Kütahya	Gediz	<i>Pinus</i> spp.
40	667	<i>Cinara schimitscheli</i>	Kütahya	Dumlupınar	<i>Pinus</i> spp.
41	688	<i>Cinara cedri</i>	Kütahya	Simav	<i>Cedrus</i> spp.
42	700	<i>Cinara brauni</i>	Kütahya	Simav	<i>Pinus</i> spp.
43	721	<i>Cinara cedri</i>	Kütahya	Merkez	<i>Cedrus</i> spp.
44	727	<i>Cinara cedri</i>	Afyonkarahisar	Şuhut	<i>Cedrus</i> spp.
45	731	<i>Cinara tujafilina</i>	Kütahya	Tavşanlı	<i>Plathycladus</i> spp.
46	736	<i>Cinara brauni</i>	Afyonkarahisar	Şuhut	<i>Pinus</i> spp.
47	775	<i>Cinara juniperensis</i>	Kütahya	Çavdarhisar	<i>Juniperus</i> spp.
48	780	<i>Cinara schimitscheli</i>	Kütahya	Çavdarhisar	<i>Pinus</i> spp.
49	868	<i>Cinara cedri</i>	Kütahya	Gediz	<i>Cedrus</i> spp.
50	876	<i>Cinara maghrebica</i>	Afyonkarahisar	Dinar	<i>Pinus</i> spp.
51	913	<i>Cinara cedri</i>	Kütahya	Altıntaş	<i>Cedrus</i> spp.
52	942	<i>Cinara brauni</i>	Kütahya	Domaniç	<i>Pinus</i> spp.
53	971	<i>Cinara confinis</i>	Afyonkarahisar	Sultandağı	<i>Cedrus</i> spp.
54	1105	<i>Cinara brauni</i>	Afyonkarahisar	Gazlıgöl	<i>Pinus</i> spp.
55	1175	<i>Cinara brauni</i>	Kütahya	Altıntaş	<i>Pinus</i> spp.
56	1244	<i>Cinara schimitscheli</i>	Afyonkarahisar	Sandıklı	<i>Pinus</i> spp.
57	1475	<i>Cinara cedri</i>	Afyonkarahisar	Sultandağı	<i>Cedrus</i> spp.
58	1619	<i>Cinara curvipes</i>	Afyonkarahisar	Şuhut	<i>Cedrus</i> spp.
59	1690	<i>Cinara schimitscheli</i>	Afyonkarahisar	Emirdağı	<i>Pinus</i> spp.
60	1692	<i>Cinara cedri</i>	Afyonkarahisar	Emirdağ	<i>Cedrus</i> spp.
61	1190	<i>Cinara schimitscheli</i>	Kütahya	Dumlupınar	<i>Pinus</i> spp.
62	N1	<i>Cinara cedri</i>	Niğde	Bor	<i>Cedrus</i> spp.
63	N16	<i>Cinara schimitscheli</i>	Niğde	Merkez	<i>Pinus</i> spp.
64	N17	<i>Cinara brauni</i>	Niğde	Kemerhisar	<i>Pinus</i> spp.
65	N30	<i>Cinara tujafilina</i>	Niğde	Merkez	<i>Plathycladus</i> spp.
66	N30	<i>Cinara schimitscheli</i>	Niğde	Merkez	<i>Pinus</i> spp.
67	N31	<i>Cinara tujafilina</i>	Niğde	Bor	<i>Plathycladus</i> spp.
68	N35	<i>Cinara tujafilina</i>	Niğde	Bor	<i>Plathycladus</i> spp.
69	N47	<i>Cinara schimitscheli</i>	Niğde	Merkez	<i>Pinus</i> spp.
70	N67	<i>Cinara tujafilina</i>	Niğde	Ulukışla	<i>Plathycladus</i> spp.
71	N73	<i>Cinara cedri</i>	Niğde	Ulukışla	<i>Cedrus</i> spp.

4.3.2 Mitokondriyal DNA COI gen bölgesinin PCR ile çoğaltılması

Hedeflenen mitokondriyal DNA gen bölgesinin (COI) çoğaltılması amacıyla elde edilen genomik DNA'lar, spesifik primer çifti kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. PCR ürünlerinin bant oluşumunun kontrolü, agaroz jel üzerinde gözlenmiştir. UV altında jel üzerindeki PCR ürünlerinin fotoğrafları çekilmiştir (Fot. 4.27.-28.). Bu çalışmada elde edilen diziler, Gen Bankası'ndaki diziler ile karşılaştırılarak (BLAST analizi) benzerlikleri kontrol edilmiştir.



Fotoğraf 4.25. mtCOI primerleri ile amplifiye edilen gen bölgesine ait bazı PCR ürünlerinin jel görüntüleri-1 (M; Belirteç)



Fotoğraf 4.26. mtCOI primerleri ile amplifiye edilen gen bölgesine ait bazı PCR ürünlerinin jel görüntüleri-2 (M; Belirteç)

4.3.3 *Cinara* türlerine ait örneklerin mitokondriyal DNA COI gen bölgesinden ve Gen Bankası'ndan elde edilen verilerin filogenetik analizleri

4.3.3.1 *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin Gen Bankası verileri ile beraber filogenetik analizleri

Sedir üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin belirlenen haplotip çeşitliliği (Hd) 0.314, haplotip çeşitliliği varyansı 0.01894, haplotip çeşitliliği standart sapması 0.138 ve nükleotid çeşitliliği (P_i , π) 0.01530 olarak belirlendi. Çalışma alanından örneklenen ve Gen Bankası'ndan alınan *Cinara* türlerine ait dizilerin analizleri sonucunda dört adet

COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.18.). Morfolojik olarak *C. confinis*'e ait olduğu tespit edilen bir örnek dizi analizi sonucuna göre *C. cedri* türüne ait haplotip (CcHAB1) içerisinde yer aldığı gözlemlendi.

Çizelge 4.18. *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerinin COI haplotipleri (279 bç)

Sıra	mtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
1	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	727	01.A2	Afyonkarahisar-Şuhut
2	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	913	01.B2	Kütahya
3	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	69	01.C2	Kütahya
4	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	1692	01.C3	Afyonkarahisar
5	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	688	01.E2	Kütahya
6	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	153	01.E3	Uşak
7	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	450	01.E4	Afyonkarahisar
8	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	582	01.F2	Afyonkarahisar-Sandıklı
9	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	721	01.F5	Kütahya
10	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	N73	01.G2	Niğde
11	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	468	01.G4	Afyonkarahisar
12	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	1475	01.H1	Afyonkarahisar
13	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	N1	01.H3	Niğde
14	CcHAB1	<i>C. confinis</i>	971	01.F3	Afyonkarahisar
15	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	KJ433268	--	ÇİN
16	CcurHAB2	<i>C. curvipes</i>	1619	01.G3	Afyonkarahisar
17	CcHAB3	<i>C. cedri</i>	KF649349	--	ÇİN
18	CcHAB4	<i>C. cedri</i>	KM501340	--	FRANSA

Dizi analizleri sonucunda 279 baz çifti uzunluğundaki veride 246 nükleotit pozisyonunda benzerlik (monomorfik) (% 88) ve 33 nükleotit pozisyonunda da farklılık (polimorfizm) (% 12) belirlenmiş olup delesyon-inversiyona rastlanmamıştır.

Bu çalışmada kullanılan *Cinara* cinsine ait COI dizilerinin nükleotit bileşimleri, A = % 33.67, T/U = % 40.18, C = % 16.13 ve G = % 10.02 olarak belirlenmiştir. Veri analizleri sonucunda G oranının diğerlerine göre düşük olması, baz dizilerinin pseudogen olmadığını ve, fonksiyonel bir mitokondriyal gene ait olduğunu desteklemektedir. Mitokondriyal COI gen bölgesi dizilerinde A-T (% 73.85) oranı G-C (% 26.15) oranından daha fazla oluptransisyon/transversiyon oranı (R); 1.234 olarak belirlenmiştir. Nükleotidler arasındaki transisyon/transversiyon değişim oranları, Çizelge 4.19.'da verilmiştir.

Çizelge 4.19. Nükleotidler arasındaki transisyon/transversiyon değişim oranları

	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>G</i>
<i>A</i>	-	8.04	3.23	5.02
<i>T</i>	6.74	-	10.9	2
<i>C</i>	6.74	27.16	-	2
<i>G</i>	16.89	8.04	3.23	-

4.3.3.1.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi

Cinara cinsi türlerine ait COI haplotiplerinin filogenetik analizleri için en uygun baz değişim modeli, Gen Bankası'ndan alınan veriler ve dış gruplu olarak MEGA6 ve jModelTest1 programları ile tespit edildi. Analizler sonucunda en yüksek bootstrap değerine sahip ağaçlar, T92 modeli ile elde edilmiş ve NJ analizinde Kimura-2-Parametre baz değişim modeli de kullanılmıştır.

4.3.3.1.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi

Analizler sonucunda tespit edilen dört haplotip arasındaki genetik uzaklık değerleri, MEGA6 programı ile hesaplandı. Haplotipler arasındaki en küçük genetik uzaklık değeri (0.007), CcHAB1 (Türkiye) ve CcHAB4 (Fransa) haplotipleri arasında, en büyük genetik uzaklık değerinin (0.117) ise, CcHAB1 ve CcHAB2 ile CcurHAB2 ve CcHAB4 haplotipleri arasında olduğu belirlenmiştir. Ortalama genetik uzaklık ise 0.0406'dır (Çizelge 4.20.).

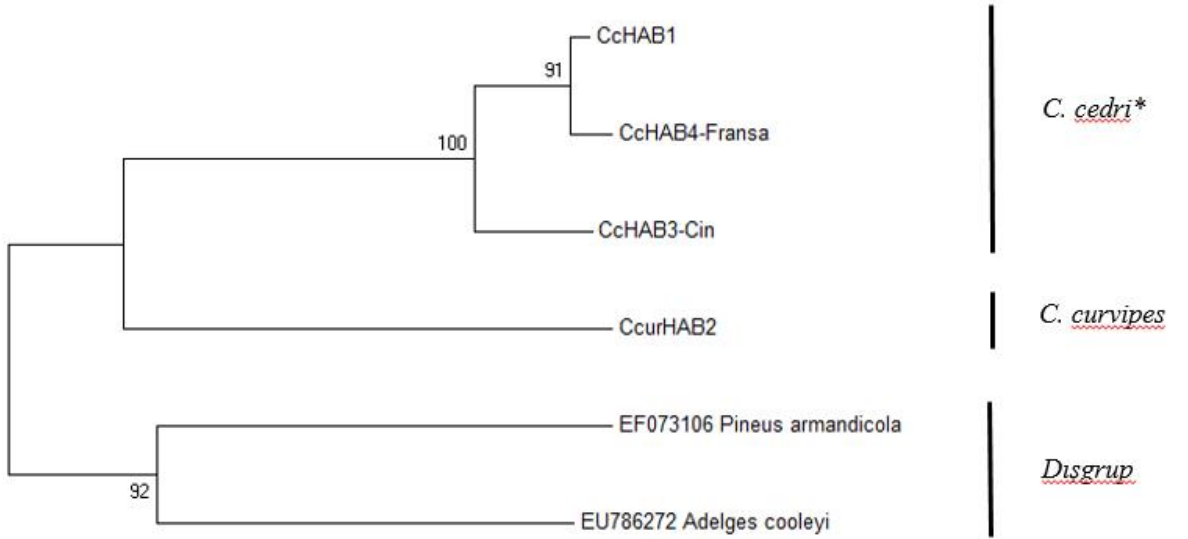
Çizelge 4.20. *Cedrus* spp. üzerinden örneklerden ve Gen Bankası'ndan elde edilen haplotiplerin genetik uzaklık değerleri (K2P)(279 bç)

	1	2	3	4
CcHAB1	***			
CcurHAB2	0.117	***		
CcHAB3	0.026	0.112	***	
CcHAB4	0.007	0.117	0.033	***

4.3.3.1.3 Neighbor joining Analizi

Cedrus spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait çalışma alanından toplanan örneklerden ve Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen dört COI

haplotipi (279 bç) arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla MEGA6 programı ile yapılan NJ analizi sonucu oluşturulan NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.9.'da verilmiştir. Analizlerde Gen Bankası'ndan dizileri alınan *Pineus armandicola* ve *Adelges cooleyi*, dış grup olarak kullanılmıştır. Türkiye'den örneklenen *C. cedri* haplotipleri (CcHAB1) ve Fransa haplotipi (CcHAB4) % 91'lik bootstrap değeri ile desteklenerek kümelenmiştir. Çin haplotipi (CcHAB3) % 100'lük bootstrap değeri ile ayrı bir dal oluşturmuştur. *C. curvipes* türüne ait CcurHAB2 haplotipi ise ayrı bir soy hattı oluşturmuştur. Çalışma kapsamında morfolojik olarak *C. confinis* türüne ait olduğu belirlenen örneğin COI dizisi, analizlerde *C. cedri** türüne ait haplotip (CcHAB1) içerisinde yer almıştır.

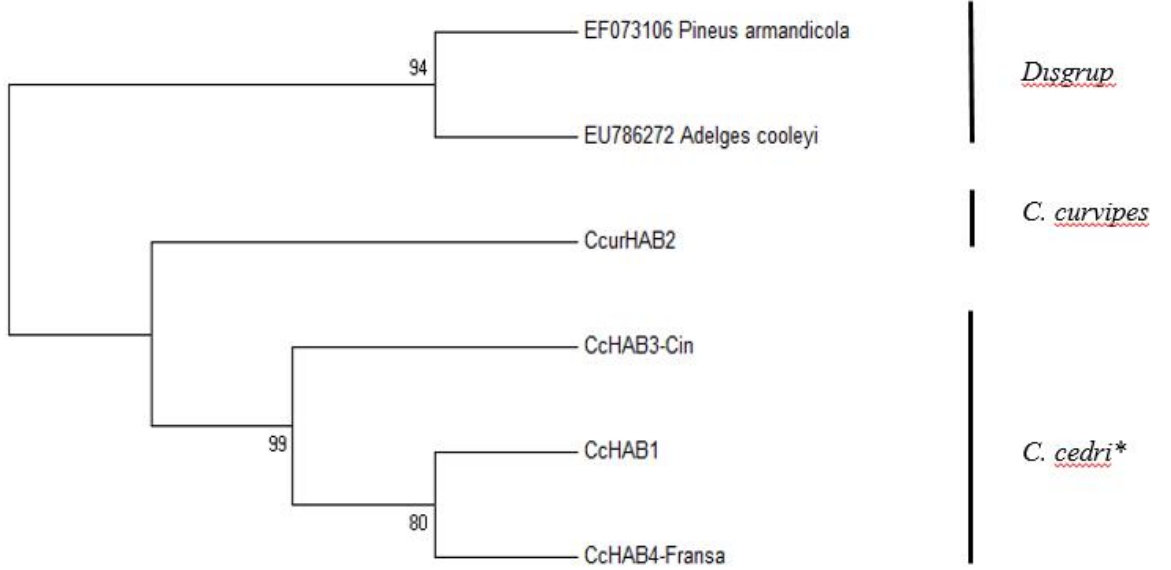


Şekil 4.9. Bu çalışmada elde edilen ve Gen Bankası'ndan alınan *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı (10.000 tekrarlı Bootstrap) (279 bç)

4.3.3.1.4 Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi

Cedrus spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait çalışma alanındaki örneklerden tespit edilenler ile Gen Bankası'ndan elde edilen dizilere ait mtCOI haplotiplerinin MEGA6 programı ile yapılan 5.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) (MP) analizi sonucu oluşturulan MP ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.10.'da verildi. Analiz sonucu elde edilen ağaç uzunluğu 77, tutarlılık indeksi 0.76 ve koruma indeksi 0.73 olan eşit olasılıkta 10 parsinomik ağaç oluşturulmuştur. Analiz sonucunda oluşturulan MP ağacının NJ ağacı (Şekil 4.9.) ile benzer topolojiye sahip olduğu belirlenmiştir. NJ (Şekil 4.9.) ağacında olduğu gibi *C. cedri* türü, *C. curvipes*'ten yüksek bootstrap değeri ile ayrılmıştır. Çalışma kapsamında morfolojik olarak *C.*

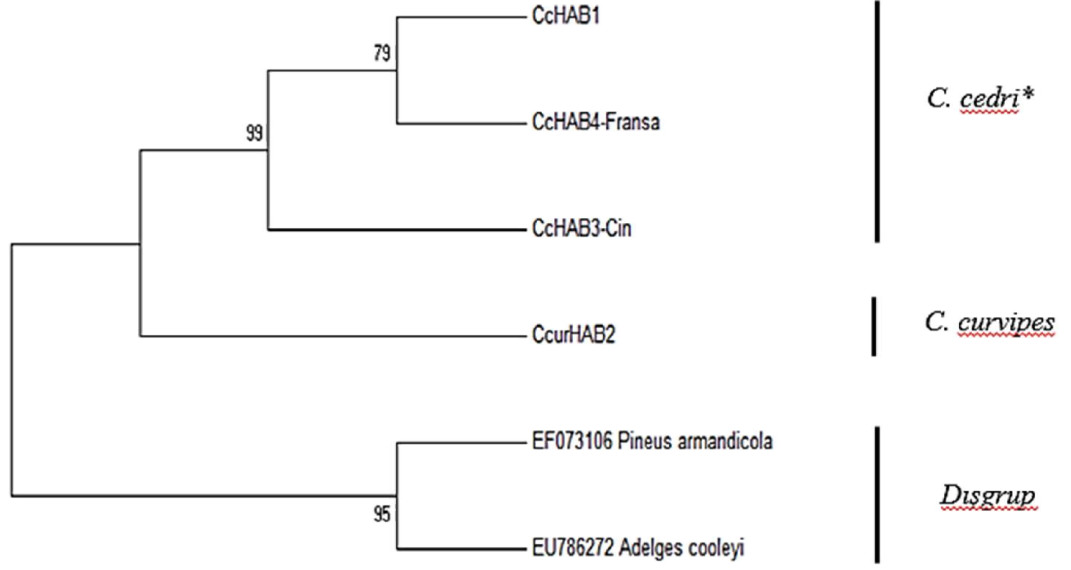
confinis türüne ait olduğu belirlenen örneğin COI dizisi, haplotip analizlerinde *C. cedri** türüne ait haplotip (CcHAB1) içerisinde yer almıştır.



Şekil 4.10. *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Parsinomi ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap)

4.3.3.1.5 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi

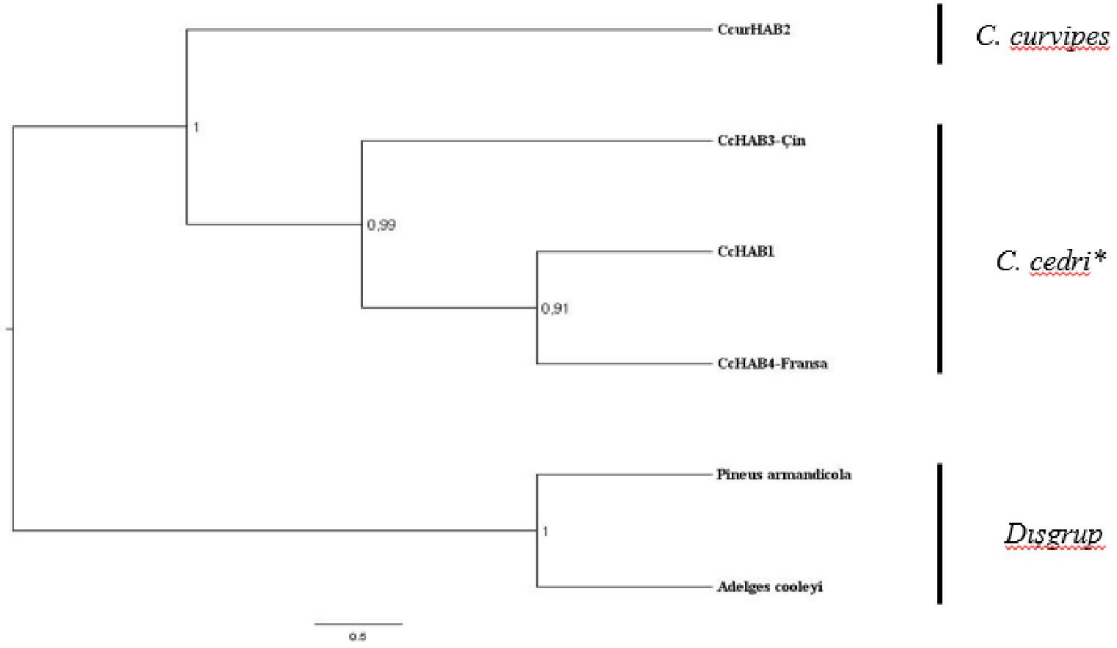
Cinara cinsine ait çalışma alanındaki örneklerden tespit edilen diziler ile Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında bulunan mtCOI haplotiplerinin filogenetik ilişkilerini göstermek için MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı olarak ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak yapılan Maksimum Likelihood (Olasılık) (ML) analizi sonucunda oluşturulan ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.11.'de verilmiştir. ML ağacının topolojisinin NJ (Şekil 4.9.) ve MP (Şekil 4.10.) ağaçlarına benzerlik gösterdiği gözlenmiştir. *C. curvipes* türüne ait haplotip ayrı bir soy hattı oluşturmuştur (Şekil 4.11.). Çalışma kapsamında morfolojik olarak *C. confinis* türüne ait olduğu belirlenen örneğin COI dizisi, haplotip analizlerinde *C. cedri** türüne ait haplotip (CcHAB1) içerisinde yer almıştır.



Şekil 4.11. *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen mtCOI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Likelihood (ML) ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (279 bç)

4.3.3.1.6 Bayesian analizi

Cedrus spp. üzerinden çalışma alanından örneklenen ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Cinera* türlerine ait diziler arasında tespit edilen COI haplotiplerinin Mr Bayes 3.2 programı ile 40.000 jenerasyonlu ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi ile oluşturulan Bayesian ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 4.12.'de gösterilmiştir. Bayesian ağacı (Şekil 4.12.) incelendiğinde elde edilen dört haplotipten CcurHAB2, ayrı bir soy hattında yer alırken , CcHAB3 (Çin) haplotipi ise % 99 güvenilirlikle ayrı bir dalda yer aldığı gözlenmiştir. Bayesian ağacı (Şekil 4.12.), NJ (Şekil 4.9.), MP (Şekil 4.10.) ve ML (Şekil 4.11.) ağaçlarıyla benzer topoloji göstermiştir. Çalışma kapsamında morfolojik olarak *C. confinis* türüne ait olduğu belirlenen örneğin COI dizisi, haplotip analizlerinde *C. cedri** türüne ait haplotip (CcHAB1) içerisinde yer almıştır.



Şekil 4.12. *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (279 bç)

4.3.3.2 Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin Gen Bankası verileri ile beraber filogenetik analizleri

Cupressaceae bitkileri üzerinden elde edilen *Cinara* türlerine ait örneklerin COI gen bölgesi dizileri arasında belirlenen haplotip çeşitliliği (Hd) 0.481, haplotip çeşitliliği varyansı 0.01704 haplotip çeşitliliği, standart sapması 0.131 ve nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0.01950 olarak tespit edilmiştir. Çalışma alanından örneklenen ve Gen Bankası'ndan alınan türlere ait COI dizilerin analizleri sonucunda yedi adet COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.21.).

Dizi analizleri sonucunda 222 baz çifti uzunluğundaki veride 197 nükleotit pozisyonunda benzerlik (monomorfik) (% 89) ve 25 nükleotit pozisyonunda da farklılık (polimorfik) (% 11) belirlenmiş ve delesyon-inversiyona rastlanmamıştır.

Cinara cinsine ait COI dizilerinin nükleotid bileşimleri, A = % 36.47, T/U = % 37.82, C = % 17.55, ve G = % 8.17 olarak belirlenmiştir. Mitokondriyal COI dizilerinde A-T (% 74.29) oranı G-C (% 25.71) oranından daha fazladır. Transisyon/transversiyon oranı (R); 5.290'dir. Transisyon/ transversiyon değişim oranları, Çizelge 4.22.'de verilmiştir.

Çizelge 4.21. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden beslenen *Cinara* cinsine ait örnekler arasında tespit edilen haplotipler (222 bç)

Sıra	mtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
1	CJHAB1	<i>C. juniperensis</i>	299	01.B3	Kütahya
2	CJHAB2	<i>C. juniperensis</i>	775	01.D2	Kütahya
3	CJHAB3	<i>C. juniperensis</i>	222	01.D4	Kütahya
4	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	138	01.A1	Uşak-Eşme
5	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	102	01.A3	Kütahya-Gediz
6	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	210	01.A4	Uşak-Gediz
7	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	N31	01.B1	Niğde
8	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	N30	01.B4	Niğde
9	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	N67	01.C1	Niğde
10	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	77	01.C4	Kütahya-Merkez
11	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	45	01.E1	Kütahya-Altıntaş
12	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	68	01.F1	Kütahya-Domaniç
13	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	N35	01.F4	Niğde
14	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	456	01.G1	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
15	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	280	01.H2	Kütahya-Emet
16	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	EU151496	---	POLONYA
17	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	HQ443318	---	HİNDİSTAN
18	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	JX034915	---	ÇİN
19	CTHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	JX034929	---	ÇİN
20	CTHAB5	<i>C. tujaefilina</i>	KF639333	---	AVRUPA-FRANSA
21	CTHAB6	<i>C. tujaefilina</i>	KF649348	---	FRANSA
22	CTHAB7	<i>C. tujaefilina</i>	KF649398	---	ÇİN

Çizelge 4.22. Transisyon/ transversiyon değişim oranları (222 bç)

	A	T	C	G
A	-	0.28	0.13	7.41
T	0.27	-	18.39	0.06
C	0.27	39.64	-	0.06
G	33.07	0.28	0.13	-

4.3.3.2.1 En uygun baz deęişim modelinin belirlenmesi

Cinara cinsine ait türlerin bu çalışmada ve Gen Bankası'nda bulunan dizileri arasında tespit edilen COI haplotiplerinin filogenetik analizleri için en uygun baz deęişim modeli, dış gruplu olarak MEGA6 ve jModelTest1 programları ile tespit edildi. Analizler sonucunda en yüksek bootstrap deęerine sahip ağaçlar, T92+G modeli ile elde edilmiş ve NJ analizinde Kimura-2-Parametre baz deęişim modeli de kullanılmıştır.

4.3.3.2.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi

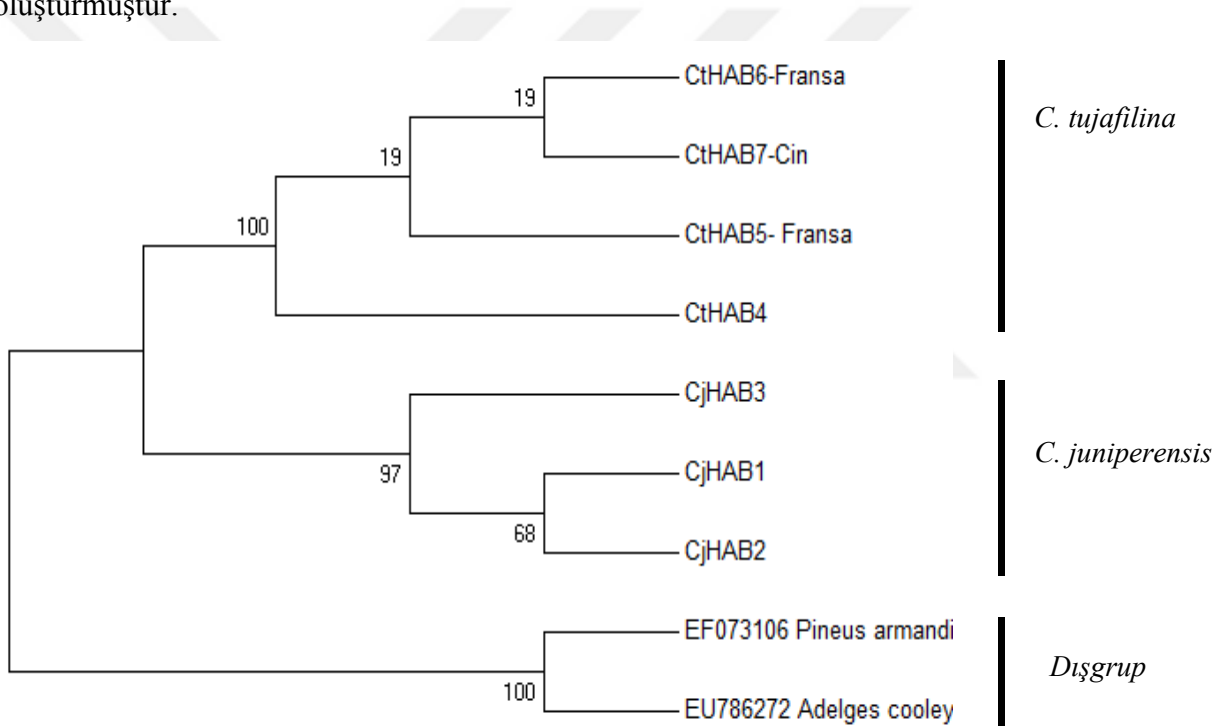
Cinara cinsine ait türlerin COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklık deęerleri, MEGA6 programı ile belirlenmiştir. Haplotipler arasındaki en küçük genetik uzaklık deęeri (0.009), CJHAB1 ve CJHAB2 haplotipleri arasında, en büyük genetik uzaklık deęeri (0.067) ise CJHAB1 ve CTHAB4 haplotipleri arasında olduğu belirlenmiştir. Ortalama haplotip deęeri ise, 0.0422'dir (Çizelge 4.23.).

Çizelge 4.23. Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Cinara* cinsine ait COI haplotiplerinin genetik uzaklık deęerleri (K2P) (222 bç)

	1	2	3	4	5	6	7
CjHAB1	***						
CjHAB2	0.009	***					
CjHAB3	0.018	0.009	***				
CtHAB4	0.067	0.057	0.057	***			
CtHAB5	0.067	0.057	0.057	0.000	***		
CtHAB6	0.067	0.057	0.057	0.000	0.000	***	
CtHAB7	0.067	0.057	0.057	0.000	0.000	0.000	***

4.3.3.2.3 Neighbor Joining analizi

Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri (*Plathycladus* spp. ve *Juniperus* spp.) üzerinden beslenen ve Gen Bankası'ndan elde edilen *Cinara* cinsine ait türlerin yedi COI haplotipi (222 baz çifti) arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla MEGA6 programı ile 10.000 tekrarlı ve K2P baz değişim modeli kullanılarak yapılan Neighbor Joining analizi sonucu oluşturulan NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.13.'de verilmiştir. NJ ağaç topolojisi incelendiğinde *C. tujaifilina* türüne ait haplotipler, % 100 bootstrap değeri ile kümelenmiştir. Fransa ve Çin haplotipleri yakın kümelenirken, Türkiye'den CtHAB4 haplotipi ise tek başına kümelenmiştir. *C. juniperensis* türüne ait Türkiye haplotipleri, % 97 bootstrap değeri ile iki dal oluşturmuştur.

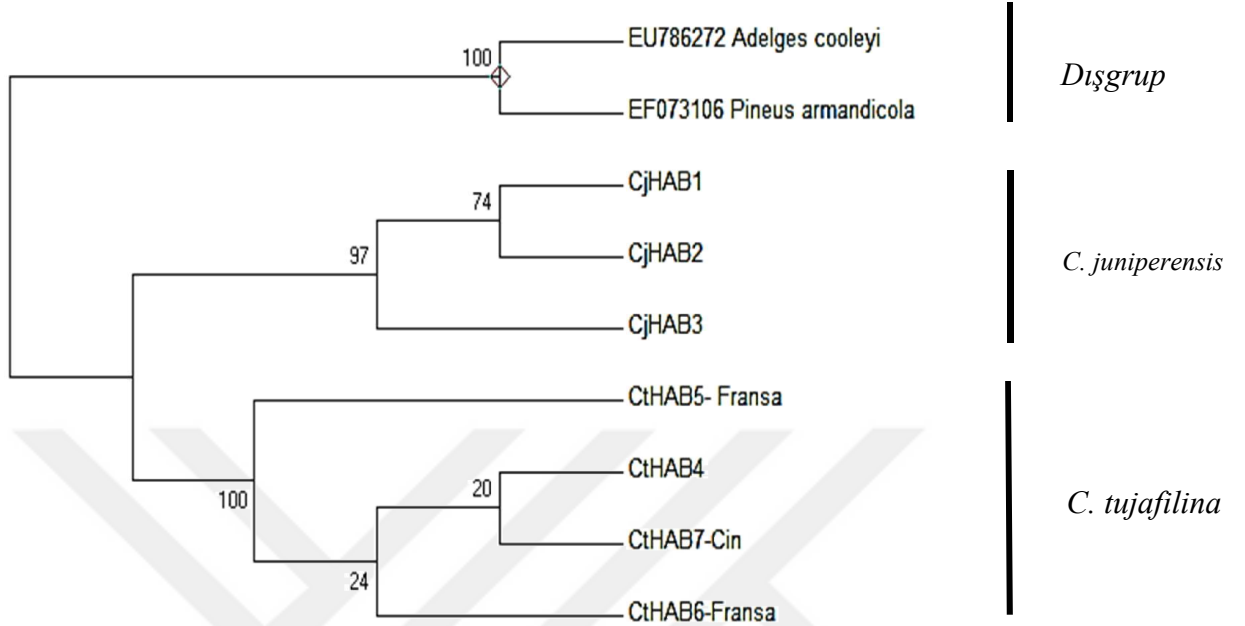


Şekil 4.13. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (222 bç)

4.3.3.2.4 Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi

Cinara cinsine ait türlerin mtCOI haplotiplerinin MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) (MP) analizi yapıldı ve oluşturulan MP ağacı ile bootstrap değerleri, Şekil 4.14.'da verildi. Analizler sonucu ağaç uzunluğu 50, tutarlılık indeksi 1.00 ve koruma indeksi 1.00 olan eşit olasılıkta 10 parsinomik ağaç

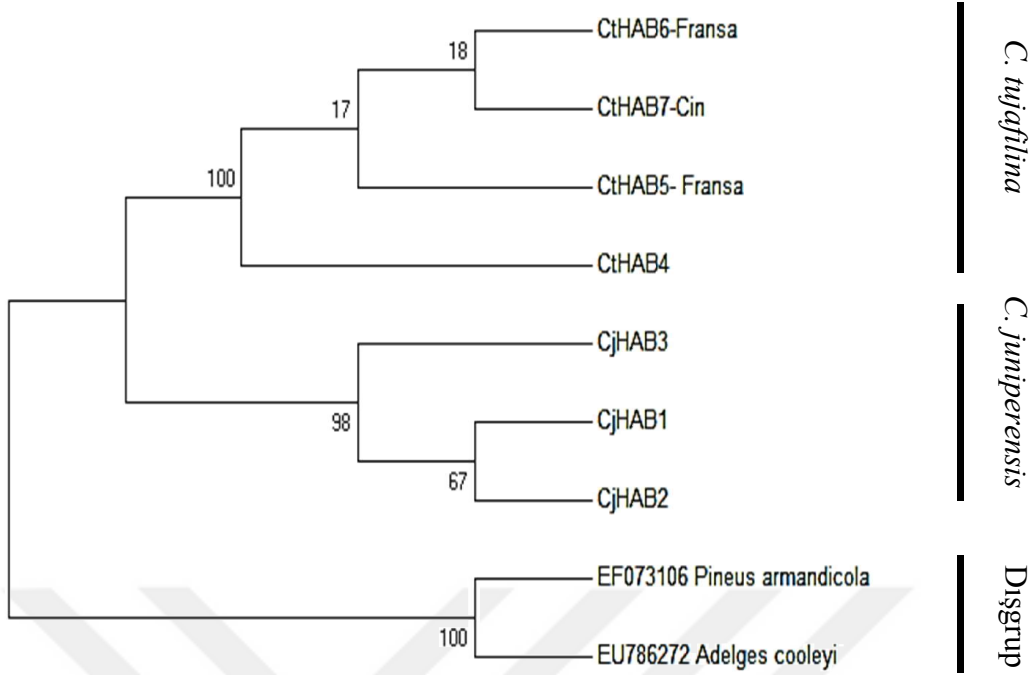
oluşturulmuştur. MP ağacının NJ ağacı (Şekil 4.13.) ile benzer topoloji gösterdiği gözlenmiştir. *C. tujaefilina*'ya ait Fransa haplotipi (CtHAB5), % 100 bootstrap değeri ile desteklenmiş ayrı bir soyhattı oluşturmuştur.



Şekil 4.14 Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Parsinomi ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (222 bç)

4.3.3.2.5 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi

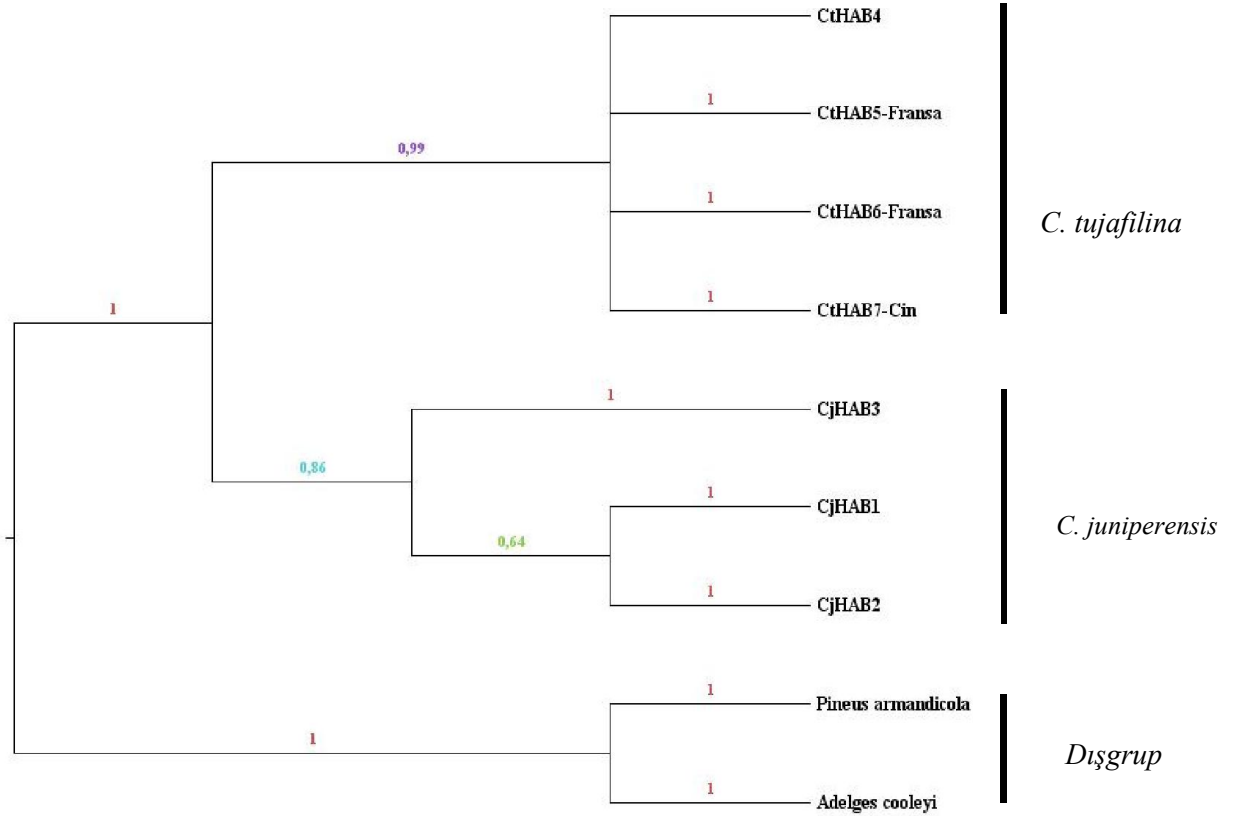
Cinara cinsine ait türlerin mtCOI haplotiplerinin MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı olarak ve HKY+G baz değişim modeli ile yapılan Maksimum Likelihood (Olasılık) (ML) analizi sonucunda oluşturulan ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.15.'de verilmiştir. ML ağaç topolojisi ile NJ (Şekil 4.13.) benzerlik gösterdiği gözlenmiştir. *C. tujaefilina* türüne ait Türkiye'den CtHAB4 haplotipi, % 100 bootstrap değeri ile ayrı bir soyhattı oluşturmuştur.



Şekil 4.15. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Likelihood ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (222 bç)

4.3.3.2.6 Bayesian analizi

Cupressaceae bitkisi üzerinden örneklenen türlere ait COI haplotiplerinin Mr Bayes 3.2 programı ile 60.000 jenerasyonlu ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi ile oluşturulan Bayesian ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 4.16.'da gösterilmiştir. Bayesian ağacı (Şekil 4.16.) incelendiğinde tüm haplotiplerin % 100 Bootstrap değeri ile desteklenmiş iki soyhattı oluşturduğu gözlenmiştir. *C. tujaeflora* haplotiplerinin tamamı % 99 olasılık değeri ile desteklenerek kümelenirken, *C. juniperensis* haplotiplerinden CjHAB3 % 86'lık olasılık değeri ile diğer haplotiplerden ayrılmıştır.



Şekil 4.16. Cupressaceae familyasına ait bitki cinsleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait örneklerin dizileriyle Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (222 bç)

4.3.3.3 *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin Gen Bankası verileri ile filogenetik analizi

Çam üzerinden örneklenen *Cinara* türlerine ait COI dizilerinin genetik analizi sonucu belirlenen haplotip çeşitliliği (Hd) 0.668, haplotip çeşitliliği varyansı 0.00680, haplotip çeşitliliği standart sapması 0.082 ve nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0.04539 olarak belirlendi. Çalışma alanından örneklenen ve Gen Bankası'ndan elde edilen dizilerin analizi sonucunda altı adet COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.24.).

Analizler sonucunda 238 baz çifti uzunluğundaki COI dizilerinde 147 nükleotid pozisyonunda benzerlik (monomorfik) (% 59) ve 103 nükleotid pozisyonunda da farklılık (polimorfik) (% 41) belirlenmiş ve delesyon-inversiyona rastlanmamıştır.

Çizelge 4.24. *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait örneklerden elde edilen COI haplotipleri (238 bç)

Sıra No	MtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
1	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	1105	00.F3	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
2	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	736	00.F4	Afyonkarahisar-Şuhut
3	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	N17	00.H1	Niğde-Altunhisar
4	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	1175	01.D6	Kütahya-Altıntaş
5	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	700	01.G5	Kütahya-Simav
6	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	942	00.A2	Kütahya-Domaniç
7	CMHAB2	<i>C. maghrebica</i>	638	00.A3	Uşak-Ulubey
8	CMHAB2	<i>C. maghrebica</i>	876	00.D4	Afyonkarahisar-Dinar
9	CMHAB3	<i>C. maghrebica</i>	50	00.G1	Kütahya-Tavşanlı
10	CMHAB3	<i>C. maghrebica</i>	344	01.C6	Afyonkarahisar-Sultandağı
11	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	129	01.G6	Afyonkarahisar-Bolvadin
12	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	N47	01.H5	Niğde-Merkez
13	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	425	01.B6	Afyonkarahisar-Merkez
14	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1244	00.H4	Afyonkarahisar-Sandıklı
15	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	667	00.H2	Kütahya-Dumlupınar
16	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	653	00.E4	Kütahya-Gediz
17	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1690	00.E3	Afyonkarahisar-Emirdağı
18	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	355	00.D2	Uşak-Merkez
19	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	780	00.D1	Kütahya-Çavdarhisar
20	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	339	00.B1	Afyonkarahisar-Sultandağı
21	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	460	00.A4	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
22	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	N30	00.C1	Niğde-Merkez
23	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	İBA 32	01.H6	Afyonkarahisar-Merkez
24	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1190	00.A5	Uşak-Merkez
25	CmaghHAB5	<i>C. maghrebica</i>	KF649357	---	Avrupa-Fransa
26	CbraHAB6	<i>C. brauni</i>	KF649394	---	Avrupa- Fransa

Cinara örneklerine ait COI dizilerinin nükleotit bileşimleri, A = % 39.28, T/U = % 33.61, C = % 10.42 ve G = % 16.68 olarak belirlenmiştir. Mitokondriyal COI gen dizilerinde A-T (% 73) oranı, G-C (% 27) oranından daha fazladır. Transisyon/transversiyon oranı (R); 2.014'dir. Transisyon/ transversiyon değişim oranları, Çizelge 4.25.'da verilmiştir.

Çizelge 4.25. Nükleotidler arasındaki Transisyon/ transversiyon değişim oranları (238 bç)

	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>G</i>
<i>A</i>	-	4.92	1.53	13.07
<i>T</i>	5.76	-	6.35	2.44
<i>C</i>	5.76	20.49	-	2.44
<i>G</i>	30.78	4.92	1.53	-

4.3.3.3.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi

Cinara cinsine ait bu çalışmada ve Gen Bankası'ndan elde edilen COI diziler arasında tespit edilen haplotiplerin filogenetik analizleri için en uygun baz değişim modeli dış gruplu olarak MEGA6 ve jModelTest1 programları ile belirlendi. Analizler sonucunda en yüksek bootstrap değerine sahip ağaçlar, T92+G modeli ile elde edilmiş ve NJ analizinde Kimura-2-Parametre baz değişim modeli de kullanılmıştır.

4.3.3.3.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi

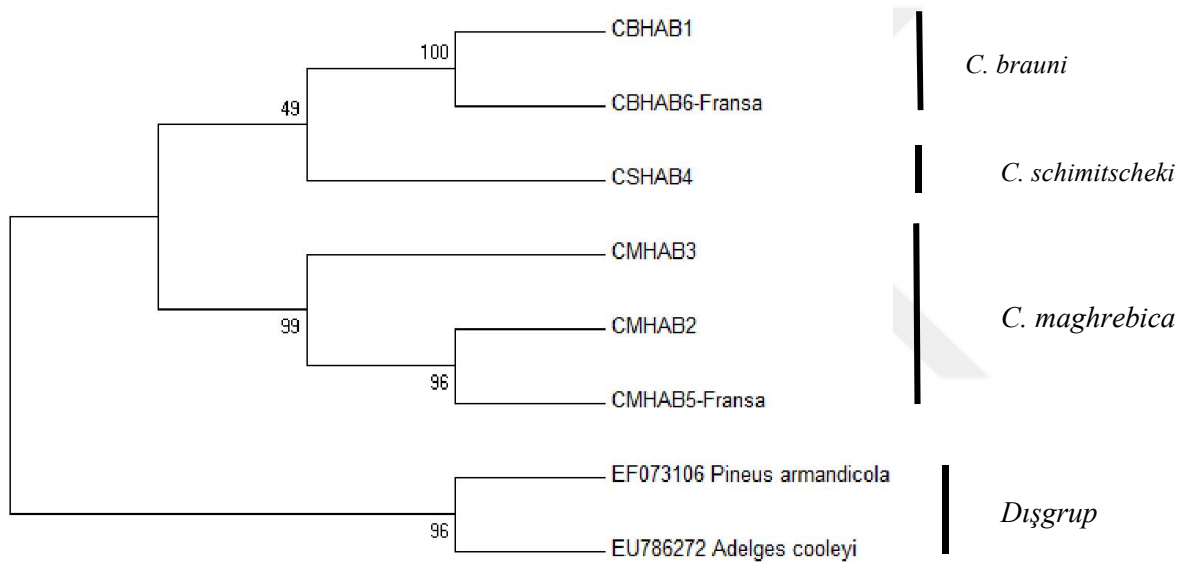
Cinara cinsine ait türlerin COI dizilerini içeren veri setinin DnaSP v5 programı ile analizi sonucunda altı adet COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.24.). Bu haplotiplerin filogenetik ilişkilerini ortaya koymak için MEGA6 programı ile haplotipler arasındaki genetik uzaklıklar belirlenmiştir. Haplotipler arasındaki en küçük genetik uzaklık değeri (0.0012) CBHAB1 ve CBHAB6 (Fransa) haplotipleri arasında, en büyük genetik uzaklık değerinin (0.109) ise CMHAB2 ile CBHAB6 ve CMHAB5 ile CBHAB6 haplotipleri arasında olduğu belirlenmiştir. Ortalama haplotip değeri ise, 0.0566'dır (Çizelge 4.26.).

Çizelge 4.26. *Pinus* spp. üzerinden Gen Bankası ve bu çalışmada elde edilen örneklerden elde edilen COI haplotiplerin genetik uzaklık değerleri (K2P) (238 bç)

	1	2	3	4	5	6
CBHAB1	***					
CMHAB2	0.095	***				
CMHAB3	0.075	0.024	***			
CSHAB4	0.062	0.088	0.081	***		
CMHAB5	0.095	0.012	0.024	0.088	***	
CBHAB6	0.012	0.109	0.088	0.075	0.109	***

4.3.3.3 Neighbor Joining analizi

Cinara cinsi türlerine ait altı COI haplotipi (238 baz çifti) arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla MEGA6 programı ile 10.000 tekrarlı ve K2P baz değişim modeli kullanılarak yapılan Neighbor Joining (NJ) analizi sonucu oluşturulan NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.17.'de verilmiştir. *Pinus* spp. üzerinden bu çalışmada ve Gen Bankası'ndan elde edilen diziler arasında tespit edilen COI haplotipleri ile oluşturulan NJ ağacı incelendiğinde *C. schimitscheki* ve *C. brauni* türlerine ait haplotiplerin % 49 bootstrap değeri ile birbirlerine yakın ayrı soyları oluşturdukları, *C. maghrebica* haplotiplerinin ise tamamen ayrı bir küme oluşturduğu gözlenmiştir (Şekil 4.17.).

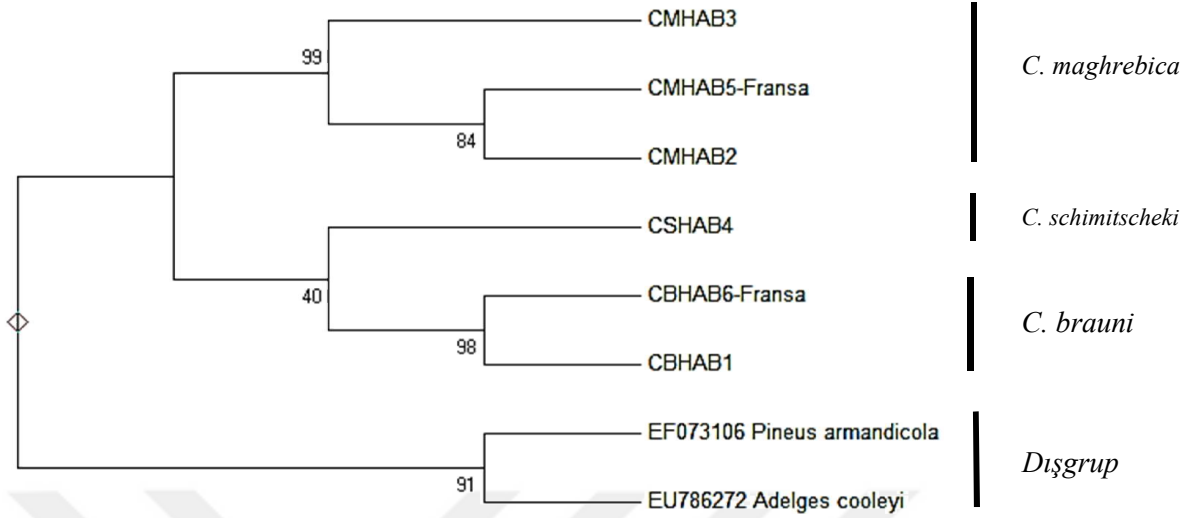


Şekil 4.17. *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (238 bç)

4.3.3.3.4 Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi

Cinara cinsine ait türlerin COI haplotiplerinin MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsinomi (MP) analizi yapıldı ve oluşturulan MP ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.18.'de verildi. Analiz sonucu ağaç uzunluğu 45, tutarlılık indeksi 0.80 ve koruma indeksi 0.81 olan eşit olasılıkta 10 parsinomik ağaç oluşturulmuştur. *Pinus* spp. üzerinden bu çalışmadaki örneklerin ve Gen Bankası'ndan elde edilen COI dizileri arasında tespit edilen haplotipler kullanılarak oluşturulan MP ağacının NJ ağacı (Şekil 4.17.) ile benzer topolojiyi gösterdiği gözlenmiştir. MP

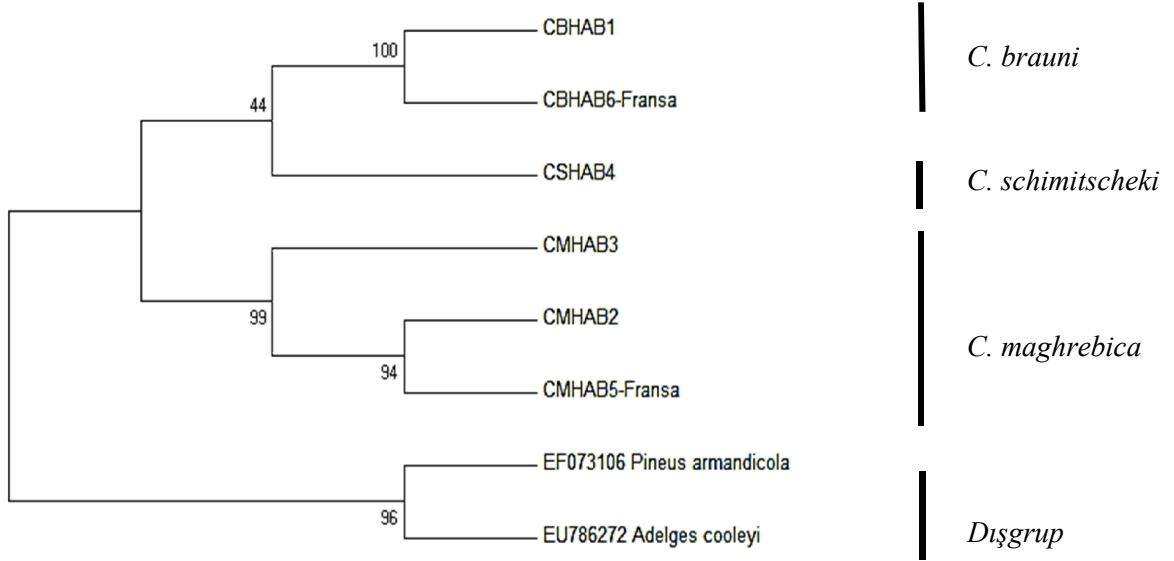
ağacında (Şekil 4.18.) *C. schimitscheki* haplotipi, *C. brauni* haplotipleri ile beraber kümelenmiştir.



Şekil 4.18. *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan MP ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (238 bç)

4.3.3.3.5 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi

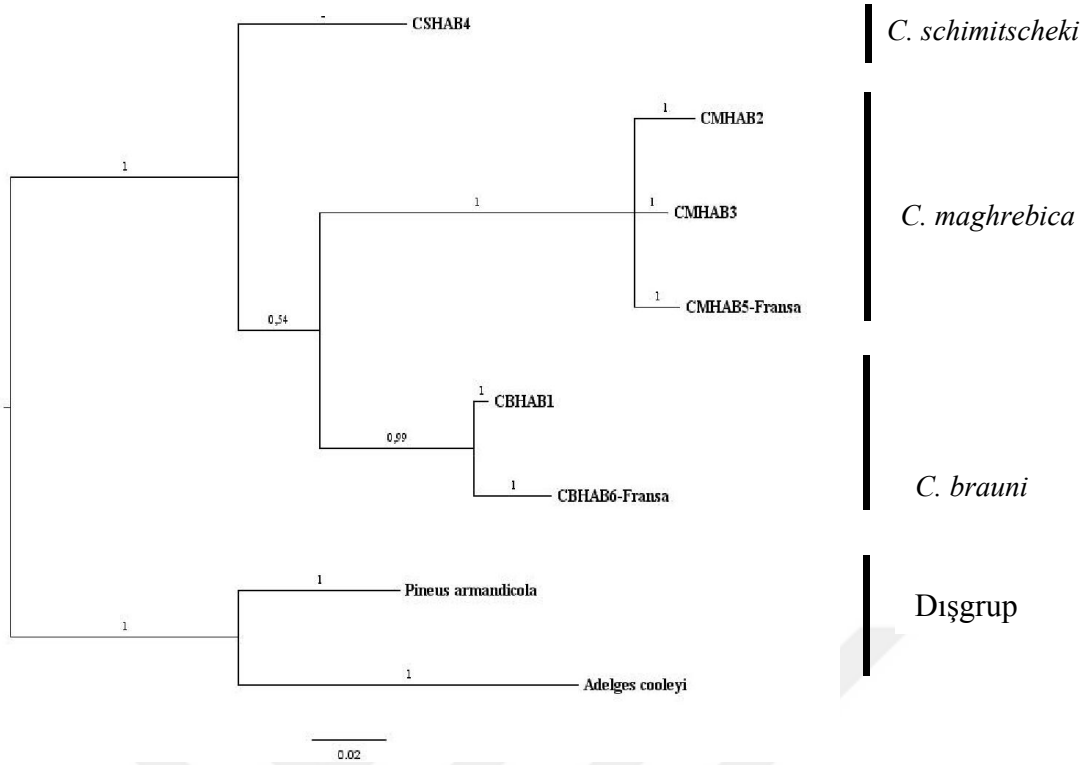
Cinara cinsine ait türlerin COI haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkilerini göstermek için MEGA6 programı ile 10.000 tekrarlı olarak HKY+G baz değişim modeli kullanılarak yapılan Maksimum Likelihood (ML) analizi sonucunda oluşturulan ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.19.'da verilmiştir. *C. brauni* türüne ait Türkiye'den tespit edilen haplotip ile Fransa haplotipi, % 100 bootstrap değeri ile desteklenen bir küme oluşturduğu gözlenmiştir. *C. maghrebica* haplotipleri ise % 99 bootstrap değeri ile desteklenen iki ayrı soy hattında yer almışlardır.



Şekil 4.19. *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (238 bç)

4.3.3.3.6 Bayesian analizi

Pinus spp. üzerinden örneklenen türlere ait COI haplotiplerinin Mr Bayes 3.2 programı ile 160.000 jenerasyonlu ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi ile oluşturulan Bayesian ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 4.32.'de gösterilmiştir. Bayesian ağacı (Şekil 4.20.) incelendiğinde *C. schimitscheki* haplotipinin NJ ve ML ağaçlarından farklı olarak % 100 olasılık değeri ile desteklenerek ayrı bir soyhattı oluşturduğu gözlenmiştir. *C. maghrebica* ve *C. brauni* haplotipleri ise, % 54 olasılık değeri ile iki ayrı soy hattında yer almışlardır.



Şekil 4.20. *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (238 bç)

4.3.4 Çalışma alanından tespit edilen COI haplotiplerinin filogenetik analizleri

4.3.4.1 Çalışma alanındaki *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin filogenetik analizleri

Sedir bitkisi üzerinden bu çalışmada örneklenen *Cinara* türleri için haplotip çeşitliliği (Hd) 0.317, haplotip çeşitliliği varyansı 0.02346, haplotip çeşitliliği standart sapması 0.153 ve nükleotid çeşitliliği (P_i , π) 0.01426 olarak belirlendi. Çalışma alanından örneklenen türlere ait COI dizilerinin analizleri sonucunda dört COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.27.).

Dizi analizleri sonucunda 438 baz çifti uzunluğundaki veride 392 nükleotit pozisyonunda benzerlik (monomorfik) (% 89) ve 46 nükleotit pozisyonunda da farklılık (polimorfik) (% 11) belirlenmiş ve delesyon-inversiyona rastlanmamıştır.

Çizelge 4.27. *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* türlerine ait COI haplotipleri

Sıra	mtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
1	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	727	01.A2	Afyonkarahisar
2	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	913	01.B2	Kütahya
3	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	69	01.C2	Kütahya
4	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	1692	01.C3	Afyonkarahisar
5	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	688	01.E2	Kütahya
6	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	153	01.E3	Uşak
7	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	450	01.E4	Afyonkarahisar
8	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	582	01.F2	Afyonkarahisar
10	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	N73	01.G2	Niğde
12	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	1475	01.H1	Afyonkarahisar
13	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	N1	01.H3	Niğde
14	CcHAB1	<i>C. cedri</i>	971	01.F3	Afyonkarahisar
9	CcHAB2	<i>C. confinis</i>	721	01.F5	Kütahya
11	CcHAB3	<i>C. cedri</i>	468	01.G4	Afyonkarahisar
15	CcurHAB4	<i>C. curvipes</i>	1619	01.G3	Afyonkarahisar

Cinara türlerine ait COI dizilerinin nükleotit bileşimleri, A = % 39.91, T/U = % 34.73, C = % 10.50, ve G = % 14.86 olarak belirlenmiştir. Mitokondriyal COI dizilerinde A-T (% 75) oranı, G-C (% 25) oranından daha fazladır. Transisyon/transversiyon oranı (R); 1.21'dir. Transisyon/ transversiyon değişim oranları Çizelge 4.28.'de verilmiştir.

Çizelge 4.28. Transisyon/ transversiyon değişim oranları (438 bç)

	A	T	C	G
A	-	6.99	2.11	12.26
T	8.03	-	3.38	2.99
C	8.03	11.18	-	2.99
G	32.94	6.99	2.11	-

4.3.4.1.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi

Çalışma alanında belirlenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotiplerinin filogenetik analizleri için en uygun baz değişim modeli dış grupsuz olarak MEGA6 ve jModelTest1 programları ile tespit edildi. Analizler sonucunda en yüksek bootstrap değerine sahip ağaçlar, T92 modeli ile elde edilmiş ve NJ analizinde Kimura-2-Parametre baz değişim modeli de kullanılmıştır.

4.3.4.1.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi

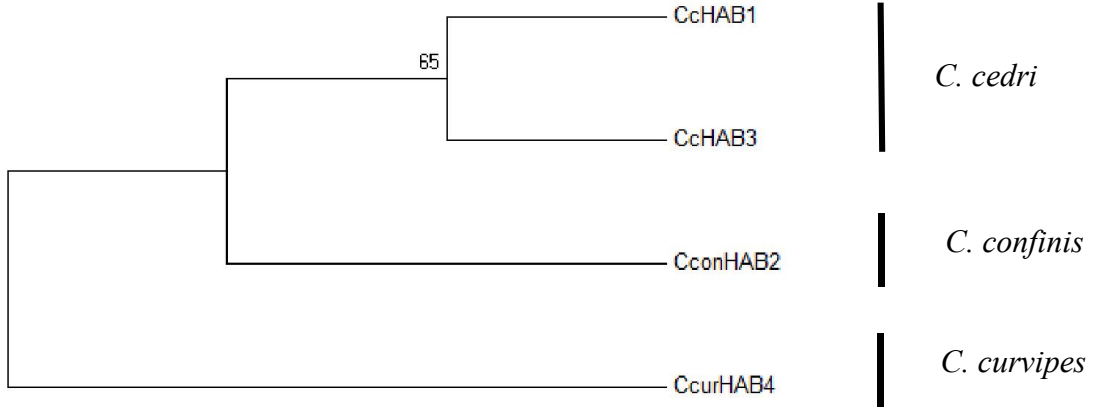
Çalışma alanındaki *Cinara* cinsine ait türlerin COI dizilerini içeren veri setinin DnaSP v5 programı ile yapılan analiz sonucunda belirlenen dört adet COI haplotipi (Çizelge 4.27.) arasındaki genetik uzaklıklar, MEGA6 programı ile hesaplanmıştır. Haplotipler arasındaki en küçük genetik uzaklık değeri (0,005), CcHAB1 ve CcHAB3 haplotipleri arasında, en büyük genetik uzaklık değeri (0.106) ise, CcHAB2 ve CcHAB4 haplotipleri arasında olduğu belirlenmiştir. Ortalama haplotip değeri ise, 0.0152'dir (Çizelge 4.29.).

Çizelge 4.29. Çalışma alanındaki *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri (K2P)

	1	2	3	4
CcHAB1	***			
CconHAB2	0.012	***		
CcHAB3	0.005	0.016	***	
CcurHAB4	0.098	0.106	0.103	***

4.3.4.1.3 Neighbor Joining analizi

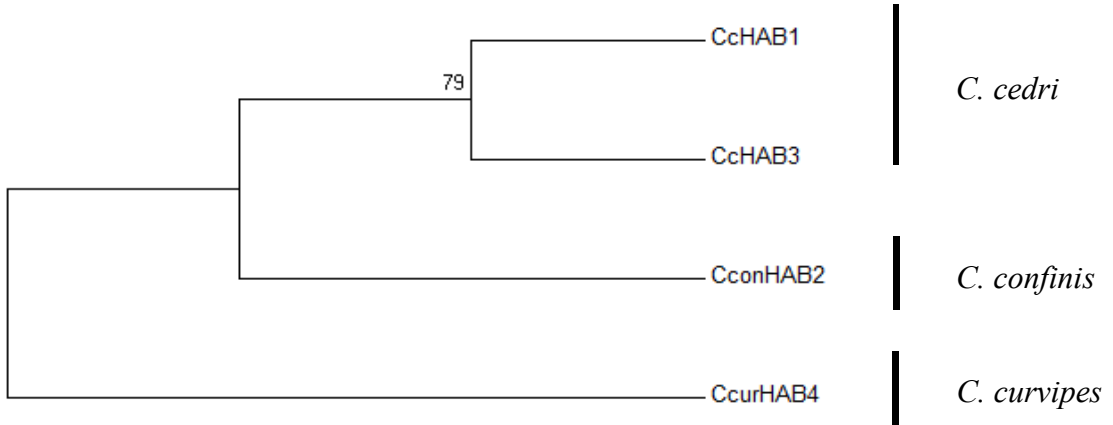
Çalışma alanındaki *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait dört COI haplotipi (438 baz çifti) arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak için MEGA6 programı ile yapılan NJ analizi sonucu oluşturulan NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.21.'de verilmiştir. *C. cedri* örneklerin arasında tespit edilen, CcHAB3 (Afyonkarahisar) ve CcHAB1 (Afyonkarahisar, Uşak, Niğde, Kütahya) haplotipleri, % 65 bootstrap değeri ile desteklenerek kümelenmiştir. *C. confinis* ve *C. curvipes* türlerine ait haplotiplerin ise, iki ayrı soy hattı oluşturduğu gözlenmiştir.



Şekil 4.21. Çalışma alanındaki *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (438 bç)

4.3.4.1.4 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi

Çalışma alanında belirlenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotiplerinin filogenetik ilişkilerini göstermek için MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı olarak ve HKY+G baz değişim modeli ile yapılan Maksimum Likelihood (ML) analizi sonucunda oluşturulan ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.22.'de verilmiştir. ML ağacının topolojisi, NJ ağacı (Şekil 4.21.) ile benzerlik göstermiştir.

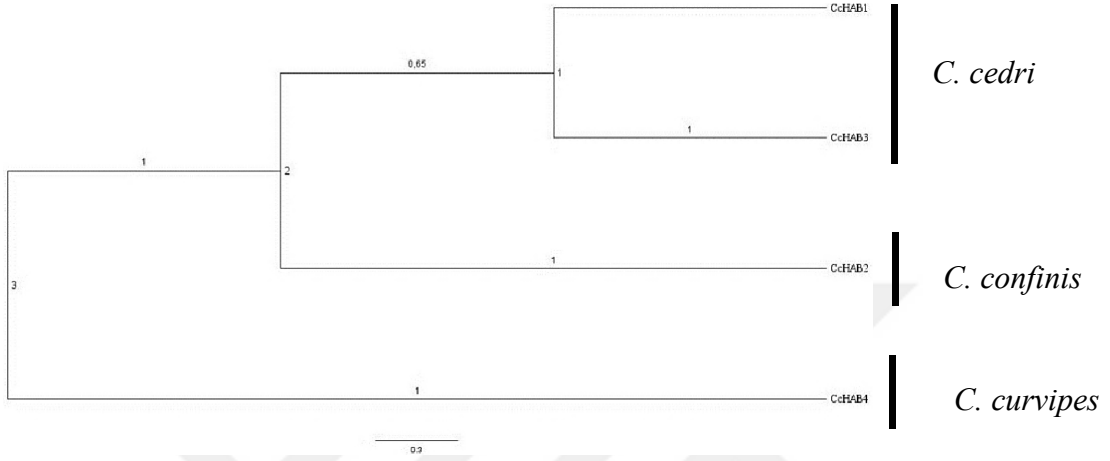


Şekil 4.22. Çalışma alanındaki *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap HKY+G baz değişim modeli ile) (438 bç)

4.3.4.1.5 Bayesian analizi

Çalışma alanındaki *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotiplerinin Mr Bayes 3.2 programı ile 80.000 jenerasyonlu ve HKY+G baz değişim

modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi ile oluşturulan Bayesian ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 4.23.'de gösterilmiştir. Bayesian ağacı (Şekil 4.23.) incelendiğinde *C. cedri* türüne ait haplotipler, % 95'lik olasılık değeri ile kümelendirilmiştir. Sedir üzerinden belirlenen diğer türler ait haplotipler de NJ ve ML ağaç topolojilerindeki gibi ayrı soy hatları oluşturmuştur.



Şekil 4.23. Çalışma alanındaki *Cedrus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (438 bç)

4.3.4.2 Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin filogenetik analizleri

Çalışma alanındaki Cupressaceae bitki türleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI dizilerinin analizi sonucunda dokuz adet COI haplotipi tespit edilmiştir. Haplotip çeşitliliği (Hd) 0.835, haplotip çeşitliliği varyansı 0.01015, haplotip çeşitliliği standart sapması 0.101 ve nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0.04406 olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.30.).

Dizi analizleri sonucunda 415 baz çifti uzunluğundaki veride 343 nükleotit pozisyonunda benzerlik (monomorfik) (% 83) ve 69 nükleotit pozisyonunda da farklılık (polimorfik) (% 17) belirlenmiş ve delesyon-inversiyona rastlanmamıştır.

Çizelge 4.30. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri (415 bç)

Sıra	mtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
1	CtHAB1	<i>C. tujaefilina</i>	N35	01.F4	Niğde
2	CtHAB1	<i>C. tujaefilina</i>	456	01.G1	Afyonkarahisar
3	CtHAB1	<i>C. tujaefilina</i>	280	01.H2	Kütahya
4	CtHAB1	<i>C. tujaefilina</i>	77	01.C4	Kütahya
5	CtHAB1	<i>C. tujaefilina</i>	45	01.E1	Kütahya
6	CtHAB1	<i>C. tujaefilina</i>	N30	01.B4	Niğde
7	CtHAB2	<i>C. tujaefilina</i>	68	01.F1	Kütahya
8	CtHAB3	<i>C. tujaefilina</i>	210	01.A4	Uşak
9	CtHAB4	<i>C. tujaefilina</i>	138	01.A1	Uşak
10	CtHAB5	<i>C. tujaefilina</i>	N67	01.C1	Niğde
11	CtHAB6	<i>C. tujaefilina</i>	102	01.A3	Kütahya
12	CjHAB7	<i>C. juniperensis</i>	775	01.D2	Kütahya
13	CjHAB8	<i>C. juniperensis</i>	222	01.D4	Kütahya
14	CjHAB9	<i>C. juniperensis</i>	299	01.B3	Kütahya

Cinara cinsi türlerine ait COI dizilerinin nükleotit bileşimleri, A = % 38.09, T/U = % 36.38, C = % 8.10 ve G = % 17.43 olarak belirlenmiştir. Mitokondriyal COI geni dizilerinde A-T (% 74.47) oranı, G-C (% 25.53) oranından daha fazladır. Transisyon/transversiyon oranı (R); 5.25'dir. Transisyon/ transversiyon değişim oranları Çizelge 4.31.'de verilmiştir.

Çizelge 4.31. Transisyon/ transversiyon değişim oranları (415 bç)

	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>G</i>
<i>A</i>	-	2.64	0.59	22.18
<i>T</i>	2.77	-	2.7	1.27
<i>C</i>	2.77	12.11	-	1.27
<i>G</i>	48.47	2.64	0.59	-

4.3.4.2.1 En uygun baz değişim modelinin belirlenmesi

Cinara cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak yapılan filogenetik analizler için en uygun baz değişim modeli dış grupsuz olarak MEGA6 ve jModelTest1

programları ile tespit edildi. Analizler sonucunda en yüksek bootstrap değerine sahip ağaçlar, K2+G+I modeli ile elde edilmiş ve NJ analizinde Kimura-2-Parametre baz değişim modeli de kullanılmıştır.

4.3.4.2.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi

Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI dizilerini içeren veri setinin DnaSP v5 programı ile analizi sonucunda dokuz adet COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.30.). MEGA6 programı ile COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklıklar belirlenmiştir.

Haplotipler arasındaki en küçük genetik uzaklık değeri (0,002), CtHAB1 ve CtHAB5 haplotipleri arasında, en büyük genetik uzaklık değeri (0.133) ise, CtHAB6 ve CjHAB8 haplotipleri arasında olduğu belirlenmiştir. Ortalama haplotip değeri ise, 0.0471'dir (Çizelge 4.32.).

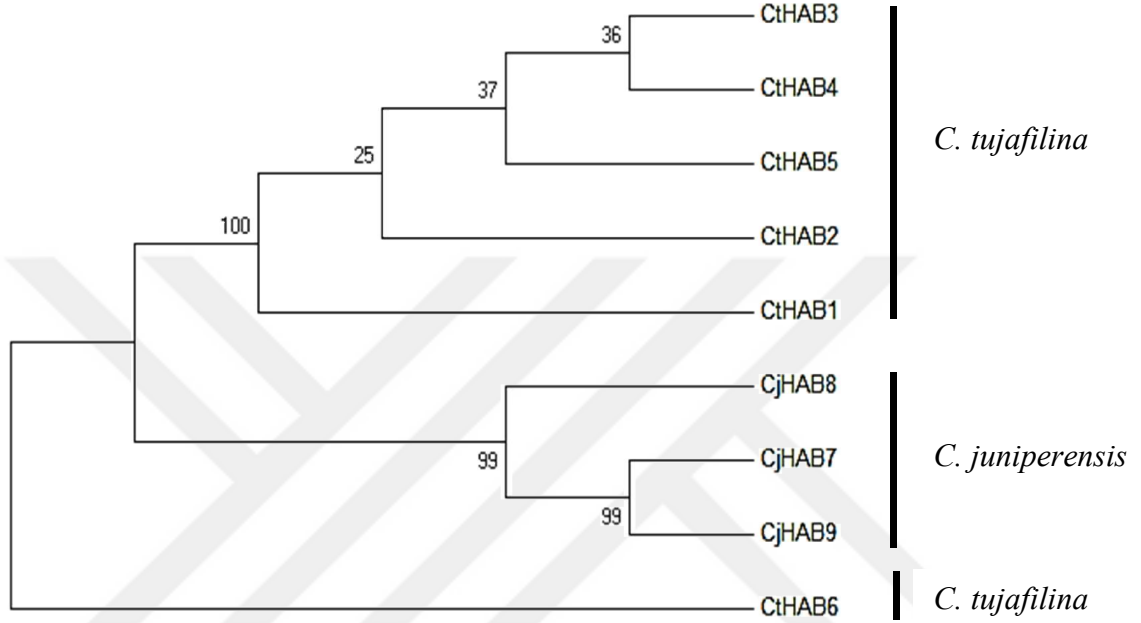
Çizelge 4.32. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklık değerleri (415 bç) (K2P)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
CtHAB1	***								
CtHAB2	0,005	***							
CtHAB3	0,007	0,007	***						
CtHAB4	0,017	0,022	0,017	***					
CtHAB5	0,002	0,007	0,005	0.017	***				
CtHAB6	0,115	0,118	0,124	0.127	0.118	***			
CjHAB7	0.072	0.078	0.080	0.086	0.075	0.118	***		
CjHAB8	0.083	0.088	0.091	0.102	0.086	0.133	0.032	***	
CjHAB9	0.075	0.080	0.083	0.089	0.078	0.121	0.002	0.035	***

4.3.4.2.3 Neighbor Joining analizi

Çalışma alanındaki Cupressaceae familyasına ait bitkiler (*Plathyclusus* spp., *Juniperus* spp.) üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait dokuz COI haplotipi (415 baz çifti) arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla MEGA6 programı ile 10.000 tekraklı yapılan NJ analizi sonucu oluşturulan NJ ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil

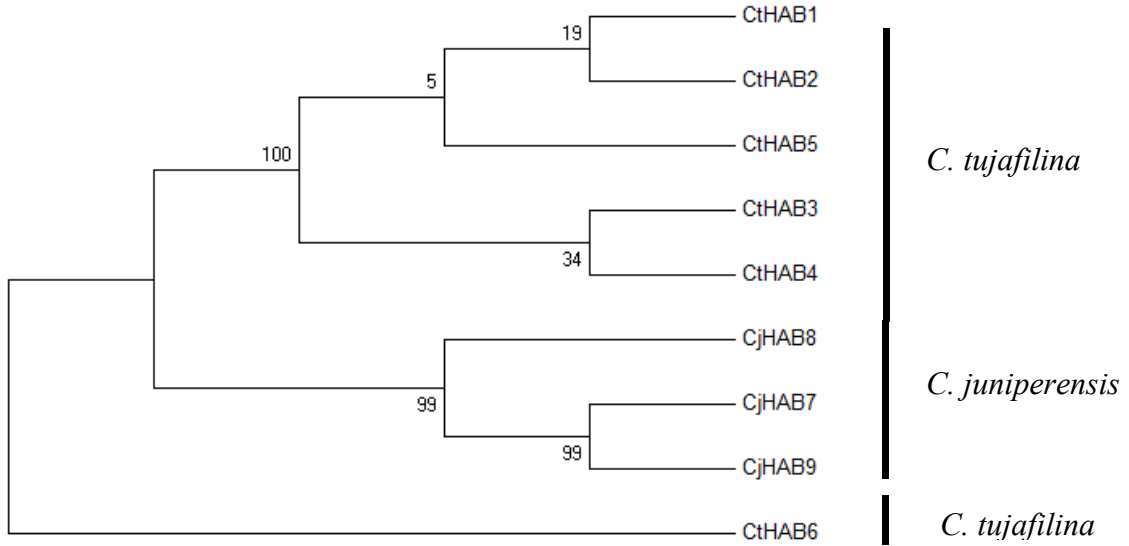
4.24.'da verilmiştir. NJ ağacı incelendiğinde *C. tujafilina* türüne ait tüm haplotiplerin % 100 bootstrap değeri ile desteklenmiş iki soy hattı oluşturduğu gözlenmiştir. *C. juniperensis* türüne ait haplotipler ise % 99 Bootstrap değeri ile desteklenerek kümelenmiştir. *C. tujafilina* türüne ait olan CtHAB6 haplotipi ise tüm haplotitlerden ayrı bir soy hattı oluşturmuştur.



Şekil 4.24. Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (415 bç)

4.3.4.2.4 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi

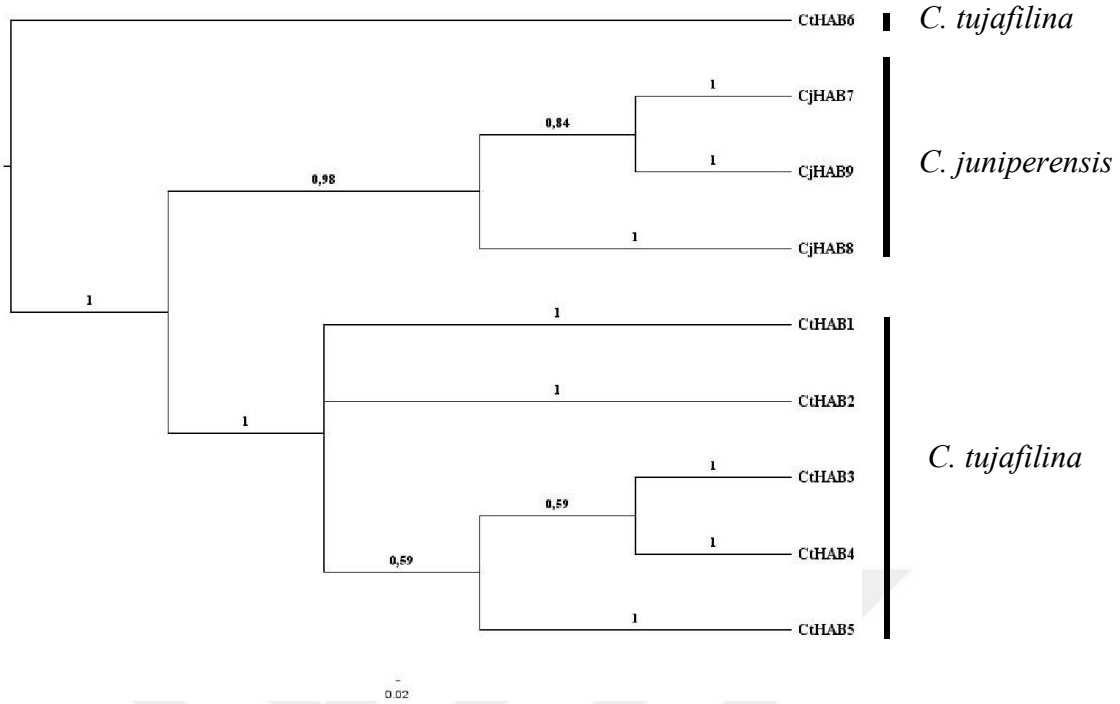
Çalışma alanında tespit edilen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkilerini göstermek için MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı olarak ve K2 baz değişim modeli kullanılarak yapılan Maksimum Likelihood (ML) analizi sonucunda oluşturulan ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.25.'de verilmiştir. ML ağacında *Cinara* türlerine ait *C.tujafilina* türüne ait beş haplotip % 100'lük bootstrap değeri ile desteklenen iki alt küme de yer alırken Kütahya ilinde dağılım gösteren *C. juniperensis* türüne ait haplotipler ise % 99 gibi yüksek bootstrap değerleri ile desteklenerek kümelenmişlerdir. *C. tujafilina* türüne ait olan CtHAB6 haplotipi ise NJ ağacındaki gibi tüm haplotitlerden ayrı bir soy hattı oluşturmuştur.



Şekil 4.25. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (415 bç)

4.3.4.2.5 Bayesian analizi

Çalışma alanındaki Cupressaceae türleri üzerinden örneklenen *Cinera* cinsi türlerine ait COI haplotiplerinin Mr Bayes 3.2 programı ile 140.000 jenerasyonlu ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi ile oluşturulan Bayesian ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 4.26.'de gösterilmiştir. Bayesian ağacı (Şekil 4.26.) incelendiğinde *C. tujafilina* türüne ait beş haplotipin % 100'lük olasılık değeriyle desteklenerek kümelendiği gözlenmiştir. *C. juniperensis* türü haplotiplerinin ise % 98'lik olasılık değeriyle desteklenerek NJ (Şekil 4.24.) ve ML (Şekil 4.25.) ağaçlarındaki gibi alt gruplara ayrıldığı görülmüştür. *C. tujafilina* türüne ait olan CtHAB6 haplotipi ise NJ ve ML ağaçlarındaki gibi tüm haplotitlerden ayrı bir dal oluşturmuştur.



Şekil 4.26. Çalışma alanındaki Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (415 bç)

4.3.4.3 Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin filogenetik analizleri

Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI dizilerinin analizi sonucunda dört adet COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.33.). Haplotip çeşitliliği (Hd) 0.6087, haplotip çeşitliliği varyansı 0.00752, haplotip çeşitliliği standart sapması 0.087 ve nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0.04056 olarak belirlenmiştir.

Dizi analizleri sonucunda 239 baz çifti uzunluğundaki veride 151 nükleotit pozisyonunda benzerlik (monomorfik) (% 63) ve 88 nükleotit pozisyonunda da farklılık (polimorfik) (% 37) belirlenmiş ve delesyon-inversiyona rastlanmamıştır.

Cinara cinsi türlerine ait COI dizilerinin nükleotid bileşimleri, A = % 39.35, T/U = % 33.68, C = % 10.40 ve G = % 16.57 olarak belirlenmiştir. Mitokondriyal COI geni dizilerinde A-T (% 73) oranı, G-C (% 27) oranından daha fazladır. Transisyon/transversiyon oranı (R); 1.178'dir. Transisyon/ transversiyon değişim oranları Çizelge 4.34.'de verilmiştir.

Çizelge 4.33. Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri (239 bç)

Sıra no	mtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
1	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	1105	00.F3	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
2	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	736	00.F4	Afyonkarahisar-Şuhut
3	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	N17	00.H1	Niğde-Altunhisar
4	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	1175	01.D6	Kütahya-Altıntaş
5	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	700	01.G5	Kütahya-Simav
6	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	942	00.A2	Kütahya-Domaniç
7	CMHAB2	<i>C. maghrebica</i>	638	00.A3	Uşak-Ulubey
8	CMHAB2	<i>C. maghrebica</i>	876	00.D4	Afyonkarahisar-Dinar
9	CMHAB3	<i>C. maghrebica</i>	50	00.G1	Kütahya-Tavşanlı
10	CMHAB3	<i>C. maghrebica</i>	344	01.C6	Afyonkarahisar-Sultandağı
11	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	129	01.G6	Afyonkarahisar-Bolvadin
12	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	N47	01.H5	Niğde-Merkez
13	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	425	01.B6	Afyonkarahisar-Merkez
14	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1244	00.H4	Afyonkarahisar-Sandıklı
15	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	667	00.H2	Kütahya-Dumlupınar
16	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	653	00.E4	Kütahya-Gediz
17	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1690	00.E3	Afyonkarahisar-Emirdağı
18	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	355	00.D2	Uşak-Merkez
19	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	780	00.D1	Kütahya- Çavdarhisar
20	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	339	00.B1	Afyonkarahisar-Sultandağı
21	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	460	00.A4	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
22	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	N30	00.C1	Niğde-Merkez
23	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	İBA 32	01.H6	Afyonkarahisar-Merkez
24	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1190	00.A5	Uşak-Merkez

Çizelge 4.34. Transisyon/ transversiyon değişim oranları (239 bç)

	<i>A</i>	<i>T</i>	<i>C</i>	<i>G</i>
<i>A</i>	-	7.25	2.24	13.77
<i>T</i>	8.47	-	2.47	3.57
<i>C</i>	8.47	8.01	-	3.57
<i>G</i>	32.7	7.25	2.24	-

4.3.4.3.1 En uygun baz deęişim modelinin belirlenmesi

Çalışma alanında yayılış gösteren *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotiplerinin filogenetik analizleri için en uygun baz deęişim modeli dış grupsuz olarak MEGA6 ve jModelTest1 programları ile tespit edildi. Analizler sonucunda en yüksek bootstrap deęerine sahip ağaçlar, K2 modeli ile elde edilmiş ve NJ analizinde Kimura-2-Parametre baz deęişim modeli de kullanılmıştır.

4.3.4.3.2 Haplotipler arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi

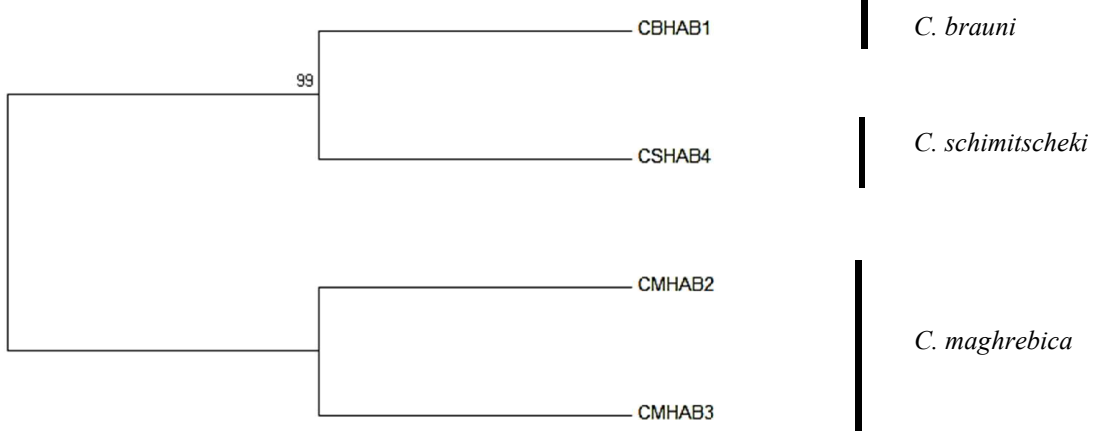
Cinara cinsine ait türlerin COI dizilerini içeren veri setinin DnaSP v5 programı ile analizi sonucunda tespit edilen dört adet COI haplotipi (Çizelge 4.33.) arasındaki genetik uzaklık deęerleri, MEGA6 programı ile belirlenmiştir. Haplotipler arasındaki en küçük genetik uzaklık deęeri (0.021), CMHAB2 ve CMHAB3 haplotipleri arasında, en büyük genetik uzaklık deęeri (0.099) ise, CMHAB2 ve CSHAB4 haplotipleri arasında olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.35.).

Çizelge 4.35. Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri arasındaki genetik uzaklık deęerleri (K2P)

	1	2	3	4
CBHAB1	***			
CMHAB2	0.084	***		
CMHAB3	0.070	0.021	***	
CSHAB4	0.071	0.099	0.094	***

4.3.4.3.3 Neighbor joining analizi

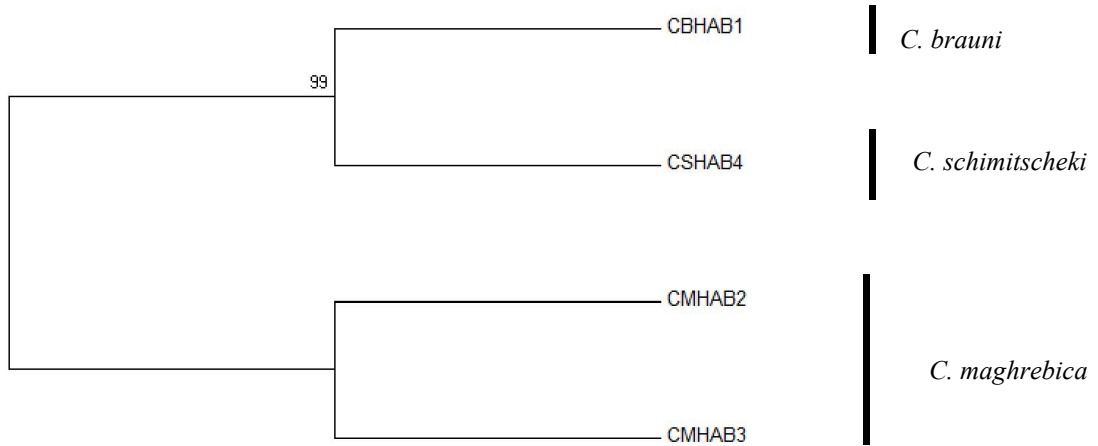
Çalışma alanındaki *Cinara* cinsi türlerine ait örnekler içinde tespit edilen dört COI haplotipi (239 bç) arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koymak amacıyla MEGA6 programı ile NJ analizi yapıldı. Analiz sonucu oluşturulan NJ ağacı ile bootstrap deęerleri, Şekil 4.27.'de verilmiştir. Çalışma alanından örneklenen *C. brauni* ve *C. schimitscheki* haplotipleri, % 99 bootstrap deęeri ile desteklenerek kümelenirken, *C. maghrebica* haplotipleri ayrı bir soy hattı oluşturmuştur.



Şekil 4.27. Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Neighbour Joining ağacı (10000 tekrarlı Bootstrap) (239 bç)

4.3.4.3.4 Maksimum Likelihood (Olasılık) analizi

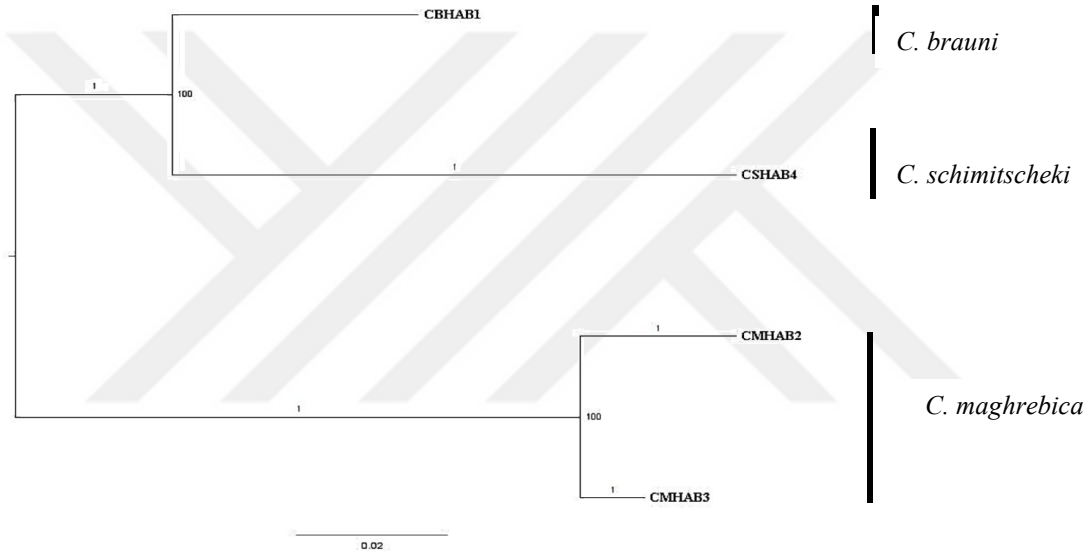
Çalışma alanından tespit edilen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkilerini göstermek için MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı ve HKY+G baz değişim modeli ile yapılan Maksimum Likelihood (ML) analizi sonucunda oluşturulan ML ağacı ve bootstrap değerleri, Şekil 4.28’de verilmiştir. ML ağacının topolojisi incelendiğinde NJ ağacı (Şekil 4.27.) ile benzerlik gösterdiği gözlenmiştir (Şekil 4.28.).



Şekil 4.28. Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan ML ağacı (5.000 tekrarlı Bootstrap) (239 bç)

4.3.4.3.5 Bayesian analizi

Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlere ait COI haplotiplerinin Mr Bayes 3.2 programı ile 140.000 jenerasyonlu ve HKY+G baz değişim modeli kullanılarak yapılan Bayesian analizi sonucu oluşturulan Bayesian ağacı ve olasılık değerleri, Şekil 4.29.'da gösterilmiştir. Bayesian ağacı (Şekil 4.29.), NJ (Şekil 4.27.) ve ML (Şekil 4.28.) ağaçlarıyla karşılaştırıldığında benzer bir topoloji göstermektedir. Bayesian ağacı (Şekil 4.29.) incelendiğinde *C. brauni* ve *C. schimitscheki* haplotipleri % 100'lük olasılık değeri ile desteklenerek kümelenmiştir.



Şekil 4.29. Çalışma alanındaki *Pinus* spp. üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Bayesian ağacı (239 bç)

4.3.5 Farklı bitki türleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotiplerinin genetik analizi

4.3.5.1 Tüm haplotiplerin genetik uzaklık analizi

Çalışma alanından örneklenen ve Gen Bankası'ndan alınan *Cinara* cinsi türlerine ait dizilerin analizi sonucunda 15 adet COI haplotipi tespit edilmiştir (Çizelge 4.36.). Tüm haplotipler arasındaki genetik uzaklık değerleri hesaplandı (Çizelge 4.37.) ve haplotipler arasındaki en küçük tür içi genetik uzaklık değeri (0.006), CTHAB9 ve CTHAB10 haplotipleri arasında, en büyük genetik uzaklık değeri (1.806) ise CJHAB6 ve CJHAB7 haplotipleri arasında,

haplotipleri arasında olduğu belirlenmiştir. Tür içi genetik uzaklığın düşük olduğu gözlenmiştir.

Çizelge 4.36. Farklı bitki türleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait tüm COI haplotipleri

Sıra no	mtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
1	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	1105	00.F3	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
2	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	736	00.F4	Afyonkarahisar-Şuhut
3	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	N17	00.H1	Niğde-Altunhisar
4	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	1175	01.D6	Kütahya-Altıntaş
5	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	700	01.G5	Kütahya-Simav
6	CBHAB1	<i>C. brauni</i>	942	00.A2	Kütahya-Domaniç
7	CMHAB2	<i>C. maghrebica</i>	638	00.A3	Uşak-Ulubey
8	CMHAB2	<i>C. maghrebica</i>	876	00.D4	Afyonkarahisar-Dinar
9	CMHAB3	<i>C. maghrebica</i>	50	00.G1	Kütahya-Tavşanlı
10	CMHAB3	<i>C. maghrebica</i>	344	01.C6	Afyonkarahisar-Sultandağı
11	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	129	01.G6	Afyonkarahisar-Bolvadin
12	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	N47	01.H5	Niğde-Merkez
13	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	425	01.B6	Afyonkarahisar-Merkez
14	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1244	00.H4	Afyonkarahisar-Sandıklı
15	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	667	00.H2	Kütahya-Dumlupınar
16	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	653	00.E4	Kütahya-Gediz
17	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1690	00.E3	Afyonkarahisar-Emirdağı
18	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	355	00.D2	Uşak-Merkez
19	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	780	00.D1	Kütahya-Çavdarhisar
20	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	339	00.B1	Afyonkarahisar-Sultandağı
21	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	460	00.A4	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
22	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	N30	00.C1	Niğde-Merkez
23	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	İBA 32	01.H6	Afyonkarahisar-Merkez
24	CSHAB4	<i>C. schimitscheki</i>	1190	00.A5	Uşak-Merkez
25	CMHAB5	<i>C. brauni</i>	KF649394	---	Avrupa- Fransa
26	CBHAB6	<i>C. brauni</i>	KF649394	---	Avrupa- Fransa
27	CJHAB7	<i>C. juniperensis</i>	299	01.B3	Kütahya
28	CJHAB7	<i>C. juniperensis</i>	775	01.D2	Kütahya
29	CJHAB8	<i>C. juniperensis</i>	222	01.D4	Kütahya
30	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	138	01.A1	Uşak-Eşme
31	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	102	01.A3	Kütahya-Gediz
32	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	210	01.A4	Uşak-Gediz

Çizelge 4.36. (Devam) Farklı bitki türleri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsi türlerine ait tüm COI haplotipleri

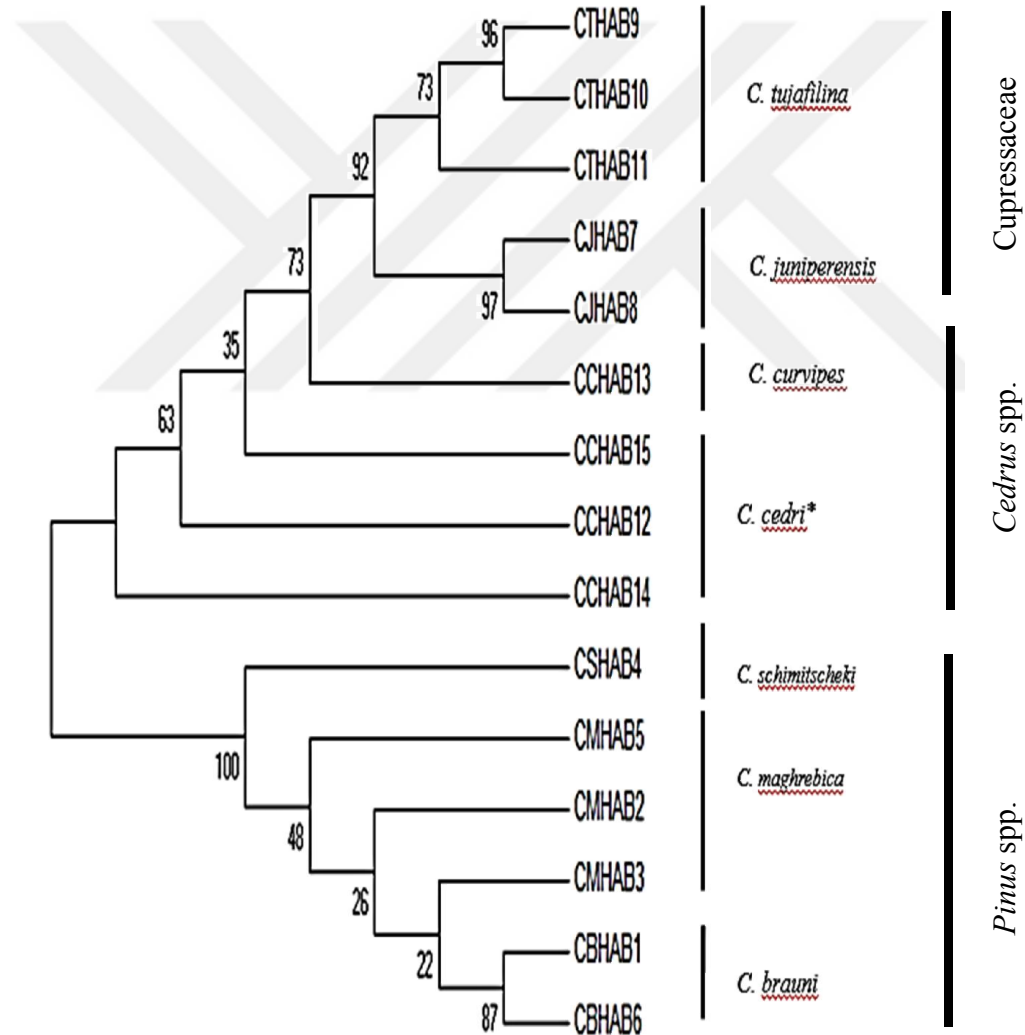
Sıra	mtDNA haplotipi	Tür	Toplayıcı No	Kod	Lokalite
33	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	N31	01.B1	Niğde
34	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	N30	01.B4	Niğde
35	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	N67	01.C1	Niğde
36	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	77	01.C4	Kütahya-Merkez
37	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	45	01.E1	Kütahya-Altıntaş
38	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	68	01.F1	Kütahya-Domaniç
39	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	N35	01.F4	Niğde
40	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	456	01.G1	Afyonkarahisar-Gazlıgöl
41	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	280	01.H2	Kütahya-Emet
42	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	EU151496	---	POLONYA
43	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	HQ443318	---	HİNDİSTAN
44	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	JX034915	---	ÇİN
45	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	JX034929	---	ÇİN
46	CTHAB9	<i>C. tujaefilina</i>	KF639333	---	AVRUPA-FRANSA
47	CTHAB10	<i>C. tujaefilina</i>	KF649348	---	FRANSA
48	CTHAB11	<i>C. tujaefilina</i>	KF649398	---	ÇİN
49	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	727	01.A2	Afyonkarahisar-Şuhut
50	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	913	01.B2	Kütahya
51	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	69	01.C2	Kütahya
52	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	1692	01.C3	Afyonkarahisar
53	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	688	01.E2	Kütahya
54	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	153	01.E3	Uşak
55	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	450	01.E4	Afyonkarahisar
56	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	582	01.F2	Afyonkarahisar-Sandıklı
57	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	721	01.F5	Kütahya
58	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	N73	01.G2	Niğde
59	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	468	01.G4	Afyonkarahisar
60	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	1475	01.H1	Afyonkarahisar
61	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	N1	01.H3	Niğde
62	CCHAB12	<i>C. confinis</i>	971	01.F3	Afyonkarahisar
63	CCHAB12	<i>C. cedri</i>	KJ433268	--	ÇİN
64	CCHAB13	<i>C. curvipes</i>	1619	01.G3	Afyonkarahisar
65	CCHAB14	<i>C. cedri</i>	KF649349	--	ÇİN
66	CCHAB15	<i>C. cedri</i>	KM501340	--	FRANSA

Çizelge 4.37. Tüm COI haplotiplerine ait genetik uzaklık değerleri (K2P baz değişim modeline göre)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
CBHAB1	***														
CMHAB2	0.089	***													
CMHAB3	0.082	0.018	***												
CSHAB4	0.076	0.096	0.103	***											
CMHAB5	0.096	0.012	0.018	0.103	***										
CJHAB6	0.006	0.096	0.089	0.083	0.103	***									
CJHAB7	1.806	1.659	1.659	1.585	1.568	1.806	***								
CJHAB8	1.806	1.659	1.659	1.585	1.568	1.806	0.012	***							
CTHAB9	1.677	1.554	1.554	1.502	1.483	1.677	0.070	0.070	***						
CTHAB10	1.777	1.638	1.638	1.573	1.554	1.777	0.076	0.076	0.006	***					
CTHAB11	1.714	1.585	1.585	1.526	1.508	1.714	0.091	0.091	0.057	0.063	***				
CCHAB12	1.441	1.350	1.350	1.313	1.297	1.441	0.160	0.160	0.160	0.167	0.160	***			
CCHAB13	1.508	1.409	1.409	1.366	1.350	1.508	0.110	0.110	0.138	0.145	0.146	0.103	***		
CCHAB14	1.366	1.282	1.282	1.249	1.234	1.366	0.160	0.160	0.160	0.167	0.167	0.018	0.103	***	
CCHAB15	1.460	1.366	1.366	1.330	1.313	1.460	0.160	0.160	0.160	0.167	0.160	0.012	0.103	0.031	***

4.3.5.2 Tüm haplotiplerin Maksimum Parsinomi (Tutumluluk) analizi

Çalışma alanındaki farklı bitki türleri üzerinden elde edilen *Cinara* cinsine ait örneklerden ve Gen Bankası'ndan elde edilen mitokondriyal COI dizileri kullanılarak oluşturulan haplotip veri seti, *Cinara* cinsi türleri arasındaki filogenetik ilişkiyi belirleyebilmek için MP analizinde kullanıldı. *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotiplerinin MEGA6 programı ile 5.000 tekrarlı (replikasyon) Maksimum Parsinomi (MP) analizi yapıldı ve MP ağacı ile bootstrap değerleri, Şekil 4.30.'da verildi. Analizler sonucu ağaç uzunluğu 193, tutarlılık indeksi 0.87 ve koruma indeksi 0.99 olan eşit olasılıkta 10 parsinomik ağaç oluşturulmuştur.

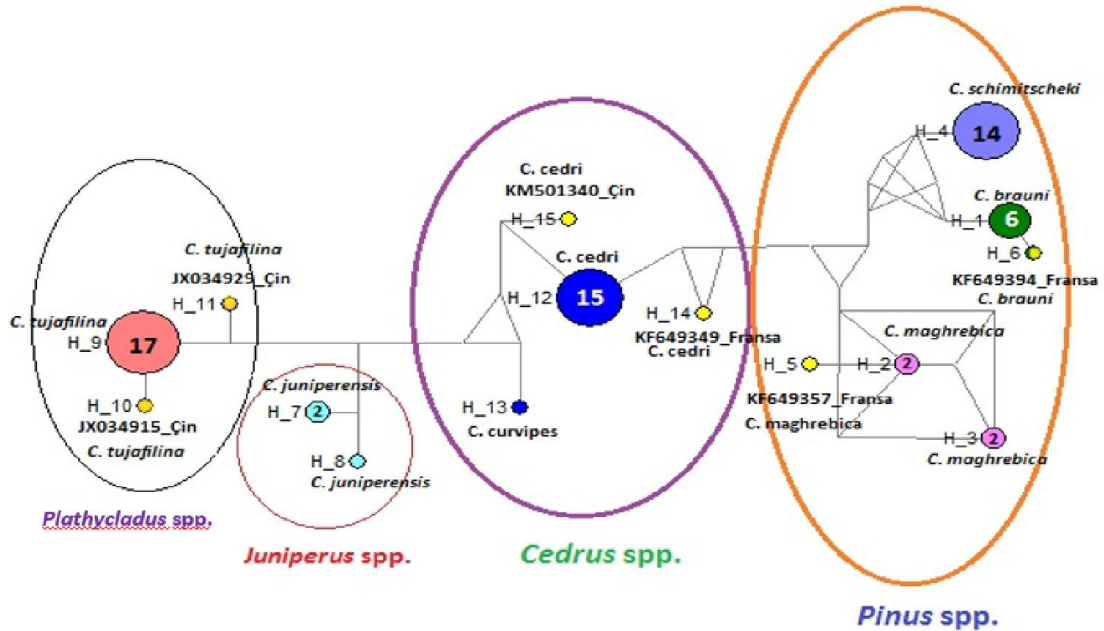


Şekil 4.30. Farklı bitkiler üzerinde örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin COI haplotipleri kullanılarak oluşturulan Maksimum Parsinomi ağacı (5000 tekrarlı Bootstrap)

Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *C. tujaefilina* ve *C. juniperensis* haplotipleri % 92'lik bootstrap değeri ile desteklenmektedir. Cupressaceae üzerinden örneklenen haplotipler de % 73'lük bootstrap değeri ile desteklenerek Sedir üzerindeki *Cinara* haplotiplerinden ayrı bir dal oluşturmuşlardır. *Pinus* üzerinden belirlenen *Cinara* türlerinin haplotipleri ise Sedir ve Cupressaceae üzerindikilerden tamamen ayrı bir soy hattı oluşturmuştur. *C. schimitscheki* türüne ait olan CSHAB4 haplotipi % 100'lük bootstrap değeri ile *C. maghrebica* ve *C. brauni* haplotiplerinden ayrı bir soy hattı oluşturmuştur.

4.3.5.3 Tüm haplotiplerin network analizi

Türkiye'de dört farklı lokaliteden (Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde) örnekleri ve Gen Bankası'ndan alınan dört farklı konak bitki üzerinden beslenen *Cinara* cinsine ait COI dizileri analizi sonucu tespit edilen COI haplotipleri kullanılarak Median-joining metodu ile network analizi yapılmıştır (Şekil 4.31.). Haplotip networku incelendiğinde tüm örneklerin konak bitkilerine göre gruplandıkları gözlenmiştir. Cupressaceae familyası içinde yer alan iki konak bitkiden (*Plathycladus* spp. ve *Juniperus* spp.) beslenen türlerin birbirine daha yakın olduğu gözlenmiştir.



Şekil 4.31 Çalışma alanındaki dört farklı konak bitki üzerinden örneklenen ve Gen Bankası'ndan alınan *Cinara* cinsi türlerine ait COI haplotiplerinin Median joining networkü

BÖLÜM V

TARTIŞMA VE SONUÇ

5.1 Tartışma

5.1.1 Morfolojik çalışmalar

Bu çalışmada Pinaceae ve Cupressaceae familyalarına ait dört farklı bitki cinsi (*Pinus*, *Plathyclusus*, *Juniperus*, *Cedrus*) üzerinden örneklenen 600 popülasyondan, *Cinara* (Hemiptera: Aphidoidea) cinsine mensup 24 afit türü tespit edildi. Morfolojik teşhisler sonucunda belirlenen beş tür (*Cinara piniphila* (Ratzeburg,1844), *C. indica* Verma,1970; *C. juniperensis* (Gillette & Palmer, 1925); *C. oxycedri* Binazzi, 1996; *C. setosa* (Börner, 1950) Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak verildi (Şenol vd., 2014a, 2015). Tespit edilen 24 afit türünden dördünün (*C. cedri* Mimeur, 1936 *Cinara* (*Cedrobium*) *laportei* (Remaudiere, 1954) *C. pinivora* (Wilson, 1919) *C. wahluca* Hottes, 1952) işgalci türler olduğu belirlenmiştir (Akyıldırım vd., 2013).

Türkiye’de daha önce afitlerle ilgili morfometrik ve moleküler çalışmaların birlikte gerek cins gerekse tür düzeyinde neredeyse hiç çalışılmadığı, ağırlıklı olarak faunistik çalışmalar gerçekleştirilmiştir. Akyürek vd. (2006), Samsun Ondokuz Mayıs Üniversitesi kampüs alanından sekiz afit türünü yeni kayıt olarak belirlemiştir. Kaygın vd. (2008) tarafından Bartın yöresi afit türlerinin belirlenmesi çalışmaları kapsamında Türkiye afit faunası için iki tür yeni kayıt olarak verilmiştir. Çıraklı vd. (2008), Denizli yöresi afitleriyle ilgili çalışmaları sonucunda iki türü yeni kayıt olarak belirlemiştir. Eser (2009), İzmir - Urla ilçesinden iki afit türünü Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak vermiştir. Görür vd. (2009), Trabzon, Artvin ve Rize’de yaptıkları faunistik çalışmada bölgede yayılış gösteren 163 tür tespit etmişler ve 41 türü ve bir cinsi Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak belirlemişler. Görür vd. (2014), İç Batı Anadolu’da afit faunasının tespiti için yaptıkları çalışmada yaklaşık 3800 popülasyon üzerinden örnekleme yapılmış, 219 afit türü tespit etmiş, 35 afit türünü Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak belirlemişlerdir.

Son yıllarda gerçekleştirilen çalışmalar, Remaudiere vd. (2006), Görür vd. (2012; 2014), Akyıldırım vd. (2013) ve Şenol vd. (2014a) tarafından özetlenmiş ve ülkemiz afit faunasının yaklaşık üç familya, 141 cins ve 530 türle temsil edildiği gösterilmiştir. Akyıldırım vd. (2013) tarafından gerçekleştirilen çalışma ile ülkemiz afit faunasının zoocoğrafik yapısı ve yayılımcı türler hakkında detaylı bilgiler verilmiştir.

Türkiye afit faunası üzerine gerçekleştirilen çalışmaların benzeri araştırmalar Dünya genelinde sürdürülmektedir. Amerika'da tanımlanmış 1000 den fazla afit türü bilinmektedir (Carol, 2006). Orta doğu ve Kafkasya'da afit faunası üzerine yapılmış çok sayıda çalışma bulunmaktadır. İran'da dağılım gösteren afit türü sayısının 486 olduğu (Rezwani, 2010), Pakistan'da ise bu sayının 300 olduğu (Naumann ve Remaudière, 1995), İsrail'de afitler üzerine yapılan çalışmalarda da 194 tür (Swirski ve Amitai, 1999), Lübnan ve Suriye'de yayılış gösteren afit türü sayısının 167 (Hayder, 2012), Kosta Rika afit faunası üzerine yapılan çalışmalarda ise 88 tür (Hayder, 2012), afit faunası üzerine daha çok lokal çalışmaların yapıldığı Irak'ta 92 tür (Hayder, 2012), Polonya'da afit faunası üzerine hazırlanan kontrol listesi'nde 764 (Wojciechowski vd., 2015) ve kuzeydoğu sınır komşumuz olan Gürcistan'da 320 den fazla afit türü kaydedilmiştir (Barjadze vd., 2010). Coğrafik olarak Türkiye'den daha küçük yüzölçümüne ve daha az bitki çeşitliliğine sahip İtalya'da 856, Yunanistan da ise 460 afit türü belirlenmiştir (Tsitsipis vd., 2007). Tespit edilen afit tür sayıları alanın büyüklüğüne ve bitki çeşitliliğine göre kıyasladığımızda Türkiye afit faunasından çok daha fazladır. Türkiye'nin kendine özgü floristik, iklimsel, biyocoğrafik ve mikroklimatik özellikleri birlikte değerlendirildiğinde Türkiye afit faunasının ulaşılmış olduğu sayının henüz tam değeri yansıtmadığı düşünülmektedir. Bu açıdan Türkiye afit faunasına *Cinara* cinsinden beş türün yeni kayıt olarak eklenmiş olması, benzer çalışmaların önemini vurgulamak açısından önemli olarak değerlendirilmektedir.

Çalışma kapsamında tespit edilmiş olan *Cinara* (Lachnidae) türleri, Pinaceae ve Cupressaceae familyalarındaki bitki türleri üzerinde bulunurlar ve bu bitki türleri de genellikle Kuzey Yarımkürede yayılış göstermektedir. Günümüzde *Tramini* tribusu hariç, hiçbir Lachnidae afit türünün konak değişimi göstermediği bilinir. Muhtemelen Aphididae ve Lachnidae familyalarının atasal formları, konak değişimi gösteriyorlardı ve ikincil konak olarak otsul bitkileri (özellikle Asteraceae familyasına ait bitki türleri) kullanıyorlardı. Tersiyer döneminde otsul bitkiler üzerindeki Lachnidae afitlerinin sayısı

çok azdı. Miyosenin ortalarında Kuzey Yarımkürenin büyük bir kısmı yoğun konifer ormanları ile çevrince sayılarında artış gözlenmiştir (Jousselin, 2013; Heie, 2015). Bu nedenle şu ana kadar yapılan çalışmaların neredeyse tamamında türler, benzer konaklar üzerinden örneklenmiştir.

Dünya üzerinde *Cinara* türlerinin çoğu (150 tür), Kuzey Amerika'da doğal yayılış gösterdiği, Avrupa ve Asya'da da 55 türün bulunduğu tespit edilmiştir. Türkiye'de bu bitki familyalarının çoğunun yayılış alanı içerisine girmektedir. Akyürek vd. (2010), Samsun 19 Mayıs Üniversitesi Kampüs alanında *Cinara* cinsine ait iki tür (*C. maghrebica* Mimeur, 1934; *C. wahluca* Hottes, 1952) kaydetmiştir. Wojciechowski vd. (2015)'de yayınladıkları afit listesinde, *Cinara* cinsine mensup 25 türün Polonya'da yayılış gösterdiğini ve Barbagallo vd. (2011), 26 *Cinara* türünün İtalya'da bulunduğunu belirlemişlerdir. Görür vd. (2009, 2014), Türkiye'nin farklı bölgelerinde yaptıkları çalışmalarda *Cinara* cinsine ait altı yeni kayıt vererek Türkiye'deki *Cinara* türü sayısını 22'den 28'e çıkarmışlardır.

Bu durum, Türkiye afit faunası açısından daha detaylı çalışmaların yapılması gerekliliğini ortaya koymaktadır. Bununla birlikte afitlerin konak bitkilerle çok yakın ilişkili olmaları, basit genom yapıları, değişken koşullara hızlı adapte olma yetenekleri, teşhis anhtarlarının ağırlıklı olarak morfolojik karakterlere dayalı olması, morfometrik ve moleküler çalışmaların birlikte gerçekleştirilmesi ve değerlendirilmesini daha da önemli kılmaktadır.

5.1.2 Morfometrik çalışmalar

Morfometrik analiz teknikleri, Aphidinae'de taksonomik karakterlerin önemini belirlemek için farklı sistematik kategorilerde kullanılmaktadır (Footit, 1987). Morfometrik teknikler, bu karakterlerin ayrımındaki sayısal değerleri ve farklı durum ve morfolojiden karakterlerin doğruluk ve uyumluluğunun test edilmesini sağlar. Çoklu değişkenli morfometrik metodlar, böcek türleri ve populasyonları arasındaki ayırma taksonomistlere yardımcı olmaktadır. Lachnidae familyasından afit gruplarının taksonomik problemlerin çözümlenmesi için morfometrik analizler kullanışlıdır. Çünkü afitler üzerine çalışan araştırmacılar arasında sadece alttür, tür, altcins ve cins

seviyesinde taksonların ayrımı değil Aphidoidea içerisinde Lachnidae familyasının filogenetik yeri hakkında fikir ayrılıkları yaşanmaktadır (Daly, 1985).

Türkiye’de afitlerin morfometrik karakterlerindeki varyasyonlar ile ilgili *Thelaxes* türlerini kapsayan çalışma (Demirtaş, 2014) dışında kapsamlı istatistiksel bir çalışma bulunmamaktadır. Ülkemiz dışındaki alanlarda yapılan çalışmalar ise daha çok afitin konak bitkiye olan adaptasyonuna, konak değişimi gösteren türlerde konağa uyumlu morfometrik değişim göstermesi üzerine yapılan çalışmalardır. Birçok çalışmada, konak bitkinin, sıcaklığın ve coğrafik dağılımın afitin biyolojisi üzerinede önemli etkileri olduğunu kanıtlamıştır (Talhouk, 1977; Khan vd., 1998) Afıt türlerinin morfolojileri çevresel faktörler (iklim), coğrafya ve konak bitkinin fizyolojisinden etkilenebilir. Farklı coğrafik alanlara ve konak bitki türlerine adapte olabilmek için afıt, morfolojik ve fizyolojik değişimler gösterebilir (Sokat vd., 1980; Ruka, 1985). Dahası morfometrik yaklaşımlar, alttür seviyesinde böcek populasyonlarının coğrafik yapısının araştırılmasında kullanışlıdır (Blackman ve Brown, 1991).

Bu çalışmada morfometrik analizlerin sonucunda boyut varyasyonları ortaya çıkmıştır. Farklı lokalitelerde yayılış gösteren bu türün morfolojik varyasyonu birkaç şekilde açıklanabilir: sıcaklık (Blackman ve Spence, 1994), konak bitki durumu (Wool ve Hales, 1997; Dixon, 1998) ve coğrafya. Coğrafik faktörler için birçok çalışmada bu afıt türlerinin dağılım gösterdikleri coğrafik zon ve konak bitkide toplanan afitlerin birçok türü populasyonları arasında morfolojik varyasyon olduğu kanıtlanmıştır (Riska, 1985; Wool,1997; Madjzabeh ve Mehparvar, 2009).

Afitlerin populasyonunda coğrafik alana göre farklılaşmaları açıklamak için birçok neden vardır. Bu nedenlerin arasında farklı coğrafik alanlar arasında sıcaklık değişimi ilk olarak fark edilenidir. Dahası birçok entomolojik çalışma, farklı bölgeler arasındaki sıcaklık varyasyonu afitin boyutunu etkileyebildiğini göstermiştir (Simmons ve Yeorgan, 1988; Blackman ve Spence, 1994). Benzer şekilde, Blackman ve Spence (1994), sıcaklığın afitin boyutunu etkileyip yüksek sıcaklıklarda geliyorsa boyutlarında küçülme gereksinimi duyduklarını göstermektedir (Mdellel ve Kamel, 2015).

Afitlerin farklı grupları arasında bazı kriptik türler tanımlanabilir (Blackman ve Eastop, 2007; Footit vd., 2010; Barjadze ve Asanidze, 2013). Kriptik türlerde belirgin morfolojik karakterlerin olmayışı ve türüçi varyasyonlar, morfolojik tanımlamalara dayanan afit teşhislerini ve ayrımlarını zorlaştırır (Brown ve Blackman,1994; Margaritopoulos vd., 2006). Çoklu değişkenli morfometrik metodlar, böcek türleri ve populasyonları arasındaki ayırmda taksonomistlere yardımcı olmaktadır (Daly, 1985).

Cinara türlerinin çoğu monofag olup, yaşam döngülerinin detaylı araştırılması sonucunda yeni veriler ortaya konulabilir. Heie (1967), *Cinara* türlerinin bir veya birkaç polifag tür içerdiğini önermiştir. *Cinara* türleri, monofag olmalarından ve diğer afit türleri ile kıyaslandığında uçma yeteneklerinin daha zayıf olduğundan dolayı bu türlerde meydana gelebilecek farklılaşmaların nedenleri arasında lokalitenin etkisi daha fazla ön plana çıkmaktadır.

Bu çalışmada Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinin tamamında yayılış gösteren *Cinara* cinsine mensup üç türün morfometrik analizleri yapılmıştır. Lokalitenin bu cinsin morfolojik karakterleri üzerindeki etkisi istatistiksel olarak açıklanmıştır.

Favret ve Voegtlin (2004a), *Pinus edulis* ve *P. monophylla* üzerinden beslenen 15 *Cinara* türünün morfometrik ayırımını ortaya koymak ve ayırım anahtarı oluşturabilmek için 10 morfometrik karakter (ANTIIIH, HTBH, ABDT5H, ANTIIL, ANTIV, ANTV, ANTVI, SPH, BL, ANTIIR) ile analiz yapmışlardır. Bu karakterlerden özellikle URS uzunluğunun değişkenliği, üzerindeki tüy sayısı, karın ve sırt bölgesindeki skleritler, bu türlerin ayırımındaki varyasyonu ortaya koymuştur. Bu çalışmada *Cinara* türleri ile yapılan lokaliteye bağlı morfometrik analizlerde benzer karakterler kullanılmış ama bu analizlerin hiçbirinde URS uzunluğu varyasyonlarda etkili olmamıştır. Analizlerde daha çok ANTIIL, ANTIV, ANT4/6, HTBD karakterleri grupların ayırımında varyasyona neden olmuşlardır.

Fargo vd. (1986), *Schizaphis graminum* türünün beş biyotipi arasındaki ayrımı morfometrik analizler ile açıklamaya çalışmışlar. Beş biyotipten sadece fizyolojik görüntüsü ile diğerlerinden ayrılan B biyotipinden ve diğer 4 biyotipten, her biri için örneklenen 40 kanatsız ergin bireyin 14 morfometrik karakteri istatistiksel analizlerde

kullanılmış. Biyotip E'nin ortalama ve standart sapması biyotip B ve C den daha yüksek olduğu belirlenmiş. Biyotip E'nin coefficient varyasyonunda yarıdan fazla karakterin CV si yüksek olduğu belirlenmiş. Tek yönlü varyans analizinde SIPH hariç tüm karakterler $p < 0.01$ anlamlılık düzeyinde önemli farklılık göstermiştir. Biyotip E, diğer iki biyotip B ve C'den PTB-protibia, SPH, ANT, MTB-metatarsia karakterlerinin uzunlukları ile önemli oranda farklı olduğu belirlenmiş. Diskriminant analizinde bu türler üç farklı grup olarak kümelmiştir. Bu çalışmada dört farklı lokaliteden örneklenen *Cinara tujaefilina* türünün dokuz morfometrik karakterinin uzunluklarının tek yönlü varyans analizinde ANTVI tüy sayısı, HTIBD uzunluğu $p < 0.01$ anlamlılık düzeyinde önemli farklılık göstermiştir. CVA analizi sonucu iki farklı grup ortaya çıkmış, Afyonkarahisar, Kütahya ve Uşak illerinden örneklenen bireylerinin Niğde ilindekilerden farklı kümelendiği gözlenmiştir. *C. cedri* türünün analizlerinde ise CVA analizi sonucunda ilk iki fonksiyonun varyasyonu oluşturmada etkili olduğu (% 87.4), ANTVI tüy sayısı, ANT4, ANT6, HTIBD, HTII, RIV-V, ANTVI, ANT4/6 karakterlerinin bu türün lokaliteye bağlı ayrımında etkili olduğu, Uşak ilindeki örneklerin bu morfometrik karakterlerinin diğer illerden ayrı gruplandığı gözlenmiştir. Bu şekilde oluşabilecek bir ayırım, uzun vadede populasyonlar arasında yeni biyotiplerin ortaya çıkmasına yol açabilir.

Sara vd. (2016), Arjantin ve Şili'de 78 *Euphorbia* türü üzerinden beslenen *Aphis* cinsine ait afit türlerinden 29 afit türünü teşhis etmişler ve 33 morfometrik karakter kullanarak yaptıkları PCA analizinde özellikle ABD1-7 üzerinde marginaltuberkül bulundurması, SPH rengi, ANT, Femurun rengi, kuyruk şekli ve uzunluğu karakterleri ile üç yeni tür tanımlamışlardır. PCA analizinde ilk iki fonksiyon toplam varyansın % 62.3'ünü açıklamıştır.

Lee ve Lee (2013), afitlerin önemli cinslerinden ikisinin (*Aulacorthum* ve *Acyrtosiphon*) günümüz sınıflandırmasının geçerliliğini test etmek için 204 kanatsız vivipar bireyde 19 morfometrik karakter üzerinden istatistiksel analizler (ANOVA, CDA) uygulamışlardır. ANOVA analizi sonucunda $p < 0.001$ anlamlılık değeri ile önemli bir farklılık gözlenmiştir. CDA analizi sonucunda toplam varyasyon % 65 (1. fonksiyon % 38, 2. fonksiyon % 27) dir. Birinci fonksiyon daha büyük kuyruk ve daha kısa HTB (pozitif K ve negatif HTB), İkinci fonksiyon daha uzun ANTVI, HTB, K ve daha kısa HFM ve SIPH ile temsil ediliyor. CDA sonuçlarına göre, bu iki cinsin

ANTIII, HTB, K, HFM ve SIPH morfometrik karakterlerindeki farklılık sonucunda ayrıldıkları belirlenmiştir. Bu çalışmada *Cinara tujaefilina* türü ile yapılan benzer analizlerde $p < 0.001$ anlamlılık değeri ile önemli farklılıklar belirlenmiş, Birinci faktörün tek başına toplam varyasyonun % 95'ini oluşturduğunu, özellikle HTB ve ANTVI tüy karakterlerindeki farklılıktan bu varyasyonu oluşturduğu belirlenmiştir.

Madjdzadeh ve Mehrparvar (2009), gerçekleştirdikleri çalışmada İran'ın farklı lokalitelerinde, örneklenen *Macrosiphoniella samborni* türünün 11 populasyonunun lokalitenin etkisiyle morfolojik olarak birbirlerinden ayrımını gösterebilmek için 21 morfolojik karakter kullanmışlardır. Ayrışım Analizi (CVA) sonucunda da Kermanshah populasyonunun örneklemelerin yapıldığı İsfahan, Zahedan ve Yazd populasyonlarından farklı morfolojik özelliklere sahip olduğunu belirlenmiştir. Lokaliteye bağlı olarak en fazla farklılık gösteren morfolojik karakterlerin; (BL) vücut uzunluğu, (HT-II) hindtarsus II, (SIPH) sifunkuli uzunluğuve anten uzunluğu (ANT) olduğu bulunmuştur. Bu çalışmada *Cinara schimitscheki* türünün CVA analizleri sonucunda dört farklı lokaliteden örneklenen bireylerinin morfometrik karakterlerinin birbirinden farklı özellikler gösterdiği, Afyonkarahisar ve Kütahya örneklerinin karakterlerinin diğer illere göre birbirine daha fazla benzediği belirlenmiştir. CDA analizi sonucunda toplam varyasyon % 88 (1. fonksiyon % 52.2. fonksiyon % 36) dir. En fazla farklılık gösteren karakterlerin ise ANT4, ANT3, SIPH olduğu belirlendi. *Cinara cedri* türünde ise toplam varyasyon % 87.4 olduğu, bu farklılığı ortaya koyan en önemli karakterler ANT4 olduğu gözlenmiş, CVA analizi sonucunda Uşak ilinden örneklerinin morfometrik karakterlerinin grup ortalamasının diğer üç ilden farklı kümelendiği gözlenmiştir.

Mdellel ve Kamel (2015), Farklı afit taksonlarında konak bitki, sıcaklık ve coğrafik alanın afitin morfometrisi ve soyhattı ilişkilerini ortaya çıkarmak için kullanmışlardır. Bu çalışmada Tunus, İspanya, Sırbistan, İtalya ve İran da *Prunus persica* üzerinden altı populasyondan örneklenen afitlerin morfometrik analizleri, ANOVA testi ile gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda BL, HF, HT, ANTII-VI karakterlerinde önemli morfolojik farklılıklar gözlenmiştir. Coğrafik alanlar ve iklimsel faktörler populasyonlar arasında farklılığa neden olan en önemli faktörlerdir. Bu çalışmada farklı lokalitelerden örneklenen üç türde de BL uzunluğunda anlamlı bir farklılık gözlenmemiş olmasına rağmen HT ve ANT segmentlerinde lokalitelere bağlı varyasyonlar gözlenmiştir.

Durak (2011) gerçekleştirdiği çalışmada morfometrik ölçümleri, *C. juniperi* ve *C. mordvilkoii*'i türlerine ait Polonya'nın farklı bölgelerinden örneklenmiş bireyler üzerinden gerçekleştirmiş ve morfometrik analizler sonucunda bu iki tür arasında önemli farklılıklar olduğunu ortaya koymuştur. Lokalitenin oluşturduğu etkiler sonucunda rostrum (URS) ve vücut uzunluklarının (BL) oranlarıyla birbirlerinden ayrıldıkları belirlenmiştir. Bu çalışmada dört farklı lokaliteden örneklenmiş üç *Cinara* türüne ait bireylerde benzer karakterler kullanılmış olmasına rağmen bu türlerin lokalitelere bağlı ayırımında farklılık ortaya koymamışlardır.

Valenzuela vd. (2009) gerçekleştirdikleri çalışmada, *Rhopalosiphum padi*, *Rhopalosiphum* sp. *x* ve *Rhopalosiphum* near *insertum* adını verdikleri gruplara ait populasyonları karşılaştırmak amacıyla morfometrik veriler kullanılmıştır. Örnekler, Avustralya'nın güneydoğusunda farklı bölgelerden toplanmışlardır. *Rhopalosiphum* bireylerinin diğer türlerden farklı olduğu Kanonikal Ayırım Analizi ile ortaya konmuştur. *R. padi* ve *R. sp. x*'in morfometrik ölçümler ile birbirlerinden ayrılmasında önemli paya sahip olan morfolojik karakterlerin Hind femur üzerindeki en uzun tüy ile ANT III üzerindeki ikincil rhinariaların sayısı olduğu bulunmuştur.

Watson vd. (1999), *Juniperus* bitkisi üzerinden toplanmış örneklerinin dünya üzerinde farklı coğrafik orjinlerinin olması ve yapılmış morfometrik analizler ile *C. cupressi* olarak tanımlanan afitlerin aslında iki ayrı tür olduğunu savunur. Ruizer vd. (2014), Şili'de üç ekolojik bölgeden örneklenen *C. cupressi* populasyonları arasında varyasyon olup olmadığını belirlemek amacıyla gerçekleştirdikleri ANOVA analizlerine göre 14 karakterden sadece dördünde anlamlı bir farklılık gözlenmiştir. Discriminant analizi üç ekolojik bölgeden toplanan 274 örnek ile gerçekleştirildi. Farklılık gösteren üç karakter (HTB, HF, ANTI) sadece okyanus ekolojik zonunda gözlenmiştir. Ancak sonuçlarda tek bir morfolojik grup olduğunu belirlenmiştir. PCA analizinin ilk üç bileşeni total varyansın % 97.3'ünü oluşturmaktadır. İlk bileşen en yüksek varyansa sahiptir ve sonuç olarak en yüksek açıklayıcı veriyi oluşturmaktadır. En ağırlıklı değişken hind tibia uzunluğu HTB (0.99), hind femur uzunluğu HF(0.97) ve 1. anten segmenti ANTI (0.77). İkinci ve üçüncü bileşenler toplam varyansın % 3.91'ini oluşturur. PCA analizi çalışılan tüm örneklerin farklı gruplara farklılaşmadığını gösterir. Bu çalışmada analizlerde kullanılan üç türünde morfometrik analizler sonucunda lokaliteye bağlı karakterlerinde farklılık gösteren bireylerin bulunduğu ve CVA analizinde farklı

kümelendikleri gözlenmiştir. Dört farklı ilden örneklenen *C. cedri* türünün Uşak ilinden toplanan bireyleri, *C. tujaefilina*'nın Niğde ilinden örneklenen bireyleri ve *C. schimitscheki* türünün özellikle Niğde ve Uşak ilinden örneklenen bireylerinin morfometrik karakterleri bakımından farklılık gösterdikleri belirlenmiştir.

Barjadze ve Asanidze (2013), Holoarktik bölgede *Vitis vinifera* ve *Salix* spp. köklerinde yaşayan *Pemphigus saliciradicis* (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae) türlerinin sadece morfolojik karakterler ile yapılan teşhislerinde aynı tür olduğu ama morfometrik ölçümler ile bu türler arasında konak bitki kimyasal bileşimi ve çevresel durumlara bağlı olarak farklılıklar olduğu belirlenmiştir. Holoarktik Bölge'den 10 farklı alandan toplanan 50 bireyin, sekiz morfolojik karakteri kullanılarak Temel Bileşim Analizi (PCA-Principal Component Analysis) ve Kanonikal Ayırım Analizi (CDA - Canonical Discriminant Analysis) ile morfolojik farklılıkları ortaya konulmaya çalışılmıştır. Morfometrik analizler, söğüt ve asma köklerinden toplanan *Pemphigus saliciradicis* bireylerinde kayda değer farklılıklar ortaya koymuştur. Bu türün iki konak ırkına veya iki alt türe sahip olduğu belirtilmiştir.

Multivaryete analizleri taksonomik karakterlerin ayırtedilebileceğini ölçme işleminde olduğu gibi, morfolojik varyasyon şeklini tanımlama çalışmalarında da kullanılır. Ancak, farklı konaklar üzerindeki bireylerin bu karakterlerin fenotipik plastisitelerinin ve varyasyonun yüzde kaçının ondan kaynaklandığının değerlendirilmesi gerekmektedir.

Footit vd. (2010), muz, zencefilgiller (Zingiberaceae) ve gelinçeğigiller (Araceae) familyaları üzerinden toplanan *Pentolonia nigronervosa* afit türünün konak bitkiye göre morfometrik karakterlerinde varyasyon olup olmadığını belirlemek için yaptıkları istatistiksel analizlerde, muz üzerinden örneklenen bu türün bireylerinin boyutlarının ve HTB uzunluğunun daha büyük olduğu, SIPH ve ANTIII uzunluğunun farklılık gösterdiği belirlenmiştir. Bu üç değişkenin karakterize ettiği fonksiyon toplam varyasyonun % 81'ini oluşturduğu, özellikle konak bitkiye ve SIPH uzunluğuna bağlı olarak iki grup oluştuğu belirlenmiştir. Moleküler veriler de bunu destekleyince muzla beslenen türlerin tür adı *P. nigra* diğer bitkiler üzerinden beslenenler de *P. caladii* olarak kalması gerektiği belirlenmiştir.

Yan vd. (2011), afitlerde gözlenen morfolojik adaptasyonları belirleyebilmek amacıyla kavak üzerinde gal oluşturan ve bitkinin farklı kısımlarından beslenen 10 afit türüne ait 122 populasyondan örnekleme yapılmış. Kanonikal Varyete Analizi ve kluster (küme) analizlerinde URS ve HTII karakterlerindeki farklılığın bu populasyonlar arasında varyasyona neden olduğu belirlenmiştir. Bunun da konak bitki üzerinde oluşturduğu gal tipi ve kavak üzerinden beslendiği alan ile ilişkili olduğunu belirlemişler. Rostrum segmenti (URS) ve Tarsus (HTI) bu farklılığı desteklemektedir.

Morfolojik veriler genel olarak değerlendirildiğinde, lokalitenin önemli ölçüde varyasyonlara yolaçtığı görülmektedir. Bu varyasyonlar, türe ve ölçülen morfolojik karakterlere göre değişik düzeylerde olmaktadır ve elde edilen veriler literatür bilgileri ile örtüşmektedir. Son zamanlarda yapılan çalışmalarla afitlerde lokalitenin önemli morfolojik varyasyonlara yolaçabileceği ve bu varyasyonların süreç içerisinde konak bitki kullanımı ve türleşme süreçleri üzerinde önemli rol oynayabileceği yaklaşımı ile uyumluluk göstermektedir.

5.1.3 Moleküler çalışmalar

Bu Tez çalışması kapsamında Türkiye'deki dört farklı alandan (Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde) örneklenmiş *Cinara* türlerine ait 54 örneğin mitokondriyal DNA sitokrom oksidaz I gen bölgesi kısmi dizisi (658 bç) ve Gen Bankası'ndan elde edilen diziler, *Cinara* cinsinin filogenetik analizleri için kullanıldı. Türkiye'de *Cinara* cinsi üyeleri ile ilgili moleküler düzeyde yapılmış bir çalışma bulunmamaktadır. Dünya genelinde yoğun olarak faunistik çalışmalar olmakla birlikte son zamanlarda genetik çalışmalara da ağırlık verilmiştir. Bu çalışmalarda ağırlıklı olarak *Cinara* türlerinin türleşmesinde konak bitki ve lokalite etkisi ortaya konulmaya çalışılmıştır (Jousselin vd. 2013).

Bugüne kadar gerçekleştirilen çalışmalarda afitlerin soy hatları tam olarak ortaya konulamamıştır. Bu nedenle afitlerde moleküler düzeyde yapılan çalışmalar bu türlerin evrimsel geçmişini ortaya çıkarmayı ve türler arası akrabalıkları ortaya açıklamayı amaçlamaktadır. Durak vd. (2011), yaptıkları çalışmada *Juniperus* bitkisini konak olarak kullanan ve klasik teşhis anahtarları ile çok küçük farklılıklarla ayrılabilen *Cinara* türleri arasındaki ayrımı ortaya koymaya çalışmışlardır. Türler arasındaki

farklılık ve benzerliği ortaya koyabilmek için *Juniperus virginiana* L. türünün dalları üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin mitokondriyal sitokrom oksidaz I (COI) genine (628 bç) ait dizileri analizlerde kullanılmıştır. Gen Bankası'ndan bu türe ait diğer diziler elde edilmiş ve filogenetik analizlerde kullanılmıştır. Çalışma sonucunda baz çeşitliliğinin A+T baz bileşiminin zengin olduğu, bu oranın *C. juniperi*'de % 73.57, *C. mordvilkoii*'de % 71.79 olarak belirlenmiştir. Analizlerde *C. juniperi* türünün baz kompozisyonu, A (% 35.19), T % 38.38, C % 16.24, G % 0.19, ve *C. mordvilkoii* için ise A (% 34.95), T (% 36.83), C (% 16.61), G (% 11.6) olduğu belirlenmiştir. Aynı tür içindeki örnekler arasında hiçbir farklılık tespit edilememiştir. Tür içindeki diziler bire bir aynı olduğu belirlenmiştir. *C. tujaefilina* ve *C. mordvilkoii* arasında 55 nükleotit farklılaşması belirlenmiştir. Farklılık ve benzerlikleri değerlendirmek için analizlere dahil edilen *C. juniperivora* türü % 95 gibi yüksek bir oran ile *C. juniperi*'ye benzediği belirlenmiştir. *Juniperus* bitkisini konak olarak kullanan bu iki tür arasındaki benzerlik (% 5-11) yüksek olduğu, bu da bu türlerin aynı mikrohabitatta bulunmasından cins içindeki bazı türlerin çok yakın akraba türler olmasından kaynaklanabileceği belirlendi. Bu çalışma sonucunda, Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* afitlerinin de baz kompozisyonu bu çalışma ile benzerlik göstermiştir. Baz çeşitliliğinin A+T'ce zengin olduğu, bu oranın % 74.47 olduğu belirlendi. Bu konak bitki üzerinden örneklenen türler arasındaki genetik uzaklık ise 0.009-0.066 arasında değişim göstermiştir. Cupressaceae bitkisinden örneklenen *C. juniperensis* ve *C. tujaefilina* türleri için benzer sonuçlar elde edilmiş olup, baz dizilimleri bakımından % 73 benzerlik gösterdikleri, 30 nükleotit'de varyasyon gösterdiği ve türler arası genetik uzaklığın (COI-415bç) ise 0.0056-0.066 arasında değişim gösterdiği belirlenmiştir.

Durak vd. (2014), koniferlerin iğne yaprakları ve odunsu kısımları üzerinden beslenen *Cinara* türleri arasındaki filogenetik ilişkilerini ortaya koymak için mitokondriyal COI (650 bç) geni ve nüklear EF1- α (770 bç) genini çalışmışlardır. COI geninin dizilenmesi sonucu gerçekleştirilen analizlerde, *C. juniperi* ve *C. tujaefilina* türleri arasındaki genetik mesafe % 5.6 iken, *C. tujaefilina* ve *C. mordvilkoii* arasında % 10.5 olduğu tespit edildi. EF1- α geniyle yapılan çalışmalar sonucu türler arası mesafenin daha kısa olduğu saptandı. Bu değerler, *C. cupressi* ve *C. juniperi* arasında % 0.1, *C. tujaefilina* ve *C. mordvilkoii* arasında ise % 2.3'dir. Her iki gen bölgesi kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlarda iki kardeş dal oluşturulmuştur. Sonuçlar, *Cinara* (*Cupressobium*) cinsine ait türlerin monofiletik bir grup olduğunu göstermiştir. Chen vd. (2012),

Lachninae afitlerinde DNA barkodlama sürecinde kullanılabilir alternatif mitokondriyal genleri çalışmışlardır. Moleküler belirteç olarak üç mitokondriyal gen, COI (657 bç), COII (671 bç) ve Cytb (730 bç) kullanılmıştır. Lachninae'nin üç tribus'unun 14 cinsinin 83 türüne ait 1098 örnek ile çalışılmıştır. COII ve Cyt *b* genleri kullanılarak elde edilen NJ ağaç topolojisinde, *Cinara piceae* ve *Cinara brevisceta* türlerinin birlikte kümelendikleri gözlenmiştir. Sitokrom oksidaz I gen bölgesi için baz kompozisyonu A: % 35.5 C: % 14.2 G: % 10.2 T: % 40.1 olarak tespit edilmiştir. Coğrafik popülasyonların nükleotit çeşitliliğinde zenginlik gösterdiği türler arası genetik mesafe her gen bölgesi için COI (0.0235), COII (0.0257) ve Cyt *b* (0.0336) olarak belirlenmiştir. Tür içi genetik mesafenin ise çok düşük (0.005-0.00) olduğu tespit edilmiştir. Lachninae içerisinde çalışılan *Cinara* örneklerinin tür içinde, COII gen bölgesinin COI ve Cyt *b* gen bölgelerine göre daha az varyasyon gösterdiği tespit edilmiştir. Afit filogenisinin ortaya çıkarılması çalışmalarında Cyt *b* geninin diğerlerinden daha etkili olduğunu belirtmişlerdir. Cyt *b* geni sahip olduğu fazla dizi çeşitliliği ile afitlerin popülasyon genetiği çalışmalarında geçerli bir belirteç olduğu da vurgulanmıştır. Bu Tez çalışması sonucu elde edilen veriler, Durak vd. (2014)'nin verileri ile benzer sonuçlar ortaya koymuştur. Farklı konak bitkilerden örneklenmiş (*Cedrus*, *Pinus*, *Cupressaceae*) *Cinara* cinsine ait 8 afit türünün mitokondriyal sitokrom oksidaz I (COI) kısmi gen dizisi çalışılmış, türlerin konak olarak kullandıkları bitkilere göre genetik uzaklıkları tespit edilmiştir. Sedir üzerinden örneklenen bireylerin COI gen bölgesi (438 bç) tür içi genetik uzaklığının 0.0046-0.0115 arasında, türler arası genetik uzaklığın ise 0.0978 (% 9.78) olduğu, mızı ve ardıç üzerinden örneklenen bireylerin COI gen bölgesi (415 bç) tür içi genetik uzaklığının 0.0056-0.0066 arasında, türler arası genetik uzaklığın ise 0.009-0.018 arasında olduğu belirlenmiştir. *Cinara* türlerinin aynı konak bitki veya farklı konak bitkilerdeki morfolojik karakterlere dayanan anahtarlarında çok küçük farklılıklar ile birbirinden ayrıldığı dikkate alındığında burada ortaya konulan düşük orandaki genetik uzaklık kabul edilebilir düzeyde olduğu gözlenmiştir. Son zamanlarda gerçekleştirilen çalışmalar afit türlerinin birçoğunun genel özelliklerinin aksine *Cinara* türlerinin çoğunlukla allopatrik faktörlerin etkisiyle değişime ve türleşmeye uğradığını göstermiştir (Jousselin vd., 2013). Favret ve Voegtlin (2004a), *Cinara* türlerinde gerek tür içi gerekse türler arası farklılaşmada lokalite değişimiyle bağlantılı konak bitki etkisiyle olduğunu ileri sürmüşlerdir. *Cedrus* üzerinden örneklenen türlerin genetik uzaklığı üzerine lokalitenin çok büyük etkisi olmadığı, belirlenen düşük genetik uzaklığın filogenetik ağaçlar üzerinde de açıkça

gözlenmiştir. *Cedrus* üzerinden belirlenen türler arasında genetik uzaklık, 0.046 (% 4.6) ile 0.0978 (% 9.78) arasında değiştiğinden bu türlerin birbiri ile oldukça yakın olduğu gözlenmiş olup Durak vd. 2014 tarafından elde edilen verilerle çok büyük oranda benzerlik göstermiştir. Elde edilen bu benzerlik oranı şu anda ağırlıklı olarak kullanılan tayin ve teşhis anahtarları ile de uyumluluk göstermektedir.

Cupressaceae familyası üyelerine bakıldığında Favret ve Voegtlin (2004a) tarafından ileri sürülen lokalite değişimini takiben konak bitki etkisi daha net bir şekilde gösterilmektedir. *Cedrus* üzerinden örneklenen türler arasında genetik uzaklık daha düşükken Cupressaceae üzerinden örnekler arasında tür içi genetik mesafe daha büyüktür. Cupressaceae üzerinden elde edilen *Cinara* türleri filogenetik ağaç üzerinde konak bitkiye göre çok net bir şekilde ayrılırken bazı grupların lokalitenin etkisiyle önemli kabul edilebilecek farklılıklar gösterdiği görülmüştür. Örneğin *C. tujaefilina* türü net bir şekilde çok küçük bootstrap değerleri ile filogenetik ağaç üzerinde yer alırken Afyonkarahisar'dan örneklenen A1.ab1 önemli ölçüde ayrım göstermektedir. Bu durum literatürde sıklıkla belirtilen lokalite ve konak bitkinin birlikte etki edebileceği yaklaşımı ile uyumlu olarak değerlendirilmektedir.

Pinaceae üzerinden elde edilen örneklerin moleküler verilerle değerlendirilmesinde lokalite ve konak bitkinin etkisi daha net bir şekilde görülmektedir. Burada esas belirleyici olanın lokalite olduğu ortaya çıkmıştır, çünkü aynı türler farklı lokaliteden aynı konak bitkiler üzerinden örneklendirilmiştir. *Pinus* türleri üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin tür içi ve türler arası genetik uzaklıklarına bakıldığında *C. brauni* ve *C. schimitcheki* türlerinde tür içinde çok düşük genetik uzaklık belirlenmişken, *C. maghrebica* türünde tür içi genetik uzaklık en yüksek düzeyde (0.018-0.075) olduğu belirlenmiştir. Türler arası genetik uzaklık değerlerine bakıldığında *C. brauni* ile *C. maghrebica* arasında (0.018-0.088), *C. brauni* ile *C. schimitcheki* arasında enterasan bir şekilde 0.062 olarak görülmüş, *C. maghrebica* ile *C. schimitcheki* arasında (0.062-0.081) arasında değişmiştir. Bu veriler, üç tür açısından değerlendirildiğinde lokalite ve konak bitki etkisinin türe göre de değişik sonuçlar verebileceğini, her türün aynı oranda etkilenmeyeceğini de ortaya koymaktadır. Bu üç türün tayin ve teşhis anahtarları dikkate alındığında da *C. brauni* ve *C. schimitcheki* türlerinin daha karakteristik özelliklerle tanımlanırken *C. maghrebica* türü daha kompleks bir tanımlamaya

ihtiyaç duymaktadır. Dolayısı ile tür içi genetik uzaklığın yüksek olması, bu anlamda anlaşılabilir olarak kabul edilmektedir.

Araştırma kapsamında elde edilen verilerin Gen Bankası'ndan alınan verilerle birlikte değerlendirilmesi sonucu genel olarak lokaliteye bağlı ayrışma net olarak gözükmemektedir. Bu durumda lokalitenin *Cinara* türlerinde varyasyonları artırıcı etkisini gösterdiği şeklinde değerlendirilebilir.

Papasotiropoulos vd. (2013), COI (485 bç) ve 12S rRNA (330 bç) dizilerini kullanarak belirli çoğunluğu Aphidina alt familyasından olan ve Chaitophorinae, Lachninae, Claphidinae ve Erisomatinae alt familyalarına ait afit türleri arasındaki filogenetik ilişkileri açıklamaya çalışmışlardır. Mitokondriyal sitokrom oksidaz I gen bölgesi için baz kompozisyonu A: % 34.9 C: % 14.8 G: % 9.8 T: % 40.5 ve Ti/Tv= 1.79 olarak tespit edilmiştir. Genetik uzaklığın COI gen bölgesi için % 10.1, 12S rRNA gen bölgesi için % 5.2 olduğu tespit edilmiştir. Bu türler içerisinde genetik uzaklığı % 1.3-15.7 arasında olan *Cinara tujafilina*'nın ağacın en alt grubunda yer almasıyla en divergent tür ve Lachninae'den en erken ayrılan tür olduğunu belirlemişlerdir. Filogenetik ağaçlar ve Maksimum Parsinomi analizleri de benzer topolojiler göstermiştir. *Aphidini* tribusunda *Aphidinae* türlerinin monofiletik olduğu gözlenmiştir. Buna rağmen *Rhopalosiphum* türlerinin monofilik durumu çözümlenememiştir. Bu Tez çalışmasında özellikle *Cedrus* bitkileri üzerinden örneklenen bireylerin analizlerinde mitokondriyal COI baz bileşimi bu çalışma ile benzerlik göstermiş, A = % 33.67, T/U = % 40.18, C = % 16.13, ve G = % 10.02 olarak belirlenmiştir. Türler arası genetik uzaklığın ise % 4 olduğu tespit edilmiştir.

Chen vd. (2015), Çin'in güneybatısındaki dağlarda yayılış gösteren *Cinara* türlerinin çeşitliliğini belirlemek amacıyla mitokondriyal sitokrom oksidaz I gen bölgesi COI (658 bç) ile filogenetik analizler gerçekleştirmişlerdir. Farklı konak bitkiden örneklenen 94 *Cinara* türüne ait 304 bireyin, özellikle *Larix*, *Tsuga* ve Cupressaceae bitki türleri üzerinde tür çeşitliliğinin düşük olduğu belirlemişler. Çalışma alanını yükseltisine göre dört gruba ayırmışlar ve tür içi çeşitliliğin en fazla 3500-4000 m. yükseklikte dağılım gösterenlerde olduğu (0.1082), 4000 m'de 0.1062, 2500-3000 m. arasındaki örneklerde ise bu çeşitliliğin 0.1029 olduğunu belirlemişler ve çalışma alanının tamamında türler arası varyasyonun 0.0005-0.0025 değerleri ile düşük olduğunu gözlemlemişlerdir.

Sitokrom oksidaz I gen bölgesi için baz kompozisyonu A: % 35.6 C: % 14.5 G: % 10.4 T: % 39.1 olarak tespit edilmiştir. Çalışma sonucunda birçok faktörün bu çeşitliliği oluşturduğu, konak değişimi, karmaşık topografya, geçmişte yaşanmış iklimsel dalgalanmalar ve coğrafik izolasyonunda populasyonun farklılaşmasına neden olan sürükleyici güç olduğu ve tür seviyesindeki değişkenliği etkileyen en önemli etkenin konak değişimi olduğunu belirmişlerdir. Bu çalışma kapsamında örnekleme yapılan alanların yükseltisi 900-1100 m arasındadır. Bu alandan örneklenen *Cinara* cinsine ait sekiz türün, türler arasındaki genetik uzaklığı 0.0561-0.1382 arasında olduğu belirlenmiştir.

El Mujtar vd. (2009), Arjantin'in iki farklı lokalitesinde Cupressaceae familyasına ait üç farklı konak bitki (*Cupressus* sp., *Plathyclusus* sp., *Austrocedrus chilensis*) üzerinden örneklenen *Cinara cupressi* ve *C. tujaifilina* türlerinin COI (690 bp) gen bölgesini kullanarak ayrımını ortaya koymayı amaçlamışlar. Bu türlere ait altışar populasyonun dizi analizleri sonucunda *C. cupressi* türünün nükleotit dizisi % 91-92 oranında *C. tujaifilina*'ya benzerlik gösterdi. *A. chilensis* bitkisi üzerinden örneklerin dizilerinin BLAST analizi sonucunda % 99 oranında *C. tujaifilina*'ya benzediği belirlendi. Türler arası seviyede 44 polimorfik bölge tespit edildi. Türler arası nükleotit çeşitliliği *C. tujaifilina*'da en az olduğu, *C. cupressi* türlerinin tamamının birbirinin aynı nükleotit dizilimine sahip olduğu belirlenmiştir. Bu çalışmada dört farklı lokaliteden örneklenen Cupressaceae bitki türleri üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin belirlenen 415 bp'lik sitokrom oksidaz I gen bölgesinin filogenetik analizlerinde Cupressaceae bitki türleri üzerinden örneklenen *Cinara* türlerinin belirlenen 415 bp'lik gen bölgesinde 69 polimorfik bölge belirlenmiştir. Türler, belirgin bir ayrım göstermişlerdir.

Cinara türlerinde tür içi ve türler arası çeşitliliği, konak değişimi, kompleks topografik yapılar ve iklimsel değişimler gibi birçok faktörün oluşturabileceği, coğrafik izolasyonun populasyonun farklılaşmasına neden olan sürükleyici gücü oluşturduğu ama tür seviyesindeki genetik uzaklıkları etkileyen en önemli faktörün konak değişimi olabileceği belirlenmiştir (Favret ve Voegtlin, 2004; Jouselin vd., 2013, Durak vd., 2014; Chen vd., 2015). *Cinara* cinsine ait türler monofag (konak değişimi göstermez) türler olduğundan tür içi genetik çeşitlilik tüm türler için düşük çıkmıştır ve mevcut tür içi genetik uzaklıkların oluşmasında temel olarak lokalite ve buna bağlı konak bitki

özelliklerinin olduğu genel yaklaşımı elde edilen sonuçlarla da uyumlu olarak değerlendirilmiştir.

5.2 Sonuçlar

Afitlerin sınıflandırılması ve akrabalık ilişkilerinin açıklanması bu zamana kadar taksonomik yöntemlerle gerçekleştirilmiştir. Günümüzde bilimin her alanında gelişmekte olan moleküler tekniklerin afitlerin sınıflandırma sistemlerine uygulanması da artan bir hızla devam etmektedir. Afitlerin konaklarıyla etkileşimleri üzerine yapılan çalışmalarda, afitlerin morfolojik karakterlerinin konak bitkiye göre özelleşmiş olduğu ve konak bitkideki değişimlere bağlı olarak farklılık gösterebildiği, belirlenmiştir. Bu değişimlerin türe ve diğer çevresel faktörlere bağlı olarak populasyonlarda alt grupların oluşumuna yol açabileceği gözlenmiştir.

Bu çalışmada Türkiye’de sadece üzerine faunistik çalışmaların yapıldığı, İç Batı Anadolu ve Niğde’de yayılış gösteren *Cinara* cinsi üyelerinin morfolojik, morfometrik ve moleküler analizleri ile lokaliteye bağlı varyasyonlarının ortaya konması, filogenilerinin oluşturulması, dizilerinin elde edilmesi amaçlanmıştır. Bu çalışma, Türkiye *Cinara* afitleri üzerine morfometrik ve moleküler düzeyde yapılmış ilk çalışmadır. Arazi alanında yer alan tüm populasyonlardan yeterince örnekleme yapılmıştır. Bu tez çalışması sonucunda Türkiye’de yayılış gösteren *Cinara* cinsine mensup 28 tür olduğu belirlendi. Belirlenen türlerin morfotiplerin ayrı birer takson olup olmadıklarını belirlemek için morfometrik ve moleküler veriler ile çalışma desteklenmiştir.

Moleküler çalışmalarda türlerin teşhislerinde konak bitkinin rolünün önemi vurgulanmıştır, lokaliteye bağlı olarak bitki özelliklerinin genetik çeşitlilikteki ve morfolojik varyasyonlardaki rolü tartışılmıştır. Network analizi sonucunda türler dağılım gösterdikleri konak bitkilere göre gruplanmış, aynı familya içerisinde yer alan konak bitki üzerindeki afit türleri de analiz sonucunda daha yakın bölgelerde yer almışlardır.

5.2.1 *Cedrus* spp. (sedir) üzerinden örneklenen afit türleri

Dünya üzerinde sedir üzerinden sekiz afit tür tespit edilmiş olup bu türlerden beş tanesi Türkiye’de dağılım göstermektedir (Blackman ve Eastop, 2016). Bu türler *Cinara cedri*, *C. confinis*, *C. curvipes*, *C. indica*, *C. laportei* olup *C. indica* Verma, 1970 Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak verilmiştir. Belirlenen türler arasında gerek sayı gerekse yoğunluk açısından *C. cedri* türünün başı çektiği görülmüştür.

Cinara confinis türü, morfolojik olarak *Cinara cedri* türüne benzer, sadece vücut uzunluğunun 3 cm’den fazla olması ve HT I distal uzunluğunun bazal genişliğinden kısa olmasıyla *C. cedri*’den ayrıldığı gözlenmiştir ve literatür bilgileri ile uyumludur. *C. cedri* kadar geniş bir yayılışa sahip olmadıkları ve yoğun popülasyonlar oluşturmadıkları tespit edildi. *C. curvipes* türünün yayılımcı ve işgalci tür olarak Türkiye’de yayılımını genişlettiği kanaatine varılmıştır.

Morfometrik analizlerde Sedir ağacı üzerinden örneklenen *Cinara cedri* örnekleri ile çalışılmıştır. Diğer dört tür, morfometrik karakterlerinin yetersizliği ve çalışılan her alanı temsil etmemesi ve yeterli sayıda olmamalarından analizlere dahil edilmemiştir.

Sedir ağacı üzerindeki bu türlerin ayırımında en çok farklılık gösteren karakterlerin BL, PT, URS, HTI ve HTB karakterleri olduğu gözlenmiştir. Sedir üzerinden örneklenen *C. cedri* türünün istatistiksel analizleri sonucunda lokalitelere göre ayırımına bakıldığında, özellikle ANT6 Tüy, ANT4, Ant4/6, ANT6, HTII, RIV, RV ve ANTIII segmentlerinin boyutlarındaki farklılık ile Uşak ilinden örneklenen bireylerin morfometrik karakterlerinin grup ortalamalarının diğer üç lokalitedekilerden farklı konumlandığı, bu da lokalitenin türün morfolojik yapısında farklılık oluşturabileceğini gösterebilir.

Çalışma alanından sedir bitkisi üzerinden örneklenip teşhisi yapılmış örneklerin mitokondriyal sitokrom oksidaz I kısmi gen dizileri elde edilmiştir.. Moleküler analizlerde Sedir bitkisi üzerinden örneklenen *Cinara* afitlerinin mtDNA sitokrom oksidaz I kısmi gen dizileri ve Gen Bankası’ndan (438 bç) elde edilen diziler ile yapılan analizler dört haplotip tespit edilmiştir. Genetik uzaklığın türler arasında ortalama 0.116 (%11.6) olduğu belirlenmiştir. Bu sonuçlara göre, lokaliteye bağlı yapılan analizlerde tür içi ve türler arası düşük bir genetik çeşitlilik olduğu söylenebilir.

KF649349 ve KM501340 kodları ile Gen Bankası'ndan elde edilen Çin ve Fransa COI dizileri, ayrı haplotipler olarak belirlenirken, KJ433268 kodlu Çin örneği ise Türkiye örnekleri ile aynı haplotipi paylaşmıştır.. Türkiye örnekleri ile (438 bç) yapılan genetik analizlerde tespit edilen dört haplotip kullanılarak yapılan analizde, *C. cedri* türünde genetik uzaklık türü 0.005-0.098 arasında iken türler arası 0.106 (% 10.6) olduğu belirlenmiştir. *C. confinis* türü Türkiye örnekleri ile gerçekleştirilen analizlerde ayrı bir haplotip (438 bç) tespit edilirken, Gen Bankası'ndan elde edilen diziler ile yapılan analizlerde *C. cedri* haplotipi (279 bç) içerisinde yer almıştır. Baz dizisi uzadıkça bu türün *C. cedri*'den farklılaştığı gözlemlenmiş olup morfolojik ayırım anahtarlarında da bu türün sadece vücut uzunluğu boyutu ile *C. cedri*'den ayrılması moleküler yapı bakımından da benzerliğini desteklemektedir.

Türkiye'de doğal olarak yayılış gösteren tek bir sedir (*Cedrus libani*) türü vardır. Bunun yanı sıra egzotik olan ve park ve bahçelerde yayılış gösteren türleri de bulunmaktadır. Ülkemizde sedir bitkisi üzerinde yayılış gösteren *Cinara* türlerinin filogenilerinin oluşturulması, konakları üzerindeki yoğunlukları ve bitkiye verdikleri zararın araştırılması gerekmektedir. Bu nedenle örnek alınmamış bölgelerden örneklerin temin edilmesi, çalışılmamış türlerin gen dizilerinin çıkartılması üzerinde farklı gen bölgelerinin çalışılması *Cinara* cinsinin soyhattının ortaya çıkarılmasına katkı sağlayacaktır.

5.2.2 Cupressaceae familyasına ait bitkiler (mazı, ardıç) üzerinden örneklenen afit türleri

Bu çalışma kapsamında Afyonkarahisar, Niğde, Kütahya ve Uşak illerinden Cupressaceae bitkileri (*Cupressus* spp., *Plathycladus* spp., *Juniperus* spp.) üzerinden *Cinara* cinsine ait *C. tujafilina*, *C. fresai*, *C. cupressi*, *C. oxycedri*, *C. juniperensis* ve *C. wahluca* türleri belirlenmiştir. Bu türlerden *C. oxycedri* Binazzi, 1996 ve *C. juniperensis* (Gilette & Paler, 1925), Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak verilmiştir.

Çalışma kapsamında en yoğun tür olarak belirlenen *Cinara tujafilina*'nın morfometrik karakterlerinin ölçümleri ve istatistiksel analizleri yapılmıştır. Lokalitenin *Cinara tujafilina*'nın morfometrik karakterlerine olan etkisine bakıldığında, örneklenen

bireylerden yedi karakterin (ANT6 Tüy, ANT4, ANT4/6, HTIBD, HTII, RIV, HTIBD/HTII) özellikle Niğde ilinde daha değişken boyutlar göstermiş olduğu, diğer örnekleme alanları ile Niğde ili arasında anlamlı bir farklılık oluşmuştur.

Cupressaceae bitkileri üzerinden örneklenen *Cinara* cinsine ait türlerin ve Gen Bankası'ndan bu türün sitokrom oksidaz I gen bölgesi için (222 bç) yedi haplotip tespit edilmiştir. Kütahya'dan alınan *C. juniperensis* türüne ait olan üç örneğin herbiri ayrı haplotipler elde edilirken, *C. tujafilina* örnekleri dört haplotip içinde gruplandı. Fransa ve Çin örnekleri ayrı haplotipler elde edilirken, Polonya ve Hindistan örnekleri Türkiye örnekleri ile aynı haplotip içerisinde yer almıştır. Sadece Türkiye örnekleri ile (dışgrupsuz, 415bç) yapılan moleküler analizlerde ise dokuz haplotip elde edilmiş, genetik uzaklık türü 0.002-0.118 (*C. tujafilina*) arasında iken türler arası 0.072-0.133 olduğu belirlenmiştir. *C. tujafilina* türüne ait Kütahya örneği (01.A3) Türkiye ve Gen Bankası'ndan elde edilen diziler (222 bç) ile yapılan analizlerde CtHAB1 haplotipi içerisinde yer almış, sadece Türkiye örnekleri ile yapılan analizlerde ise ayrı bir haplotip oluşturmuş ve oluşturulan ağaçlarda diğer haplotipler ile kümelenmeyip, ayrı bir soy hattı oluşturmuştur.

5.2.3 *Pinus* spp. (çam) üzerinden örneklenen afit türleri

Pinus türlerini konak olarak kullanan *Cinara* cinsine ait afit türlerinin tespit edilmesi ve türü-türler arası benzerlik ve farklılıkların ortaya konulması amacıyla Afyonkarahisar, Kütahya, Uşak ve Niğde illerinde gerçekleştirilen arazi çalışmaları ve teşhis anahtarları kullanılan gerçekleştirilen teşhisler neticesinde *Cinara* cinsine mensup 13 tür (*Cinara acutirostris*, *C. brauni*, *C. maghrebica*, *C. palaestinensis*, *C. pilicornis*, *C. pini*, *C. pinihabitans*, *C. pinimaritimae*, *C. piniphila*, *C. pinivora*, *C. schimitscheki*, *C. setosa* ve *C. watanabei*) tespit edilmiş olup *C. piniphila* (Ratzeburg,1844) ve *C. setosa* (Börner, 1950) türleri, Türkiye afit faunası için yeni kayıt olarak verilmiştir.

Bu çalışma kapsamında morfometrik analizlerde *Pinus* türleri üzerinden tüm lokalitelerde örneklenen *Cinara schimitscheki* türünün morfometrik karakterlerinin ölçümleri ve istatistiksel analizleri yapılmıştır. *Cinara schimitscheki*'nin 73 bireyi üzerinden incelenen 11 morfometrik karakterinin arasında bazı varyasyonlar olduğu ve örneklenen bireylerden yedi karakterin (Ant6 Tüy, ANT4, Ant 6, Ant4/6, Ant3, HTII,

RV, RIV, SIPH, BL) özellikle Niğde ilinde daha deęişken boyutlar gösterdiğini belirlenmiştir. Afyonkarahisar ve Kütahya illerinden örneklenen bireylerin grup ortalamalarının birbirine daha yakın olduđu gözlenirken, Niğde ve Uşak illerindeki *Cinara schimitscheki* popülasyonlardan örneklenen bireylerin grup ortalamalarının hem birbirinden hem de diđer lokalitelerden daha uzak bir kümelenme gösterdiğini gözlenmiştir.

Bu çalışmada *Pinus* spp. üzerinden elde edilen *Cinara* örnekleri üzerine gerçekleştirilen moleküler analizlerde sitokrom oksidaz I gen bölgesi için (239 bç) dört haplotip belirlendi. *Pinus* üzerinden örneklenen üç türden sadece *C. maghrebica* türü için iki ayrı haplotip elde edildi. Bu çalışma, Türkiye’de *Cinara* cinsinin moleküler yapısı üzerine yapılan ilk çalışma olmasından dolayı daha fazla alandan alınacak *Cinara* cinsine ait türler ile daha fazla haplotip tespit edilebilir. Gen Bankası’ndan elde edilen *C. maghrebica* ve *C. brauni* türlerine ait diziler kullanılarak yapılan filogenetik analizlerde, Fransa örnekleri ayrı haplotipler olduđu tespit edildi. Türkiye örnekleri ile yapılan moleküler analizlerde genetik uzaklık türü için 0.21 (*C. maghrebica*) iken türler arası 0.070-0.084 arasında olduđu belirlenmiştir.

5.3 Öneriler

Türkiye’de *Cinara* türleri üzerine morfometri ve moleküler düzeyde yapılmış bir çalışma düzenlenmediği için bu çalışma çerçevesinde belirlenen türler, çalışma alanı için de yeni kayıt olarak tespit edilmiştir. Çalışma kapsamında yapılan tüm analizler, Türkiye afit faunası için önemli verilerdir. Türkiye’nin deęişik alanlarında benzer çalışmalar yürütülmeye devam etmektedir. Ancak çalışılan lokaliteler Türkiye’nin tamamını temsil etmediğinden daha fazla lokaliteden daha fazla örnek ile yapılacak morfolojik, morfometrik ve moleküler çalışmalar Türkiye afit faunası için daha fazla bilgi elde edilmesini sağlayacaktır. Bununla birlikte ülkemizin floristik, iklimsel çeşitliliği göz önüne alındığında bu sayının yeterli olmadığı düşünülmektedir. Bu nedenle benzer çalışmaların ülkemizin deęişik bölgelerinde yürütülmesi önem kazanmaktadır.

Türkiye’nin coğrafik, floristik, iklimsel ve tarımsal ürün çeşitliliği ve konumu gibi özellikleri dikkate alındığından şu ana kadar elde edilen verilerin Türkiye’deki *Cinara*

tür sayısını tam olarak yansıtmadığı düşünülmektedir. Bununla birlikte son zamanlarda bu çalışmaların çeşitlendiği ve ülkemiz afit faunasına önemli katkıları olduğu görülmektedir. Türkiye'nin sahip olduğu biyoçeşitlilik ve % 34.4 oranında floristik endemizm göstermesi, biyocoğrafik konumu ve kıtalar arasında geçiş bölgesi olması, tarım arazilerinin geniş olup tarımsal ürünlerin ülke ekonomisi için önem taşımasından dolayı, Türkiye'de yapılan afit faunası belirleme çalışmaları önem arz etmektedir.

Gerçekleştirilen çalışmalarda, morfolojik, morfometrik ve moleküler veriler ele alındığında *Cinara* cinsine ait türlerin evrimsel geçmişlerinin tam olarak ortaya konulması için daha fazla morfometrik karakter ve moleküler belirteç kullanılması gerektiği belirlenmiştir. Dünya üzerinde yayılış gösteren *Cinara* cinsine ait 223 tür çok benzer karakterler taşırlar ve ayrımları çok zordur (Heie, 2015). Daha güvenilir sonuçların elde edilmesi için mitokondriyal genler dışında nükleer genlerin de çalışılması gerekmektedir. Baz dizisi uzadıkça daha fazla sayıda haplotip gözlemlendiğimizden farklı gen bölgelerinin çalışılması bu cinsin filogenisini oluşturmak için yararlı olacaktır. Bu çalışmada *Cinara* cinsine ait türlerin sitokrom oksidaz I kısmi gen dizileri kullanılmıştır. Çalışılan bu örnekler için lokalite, türün genetik yapısında varyasyonlara neden olmamıştır. Ayrıca bu cinsin filogenisini tam olarak oluşturabilmek için tüm genom çalışmalarına ağırlık verilmelidir. Öncelikli olarak bu cinse ait türlerin Türkiye'deki filogenisinin oluşturulması için her tür için gerektiğinde farklı belirteçler kullanılarak evrimsel geçmişi ortaya konulmalıdır. Bu cinsin konak olarak beslediği bitki türlerinin Türkiye dağılışı belirlenerek her lokaliteyi temsil edecek istasyonlar belirlenmeli ve örnekler alınmalıdır. Böylece yeni türlerin veya yeni kayıtlar ortaya çıkarılması sağlanabilir.

Sonuç olarak bu çalışma, *Cinara* cinsi filogenisi üzerine yapılmış çalışmalara katkı sağlayacağı gibi Türkiye'deki yapılacak çalışmalar için de öncü bir çalışma olmaktadır. Gelecekteki daha fazla morfolojik karakter ile yapılacak detaylı morfometrik analizler ve daha farklı gen bölgeleri çalışılarak veya canlıların tüm genomu ile yapılacak çalışmalar da evrimsel biyolojideki filogenetik ilişkilerin belirlenmesine büyük katkı sağlayacaktır. Gelecekte morfometrik çalışmaların DNA barkod çalışmaları ve diğer moleküler çalışmalarla beraber kullanılarak *Cinara* filogenisinin aydınlatılmasında ışık tutacağı beklenmektedir. Kısacası bu çalışma, özellikle ilginç polimorfizme sahip

afitlerin ekoloji, genetik ve evrimsel biyoloji alanındaki bilimsel alıřmalarda gvenilirlikle kullanılabilircek canlılar olduėunu, net bir řekilde kanıtlamaktadır.



KAYNAKLAR

Ahern, R.G., Hawthorne, D.J. and Raupp, M.J., “Founder effects and phenotypic variation in *Adelges cooleyi*, an insect pest introduced to the eastern United States”, *Biological Invasions* 11, 959-971, 2009.

Akyıldırım, H., Şenol, Ö., Görür, G. and Demirtaş, E., “Evaluation of the zoogeographical contents of Turkey aphid (Hemiptera: Aphidoidea) fauna and invasive components”, *Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi* 6(1), 44-48, 2013.

Akyıldırım, H., Şenol, Ö., Görür, G., Aktaç, N. and Demirtaş, E., “Determined aphid and ant associations from Trabzon, Rize and Artvin provinces of the Turkey”, *Journal of the Entomological Research Society* 16(2), 29-37, 2014.

Akyürek, B., Ondokuz Mayıs Üniversitesi Kurupelit Kampüs alanı afit (Homoptera: Aphidoidea) faunasının belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü*, Samsun, 1-7, 2006.

Akyürek, B., Zeybekoğlu, Ü. and Görür, G., “New records of aphid species (Hemiptera: Aphidoidea) for Turkish fauna from Samsun province”, *Turkish Journal of Zoology* 34, 421-424, 2010.

Altay, H. ve Uysal, M., “Selçuk Üniversitesi Alaeddin Keykubat Kampüs alanında bulunan yaprakbiti (Homoptera: Aphidoidea) türleri”, *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi* 19(37), 92- 99, 2005.

Aphidnet, “Identification guide for cosmopolitan and polyphagous aphid species”, <http://aphid.aphidnet.org>, 24 Eylül 2015.

Aslan, M.M. ve Uygun, N., “Aphids (Homoptera: Aphidoidea) of Kahramanmaraş Province, Turkey”, *Turkish Journal of Zoology* 29, 201-209, 2005.

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

Barjadze, Sh., “A new species of the genus *Aphis* Linnaeus, 1758 (Hemiptera: Aphididae) living on *Cephalaria gigantea* (Dipsacaceae) from Georgia”, *Zootaxa* 2821, 39–46, 2011.

Barjadze, Sh., Japoshvili, G. and Bakhtadze, N., “New records for the Georgian aphid fauna (Hemiptera, Aphididae)”, *Zool Middle East* 50, 140–141, 2010.

Barjadze, S. and Asanidze, Z., “Morphometric investigation of grapevine and willow root feeding aphid, *Pemphigus saliciradicis* (Börner, 1950) (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae)”, *Deutsche Entomologische Zeitschrift* 60(1),45-52, 2013.

Berlandier, F., “Aphid management and identification keys”, <http://agspsrv34.agric.wa.gov.au/Ento/aphids/aphids3.htm>, 2016.

Binazzi, A. and Scheurer, S., Atlas of the honeydew producing conifer aphids of Europe, *Aracne editrice*, Roma, 2009.

Blackman, R.W., “Morphological discrimination of a tobacco-feeding form from *Myzus persicae* (Sulzer) (Hemiptera: Aphididae) and a key to New World *Myzus* (Nectarosiphon) species”, *Bulletin Entomological Research* 77, 713-730, 1987.

Blackman, R. L. and Brown, P. A., “Morphometric variation within and between populations of *Rhopalosiphum maidis* with a discussion of the taxonomic treatment of permanently pathenogenetic aphids (Hemiptera; Aphididae)”, *Systematic Entomology* 27,323-335, 1991.

Blackman, R.L. and Eastop, V.F., Aphids on the world's herbaceous plants and shrubs: an identification and information guide, Vol. 1. & 2, *John Wiley & Sons*, Chichester, England, 2006.

Blackman, R.L. and Eastop, V.F., "Aphids of the world's plants. An online identification and information guide", <http://www.aphidsonworldsplants.info>, 28 Ağustos 2016.

Blackman, R. L. and Spence, J. M.. "The effect of temperature on aphid morphology, using a multivariate approach", *European Journal of Entomology* 91, 7-22, 1994.

Brinkman, F.S. and Leipe, D.D, Phylogenetic analysis, In: Baxevanis, A.D., and Ouellette, B.F.F., Bioinformatics: A practical guide to the analysis of genes and proteins, Second Edition, *John Wiley & Sons*, 2001.

Brown, P.A. and Blackman, R.L. "Morphometric variation in the *Geoica utricularia* species group on *Pistacia*", *Systematic Entomology* 19: 119-132, 1994.

von Dohlen, C.D., Rowe, C.A. and Heie, O.E., "A test of morphological hypotheses for tribal and subtribal relationships of Aphidinae (Insecta: Hemiptera: Aphididae) using DNA sequences", *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 38,316-329, 2006.

Castalanelli, M., Severtson, D., Brumley, C., Szito, A., Footitt, R., Grimm, M., Munyard, K. and Groth, D., "A rapid non-destructive DNA extraction method for insects and other arthropods", *Journal of Asia-Pacific Entomology* 13(3): 243-248, 2010.

Cengiz, E., "Bankalarda hizmetlerden beklenen fayda kriterine göre pazar bölümlendirme: Trabzon örneği", *Cumhuriyet Üniversitesi Sosyal Bilimler Dergisi* 32 (2), 351-363, 2008.

Chen, J., Jiang, L. and Qiao, G., "A total- evidence phylogenetic analysis of Hormaphidinae (Hemiptera: Aphididae)", *9th International Symposium on Aphids*, Beijing (China), s6, 2-6 June, 2013.

Chen, R., Favret, C., Jiang, L., Wang, Z. and Qiao G., "An aphid lineage maintains a bark-feeding niche while switching to and diversifying on conifers", *Cladistics* doi: 10.1111/cla.12141, 1-18, 2015.

Crisp, M.D. and Cook, L.G., “Do early branching lineages signify ancestral traits?”, *Trends in Ecology & Evolution* 20(3), 122-8, 2005.

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

Çıraklı, A., Görür, G. and Işık, M., “Aphid species determined from Denizli”, *Selçuk University Agriculture Faculty Journal* 22, 12-18, 2008.

Daly, H.V., “Insect morphometric”, *Annual Review of Entomology* 30, 415–438, 1985.

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

Dedeoğlu A.Ö., “Çok değişkenli analiz yöntemleri”, <http://web.deu.edu.tr/upk15/docs/seminersunumlari/cok%20degiskenli%20analiz%20yontemleri-doc.%20dr.%20ayla%20ozhan%20dedeoglu.pdf>, 10 Ocak 2014.

Demirtaş, E., “İç Batı Anadolu bölümünde (Uşak, Kütahya ve Afyonkarahisar illerinde) *Quercus* türleri üzerinde beslenen *Thelexes* türlerinin morfolojik varyasyonlarının belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, *Niğde Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü*, Niğde, 2014.

Dixon, A.F.G., Aphid ecology - An optimization approach, Second Edition, *Chapman & Hall*, London, 1998.

Dixon, A.F.G., Kindlmann, P., Leps, J. and Holman, J., “Why are there so few species of aphids, especially in tropics”, *The American Naturalist* 129, 580-592, 1987.

Doğanay, H., Türkiye beşerî coğrafyası, *Millî Eğitim Bakanlığı Yayınları*, No: 2982, Bilim ve Kültür Eserleri Dizisi No: 877, Eğitim Dizisi No: 10, İstanbul, 1997.

Durak, R., “Molecular and morphological identification of *Cinara juniperi* and *Cinara mordvilkoii*”, ***Bulletin of Insectology*** 64(2), 195-199, 2011.

Durak, R., Lachowska-Cierlik D. and Bartoszewski, S., “Relationships within aphids *Cinara* (Cupressobium) (Hemiptera) based on mitochondrial and nuclear DNA sequences”, ***Journal of Applied Genetics*** 55(1), 89–96, 2014.

Düzenli, A., “Hasan Dağı'nın bitki sosyolojisi yönünden araştırılması”, ***Orman Araştırma Enstitüsü Dergisi*** 22,2, 7-53, 1976.

Düzgüneş, Z., Toros, S., Kılınçer, N. ve Kovancı, K., Ankara ilinde bulunan Aphidoidea türlerinin parazit ve predatörlerinin tesbiti, ***Tarım ve Orman Bakanlığı Zirai Mücadele ve Karantina Genel Müdürlüğü Yayınları***, Ankara, 1982.

El Mujtar, V., Covelli, J., Delfino, M. and Grau, O., “Molecular identification of *Cinara cupressi* and *Cinara tujaefilina* (Hemiptera, Aphididae)”, ***Environmental Entomology*** 38(2), 505-512, 2009.

Eser, S., İzmir ili Urla ilçesindeki bitkilerde zarar yapan afit (Hemiptera: Aphidoidea) türlerinin belirlenmesi, Yüksek Lisans Tezi, ***Niğde Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü***, Niğde, s. 10-35, 2009.

Fabre, J.P., Chalon, A., Multiplication of an ecotype of the aphid *Cedrobium laportei* (Homoptera Lachnidae) on various provenances of the genus *Cedrus.*, pp. 123-138, In: Lieutier, E. and Ghaioule, D. (Eds), *Entomological Research in Mediterranean forest ecosystems*, ***INRA Editions***, 2005.

Fargo, W.S., Inayatullah, C., Webster, J.A. and Holbert, D., “Morphometric variation within apterous females of *Schizaphis graminum* biotypes”, ***Research Population Ecology*** 28, 163-172, 1986.

Favret, C. and Voegtlin, D.J., “A revision of the *Cinara* species (Hemiptera: Aphididae) of the United States pinyon pines”, ***Annals of the Entomological Society of America*** 97(6), 1165-1197, 2004a.

Favret, C. and Voegtlin, D.J., “Host-based morphometric differentiation in three *Cinara* species (Hemiptera: Aphididae) feeding on *Pinus edulis* and *Pinus monophylla*”, *Western North American Naturalist* 64(3), 364–375, 2004b.

Felsenstein, J., “Confidence limits on phylogenies : An approach using the bootstrap”, *Evolution* 39(4), 783-791, 1985.

Figueroa, C.C., Simon, J.C., Le Gallic, J.F. and Niemeyer, H.M., “Molecular markers to differentiate two morphologically-close species of the genus *Sitobion* (Homoptera: Aphidoidea), *Entomologia Experimentalis et Applicata* 92, 217-225, 1999.

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

Footitt, R., Morphometric analysis of character variation and taxonomic discrimination among a complex of species of genus *Cinara* (Homoptera: Aphidoidea: Lachnidae), PhD Thesis, *Simon Fraser University*, Canada, 1987.

Geneious version (R 9) created by Biomatters, <http://www.geneious.com/>, Copyright ©2016.

Görür, G., Aphid (Insecta: Homoptera: Aphidoidea) Species of Niğde province of Turkey, *Nigde University Publication*, No:17, Niğde, 2004a.

Görür, G., “Aphid (Homoptera: Aphididae) species on pome fruit trees in Niğde province of Turkey”, *Turkish Journal of Entomology* 28 (1), 21-26, 2004b.

Görür, G., Lomonaco, C. and Mackenzie, A., “Phenotypic plasticity in host plant specialisation in *Aphis fabae*”, *Ecological Entomology* 30, 657-664, 2005.

Görür, G., The importance of phenotypic plasticity in herbivorous insect speciation, In: Insect phenotypic plasticity – Diversity of responses, ed. D. Whitman and T.N.

Ananthakrishnan, *Science Publishers*, Enfield, New Hampshire, USA, 2005.

Görür, G., Zeybekoğlu, Ü., Akyürek, B., Işık, M. ve Akyıldırım, H., Trabzon, Rize ve Artvin illerinin afit (Homoptera: Aphididae) faunasının belirlenmesi, *Proje No: Tubitak 107T450*, 223, 2009a.

Görür, G., Işık, M., Akyürek, B. and Zeybekoğlu, Ü., “New records of Aphidoidea from Turkey”, *Journal of Entomological Research Society* 11,1-5, 2009b.

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

Görür, G., Şenol, Ö., Akyıldırım, H. ve Demirtaş, E., İç Batı Anadolu Bölümü afit (Homoptera: Aphididae) faunasının belirlenmesi, *Proje No: Tubitak 111T866*, 223, 2014.

Gullan, P.J. and Cranston, P.S., Böcekler, entomolojinin ana hatları, *Nobel Yayıncılık*, Ankara, 2012.

Gülperçin, N., “Coleoptera (Insecta) takımına bağlı böceklerin filogenisi”, *Balıkesir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi* 15(2), 29-39, 2013.

Hall, B.G., “Building phylogenetic trees from molecular data with MEGA”, *Molecular Biology Evolution* 30(5), 1229-1235, 2013.

Harville, D.A., “Maximum Likelihood approaches to variance component estimation and to related problems”, *Journal of the American Statistical Association* 72, 320-338, 2009.

Havill, N.P., Footitt, R.G. and von Dohlen, C.D., “Evolution of host specialization in the Adelgidae (Insecta: Hemiptera) inferred from molecular phylogenetics”, *Molecular Phylogenetics Evolution* 44 (1), 357-370, 2007.

Hayder, B. A., Basant, K. A., Ibrahim, K. K., “New records of aphids of the subfamily

Aphidinae (Homoptera: Aphididae) infested herbaceous plants and shrubs for Iraqi aphid fauna”, *Advances in BioResearch* 3 (4), 66-75,2012.

Hebert, P.D.N., Ratnasingham, S. and de Waard, J.R., “Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit 1 divergences among closely related species”, *Proceedings of the Royal Society of London Series B* 270, 2003.

Heie, O.E., Taxonomy, intraspecific variation and geographical distribution of some species of *Nasonovia* s: 293-313 in Holman, J., Pelikan, J., Dixon, A.F.G. and Weismann, L. (eds) Population Structure, Genetics and Taxonomy of Aphids and Thysanoptera, *SPB Academic Publishing*, The Hague, 1987.

Heie, O.E. and Weigerek, P., “A classification of the Aphidomorpha (Hemiptera: Sternorrhyncha) under consideration of the fossil taxa”, *Proceedings of the 8th International Symposium on Aphids*, Catania, Italy, s.69-77, 8-12 June, 2009.

Heie, O.E., “A theory about the evolutionary history of Lachnidae and comments on the results of some molecular phylogenetic studies of aphids (Hemiptera: Aphidoidea)”, *Polish Journal of Entomology* 84 (4), 275-287, 2015.

Heie, O.E., “ Aphids from the Philippines and the Bismarch Islands, with description of a new species of Greenideoidea”, *Entomologiske Meddelelser* 35, 333-340, 1967.

Hidalgo, N.P., Martínez-Torres, D., Collantes-Alegre, J.M., Muller, V.M., Juan, M. and Nafría, N., “A new species of *Rhopalosiphum* (Hemiptera, Aphididae) on *Chusquea tomentosa* (Poaceae, Bambusoideae) from Costa Rica”, *Zookeys* 166, 59–73, 2012.

Holman, J., Host plant catalog of aphids, Palearctic Region, *Springer*, Branisovska, 2009.

Hong, Y., Zhang, Z., Guo, X. and Heie O.E., “A new species representing the oldest aphid (Hemiptera, Aphidomorpha) from the Middle Triassic of China”, *Journal of Paleontology* 83 (5), 826-831, 2009.

Huang, X., Xiang-YU, J., Ren, S., Zhang, R., Zhang, Y. and Qiao, G., “Molecular phylogeny and divergence times of Hormaphidinae (Hemiptera: Aphididae) indicate Late Cretaceous tribal diversification”, *Zoological Journal of the Linnean Society* 165, 73–87, 2012.

Huang, D.Y., “Trace back the origin of recent insect orders evidence from the Middle Jurassic Daohugou Biota”, *Foundations of Science* 22, 34–42, 2014.

Huelsenbeck, J. P., Ronquist, F., “MrBayes: bayesian inference of phylogenetic trees”, *Bioinformatics* 17, 754-755, 2001.

Hulle, M., Coeur d'Acier, A., Bankhead-Dronnet, S. and Harrington, R., “Aphids in the face of global changes”, *Comptes Rendus Biologies* 333, 6-7, 497-503, 2010.

Jalalizand, A.R., Mirhendi, H., Karimi, A., Modaresi, M. and Mahmoodi, E., “Morphological and molecular identification aphids of rosae”, *ScienceDirect* 4, 12-15, 2012.

Jiang, L., Chen, J. and Qiao, G., “A new species of *Chucallis* Tao (Hemiptera, Aphididae, Calaphidinae) from China” *Zookeys* 146, 69-81, 2011.

Jousselin, E., Cruaud, A., Genson, G., Chevenet, F., Footitt, R.G. and d'acier A.C., “Is ecological speciation a major trend in aphids? Insights from a molecular phylogeny of the conifer-feeding genus *Cinara*”, *Frontiers in Zoology* 10, 56, 2013.

Kalaycı, Ş., SPSS Uygulamalı çok değişkenli istatistik teknikleri, *Asil Yayın evi*, 426, Ankara, 2009.

Krause, R. and Reinert, K., “Phylogeny”, *Algorithmische Bioinformatik* 11-12, 1-34, 2011.

Keskin, E. ve Atar, H.H., “DNA barkodlama: Mitokondriyal COI geni kullanılarak moleküler tanımlama”, *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi* 6 (2), 01-08, 2013.

Khan, A. N., Khan, I. A. and Poswal, M. A. “Evaluation of different hosts and developmental biology and reproductive potential of brown peach aphid, *Pterochloroides persicae* (Lachninae: Aphididae) under laboratory conditions”, *Sarhad Journal of Agriculture* 14, 369- 376, 1998.

Kimura, M., “A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide substitutions”, *Journal of Molecular Evolution* 16, 111–120, 1980.

Kindlmann, P., Dixon, A.F.G. and Michaud, J.P., Aphid biodiversity under environmental change patterns and processes, *Springer*, London, 2010.

Kivisild, T., Metspalu, M., Bandelt, H., Richards, M. and Villems, R., “The World mtDNA phylogeny”, *Nucleic Acids and Molecular Biology* 18, 149-179, 2006.

Lagos, D.M., Voegtlin, D., Dacier, A.C. and Giordano, R., “Contribution to the systematics of the genus *Aphis* (Hemiptera: Aphididae)”, *9th International Symposium on Aphids*, Beijing, China, s.5, 2-6 June, 2013.

Landau, S. and Everitt, B.S., A Handbook of statistical analyses using SPSS, *Chapman&Hall/CRC Press*, London, 2004.

Lassaad, M., Martínez-Torres, D., Monia, B.H.L., “Two mitochondrial haplotypes in *Pterochloroides persicae* (Cholodkovsky) (Hemiptera: Aphididae: Lachninae) associated with different feeding sites”, *Journal of Insect Science* 20(5), 637-42, 2012.

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

Lee, W., Lee, Y., Kim, H., Akimoto, S. and Lee, S., “Developing a new molecular marker for aphid species identification: Evaluation of eleven candidate genes with species-level sampling”, *Journal of Asia-Pacific Entomology* 17, 617-627, 2014.

- Lozier, J.D., Foottit, R.G, Miller, G.L, Mills, N.J. and Roderick, G.K., “Molecular and morphological evaluation of the aphid genus *Hyalopterus* Koch (Insecta: Hemiptera: Aphididae), with a description of a new species”, *Zootaxa* 1688, 1–19, 2008.
- Lushai, G., Loxdale, H.D., Brookes, C.P., von Mende, N., Harrington, R. and Hardie, J., “Genotypic variation among different phenotypes within aphid clones”, *Biological Sciences* 22, 264 (1382), 725–730, 1997.
- Margaritopoulos, J.T., Tzortzi, M., Zarpas, K.D., Tsitsipis, J.A. and Blackman, R.L., “Morphological discrimination of *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae) populations feeding on Compositae”, *Bulletin of Entomological Research* 96,153-165, 2006.
- Madjdzadeh, S.M. and Mehrparvar, M., “Morphological discrimination of geographical populations of *Macrosiphoniella sanborni* (Gillette, 1908) (Hemiptera: Aphididae) in Iran”, *North Western Journal Of Zoology* 5(2), 338-348, 2009.
- Mandrioli, M. and Manicardi, G.C., “Evolving aphids: one genome-one organism insect or holobionts?”, *Intervertebrate Survival Journal* 10, 1-6, 2013.
- Martin, J.H., “The identification of common aphid pests of tropical agriculture”, *Tropical Pest Management* 29, 395-411, 1983.
- Mdellel, L. and Kamel, M. B. H., “Impact of ecological zones on morphology of *Pterochloroides persicae* Cholodkovsky (Hemiptera, Aphididae)”, *Journal of Entomological Research* 3,1,15-21, 2015.
- Meseguer, A.S., Coeur d’acier, A., Genson, G. and Jouselin, E., “Unravelling the historical biogeography and diversification dynamics of a highly diverse conifer-feeding aphid genus”, *Journal of Biogeography* 42, 1482-1492, 2015.
- Meyer, C.P. and Paulay, G., “DNA Barcoding: Error rates based on comprehensive sampling”, *PLoS Biology* 3(12), 2229-2238, 2005.

Naaum, A.M., Foottit, R.G., Maw, H.E.L. and Hanner, R., “Real-time PCR for identification of the soybean aphid, *Aphis glycines* Matsumura”, *Journal of Applied Biology* 138, 485-489, 2014.

Naumann-Etienne, K . and Remaudière, G., “A commented preliminary checklist of the aphids (Homoptera: Aphididae) of Pakistan and their host plants”, *Parasitica* 51, 1–61, 1995.

Nafria, J.N., “Fauna Europaea. Version 2.6.1”, [www.faunaeur.org /taxon_tree.php](http://www.faunaeur.org/taxon_tree.php), 25 Eylül 2015.

Nibouche, S., Fartek, B., Mississippi, S., Delatte, H. and Reynaud, B., “Low genetic diversity in *Melanaphis sacchari* aphid populations at the worldwide scale”, *Plos one* 9 (8), 2014.

Nováková, E.V., Hypša, V., Klein, J., Foottit, R.G., Dohlen, C.D. and Moran, N.A., “Reconstructing the phylogeny of aphids (Hemiptera: Aphididae) using DNA of the obligate symbiont *Buchnera aphidicola*”, *Molecular Phylogenetics and Evolution* 68, 42-54, 2013.

Normark, B.B., “Molecular systematics and evolution of the aphid family Lachnidae”, *Molecular Phylogenetics and Evolution* 14(1), 131–140, 2000.

Oğuzhan, A. and Aydın, D., “Trakya ve Batı Anadolu’da yaşayan farklı *Apodemus* türleri arasındaki ilişkilerin diskriminant analizi”, *Trakya Üniversitesi Dergisi Sosyal Bilimler C Serisi* 1(1), 6, 2000.

Ortiz-Rivas, B., Moya, A. and Martinez-Torres, D., “Molecular systematics of aphids (Homoptera: Aphididae): new insights from the long-wavelength opsin gene”, *Molecular Phylogenetics and Evolution* 30, 24–37, 2004.

Ortiz-Rivas, B. and Martinez-Torres, D., “Combination of molecular data support the existence of three main lineages in the phylogeny of aphids (Hemiptera: Aphididae) and

the basal position of the subfamily Lachninae”, *Molecular Phylogenetics and Evolution* 55, 305-317, 2010.

Önder, F., Tezcan, S., Karsavuran, Y. ve Zeybekoğlu, Ü., The Cicadomorpha, Fulgoromorpha and Sternorrhyncha (Insecta: Hemiptera), Catalog of Turkey, *Ege University Plant Protection Publications*, İzmir, 2011.

Papasotiropoulos, V., Tsiamis, G., Papaioannou, C., Ioannidis, P., Klossa-Kilia, E., Papapanagiotou, A.P., Bourtzis, K. and Kiliyas, G., “A molecular phylogenetic study of aphids (Hemiptera: Aphididae) based on mitochondrial DNA sequence analysis” *Journal of Biological Science* 20(1), 00-00, 2013.

Patwardhan, A., Ray, S. and Roy, A., “Molecular markers in phylogenetic studies” *Journal of Phylogenetics & Evolution Biology* 2(2), 131, 2014.

Peccoud, J., Simon, J.C., von Dohlen, C., Acier, A., Plantegenest, M., Vanlerberghe-Masutti, F. and Jousselin, E., “Evolutionary history of aphid-plant associations and their role in aphid diversification”, *Comptes Rendus Biologies* 333(6-7), 474-87, 2010.

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

Rakauskas, R., Havelka, J., Zaremba, A. and Bernotiene, R., “Mitochondrial COI and morphological evidence for host specificity of the black cherry aphids *Myzus cerasi* (Fabricius, 1775) collected from different cherry tree species in Europe (Hemiptera, Aphididae)”, *Zookeys* 388, 1-16, 2014.

Rebijith, K.B., Asokan, R., Kumar, N.K.K., Krishna, V., Chaitanya, B.N. and Ramamurthy, V.V., “DNA barcoding and elucidation of cryptic aphid species (Hemiptera: Aphididae) in India”, *Bulletin of Entomological Research* 1-10, 2013.

Rambaut, A., FigTree v1.3.1, <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree>, Copyright © 2006-2009.

Remaudière, G. and Remaudière, M., Catalogue des Aphididae du Monde (Catalogue of the world's Aphididae) Homoptera, Aphidoidea, **INRA editions**, Paris, 1997.

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

Remigio, E.A., Timms, B.V. and Hebert, P.D.N., “Phylogenetic systematics of the Australian fairy shrimp genus *Branchinella* based on mitochondrial DNA sequences”, **Journal of Crustacean Biology** 23, 436-442, 2003.

Ren, Z., Zhong, Y., Kurosu, U., Aoki, S., Ma, E., Dohlen, C. and Wen, J., “Historical biogeography of Eastern Asian-Eastern North American disjunct *Melaphidina* aphids (Hemiptera: Aphididae: Eriosomatinae) on *Rhus* hosts (Anacardiaceae)”, **Molecular phylogenetics and Evolution** 69, 1146-1158, 2013.

Rezwani, A., “Aphids (Hemiptera: Aphidoidea) of herbaceous plants in Iran”, **Tehran, Iran: Publication of Entomological Society of Iran (in Persian)** 2010.

Riska, B., “Group size factors and geographic variation of morphometric correlation”, **Evolution** 39, 792-803, 1985.

Ronquist, F., Huelsenbeck, J.P., “MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models”, **Bioinformatics** 19, 1572-1574, 2003.

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

Ruttner, F., Geographical variability and classification. In: Bee genetics and breeding (Rinderer T.E., ed), **Academic Press**, Orlando, FL, 23-56, 1986.

Sabater-Muñoz, B., Legeai, F., Rispe, C., Bonhomme, J., Dearden, P., Dossat, C., Duclert, A., Gauthier, J., Ducray, D.G., Hunter, W., Dang, P., Kambhampati, S., Martinez-Torres, D., Cortes, T., Moya, A., Nakabachi, A., Philippe, C., Prunier-

Leterme, N., Rahbé, Y., Simon, J., Stern, D.L., Wincker, P. and Tagu, D., “Large-scale gene discovery in the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* (Hemiptera)”, *Genome biology* 7(3), 21, 2006.

Saitou, N. and Nei, M., “The Neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees”, *Molecular Biology and Evolution* 4, 406- 425, 1987.

Sara, L. C., MierDurante, M. P., Ortego, J., García-Tejero, S. and Nietonafría, J., “Three new South American species of genus *Aphis* (Hemiptera: Aphididae) living on species of Euphorbia (Euphorbiaceae)”, *Zootaxa* 4085(1), 103-118, 2016.

Scheffer, S.J., Lewis, M.L. and Joshi, R.C., “DNA barcoding applied to invasive leafminers (Diptera: Agromyzidae) in the Philippines”, *Annals of the Entomological Society of America* 99, 204-210, 2006.

Shanks, A.M. and Hutton, J.C., “Bartlett’s Test”, *Department of Agriculture and Fisheries for Scotland*, 8,86, 1986.

Shaposhnikov, G.C., Organization (structure) of populations and species, and speciation, 415–432, In Minks, A.K. and Harrewijn, P. (eds)., Aphids, Their Biology, Natural Enemies and Control, Volume A, *Elsevier*, Amsterdam, 1987.

Shaposhnikov, G.K., “Evolution of morphological structures in aphids (Homoptera, Aphidinea) and habits of recent and Mesozoic representatives of the group”, *Entomologicheskoe Obozrenie* 59, 39–59, 1980.

Shingleton “Aphid Background”, [http://2013.igem.org/Team:KU_Leuven/Project/Aphid_Background#Life cycle](http://2013.igem.org/Team:KU_Leuven/Project/Aphid_Background#Life%20cycle), 24 Eylül 2015.

Simmons, A. M. and Yeargan, K. V., “Feeding frequency and feeding duration of the green stink bug (Hemiptera: Pentatomidae) on soybean”, *Journal of Economic Entomology* 81, 812-815, 1988.

Simon, J.-C., Nouhaud, P., Jaquiere, J. and Peccoud, J., “ Evolutionary genetics and mechanisms of plant specialization and adaptive divergence in the pea aphid complex”, **9th International Symposium on Aphids**, Beijing, China, 3, 2-6 June, 2013.

Stern, D.L., “Aphidomorpha”, <http://tolweb.org/Aphidomorpha>, 24 Eylül 2015.

Strong, D.R., Lawton, J. H., and Southwood, R., Insects on plants: community patterns and mechanisms, **Blackwell Scientific**, Oxford, England, 1984.

Swirski, E., and Amitai, S., “Annotated list of aphids (Aphidoidea) in Israel”, **Israel Journal of Entomology** 133, 1–120, 1999.

Şenol, Ö., Akyıldırım, H., Görür, G. and Demirtaş, E., “New entry for the Turkey aphidofauna (Hemiptera: Aphidoidea)”, **Acta Zoologica Bulgarica** 66 (1), 133-136, 2014.

Şenol, Ö., Akyıldırım Beğen, H., Görür, G. and Demirtaş, E., “New additions and invasive aphids for Turkey’s aphidofauna (Hemiptera: Aphidoidea)”, **Turkish Journal of Zoology** 39(1), 39-45, 2015.

Taanman, J.W., “The mitochondrial genome: structure, transcription, translation and replication”, **Biochim Biophys Acta** 1410 (2), 103-23, 1999.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S., “MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0”, **Molecular Biology and Evolution** 28 (10), 2731–2739, 2013.

Todorov, V. and Filzmoser, P., “Robust statistic for the one-way MANOVA”, **Computational Statistics & Data Analysis** 54(1), 37-48, 2010

Tofilski, A., “Aphidoidea, fore wing”, <http://www.drawwing.org/insect/aphidoidea-fore-wing>, 24 Eylül 2015.

Tonya, Y., “Varyans Analizi (ANOVA) ve Faktöriyel ANOVA”,

<http://yunus.hacettepe.edu.tr/~tonta/courses/.../bby208-10-varyans-analizi.ppt>, 14 Nisan 2008.

Toper Kaygin, A., Görür, G. and Çota, F., “Contribution to the aphid (Homoptera: Aphididae) species damaging on woody plants in Bartın, Türkiye”, *International Journal of Engineering Sciences* 2(1), 83-86, 2008.

Toper Kaygin, A. and Çanakçıoğlu, H., “Contributions to the knowledge of conifer aphid fauna in Turkey and their zoogeographical distribution”, *Journal of Pest Science* 76 (2), 50-56, 2003.

Toros, S., Uygun, N., Ulusoy, R., Satar, S. and Özdemir, I., Doğu Akdeniz Bölgesi Aphidoidea türleri, *T.C. Tarım ve Köy İşleri Bakanlığı Yayınları*, Ankara, 2002.

Trautwein, M.D., Wiegmann, B.M., Beutel, R., Kjer, K.M. and Yeates, D.K., “Advances in insect phylogeny at the dawn of the postgenomic era”, *Annual Review of Entomology* 57, 449-468, 2012.

Tsitsipis, J.A., Katis, N.I., Margaritopoulos, J.T., Lykouressis, D.P., Avgelis, A.D., Gargalianou, I., Zarpas, K.D., Perdikis, D.C., Papapanayotou, A., “A contribution to the aphid fauna of Greece”, *Bulletin of Insectology* 60(1), 31–38, 2007.

Tuatay, N., “Türkiye yaprak bitleri (Homoptera: Aphididae) V. Chaitophinae, Lachninae ve Thelaxinae”, *Bitki Koruma Bülteni* 39(1-2), 1-21, 1999.

Ünal, S. and Özcan, E., “Kastamonu yöresi Aphididae (Homoptera) Türleri”, *Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi* 1, 76-83, 2005.

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

Van Emden, H.F. and Harrington, R., Aphids as crop pests, Eds. **CABI**, Wallingford, U.K., 2007.

Voegtlin, D., “Morphological analysis of the *Cinara cupressi* complex: A comparison of specimens from Africa, Europe, and North America”, **Center for Biodiversity Technical Report**, Final Report, 14, 1994.

Von Dohlen, C. D., and Moran, N. A., “Molecular data supports a rapid radiation of aphids in the Cretaceous and multiple origins of host alternation”, **Biological Journal of the Linnean Society** 71, 689–717, 2000.

Von Dohlen, C.D., Kurosu, U., Aoki, S., “Phylogenetics and evolution of the eastern Asian–eastern North American disjunct aphid tribe, *Hormaphidini* (Hemiptera : Aphididae)”, **Molecular Phylogenetics and Evolution** 23, 257– 267, 2002.

Watson, G., Voegtlin, D., Murphy, S. and Footitt, R., “Biogeography of the *Cinara cupressi* complex (Hemiptera: Aphididae) on Cupressaceae, with description of a pest species introduced into Africa, **Bulletin of Entomological Research** 89,271–283, 1999.

Wang, Y., Huang, X. and Qiao, G., “The complete mitochondrial genome of *Cervaphis quercus* (Insecta: Hemiptera: Aphididae: Greenideinae)”, **Insect Science** 21, 278-290, 2014.

Watanabe, T., Yao, I. and Akimoto, S., “Taxonomic revision of the *Tuberculatus quercicola* group (Hemiptera: Aphididae: Drepanosiphinae), myrmecophilous aphids associated with *Quercus* species, based on morphometric and molecular phylogenetic studies”, **Entomological Science** 18(1), 55-65, 2015.

Weiczorek, K., “A revision of the genus *Atheroides* Haliday, 1839 (Hemiptera: Aphididae: Chaitophorinae)”, **Zoological Studies** 48(5), 693-708, 2009.

Wieczorek, K., Junkiert, L. and Kajtoch, L., “*Siphini* Mordvilko, 1928 (Hemiptera: Aphidoidea: Chaitophorinae)- a comprehensive review”, **9th International Symposium on Aphids**, Beijing, China, 2-6 June 2013.

Williams, I.S., and Dixon, A.F.G., Life cycles and polymorphism. In: van Emden, H., Harrington, R. (eds.), Aphids as crop pests, *CAB International*, Wallingford, UK, 69-86, 2007.

Wojciechowski, W., Depa, L., Kanturski, M., Wegierek, P. and Wieczorek, K., “An annotated checklist of the aphids (Hemiptera: Aphidomorpha) of Poland”, *Polish Journal of Entomology* 84, 4, 383–420, 2015.

Wool, D., “Genetic and environmental components of morphological variation in gall-forming aphids (Homoptera, Aphididae, Fordinae) in relation to climate”, *Journal of Animal Ecology* 46, 875-889, 1977.

Wool, D. and Hales, D. F., “Phenotypic plasticity in Australian cotton aphid (Homoptera: Aphididae): host plant effects on morphological variation” *Annals of the Entomological Society America* 90, 316-328, 1997.

Yan, F., Xiao-Lei, H., Ge-Xia, Q. And Guang-Xue, Z., “Morphological adaptation of aphid species feeding on different sites of *Populus*”, *Acta Zoo taxonomica Sinica* 36, 01, 2011.

Yang, Z., Chen, X., P. Havill N., Feng Y. and Chen H., “Phylogeny of *Rhus* gall aphids (Hemiptera : Pemphigidae) based on combined molecular analysis of nuclear EF1- α and mitochondrial COII genes”, *Entomological Science* 13, 351-357, 2010.

Zhang, B., Lou, Y.M. and Qiao, G.X., “A new genus and species of *Macrosiphini* (Hemiptera, Aphididae) from China, living on *Isodon eriocalyx*”, *Zookeys* 359, 1-12, 2013.

Zhang, B., Ma, C., Edwards, O., Fuller, S. and Kang, L., “The mitochondrial genome of the Russian wheat aphid *Diuraphis noxia*: Large repetitive sequences between trnE and trn F in aphids”, *Gene* 533, 253-260, 2014.

Ek-A Arazi Defteri

Top. No	İL	BİTKİ	TÜR	Top. No	İL	BİTKİ	TÜR
İBA 55	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara piniphila</i>	İBA 378	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 57	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	İBA 383	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 58	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara piniphila</i>	İBA 393	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 96	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	İBA 394	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 108	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 397	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 116	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pini</i>	İBA 413	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 117	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara confinis</i>	İBA 415	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 118	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pini</i>	İBA 420	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 121	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 423	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 129	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	İBA 448	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara acutirostris</i>
İBA 130	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	İBA 450	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 142	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 452	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 146	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 462	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara confinis</i>
İBA 173	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	İBA 463	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 176	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 480	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 177	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 481	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 178	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 482	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 179	Afyonkarahisar	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara cupressi</i>	İBA 488	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 214	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	İBA 489	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 231	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara palaestinansis</i>	İBA 490	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 232	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara palaestinansis</i>	İBA 494	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 242	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pini</i>	İBA496	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 256	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 530	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 261	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 536	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 268	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 546	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 269	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 547	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	örnek yok...
İBA 277	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 550	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 292	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 551	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 293	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 558	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 294	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 565	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 295	Uşak	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	İBA 566	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 297	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 567	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.
İBA 316	Akşehir	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 568	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 317	Akşehir	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 579	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 319	Akşehir	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 583	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 329	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 589	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 339	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>	İBA 592	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 344	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 595	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>
İBA 345	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimarinimae</i>	İBA 596	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 346	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	İBA 601	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>

Ek-A (Devamı) Arazi Defteri

Top. No	İL	BİTKİ	TÜR	Top. No	İL	BİTKİ	TÜR
İBA 347	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 609	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 377	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 610	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 619	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	İBA 772	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 623	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 773	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara indica</i>
İBA 624	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 775	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 625	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 778	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 627	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 779	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 629	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 780	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 631	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 781	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 637	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 788	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara laportei</i>
İBA 642	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	İBA 789	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 644	Kütahya	<i>Juniperus</i>	<i>Cinara cupressi</i>	İBA 792	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 653	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 797	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 654	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 798	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>
İBA 656	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 804	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 660	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 805	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 661	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 807	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinihabitans</i>
İBA 662	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 810	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 665	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 813	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
İBA 667	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 826	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara setosa</i>
İBA 672	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 828	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 674	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 830	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 677	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 831	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 682	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 837	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 687	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 843	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 693	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 844	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 698	Uşak	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	İBA 846	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 699	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 847	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 701	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 848	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
İBA 703	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 853	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 710	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 868	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 715	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 872	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 716	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara curviper</i>	İBA 882	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 719	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 883	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 720	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 884	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 727	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 887	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 732	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 892	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 733	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	İBA 899	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 735	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 900	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>

Ek-A (Devamı) Arazi Defteri

Top. No	İL	BİTKİ	TÜR	Top. No	İL	BİTKİ	TÜR
İBA 736	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	İBA 910	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 737	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 911	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 738	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	İBA 913	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 740	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 915	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 763	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 916	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 764	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	İBA 918	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 769	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 920	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 921	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	İBA 1097	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 922	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1103	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 923	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	İBA 1112	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 924	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1122	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 925	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1123	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 926	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1124	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 929	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	İBA 1125	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
İBA 932	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1127	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 933	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1134	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
İBA 942	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1136	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 943	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1137	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 945	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	İBA 1138	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 950	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1142	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
İBA 952	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1151	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 957	Afyonkarahisar	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	İBA 1153	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
İBA 962	Afyonkarahisar	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	İBA 1154	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>
İBA 965	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	İBA 1159	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 967	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1168	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara piniphila</i>
İBA 968	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	İBA 1170	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 971	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara confinis</i>	İBA 1174	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 972	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara confinis</i>	İBA 1175	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 976	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1186	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
İBA 977	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1188	Kütahya	<i>Juniperus</i> sp.	<i>Cinara</i> sp.
İBA 1001	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	İBA 1190	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 1004	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1199	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 1013	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1228	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1016	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1229	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara laportei</i>
İBA 1021	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1233	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
İBA 1024	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	İBA 1237	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1025	Afyonkarahisar	<i>Juniperus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	İBA 1239	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1030	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1240	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 1033	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1242	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 1038	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	İBA 1244	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 1042	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 1245	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 1044	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 1246	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>

Ek-A (Devamı) Arazi Defteri

Top. No	İL	BİTKİ	TÜR	Top. No	İL	BİTKİ	TÜR
İBA 1047	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>ergin değil</i>	İBA 1249	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
İBA 1048	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 1250	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
İBA 1049	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 1252	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1050	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 1260	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
İBA 1069	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1263	Afyonkarahisar	<i>Abies</i> spp.	<i>Cinara sp.</i>
İBA 1089	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	İBA 1264	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1092	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 1265	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
İBA 1093	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara sp.</i>	İBA 1266	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1094	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	İBA 1268	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1269	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 64	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
İBA 1271	Afyonkarahisar	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara sp.</i>	HN 65	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
HN 1	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 66	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara acutirostris</i>
HN 2	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 67	NİĞDE	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 8	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 68	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
HN 11	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 80	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
HN 12	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 85	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
HN 14	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 89	NİĞDE	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 15	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 91	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
HN 19	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	HN 93	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
HN 20	NİĞDE	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	HN 94	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
HN 21	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 4	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
HN 22	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 8	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
HN 23	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 11	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
HN 24	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 26	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 25	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 32	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 27	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 37	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 28	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 38	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheli</i>
HN 29	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 45	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 30	NİĞDE	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 50	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara acutirostris</i>
HN 31	NİĞDE	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 51	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
HN 32	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 55	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 33	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 64	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
HN 34	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 68	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 35	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 69	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
HN 36	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 74	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
HN 37	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 77	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 38	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 89	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 39	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 102	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 40	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 103	Uşak	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 41	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 104	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>
HN 42	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 106	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
HN 43	NİĞDE	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 137	Uşak	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 44	NİĞDE	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 138	Uşak	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 45	NİĞDE	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 147	Uşak	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>

Ek-A (Devamı) Arazi Defteri

Top. No	İL	BİTKİ	TÜR	Top. No	İL	BİTKİ	TÜR
HN 46	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 153	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
HN 47	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 161	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
HN 48	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 171	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
HN 49	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 174	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
HN 50	NİĞDE	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 176	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
HN 57	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara brauni</i>	YİBA 182	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
HN 58	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara sp.</i>	YİBA 187	Uşak	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>
HN 59	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>C. pinihabitans</i>	YİBA 197	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
HN 62	NİĞDE	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 208	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 210	Uşak	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 478	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 222	Kütahya	<i>Juniperus spp.</i>	<i>Cinara juniperensis</i>	YİBA 479	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>
YİBA 228	Kütahya	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 490	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 234	kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 491	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 248	kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 495	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 255	kütahya	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 499	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 210	Uşak	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 501	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 222	Kütahya	<i>Juniperus</i>	<i>Cinara juniperensis</i>	YİBA 502	Afyonkarahisar	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 228	Kütahya	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 505	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 234	kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 508	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 248	kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 520	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 255	kütahya	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 521	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 263	kütahya	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 526	Afyonkarahisar	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara brauni</i>
YİBA 264	kütahya	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 527	Afyonkarahisar	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>
YİBA 267	kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara pinimaritimae</i>	YİBA 531	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 268	kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara piniphila</i>	YİBA 532	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 280	kütahya	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 547	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 291	Kütahya	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 551	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 292	Kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara piniphila</i>	YİBA 554	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 321	Kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 558	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 331	Kütahya	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 581	Afyonkarahisar	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>
YİBA 337	Kütahya	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 582	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 338	Uşak	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 585	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 340	Uşak	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 587	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 341	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 588	Afyonkarahisar	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>
YİBA 345	Uşak	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 589	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 350	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 595	Afyonkarahisar	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 355	Uşak	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 610	Uşak	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>
YİBA 372	Uşak	<i>Plathycladus spp.</i>	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 615	Uşak	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara maghrebica</i>
YİBA 380	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 616	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 390	Uşak	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara brauni</i>	YİBA 108	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 412	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 109	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 418	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 110	Uşak	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara pinimaritimae</i>
YİBA 425	Afyonkarahisar	<i>Pinus spp.</i>	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 111	Uşak	<i>Cedrus spp.</i>	<i>Cinara cedri</i>

Ek-A (Devamı) Arazi Defteri

Top. No	İL	BİTKİ	TÜR	Top. No	İL	BİTKİ	TÜR
YİBA 431	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 112	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 435	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 113	Uşak	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
YİBA 436	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 114	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 438	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 115	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 441	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 116	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 450	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 117	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 453	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 118	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 456	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 119	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara curviper</i>
YİBA 460	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheli</i>	YİBA 120	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>
YİBA 468	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 121	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 122	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 166	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 123	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 167	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 124	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	YİBA 168	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 125	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 169	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 126	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	YİBA 170	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 127	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 171	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 128	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	YİBA 172	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 129	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 173	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 130	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	YİBA 174	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 131	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	YİBA 175	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 132	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 176	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
YİBA 133	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 177	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 134	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara indica</i>	YİBA 178	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 135	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 179	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 136	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 180	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 137	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 181	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 138	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 182	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 139	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 183	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 140	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 184	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.
YİBA 141	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara laportei</i>	YİBA 185	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 142	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 186	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 143	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 187	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 144	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 188	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 145	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinimaritimae</i>	YİBA 189	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 146	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 190	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 147	Kütahya	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>	YİBA 191	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 148	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinihabitans</i>	YİBA 192	Afyonkarahisar	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 149	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 193	Afyonkarahisar	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.
YİBA 150	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 194	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
YİBA 151	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara setosa</i>	YİBA 195	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara confinis</i>
YİBA 152	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 196	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara confinis</i>
YİBA 153	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 197	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>

Ek-A (Devamı) Arazi Defteri

Top. No	İL	BİTKİ	TÜR	Top. No	İL	BİTKİ	TÜR
YİBA 154	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 198	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 155	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	YİBA 199	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
YİBA 156	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 200	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 157	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 201	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 158	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 202	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
YİBA 159	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 203	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 160	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 204	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 161	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 247	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 162	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	YİBA 248	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 163	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>	YİBA 249	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 164	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 250	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara laportei</i>
YİBA 165	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 251	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>
YİBA 209	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 241	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara piniphila</i>
YİBA 210	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 205	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 211	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	YİBA 206	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 212	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 207	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
YİBA 213	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 208	Afyonkarahisar	<i>Juniperus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.
YİBA 214	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	YİBA 252	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 215	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 253	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 216	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 254	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
YİBA 217	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 255	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 218	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 256	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 219	Uşak	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 257	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 220	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 258	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 221	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 259	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
YİBA 222	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 260	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>
YİBA 223	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 261	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 224	Uşak	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>	YİBA 262	Afyonkarahisar	<i>Plathycladus</i> spp.	<i>Cinara tujafilina</i>
YİBA 225	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.	YİBA 263	Afyonkarahisar	<i>Abies</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.
YİBA 226	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 264	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 227	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 265	Afyonkarahisar	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 228	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 266	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 229	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 267	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 230	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 268	Afyonkarahisar	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>
YİBA 231	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 269	Afyonkarahisar	<i>Cupressus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.
YİBA 232	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 241	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara piniphila</i>
YİBA 233	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 242	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara watanabei</i>
YİBA 234	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>	YİBA 243	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
YİBA 235	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara schimitscheki</i>	YİBA 244	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
YİBA 236	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>	YİBA 245	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara brauni</i>
YİBA 237	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara pinivora</i>	YİBA 246	Kütahya	<i>Juniperus</i> spp.	<i>Cinara</i> sp.
YİBA 238	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>				
YİBA 239	Kütahya	<i>Pinus</i> spp.	<i>Cinara cedri</i>				
YİBA 240	Kütahya	<i>Cedrus</i> spp.	<i>Cinara maghrebica</i>				

Ek-B Teşhis Anahtarı (Tanı Anahtarı)

Cedrus üzerindeki afit türleri

- 1 ANT PT/BASE 1'den uzundur. SIPH uzun ve tüp şeklinde, uç kısmı şişkin *Illinoia morrisoni*
- ANT PT/BASE'1den kısa. SIPH geniş tüylü koni şeklinde.....2
- 2 R V kısa, sadece uç kısım sivri ve oldukça kısa, ve taban kısmından çok az uzun. SIPH konisi üzerinde çok az tüy var, delik etrafında 1-2 halka şeklinde.....*Schizolachnus pineti*
- R V sivri uçlu, sivri uç kısım ince ve taban kısmının uzunluğunun iki katı uzunluğundadır . SIPH konisi geniş ve koyu renkli, çok tüylü3
- 3 Anten 5-segmentli. Kanatsızların sırt tüyleri çomak şeklinde, küçük tüycüklerle kaplıdır*Cinara laportei*
- Anten 6-segmentli. Sırt tüyleri normal, sivri uçlu4
- 4 Vücut üzerindeki ve diğer kısımlar üzerindeki tüyler kısa; ANTIII segmenti üzerindeki en uzun tüyün uzunluğu anten segmentinin bazal çapı uzunluğundadır*Cinara curvipes*
- Tüyler genellikle uzun;ANT III üzerindeki en uzun tüy segmentin bazal çapının 2 katından daha fazladır5
- 5 BL 3.0 mm veya daha kısa. HT I in arka(sırt) uzunluğu genişliğinden belirgin bir şekilde uzundur6
- BL 3.0 mm'den fazladır. HT I 'in arka uzunluğu bazal genişliğinden kısadır7
- 6 Kanatsızların ANT III segmenti üzerinde 0-1 adet ikincil rhinaria bulunur. ANT IV, ANT VI'den daha uzun. ABD TERG 1-6 da yoğun koyu renklenme bulunmamaktadır*Cinara cedri*
- Kanatsızların ANT III segmenti üzerinde yaklaşık 5 adet ikincil rhinaria bulunur, ANT IV, ANT VI den kısa ve ABD TERG 1-6 üzerinde yoğun koyu renklenme bulunur..... *Cinara deodarae*
- 7 Kanatsızlarda HT II , HT I'in uzunluğunun 4 katından daha az uzunlukta. ANT III üzerinde 40 dan fazla tüy bulunur, bunların az bir kısmı segmentin bazal çapının 2 katından daha az uzunlukta. BL 3.8-7.8 mm*Cinara confinis*
- Kanatsızlarda HT II uzunluğu HT I'in 4 veya daha fazla katıdır . ANT III üzerinde farklı uzunluklarda 30'dan az tüy bulunur, bu tüyler segmentin bazal çapının 2 katından daha kısa, BL yaklaşık 3.3 mm*Cinara indica*

Pinus üzerindeki afit türleri

- 1 Karnın arka kısmında SIPH konisini çevreleyen yoğun koyu renkli lekeler vardır; sikleritlerin yana doğru olan kısımlarında açık alanlar gibi değişiklikler görülebilir..... 2
- Dorsal abdomen üzerinde sklerit bulunur yada bulunmaz amam bunlar nadiren segmentler veya sifunkuli konileri arasında kaynaşmıştır (*montanicola*'nın bazı örnekleri hariç).....3
- 2 Dorsal siklerit mesotoraks'dan ABD TERG 6'ya kadar uzanır, ABD TERG 7 üzerinde ayrı koyu bantlar uzanır *nigritergi*
Dorsal siklerit sadece ABD TERG 5-7 boyunca uzanır, ve ABD TERG 8 üzerinde ayrı enine bantlaşma/koyuluk vardır*brauni*
- 3 HT I (ventralden ölçüldüğünde) HT II 'den 0,5 kat veya daha fazla uzun; ama neredeyse tan 0.5 katı ise, HT I 0.16 mm den daha fazla uzunlukta.....4
- HT I (ventralden ölçüldüğünde) 0.07-0.17 mm uzunluğunda ve $0.5 \times$ HT II den daha kısa.....17
- 4 HT I (ventralden ölçüldüğünde) 0.12-0.15 mm, HT II 0.20-0.28 mm5
- HT I (ventralden ölçüldüğünde) 0.16-0.32 mm, HT II 0.30-0.53 mm6
- 5 Rostrum vücuttan çok kısa. ABD TERG 1-7 herbirinde 1 çift değişken ama genellikle büyük skleritler bulunur.....*pinivora*

Ek-B (Devamı) Teşhis Anahtarı (Tanı Anahtarı)

- Rostrum uzun, abdomenin sonundan daha ileriye doğru uzanmış. ABD TERG 2-6 üzerinde büyük skleritler yoktur *intermedia*
- 6** R IV 0.29-0.36 mm uzunluğunda, HT II'nin 0.9 ve daha fazla katı. ABD TERG 1-7 üzerindeki tüylerin tamamı benzer şekillerde-büyükte küçük koyu yuvarlak sıkleritler üzerinden çıkar (24-30 µm çapında) *schimitscheki*
- R IV 0.15-0.32 mm uzunluğunda, HT II'nin 0.8 veya daha az katı. ABD TERG 1-7 üzerindeki tüylerin tamamı benzer şekillerde küçük koyu yuvarlak skleritler üzerinden çıkmaz, sıkleritler daha küçük olabilir..... **7**
- 7** ABD TERG 5 üzerindeki en uzun tüy 26-42 µm uzunluğunda, hepsi çok küçük skleroitler üzerinden çıkar (çapı 15 µm'den az) **8**
- ABD TERG 5 üzerindeki en uzun tüy 60-230 µm uzunluğunda, çeşitli boyutlardaki büyük skleroitler üzerinden çıkar **9**
- 8** SIPH konisinin maksimum çapı 0.19-0.25 mm. HT I (ventralden ölçüldüğünde) 0.21-0.22 mm uzunluğunda, bazal çapının 3.6-4.2 katı kadardır *gudaris*
- SIPH konisinin maksimum çapı 0.45-0.49 mm. HT I (ventralden ölçüldüğünde) 0.18-0.21 mm uzunluğunda, bazal çapının 2.9-3.4 katı kadardır *covassii*
- 9** ABD TERG 5 üzerindeki en uzun tüy 70-80 µm uzunluğunda, en büyük skleroit üzerindeki en uzun tüyün boyutu bu skleroitlerin çapını aşmaz yada çok az aşar. ANT III üzerindeki en uzun tüy 60-70 µm, hind tibia üzerindeki en uzun tüy 60-90 µm *piniphila*
- ABD TERG 5 üzerindeki en uzun tüy 60-230 µm uzunluğunda, en büyük skleroit üzerindeki en uzun tüyün boyutu bu skleroitlerin çapını genellikle aşar (sıkleritin iki veya daha fazla tüy tabanı ile birleştiği durum hariç) . ANT III üzerindeki en uzun tüy 60-210 µm, hind tibia üzerindeki en uzun tüy 70-230 µm **10**
- 10** ABD TERG 2-4 üzerindeki en büyük skleroitin maksimum çapı 70-300 µm (eğer sadece 70 µm ise bu durumda 70 µm çapında çok sklerit var). ANT II üzerinde 5-10 ve ANT BASE VI üzerinde 2-8 tüy bulunur **11**
- ABD TERG 2-4 üzerindeki en büyük skleroitin maksimum çapı 25-70 µm, ama nadiren sadece 60 µm'yi aşar. ANT II üzerinde 7-14 ve ANT BASE VI üzerinde 6-12 tüy bulunur **15**
- 11** R IV 1.2-1.5 × HT I (ventral uzunluğu). HT II 1.3-1.6 × R IV **12**
- R IV 0.7-1.2 × HT I (ventral uzunluğu). HT II 1.4-2.2 × R IV **13**
- 12** ANT III üzerindeki en uzun tüy 65-90 µm uzunluğunda, hind tibia üzerindeki 70-100 µm uzunluğunda, ve ABD TERG 5 üzerindeki 60-105 µm uzunluğundadır. R IV 2.0-2.3 × R V. ANT V üzerinde genellikle ikincil rhinarya bulunmaz. HT I üzerinde dorsal kısımda 1-3 tüy bulunur *carnica*
- ANT III üzerindeki en uzun tüy 110-150 µm uzunluğunda, hind tibia üzerindeki 150-190 µm uzunluğunda ve ABD TERG 5 üzerindeki 140-180 µm uzunluğundadır. R IV 2.3-2.4 × R V. ANT V üzerinde genellikle bir adet ikincil rhinarya bulunur. HT I in dorsal kısmında tüy bulunmaz *neubergi*
- 13** Tibiae neredeyse tamamen siyah (bazen taban kısımlara doğru açık renkli). İlk tarsal segments de dorsal tüy bulunmaz. ABD TERG 5 üzerinde sifunkuli konileri arasında 50-110 tüy bulunur az bir kısmı büyük skleroitler üzerinde bulunur *pergandei*
- Tibiae genellikle taban kısmının yarısına kadar açık renkli bölmeli. İlk tarsal segmentler de 1-7 dorsal ve dorsolateral tüyler bulunur. ABD TERG 5 üzerinde sifunkuli konileri arasında 25-49 tüy bulunur çoğunluğu büyük skleroitler üzerinden çıkar **14**
- 14** İlk tarsal segmentler de 4-7 dorsal ve dorso-lateral tüy bulunur. HT I 0.23-0.32 mm uzunluğunda. ANT V üzerinde genellikle ikincil rhinarya bulunmaz (bir anten üzerinde nadiren 1 tane) *pilosa*
- İlk tarsal segmentler de 1-3 dorsal tüy bulunur. HT I 0.18-0.26 mm uzunluğundadır. Her antende ANT V üzerinde genellikle 1-2 ikincil rhinarya bulunur, nadiren yoktur *pineae*
- 15** HT II 1.7-2.4 × R IV, R IV 0.15-0.21 mm uzunluğundadır. Tibiae siyah *piniformosanus*
- HT II 1.1-1.6 × R IV, R IV 0.24-0.30 mm uzunluğundadır. Tibiae üzerinde açık renk kesimler bulunur. **16**

Ek-B (Devamı) Teşhis Anahtarı (Tanı Anahtarı)

- 16 ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 10-27 tüy bulunur. Anten flagellum'un uzunluğu (ANT III-VI dahil) vücut uzunluğunun 0.45-0.70 katı kadardır. HT I 0.19-0.25 mm uzunluğundadır. Hind tibia'nın dorsal kısmı üzerindeki en uzun tüy 90-180 µm uzunluğundadır *laricionis*
- ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 30-60 tüy bulunur. Anten flagellumun uzunluğu vücut uzunluğunun 0.34-0.50 katı kadardır. HT I 0.16-0.22 mm uzunluğundadır. Hind tibia'nın dorsal kısmı üzerindeki en uzun tüy 30 µm uzunluğundadır *pinimaritimae*
- 17 R IV 0.25 mm 'den uzun, 14-22 ikincil tüy bulundurur *watanabei*
- R IV 0.25 mm 'den kısa, 4-12 ikincil tüy bulundurur 18
- 18 ANT III segmenti üzerindeki en uzun tüy 110-150 µm ve hind tibia üzerindeki 170-190 µm. R IV üzerinde 4-6 ikincil tüy bulunur. ABD TERG 5 üzerinde SIPH tüpleri arasında 40-50 tüy bulunur, en uzun tüy 140-180 µm *pinihabitans*
- ANT III segmenti üzerindeki en uzun tüy 25-100 µm ve hind tibia üzerindeki 40-130 µm. R IV üzerinde 4-12 ikincil tüy bulunur. ABD TERG 5 üzerinde SIPH tüpleri arasında 3-44 tüy bulunur, en uzun tüy 5-140 µm 19
- 19 R IV üzerinde 4-6 ikincil tüy bulunur ve HT II'nin 0.6 katından daha kısadır, HT II 0.27-0.41 mm 20
- R IV üzerinde 6-12 tüy bulunur, ve HT II'nin 0.6 katından daha uzundur, HT II 0.19-0.36 mm 21
- 20 ANT V 1.2-1.5 × ANT VI (PT dahil). Genital açıklık üzerinde 45-55 tüy bulunur *hyperophila*
- ANT V 1.6-2.0 × ANT VI (PT dahil). Genital açıklık üzerinde 26-35 tüy bulunur *setosa*
- 21 R IV+V 0.29-0.38 mm uzunluğunda, HT II'nin 1.2-1.5 katı kadardır. ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 4-7 tüy, 40-110 µm uzunluğundadır *acutirostris*
- R IV+V 0.20-0.34 mm uzunluğunda, HT II'nin 0.9-1.2 katı kadardır. ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 3-35 tüy, eğer 10'dan azsa 40 µm'den kısadrlar 22
- 22 ABD TERG 2-6 üzerinde en azından bazı tüyler tüy tabanının 5 veya daha fazla katı büyüklükte olan koyu düzensiz şekilli skleroitler üzerinden çıkar. ABD TERG 7 ve 8 de genellikle karşılıklı koyu enine bantlaşma vardır. 23
- Genellikle tüy tabanlarında küçük pigmentli daireler olmasına rağmen, ABD TERG 2-6 üzerinde düzensiz şekilli skleroitler bulunmaz, ABD TERG 7 üzerinde büyük skleroitler bulunabilir veya bulunmayabilir 24
- 23 SIPH üzerinde birçoğu koninin bazal kısmında olan 60 dan fazla tüy bulunur. ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 25 den fazla, 60-110 µm uzunluğunda tüy bulunur *atlantica*
- SIPH üzerinde koninin bazal kısmında olan oldukça seyrek 60 dan az tüy bulunur. ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 4-15 adet, 10-60 µm uzunluğunda tüy bulunur *ponderosae*
- 24 Stylet oluşunun sertleşmiş kısmı 1.8-2.2 mm uzunluğundadır. ANT PT üzerinde 4-7 subapical tüy bulunur. ABD TERG 5 üzerinde çok kısa ve ince 5-6 tüy bulunur, en uzun 13-30 µm *nuda*
- Stylet oluşunun sertleşmiş kısmı 1.0-1.7 mm uzunluğundadır. ANT PT üzerinde sadece 4 tüy bulunur. ABD TERG 5 üzerinde 3-17 tüy bulunur, en uzun 15-130 µm long 25
- 25 Stylet oluşunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.0-1.2 mm. SIPH konisinin çapı 0.12-0.40 mm. ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 12-18 uzun, ince tüyler, en uzun 60-130 µm. Hind tibia üzerindeki en uzun tüy 60-130 µm. ABD TERG 7 ve 8 üzerinde genellikle bir çift koyu yama bulunur *maghrebica*
- Stylet oluşunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.2-1.7 mm. SIPH konisinin çapı 0.24-0.70 mm. ABD TERG 5 üzerinde SIPH konileri arasında 3-11 tüy bulunur, en uzun 15-100 µm Hind tibia üzerindeki en uzun tüy 40-95 µm. ABD TERG 7 üzerinde büyük yama bulunmaz 26
- 26 ABD TERG 5 üzerinde SIPH tabanları arasında 6-11 tüy bulunur, en uzun 35-100 µm. Stylet oluşunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.3-1.75 mm *guadarramae*
- ABD TERG 5 üzerinde SIPH tabanları arasında 3-8 tüy bulunur, en uzun 10-48 µm. Stylet oluşunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.2-1.5 mm 27

Ek-B (Devamı) Teşhis Anahtarı (Tanı Anahtarı)

- 27 Mesosternal tuberkül iyi gelişmiş, büyük ve yuvarlak ve genellikle biraz tüy bulunur. R IV 0.155-0.197 mm uzunluğunda. Subgenital açıklık üzerinde 19-57 tüy bulunur.....*montanicola*
- Mesosternal tuberkül küçük boyutlarda, yuvarlağın ve oldukça ince, genellikle tüysüz. R IV 0.140-0.167 mm uzunluğunda. Subgenital açıklık üzerinde 10-37 tüy bulunur..... *pini*

Key to the aphids on *Cupressus* and *Plathyclusus*:-

- 1 ANT PT/BASE 0.5'den fazla. Dil kuyruk veya parmak şeklinde, bazal genişliğinden daha uzun.....2
- ANT PT/BASE 0.5'den az. Kuyruk geniş-yuvarlak..... 4
- 2 ANT PT/BASE yaklaşık 1.0. Delik şeklindeki SIPH çok küçük gölgemsi koniler üzerinde
.....*Siphonatropia cupressi*
- ANT PT/BASE 1.3'den fazla. SIPH tüp şeklinde, bazal genişliğinden uzun 3
- 3 Body iç şeklinde, koyu sırt izler yok, SIPH uzun ve yarısından sonra uca doğru belirgin bir şişlik bulunur *Illinoia morrisoni*
- Vücut oval, kanatsızlarda dorsal abdomende yoğun siyah yama şeklinde yapılar, kanatlılarda enine bantlar vardır. SIPH tabandan uca dopru daralır..... *Aphis craccivora*
- 4 Rostrum vücuttan çok uzun..... *Stomaphis cupressi*
- Rostrum vücuttan çok kısa..... 5
- 5 Femur açık renkli, ve tibia tamamen açık veya koyu sadece uç kısımlarda (bazen tibia ile birleştikleri eklemlerde lokal pigmentleşmeler görülebilir).....6
- Femurun distal kısımları ve tibianın tabanı siyahımsı veya koyu renkli.....7
- 6 BL genellikle 2.4 mm'den uzun. Kanatsız bireylerde thoraks ve ABD TERG 8 üzerinde koyu sikleritler bulunur. Tibianın uç kısmı koyu renkli, ANT VI BASE üzerinde 8-14 tüy vardır..... *Cinara tujaefilina*
- BL 2.4 mm'den daha küçük. Kanatsız bireylerde koyu sırt skleritler bulunmaz. Tibianın uçları açık veya siyahımsı renktedir. ANT VI BASE üzeri 5-6 tüylü.....*Cinara louisianensis*
- 7 ANT VI BASE bazal yarısına kadar 4-6 (-7) tüylü . R IV 2-4 ikincil tüylü. Stylet oyuğunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 0.9-1.2 mm Kanatlı bireylerin ANTHIII segmentinin distal kısmının yarısına kadar 1-6 rhinaria
.....*Cinara cupressi*
- ANT VI BASE bazal yarısına kadar 7-12 tüylü . R IV 5-7 ikincil tüylü. Stylet oyuğunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.3-1.6 mm. Kanatlı bireylerin ANTHIII segmenti üzerine yayılmış 6-11 rhinaria*Cinara fresai*

Juniperus spp. üzerinden örneklenen *Cinara* afitleri

- 1 SIPH uzun ve tüp şeklinde, uç kısımları ağıs.....2
- SIPH (görünebiliyorsa) uzun ve tüp şeklinde değil.....3
- 2 SIPH uç kısmın ortalarına kadar belirgin şişkin . ANTHIII üzerindeki tüyler kısa ve segmentin 0.5 katından daha kısa.....*Illinoia morrisoni*
- SIPH uç kısmın ortasında silindirik (Ağımsı kısım bazen bulunabilir). ANTHIII üzerindeki tüyler y segmentin 0.5 katından daha uzun.....*Macrosiphum euphorbiae*
- 3 SIPH bulunmaz veya farkedilmeyen bir delik veya küçük açık renkli koni şeklinde..... 4
- SIPH geniş büyük bir delik, genellikle pigmentli, tüylü koni üzerinde.....6
- 4 Kuyruk bazal genişliğinden daha uzun. ANT PT/BASE 0.5'den fazla. Mumsu por tabakalar gelişmemiş. Ayaklar normal.....5

Ek-B (Devamı) Teşhis Anahtarı (Tanı Anahtarı)

- Kuyruk geniş yuvarlağımsı, bazal genişliğinden çok küçük. ANT PT/BASE 0.25 den kısa. Dorsal abdomenin son kısımlarında mumsu por tabakalar gelişmiş. Ayaklar kalın ve tibia uç kısımlarda dikensı yapılarla sarılı*Gootiella tremulae*
- 5 Anten genellikle 4 segmentli. Alında orta dörtköşeli çıkıntı SIPH küçük bir por halinde, spirakıllardan biraz büyük. Kuyruk uzun ve gittikçe inceliyor, 20 den fazla tüy taşıyor.....*Sanbornia juniperi*
- Anten 5- veya 6-segmentli. Alın ortasında çıkıntı bulunmaz. SIPH küçük, açık renkli koni Kuyruk dil şeklinde, yaklaşık 10 tüy taşıyor.....*Siphonatrophia cupressi*
- 6 Rostrum vücuttan çok uzun.....*Stomaphis cupressi*
- Rostrum vücuttan çok kısa.....7
- 7 ANT III üzerindeki tüyler seyrek ve çok kısa, 0.5× segmentin orta kısmının çapından kısa*Cinara wahhaca*
- ANT III üzerindeki tüyler genellikle segmentin orta kısmının çapından uzun8
- 8 Anten ve ayaklar üzerinde yoğun ince, kısmen kısa ve yatık tüyler bulunur, ANT III üzerindeki tüyler genellikle segmentin orta kısmının çapının 1.5 katından az ve hind tibia üzerindeki tüyler çoğunlukla tibianın orta kısmının genişliğinden kısadır. SIPH tabanında 70 den fazla ince tüy bulunur, tüyler sifunkuli deliğinin çapından daha kısadır.....*Cinara juniperivora*
- Tüyler az, ince ve çok sayıda, dik ve genellikle daha uzun. SIPH tabanı üzerinde 70 den fazla tüy varsa bunların bazıları sifunkuli porunun çapından daha uzundur9
- 9 ANT III üzerindeki tüyler çoğunlukla segmentin ortasının çapından 2 katından daha kısa ve/veya hind tibianın dorsal kısmında bulunan tüyler tbianın orta kısmının çapının 1,5 katından daha kısadır.....10
- ANT III üzerindeki tüyler çoğunlukla segmentin ortasının çapından 2 katından daha uzun ve/veya hind tibianın dorsal kısmında bulunan tüyler tbianın orta kısmının çapının 1,5 katından daha uzundur14
- 10 SIPH konisi geniş, maksimum bazal çapı 0.3 mm den büyük*Cinara rubicunda*
- SIPH konisinin maksimum bazal çapı 0.27 mm den küçük11
- 11 ANT PT/BASE oranı 0.5 den fazla. SIPH konisinin taban çapı 0.12 mm den kısa.....*Cinara tonaluca*
- ANT PT/BASE 0.4den kısa . SIPH konisinin taban çapı 0.14 mm 'den fazla.....12
- 12 ANT BASE VI 0.5× HT II'dan kısa*Cinara burrilli/pulverulens*
- ANT BASE VI 0.5× HT II 'dan uzun13
- 13 Dorsum üzerinde çok sayıda tüy bulunur, enine sıralar şeklinde değildir. ANT III üzerinde uç kısımlara doğru rhinarium bulunur*Cinara manitobensis*
- Dorsum üzerinde enine sıralar halinde dizilmiş az sayıda tüy var. ANT III üzerinde genellikle subapical rhinarium bulunmaz*Cinara cognita**
- 14 HT I'in dorsal uzunluğu bazal genişliğinden kısmen uzun veya eşittir (1.0-1.2×) PT üzerinde 4-5 subapical tüy bulunur.....15
- HT I'in dorsal uzunluğu bazal genişliğinden kısadır (0.5-0.9×). PT üzerinde genellikle 3 subapical tüy bulunur (Altcins *Cupressobium*)16
- 15 Sifunkuli konisinin azami çapı en az 0.25 mm uzunluğundadır, R IV+V'den daha kısadır. HT II 0.25 mm'den kısadır. ANT BASE VI 0.14 mm'den daha uzundur*Cinara wahluca*
- Sifunkuli konisinin azami çapı en az 0.28 mm uzunluğundadır, R IV+V'den daha uzundur. HT II 0.25mm uzunluğundan fazladır. ANT BASE VI 0.14 mm veya daha fazla uzunluktadır*Cinara juniperensis*
- 16 Hind tibiae tamamen kahverengi, bazal yarısındaki kısmen açık kısımlar hariç.....17
- Hind tibiae genellikle açık renkli veya en azından koyu renkli tabanı ve uç kısmı arasındaki yoğun açık bölge bulunur23
- 17 Stylet oluşunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.25 mm den uzundur, vücut uzunluğunun 0.37 katından daha fazladır. ANT III üzerinde 0-8 adet ikincil rhinaria bulunur18

Ek-B (Devamı) Teşhis Anahtarı (Tanı Anahtarı)

- Stylet oluşunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.25 mm den kısadır, vücut uzunluğunun 0.34 katından daha azdır. ANT III üzerinde ikincil rhinaria bulunmaz19
- 18** R IV+V 0.29-0.34 mm, bazal genişliğinin 3-4 katı uzunluktadır. HT I in dorsal uzunluğu bazal genişliğinin 0.62-0.87 katı kadardır*Cinara smolandiae*
- R IV+V 0.35-0.40 mm, bazal genişliğinin 4-5 katı uzunluktadır. HT I in dorsal uzunluğu bazal genişliğinin 0.41-0.50 katı kadardır*Cinara dahurica*
- 19** Tibianın dorsalindeki en uzun tüy tibianın orta genişliğinin 1.1-1.3 katı kadardır. ANT III uzunluğu SIPH tabanının maksimum çapının 1.2-1.6 katından daha uzundur. R IV+V 0.29-0.33 mm uzunluğundadır.....*Cinara lalazarica*
- Tibianın dorsalindeki en uzun tüy tibianın orta genişliğinin 1.5-2.7 katı kadardır. ANT III uzunluğu SIPH tabanının maksimum çapının 1.2 katından daha kısadır. R IV+V 0.20-0.27 mm uzunluğundadır.20
- 20** Tibianın dorsalindeki en uzun tüy tibianın orta genişliğinin 1.5 katı kadardır. ANT III 0.26-0.30 (-0.35) mm uzunluğundadır, ANT VI'den kısmen daha uzundur (PT dahil)..... *Cinara petersoni*
- Tibianın dorsalindeki en uzun tüy tibianın orta genişliğinin 1.9-2.7 katı kadardır. ANT III 0.29-0.40 mm uzunluğundadır, ANT VI'den 1.25-1.7 kat daha uzundur (PT dahil)21
- 21** BL 2.7-3.3 mm. ANT V 0.85-1.05 × ANT VI (incl. PT). ABD TERG 2 üzerinde spinopleural sklerit bulunmaz*Cinara mordvilkoii*
- BL genellikle 2.7 mm den kısa (2.1-3.4 mm). ANT V 0.7-0.9 × ANT VI (PT dahil). ABD TERG 2 üzerinde spinopleural sklerit bulunur22
- 22** R IV kısa, 0.12-0.15 mm uzunluğunda, ve üzerinde 3-4 ikincil tüy bulunur. R IV+V, HT II'nin 0.60-0.85 katı kadar. ANT BASE VI üzerinde genellikle orta kısımlarında hafifçe daralma bulunur.....*Cinara juniperi*
- R IV 0.15-0.18 mm uzunluğunda ve üzerinde 4-6 adet accesory tüy bulunur. R IV+V, HT II'nin 0.83-0.99 katı kadar. ANT BASE VI üzerinde daralma yoktur *Cinara oxycedri*
- 23** Tibiae sadece uç kısımlarda koyu renkli ("dizler" açık) 24
- Tibiae en azından her iki tabanda ve uç kısımda koyu renkli (koyu "dizler") 27
- 24** R III (rostrumun üçüncü segmenti) üzerinde 28 den fazla tüy bulunur. R IV+V üzerinde 6-8 ikincil tüy bulunur. ANT PT üzerinde 3 subapical tüy bulunur. ANT V ve bazen ANT IV üzerinde de ikincil duyu organı bulunur.....*Cinara tujaefilina*
- R III (rostrumun üçüncü segmenti) üzerinde 18 den az tüy vardır. R IV+V üzerinde 4-5 ikincil tüy bulunur. ANT PT üzerinde 2 subapical tüy bulunur. ANT V üzerinde de ikincil duyu organı bulunmaz25
- 25** ANT III 1.6-2.3 × ANT VI (PT dahil), ve üzerinde 20 den daha az tüy taşır. Kuyruk açıkça üçgen şeklinde. ABD TERG 8 üzerinde 8-13 adet tüy bulunur.....*Cinara louisianensis*
- ANT III 2.2-3.6 × ANT VI (PT dahil), ve üzerinde 25 den daha fazla tüy taşır. Kuyruk geniş yuvarlak. ABD TERG 8 üzerinde 18-27 adet tüy bulunur.....26
- 26** Metanotum ve ABD TERG 1 ve 2 üzerinde bir çift çok iyi gelişmiş spinopleural sklerit bulunur. ANT VI BASE üzerinde 6-11 tüy bulunur. Hind tibia üzerindeki en uzun tüy 120-180 µm uzunluğundadır.*Cinara taurica*
- Metanotum and ABD TERG 1 ve 2 üzerinde gelişmiş spinopleural sklerit bulunmaz. ANT VI BASE üzerinde 5-6 tüy bulunur. Hind tibia üzerindeki en uzun tüy 80-140 µm uzunluğundadır*Cinara pseudosabinae*
- 27** ANT VI BASE'nin bazal yarısında 4-6 (-7) adet tüy bulunur. R IV üzerinde 2-4 ikincil tüy bulunur. Stylet oluşunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 0.9-1.2 mm. Kanatlının ANT III segmentinin uç kısmında yoğunlaşmış 1-6 ikincil duyu organı vardır*Cinara cupressi*
- ANT VI BASE taban kısmının yarısına kadar üzerinde 7-12 tüy bulunur. R IV üzerinde 5-7 ikincil tüy bulunur. Stile oyuğunun sertleşmiş kısmının uzunluğu 1.3-1.6 mm. Kanatlı bireylerde ANT III segmentinin geneline yayılmış olan 6-11 ikincil duyu organı vardır..... *Cinara fresai*

Ek-C Morfometrik Ölçümler

Cinara cedri morfometrik ölçümleri

Afyon	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
436-1	10	7.45	7.76	2.13	12.18	8.55	3.31	0.96	0.17	2.58	0.70	123.33	16.28
436-2	11	7.38	7.56	2.05	12.48	8.91	3.45	0.98	0.16	2.58	0.71	113.84	16.38
436-3	10	7.2	7.51	2.08	12.46	8.91	3.15	0.96	0.17	2.83	0.72	118.64	16.16
490-1	10	7.2	7.27	1.75	12.18	9.02	3.34	0.99	0.14	2.70	0.74	100.97	17.96
490-2	9	8.38	7.84	2	11.97	8.32	3.35	1.07	0.17	2.48	0.70	116.14	17.69
490-3	13	7.57	6.85	1.93	12.29	8.51	3.45	1.11	0.16	2.47	0.69	123.59	21.43
468-1	13	8.21	7.25	2.12	12.82	8.01	2.89	1.13	0.17	2.77	0.62	146.20	20.80
468-2	14	9.52	7.85	1.94	13.29	8.46	3.51	1.21	0.15	2.41	0.64	133.20	21.67
468-3	14	8.17	7.58	2.3	12.88	8.86	3.27	1.08	0.18	2.71	0.69	131.70	21.26
478-1	14	9.52	7.85	1.99	13.11	7.54	3.07	1.21	0.15	2.46	0.58	152.60	23.64
478-2	13	8.56	7.52	1.72	12.53	8.26	2.46	1.14	0.14	3.36	0.66	140.31	20.29
478-3	14	7.79	7.28	1.75	11.55	7.67	2.7	1.07	0.15	2.84	0.66	136.46	19.78
521-1	13	7.42	7.11	2.11	12.4	7.88	3.07	1.04	0.17	2.57	0.64	132.82	22.82
521-2	10	7.78	7.39	2.06	13.69	8.42	3.4	1.05	0.15	2.48	0.62	137.76	22.59
521-3	11	8.38	6.06	1.7	11.47	7.61	2.92	1.38	0.15	2.61	0.66	133.88	18.26
531-1	14	9.37	7.25	1.98	13.7	8.06	3.53	1.29	0.14	2.28	0.59	148.55	23.22
531-2	14	10.56	8.3	1.77	13.51	8.61	3	1.27	0.13	2.87	0.64	140.91	22.83
531-3	13	9.28	7.27	1.91	11.55	7.79	3.21	1.28	0.17	2.43	0.67	127.71	22.44
532-1	14	7.88	7.16	2.29	12.78	8.17	2.93	1.10	0.18	2.79	0.64	108.69	19.23
532-2	16	8.06	7.52	2.48	13.24	8.19	3.68	1.07	0.19	2.23	0.62	131.02	21.07
532-3	12	9.22	7.91	2.4	13.1	8.67	3.23	1.17	0.18	2.68	0.66	131.40	21.63
520-1	14	8.66	7.74	2.06	12.91	8.34	3.25	1.12	0.16	2.57	0.65	141.64	22.70
520-2	15	8.69	7.07	2.15	12.44	8.53	2.71	1.23	0.17	3.15	0.69	151.10	20.70
520-3	15	8.87	7.61	2.51	13.5	8.16	3.16	1.17	0.19	2.58	0.60	137.20	21.31

Kütahya	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	ANT4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
912-1	16	7.46	6.93	1.98	12.27	8.99	3.04	1.08	0.16	2.96	0.73	120.87	17.49
912-2	15	8.03	7.53	2.06	12.21	8	3.04	1.07	0.17	2.63	0.66	130.20	18.95
912-3	14	6.96	7.34	2.12	12.04	8.54	3.09	0.95	0.18	2.76	0.71	123.94	17.75
789-1	15	7.5	6.96	1.77	12.17	7.64	3.05	1.08	0.15	2.50	0.63	118.27	18.77
789-2	16	7.41	6.92	1.58	12.33	7.15	3.65	1.07	0.13	1.96	0.58	114.00	18.38
789-3	16	8.33	7.75	1.63	12.7	7.74	2.8	1.07	0.13	2.76	0.61	111.62	17.91
747-1	13	7.42	6.31	2.79	12.64	7.99	2.3	1.18	0.22	3.47	0.63	107.82	19.92
747-2	14	8.04	6.91	1.47	12.98	8.63	2.84	1.16	0.11	3.04	0.66	118.60	21.64
747-3	15	7.46	6.97	2.01	12.74	7.85	3.02	1.07	0.16	2.60	0.62	139.70	20.03
701-1	14	9.5	7.66	1.94	14.52	8.33	3.13	1.24	0.13	2.66	0.57	158.45	22.28
701-2		9.87	7.75	2.5	14.77	8.65	2.83	1.27	0.17	3.06	0.59	146.84	24.61
701-3	18	10.4	8.42	2.18	7.79	8.53	3.4	1.24	0.28	2.51	1.09	154.27	24.63
696-1	16	9.28	8.1	1.9	13.5	8.38	3.29	1.15	0.14	2.55	0.62	146.86	23.75
696-2												143.40	23.00
696-3												125.93	23.00
337-1	13	9.3	7.17	2.06	12.67	8.61	3.49	1.30	0.16	2.47	0.68	124.14	16.85
337-2	15	8.26	7.33	1.57	12.41	8.65	3.16	1.13	0.13	2.74	0.70	112.52	17.56
337-3	15	9.66	6.93	1.45	12	8.37	3.42	1.39	0.12	2.45	0.70	120.14	17.56
228-1	12	5.1	7.3	2.06	10.5	7.24	2.68	0.70	0.20	2.70	0.69	138.53	20.11
228-2	13	5.36	6.73	2	10.92	6.65	2.52	0.80	0.18	2.64	0.61	126.01	16.99
228-3	12	5.4	6.5	1.93	10.85	6.72	2.91	0.83	0.18	2.31	0.62	117.15	18.02
721-1	13	7.67	6.77	1.97	11.55	8.06	3.12	1.13	0.17	2.58	0.70	130.98	17.60
721-2	12	8.58	6.71	1.7	12.19	8.25	3.05	1.28	0.14	2.70	0.68	113.66	21.01
721-3	12	7.94	6.47	1.73	11.79	7.66	3.11	1.23	0.15	2.46	0.65	117.82	18.89

Ek-C (Devamı) Morfometrik Ölçümler

Uşak	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	ANT4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
153-1	15	6.95	7.24	1.97	12.46	7.47	2.28	0.96	0.16	3.28	0.60	141.24	21.28
153-2	16	6.59	8.55	2.42	11.73	6.74	3.23	0.77	0.21	2.09	0.57	150.58	23.09
153-3	14	7.07	8.1	1.96	12.64	7.29	3.51	0.87	0.16	2.08	0.58	129.80	21.25
171-1	13	6.6	7.41	2.75	11.71	6.85	2.72	0.89	0.24	2.52	0.58	129.85	20.88
171-2	13	6.1	6.97	2.28	11.34	6.71	2.67	0.88	0.20	2.51	0.59	140.04	18.36
171-3	13			1.77	9.64	7.84	2.43		0.18	3.23	0.81	138.66	18.42
176-1	11	5.3	7.85	2	11.45	8.27	2.94	0.68	0.17	2.81	0.72	143.47	19.89
176-2	11	5.52	7.46	1.56	10.42	7.08	2.82	0.74	0.15	2.51	0.68	137.36	17.74
176-3												137.36	17.74
197-1	12	5.78	7.16	1.7	11.52	6.65	2.78	0.81	0.15	2.39	0.58	125.10	15.80
197-2	14	4.7	7.05	1.94	10.53	7.81	2.56	0.67	0.18	3.05	0.74	108.33	12.75
197-3		4.6	7.03	1.65	10.06	7.54	2.41	0.65	0.16	3.13	0.75	128.33	15.80
208-1	13	4.97	6.66	2	11.2	6.77	2.57	0.75	0.18	2.63	0.60	133.03	18.13
208-2		3.78	6.65	1.97	10.16	7.46	2.78	0.57	0.19	2.68	0.73	120.96	17.75
208-3	14	5.9	7.07	2.12	11.81	8.65	2.5	0.83	0.18	3.46	0.73	122.59	16.62
341-1	14	8.78	8.05	1.73	13.72	8.7	3.4	1.09	0.13	2.56	0.63	140.87	23.09
341-2	12	5.46	6.94	1.63	11.18	6.91	2.48	0.79	0.15	2.79	0.62	117.52	18.28
341-3	15	8.97	7.51	1.92	13.03	8.49	3.08	1.19	0.15	2.76	0.65	122.29	20.56
616-1	15	8.03	6.83	1.9	12.3	8.29	2.7	1.18	0.15	3.07	0.67	124.70	18.67
616-2	16	7.67	6.87	1.93	13.25	8.24	3.29	1.12	0.15	2.50	0.62	128.69	18.40
616-3	16	7.12	6.95	1.62	12.09	8.41	3.16	1.02	0.13	2.66	0.70	122.90	18.36
628-1	14	8.19	7.22	1.86	12.56	9.39	3.73	1.13	0.15	2.52	0.75	125.94	19.24
628-2	18	7.59	7.36	2.05	13.15	8.99	3.64	1.03	0.16	2.47	0.68	125.94	19.24
628-3		6.56	6.68	1.88	12.03	8.68	3.16	0.98	0.16	2.75	0.72	125.94	19.24

Niğde	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	ANT4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
N37-1	15	6.24	7.22	1.95	12.14	8.7	3.71	0.86	0.16	2.35	0.72	111.67	16.12
N37-2	17	6.84	6.02	1.97	10.8	8.48	2.77	1.14	0.18	3.06	0.79	111.67	16.12
N37-3				1.84	10.89	8.36	3.04		0.17	2.75	0.77	111.67	16.12
N27-1	15	9.92	7.65	1.99	12.87	7.58	2.85	1.30	0.15	2.66	0.59	146.53	23.27
N27-2	16	9.45	8.5	1.81	12.87	8.36	2.76	1.11	0.14	3.03	0.65	150.54	24.00
N27-3	18	9.01	8.14	2.5	12.92	7.96	3.36	1.11	0.19	2.37	0.62	151.65	24.13
N58-1	17	9.91	8.19	2.14	13.11	8.8	3.2	1.21	0.16	2.75	0.67	138.23	19.68
N58-2	15	9.69	8.36	1.91	13.51	8.49	3.26	1.16	0.14	2.60	0.63	140.45	20.35
N58-3	16	8.65	7.8	1.87	12.37	8.65	3.07	1.11	0.15	2.82	0.70	126.66	19.90
N5-1	16	10.08	8.56	2.5	13.65	8.66	3.32	1.18	0.18	2.61	0.63	146.77	23.95
N5-2	14	7.84	7.15	1.96	12.28	8.41	3.42	1.10	0.16	2.46	0.68	124.43	20.07
N5-3	17	8.75	8.43	1.88	13.04	8.57	3.33	1.04	0.14	2.57	0.66	122.14	20.39
N6-1	17	8.96	7.74	1.73	14.17	8.63	2.93	1.16	0.12	2.95	0.61	130.47	19.00
N6-2	16	7.97	7.55	2.09	13	8.18	2.65	1.06	0.16	3.09	0.63	125.64	19.93
N6-3	17	7.83	7.49	2.3	12.88	9.34	3.61	1.05	0.18	2.59	0.73	143.25	20.38
N14-1	17	9.73	8.12	2.01	13.61	8.42	3.37	1.20	0.15	2.50	0.62	148.02	22.62
N14-2	17	9.64	7.77	2.31	13.38	8.48	2.7	1.24	0.17	3.14	0.63	131.95	23.01
N14-3	17	9.11	7.52	1.99	12.97	8.55	3.04	1.21	0.15	2.81	0.66	127.10	20.75
N29-1		9.25	8.71	2.5	14.82	8.79	3.15	1.06	0.17	2.79	0.59	143.25	24.51
N29-2				2.54	13.2	8.55	2.71		0.19	3.15	0.65	136.96	24.51
N29-3	15	8.22	8.27	2.12	15.22	8.63	2.97	0.99	0.14	2.91	0.57	145.18	23.52
N50-1	16	11.23	7.73	2.5	14.23	8.56	3.3	1.45	0.18	2.59	0.60	170.51	27.23
N50-2	14	9.13	7.64	2.2	13.4	8.12	3.37	1.20	0.16	2.41	0.61	140.66	23.22
N50-3	16	9.8	7.1	2.32	13.3	7.49	3.33	1.38	0.17	2.25	0.56	151.28	22.90

Ek-C (Devamı) Morfometrik Ölçümler

Cinara tuja morfometrik ölçümleri

Afyon	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
479-1	16	5.3	6.8	1.99	10.31	6.78	2.77	0.78	0.19	2.45	0.66	110.56	13.46
479-2	17	5.1	6.73	1.7	10.16	6.2	2.04	0.76	0.17	3.04	0.61	90.01	11.18
479-3	16	3.83	6.3	1.92	9.83	6.45	2.63	0.61	0.20	2.45	0.66	102.67	11.64
474-1	18	5.12	6.22	1.61	10.54	6.44	2.64	0.82	0.15	2.44	0.61	111.51	13.29
474-2	15	5.17	6.51	1.92	10.54	6.24	2.22	0.79	0.18	2.81	0.59	120.95	12.31
474-3	17	5.01	6.8	1.49	10.33	6.11	2.35	0.74	0.14	2.60	0.59	111	12.93
456-1	18	4.76	6.55	1.7	10	5.98	2.64	0.73	0.17	2.27	0.60	112.03	11.04
456-2	18	4.19	6.48	1.66	9.77	6.32	2.26	0.65	0.17	2.80	0.65	97.56	10.33
456-3	20	4.8	6.3	1.46	9.6	6.22	2.48	0.76	0.15	2.51	0.65	100.59	10.16
435-1	18	5.13	6.37	1.71	9.57	6.4	2.86	0.81	0.18	2.24	0.67	111.85	11.34
435-2	17	5.3	6.4	1.97	9.81	6.46	2.69	0.83	0.20	2.40	0.66	112.49	11.64
435-3	19	4.27	6.44	1.49	9.49	5.92	3.01	0.66	0.16	1.97	0.62	103.04	10.49
32-1	12	5.27	7.17	1.65	9.72	5.8	2.62	0.74	0.17	2.21	0.60	111.03	10.98
32-2	12			1.64	10.25	6.09	2.71		0.16	2.25	0.59	96.25	11.39
32-3												111.03	11.39
.26-1	12	5.38	7.09	1.63	9.54	5.01	2.71	0.76	0.17	1.85	0.53	111.93	12.1
.26-2	12	4.43	6.23	1.72	9.62	6.2	2.56	0.71	0.18	2.42	0.64	99.78	11.6
.26-3	11	5.1	6.9	2.34	9.98	6	2.84	0.74	0.23	2.11	0.60	100.23	11.75
1253-1				1.45	9.89	6.4	2.63		0.15	2.43	0.65	104.22	10.91
1253-2	17	5.39	6.29			6.78	3.05	0.86		2.22		114.42	10.91
1275-1	17	2.94	5.66	1.99	8.34	6.34	2.38	0.52	0.24	2.66	0.76	91.86	8.08
1275-2	18	4.6	6.79	1.63	9.51	6.25	2.63	0.68	0.17	2.38	0.66	102.68	11.37

Kütahya	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
45-1	16	4.88	7.28	1.92	9.56	6.26	2.32	0.67	0.20	2.70	0.65	106.64	9.93
45-2	13	5.08	6.67	1.59	8.91	6.17	2.86	0.76	0.18	2.16	0.69	95.83	9.85
45-3	16	3.64	7.1	1.61	9.51	6.25	2.56	0.51	0.17	2.44	0.66	109.09	10.78
263-1	12	5	7.4	1.84	9.21	6.02	2.56	0.68	0.20	2.35	0.65	117.85	11.2
263-2	15	5.56	7.17	1.96	9.71	5.89	3.06	0.78	0.20	1.92	0.61	100.97	12.08
263-3	13	5.3	6.54	1.63	10.03	6.03	2.35	0.81	0.16	2.57	0.60	106.68	10.99
280-1	18	5.44	7.1	1.63	10.25	6.41	3.11	0.77	0.16	2.06	0.63	110.08	10.2
280-2	16	5.29	6.69	1.91	9.77	5.98	2.75	0.79	0.20	2.17	0.61	115.43	10.06
280-3				1.86	10.16	6.18	2.69		0.18	2.30	0.61	110.08	10.06
291-1	16	5.73	7.34	1.77	10.64	6.29	2.34	0.78	0.17	2.69	0.59	118.26	12.42
291-2	16	5.34	6.87	1.6	10.16	6.64	2.36	0.78	0.16	2.81	0.65	108.15	11.13
291-3	15	4.88	6.71	1.75	9.78	6.49	2.53	0.73	0.18	2.57	0.66	121.92	12.38
255-1	15	5.4	6.86	1.58	10.45	6.66	2.62	0.79	0.15	2.54	0.64	106.27	10.84
255-2	12	5.12	6.93	1.7	9.98	6.17	2.77	0.74	0.17	2.23	0.62	103.49	11.4
255-3												100.35	9.39
771-1	18	4.9	6.1	1.84	9.89	6.26	2.59	0.80	0.19	2.42	0.63	103.77	11.35
771-2	18	5.17	6.44	1.78	8.38	6.57	2.88	0.80	0.21	2.28	0.78	100.48	11.11

Ek-C (Devamı) Morfometrik Ölçümler

Kütahya	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
771-3	18	4.77	6.42	1.27	8.95	6.17	3.12	0.74	0.14	1.98	0.69	90.55	10.03
911-1	18	4.38	6.76	1.83	9.83	6.47	3.12	0.65	0.19	2.07	0.66	115.64	11.99
911-2	18	4.62	6.75	1.83	10.19	6.47	2.79	0.68	0.18	2.32	0.63	112.61	12.73
911-3	17	3.9	6.01	2.06	9.64	5.97	2.5	0.65	0.21	2.39	0.62	93.68	10.47
943-1	17	4.87	6.39	1.49	10.11	6.37	2.48	0.76	0.15	2.57	0.63	94.39	11.14
943-2	16	5.27	6.47	1.63	10.36	6.27	2.62	0.81	0.16	2.39	0.61	93.1	11.78
943-3	20	4.57	6.08	1.57	9.35	6.33	2.37	0.75	0.17	2.67	0.68	119.78	11.56

Uşak	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
372-1	17	4.89	5.95	1.56	9.33	6.31	2.6	0.82	0.17	2.43	0.68	114.04	11.05
372-2	18	5.51	6.44	1.52	10.38	6.36	3.13	0.86	0.15	2.03	0.61	106.16	11.89
372-3	16	5.16	6.4	1.6	10.04	7.04	2.63	0.81	0.16	2.68	0.70	109.1	12.08
345-1	17	4.05	6.67	1.39	8.35	6.03	2.57	0.61	0.17	2.35	0.72	84.1	8.83
345-2	16	4.24	5.98	1.19	8.63	5.94	2.49	0.71	0.14	2.39	0.69	79.45	9.17
345-3	17	4.9	6.82	1.34	9.08	6.34	3.19	0.72	0.15	1.99	0.70	84.1	9.17
187-1	16	4.18	7.2	1.53	9.69	6.55	2.56	0.58	0.16	2.56	0.68	110.5	11.95
187-2	18	5.46	7.11	1.36	10.24	6.33	2.28	0.77	0.13	2.78	0.62	111.23	12.47
187-3	17	4.14	6.79	1.7	9.54	6.06	2.76	0.61	0.18	2.20	0.64	109.22	9.62
147-1	16	5.79	6.67	1.92	9.9	6.52	2.55	0.87	0.19	2.56	0.66	107.53	10.49
147-2	18	5.65	6.51	1.71	10.29	6.46	2.68	0.87	0.17	2.41	0.63	118.88	11.27
147-3	17	5.57	6.95	1.5	10.72	6.59	2.85	0.80	0.14	2.31	0.61	106.74	11.87
138-1	17	6.07	6.33	1.75	10.62	6.23	3.07	0.96	0.16	2.03	0.59	115.86	11.92
138-2	17	5.51	7.16	1.81	10.65	6.23	2.7	0.77	0.17	2.31	0.58	102.06	11.92
138-3	17	5.48	7.18	1.87	10.32	6.52	2.82	0.76	0.18	2.31	0.63	109.04	12.47
103-1	16	5.7	7.12	1.37	9.95	5.74	2.62	0.80	0.14	2.19	0.58	92.49	11.35
103-2	16	5.54	7.09	1.78	10.11	5.54	2.58	0.78	0.18	2.15	0.55	100.69	11.56
103-3	16	5.25	7.07	1.4	10.46	6.2	3.01	0.74	0.13	2.06	0.59	102.36	10.18
645-1	16	4.67	6.17	1.66	9.97	6.15	2.87	0.76	0.17	2.14	0.62	101.37	10.41
645-2	15	4.36	6.15	1.51	8.85	6.37	2.68	0.71	0.17	2.38	0.72	92.24	10.09
645-3	15	3.71	6.07	1.96	9.28	6.01	2.45	0.61	0.21	2.45	0.65	92.24	10.41
630-1	19	4.78	6.49	2	10.89	6.31	2.75	0.74	0.18	2.29	0.58	108.87	12.49
630-2	19	4.45	6.14	1.72	9.39	6.38	2.44	0.72	0.18	2.61	0.68	108.87	12.49

niğde	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
N38-1	20	5.93	6.76	2.34	10.49	7.03	2.57	0.88	0.22	2.74	0.67	113.67	12.97
N38-2	21	5	6.46	2.2	9.78	5.96	2.69	0.77	0.22	2.22	0.61	106.15	11.41
N38-3	22	5.35	6.63	2.06	9.83	6.1	3.03	0.81	0.21	2.01	0.62	101.84	12.04
N40-1	22	5.07	6.4	2.41	10.45	6.72	2.85	0.79	0.23	2.36	0.64	105.22	11.99
N40-2	22	4.74	6.32	2.06	10.82	6.34	3	0.75	0.19	2.11	0.59	103.77	11.6
N40-3	22	4.54	6.81	1.91	9.3	6.1	2.67	0.67	0.21	2.28	0.66	91.49	11.05
N36-1	17	5.31	6.52	2.35	10.92	6.63	2.57	0.81	0.22	2.58	0.61	99.59	12.31
N36-2	22	5.01	6.29	1.99	9.67	6.51	2.52	0.80	0.21	2.58	0.67	103.98	12.65

Ek-C (Devamı) Morfometrik Ölçümler

niğde	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII
N36-3	21	4.39	6.42	2.03	9.93	6.2	2.71	0.68	0.20	2.29	0.62	110.4	10.68
N4-1	20	5.95	6.63	1.84	10.6	6.72	2.7	0.90	0.17	2.49	0.63	98.53	11.89
N4-2	20	4.88	6.34	1.57	9.91	6.21	2.4	0.77	0.16	2.59	0.63	93.74	10.19
N4-3	21	5.9	6.66	1.6	10.59	6.47	2.68	0.89	0.15	2.41	0.61	96.37	11.6
N19-1	20	5.41	6.8	2.32	10.76	6.98	2.66	0.80	0.22	2.62	0.65	114.5	12.42
N19-2	23	5.88	6.67	1.92	10.1	7.01	2.65	0.88	0.19	2.65	0.69	113.2	12.3
N19-3	21	5.81	6.95	1.96	10.27	6.02	2.85	0.84	0.19	2.11	0.59	97.46	10.45
N20-1	21	5.77	6.67	1.6	10.4	7.01	2.97	0.87	0.15	2.36	0.67	91.49	12.83
N20-2	21	5.51	6.62	1.75	10.89	7.01	2.98	0.83	0.16	2.35	0.64	108.1	12.24
N20-3	23	5.55	6.26	1.71	10.45	6.54	2.77	0.89	0.16	2.36	0.63	106.52	11.93

Cinara schimitscheki morfometrik ölçümleri

Afyon	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIB D	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTI I	RIV/ V	RIV/HTI I	BL	ANTII I	SPH
1127-1	12	9.59	8.37	2.35	11.96	12.29	4.58	1.15	0.20	2.68	1.03	169.62	25.23	22.91
1087-1	12	10.26	8.08	2.21	12.44	11.89	4.79	1.27	0.18	2.48	0.96	143.56	23.98	21.68
1087-2	12	9.66	7.75	2.28	12.52	11.87	4.18	1.25	0.18	2.84	0.95	160.11	23.32	22.05
1307-1	12	8.73	8.26	2.12	10.63	11.49	4.45	1.06	0.20	2.58	1.08	142.48	23.54	18.51
1307-2	12	8.6	8.14	2.39	10.75	10.76	4.53	1.06	0.22	2.38	1.00	120.86	21.22	17.97
1266-1	13	9.88	7.61	1.78	11.24	11.54	5.03	1.30	0.16	2.29	1.03	157.10	25.48	21.15
1461-1	11	8.63	7.89	2.22	11.45	10.69	3.76	1.09	0.19	2.84	0.93	152.32	23.52	20.54
1461-2	12	9.5	7.95	1.87	12.66	11.55	4.26	1.19	0.15	2.71	0.91	165.45	25.41	18.91
1463-1	13	12.09	8.32	2.15	12.3	11.38	4.21	1.45	0.17	2.70	0.93	178.01	26.38	20.89
1471-1	13	11.6	8.28	2.1	13.24	12.28	4.8	1.40	0.16	2.56	0.93	169.81	27.59	23.61
870-1	12	9.75	7.86	2.34	11.64	11.45	3.83	1.24	0.20	2.99	0.98	150.53	25.19	22.05
864-1	13	8.14	8.14	2.29	10.38	11.36	4.49	1.00	0.22	2.53	1.09	142.64	24.70	21.14
864-2	13	7.99	7.04	2.06	11.15	10.26	4.41	1.13	0.18	2.33	0.92	148.85	23.10	17.43
864-3	12	10.16	8.66	2.69	12.6	13.07	5.28	1.17	0.21	2.48	1.04	130.29	22.17	16.30
830-1	12	9.41	7.85	1.97	11.53	10.65	3.95	1.20	0.17	2.70	0.92	152.00	23.31	19.30
Kütahya	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIB D	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTI I	RIV/ V	RIV/HTI I	BL	ANTII I	SPH
725-1	12	10.44	8.3	1.75	12.51	11.95	4.78	1.26	0.14	2.50	0.96	156.97	27.31	22.04
725-2	12	11.51	8.01	1.84	13.24	11.51	5.06	1.44	0.14	2.27	0.87	149.32	27.62	23.85
725-3	16	11.95	8.32	2.06	13.25	11.96	5.02	1.44	0.16	2.38	0.90	157.58	28.61	21.87
724-1	14	9.49	7.91	2.36	12.5	11.64	4.85	1.20	0.19	2.40	0.93	136.54	23.73	21.10
724-2	15	9.46	7.93	2.32	12.31	12.36	4.84	1.19	0.19	2.55	1.00	136.72	23.73	18.48
752-1	12	10.11	7.93	2.19	12.02	11.84	4.33	1.27	0.18	2.73	0.99	152.36	25.85	24.37
780-1	13	10.64	8.08	2.14	12.59	12.37	5.13	1.32	0.17	2.41	0.98	156.59	27.61	22.59
799-1	15	10.75	8.01	2.1	12.31	11.93	4.31	1.34	0.17	2.77	0.97	142.57	25.90	22.77
799-2	13	11.13	8.42	2.16	12.35	12.68	5.05	1.32	0.17	2.51	1.03	147.45	27.16	21.49
813-1	14	9.4	7.67	2.08	11.9	11.5	5.26	1.23	0.17	2.19	0.97	127.00	22.46	19.94
813-2	14	9.87	7.99	2.48	11.69	12.26	4.84	1.24	0.21	2.53	1.05	156.82	25.93	20.92
1397-1	13	8.49	8.04	1.94	12.32	11.74	4.95	1.06	0.16	2.37	0.95	151.21	22.36	18.83
1390-1	15	10.01	7.67	2.04	12.72	12.6	5.04	1.31	0.16	2.50	0.99			
1432-1	13	9.66	7.22	1.92	11.2	10.83	4.14	1.34	0.17	2.62	0.97	146.10	21.46	16.91

Ek-C (Devam) Morfometrik Ölçümler

Uşak	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII	SPH
1232-1	14	10.4	7.71	2.28	12.21	11.27	5.1	1.35	0.19	2.21	0.92			
340-1	13	9.91	8.22	2.24	12.75	11.83	4.68	1.21	0.18	2.53	0.93	166.70	25.31	23.33
340-2	12	11	8.62	2.39	13.68	12.64	4.76	1.28	0.17	2.66	0.92	173.60	26.62	28.69
355-1	12	12.12	8.61	2.27	13.59	12.74	4.7	1.41	0.17	2.71	0.94	178.34	28.15	27.53
355-2	13	11.81	8.01	2.46	13.73	11.66	4.87	1.47	0.18	2.39	0.85	171.37	27.32	29.23
355-3	16	12.24	8.25	2.25	14.04	13	5.56	1.48	0.16	2.34	0.93	179.08	29.82	27.26
355-4	13	11.64	8.24	2.16	13.38	11.91	4.14	1.41	0.16	2.88	0.89	169.87	24.59	24.72
653-1	14	10.28	7.7	2.25	12.41	13.4	5.01	1.34	0.18	2.67	1.08	163.69	25.97	27.70
653-2	14	10.2	7.98	2.12	11.75	12.46	5.31	1.28	0.18	2.35	1.06	139.08	23.36	25.83
610-1	13	8.54	7.8	2.24	12.12	11.61	5.83	1.09	0.18	1.99	0.96	139.35	25.59	21.87

Nişde	Ant 6 tüy	Ant 4	Ant 6	HTIBD	HTII	RIV	RV	Ant4/6	HTIBD/HTII	RIV/V	RIV/HTII	BL	ANTIII	SPH
N59-1	14	10.04	7.88	1.87	12.26	11.52	5.05	1.27	0.15	2.28	0.94	147.16	22.58	18.81
N57-1	15	13.5	9.68	2.87	14.25	13.55	5.64	1.39	0.20	2.40	0.95	156.13	25.11	19.58
N57-2		11.55	8.34	2.03	12.12	12.15	4.66	1.38	0.17	2.61	1.00	190.19	32.93	31.02
N32-1		11.12	7.87	1.79	13.2	12.32	4.56	1.41	0.14	2.70	0.93	143.23	23.59	20.16
N18-1	16	11.03	8.61	2.46	13.71	11.59	4.97	1.28	0.18	2.33	0.85	165.10	27.66	20.78
N16-1	16	10.87	8.7	2.01	13.3	11.9	4.71	1.25	0.15	2.53	0.89	156.80	27.32	21.16
N16-2	15	11.95	8.83	2.04	13.3	11.71	4.71	1.35	0.15	2.49	0.88	166.95	27.64	21.80
N15-1	14	11.26	8.77	2.22	13.67	12.4	4.26	1.28	0.16	2.91	0.91	163.20	27.03	23.48
N30-1	15	10.41	8.19	2.05	11.6	11.51	5.35	1.27	0.18	2.15	0.99	126.16	22.81	17.25
N51-1	15	11.48	8.83	2.31	13.26	12.56	5.22	1.30	0.17	2.41	0.95	175.35	28.82	24.70
N51-2	15	11.98	9.08	2.36	12.97	13.2	5.39	1.32	0.18	2.45	1.02	158.33	28.00	22.40
N51-3	15	12.57	8.96	1.86	13.25	12.01	5	1.40	0.14	2.40	0.91	173.21	30.68	28.51
N53-1		11.02	9.45	2.51	12.65	12.42	5.07	1.17	0.20	2.45	0.98	179.13	28.72	25.43

ÖZ GEÇMİŞ

Hayal Akyıldırım Beğen 13.08.1985 tarihinde Kartal-İstanbul’da doğdu. İlk orta ve lise öğretimini İstanbul’da tamamladı. 2004 yılında girdiği Niğde Üniversitesi Biyoloji Bölümü’nden Haziran 2008’de mezun oldu. Niğde Üniversitesi Biyoloji Anabilim dalında 2008 yılında yüksek lisans, 2010 yılında doktora eğitimine başladı. 2013 yılında Artvin Çoruh Üniversitesi Orman Mühendisliği Anabilim dalına uzman olarak atandı. O tarihten beri uzman olarak çalışmaktadır. Bilim dalındaki ilgi alanı Sistematik zooloji, sistematik botanik ve filogenidir.



TEZ ÇALIŞMASINDAN ÜRETİLEN ESERLER

1 (bir) adet ulusal makale, 1(bir) adet ulusal bildiri ile 1 (bir) adet uluslararası sözlü sunum üretilmiştir. Bu üretilen çalışmalar aşağıda sunulmuştur.

Akyıldırım, H., Şenol, Ö., Görür, G. and Demirtaş, E., “The determination of the genetic variations in *Cinara cedri* (Hemiptera: Aphidoidea) populations collected on *Cedrus* spp. from different locations in Turkey” **9th International Symposium on Aphids, Beijing, China**, 12, 2-6 June 2013.

Görür, G. Şenol, Ö., Toper Kaygın, A. ve Akyıldırım, H., “*Cinara curvipes* (Patch, 1912) (Hemiptera; Aphididae) as new aphid species for Turkish aphidofauna” **Artvin Çoruh Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi**, 16:1,37-39,2015.

Akyıldırım, H., Şenol, Ö., ve Görür, G., “Afyonkarahisar, Kütahya ve Uşak İllerinde *Cinara* Türlerinin (Hemiptera: Aphididae) Zarar Yaptığı Bitki Türleri” **II. Ulusal Botanik Kongresi, Afyonkarahisar**, 100, 25-28 Ağustos 2015.