

ÖZET

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

ŞENOL, Özhan

Ömer Halisdemir Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Biyoloji AnaBilim Dalı

Danışman

: Prof. Dr. Gazi GÖRÜR

Şubat 2017, 108 sayfa

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

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

SUMMARY

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

ŞENOL, Özhan

Ömer Halisdemir University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Biology

Supervisor : Prof. Dr. Gazi GÖRÜR

February 2017, 108 pages

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

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