

**KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI**

DOKTORA TEZİ

**NÜKLEAR VE MİTOKONDRİYAL DNA DİZİLERİ
KULLANILARAK KOCAELİ İLİNDEKİ CERAMBYCIDAE
(COLEOPTERA) TÜRLERİNİN FİLOGENETİK ANALİZİ**

HAVVA KÜBRA SOYDABAŞ AYOUB

KOCAELİ 2021

KOCAELİ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

NÜKLEAR VE MİTOKONDRIYAL DNA DİZİLERİ
KULLANILARAK KOCAELİ İLİNDEKİ CERAMBYCİDAE
(COLEOPTERA) TÜRLERİNİN FİLOGENETİK ANALİZİ

HAVVA KÜBRA SOYDABAŞ AYOUB

Dr.Öğr.Üyesi Fevzi UÇKAN

Danışman, Kocaeli Üniv.

.....

Prof.Dr. Coşkun TEZ

Jüri Üyesi, Erciyes Üniv.

.....

Doç.Dr. Yonca YÜZÜGÜLLÜ KARAKUŞ

Jüri Üyesi, Kocaeli Üniv.

.....

Doç.Dr. Halim Aytekin ERGÜL

Jüri Üyesi, Kocaeli Üniv.

.....

Doç.Dr. Deniz ŞİRİN

Jüri Üyesi, Tekirdağ Namık Kemal Üniv.

.....

Tezin Savunulduğu Tarih: 28.04.2021

ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR

Cerambycidae taksonomisinin tarihi, sistematik zoolojinin başlangıcı kadar eskiye, yaklaşık üç asır öncesine, Linneaus'e dayanır. XIX. yüzyılda başlayan morfolojik karakterleri esas alan revizyonlar alfa taksonomistler tarafından günümüzde hâlâ devam ettirilmektedir. Lameere XX. yüzyılın başında evrim tarihini bu taksonun sınıflandırılmasına dahil etmeyi önermişse de bu fikir, ancak XXI. yüzyılda moleküler filogenetiğin yaygınlaşmasıyla kabul görmeye başlamıştır. Takson niceliği bakımından oldukça zengin olan bu familyanın moleküler filogenisi ve genetik çeşitliliğine ilişkin çalışmalar çoğunlukla, sınırlı bir coğrafi bölgeden, sınırlı taksonla ve sınırlı karakterle yapılabilmektedir. Dolayısıyla yakın geçmişteki tüm çalışmalar, büyük resmi tamamlamaktan ziyade, resmin temel elementlerini yerleştirme çabası niteliği taşımaktadır. Bu tez çalışmasının gayesi de Kocaeli'nden toplanmış türlerin mitokondriyal ve nüklear gen dizilerini kullanarak, familyanın filogenetik yapılandırılmasına küçük bir katkıda bulunmak ve ekonomik açıdan önem arz eden taksonların diğer coğrafi bölgelerdeki üyeleriyle olan ilişkilerini açıklığa kavuşturmadır.

Doktora tez çalışmam boyunca hoşgörüsü ve desteğini esirgemeyen danışmanım Dr. Öğr. Üyesi Fevzi UÇKAN'a; çalışmamın tüm aşamalarında, ihtiyaç duyduğum her zaman yardımcı olan Prof. Dr. Coşkun TEZ ve Dr. Öğr. Üyesi Osman İBİŞ'e, tezimin projelendirme aşamasındaki desteği için Prof. Dr. Serap MUTUN'a; bilimsel bakış açısı kazandırmaya yönelik eleştirileri için Doç. Dr. Yonca YÜZÜGÜLLÜ KARAKUŞ ve Doç. Dr. Halim Aytekin ERGÜL'e, topladığı böcekleri benimle paylaşan Dr. Şener ATAK'a, morfolojik teşhis aşamasındaki desteği için Dr. Burcu ŞABANOĞLU'na, görsellerinin hazırlanmasındaki katkıları için Şirin COŞKUN'a, laboratuvar çalışmalarında yanımda olan arkadaşlarım Günce GÖÇ ve Yunus Emre ÇAKMAK'a ve manevi desteği için Dr. Arda ACEMİ'ye teşekkür ederim.

Fedakârlıkları ve sabırları için annem, babam, eşim, yavrum ve kardeşlerime minnettarım. Manevi desteğinin yanı sıra tez bütçesine desteği için eşim Dr. Mohamed Attia Tawfik AYOUB'a ayrıca teşekkür ederim.

Tez bütçesi BAP139-2018 numaralı projeye Kocaeli Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Koordinasyon Birimi'nce desteklenmiştir.

Nisan 2021

Havva Kübra SOYDABAŞ AYOUB

İÇİNDEKİLER

ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR	i
İÇİNDEKİLER	ii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	vii
TABLolar DİZİNİ	xi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xii
ÖZET.....	xv
ABSTRACT.....	xvi
GİRİŞ	1
1. GENEL BİLGİLER.....	9
1.1. Familya: Cerambycidae Latreille, 1802.....	9
1.1.1. Coğrafi dağılımı.....	9
1.1.2. Genel morfolojisi.....	10
1.1.3. Ekolojisi ve biyolojisi.....	11
1.1.4. Ekolojik ve ekonomik önemi.....	13
1.1.5. Filogenisi ve evrimsel tarihi	16
1.1.6. Alt familyalar arası ilişkileri.....	16
1.2. Cerambycidae Latreille, 1802'nin Alt Familyaları	19
1.2.1. Alt Familya: Lamiinae Latreille, 1825	19
1.2.1.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri	20
1.2.1.2. Biyolojisi	20
1.2.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1802	21
1.2.2.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri	22
1.2.2.2. Biyolojisi	22
1.2.3. Alt familya: Lepturinae Latreille, 1802	23
1.2.3.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri	24
1.2.3.2. Biyolojisi	24
1.2.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832.....	25
1.2.4.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri	25
1.2.4.2. Biyolojisi	26
1.3. Mitokondriyal ve Nükleer Gen Bölgelerinin Ekonomik, Ekolojik ve Sistematik Sorunların Çözümünde Moleküler Belirteç Olarak Kullanımı	27
1.3.1. Mitokondriyal sitokrom <i>c</i> oksidaz-I (COI) gen bölgesi.....	28
1.3.2. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi	29
1.3.3. Nükleer 28S rRNA gen bölgesi	29
2. MALZEME VE YÖNTEM.....	31
2.1. Saha Çalışması ve Morfolojik Teşhis	31
2.2. Laboratuvar Çalışmaları.....	37
2.2.1. Total DNA eldesi.....	37
2.2.2. Hedef gen bölgelerinin PZR yöntemiyle çoğaltılması	38
2.2.3. PZR ürünlerinin agaroz jel elektroforezi ve görüntülenmesi	38
2.2.4. PZR ürünlerinin dizi analizine hazırlanması	40
2.2.5. Sanger yöntemi ile DNA dizi analizi	41

2.3.	Mitokondriyal ve Nükleer DNA Bölgelerinin Veri Analizleri	43
2.3.1.	Kromatogramların kontrolü ve düzenlenmesi	43
2.3.2.	Veri setlerinin oluşturulması ve hizalama	44
2.3.3.	Genetik çeşitlilik analizleri	45
2.3.4.	Filogenetik analizler	45
2.3.4.1.	Genetik uzaklık analizleri	46
2.3.4.2.	Neighbor-joining (komşu birleştirme, NJ) analizi	46
2.3.4.3.	Veri setlerinin bölümlenmesi ve en uygun model seçimi	46
2.3.4.4.	Maksimum Likelihood (maksimum olasılık, ML) analizi	46
2.3.4.5.	Bayesian (BI) analizi	47
2.3.4.6.	Haplotip ağı analizi	47
2.3.4.7.	Barkod aralıklarının belirlenmesi	47
3.	BULGULAR	48
3.1.	Kocaeli Cerambycidlerinin Kısmi Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve Nükleer 28S rRNA D1-D2 Genlerinin DNA Dizi Analizi	48
3.1.1.	Hedef gen bölgelerinin polimeraz zincir reaksiyonu ile çoğaltılması	48
3.2.	Kocaeli Cerambycidlerinde Mitokondriyal COI Gen Bölgesinin Genetik Çeşitlilik Analizi	48
3.2.1.	Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825	48
3.2.2.	Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825	49
3.2.3.	Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825	50
3.2.4.	Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832	51
3.3.	Kocaeli Cerambycidlerinde Mitokondriyal 16S rRNA Gen Bölgesinin Genetik Çeşitlilik Analizi	52
3.3.1.	Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825	52
3.3.2.	Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825	52
3.3.3.	Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825	53
3.3.4.	Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832	53
3.4.	Kocaeli Cerambycidlerinde Nükleer 28S rRNA D1-D2 Gen Bölgesinin Genetik Çeşitlilik Analizi	54
3.4.1.	Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825	54
3.4.2.	Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825	55
3.4.3.	Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825	55
3.4.4.	Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832	56
3.5.	Kocaeli Cerambycidlerinin Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve Nükleer 28S rRNA D1-D2 Gen Dizilerini Kullanarak Filogenetik Analizleri	57
3.5.1.	Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825	57
3.5.1.1.	Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi	57
3.5.1.2.	Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	58
3.5.1.3.	Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi	60
3.5.1.4.	Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	61

3.5.1.5. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi.....	63
3.5.1.6. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	64
3.5.1.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz.....	66
3.5.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825	69
3.5.2.1. Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi	69
3.5.2.2. Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	70
3.5.2.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi.....	74
3.5.2.4. Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	75
3.5.2.5. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi.....	80
3.5.2.6. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	80
3.5.2.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz.....	86
3.5.3. Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825	91
3.5.3.1. Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi	91
3.5.3.2. Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	92
3.5.3.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi.....	94
3.5.3.4. Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	94
3.5.3.5. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi.....	96
3.5.3.6. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	96
3.5.3.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz	99
3.5.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832	101
3.5.4.1. Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi	101
3.5.4.2. Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	101
3.5.4.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi	103
3.5.4.4. Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	103

3.5.4.5. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi.....	105
3.5.4.6. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz	105
3.5.4.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz.....	107
3.6. Kocaeli Haplotipleri ve BOLD Taksonomi Arşivinden Elde Edilen Mitokondriyal COI Gen Bölgesi Dizilerinin Birlikte Filogenetik Analizi.....	107
3.6.1. Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825	109
3.6.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825	121
3.6.3. Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825	133
3.6.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832	139
3.7. Ekonomik Öneme Sahip Taksonların Mitokondriyal COI Gen Bölgesi Kocaeli Haplotipleri ve BOLD Taksonomi Arşivinden Elde Edilen Dizilerin Birlikte Filogenetik, Haplotip Ağı ve Barkod Aralığı Analizleri	142
3.7.1. <i>Leiopus</i> Audinet-Serville, 1835	142
3.7.1.1. Genetik çeşitlilik analizi	142
3.7.1.2. Barkod aralığının belirlenmesi	144
3.7.1.3. Genetik uzaklık analizi	145
3.7.1.4. Filogenetik analiz	145
3.7.1.5. Haplotip ağı analizi.....	148
3.7.2. <i>Hylotrupes bajulus</i> (Linnaeus, 1758)	150
3.7.2.1. Genetik çeşitlilik analizi	150
3.7.2.2. Barkod aralığının belirlenmesi	151
3.7.2.3. Genetik uzaklık analizi	151
3.7.2.4. Filogenetik analiz	152
3.7.2.5. Haplotip ağı analizi.....	154
3.7.3. <i>Arhopalus</i> Serville, 1834	155
3.7.3.1. Genetik çeşitlilik analizi	155
3.7.3.2. Barkod aralığının belirlenmesi	155
3.7.3.3. Genetik uzaklık analizi	159
3.7.3.4. Filogenetik analiz	159
3.7.3.5. Haplotip ağı analizi.....	166
4. TARTIŞMA.....	173
4.1. Cerambycidae Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	173
4.2. Lamiinae Alt Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	175
4.3. Cerambycinae Alt Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	185
4.4. Lepturinae Alt Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	190
4.5. Spondylidinae Alt Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi	192
4.6. Ekonomik Öneme Sahip Taksonların Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi.....	198
4.6.1. <i>Leiopus</i> Audinet-Serville, 1835	199
4.6.2. <i>Hylotrupes bajulus</i> (Linnaeus, 1758)	201
4.6.3. <i>Arhopalus</i> Serville, 1834	203
4.7. COI Barkod Dizilerinin Kullanımında Karşılaşılan Kısıtlayıcı Faktörler	205

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	209
5.1. Alt Familya: Lamiinae Latreille, 1825.....	210
5.2. Alt Familya: Cerambycinae Latreille, 1825.....	211
5.3. Alt Familya: Lepturinae Latreille, 1825	212
5.4. Alt Familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832	213
KAYNAKLAR	214
EKLER.....	247
KİŞİSEL YAYIN VE ESERLER	398
ÖZGEÇMİŞ	399



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1.	Cerambycidae familyasının filogenetik ilişkileri	17
Şekil 1.2.	<i>Psacotha hilaris</i> (Coleoptera:Cerambycidae) mitokondriyal DNA genlerinin yerleşimi	29
Şekil 1.3.	Nükleer rRNA geninin ardışık tekrar biriminin şematik gösterimi	29
Şekil 2.1.	Cerambycidae örneklerinin toplandığı lokaliteler	31
Şekil 2.2.	Lamiinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler	32
Şekil 2.3.	Cerambycinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler	33
Şekil 2.4.	Lepturinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler	35
Şekil 2.5.	Spondylidinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler	36
Şekil 2.6.	Prioninae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler	37
Şekil 3.1.	Bazı cerambycid örneklerinin PZR ürünlerinin agaroz jel elektroforezi sonuçları A. Sitokrom oksidaz-1 (COI), B. 16S rRNA geni, 28S rRNA D1-D2 geni. M: BioLine HyperLadder 1 kb DNA Ladder, 154-156 <i>Xylotrechus antilope</i> , 158 <i>X. rusticus</i> , 164-167 <i>X. smei</i> , 186-188 <i>Stenopterus kraatzii</i> , NK: Negatif control.....	48
Şekil 3.2.	Kocaeli'nden <i>Agapanthia lateralis</i> türüne ait bir örneğin (LAAL34) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 399. baz pozisyonundaki heterozigotik bölge.....	54
Şekil 3.3.	Kocaeli'nden <i>Plagionotus floralis</i> türüne ait üç örneğin (CCPF175, CCPF 178 ve CCPF 179) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 82. ve 657. baz pozisyonlarındaki heterozigotik bölgeler.....	55
Şekil 3.4.	Kocaeli'nden <i>Rutpela maculata</i> türüne ait bir örneğin (LLRM225) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 675. baz pozisyonundaki heterozigotik bölge	56
Şekil 3.5.	Kocaeli'nden <i>Arhopalus rusticus</i> türüne ait bir örneğin (SAAR387) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 585. baz pozisyonundaki heterozigotik bölge.....	57
Şekil 3.6.	Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	59
Şekil 3.7.	Lamiinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	62
Şekil 3.8.	Lamiinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	65

Şekil 3.9.	Lamiinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	68
Şekil 3.10.	Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	71
Şekil 3.11.	Cerambycinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	77
Şekil 3.12.	Cerambycinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	82
Şekil 3.13.	Cerambycinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	88
Şekil 3.14.	Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	93
Şekil 3.15.	Lepturinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	95
Şekil 3.16.	Lepturinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	98
Şekil 3.17.	Lepturinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	100

Şekil 3.18. Spondylidinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	102
Şekil 3.19. Spondylidinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	104
Şekil 3.20. Spondylidinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	106
Şekil 3.21. Spondylidinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı.....	108
Şekil 3.22. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı.....	113
Şekil 3.23. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı.....	124
Şekil 3.24. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı.....	135
Şekil 3.25. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Spondylidinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı.....	141
Şekil 3.26. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Leiopus</i> cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı.....	145
Şekil 3.27. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Leiopus</i> cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı.....	147
Şekil 3.28. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Leiopus</i> cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı.....	148

Şekil 3.29. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Leiopus</i> cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren istatistiksel parsimoni ağ	149
Şekil 3.30. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Hylotrupes bajulus</i> türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı	152
Şekil 3.31. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Hylotrupes bajulus</i> türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı	153
Şekil 3.32. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Hylotrupes bajulus</i> türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı	153
Şekil 3.33. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Hylotrupes bajulus</i> türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren istatistiksel parsimoni ağ	154
Şekil 3.34. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Arhopalus</i> cinsinden türlere ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı	167
Şekil 3.35. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Arhopalus</i> cinsinden türlere ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı	168
Şekil 3.36. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Arhopalus</i> cinsinden türlere ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı	169
Şekil 3.37. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen <i>Arhopalus</i> cinsinden türlere ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren istatistiksel parsimoni ağ	170

TABLULAR DİZİNİ

Tablo 1.1. Yönetmelikler ve uygulama direktiflerinin karantina listelerindeki Cerambycidae türleri	14
Tablo 2.1. Hedef gen bölgelerini PZR ile çoğaltmak için kullanılan primerler	38
Tablo 2.2. Mitokondriyal COI gen bölgesi LCO1490- HCO2198 ve LCO1490-JJ-HCO2198-JJ primer çiftleri için PZR döngü programı	39
Tablo 2.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi LR-J-12887-LR-N-13398 primer çifti için PZR döngü programı	39
Tablo 2.4. Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi primer çifti için PZR döngü programı	40
Tablo 2.5. BigDye™ Terminator 3.1 ile dizileme tepkimesi içeriği	42
Tablo 2.6. DNA Dizi analizinde kullanılan primerler	42
Tablo 2.7. BigDye™ Terminator 3.1 ile dizileme işlemi için döngü ve sıcaklık program	43
Tablo 3.1. <i>Leiopus</i> cinsine ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve toplandıkları lokaliteler	143
Tablo 3.2. <i>Leiopus</i> cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri	146
Tablo 3.3. <i>Hylotrupes bajulus</i> türüne ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve toplandıkları lokaliteler	150
Tablo 3.4. <i>Hylotrupes bajulus</i> türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri	151
Tablo 3.5. <i>Arhopalus</i> cinsine ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve toplandıkları lokaliteler.....	156
Tablo 3.6. <i>Arhopalus</i> cinsine türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri	160

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

S	: Svedberg sedimentasyon katsayısı
π	: Pi, Nükleotid Çeşitliliği
°C	: Santigrat Derece
μ L	: mikrolitre
g	: Gram
g	: Gravite
ng	: Nanogram
mg	: miligram
mm	: milimetre
Mm	: milimolar
M	: molar
P	: öncül en fazla uzaklık (prior maximal distance)
v	: hacim (volume)
w	: ağırlık (weight)
X	: Bağıl aralık genişliği (relative gap width)

Kısaltmalar

A	: Adenin
A	: Asya
ABGD	: Otomatik Barkod Aralığı Bulma (Automatic Barcode Gap Discovery)
AFR	: Afrotropikal
AIC	: Akaike Bilgi Kriteri (Akaike Information Criterion)
AICc	: düzeltilmiş Akaike Bilgi Kriteri (Akaike Information Criterion corrected)
AUR	: Avustralyan
BIC	: Bayesian Bilgi Kriteri (Bayesian Information Criterion)
bç	: baz çifti
BI	: Bayesian Analizi (Bayesian Inference)
BIN	: Barkod indeks numarası
BOLD	: Yaşamın Barkodu Veri Sistemi (Barcode of Life Data System)
BPP	: Bayesian Filogenetik ve Filocoğrafya (Bayesian Phylogenetics and Phylogeography)
bPTP	: Poisson Ağacı Süreçlerinin Bayesian uygulaması (Bayesian implementation of Poisson Tree Processes)
BSA	: Sığır serum albumin (Bovine serum albumin)
C	: Sitozin
CaCl ₂	: Kalsiyum klorür
CAD	: Karbomil-Fosfat sentetaz-2, Aspartat Transkarbamilaz, Dihidroorotaz
COI	: Sitokrom <i>c</i> oksidaz-I
COII	: Sitokrom <i>c</i> oksidaz-II
COIII	: Sitokrom <i>c</i> oksidaz-III
Cyt <i>b</i>	: Sitokrom <i>b</i> (Cytochrome <i>b</i>)

dATP	: deoksiadenozin trifosfat
dCTP	: deoksisitidin trifosfat
ddH2O	: Deiyonize Distile Su (Deionized Distilled Water)
dGTP	: deoksiguanozin trifosfat
DTT	: Ditiotreitol (Dithiothreitol)
DNA	: Deoksiribo nükleik asit
dTTP	: deoksitimidin trifosfat
E	: Doğu
E	: Avrupa
EC	: Avrupa Komisyonu Konsey Direktifleri (European Commission, Council Directive)
EDTA	: Etilendiamintetraasetik asit
EPPO	: Avrupa ve Akdeniz Bitki Sağlığını Koruma Örgütü (The European and Mediterranean Plant Protection Organization)
Fst	: Fiksasyon indeksi
G	: Guanin
G	: Gamma
GTR	: Genelleştirilmiş zaman tersinir model (General time-reversible model)
Hd	: Haplotip çeşitliliği
I	: Değişmez bölge (invariable site)
In-Del	: İnsersiyon-Delesyon
ISPM	: Bitki Sağlığı Önlemlerinde Uluslararası Standartlar (International Standards for Phytosanitary Measures)
IUPAC	: Uluslararası Temel ve Uygulamalı Kimya Birliği (International Union of Pure and Applied Chemistry)
K2P	: Kimura 2 Parametre baz değişim modeli
KCl	: Potasyum klorür
M	: Adenin veya Sitozin
MCMC	: Monte Carlo Markov Chain
MgCl2	: Magnezyum klorür
ML	: Maksimum Likelihood
mOTU	: moleküler Operasyonel Taksonomik Birim molecular Operational Taxonomic Unit
mtDNA	: mitokondriyal DNA
N	: Kuzey
N	: Kuzey Afrika
NaCl	: sodyum klorür
NAR	: Nearktik
NCBI	: Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (National Center for Biotechnology Information)
ND2	: nikotinamit adenin dinükleotit dehidrojenaz 2
ND4	: nikotinamit adenin dinükleotit dehidrojenaz 4
NTR	: Neotropik
NJ	: Neighbor-Joining
ORR	: Oryantal
pH	: Hidrojen potansiyeli
Pin	: parsimoni olarak bilgi verici (parsimony informative)
PSRF	: Potansiyel Ölçek Temelli Düzeltme Faktörü (Potential Scale Concise Edition Factor)

PZR	: polimeraz zincir reaksiyonu
R	: Adenin veya Guanin
RCF	: Göreceli Santrifüj Kuvveti (Relative Centrifugal Force/Field)
rpm	: dakikada devir sayısı (revolutions per minute)
rRNA	: ribozomal ribonükleik asit
s.s.	: <i>sensu stricto</i> (dar anlamda)
S	: Ayırıcı baz pozisyonu (Segregating site)
SD	: standart sapma
SDS	: sodyum dodesil sülfat
s.l.	: <i>sensu lato</i> (geniş anlamda)
T	: Timin
TAE	: Tris, Glisial Asetik Asit, EDTA
TCS	: Templeton, Crandall ve Sing
Tr	: Transisyon
TAE	: Tris-asetat-EDTA
HCl	: Hidroklorik asit
Tv	: Transversiyon
U	: Urasil
UV	: Ultraviyole
v	: versiyon
Wg	: Kanatsız (Wingless)
Y	: Sitozin veya Timin

NÜKLEAR VE MİTOKONDRIYAL DNA DİZİLERİ KULLANILARAK KOCAELİ İLİNDEKİ CERAMBYCIDAE (COLEOPTERA) TÜRLERİNİN FİLOGENETİK ANALİZİ

ÖZET

Cerambycidae (Coleoptera) familyasının alt taksonları arasındaki ilişkiler hakkındaki tüm bilgi sadece başlangıç sayılabilecek kadardır. Bu nedenle çalışmamızda Kocaeli ilindeki limanlardan, kereste depolarından, ormanlardan ve kırsal alanlardan toplanan Lamiinae, Cerambycinae, Lepturinae ve Spondylidinae alt familyalarından bireyler kullanılarak, alt familyalarının filogenetik yapılandırılmasına katkıda bulunmak amaçlandı. Kocaeli’nden toplanan bireylerden elde edilen, mitokondriyal sitokrom *c* oksidaz-I (COI), 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA gen bölgeleri için sırasıyla 226, 187 ve 203 nükleotid dizisi analiz edildi. Analizlerde genetik uzaklık, Neighbor-Joining (NJ), Maximum Likelihood (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yöntemleri kullanıldı. Ayrıca, BOLD taksonomi arşivinden elde edilen COI dizilerin, Kocaeli örneklerinden elde edilen dizilere dahil edildiği veri setleriyle NJ, ML ve BI analizleri yapıldı. Ekonomik önemi olan taksonların, diğer ülkelerden bireylerle olan takson içi ilişkilerini aydınlatmak için, NJ, ML ve BI analizlerine ilave olarak barkod aralığı ve istatistiksel parsimoni ağı analizleri yapıldı. Bu çalışmada 18 tür için mitokondriyal COI, 72 tür için mitokondriyal 16S rRNA ve 67 tür için nüklear 28S rRNA gen bölgeleri ilk kez dizilendi. *Agapanthia (Smaragdula) frivaldszkyi* Ganglbauer, 1884 ve *Asemum tenuicorne* Kraatz, 1879 türleri Kocaeli için, *Leiopus (Leiopus) linnei* (Wallin, Nýlander ve Kvamme, 2009) türü Türkiye için yeni kayıttır. Üretilen filogenetik ağaçlar *Acanthocinus+Leiopus*, *Phytoecia+Saperda* cinslerinin, Monochamini+Lamiini tribuslarının ve Stenopterini tribusunun kendi içlerinde monofiletik oldukları hipotezlerini desteklediler. Pogonocherini, Callidiini, Hesperophanini ve Rhagiini tribuslarının polifiletik olabileceği hipotezleri ise kez önerilmektedir. Sonuçlarımızın, biyoçeşitlilik, biyogüvenlik, filogenetik ve filocoğrafya alanlarındaki çalışmalara katkı sağlayacağını ummaktayız. Familyanın filogenetik ve filocoğrafik ilişkilerinin çözümlenmesi için çok daha fazla örnekleme ve daha fazla karakterle yapılacak analizlere gerek duyulmaktadır.

Anahtar Kelimeler: Cerambycidae, Filogeni, Kocaeli, mtDNA, nDNA.

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SPECIES OF THE FAMILY CERAMBYCIDAE (COLEOPTERA) DISTRIBUTED IN KOCAELI PROVINCE BY USING OF NUCLEAR AND MITOCHONDRIAL DNA SEQUENCES

ABSTRACT

The knowledge of the relationships between the sub-taxa of the family Cerambycidae (Coleoptera) might be considered as a prologue. Therefore, it was aimed to contribute to the reconstruction of the phylogeny of subfamilies by using individuals from Lamiinae, Cerambycinae, Lepturinae and Spondylidinae, which were collected from ports, timber yards, forests and rural areas in Kocaeli Province. Genetic distance, Neighbor-Joining (NJ), Maximum Likelihood (ML) and Bayesian Analysis (BI) methods were used for analysing 226, 187 and 203 nucleotide sequences for mitochondrial cytochrome *c* oxidase-I (COI), 16S rRNA and nuclear 28S rRNA gene regions, respectively. Besides, NJ, ML and BI analyses were performed with the datasets in which the COI sequences obtained from the BOLD taxonomy browser were included. Additionally, barcode gap discovery and statistical parsimony network analysis were performed for economically important taxa to unveil their relationships with conspecifics, which inhabit in the other countries. According to our results, COI, 16S rRNA and 28S rRNA gene regions for 18, 67 and 72 species, respectively, were sequenced for the first time. Moreover, for Kocaeli Province *Agapanthia (Smaragdula) frivaldszkyi* Ganglbauer, 1884 and *Asemum tenuicorne* Kraatz, 1879, and for Turkey *Leiopus (Leiopus) linnei* (Wallin, Nylander ve Kvamme, 2009) are new records. The inferred phylogenetic trees corroborated monophyly of genera *Acanthocinus+Leiopus*; genera *Phytoecia+Saperda*; tribe Monochamini+Lamiini and all members of tribe Stenopterini amongst themselves. Pogonocherini, Callidiini, Hesperophanini, and Rhagiini are retrieved as polyphyletic. We expect that our results would contribute to studies in biodiversity, biosecurity, phylogenetics and phylogeography. Further robust studies are needed to reconstruct the phylogenetic and phylogeographic relationships of the sub-taxa.

Keywords: Cerambycidae, Phylogeny, Kocaeli, mtDNA, nDNA.

GİRİŞ

Cerambycidae ilk kez Systema Naturae'nin 10. Baskısı'nda *Cerambyx* ve *Leptura* cinsleri ile tanımlanmıştır (Linnaeus, 1758). Familyanın ilk revizyonu Mulsant (1862-1863) tarafından yapılmıştır. Evrimini ve sınıflandırılmasını konu alan revizyon çalışmaları ise son yıllarda yoğunlaşmıştır (Švácha ve Lawrence, 2014; Haddad ve McKenna, 2016; Haddad ve diğ., 2018; Lee ve Lee, 2020; de Santana Souza ve diğ., 2020).

Latreille (1829) familyayı dört tribusa bölerek, ilk cins üstü taksonları oluşturmuştur. Bu dört tribus güncel sınıflandırmalardaki alt familyalara eşdeğerdir. Latreille'yi takiben birçok araştırmacı alt familyaların sınırlarını belirlemeye çalışmıştır (Audinet-Serville, 1832, 1834, 1835; Mulsant 1839, Blanchard, 1845; Thomson, 1860, 1864; Schiødt, 1864; Lacordaire, 1868, 1869, 1872). Cerambycidae alt familyaları üzerindeki tartışmalar yaklaşık iki yüzyıldır devam etmektedir. Plavilstshikov (1936a, 1936b, 1936c), Cerambycidae taksonlarını üç alt familya (Cerambycinae, Lamiinae ve Prioninae) altında toplarken, Lawrence (1995), 13 alt familya altında toplar. Geleneksel olarak kabul görmüş olan dokuz alt familya Anoplodermatinae, Aseminae, Cerambycinae, Lamiinae, Lepturinae, Parandrinae, Philinae, Prioninae ve Spondylidinae'dir (Napp, 1994). Bouchard ve diğerleri (2011) ise Apatophyseinae ve Dorcasominae'nin farklı alt familyalar olduğunu savunarak dokuz alt familyayı Apatophyseinae, Cerambycinae, Dorcasominae, Lamiinae, Lepturinae, Necydalinae, Parandrinae, Prioninae ve Spondylidinae olarak önermiştir. Ancak Dorcasominae ve Apatophyseinae'nin ayrılmasını Švácha ve Lawrence (2014) kabul etmeyerek alt familya sayısını sekize düşürmüşlerdir. Oxypeltinae, Vesperinae ve Disteniinae ise bağımsız familyalar olarak kabul edilmiştir (Bouchard ve diğ., 2011; Monne, 2012).

Şimdilik tüm türler Cerambycinae (~11 000 tür), Dorcasominae (>300 tür), Lamiinae (> 20.000 tür), Lepturinae (~1500 tür), Necydalinae (~70 tür), Parandrinae (119 tür), Prioninae (>1000 tür) ve Spondylidinae (~100 tür) olmak üzere sekiz alt familya altında toplanırlar (Švácha ve Lawrence, 2014). Bu sekiz alt familya Cerambycidae *sensu stricto* (s.s.) olarak değerlendirilmektedir. Cerambycidae *sensu lato* (s.l) ise

Cerambycidae s.s.'ya Disteniidae (>300 tür), Oxypeltidae (üç tür) ve Vesperidae (~80 tür) familyalarının ilavesiyle oluşan daha geniş bir gruba ifade eder (Reid 1995). Cerambycidae s.l. Böving ve Craighead (1931)'in "*longicornia*", Švácha ve Danilevsky (1987)'nin, "*cerambycid soyu*" ve Švácha ve diğerleri (1997)'nin "*cerambyciform*" olarak ifade ettiği gruba eşdeğerdir. Haddad ve diğerleri (2018)'ne göre Cerambycidae s.s. monofiletik, Cerambycidae s.l. polifiletiktir. Disteniidae ve Cerambycidae s.s. kardeş kladlardır.

Cerambycidae sistematığı esas olarak hala morfolojik karakterlere dayanmaktadır (Martins ve Galileo, 1990; Galileo ve Martins, 1995; Santos-Silva ve Nascimento, 2019). Larva ve ergin morfolojisine dayalı taksonomik çalışmalar doğal olarak oldukça fazlayken, (başlıcaları Audinet-Serville 1832, Bates 1861-1866, Bense 1995, Bílý ve Mehl 1989, Bouchard ve diğ., 2011, Forchhammer ve Wang 1987, Monne 2012, Napp 1994, Picard 1929, Švácha ve Lawrence, 2014, Sama 2002, Harde 1966, Plavilstshikov 1930, Danilevsky ve Miroshnikov 1985, Pic 1898, Adlbauer 1992, Breuning 1943-1975, Linsley ve Chemsak 1984, Pascoe 1864-1869, Thomson 1860-1864, Swaine ve Hopping 1928, Hopping 1937, Hopping ve Hopping 1947) moleküler filogenetik çalışmalar sınırlıdır (Haddad ve McKenna, 2016; Haddad ve diğ., 2018; Lee ve Lee, 2020; de Santana Souza ve diğ., 2020). Lameere (1901)'nin evrimsel ilişkilerin bu grubun sınıflandırılmasına dahil edilmesinin gerekliliğine ilişkin tavsiyelerine rağmen, filogenetik sistematığı son birkaç yıldan beri kısmen kabul görmeye başlamıştır.

Cerambycidae'nin moleküler filogenisi ve genetik çeşitliliğine ilişkin veri sağlayan çalışmalar iki grupta toplanabilirler:

- Birinci grup: Barkodlama çalışmalarıdır. Çoğunlukla mitokondriyal sitokrom *c* oksidaz-I (COI) gen bölgesine dayalı veri sağlarlar.
- İkinci grup: Taksonların bir veya birkaç gen bölgesine göre değerlendirildiği, bazen morfolojik ve moleküler verilerin birlikte kullanıldığı filogenetik ve filocoğrafya çalışmalarıdır.

Barkodlama çalışmaları kapsamında Pentinsaari ve diğerleri (2014) İskandinav ve Nordik ülkelerinden, Rougerie ve diğerleri (2015) Fransa'dan, Hendrich ve diğerleri (2015) Almanya ve Orta Avrupa'dan, Grebennikov ve diğerleri (2017) Rusya'nın

Uzak Doğu tarafından, Cerambycidae familyasına ait yüzlerce mitokondriyal COI dizisini BOLD taksonomi arşivine yüklemişlerdir.

Klasik ve moleküler verileri bir arada değerlendirerek Švácha ve Lawrence (2014), Cerambycidae s.s.'nin filogenisini, bazı belirsizlikleri de belirterek, trikotomi olarak şöyle önermişlerdir:

- Birinci dal: Prioninae+Parandrinae (sinapomorfisi olmadığından parafiletik olabilir)
- İkinci dal: Dorcasominae+Cerambycinae (bariz bir sinapomorfi yoktur)
- Üçüncü dal: Spondylidinae+(Lepturinae+Necydalinae)+Lamiinae (şüphelidir)

Sýkorová (2008) Cerambycidae alt familyalarının hepsinden temsilci olarak seçtiği türlere ait mitokondriyal 16S rRNA gen dizilerini kullanarak yaptığı analiz sonuçlarında alt familyaların politomik dallarda konumlandığını bildirmiştir. Wei ve diğerleri (2014) ribozomal gen bölgeleriyle yaptıkları filogenetik analiz sonuçlarına göre Lamiinae, Cerambycinae ve Lepturinae'nin monofiletik ve ilişkilerinin geleneksel morfolojiyle tutarlı olduğunu öne sürmüşlerdir. Wu ve diğerleri (2017), 2012-2015 yılları arasında Amerika limanlarında yakaladıkları Cerambycinae, Lamiinae, Lepturinae ve Spondylidinae alt familyalarından bireylerin mitokondriyal COI gen bölgelerini analiz etmişler, Spondylidinae'nin polifiletik olduğunu belirtmişlerdir. Haddad ve diğerleri (2018) beş yüzden fazla nükleer gen bölgesi dizileriyle yaptıkları filogenetik analizlerde, Cerambycidae s.s.'nin Distaniiedae tarafından parafiletik hale getirilmediği takdirde sekiz alt familyasını her biri iki alt familyadan oluşan dört klada ayrıldığını görmüşlerdir: (1) Spondylidinae+Lamiinae, (2) Lepturinae+Necydalinae, (3) Dorcasominae+Cerambycinae, (nükleotid dizisi ağaçlarında parafiletik) ve (4) Prioninae+Parandrinae. Bu dört kladın ilişkisi, Cerambycidae s.s.'nin yalnız analiz edildiği tüm ağaçlarda (1+ (2+ (3 + 4))) şeklinde ve monofiletiktir. Lee ve Lee (2020)'nin Cerambycinae alt familyasının ovipovisyon davranışlarıyla ilişkili evrimsel tarihini aydınlatmaya yönelik, nükleer ve mitokondriyal nükleotid dizilerini birleştirerek yaptıkları analizlerde Cerambycinae'nin Prioninae+Parandrinae ile kardeş klad olduğu sonucuna varmışlardır.

Lamiinae alt familyasından taksonları ele alan çalışmalar diğer alt familyalara nazaran daha fazladır. De Santana Souza ve diğerleri (2020) 46 tribusu nükleer ve mitokondriyal gen bölgelerini kullanarak değerlendirmişlerdir. On bir tribus hakkında tek türle temsil edildiklerinden sonuca varamamışlar, diğer 35 tribustan 11 tanesinin monofiletik, diğerlerinin polifiletik olduğunu belirtmişlerdir.

Acanthocinini tribusundan yapılan dört çalışma vardır. Berkov (2002), konak, mevsim ve bitki örtüsü özelliklerini esas alarak *Palame* cinsinin tür sınırlarını belirlemiş ve bulgularını COI dizisiyle doğrulamıştır. *Moneilema appressum*'un filocoğrafyasını mitokondriyal COI gen bölgesine dayanarak araştırdıkları bir çalışmada Smith ve Farrell (2005), Arizona, Durango, Chihuahua ve New Mexico Gök Adaları'nın ve *M. appressum*'un haplotiplerinin ayrılma zamanlarının paralel olduğu, Pleistosen'de gerçekleştiğini öne sürmüşlerdir. Raje ve diğerleri (2012), Indiana (ABD)'nin farklı bölgelerinden toplanan *Sternidius alpha* için COI gen bölgesini kullanarak yaptıkları çalışmada, iki farklı renklenme gösteren bireylerin farklı türler olduklarını ileri sürmüşlerdir. Wallin ve diğerleri (2009), Avrupa'da yayılış gösteren *Leiopus nebulosus* türünün, aslında kardeş iki türden müteşekkil olabileceği hipotezini mitokondriyal COI gen bölgesiyle sınımaşlar ve *L. nebulosus*'un, *L. linnei*'nin ve *L. nebulosus* olmak üzere iki türe ayrılması gerektiğini ifade etmişlerdir.

Bazı yazarların Monochamiini, bazılarının ise Lamiini olarak kabul ettiği tribustan, Cesari ve diğerleri (2005), *Monochamus* cinsine ait beş Avrupa türündeki mitokondriyal COI geninin tamamı ve 12S rRNA gen dizileri ile yaptıkları çalışmada *M. galloprovincialis* alt türlerinin farklılık göstermediğini, *M. sartor* ile *M. urusovi* arasında güçlü bir yakınlık olduğunu Asya'dan *M. alternatus*'un diğer türlerin bazalında konumlandığını belirtmişlerdir. Plewa ve diğerleri (2018), *M. sartor sartor* and *M. sartor urusovii* alt türlerini morfoloji, mitokondriyal COI geni çeşitliliği ve *Wolbachia* endosimbiyonları açısından değerlendirmişlerdir. Alt türler arasında genetik uzaklığın yüksek olmadığını ancak ekolojik isteklerindeki farklılıklar nedeniyle zararlı mücadelesinde ayrı ayrı değerlendirilmeleri gerektiğini ifade etmişlerdir.

Lamiini tribusunun çok sayıda cinse sahip olması nedeniyle bu tribusu konu alan çalışma sayısı nisbeten fazladır. Ohbayashi ve diğerleri (2009), Japonya'dan toplanan

örneklerle *Anoplophora*'nın COI gen bölgesini esas alarak yakın cinslerle olan akrabalık ilişkilerini araştırmış ve yakın geçmişte altı soy hattına bölündüğünü öne sürmüşlerdir. *Anoplophora* ve *Dolichoprosopus*'un ayrı, *Callophora* ve *Pseudonemophas*'ın tamamen bağımsız soy hatlarında, *Anoplophora* ve *Monochamus*'un aynı soy hattında yer aldıklarını belirtmişlerdir. Carter ve diğerleri (2009), *Anoplophora glabripennis*'in ağırlıklı olarak Çin, Kore ve Moğolistan popülasyonları arasındaki genetik varyasyonu değerlendirmek için mitokondriyal DNA ve nükleer mikrosatelitleri kullanmışlar; Çin'de popülasyonların birbirlerine karışmış durumda olduğunu belirtmişlerdir. Carter ve diğerleri (2010), *A. glabripennis*'in Kuzey Amerika, Avrupa ve Asya popülasyonlarını mitokondriyal DNA ve nükleer mikrosatelit frekanslarını değerlendirdikleri araştırmalarında ise Kuzey Amerika popülasyonlarının Çin popülasyonlarına kıyasla çok daha az genetik çeşitliliğe sahip olduklarını, Kuzey Amerika ve Avrupa popülasyonlarının Çin'den köken aldığını ve *A. glabripennis*'in birden fazla kez bu bölgelere giriş yapmış olduğunu ileri sürmüşlerdir. Nakamine ve Takeda (2008a), *Mesechthistatus* cinsinin mitokondriyal COI gen bölgesini baz alarak filogenetik analiz yapmışlar ve Japonya'da bulunan *M. binodosus*, *M. furciferus*, *M. taniguchii* ve *M. fujisanus*'un Pliosen'de ayrıldığını belirlemişlerdir. Solano ve diğerleri (2013), Kuzey Palearktik'te yayılış gösteren *Morimus* cinsinin çözülmemiş taksonomik durumunu aydınlatmak için Türkiye ve Avrupa'da yayılış gösteren *Morimus* popülasyonları içindeki ve arasındaki genetik çeşitliliği COI ve ITS2 (Internal transcribed spacer 2) moleküler belirteçleri kullanarak değerlendirmişlerdir. Toki ve Kubota (2010), mitokondriyal 16S rRNA ve COI gen bölgelerini kullanarak Japonya'da yayılış gösteren *Mecynippus*, *Monochamus*, *Anoplophora*, *Acalolepta*, *Mimorsidis*, *Uraecha*, *Annamanum*, *Psacotha*, *Eupromus*, *Dolichoprosopus*, *Xenicotela*, *Peblephaeus* ve *Apriona* cinsleri için filogenetik analiz yapmışlar *Acalolepta* dışındaki on bir cinsin monofiletik olduğu sonucuna varmışlardır.

Yukarıdaki çalışmalara ilave olarak Saperdini ve Tetraopini tribuslarından da birer çalışma vardır. Kvamme ve diğerleri (2012), Saperdini tribusundan *Stenostola ferrea* ve *S. dubia*'nın ayrı türler oldukları hipotezini sınadıkları çalışmalarında genitalya, larva morfolojisi ve mitokondriyal COI gen bölgesi için genetik uzaklığı değerlendirmişler ve morfolojik farklılıklarına ilave olarak iki tür arası genetik

uzaklığın yüksek olduğunu bu iki türü ayrı iki klad olarak değerlendirilmesi gerektiğini belirtmişlerdir. Etzler ve diğerleri (2013), Tetraopini tribusundan yeni tanımlanmış bir tür olan *Tetraopes huetheri* Skillman, 2007'in geçerliliği sınamak için morfoloji ve mitokondriyal COI gen bölgesini kullanmışlar ve *Tetraopes huetheri* Skillman, 2007'in *Tetraopes annulatus* LeConte, 1847'nin sinonimi olduğunu ilan etmişlerdir.

Cerambycinae alt familyası, Lamiinae'ye kıyasla daha az çalışılmıştır. Castalanelli ve diğerleri (2013), 2004 yılında Avustralya'nın kuzeyine yayılan Hylotrupini tribusundan *Hylotrupes bajulus*'un kökenini bulmak ve popülasyon yapısını incelemek için ITS1 (Internal transcribed spacer 1) dizisi ve mitokondriyal COI gen dizisini analiz etmişler ve bu türün en az üç bağımsız istila hareketiyle yayıldığı sonucuna varmışlardır. Hoshino ve diğerleri (2015), erkek feromon bezlerinin histolojisine ek olarak, mitokondriyal COI, ND2 (nikotinamid adenin dinükleotit dehidrojenaz 2) ve nüklear 28S rDNA bölgelerini kullanarak Cerambycinae alt familyasına ait Clytini tribusundan *Xylotrechus*'un tek bir soy hattı üzerinde toplandığını belirlemişlerdir. Drag ve diğerleri (2015), Cerambycinae alt familyasına ait Compsocerini tribusundan soyu tükenme tehlikesi altında olan *Rosalia alpina*'nın Avrupa popülasyonlarındaki genetik farklılaşmayı COI ve 8 mikrosatelit lokusu kullanarak belirledikleri bir çalışmada, bir haplotipin İç ve Güneydoğu Avrupa'da baskın olduğu ve Doğu-Batı Karpatya sınırında birbirinden farklı iki soy hattının var olduğu sonucuna varmışlardır. Grebennikov ve diğerleri (2017), Rusya'nın Uzakdoğu bölgesinden yaptıkları mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı, Spondylidinae, Lamiinae, Cerambycinae ve Lepturinae alt familyalarının analize dahil olduğu çalışmalarında Cerambycinae alt familyasından Callidiini ve Clytini tribuslarının parafiletik olduğunu belirtmişlerdir. Torres-Vila ve Bonal (2019), morfolojik olarak birbirlerinden ayrılması zor olan *Cerambyx cerdo*, *Cerambyx welensi* ve *Prinobius myardi* arasındaki ilişkiyi belirlemek için yaptıkları COI, 12S rRNA, 18S rRNA ve 28S rRNA gen dizilerine dayalı çalışmalarında, *C. cerdo* ve *C. welensi*'nin verimli döl verebildiklerini fark etmişlerdir.

Lee ve Lee (2020), nüklear ve mitokondriyal nükleotid dizileriyle yaptıkları çalışmada Callidiini, Callidiopini, Cerambycini, Cleomenini ve Phoracanthini tribuslarının parafiletik oldukları sonucuna varmışlardır. Jin ve diğerleri (2019), Hesperophanini tribusu *Stromatium* cinsinden yeni bir türü tanımladıkları çalışmalarında

mitokondriyal COI gen dizisiyle yaptıkları analizlerinde farklı bir grubu temsil eden Avustralya örneklerinin *S. barbatum*'dan ve *S. longicorne*'den farklı olan Avustralya'ya endemik aday tür olabileceğini bildirmişlerdir. Wu ve diğerleri (2020), ABD limanlarından ithalat esnasında yakalanmış ve ormanlarından örneklenmiş tribe Hesperophanini tribusundan *Trichoferus campestris* bireylerinin mitokondriyal COI, COII, COIII, Cyt-*b* (sitokrom-*b*), ND2 ve ND4 nükleotid dizilerinden tür içi filogenetik analizlerini yaptıkları çalışmada; türün üç soy hattına ayrıldığını belirtmişlerdir.

Çakmak ve diğerleri (2020), Kocaeli'nden mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı çalışmalarında, Lepturinae alt familyasından *Rhagium inquisitor* türüne ait Amerika kıtası ve Avrasya haplotipleri arasında uzaklığın %10,9 olduğunu, bunun kriptik türleşmeye işaret edebileceğini ve Kocaeli'nde Almanya, Fransa ve İtalya ile paylaşılan haplotip olduğunu belirtmişlerdir.

Raje ve diğerleri (2016), Kuzey Amerika'daki Cerambycinae, Lamiinae ve Spondylidinae alt familyadan bazı zararlı türlerini beslenme özelliklerini de dikkate alarak 12S rRNA ve COI gen bölgeleriyle birlikte analiz etmişler ve orman zararlısı olarak risk oranlarının filogenetik sinyallerle öngörülebileceğini ileri sürmüşlerdir.

Cerambycidae familyası sistematik tartışmalarının yanı sıra ekolojik ve ekonomik önemiyle de dikkat çeken bir familyadır. Ağır stres altındaki bitkilerden genç ve sağlıklı bitkilere kadar farklı yaşamsal durumlardaki canlı bitkilere saldırabilen türleri vardır (Allison ve diğ, 2004). Bazı türler, orman veya süs ağaçlarına saldırarak (Handley ve diğ, 2015), zararlı nematodları yayarak (Naves, 2007) veya işlenmiş ahşaptan beslenerek, hasara neden olurlar (Pedlar ve diğ, 2020). Dünya çapında tarım, ormancılık ve bahçecilik üzerinde ekonomik etkileri olan; çevresel sorunlara ve milyarlarca dolarlık ürün kayıplarına neden olan yaklaşık 200 türü vardır (Ślipiński ve Escalona, 2013). Son yıllarda uluslararası ticaretin artmasıyla birlikte, birçok cerambycid türü doğal yayılış alanının dışına çıkmış ve küresel sorunlara neden olmuştur (Haack ve diğ., 2010).

Fitosanitasyon önlemlerine rağmen istilaların önüne geçilememesinin en önemli sebebi cerambycidlerin, diğer orman zararlıları gibi, emtia paketlenirken ve taşınırken kullanılan ahşap paletlerin ve konteynirlerin içinde yumurta veya erken larva evresinde

yuvalanmış olarak, sınır kapılarından, gümrüklerden kolayca geçmesidir (Haack ve diğ., 2014). Deniz taşımacılığı istilacı türlerin okyanuslar gibi doğal olarak aşamayacakları coğrafi engelleri bir kaç saat içinde geçmelerini sağlayan yeni yollar ve koridorlar teşkil etmektedir (Hulme, 2009; Haack ve diğ., 2014).

Kocaeli ilinde, dünyanın birçok ülkesinden her yıl tonlarca endüstriyel odunun ve diğer ahşap ambalajlı ürünün giriş yaptığı limanlar vardır. İthal malların ve endüstriyel odunun önemli bir kısmı Kocaeli'ndeki depolarda bekletilmektedir. Dolayısıyla Kocaeli, biyogüvenliği tehdit edebilecek istilacı türlerin ülkemize giriş yaptığı bir kapı niteliğindedir. Örneğin 2015 ve 2016 yıllarında Kocaeli Limanı'nda Kamerun'dan gelen iroko ve kokoti kerestelerinde istilacı bir cerambycid türü olan *Phrynetia leprosa* tespit edilmiştir (Özdikmen ve Atak, 2017). Dahası, 143.227 hektarlık orman alanı (Kocaeli İli Arazi Varlığı, Kocaeli İl Tarım, Gıda ve Hayvancılık Bakanlığı, 2019 URL-1) ve iklim özellikleriyle istilacıların çoğalmasına olanak veren Anadolu ile Balkan Yarımadası'nın arasında olması, burada çoğalmış bir istilacının yayılmasını kolaylaştırabilir (Çakmak ve diğ., 2019).

Ahşap malzemelerde böcek bulaşıklığı tespit edildiğinde karantina listesindeki bir tür olup olmadığının belirlenmesi için hızlı ve güvenilir tür teşhisine ihtiyaç vardır, ancak özellikle larvaların limanlarda ve gümrüklerde morfolojik karakterleriyle teşhis edilmesi neredeyse imkansızdır (Allen ve Humble, 2002; Wu ve diğ., 2017). Cerambycidlerin morfolojik teşhislerindeki sıkıntılar, konvansiyonel yöntemlerle çözülememektedir. Bu nedenle son yıllarda başvurulan yöntemlerden en önemlisi, kısa sürede ve az maliyetle tür teşhisi yapmaya olanak sağlayan moleküler belirteç nükleotid dizilerinin başka bir deyişle genetik işaretçilerin kullanımınıdır. Bu amaçla sıklıkla kullanılan COI geni, filogenetik ve filocoğrafik çalışmalarda da kullanılmaktadır.

Çalışmamızda Kocaeli ilinde ormanlardan, kırsal alanlardan, limanlardan ve kereste depolarından yakalanan, Lamiinae, Cerambycinae, Lepturinae ve Spondylidinae alt familyalarına ait türlerin mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerini kullanarak yapılan analizlerle hem familyanın filogenetik sorunlarının çözümüne katkıda bulunmak hem de Kocaeli'ndeki ekonomik önemi olan türlerin diğer ülkelerdeki konspesifikleriyle olan ilişkilerini anlayabilmek amaçlanmaktadır.

1. GENEL BİLGİLER

1.1. Cerambycidae Latreille, 1802 Familyası

Vasküler bitkilerle beslenen polifaj bir klad olan Phytophaga, böcekler arasında bilinen ve 124.000'den fazla türü barındıran büyük süper radyasyon grubudur (Ślipiński ve diğ., 2011). Phytophaga'nın Chrysomeloidea üst familyası içinde Cerambycidae 4,961 cins ve 33,954 türle temsil edilmektedir (Tavakilian ve Chevillotte, 2020).

Cerambycidae üyeleri uzun antenleri, hayranlık uyandırıcı desen ve renkleriyle bilinirler. Ergin boyutu 1,5 mm ile dünyanın en küçük böceklerinden birisi olan *Decarthria stephensi* (Peck, 2016; Villiers, 1980) ve en büyük böceklerden biri olan 170 mm *Titanus giganteus* (Williams, 2001) bu grupta yer alır. Mimikri davranışları, özellikle de karınca ve eşek arılarını taklitlerindeki başarıları teşhislerini zorlaştırır (Linsley, 1961; Harris, 1987).

Türkçesi muhtemelen Almanca "Ziegenkäfer" kelimesinden çevrilerek dilimize teke böcekleri olarak kazandırılmış (Lodos, 1998), ancak bu isimden ziyade cerambycid ifadesinin kullanımı yaygınlaşmıştır. İngilizce'de yaygın kullanılan "long-horned beetles, longhorns, longicorns, long-horned wood-boring beetles" isimleri, vücutlarından daha uzun olan antenlerinden ve larvaların ağaçlarda, kerestelerde açtıkları deliklerden esinlenilerek verilmiştir (Monné ve diğ., 2017).

1.1.1. Coğrafi dağılımı

Antarktika hariç tüm kıtalarda yayılış gösterirler. Deniz seviyesinden itibaren 4200 m rakıma kadar, nerede özgün konak bitkilerini bulurlarsa, orada yaşayabilirler (Monné ve diğ., 2017). Tropikal faunada esas olarak Cerambycinae ve Lamiinae türleri baskındır ve bu alt familyalara ait türlerin %90'ı tropikaldir (Linsley, 1959). Kuzey yarımkürede yayılış gösteren Necydalinae, Lepturinae ve Spondylidinae tropik bölgelerde nadirdir ve genellikle yüksek rakımlarla sınırlıdır. Dorcasominae, Madagaskar'da çok çeşitlidir. Avustralya, Yeni Zelanda ve Pasifik adalarında sadece

dört alt familya (Prioninae, Parandrinae, Cerambycinae ve Lamiinae) bulunmaktadır (McKeown 1947; Forchhammer ve Wang 1987). Türkiye’de Lamiinae, Cerambycinae, Lepturinae, Dorcasominae, Prioninae, Spondylidinae, Necydalinae altfamilyalardan türler bulunurken, Parandrinae alt familyasını temsil eden tür bilinmemektedir (Löbl ve Smetana, 2010).

1.1.2. Genel morfolojisi

Familyanın erginleri dıştan bakışla ayırt edilebilecek bariz morfolojik özelliklere sahiptirler. Antenleri çoğunlukla belirgin tüberküller içine yerleşik, genellikle filiform, elongat ve on bir segmentlidir; nadiren serrat on iki ve daha fazla segmentli olabilir. Gözler genellikle emerjinattır (ucu çentikli), protoraksta pleural sutürlar bulunmaz, tibiada iki bağımsız tibial spur (mahmuz) bulunur. Tarsi genellikle psödötetramerdir; dördüncü tersomer üçüncü tersomerin lobları arasında gizlenmiştir. Elitra genellikle abdomeni örter, arka kanatlarda radyomedial çaprazdamarda bir spur vardır. Abdomen genellikle beş görünür sternitten oluşur, beşinci sternit tamdır (Bense, 1995; Vives, 2000; Švácha ve Lawrence, 2014).

Yumurtalar uzun, oval veya fusiformdur. Genellikle ince, esnek bir koryona sahiptir, böylece dar alanlara uyum sağlayabilirler (Gardiner, 1966; Hernandez, 1991). Larvalar yumuşak gövdeli, beyazdan sarıya değişen tonlarda, ösefalik (eucephalic), oligopodoz ila apodöz, prognath, az ya da çok elongat olabilirler. Subsilindirik ila dorsoventral olarak basık arasında değişik şekillerde olabilirler. Vücut şekli ve mekaniği büyük ölçüde hemolenf basıncına bağlıdır. Kafatası, özellikle “ağız çerçevesi” olarak adlandırılan ön kısım kuvvetle sklerotize ve pigmentlidir (Böving ve Craighead, 1931; Švácha ve Danilevsky, 1987).

Pupalar sefalik ve torasik uzantıların büyüklüğü, şekli ve oranları bakımından erginlere benzer. Erginlerde olan ikincil eşey karakterleri genellikle pupalarda belirgindir. Vücut balmumu veya süt beyazından toprak rengine kadar değişen renk tonlarında olabilir. Antenler en azından mezotoraksa kadar, genellikle de karın bölümlerine uzanır. Elitra daima tüsüzdür (Acanthocinini hariç). Karın genellikle dokuz hareketli segmente sahiptir, onuncu (ve bazen dokuzuncu) segment önceki segmentler içinde geçmiştir. Karın segmentleri VII ve VIII genellikle öncekilerden daha uzundur (Nakamura 1981; Ohbayashi ve diğ., 1992, Švácha ve Lawrence, 2014).

1.1.3. Ekolojisi ve biyolojisi

Švácha ve Lawrence'a (2014) göre, atasal Cerambycidae erginleri muhtemelen mevcut Spondylidinae, Parandinae ve Prioninae'ye benzeyen donuk, kasvetli renklerde krepüsküler ya da noktürnaldirler. Lepturinae ve Cerambycinae'nin diüurnal türlerinde Batesian mimikri yaygındır. İğneli eşekarılarını, lezzeti hoş olmayan cantroid veya meloid böcekleri taklit ederler. Aposematik görünüm için lycid böcekler, cerambycidlerdeki Batesian mimikri için ortak modellerdir (Eisner ve diğ., 2008). Lamiinae üyeleri ise dış iskeletin karmaşık deseni sayesinde kamufle olurlar (Linsley, 1959). Bazı türler çok katmanlı reflektör mekanizmalara veya fotonik kristaller tarafından üretilen yanardöner renklere sahiptirler (Umbers ve diğ., 2014).

Dimorfik türlerde genellikle erkekler daha uzun antenli, daha küçük ve dar gövdelidir. Cerambycinae türleri genellikle dimorfiktir, antenler uzun mesafeden seks feromonlarını algılayan reseptörlere sahiptirler (Švácha ve Lawrence, 2014). Cerambycidae'nin uzun antenleri dokunma tüyleri (setae) ve sensillalarla yoğun bir şekilde kaplanmış olup ve dış dünya ile etkileşimlerinde önemli rol oynar. Erginleri kimyasal haberleşmeyi, konak bitkinin uygun bir fizyolojik durumda olup olmadığını tespit etmek, yangın dumanını tespit etmek, başka türden böceklerin saldırısı altındaki bir konukçu bitki bulmak, karşı cinsi bulmak veya kendilerini avcılardan korumak için kullanırlar (Linsley, 1959; Allison ve diğ., 2004). Bu familyanın kimyasal ekolojisi kendi türünden bireylerle, konak bitkilerle ve düşmanlarla olan etkileşimleri içerdiğinden oldukça karmaşıktır (Allison ve diğ., 2004).

Doğal düşmanları çoğunlukla Braconidae familyasından larva parazitoidleridir (Austin ve diğ., 1994 ve Loni ve diğ., 2015). Bu braconidlerin çoğu konak larva üzerinde gelişen ve larval galerilerdeki ipeksi kozalarda pupa evresini tamamlayan soliter veya gregar (sürü halinde yaşayan) ektoparazitoidlerdir (Austin ve diğ., 1994). *Agrianome spinicollis* (Prioninae) ve *Phoracantha semipunctata*'nın (Cerambycinae) yumurtalarında gelişen üç tür gregar yumurta parazitoidi (Hymenoptera: Encytridae) bildirilmiştir (Millar ve diğ., 2002; Schmidt ve Noyes, 2003; Austin ve diğ., 1994). *Disterna plumifera* üzerinde gelişen *Trichopsidea oestracea* Westwood (Nemestrinidae) ve *Epithora dorsalis* üzerinde gelişen *Platyntania maculata* Macquart (Tachinidae) bildirilen dipteran parazitoidlerdir (Bashford, 1994). Çoğu cerambycid

türü cıvıltı sesleri (stridülasyon) üretebilir (Bílý ve Mehl, 1989, Schmitt, 1991). Cerambycidae'deki stridülasyonun kesin işlevi net değildir, ancak rahatsız edildiklerinde kullanıldığından ilerlediği için çoğunlukla savunmacı olduğu varsayılır (Švácha ve Lawrence, 2014).

Genellikle eşeyli olarak çoğalırlar, ancak çok nadir durumlarda bazı *Kurarus* Gressitt (Cerambycinae) (Goh, 1977) ve *Cortodera* Mulsant (Lepturinae) cinslerinde partenogenez görülür (Švácha ve Lawrence, 2014). Çiftleşme mekânı konumu, larvaların besin ihtiyaçlarına, erginlerin beslenme özelliklerine ve/veya feromonların oluşumuna bağlı olarak değişkenlik gösterebilir (Hanks, 1999).

Cerambycidae'nin yumurtlama stratejileri birkaç yazar tarafından sınıflandırılmıştır (Butovitsch, 1939; Kojima, 1959; Cherepanov, 1979; Jang ve diğ., 2015) ve sınıflandırmaları uyumlu olup beş temel kategoriye ayrılabilir: i) toprakta veya ölü köklerin yakınında yumurtlama; ii) ağaç kabuğu veya ağaç kabuğu çatlağı altında yumurtlama; iii) odun fissüründe yumurtlama; iv) alt çene kullanılarak açtıkları çukura yumurtlama ve v) salgı kullanılarak yumurtaların konak yüzeyine sabitleme ve üzerini örtmedir.

Dişileri doğrudan larvalara gıda kaynağı olacak konak üzerinde yumurtlarlar (Hanks ve Wang, 2017). Konak bitkinin türü, kısımları, dokuları ve sağlık durumu konak bitki seçimi ile ilişkili önemli faktörlerdir (Gressitt ve Rondon, 1970; Ohbayashi ve Niisato, 2007; Lim ve diğ., 2014). Konak bitkinin sağlık durumu bazı türler için, bitki türünden daha önemlidir. Örneğin dişi *Rosalia coelestis* Semenov ve *Aglaophis colobothooides* Bates ağaç türünden bağımsız olarak sadece kurumuş geniş yapraklı ağaçlara yumurtlar (Jang ve diğ., 2015). Larvaların çoğu ölü bitkilerle beslenirler ve enerji döngüsünde önemli görev üstlenirler. Bazıları ise yaşayan sağlıklı bitkilere saldırırlar. Kimi türlerde larvalar ağaçların floemlerini kazar veya öz odunu delerler. Kimi türlerde ise larvalar taze yara almış veya kesilmiş olan dalları yerler ancak bazı neotropik türler, gruplar halinde dalları kuşatarak kemirirler (Grimaldi ve Michael 2005). Larvaları çoğunlukla endofitiktir (Cherepanov, 1979), bir galeride karşılaştıkları zaman yanlışlıkla birbirlerini yemeleri dışında, sadece fitofaj veya ksilofajdır (Linsley, 1959; Hanks, 1999; Jang ve diğ., 2015; Haack, 2017).

Erginlerinden bazılarının beslenme gereksinimleri varken, bazıları beslenmezler. Yaşam uzunluklarındaki belirleyici faktör beslenip beslenmemeleridir. Buna bağlı olarak birkaç gün ila birkaç ay yaşayabilirler (Hanks, 1999). Ergin evrede beslenmeye devam eden türler çoğunlukla yaprak, dal veya gövde dokularını tercih ederken, bazı türler polenle beslenirler. Bazı Lepturinae ve Lamiinae türleri mantarlar üzerinde Lepturinae alt familyasının çoğu çiçeklerin polen, stamen ve nektarıyla beslenirken, Cerambycinae ve Lamiinae alt familyalarından bazı türler çiçeklerle beslenirler. Meyve tercih edenler Cerambycinae ve Lamiinae alt familyasındandır. Bitki kökleri ile beslenenlere örnek verilebilecek en yaygın cins ise Lamiinae'den *Dorcadion*'dur (Butovitsch, 1939).

Monofaj, oligofaj ve polifaj türler vardır. Örneğin; *Megacyllene robiniae* yalnızca *Robinia* cinsi konak bitki üzerinde beslenirken (Solomon, 1995), *Desmocerus spp.* yalnızca *Sambucus* türleri üzerinde beslenir (Burke, 1921). Polifaj olan bir tür *Neoclytus acuminatus* en az 26 cins ağaç üzerinde yaşayabilir (Linsley, 1959; Solomon, 1995; Hart ve diğ., 2013). EPPO (Avrupa ve Akdeniz Bitki Sağlığını Koruma Örgütü), 2000/29 EC (European Commission, Council Directive) ve Orman Bakanlığı karantina listelerinde olan orman zararlısı türler için de konak aralığı değişkendir. Tüm dünyada karantina listesinde olan, genç ağaçlara saldırarak ölümlerine neden olan *Saperda punctata* genellikle *Ulmus* cinsi ağaçlara bulaşır; ülkemizde de sıkça rastalanan *Xylotrechus antilope* genellikle *Quercus* cinsi ağaçlara bulaşır (Bense, 1995). Orman zararlısı olan ülkemizde de yayılış gösteren, *Rhagium bifasciculatum* 16 farklı cins ağaç üzerinde beslenebilir (Bílý ve Mehl, 1989).

1.1.4. Ekolojik ve ekonomik önemi

İstilacı türler dışında konakları konusunda çok seçici olduklarından cerambycid çeşitliliği, bir bölgedeki orman biyoçeşitliliğinin indikatörü olarak ele alınmaktadır. Orman ekosisteminde yerli cerambycid türler yangın ve fırtına gibi tahrip edici olaylardan sonra kalan ağaç artıklarının birincil çürütülmesinden sorumludurlar. Bu büyük familyadan zararlı tür sayısı yalnızca 200 civarındadır. Bazı türler bir ülkede koruma altına alınmışken, başka bir ülkede zararlı olarak değerlendirilebilmektedirler.

Örneğin, Lamiinae alt familyasından *Monochamus urussovi*, İsviçre’de koruma altında olan nadir bir tür iken, Sibirya’da önemli bir orman zararlısıdır (Evans ve diğ., 2007).

Birçok tür kendi habitatında diğer yerel türlerle uyum içinde sınırlı rekabet koşullarında yaşarken, doğal alanları dışına çıktıklarında istilacı türlere dönüşebilmekte ve yerli türlerle rekabete girip biyoçeşitliliği tehdit edebilmektedir (Hulme, 2009; Holzmueller ve Jose, 2011). İstilacılara karşı Avrupa Birliği gibi topluluklar ve ülkeler uluslararası sınır biyogüvenliğini korumaya yönelik karantina listeleri, alınacak önlemler ve uygulama yönetmelikleri oluşturmuşlardır. EPPO (Avrupa ve Akdeniz Bitki Sağlığını Koruma Örgütü), 2000/29 EC (European Commission, Council Directive), ISPM (International standards for phytosanitary measures) No. 15 Fitosanitasyon Uygulamaları, ülkemizde Bitki Karantina Yönetmeliği, bu önlem ve uygulamaların başında gelmektedir. Bu yönetmelik ve direktiflerde karantina listelerinde yer alan cerambycid türleri (URL-2) Tablo 1.1’de listelenmiştir.

Tablo 1.1. Yönetmelikler ve uygulama direktiflerinin karantina listelerindeki Cerambycidae türleri

Uygulama Direktifleri ve Yönetmelikler	Karantina Listelerinde Yer Alan Cerambycid türleri
EPPO Eylül 2016 A1: EPPO bölgesinde bulunmayan türler A2: EPPO bölgesinde bulunan fakat geniş dağılım göstermeyen türler	A1: <i>Anoplophora grabripennis</i> , <i>Apriona cinerea</i> , <i>A. germari</i> , <i>A. rugicollis</i> , <i>Aromia bungii</i> , <i>Oemona hirta</i> , <i>Saperda candida</i> A2: <i>Anoplophora chinensis</i> , <i>Aeolesthes sarta</i> , <i>Tetropium gracilicorne</i> , <i>Trichoferus campestris</i> , <i>Xylotrechus altaicus</i> , <i>X. namanganensis</i>
2000/29 EC Direktifi Tüm üye devletlere girişinin ve oralarda yayılmasının yasaklanması gereken zararlı organizmalar listesi	<i>Anoplophora chinensis</i> ; <i>Anoplophora grabripennis</i> ; <i>Anoplophora malasiaca</i> ; Avrupalı olmayan <i>Monochamus</i> türleri
3 Aralık 2011 28131 Sayılı Resmî Gazete’de yayınlanan ve Bitki Karantinası Yönetmeliği’nde 17/1/2016 tarihli ve 29596 sayılı Resmî Gazete’de yayımlanan Yönetmelik değişikliği Ek 1: İthale Mâni Teşkil Eden Karantinaya Tabi Zararlı Organizmalar Listesi	<i>Aeolesthes sarta</i> , <i>Anoplophora grabripennis</i> , <i>A. malasiaca</i> , <i>Apriona cinerea</i> , <i>A. germari</i> , <i>A. japonica</i> , <i>Aromia bungii</i> , <i>Massicus raddei</i> (Ek: RG-17/1/2016-29596), <i>Monochamus</i> spp., <i>Neoclytus</i> spp., <i>Oemona hirta</i> , <i>Saperda candida</i> , <i>Tetropium gracilicorne</i> , <i>Trichoferus campestris</i> , <i>Xylotrechus altaicus</i> , <i>X. namanganensis</i>

Tüm karantina önlemlerine rağmen, istilacı cerambycidler, küresel ticaretin var olduğu her yere yayılmaktadırlar. Buna en güncel örneklerden biri geniş konak yelpazesi olan *Anoplophora grabripennis* (Cerambycidae: Coleoptera) istilasidir. Doğal yayılış alanı Çin, Kore ve Japonya olan bu tür *Acer* spp. (akçaağaç), *Aesculus* spp. (at kestanesi), *Albizia* spp. (gül brişim), *Betula* spp. (huş), *Celtis* spp. (çitlembik), *Cercidiphyllum* spp. (katsura), *Fraxinus* spp. (dişbudak), *Platanus* spp. (çınar), *Populus* spp. (kavak), *Quercus* spp. (meşe), *Salix* spp. (söğüt), *Sorbus* spp. (üvez) ve *Ulmus* spp. (karaağaç) üzerinde yaşayabilir (Herard ve diğ., 2006, Ayberk ve diğ., 2014). *A. grabripennis* önce Amerika'ya (Nowak ve diğ., 2001), sonra da Avrupa'ya bulaşmıştır (Herard ve diğ., 2006). 2005 yılının sonlarına doğru, Avusturya ve Fransa'ya dökme demir ve taş; Almanya'ya granit ithalatı sırasında, ithal edilen malın paketlenildiği ahşap ambalaj malzemeleriyle Çin'den taşınmıştır. Avusturya ve Almanya'da ormanlara yayılmadan bertaraf edilebilmiştir. Fakat Fransa'da bifenthrin uygulaması yapılırken, erginler çevreye dağılmıştır (Herard ve diğ., 2006). Türkiye'de 2014 yılında İstanbul Zeytinburnu'nda akçaağaç (*Acer negundo*) üzerinde tespit edilmiş ve Türkiye için yeni kayıt olarak bildirilmiştir (Ayberk ve diğ., 2014). Çin'de *A. grabripennis*'le mücadele için yıllık bir buçuk milyar dolar harcanmaktadır (Hu ve diğ., 2009). Amerika kıtasında ise istilacı bir tür olduğundan mücadele için Amerika Birleşik Devletleri her yıl yaklaşık 669 milyar dolar harcamaktadır (Nowak ve diğ., 2001).

Benzer şekilde Avrupa'dan sonra ülkemize bulaşan bir diğer istilacı cerambycid türü de *Anoplophora chinensis* (Turunçgil Uzun Antenli Böceği)'dir. Bu tür Avrupa'ya Çin ve Tayland'dan gelen kerestelerle taşınmıştır (van der Gaag ve diğ., 2010; Herard ve diğ., 2006). Ülkemizde 2014 yılının haziran ayında İstanbul'da Fatih ve Zeytinburnu'nda tespit edilmiş ve karantinaya alınmış, 150 ağaç kesilmiştir (Milliyet, 2014, URL-3). Aynı tarihte İstanbul Şile Kumbaba fidanlığında *Acer palmatum*, *A. saccharum* (akçaağaç) ve *Salix caprea* (söğüt) üzerinde tespit edilmiş ve ülkemize yeni giren istilacı tür olarak bildirilmiştir (Hızal ve diğ., 2014). Son olarak, 2017 yılının mart ayında Antalya'da görülmüş ve 15 ağaç imha edilmiştir (Milliyet, 2017, URL-4). *A. chinensis* EPPO tarafından karantina A2 listesine alınmıştır (EPPO, 2020, URL-5). 17 Haziran 2014 29033 sayılı Resmî Gazete'de "Ani Meşe Ölümü ve Çam Çıralı Kanser Hastalığı ile Turunçgil Uzun Antenli Böceği ve Kestane Gal Arısı Mücadelesi Hakkında Yönetmelik" (URL-6) yayınlanmış olmasına rağmen, *A. chinensis* istilasının önüne geçilememiştir.

1.1.5. Filogenisi ve evrimsel tarihi

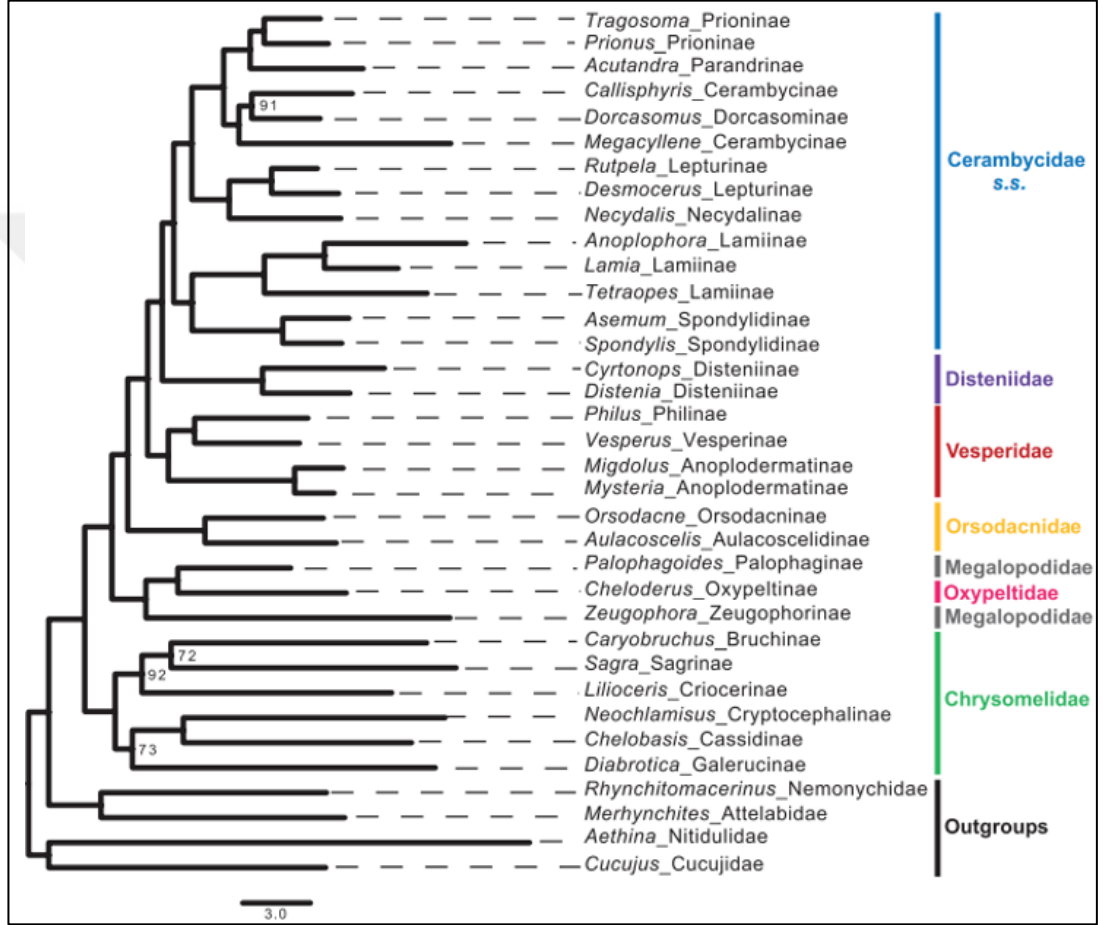
Chrysomeloidea üstfamilyasına ait fosillerin yetersizliği, Cerambycidae'nin filogenisinin aydınlatılmasını zorlaştırmaktadır (Monné ve diğ., 2017). En eski fosil kayıt Karatay'da (Kazakistan) geç Jurasik'e ait bulunan 152 milyon yaşındaki Cerambycomima'dır. Cerambycidae s.l. için bilinen en eski fosil Erken Kretase'dendir (Wang ve diğ., 2013; McKenna ve diğ., 2015). Crysomelid olarak sınıflandırılmasına rağmen uzun antenleri ve flagellomerleri ile tipik cerambycid özelliklerini taşır (Crowson, 1960). Kretase'den daha geç dönemlere ait çeşitli cerambycid fosiller Baltık bölgesinden Eosen kehribarlarında, Colorado Florissant bölgesinden Eosen-Oligosen şistlerinde ve Dominik Cumhuriyeti'nden Miyosen kehribarlarında bulunmuştur (Linsley, 1959; Grimaldi ve Michael, 2005). Cerambycomima'nın ölü ağaçlar içinde yaşamış olduğuna dair bulgular üst familya içinde en ilkel grubun Cerambycidae olduğu fikrini pekiştirmektedir (Grimaldi ve Michael, 2005). Çok kesin olmamakla birlikte bilinen en eski fosil angiosperm bu döneme ait olduğundan Chrysomeloidea ve diğer fitofaj böceklerin evriminin angiosperm evrimiyle ilişkili olduğu iddia edilmektedir (Farrell, 1998; Mitter ve Farrell, 1998; Farrell ve Sequeira 2004; McKenna ve diğ., 2009; McKenna, 2016). Bu iddia kısmen doğru olabilir, ancak cerambycidler çoğunlukla larval evrelerinde polifaj olduklarından evrimlerinde gymnosperm ve angiosperm birlikte veya dönüşümlü olarak rol oynamış olmalıdır (Gómez-Zurita ve diğ., 2007; Haddad ve diğ., 2018).

1.1.6. Alt familyalar arası ilişkileri

Cerambycidae'nin familya altı kategorilerde filogenetik ilişkileri tartışmalıdır, çünkü hangi karakterlerin atasal (plesiomorfik) olduğu kesin değildir. Lamiinae altfamilyası içindeki *Parandra* cinsinin tüm cerambycidlerin atası olduğunu varsayanlar olduğu gibi (Crowson, 1960), Vesperidae içindeki *Philinae* cinsinin ata olduğunu varsayanlar da vardır (Gahan, 1906). Başka bir görüşe göre, en ilkel grup Prioninae'dir, ardından Lepturinae gelir (Hanks, 1999). Haddad ve diğerleri (2018)'ne göre ise, Lamiinae+Spondylidinae diğer alt familyaların bazalında olan bir kladdir.

Švácha ve diğerleri (1997) larval gulayı Cerambycidae s.s. için olası bir sinapomorfi olarak önermiştir. Klasik ve moleküler verileri bir arada değerlendirerek Švácha ve Lawrence (2014), Cerambycidae s.s.'nin filogenisini (1) Prioninae + Parandrinae, (2)

[Spondylidinae + (Lepturinae + Necydalinae) + Lamiinae] ve (3) Dorcasominae+Cerambycinae olmak üzere trikotomi olarak önermiştir, ancak üç dal için de sinapomorfik bir karakter önerememişlerdir. Haddad ve diğerleri (2018) ise yalnızca moleküler verilere dayanarak dikotomik çözülmüş dört klad önermişlerdir: (1) Spondylidinae + Lamiinae, (2) Lepturinae + Necydalinae, (3) Dorcasominae + Cerambycinae, (4) Prioninae + Parandrinae (Şekil 1.1).



Şekil 1.1. Cerambycidae familyasının filogenetik ilişkileri (Haddad ve diğ., 2018)

Parandrinae ile Prioninae arasındaki ilişki geniş kabul görmektedir. İki alt familya daha önce sınırlı örneklemeyle de olsa başka yazarlar tarafından yine kardeş kladlar olarak önerilmiştir (Farrell, 1998; Farrell ve Sequeira, 2004; Gómez-Zurita ve diğ., 2007, 2008; Marvaldi ve diğ., 2009; Wang ve diğ., 2013; McKenna ve diğ., 2015). Aslında, Parandrinae'nin Prioninae altında bir grup olması mümkündür (Nearns, 2013). İki alt familya arasında larva morfolojisine bağlı olarak tutarlı bir ilişki olduğu ileri sürülmüştür. Zaten tüm bu tartışmadan yüz yıl önce ikisinin tek bir alt familya olarak değerlendirildiği görülmektedir (Craighead, 1915, 1923). Dorcasominae renk

ve desenleri gibi oldukça yüzeysel karakterler göz önünde bulundurularak Lepturinae'ye yakın ve eş olarak düşünölmekteyken Danilevski (1979) tarafından Cerambycinae'ye yakın olduđu önerilmiş ve larval karakterlerin deęerlendirilmesiyle Švácha ve diđerleri (1997) ile Švácha ve Lawrence (2014)'de bu göröş desteklenmiştir. Sýkorová 2008'de yeterli sayıda örnekleme yapamadan analiz yapmış olsa da Dorcasominae'nin Lepturinae'den uzaklıđını dođrulamış, Cerambycinae, Parandrinae ve Prioninae ile birlikte kümelendiđini göstermiştir.

Cerambycinae, larval apomorfik karakterlerinden dolayı monofiletik olarak ele alınan bir alt familyadır. Dorcasominae ve Cerambycinae birlikte apomorfik karakterleriyle ayrılmaları zor olan iki alt familyadır. Her iki alt familyada da kama hücresi (wedge cell) arka kanatta bulunmaz, evrensel olarak her ikisinde de mandibular molar skleritler yoktur (ki bunlar Lepturinae'de ve Necydalinae'de ortakdır) (Švácha ve Lawrence, 2014). Bu iki kladın birlikteliđi Haddad ve diđerleri (2018)'de dođrulanmıştır (Şekil 1.1).

Lepturinae ve Necydalinae'nin yakın iliřkili olduđu da genel olarak kabul görmektedir. Hatta bazı arařtırmacılar Necydalinae'yi Lepturinae'nin bir tribusu olarak ele almaktadırlar (Linsley, 1940; Linsley ve Chemsak, 1972; Napp, 1994; Monné, 2006). Necydalinae arka kanatları uzunluđu ve tipik olarak Hymenoptera'ya taklit etmesiyle çođunlukla yanlış sınıflandırılmaktadır. Bu alt familya için en fazla örnekleme yapan Sýkorová (2008)'dir (üç tür) ve ayrı bir klad olarak çözümlenmiştir. Švácha ve Lawrence (2014) Lepturinae için larval pronatal lateral çizgilerin indirgenmiş veya tamamen ortadan kalkmış olmasını olası bir larval apomorfi olarak önermişlerdir.

Spondylidinae ve Lamiinae kladı, arařtırmacıların çeliřkili fikirlere sahip oldukları bir kladdedir. Bu yakın iliřkiyi Crowson, 1955'te ergin morfolojisine dayanarak önermiş ancak bu karakterler zaten plesimorfik olduklarından kabul görmemiştir (Danilevsky, 1979; Švácha ve Danilevsky, 1987). Yalnızca bir larval sinapomorfi kabul edilebilir bulunmuştur; ki bu karakter erginde iki çift lateral çizgiye dönüşecek olan dorsal ampullae'nin yarıklanmış retraktörler kaslarıdır (Švácha ve Danilevsky, 1987). Aynı karakter Necydalinae'de de vardır, ancak kas yarıklanması farklıdır (Švácha ve Lawrence, 2014). Bununla birlikte, Spondylidinae ve Lamiinae'nin kardeş kladlar

olduđu bazı alıřmalarda elde edilen filogenetik ađalarda (G3mez-Zurita ve diđ., 2007, 2008; Marvaldi ve diđ., 2009; Wang ve diđ., 2013) 3ne s3r3lm3řt3r. B3y3k alt familya Lamiinae hem ergin hem de larva karakterlerinde ok eřitlenmiřtir. Larvalarda ilkel bacaklar, eklemde yuvarlanan derin bir dorsomedyan intrakraniyal kret tařıyan elongat kraniyum, indirgenmiř ve hareketsiz maksiller kardo; ergin planında, dik veya geri ekilen frons, asimetrik mezonotal karina gibi karakterler, Lamiinae'yi tanımlamayı kolaylařtırırken, morfolojik karakterlere dayanarak en yakın akrabasını belirlemeyi zorlařtırır (řv3cha ve Lawrence, 2014). Her ne kadar Spondylidinae larva ve ergin planı nispeten genel cerambycid 3zelliklerini temsil etse de Spondylidinae'de larval ve ergin sinapomorfilerini listelemek zordur, hatta bazı Spondylidinae ve Cerambycinae 3yeleri ođunlukla birbirine karıřtırılmaktadır (řv3cha ve Lawrence, 2014).

Morfolojiyi esas alan arařtırmacılar ise Lamiinae'yi sıklıkla Cerambycinae ile iliřkilendirilmiřtir, fakat bu yaklařımlar yanlıř yorumlanmıř ergin karakterlerine dayanmaktadır (řv3cha ve Lawrence, 2014). Eleřtirel olarak tartıřılan Napp (1994)'in belirlediđi karakterlere ilave olarak "b3l3nmemiř" mezonotal strid3lat3r plaka Linsley (1961) tarafından ortak bir karakter olarak listelenmiřtir. Oysa ki, tipik olarak Cerambycinae'deki b3l3nmemiř plaka, medyan mezonotal endokarinanın g3r3nmeyiřinden kaynaklanır. Lamiinae'de endokarina yanlamasına kaymıř ve asimetriktir (Crowson, 1955; řv3cha ve Lawrence, 2014) ve bazı Cerambycinae 3yelerinde de endokarina g3r3n3rd3r (řlipiński ve Escalona, 2016).

1.2. Cerambycidae Latreille, 1802'nin Alt Familyaları

1.2.1. Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825

Cerambycidae iinde 2.964 cins ve 20.000'den fazla t3r sayısıyla en b3y3k alt familyadır (Tavakilian ve Chevillotte, 2020). D3z y3zld3 (facet-faced) olarak nitelendirilirler. Lamiinae tribuslarının ođu XIX. y3zyılda 3nerilmesine rađmen alt familyanın cins d3zeyi 3zerinde sınıflandırılması 2020 yılına dek filogenetik kriterler altında deđerlendirilmemiřtir (Souza ve diđ., 2020). Lamiinae'nin sınıflandırılması hakkında nispeten daha sađlam bir fikir birliđi vardır. Lamiinae t3rlerinin b3y3kl3k, řekil ve integument desenleri y3ksek deđiřkenlik g3sterir.

Sadece 2 mm uzunluğunda olan, *Cyrtinus pigmaeus* (Haldeman) ve 80 mm'ye kadar ulaşabilen en büyük ve en süslü *Acrocinus longimanus* (Linnaeus) palyaço böceği bu gruptadır (Monné ve diğ., 2017).

Tüm biyocoğrafik bölgelerde (Antarktika hariç), yaklaşık 4.000 m rakıma kadar bulunabilir (Monné ve diğ., 2017). Özellikle tropik ve subtropik bölgelerde çeşitliliği fazladır. Çoğu bölgede Lamiinae en zengin alt familya olsa da Avustralyan, Neartik ve Neotropikal bölgelerde Cerambycinae'den sayıca azdır (Forchhammer ve Wang 1987).

1.2.1.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri

Küçükten büyüğe, uzundan toparlağa değişen bir gruptur. Baş dikey veya geri çekilmiş ve hipognat, posteriora doğru genal çizgi; antenler gözler arasında frons üzerinde yüksek yerleşmiş; ikinci antenomer küçük; gözler ince, kaba faset veya emerjinat sıklıkla bölünmüş; labrum serbest; mandibül sivri molar plakasız ve kılsız saçaksız kesici kenarlı; maksilla ve labium iyi gelişmiş; palpinin son segmenti tepeyi işaret eder, ligula membranöz; mentum trapezoidal; gula genellikle kısa bir intermaksiller uzantıya sahiptir. Pronotumda lateral marjin yoktur; prokoksalar globoz veya subkonikal, kavitalar genellikle eksternal olarak angulat, genellikle tam bir endokarina ve bölünmemiş bir stridülatör plakalı mezoskutum vardır. Mezokoksalar genellikle epimeraya açıktır. Bacaklar genellikle kısa; protibialarda oblik bir internal mezial sinüs var; mezotibia genellikle oblik bir eksternal sinüse sahip, tibial mahmuzlar (spur) kısa; tarsi psödotetramer, üçüncü tarsomer genişleyerek dördüncü tarsomeri örter; tarsal pençeleri divarikat (ayrık), ıraksak, apendikul veya bifid (iki eş parçalı); empodyum yoktur (Ślipiński ve Escalona, 2013).

1.2.1.2. Biyolojisi

Lamiinae alt familyasında çoğu türün erginleri, kaba faset gözlerinden de anlaşılacağı gibi noktürnal veya krepüskülerdir. Çiçekçil beslenen türleri vardır. Hemen hemen tüm türlerde erginler çiftleşmeden önceki ortalama yedi gün içinde beslenirler (Hanks, 1999). Erginlerin çoğu larval konaklarının yaprakları veya kökleriyle beslenirler. *Acanthocinus* ve *Monochamus* gibi bazı türler koniferlerin kozalak veya iğne yapraklarıyla beslenirler, birkaçı polen, stamen, nektar, mantar, organlarındaki, nektar,

mantar veya fermente ağaç sızıntılarıyla beslenir (Butovitsch, 1939). Beslenmeyen taksonlara nispeten daha uzun olan aktif ergin yaşam süresi haftalardan aylara kadar değişebilir Her iki cinsiyette de sıkça rastlanan bir durum olan uçma kabiliyetinden yoksunluk evrimsel olarak birden fazla kökenden gelir (Ślipiński ve Escalona, 2013).

Bu taksonda erkeklerin ürettiği uzun menzilli agregasyon feromonları tanımlanmıştır (Mitchell ve diğ., 2011; Hughes ve diğ., 2016; Meier ve diğ., 2019; Meier ve diğ., 2020). Erginler genellikle mandibullarını kullanarak gövdelerin veya dalların kabuğunda yumurtlama bölgelerini hazırlarlar (Linsley ve Chemsak, 1984; Wang ve Chiang, 1991). *Oncideres* cinsinde ebeveynler ve akrabalar dalları kuşatır ve daha sonra yumurtalar bırakılır. Böylece larvalarının gelişebileceği taze öldürülmüş doku sağlanmış olur (Linsley ve Chemsak 1984; Cordeiro ve diğ., 2010). Dişiler asla havasız tahtada yumurtlamazlar (Švácha ve Lawrence, 2014).

Çoğu Lamiinae larvaları canlı veya yakın zamanda ölmüş bitkilerle beslenir. Çoğu *Anoplophora*, *Apriona* ve *Monochamus* türleri gibi odun kurutuculardır (Hanks, 1999). Bazı *Dorcadion*, *Tetraopes* ve *Phytoecia* türleri ise otsu bitkilerle beslenirler. Çoğu tür, zemin seviyesinin üzerindeki bitki dokuları ile beslenirken, bazıları kökleri tüketir (Ślipiński ve Escalona, 2013). Bazı türlerin yaşam döngüsünü tamamlamak için iki ve nadiren üç yıla ihtiyacı olmasına rağmen, çoğu tür yılda bir nesil verir. Tropikal türlerde gelişim çok hızlı olabilir; örneğin, *Steirastoma breve* (Sulzer) yılda dört nesil (Kliejunas, 2001) ve *Glenea cantor* ise beş nesli tamamlayabilir (Lu ve diğ., 2011). Toprakta yaşayan larvalar dışında, pupa hemen hemen her zaman konakta oluşur. Birçok türü dünyanın önemli orman ve kereste zararlıları arasındadır (Wang ve Chiang, 1991; Hanks, 1999; Ślipiński ve Escalona, 2013; Švácha ve Lawrence, 2014).

1.2.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1802

Cerambycinae, 1.757 cins ve 11.200'den fazla türle Cerambycidae'nin en büyük ikinci alt familyasıdır (Bouchard ve diğ., 2011; Monné, 2012; Tavakilian ve Chevillotte, 2020). Tüm zoocoğrafik bölgelerde yaygındır, ancak Avustralya, Nearktik ve Güney Neotropikal bölgelerde diğer alt familyalara kıyasla daha fazla türle temsil edilir (Forchhammer ve Wang, 1987). Türlerin morfolojik çeşitliliği nedeniyle sınırlarının ve ilişkilerinin belirlenmesi zordur (Napp, 1994; Švácha ve Lawrence, 2014).

1.2.2.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri

Boyutları değişen elongat böceklerdir. Baş subvertikal, gözlerin arkasında nadiren daralmış; antenler frons üzerinde gözler arasında yüksek yerleşimli, genellikle çok uzamış, ikinci antenomer kısa; gözler reniform, genellikle antenin yerleşim bölgesinin etrafını sarmalar; molar plakası olmayan sivri mandibüller, kesici diş kenarında tüylü saçak veya kıllar olabilir ya da olmayabilir; maksilla ve labium değişken, lacinia genellikle iyi gelişmiştir, mentum genellikle trapezoidal; submentum bazen maksillaların kaideleri arasında kısa bir uzantı şeklindedir. Pronotumda lateral marjin yoktur, prokoks nadiren belirgin, genellikle yuvarlak, kavimler değişken; notosternal sütür nadiren tam, genellikle belirsiz veya eksik, anteriorda veya yok; medyan endokarinal mezoskutum; stridulatör plaka mevcut varsa bölünmemiştir. Elitra genellikle kısalmaz; arka kanatların anal kısmında kapalı hücre yoktur, radyal hücre kapalıdır. Orta derecede uzun bacaklar; mezial sinüslü protibialar; tarsi psödötetramerik, altından yastıklı, üçüncü tarsomere genişlemiş, dördüncü tarsomeri kaplayan bilobludur, empodyum küçüktür veya yoktur (Ślipiński ve Escalona, 2016).

1.2.2.2. Biyolojisi

Erginler, koyu noktürnal formlardan parlak renkli mimetik diürnal formlara kadar değişen özelliktedirler (Švácha ve Lawrence, 2014). Linsley (1962) bu alt familyayı erginlerin günlük aktivite kalıplarına göre diürnal, noktürnal veya krepüsküler olmak üzere iki gruba ayırmaya çalışmıştır. *Callidiopini*, *Gracilliini*, *Opsimini*, *Methiini* ve benzerlerinden birçok tür erginleri noktürnalken; *Aphneopini*, *Callidiini*, *Cleomenini*, *Clytini*, *Molorchini* cinslerinden çoğu türün erginleri diürnaldir (Wang ve diğ., 1998). Bazı türlerde ergin evrede beslenme devam eder. Aktif erginlerin çoğu polen ve nektarla beslenir, *Trachyderini* tribusu gibi bazı *Cerambycinae* erginleri ise meyveyle beslenir (Švácha ve Lawrence, 2014). Erginler, beslenip beslenmediklerine bağlı olarak bir hafta ila birkaç ay yaşayabilir. Erkeklerde üretilen uzun menzilli seks ve agregasyon feromonları birçok türünde tanımlanmıştır (Imrei, 2013; Hanks, 2007; Hanks, 2019).

Çiftleşme larva konakları veya ergin beslenme muntikasında meydana gelebilir. Yumurtalar larval konak bitkilerinin yüzeyine, yaralara veya kabuk yarıklarının altına bırakılır. Her dişi yaşamı boyunca düzinelere ile yüzlerce yumurta bırakabilir (Hanks,

1999). Larva ağız parçaları sert odunlar için uygundur; larvaların çoğu yumuşak çürümüş ahşapta ve toprakta bulunmaz. Yumuşak bitkilerde beslenen türler nadirdir (Švácha ve Lawrence, 2014). Birçok türün larvaları ölü (çürümüş değil) bitkilerle beslense de çoğu tür muhtemelen sağlıklı, zayıflamış veya stresli canlı bitkileri tercih eder (Hanks, 1999). Cerambycinae türlerinin larva konak yelpazesi hem angiospermiler hem de gymnospermileri kapsayacak derecede geniştir (Haack, 2017), oligofaj ve polifaj türler çoğunluktadır. Larvalar, konukçu bitkilerin dallarında ve gövdelerinde delik açarlar (Haack, 2017) ve bazen köklere girerler (Wang ve diğ., 1998). Olgun larvalar genellikle konak bitkiyi terk etmez. Yaşam döngüsü bir ila dört yıl arasındadır. Ağaç, endüstriyel odun ve kütük zararlısı olan türleri vardır (Haack, 2017).

1.2.3. Alt familya: Lepturinae Latreille, 1802

Lepturinae alt familyası, dokuz tribus altında 210 cins ve 1.500'den fazla türe sahiptir. Bu alt familya, Kuzey yarımkürede, özellikle Holarktık'te hakimdir. Birkaç tür Afrotropikal, Avustralyan, Neotropik ve Oryantal bölgelere yayılmıştır (Monné ve Monné, 2008; Švácha ve Lawrence, 2014).

Audinet-Serville 1835 Lepturinae (Lepturètes)'nin tanımlanmasına yönelik bazı karakterler belirlemiştir. Ancak bu alt familyanın morfolojik ve biyolojik karakterlerindeki yüksek çeşitlik filogenetik ilişkilerin çözümünü karmaşık hale getirmektedir. Swaine ve Hopping (1928), Hopping (1937) ve Hopping ve Hopping (1947) tarafından yapılan revizyonlarda tespit edilen sorunlar taksonomik sorunlar, hala çözülememiştir (Linsley ve Chemsak, 1976).

Orman ekosisteminde ergin lepturinlerin rolü çiçeklerin tozlaşmasını (Sakakibara ve diğ., 1998; Gosling 2017), larvalarınki ise ölü ve çürümekte olan ağaçların ayrışmasını kolaylaştırmaktır (Kato ve diğ., 1990). Bu nedenle lepturinler orman zararlıları olarak değerlendirilmemektedirler (Linsley, 1959).

1.2.3.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri

Küçük ila orta, uzun veya tıknaz böceklerdir. Baş oblik, nadiren subvertikal, kademeli veya aniden gözlerin arkasında daralmış; antenler gözlerin önüne veya arasına yerleşmiş, mandibul bazalından bariz şekilde ayırık, orta derecede uzun, ikinci antenomer kısa, transversal; gözler oval veya emerjinat, genellikle bütün, ince veya kaba faset; mandibullar genellikle düz, akut, molar diş ve yoğun tüylü ve saçaklı, maksilla ve labium iyi gelişmiş; palpinin son segmenti apekte trunkat; ligula emerginat, sıklıkla bilobal, membranöz veya kösele benzeri; mentum düz, genellikle trapezoidal; gula ayırık olarak maksillaların bazalları arasına uzanır. Pronotum yanıl karinadan yoksundur; prokoksalar belirgin, konik, kavimler eksternal olarak angulat ve genellikle posteriorda açılır; mezoskutumda genellikle tam bir medyan endokarina ve bölünmüş bir stridülatör plaka vardır; mezokoksıl boşluklar epimeraya açılır; metepisterna geniş, genellikle posteriorda daralır. Elytra genellikle posteriorda daralır, nadiren kısaltılmıştır, uçları deęişkendir; arka kanatlar apekte katlanmış, anal sektörde kapalı hücre bazen var bazen yoktur, radyal hücre kapalıdır. Bacaklar ince; protibialarda mezial sinüs bulunmaz, tarsi psödötetramer, altında pedler vardır, (bazen ilk tarsomerde eksik pedler); pençeler orta derecede iraksaktır, empodyum deęişkendir (Wang, 2017; Švácha ve Lawrence, 2014).

1.2.3.2. Biyolojisi

Erginler genellikle polen ve nektar beslemeye adapte olmuş baş ve ağız parçalarına sahiptirler. Çoęu diürnal çiçek ziyaretçileridir. (Linsley, 1961; Linsley ve Chemsak, 1972; Bond ve Philips, 1999; Gosling ve Gosling, 2017; Taki ve dię., 2013; Švácha ve Lawrence, 2014). Erişilebilirliğine baęlı olarak, çiçeklerin saplarını, çalıları, ağaçları ve dięer yeşil bitkileri de beslenmede kullanabilirler (Gosling ve Gosling, 2017). *Rhagium* cinsi üyelerinin baęırsaklarında mantar sporu ve polenle beslenebilir (Samuelson, 1994). *Enoploderes sanguineum* Faldermann ve *Centrodera spurca* (LeConte) gibi krepüsküler veya noktürnal erginler de çiçek ve polenle beslenebilirler (Danilevsky ve Miroshnikov 1981).

Çiftleşme genellikle çiçekler üzerinde gerçekleşir. Dişilerde üretilen seks feromonları daha önce kanıtlanmış olmasına rağmen (Linsley 1961), ilk kez *Ortholeptura Casey* (Ray ve dię., 2011) ve *Desmocerus Serville* (Ray ve dię., 2012) cinslerinde

tanımlanmıştır. Dişiler genellikle yumurtalarını larval besin üzerine bırakırlar (Linsley 1961). Yaşam döngüsü birkaç aydan birkaç yıla kadar sürer (Linsley, 1961; Švácha ve Lawrence, 2014).

1.2.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

Bu alt familya, beş tribus, 32 cins altında yaklaşık 160 tür içerir ve tüm coğrafik bölgelerde yayılış gösterirler. Švácha ve Lawrence (2014), yalnızca 20 cinsi kabul edip; Spondylidini ve Asemini tribuslarının Neotropikal ve Oryantal temsilcileri de olmakla birlikte genel olarak Holarktal olduğunu öne sürmektedirler. Avustralyan (Wang ve Leschen, 2003), Afrotropikal (Adlbauer, 2001) ve Neotropikal (López ve diğ., 2008) birkaç tür tanımlanmıştır. Anisarthrini tribusu Palearktik ve Afrotropik; Saphanini çoğunlukla Palearktik ve Nearktik; Atimiini ise Palearktik, Nearktik ve Oryantal bölgelerde yayılmışlardır. Spondylidinae'nin diğer alt familyalarla olan ilişkileri tartışmalıdır (Monné ve diğ., 2017). Spondylidinae Thomson (1860) tarafından Anoplodermatinae'ye yakın akraba olarak değerlendirilmiş olsa da Audinet-Serville (1832) tarafından Prioninae ile daha yakın olduğu düşünülmüştür. Larvanın morfolojisine göre, Craighead (1923), Duffy (1960), Švácha ve Danilevsky (1987), *Spondylis*'i Aseminae'ye dahil etmişlerdir. Mevcut sistemde, Asemini, Atimiini, ve Spondylidini tribusları Spondylidinae'ye dahil edilmiştir (Monné ve diğ., 2017).

1.2.4.1. Morfolojisi ve apomorfik karakterleri

Orta büyüklükte, uzun ve güçlü vücutları vardır. Baş geniş, eğik (oblik), şakaklar (temple) belirsiz, gözlerin arkasına doğru daralma olabilir. Ağız parçaları orta ila kuvvetli oblik; frontoclypeal suture tam veya bir şekilde orta kısmı yok olmuş, postclypeus transversalden, kısa bir üçgen formuna kadar değişken şekillerde, protentoryal çukurlar çoğunlukla ayırık, sublateralden dorsal/frontala değişen; anteclypeus küçük, Spondylidini'de çok kısa; labrum ayırık fakat genellikle kısa ve transversal, anten soketleri geniş bir şekilde ayırık, Anisarthrini, Saphanini ve Atimiini'de yanal mandibular kondilden (uç yumrusu) nispeten uzak ve Asemini ve Spondylidini'de kondile daha yakın ve hafifçe öne bakan; gözler çok büyük ila çok küçük, az veya çok emerginat, güçlü bir şekilde daraltılmış veya tamamen bölünmüş olabilir; Saphanin dalında, gözler mandibular eklem ve anten yuvası arasında doğru hafifçe çıkıntı yapabilir. Pronotum karinası yükselmemiştir, prosternal uzantı

mevcuttur, prokoksal boşluklar değişken internalde kapalı, posteriorda açık veya kapalı, ancak lateral prokoks ve trokantin kısmen de olsa açıktadır. Mezokutumda medyal endokarina vardır ve eğer varsa stridülatör plaka bölünmüştür. Mezokoksal boşluklar çoğu türde açıktır, Atimiini'de dar bir şekilde yanal olarak kapanır. Elytra paralel kenarlı, tepeleri yuvarlanmış, arka kanatlarda kenar hücreleri vardır. Bacaklar kısadır; femur basık, protibia mezial sinüsten yoksun, apeks geniş terminal lamelli; tarsi psödötetramer, pençeler ayrık, empodyum küçük ve bisetözden belirsiz değişkendir; bacaklar Spondylidini'de özelleşmiştir, kısa ve kalın, dentat tibia hafifçe basıktır, tarsal pedler biraz küçülmüştür ve dördüncü tarsomer genişlemiştir (Švácha ve Lawrence, 2014).

1.2.4.2. Biyolojisi

Saphanini ve Anisarthrini tribuslarından cinslerin neredeyse tamamı yalnızca angiospermlerin ölü odunlarıyla beslenirler. Bunlar arasında sadece *Saphanus* cinsinin kozalaklı ağaçlar üzerinde beslendiği kaydedilmişken, diğer üç tribusun tüm üyeleri ise kozalaklılarda beslenir.

Asemini ve Spondylidini genellikle kabuksuz odun üzerine yumurtlamaz ve en azından larval dönemin başlangıç safhası genellikle kabuk altında geçirilir; *Tetropium* larvanın beslenmesi yeni ölmüş veya canlı ağaçlarda tamamen subkortikaldir (Heliövaara ve diğ., 2004). Birçok Asemini'nin larvaları konukçu ağacın yeraltı kısımlarına nüfuz edebilir. Spondylidini üyeleri kökle beslenirler, larvalar olgunlaştıkça ağaçların distal köklerinden ağaç tabanına doğru yaklaşırlar böylece erginleştiklerinde toprak zeminindeki köklerden veya kütük tabanlarından yüzeye çıkarlar. *Spondylis* dişisi toprağa girer ve doğrudan kök kabuğuna yumurtlar. Hiç birisi pupa evresinin sonuna kadar gıda kaynağının dışına çıkmaz (Cherepanov, 1979). Bilinen Atimiini üyeleri çoğunlukla pupa odacıklarının içinde veya dışında erginleşmiş olarak kışlarken, diğer taksonlar kışı larva olarak geçirir. Erginler ağırlıklı olarak krepüsküler veya noktürnal, genellikle koyu renkli, beslenmeyen ve kısa ömürlüdür.

1.3. Mitokondriyal ve Nükleer Gen Bölgelerinin Ekonomik, Ekolojik ve Sistemik Sorunların Çözümünde Moleküler Belirteç Olarak Kullanımı

Filogeni, taksonlar arasındaki evrimsel geçmişin oluşturduğu örüntüyü açıklamak için yaşayan ve fosil organizmaların gözlemlenmesi ve yorumlanması esasına dayanır. Böcekler için morfolojik benzerliklerin değerlendirilip, karakterlerin farklılık derecesine göre düzenlenen taksonomik kategoriler günümüzde sorgulanmaktadır. Ancak, hala sınıflandırmada morfolojik karakter temel alınarak düzenlenmiş taksonlar ve tür isimleri kullanılmaktadır. Morfolojik karakterlerin yanı sıra fizyoloji, davranış gibi özellikler de akrabalık ilişkilerini belirlemede kullanılan yöntemlerdir (Avisé, 2004). Son yıllarda moleküler birikimin artması, polimeraz zincir reaksiyonundan ekonomik ve fazla sayıda DNA kopyalarının elde edilebilmesi, DNA dizi analizinin yaygınlaşması ve görece büyük boyutlarda analizler yapmaya fırsat sağlayan biyoinformatik programlarının geliştirilmiş olması, akrabalık örüntülerinin belirlenmesinde moleküler yöntemlere yönelimle sonuçlanmıştır (Lemey ve diğ., 2009).

Nükleotid dizilerinin kullanımı, tüketici sağlığı (Lowenstein ve diğ., 2010), vektör varlığı (Günay ve diğ., 2015), sınır biyogüvenliği (Collins ve diğ., 2012; Wu ve diğ., 2017), gibi resmi ve hukuki konularda kullanışlı olduğu gibi, uygun gen bölgeleri seçildiğinde kriptomik türün ortaya çıkarılması ve taksonomik sorunların çözümünde de kullanışlıdır (Berkov, 2002; Günay ve diğ., 2015).

DNA barkodlama, kısa, standart gen bölgelerinin nükleotid dizilerindeki nükleotid çeşitliliğini kullanarak tür teşhisi yapmayı ve yaşayan toplulukların büyüklüğünü ortaya koymayı hedefler (Hebert ve diğ., 2003; Ratnasingham ve Hebert, 2007). Hedef türlerin morfolojik teşhisinde zorluklar yaşıyorsa moleküler yaklaşımlar daha da önemli hale gelmektedir. DNA barkodlama ergin öncesi evrelerde uygulanabildiği için, korunmuş larval karakterin tür teşhisinde yarattığı karmaşanın üstesinden gelmesini olası kılan kullanışlı bir araçtır (Wu ve diğ., 2017).

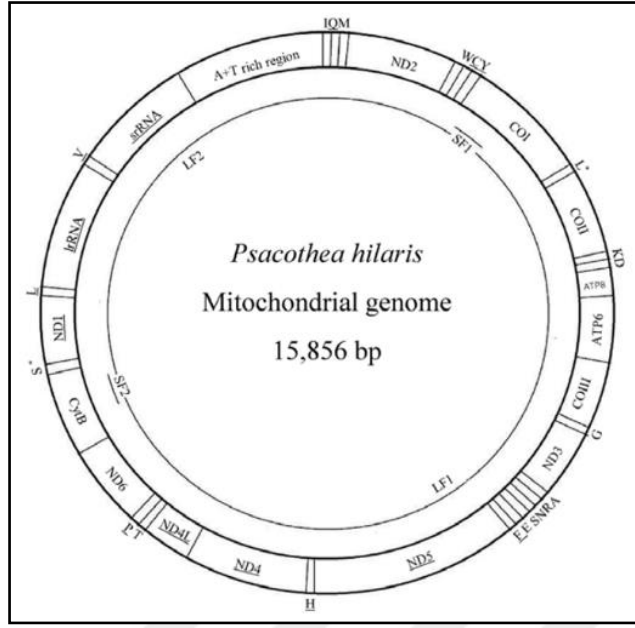
Bilinmeyen türlerin teşhisi hem uzmanlar hem de uzman olmayan kişiler tarafından halka açık nükleotid dizisi veri tabanları yardımıyla yapılabilir. Tüm verimliliğine rağmen barkodlama, önemli bir faktörle sınırlanmaktadır. DNA barkodlarının kullanılabilirliği, veri bankalarına hedef organizmanın gen bölgesinin teşhiste uzman

arařtırıcılar tarafından daha önce yüklenmiř olmasına baėlıdır (Collins ve Cruickshank 2013). COI bölgesine dayalı DNA barkodlamanın Coleoptera'ya uygulanması henüz Diptera, Hymenoptera ve Lepidoptera'ya kıyasla yetersizdir (Boykin ve diė., 2012; Woodcock ve diė., 2013).

Moleküler belirteçlerin seçimi, çalışılacak taksonomik seviyeye göre deėişkenlik göstermelidir. Bir takson için ayırıcı olan gen bölgesi, başka bir takson için ayırıcı olmayabilir. Deėişkenliėi yüksek olan bölgeler alt kategorileri ayırmada daha elverişliyen, az deėişken bölgeler üst kategorileri ayırmada elverişlidir. İşaret bölgenin seçiminde dikkat edilmesi gereken husus, çözülmek istenen sistematik sorunun hangi kategori seviyesinde olduėudur (Hwang ve Kim, 1999; Banks ve Whitfield, 2006). Mitokondriyal DNA, genomik DNA'ya kıyasla daha hızlı deėişir. Mitokondriyal genler, cins, tür ve popülasyon düzeyindeki filogenetik analizlerde kullanışlıdır (Liu ve Beckenbach, 1992; Najavas ve diė., 1996; Frati, 1997).

1.3.1. Mitokondriyal sitokrom c oksidaz-I (COI) gen bölgesi

Hayvanlar alemi üyeleri için birincil barkod bölgesi olarak önerilmiştir (Hebert ve diė., 2003). Daha sonra yapılan çalışmalarla, COI bölgesinin hayvanlar alemi için tür düzeyinde ayırıcı gücü test edilmiş ve verimli olduėu kanısına varılmıştır (Dincă ve diė., 2011; Hebert ve diė., 2013; Zahiri ve diė., 2014; Chen ve diė., 2015; Dincă ve diė., 2015; Hausmann ve diė., 2011; Hebert ve diė., 2010; Hebert ve diė., 2016; Huemer ve diė., 2014; Mutanen ve diė., 2016; Yang ve diė., 2016). Ancak teşhis edilmeye çalışılan hayvan türleri çok yakın akraba olduėu durumda ayırım gücü düşük kaldığından ilave gen bölgelerinin de kullanılması gerekebilmektedir (Ratnasingham ve Hebert, 2007). Wu ve diėerleri (2017), COI'nin %1 eşik deėeriyle cerambycidlerde tür düzeyinde ayırıcı olduėunu ortaya konmuştur. Çalışılan taksona özgü deėerlendirme yapabilmeyi kolaylařtırmak için Hebert ve diėerleri (2004), 10X kuralını tanımlamışlardır. Bu kurala göre türler arası mesafe tür içi mesafenin yaklaşık 1/10'u kadar olmalıdır. Ayrıca mitokondriyal COI gen bölgesi, maternal kalıtımla aktarıldığından göç yollarının izlenmesinde de kullanılmaktadır. Bu nedenle filocoğrafik çalışmalarda da bilgi vericidir (Moritz, 1994; Roderick, 1996; Hurst ve diė., 2005).



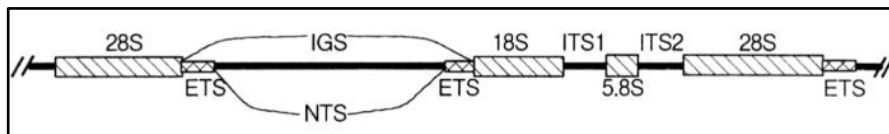
Şekil 1.2. *Psacothea hilaris* (Coleoptera:Cerambycidae) mitokondriyal DNA genlerinin yerleşimi (Kim ve diğ., 2009)

1.3.2. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi

Mitokondriyal DNA, genomik DNA'dan daha hızlı değişim gösteriyor olsa da mitokondrideki ribozomal genler, diğer bölgelere nazaran daha fazla korunmuşlardır. Bu nedenle tür üstü kategorileri ayırmada kullanılabilirler. 12S rRNA geni şube ve altşube seviyesindeki ilişkileri ortaya koymada kullanışlıyken (Ballard ve diğ., 1992), 16S rRNA geni, familyadan cinse kadar farklı seviyelerde ilişkileri ortaya koymada kullanılabilir (Black ve Piesman, 1994; Kambhampati ve Smith, 1996).

1.3.3. Nüklear 28S rRNA gen bölgesi

Nüklear 28S rRNA geni (Şekil 1.3), nüklear 18S rRNA genine kıyasla daha uzundur ve daha fazla çeşitlilik gösterir. Barındırdığı divergent domeynler ya da uzama segmentleri, filumlar arasında çeşitlilik gösterir.



Şekil 1.3. Nüklear rRNA geninin ardışık tekrar biriminin şematik gösterimi (Hwang ve Kim, 1999)

Takım ve familya seviyesinde ayıricılıđı yksektir. Cerambycidae'nin de dahil olduđu bazı graplarda D1 ve D2 domeynleri cins seviyesine kadar bilgi sađlayar (Friedrich ve Tautz 1997, Hwang ve Kim, 1999). Fitofaj bcekler iin alt familya ve tribus seviyelerinde ayıricıdırlar (Farrell ve diđ., 2001; Gillespie ve diđ., 2004; Gmez-Zurita ve diđ., 2005; Gmez-Zurita ve diđ., 2007).



2. MALZEME VE YÖNTEM

2.1. Saha Çalışması ve Morfolojik Teşhis

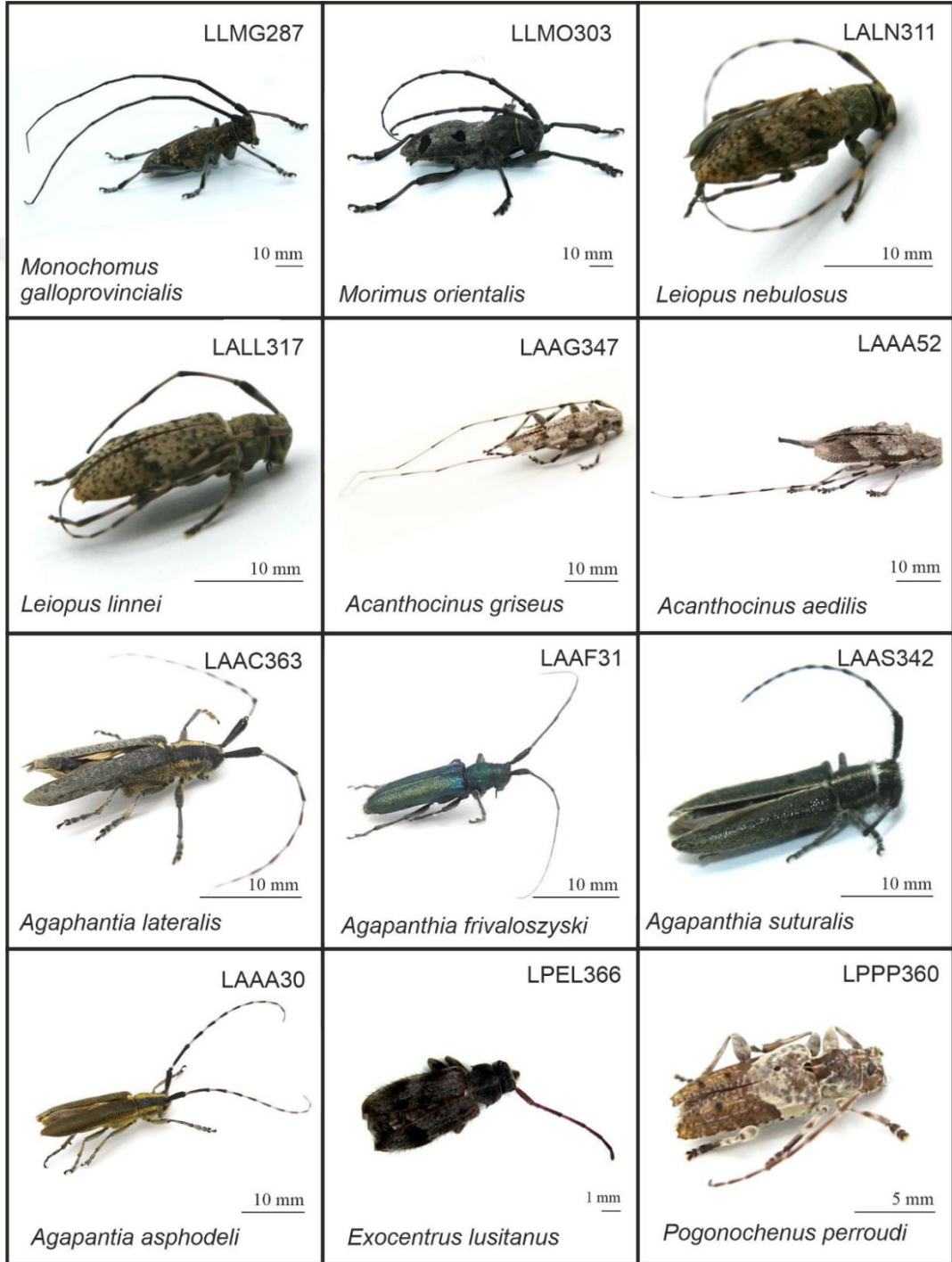
Kocaeli il sınırları içinden 2016-2018 yıllarında, Şekil 2.1’de belirtilen lokalitelerden atrapla, elle ve İskandinav tipi üç hunili tuzaklara asılan etanol-alfa pinen ikili feromonları kullanılarak toplanan örnekler Kocaeli Üniversitesi’nde mutlak etanolde 20°C’de (Liu ve diğ., 2016), ayrı ayrı tüplerde muhafaza edilmektedir.



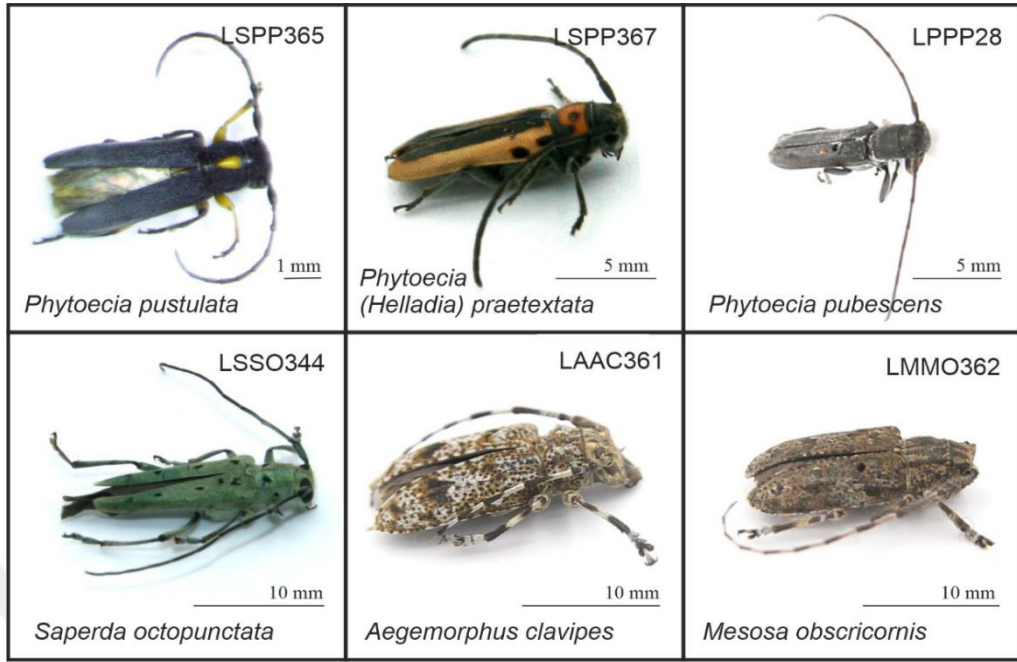
Şekil 2.1. Cerambycidae örneklerinin toplandığı lokaliteler (Beyaz nokta “o” feromon tuzaklarıyla, sarı yıldız “★” atrap ve elle örnek toplanan lokaliteleri temsil etmektedir)

Örnekler, ağız parçalarındaki, bacaklarındaki toprak ve bitki kalıntıları temizlendikten sonra iğnelenip, etanol uçup renkleri belirginleşince Olympus SZ51 (Japonya) stereomikroskop altında, Olympus 110AL2X-2 WD38 yardımcı makrolensler ve Isolab mikroskop kamerası MII Image View v.3.7 yazılımı ile görüntülenerek teşhis edildi. Teşhiste Bense (1995), Bílý ve Mehl (1989), Picard (1929), Sama (2002), Harde (1966), Plavilstshikov (1930), Danilevsky ve Miroshnikov (1985), Pic (1898), Breuning (1951), Özdikmen (2013), Adlbauer (1992), Özdikmen ve Turgut (2009), Wallin ve diğerleri (2009), Wang ve Leschen (2003) tarafından hazırlanmış olan teşhis

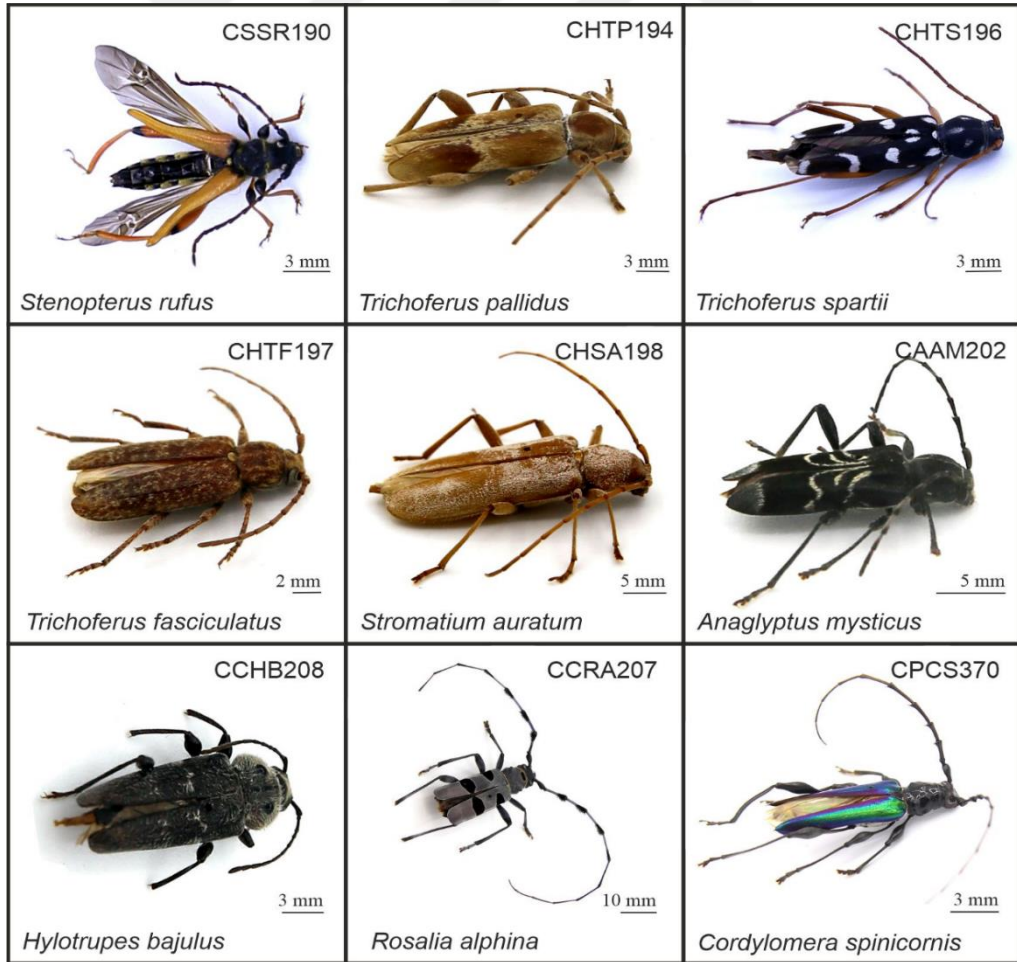
anahtarları kullanıldı. Spondylidinae, Lamiinae, Lepturinae, Cerambycinae ve Prioninae örneklerinin koleksiyon kodları, toplandıkları, ait oldukları tribuslar, toplandıkları lokalitelerin koordinatları ve toplanma tarihleri Tablo A.1-A.5'te listelendi, her bir tür için DNA dizi analizi yapılan örneklerin fotoğrafları Şekil 2.2-2.6'de sunuldu.



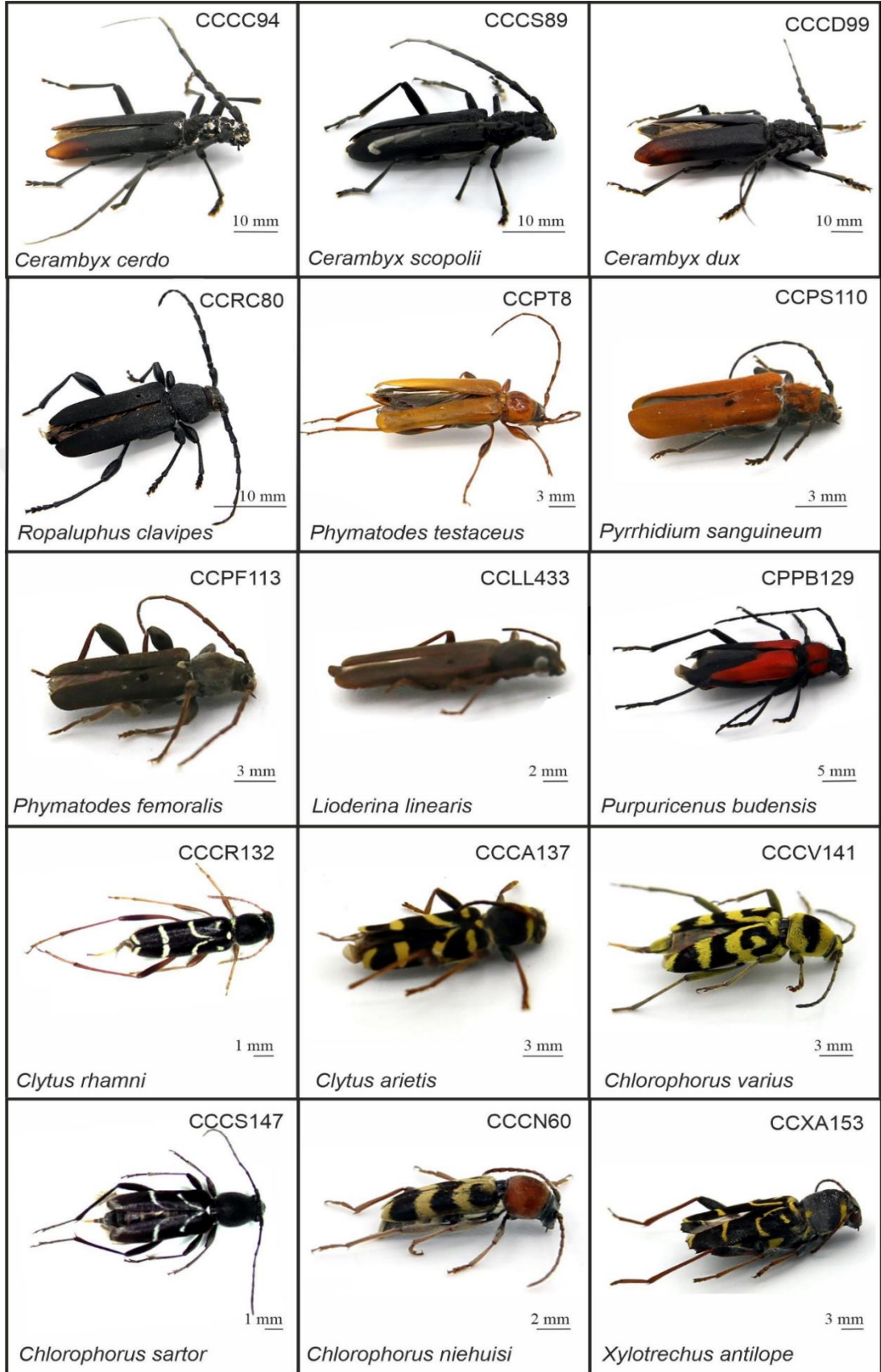
Şekil 2.2. Lamiinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



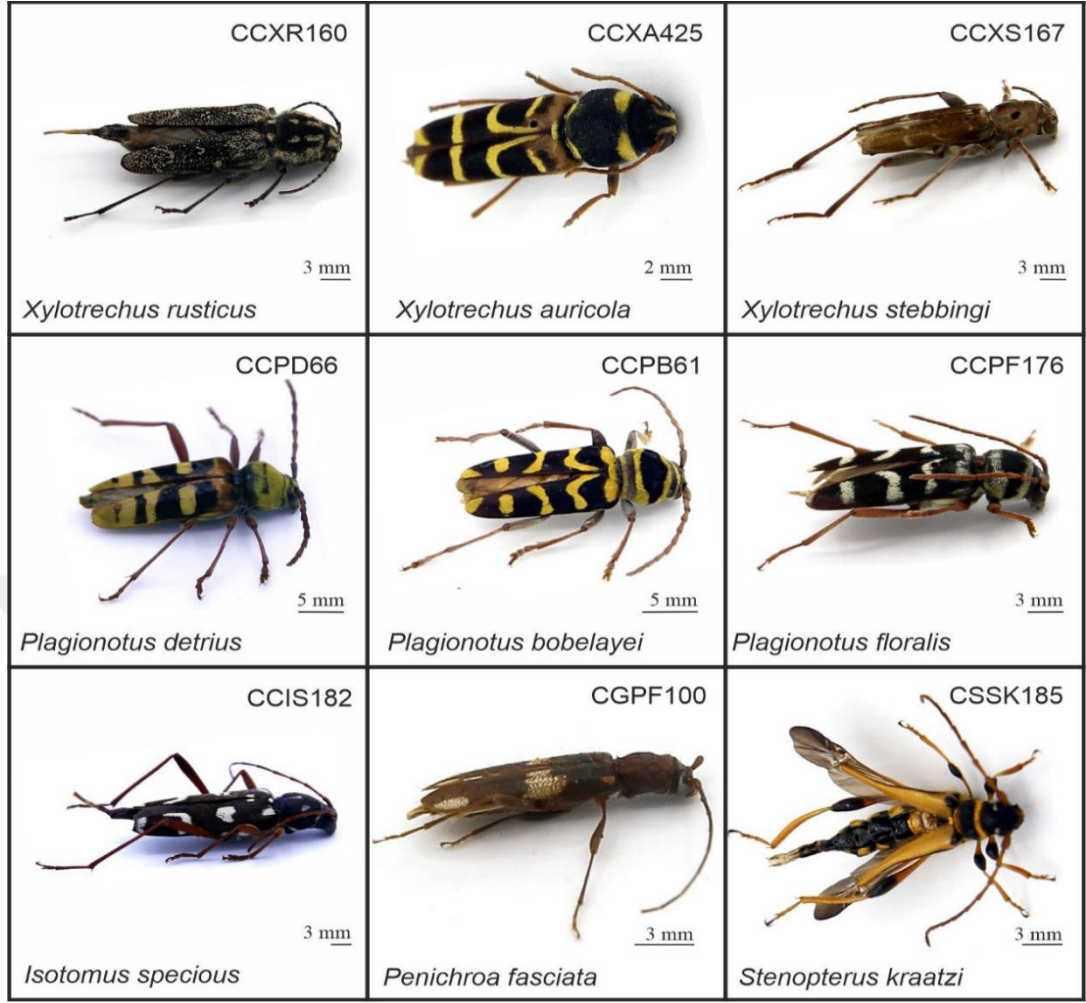
Şekil 2.2. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



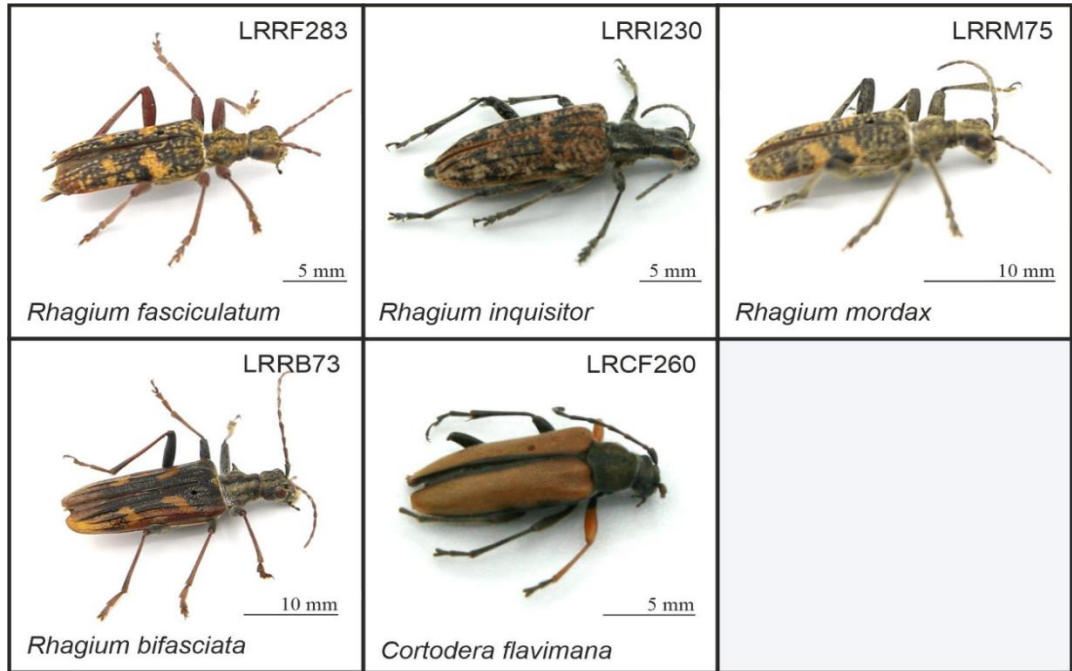
Şekil 2.3. Cerambycinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



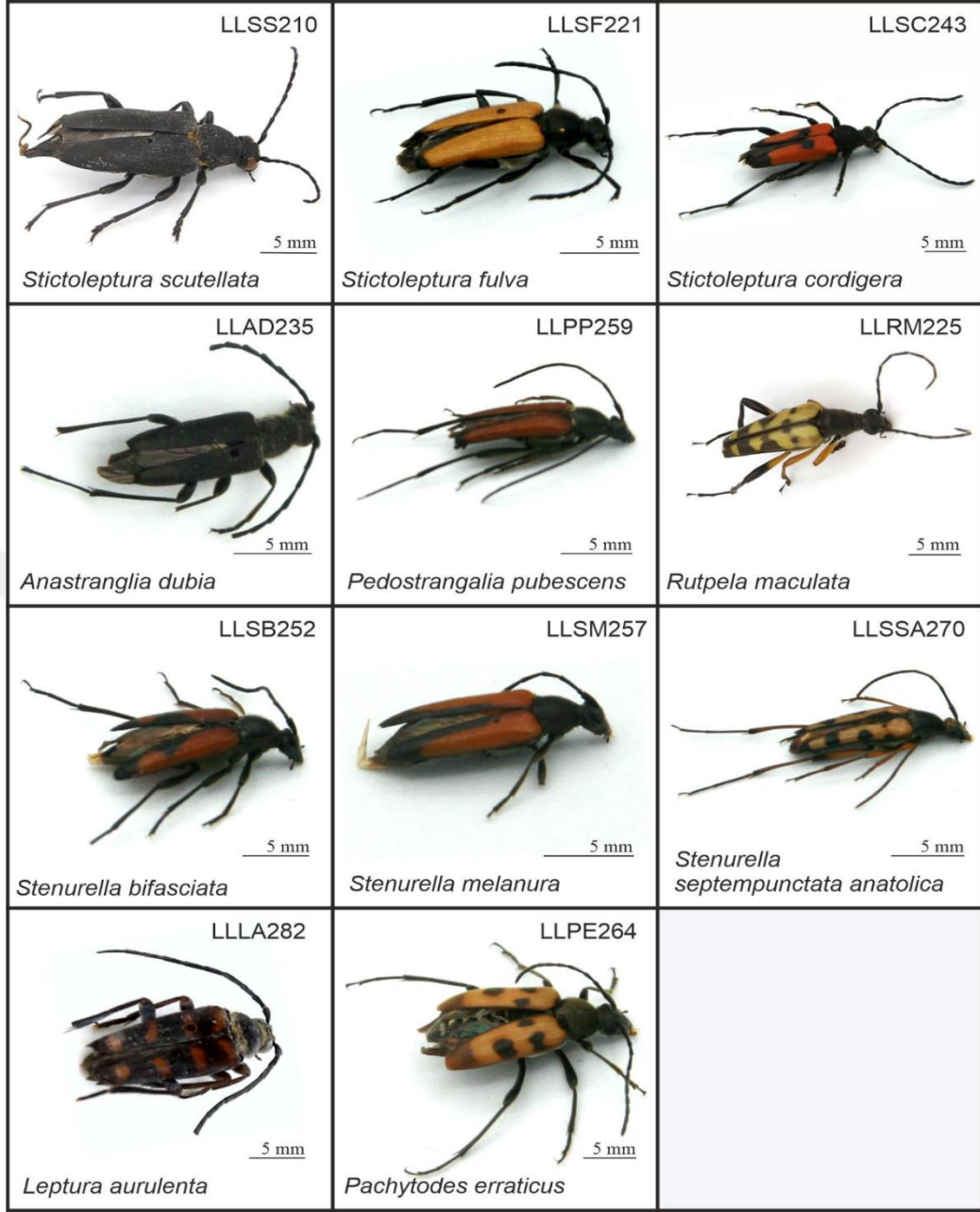
Şekil 2.3. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



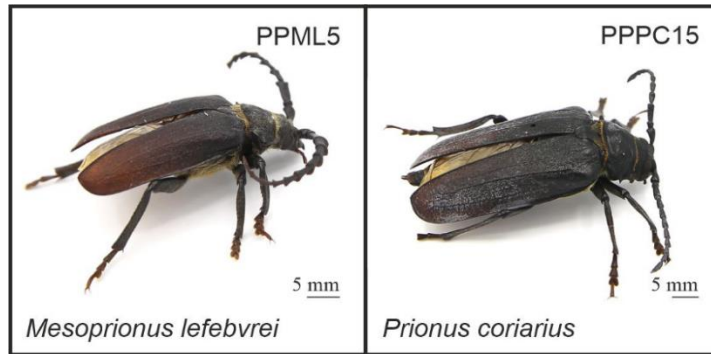
Şekil 2.3. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



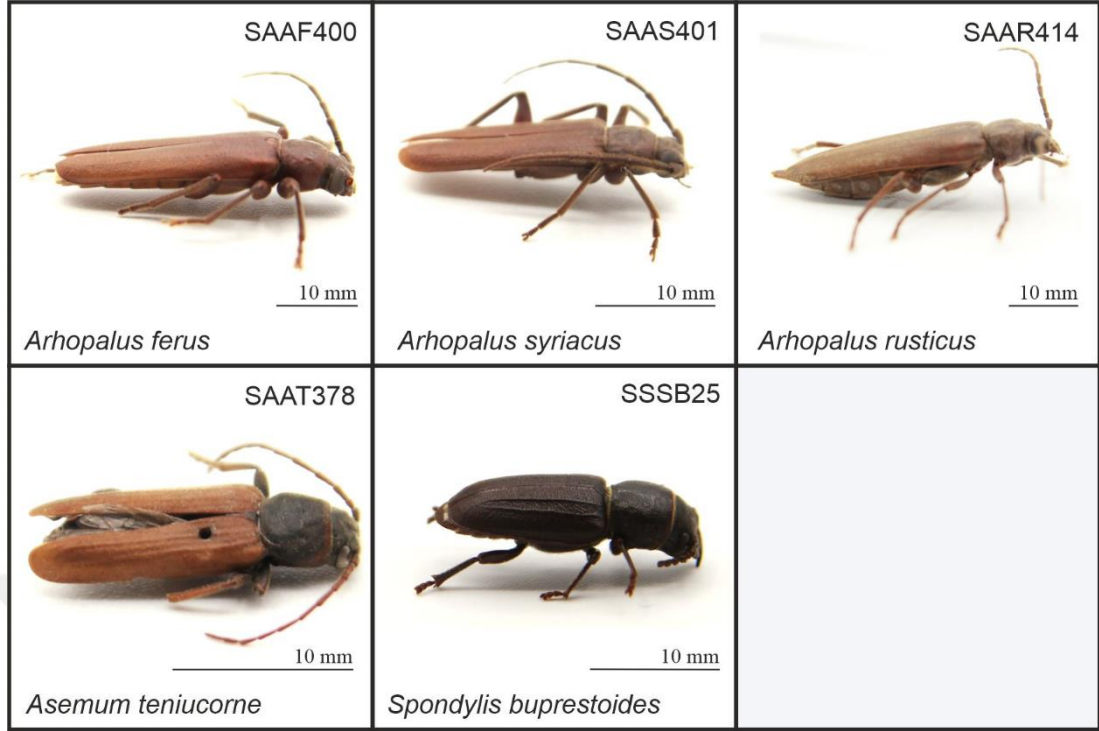
Şekil 2.4. Lepturinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



Şekil 2.4. (Devam) Lepturinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



Şekil 2.5. Prioninae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler



Şekil 2.6. Spondylidinae alt familyasına ait DNA dizi analizi yapılan türler

2.2. Laboratuvar Çalışmaları

2.2.1. Total DNA eldesi

Örneklerin bacak ve antenlerinden alınan doku parçaları, steril bistüri yardımıyla steril lam üzerinde ezildi. Homojenize doku mikrosantrifüj tüpüne aktarıldı ve Gilbert ve diğerleri (2007)'den modifiye edilen liziz çözeltisi (3 mM CaCl₂, %2 sodyum dodesil sülfat (SDS), 8 mM dithiotreitol (DTT), 250 µg/ml proteinaz K, 100 mM Tris tampon pH 8 and 100 mM NaCl) içinde Eppendorf Thermomixer 5350 blok ısıtıcıda 37 °C sıcaklıkta 20 saat süreyle 300 rpm'de karıştırılarak bekletildi.

Fenol:kloroform:izoamil alkol (25:24:1) (Sambrook ve Russell, 2006) yöntemiyle elde edilen DNA izolatına 1/10 hacim 3M sodyum asetat (pH 5,2), 2 hacim %100 etanol eklendikten sonra -80 °C'de 3 saat bekletildi. 14.000g'de +4 °C'de 30 dakika santrifüj edildi. Oda sıcaklığında %70 etanolla yıkandı (Green ve Sambrook, 2016). Süpernatant uzaklaştırıldıktan sonra DNA pelleti oda sıcaklığında pellet büyüklüğüne bağlı olarak 5-15 dakika kurumaya bırakıldı. Kuruyan pellet 50-100 µL ddH₂O'da çözüldü.

2.2.2. Hedef gen bölgelerinin PZR yöntemiyle çoğaltılması

Örneklerden izole edilen kalıp DNA, Tablo 2.1’de belirtilen primerlerle, mitokondriyal sitokrom *c* oksidaz-I (COI) gen bölgesi için Tablo 2.2, mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi için Tablo 2.3, nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için Tablo 2.4’te belirtilen döngü programlarıyla çoğaltıldı. Reaksiyonda NEB Quick Load 2X hazır master miks (10 mM Tris-HCl, 50 mM KCl, 1,5 mM MgCl₂, 0,2 mM dATP, 0,2 mM dCTP, 0,2 mM dGTP, 0,2 mM dTTP, %5 Gliserol, %0,08 IGEPAL® CA-630, %0,05 Tween® 20, %0,024 Oranj G, %0,003 Ksilen Siyanol, 33ünite/mL *Taq* DNA Polimeraz, pH 8,6, 25°C) kullanıldı. Dokulardaki melanin kontaminasyonunun PZR’yi inhibe etmesini engellemek için 0,08 µg/mL BSA (bovine serum albumin) iyileştirici (enhancer) olarak master mikse eklendi (Ralsler ve diğ., 2006).

COI bölgesi için örneklerin tamamı öncelikle LCO1490-HCO2198 (Folmer ve diğ., 1994) primerleri ile çoğaltılmaya çalışıldı. Bu primerlerle çoğaltılmayan örnekler için Tablo 2.1’de nükleotid dizileri belirtilen, LCO1490-JJ- HCO2198-JJ (Astrin ve Stüben, 2008) dejenere primerleri kullanıldı.

Tablo 2.1. Hedef gen bölgelerini PZR ile çoğaltmak için kullanılan primerler

GEN	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	KAYNAK
COI	LCO1490	5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'	Folmer ve diğ. (1994)
	HCO2198	5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'	
	LCO1490-JJ	5'CHACWAAYCATAAAGATATYGG3'	Astrin ve Stüben, (2008)
	HCO2198-JJ	5'AWACTTCVGGRTGVCCAAARAATCA3'	
16S rRNA	LR-J-12887	5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3'	Yoon ve diğ. (2001)
	LR-N-13398	5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3'	
28S rRNA	Forward	5'-AGCGGAGGAAAAGAACTA-3'	Sonnenberg ve diğ. (2007)
	Reverse	5'-ACGATCGATTTGCACGTCAG-3'	

2.2.3. PZR ürünlerinin agaroz jel elektroforezi ve görüntülenmesi

Tris-asetat-EDTA (TAE, Thermo Scientific) tampon içinde agaroz (Bioline) çözülerek v/w %1 derişimli agaroz jel hazırlandı. Agaroz tamamen eriyene kadar mikrodalga fırında ısıtıldı, yaklaşık 55 °C’ye soğuyuncaya dek oda sıcaklığında bekletildi.

Tablo 2.2. Mitokondriyal COI gen bölgesi LCO1490- HCO2198 ve LCO1490-JJ-HCO2198-JJ primer çiftleri için PZR döngü programı

İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95	2 dakika	1
Denatürasyon	94-95	30 saniye	
Primer Bağlanması	46	1 dakika	5
Uzama	72	1 dakika	
Denatürasyon	94	30 saniye	
Primer Bağlanması	51	1 dakika	30
Uzama	72	1 dakika	
Sonlanma	50-72	10 dakika	1

Tablo 2.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi LR-J-12887-LR-N-13398 primer çifti için PZR döngü programı

İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95	2 dakika	1
Denatürasyon	94-95	30 saniye	
Primer Bağlanması	46	1 dakika	5
Uzama	72	1 dakika	
Denatürasyon	94	30 saniye	
Primer Bağlanması	51	1 dakika	30
Uzama	72	1 dakika	
Sonlanma	50-72	10 dakika	1

Her 50 mL agaroz çözeltisi için 2,5 µL etidyum bromür eklenip, katılaşması için palete dökülüp, tarak yerleştirilerek ve polimerleşme tamamlanıncaya kadar oda sıcaklığında bekletildi. PZR ürünleri 3-5 µL tarakla oluşturulmuş kuyucuklara yüklendi. Bir kuyucuğa kontaminasyon olup olmadığını anlamak için negatif kontrol (kalıp DNA yerine ddH₂O konarak), bir kuyucuğa da DNA ladder (HyperLadder™ 1kb Bioline) yüklendi. Cleaver Scientific CS-300V elektroforez cihazında 100 Voltta 60 dakika yürütüldü (Sambrook ve Russell, 2001). Yürütme tamamlandığında Vilber-Lourmat UV transillüminatör cihazıyla görüntülenerek hedef gen bölgelerinin amplifikasyon başarısı DNA ladder bantları referans alınarak belirlendi.

Tablo 2.4. Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi primer çifti için PZR döngü programı

İşlem	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95	2 dakika	1
Denatürasyon	94-95	30 saniye	
Primer Bağlanması	57,3	1 dakika	4
Uzama	72	1 dakika	
Denatürasyon	94	30 saniye	
Primer Bağlanması	61,7	1 dakika	20
Uzama	72	1 dakika	
Sonlanma	50-72	10 dakika	1

2.2.4. PZR ürünlerinin dizi analizine hazırlanması

PZR ürünlerinin dizi analizine hazırlanması aşamasında, elektroforezde tek bant halinde gözlemlenen örnekler için ExoSAP-IT™ PCR Product Cleanup Reagent (ThermoFisher Scientific, USA) saflaştırma enzimi kullanılıp, üreticinin talimatlarına uygun şekilde saflaştırma yapıldı. ExoSAP-IT™ reaktifi -20°C dondurucudan çıkarıldıktan sonra işlem süreci boyunca buz üzerinde tutuldu. 20 µL PZR ürünü 8 µL reaktif eklenerek 28 µL'ye tamamlandı. Artık primer ve nükleotidlerin yıkımı için 15 dakika boyunca 37°C'de inkübasyona bırakıldıktan sonra ayracın yıkımı için 15 dakika 80°C'de bekletildi. Dizi analizine hazırlanmış olan örnekler, analiz yapılana kadar -20°C'de muhafaza edildi.

Dizi analizine hazırlık aşamasında, elektroforezde zayıf bant, birden fazla bant veya sürüntü halinde görüntülenen PZR ürünlerinin saflaştırılması için EurX GeneMATRIX Agarose-Out DNA saflaştırma kiti (Polonya) kullanıldı. Saflaştırma kolonunun ortasına 30 µL Tampon-A uygulandıktan sonra çözünmüş agaroz çözeltisi kolona aktarılincaya kadar oda sıcaklığında bekletilerek kolonun tamamen tamponu emmesi sağlandı.

Yürütme tamamlandığında DNA bantları Vilber-Lourmat UV transillüminatör cihazı üzerinde jelden bisturi yardımıyla kesildi ve steril 1.5 mL mikrosantrifüj tüpüne yerleştirildi. Yaklaşık 100 mg jel parçası için 250 µL Orange-A tamponu eklendi ve tüpün kapağı kapatıldıktan sonra tersiyüz edilerek tamponun jel parçasına tamamen

nüfus etmesi sağlandı. Scilogex D1008 Mini santrifüjde kısa döndürmeden sonra, Eppendorf Thermomixer 5350 blok ısıtıcıda 55°C 200 rpm'de karıştırılarak yaklaşık 10 dakika agaroz tamamen çözülünceye dek ısıtıldı.

DNA bağlama spin-kolonuna erimiş agaroz çözeltisinin tamamı aktarıldı ve 1 dakika 11.000g'de Beckman Coulter Microfuge 22R santrifüjde döndürüldükten sonra kolon çıkarılıp tüp içinde toplanan kısım döküldü ve kolon tekrar aynı tüpe yerleştirildi. 500 µL A1 tıkama tamponu kolon üzerine ilave edildi ve 1 dakika 11.000g'de santrifüjle döndürüldü. Kolon altında tüpte toplanan kısım döküldükten sonra, tekrar kolon tüpe yerleştirildi ve kolon üzerine 600 µL AX2 yıkama tamponu eklendi. Tüpler tekrar 1 dakika 11.000g'de santrifüjle döndürüldükten sonra, tüp dibinde toplanan AX2 yıkama tamponu döküldükten sonra, kolonun AX2 yıkama tamponu kalıntılarında arınması için bir kez daha 1 dakika 11.000g'de santrifüjle döndürüldü. Kolon steril 1.5 mL hacimli yeni bir mikrosantrifüj tüpüne yerleştirildi ve kolonun tam ortasına DNA'yı bağlaması ve kolondan ayırması için 50-80 µl elüsyon tamponu eklendi. Kolona elüsyon tamponunun iyice nüfus etmesi ve DNA'ya bağlanması için 1 dakika oda sıcaklığında inkübasyona bırakıldı. Elüsyon tamponu tarafından tutulan DNA'nın kolondan ayrılması için 1 dakika 11.000g'de santrifüjle döndürüldü. Kolon tüpten ayrıldıktan sonra tüplerin ağzı kapatılarak dizileme işlemine kadar -20°C'de muhafaza edildi.

Saflaştırılan PZR ürünleri ileri ve geri yönde primerler eklenerek dizi analizine hazır hale getirildi.

2.2.5. Sanger yöntemi ile DNA dizi analizi

Sanger Dizileme için Macrogen Hollanda laboratuvarından hizmet alındı. Dizilemede, ABI 3730XL Sanger dizileme cihazı (Applied Biosystems, Foster City, CA) ve BigDye Terminator v3.1 Cycle Dizileme Kiti kullanıldı (Applied Biosystems, Foster City, CA).

Her dizileme seti reaksiyonuna, karşılaşılabilecek olumsuz durumların düşük örnek kalitesinden mi yoksa reaksiyonun başarısızlığından mı olduğunun anlaşılabilmesi için pGEM™ -3Zf (+) çift iplikli kontrol DNA kalıbı ve 0,8 pmol/µL ileri ve geri primerleri kullanıldı. Reaksiyon hazırlığı süresince kit içeriği buz üzerinde tutuldu.

Tüpler 2-3 saniye vorteks yardımıyla karıştırıldıktan sonra mikrosantrifüjle çöktürülerek kapakta ve tüp cidarında kalan ürünler tüp dibinde toplandı. Tüplere BigDye kit içerikleri Tablo 2.5'te belirtilen miktarlarda eklendi. Sanger dizilemesinde Tablo 2.6'da belirtilen primerler kullanıldı. Plak MicroAmp™ Clear Adhesive Film ile kapatıldıktan sonra içerik vorteksle karıştırıldı ve santrifüjle 5-10 saniye 1.000g'de çöktürülerek karışımın kuyucukların dibinde toplanması sağlandı.

Tablo 2.5. BigDye™ Terminator 3.1 ile dizileme tepkimesi içeriği

Standart Tepkime (10 µL)				
İçerik	Miktar	İleri Örnek	Geri Örnek	
BigDye™ Terminator				
3.1 Hazır tepkime karışımı	4 µL	4 µL	4 µL	
İleri primer (3.2 µM)	3.2 pmol	1 µL	-	
Geri primer (3.2 µM)	3.2 pmol	-	1 µL	
ddH ₂ O (RNase/DNase-içermeyen)	PZR ürünü ve primer derişimine göre değişebilir.	4 µL	4 µL	
Saflaştırılmış ürün	PZR 150-300ng/µL	10 µL	10 µL	
Toplam Hacim	10 µL	10 µL	10 µL	

Tablo 2.6. DNA dizi analizinde kullanılan primerler

GEN	PRİMER	NÜKLEOTİD DİZİSİ	KAYNAK
COI	LCO1490	5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3'	Folmer ve diğerleri (1994)
	HCO2198	5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3'	
	LCO1490-JJ	5'CHACWAAAYCATAAAGATATYGG3'	Astrin ve Stüben (2008)
	HCO2198-JJ	5'AWACTTCVGGRTGVCCAAARAATCA3'	
16S rRNA	LR-J-12887	5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3'	Yoon ve diğerleri (2001)
	LR-N-13398	5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3'	
28S rRNA	Forward	5'-AGCGGAGGAAAAGAACTA-3'	Sonnenberg ve diğerleri (2007)
	Reverse	5'-ACGATCGATTTGCACGTCAG-3'	

Dizileme döngüleri için plak GeneAmp™ PCR System 9700 Dual 384-Well cihazına yerleştirildikten sonra Tablo 2.7'deki döngü ve sıcaklıklarda dizileme gerçekleştirildi.

Tablo 2.7. BigDye™ Terminator 3.1 ile dizileme işlemi için döngü ve sıcaklık programı

Parametreler	İşlem Basamakları				
	İnkübasyon	25 Döngü			Saklama
		Denaturasyon	Bağlanma	Uzama	
Geçiş Oranı	-		1/°C		
Sıcaklık	96 °C	96 °C	50 °C	60 °C	4 °C
Süre (dd:ss)	01:00	00:10	00:05	04:00	Süresiz

Dizileme ürünlerinin saflaştırılması için BigDye XTerminator™ kiti kullanıldı. SAM çözeltisi ile karıştırılmadan önce 8-10 saniye vorteks yardımıyla karıştırıldı. Sonra 45 µL SAM çözeltisi ile 10 µL BigDye XTerminator™ çözeltisi karıştırılarak her bir örnek için toplam 55 µL hacimde SAM/BigDye XTerminator™ çözeltisi hazırlandı. Plak üzerinden yapışkan film kaldırılıp, her bir kuyucuğa SAM/BigDye XTerminator™ eklendi. Plak tekrar yapışkan filmle örtülüp Digital Vortex-Genie™2 aygıtıyla 20 dakika 1,800 rpm'de karıştırıldıktan sonra 2 dakika 1.000g'de santrifüjle çözeltinin kuyucuk dibinde toplanması sağlandı. Plak kapiller elektroforez işlemine kadar -20 °C'de saklandı. Kapiller elektroforez ABI 3730/3730XL DNA Analizer ile gerçekleştirildi.

2.3. Mitokondriyal ve Nükleer DNA Bölgelerinin Veri Analizleri

2.3.1. Kromatogramların kontrolü ve düzenlenmesi

Beklenen uzunluktaki PZR ürünleri için yapılan dizi analizleri sonucu elde edilen kromatogramları, Geneious Prime v. 2019.2.1 (Kearse ve diğ., 2012, Biomatters Inc., ABD) programına aktarıldı. Kromatogramların kalitesi %HQ (High quality) cinsinden belirlendi ve kromatogramlar gözle kontrol edilerek çakışan piklerin olup olmadığı tespit edildi. Yüksek kalitede (>%85), belirsiz nükleotid içermeyen, kısmi COI, 16S rRNA ve 28S rRNA D1-D2 gen bölgelerinin geri yönlü dizileri, “reverse complement” komutu ile ileri yöne çevrildikten sonra, ileri yöndeki dizi ile alt alta getirildi.

Align/Assemble menüsü altındaki De Novo Assemble komutuyla birleştirilerek konsensüs (ortak) diziler elde edildi. Hem kromatogramlar hem de ortak dizi birbiriyle kıyaslanarak düzenlendi. Konsensüs dizilerdeki primere ait bazların konumu “primers” komutu altındaki “test with saved primers” seçeneği kullanılarak bulundu ve “Annotate and Predict” komutu altındaki “trim ends” seçeneği ile kesildi. Bu işlem her bir örnek için ayrı ayrı tekrarlandı. Primerler kesildikten sonra %G+C oranlarının işlevsel gen bölgesi için beklenen değerlere uygun olup olmadığı kontrol edildi. COI nükleotid dizileri, nükleer mitokondriyal DNA'nın (NUMT) amplifikasyonunun göstergesi olan prematüre dur kodonlarının tespiti için amino asit dizilerine çevrildi. Dur kodonu içeren diziler hiçbir analize dahil edilmedi. Yalancı gen olmadığı düşünülen COI (658 bç) nükleotid dizileri NCBI GenBank “BLAST” (URL-7) ve BOLD taksonomi arşivi “teşhis motoru (identification engine)” (URL-8) aracılığıyla sorgulanarak doğru taksonla eşleşip eşleşmediği belirlendi. Hiçbir eşleşme göstermeyen dizilerin ait oldukları bireyler tekrar morfolojik olarak teşhis edildi.

Nükleer kısmi 28S ribozomal DNA D1-D2 nükleotid dizilerinde heterozigot bölgelerin tespiti için “Annotate and Predict” menüsündeki “Find Heterozygotes” komutu ile ileri ve geri yöndeki kromatogramlardaki olası heterozigotlar belirlendi. Gözle farklı iki bazın eşit uzunlukta pik verdiği pozisyonlar heterozigot kabul edilerek IUPAC (International Union of Pure and Applied Chemistry) baz harflendirme sistemine göre düzeltildi.

2.3.2. Veri setlerinin oluşturulması ve hizalama

Genetik çeşitlilik ve filogenetik analizlerde kullanılmak üzere her bir taksonun bu çalışmadan elde edilen COI, 16S rRNA ve 28S rRNA nükleotid dizileri öncelikle ayrı ayrı hizalanarak veri setleri oluşturuldu. Ardından bu çalışmadan elde edilen dizilerle (Tablo A.1-A.5), BOLD taksonomi arşivi (URL-9) ve GenBank (URL-10)'tan indirilen diziler (Tablo A.6.-A.9) harmanlanarak veri setleri oluşturuldu. Ayrıca filogenetik analizlerde tüm gen bölgelerinin birleştirilmiş olduğu ayrı bir grup veri seti daha kullanıldı (Tablo 2.13).

Her bir gen bölgesi için farklı taksonomik seviyelerde veri setlerinin hizalanmasında Geneious Prime 2019 programı içindeki MAFFT çoklu hizalayıcı v7.388 (Kato ve diğ., 2002; Kato ve Standley, 2013) ve MUSCLE v3.8.425 (Edgar, 2004) eklentisi

kullanıldı. Farklı taksonların daha önce hizalanmış aynı bölgeye ait nükleotid dizilerinin birleştirilerek hizalanmasında ise Clustal Omega v1.2.2 (Sievers ve diğ., 2011; Sievers ve Higgins, 2018) kullanıldı. Aynı örneğe ait tüm genlerin birleştirilmesinde ise Tools menüsü altındaki “concatenate sequences or alignments” komutu kullanıldı.

2.3.3. Genetik çeşitlilik analizleri

Her bir veri seti ayrı ayrı DnaSP v6 (Librado ve Rozas, 2009) programına aktarılıp ve gen bölgesinin protein kodlayıp kodlamadığı, mitokondriyal/nükleer olduğu tanımlandıktan sonra analizlere başlandı.

Tüm gen bölgelerinin nükleotid dizileri için Toplam mutasyon sayısı (Eta), nükleotid çeşitliliği (Pi) parsimoni olarak bilgi taşıyan ve taşımayan polimorfik baz pozisyonları, sinonim (suskun) ve sinonim olmayan (değiştirici) mutasyonlar, insersiyon ve delesyonlar (In-Del) ile G+C (guanin+sitozin) ve A+T (adenin+timin) yüzdeleri belirlendi.

Mitokondriyal COI ve 16S rRNA nükleotid dizilerinin benzersiz haplotip sayısı (h), haplotip çeşitliliği (*Hd*, haplotype diversity), haplotip çeşitliliğinin standart sapması ve (*SDhd*, standard deviation of haplotype diversity) hesaplandı. 28S rRNA D1-D2 nükleotid dizisi için ise alleller belirlendi ve heterozigotik baz pozisyonları tespit edildi.

Transisyon/transversiyon oranları General Time Reversible (GTR) modeliyle (Nei ve Kumar, 2000) MEGA-X (Kumar ve diğ., 2018) programı aracılığıyla hesaplandı.

2.3.4. Filogenetik analizler

Mitokondriyal gen bölgeleri için her bir haplotipten birer temsilci olacak şekilde oluşturulan veri setleri ile uzaklık analizleri ve filogenetik analizler yapıldı. Nüklear nükleotid dizisi için ise homozigot bireyler için alelden, heterozigot bireyler için IUPAC’a göre düzenlenmiş benzersiz ortak konsensüs dizi kullanıldı. Küresel veri setlerinde COI haplotiplerinin isimlendirilmesinde cins adının ilk harfi ve tür epitetinin ilk iki harfi kullanıldı. Dış grup olarak, analiz edilen taksona en yakın olan taksona ait bir türün nükleotid dizisi kullanıldı.

2.3.4.1. Genetik uzaklık analizleri

Genetik uzaklık analizleri, mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgeleri için ayrı ayrı uygulandı. Bu dizilerin transisyon/transversiyon oranları nispeten düşük olduğundan ve diziler kısa olduğundan, Nei ve Kumar (2005) tarafından önerilmiş, Srivathsan ve Meier (2012) tarafından doğrulanmış olan p-distance (basit ikili uzaklık) modeli kullanıldı. Pairwise distance analizleri MEGA-X (Kumar ve diğ., 2018) programı aracılığıyla gerçekleştirildi.

2.3.4.2. Neighbor-joining (komşu birleştirme, NJ) analizi

Uzaklık temelli Neighbor-Joining analizleri K2P (Kimura, 1980) modeli kullanılarak, 10.000 bootstrap yinelemesiyle MEGA-X (Kumar ve diğ., 2018) programı aracılığıyla gerçekleştirildi, desteklenme yüzdeleri dallar üzerinde belirtildi.

2.3.4.3. Veri setlerinin bölümlenmesi ve en uygun model seçimi

Maksimum Olasılık (Maksimum Likelihood, ML) ve Bayesian Analizi (Bayesian Inference, BI) analizlerinde uygulanacak en uygun baz değişim modelleri ve bölümlenmenin (partition) seçimi Partition Finder v.2.1.1 (Lanfear ve diğ., 2017) kullanılarak AICc (Akaike Information Criterion, corrected; düzeltilmiş Akaike Bilgi Kriteri) (Akaike, H., 1974)'ne göre ve MEGA-X (Nei ve Kumar, 2000; Kumar ve diğ., 2018) kullanılarak), AICc (Akaike, H., 1974) ve BIC (Schwarz, G. E., 1978) (Bayesian Information Criterion, Bayes Bilgi Kriteri) model seçim taslaklarına göre yapıldı.

2.3.4.4. Maksimum likelihood (maksimum olasılık, ML) analizi

Maksimum Likelihood (ML) analizleri Partition Finder v.2.1.1 (Lanfear ve diğ., 2017) aracılığıyla yapılan baz değişim modellerine göre, Geneious Prime 2019 (Kearse ve diğ., 2012) programında RAxML (Stamatakis, 2014) eklentisi kullanılarak gerçekleştirildi. Bu çalışmadan elde edilen dizilerin analizlerinde 10.000 bootstrap değerlemesi, BOLD taksonomi arşivinden elde edilen dizilerle birlikte analizlerde ise, program ve donanımın elverdiği değerlendirme sayısı ile gerçekleştirildi. ML ağacının bootstrap desteklenme oranları yüzde olarak dallanma noktalarında belirtildi.

2.3.4.5. Bayesian (BI) analizi

BIC ve AICc kriterlerine göre seçilen en uygun yer değiştirme modeli kullanılarak Geneious Prime 2019 (Kearse ve diğ., 2012) programında MrBayes 3.2.5 eklentisiyle (Ronquist ve Huelsenbeck, 2003) üç sıcak ve bir soğuk Monte Carlo Markov Zinciri (MCMC) ile her 1000 basamakta 100 nesil örneklerek gerçekleştirildi. Örneklerin %25'i burn-in olarak çıkarıldı ve PSRF (potential scale concise edition factor, potansiyel ölçek temelli düzeltme faktörü) (Ronquist ve diğ., 2012) değerinin 1.0'a yakınlığı kontrol edildi. Zincir yakınsaması, model parametrelerinin etkili örneklem büyüklüğünü sağladığından emin olmak için Tracer v1.7'da (Rambaut ve diğ., 2018) değerlendirildi. Çoğunluk kuralı (%50 majority rule)'a göre tüm post burn-in ağaçların özeti olan konsensus ağaçları dallanma noktalarında posterior olasılıklar ağaç topolojisine istatistiksel destek olarak belirtildi.

2.3.4.6. Haplotip ağı analizi

Geleneksel ikili dallanma (dikotomi) modeliyle çözülmesi zor veya imkansız olan filogenetik ve filocoğrafik ilişkilerin (Bandelt ve diğ., 1995) üstesinden gelmek ve birden fazla haplotiple ilişkili olabilecek haplotiplerin farklı bağlanma olasılıklarını değerlendirebilmek için istatistiksel parsimoni yöntemini (Templeton ve diğ., 1992; Hart ve Sunday, 2007) esas alan ve barkod analizinde bir tür sınırlandırma aracı olarak önerilen (Hart ve Sunday, 2007) TCS (Templeton, Crandall, Sing) haplotip ağı analizi (Templeton ve diğ. 1992), PopART (Leigh ve Bryant 2015) programında yapıldı.

2.3.4.7. Barkod aralıklarının belirlenmesi

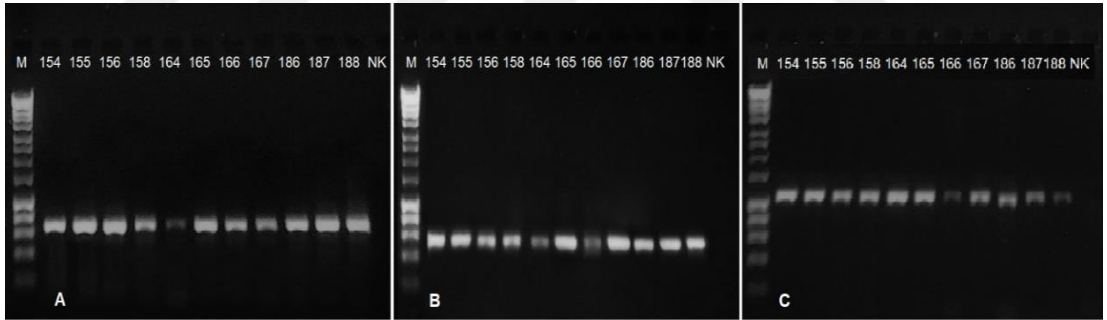
Türlerin olası kriptik türleşmesini, COI gen bölgesinin eşik değerlerinin sınanması ve barkod aralığının tespiti "Otomatik Barkod Aralığı Bulma (Automatic Barcode Gap Discovery, ABGD, URL-11, Puillandre ve diğ., 2012) uygulaması ile yapıldı. Dizi verileri uzaklık matrisine dönüştürüldükten sonra prior maksimal mesafe 0,001 ve 0,05 arasında, bağıl boşluk genişliği (X) 1,0 ayarlandı ve taksona özgün olarak ayırık adım sayısı belirlendi.

3. BULGULAR

3.1. Kocaeli Cerambycidlerinin Kısmi Mitokondrial COI, 16S rRNA ve Nükleer 28S rRNA D1-D2 Genlerinin DNA Dizi Analizi

3.1.1. Hedef gen bölgelerinin PZR yöntemiyle çoğaltılması

Derişim aralığı 10-200 ng/µL olan total DNA izolatlarından LCO1490-HCO2198 (Folmer ve diğ., 1994) ve LCO1490-JJ-HCO2198-JJ (Astrin ve Stüben, 2008) evrensel primerleri kullanılarak kısmi COI (658 bç) geni, LR-J-12887 ve LR-N-13398 (Yoon ve diğ., 2001) primerleri kullanılarak 16S rRNA geni (~560 bç) ve Sonnenberg ve diğ. (2007) tarafından tasarlanmış olan primerler kullanılarak 28S rRNA D1-D2 (~1100 bç) geni, PZR tekniği kullanılarak çoğaltıldı. Agaroz jel elektroforezi sonrası, PZR ürünleri UV ışık altında incelenerek, uzunlukları kontrol edildi (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. Bazı cerambycid örneklerinin PZR ürünlerinin agaroz jel elektroforezi sonuçları A. Sitokrom oksidaz-1 (COI), B. 16S rRNA geni, 28S rRNA D1-D2 geni. M: BioLine HyperLadder 1 kb DNA Ladder, 154-156 *Xylotrechus antilope*, 158 *X. rusticus*, 164-167 *X. smei*, 186-188 *Stenopterus kraatzii*, NK: Negatif kontrol

3.2. Kocaeli Cerambycidlerinde Mitokondriyal COI Gen Bölgesinin Genetik Çeşitlilik Analizi

3.2.1. Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825

Örneklerin morfolojik teşhisi sonucunda Acanthocinini tribusundan *Acanthocinus* (*Acanthocinus*) *aedilis* (Linnaeus, 1758), *Acanthocinus* (*Acanthocinus*) *griseus* (Fabricius, 1793), *Leiopus* (*Leiopus*) *linnei* Wallin, Nylander, Kvamme, 2009, *Leiopus*

(*Leiopus*) *nebulosus* (Linnaeus, 1758); Acanthoderini tribusundan *Aegomorphus clavipes* (Schrank, 1781); Agapanthiini tribusundan *Agapanthia (Epoetes) lateralis* Ganglbauer, 1883, *Agapanthia (Epoetes) asphodeli* (Latreille, 1804), *Agapanthia (Agapanthia) suturalis* (Fabricius, 1787), *Agapanthia (Smaragdula) frivaldszkyi* Ganglbauer, 1884, Lamiini tribusundan *Morimus orientalis* Reitter, 1894, *Monochomus (Monochamus) galloprovincialis* (Olivier, 1795), Saperdini tribusundan *Saperda (Lopezcolonia) octopunctata* (Scopoli, 1772), *Phytoecia (Phytoecia) pustulata* (Schrank, 1776), *Phytoecia (Phytoecia) pubescens* Pic, 1895, Mesosini tribusundan *Mesosa (Aplocnemia) obscuricornis* Pic, 1894, Pogonocherini tribusundan *Pogonocherus (Pogonocherus) perroudi* Mulsant, 1839 ve *Exocentrus (Exocentrus) lusitanus* türlerine ait oldukları tespit edilen bireylerin örnek kodları, toplandıkları tarih ve lokalite bilgileri Tablo A.1’de verildi.

Mitokondriyal COI gen bölgesi başarıyla çoğaltılan 50 bireyin 658 bç uzunluğundaki dizileri için 33 haplotip belirlendi. Haplotip çeşitliliği (Hd) 0,981, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,008, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,16800, A+T oranı %67,1 ve G+C oranı %32,9 hesaplandı. Polimorfik bölgeler incelendiğinde 304 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 468 mutasyon (Eta) tespit edildi. Bunlardan 273 tanesi parsimoni olarak bilgi vericiydi (Pin) (Tablo B.1). İnsersiyon ve delesyona rastlanmadı. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranının 0,97 olduğu belirlendi. Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %37,36, sitozin (C) için %16,97, adenin (A) için %29,74, guanin (G) için %15,93 hesaplandı. Her bir dizi için nükleotid kompozisyonu Tablo C.1’de verildi.

3.2.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825

Morfolojik teşhisi sonucunda Anaglyptini tribusundan *Anaglyptus (Anaglyptus) mysticus* (Linnaeus, 1758), Hylotrüpini tribusundan *Hylotrupes bajulus* (Linnaeus, 1758), Callidiini tribusundan *Ropalopus clavipes* (Fabricius, 1775), *Pyrrhidium sanguineum* (Linnaeus, 1758), *Phymatodes femoralis* (Menetries, 1832), *Phymatodes (Phymatodes) testaceus* (Linnaeus, 1758), *Lioderina linearis* (Hampe, 1870), Clytini tribusundan *Chlorophorus varius* (Müller, 1766), *Chlorophorus niehuisi* Adlbauer, 1992, *Chlorophorus sartor* (Müller, 1766), *Plagionotus bobelayei* Pic, 1897, *Plagionotus detrius* (Linnaeus, 1758), *Plagionotus (Echinocerus) floralis* (Pallas,

1773), *Isotomus speciosus* (Schneider, 1787), *Clytus rhamni* Germar, 1817, *Clytus arietis* (Linnaeus, 1758), *Xylotrechus arvicola* (Olivier 1795) *Xylotrechus antilope* (Schönherr, 1817), *Xylotrechus rusticus* (Linnaeus, 1758), *Xylotrechus stebbingi* Gahan, 1906, Cerambycini tribusundan *Cerambyx dux* (Faldermann, 1837), *Cerambyx (Microcerambyx) scopolii* Füssli, 1775, *Cerambyx cerdo* Linnaeus, 1758, Stenopterini tribusundan *Callimus (Lampropterus) femoratus* (Germar, 1824), *Stenopterus kraatzi* (Pic, 1892), *Stenopterus rufus* (Linnaeus, 1767); Compsocerini tribusundan *Rosalia alphina* (Linnaeus, 1758), Purpuricenini tribusundan *Purpuricenus budensis* (Götz, 1783); Hesperophanini tribusundan *Trichoferus spartii* (Müller, 1948), *Trichoferus pallidus* (Olivier, 1790), *Trichoferus fasciculatus* (Faldermann, 1837), *Stromatium auratum* (Böber, 1793); Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* (Fabricius, 1775); Graciliini tribusundan *Penichroa fasciata* (Stephens, 1831) türlerine ait oldukları tespit edilen örneklerin kodları, toplandıkları tarih ve lokalite bilgileri Tablo A.2’de verildi.

CCPS432 (*Pyrrhodium sanguineum*), CCLL433 (*Lioderina linearis*), CAAM1 (*Anaglyptus mysticus*) ve CHTS43 (*Trichoferus spartii*) kodlu örneklere ait diziler, Gen Bankasında endosimbiyotik bir bakteri olan *Wolbachia sp.* türleri ile eşleştiğinden, bu örneklere ait COI gen bölgesi dizileri analizlere dahil edilmedi.

Mitokondriyal COI gen bölgesi (658 bç) başarıyla çoğaltılan 109 bireyde 66 haplotip belirlendi. Haplotip çeşitliliği (Hd) 0,988, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,003, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,18397, A+T oranı %63,5 ve G+C oranı %36,5 hesaplandı. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranının 2,24 olduğu belirlendi. İki adet insersiyon ve delesyon (In-Del) olduğu saptandı. Polimorfik bölgeler incelendiğinde için 316 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 308 tanesi parsimoni olarak bilgi verici (Pin) olan 569 mutasyon (Eta) tespit edildi (Tablo B.2). Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %32,88, sitozin (C) için %20,02, adenin (A) için, %30,59, guanin (G) için %16,50 hesaplandı. Her bir dizi için nükleotid kompozisyonu Tablo C.2’de verildi.

3.2.3. Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825

Morfolojik teşhis sonucunda Lepturini tribusundan *Anastranglia dubia* (Scopoli, 1763), *Leptura (Leptura) aurulenta* Fabricius, 1793, *Stenurella bifasciata* (Müller,

1776), *Stenurella melanura* (Linnaeus, 1758), *Stenurella septempunctata* (Fabricius, 1793), *Stictoleptura* (*Melanoleptura*) *scutellata* (Fabricius, 1781), *Stictoleptura* (*Stictoleptura*) *cordigera* (Füssli, 1775), *Stictoleptura fulva* (De Geer, 1775), *Pachytodes erraticus* (Dalman, 1817), *Rutpela maculata* (Poda, 1761), Rhagiini tribusundan *Rhagium inquisitor* (Linnaeus, 1758), *Rhagium* (*Megarhagium*) *fasciculatum* Faldermann, 1837, *Rhagium mordax* (De Geer, 1775), *Rhagium* (*Hagrium*) *bifasciatum* Fabricius, 1775 ve *Cortodera flavimana* (Waltl, 1838) türlerine ait oldukları tespit edilen örneklerin kodları, toplandıkları tarih ve lokalite bilgileri Tablo A.3'te verildi.

Mitokondriyal COI gen bölgesi (658 bç) başarıyla çoğaltılan 34 bireyde 29 haplotip belirlendi. Haplotip çeşitliliği (Hd) 0,991, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,009, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,15657, A+T oranı %65,9, G+C oranı %34,1, transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranı 2,03 olarak hesaplandı. İnsersiyon ve delesyona rastlanmadı. Polimorfik bölgeler incelendiğinde için 272 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 411 mutasyon (Eta) tespit edildi. Bunlardan 252 tanesi parsimoni olarak bilgi vericiydi (Pin) (Tablo B.3). Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %37,80, sitozin (C) için %17,25, adenin (A) için %28,19, guanin (G) için %16,76 hesaplandı. Tüm dizilerin nükleotid kompozisyonları Tablo C.3'te listelendi.

3.2.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

Morfolojik olarak teşhis edilen bireylerin Asemini tribusundan *Arhopalus rusticus* (Linnaeus, 1758), *Arhopalus fesus* (Mulsant, 1839), *Arhopalus syriacus* (Reitter, 1895), *Asemum tenuicorne* Kraatz, 1879 ve Spondylidini tribusundan *Spondylis buprestoides* (Linnaeus, 1758) türlerine ait oldukları tespit edilen örneklerin kodları, toplandıkları tarih ve lokalite bilgileri Tablo A.4'de verildi.

Mitokondriyal COI gen bölgesi başarıyla çoğaltılan 33 bireyin 658 bç uzunluğundaki dizilerinin analizi sonucunda 26 haplotip belirlendi. Haplotip çeşitliliği (Hd) 0,983, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,012, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,10518, A+T oranı %65,4, G+C oranı %34,6, transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranı 1,91 olarak hesaplandı. İnsersiyon ve delesyona rastlanmadı. İki yüz beş ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 179 tanesi parsimoni olarak bilgi verici (Pin) olan

253 mutasyon (Eta) tespit edildi (Tablo B.4). Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %36,60, sitozin (C) için %16,96, adenin (A) için %28,82, guanin (G) için %17,63 hesaplandı. Her bir dizi için nükleotid kompozisyonu Tablo C.4'te listelendi.

3.3. Kocaeli Cerambycidlerinde Mitokondriyal 16S rRNA Gen Bölgesinin Çeşitlilik Analizi

3.3.1. Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825

Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi başarıyla çoğaltılan 49 bireye ait dizilerin hizalanması sonucu 522 bç uzunluğundaki diziler elde edildi. Belirlenen 24 haplotip için haplotip çeşitliliği (Hd) 0,954, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,013, nükleotid çeşitliliği (Pi , π) 0,12369, A+T oranı %73,6, G+C oranı %26,4 hesaplandı. İnsersiyon ve delesyonun (In-Del) 13 adet olduğu ve transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranının 0,84 olduğu belirlendi. Polimorfik bölgeler incelendiğinde 179 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 250 mutasyon (Eta) tespit edildi. Bunlardan 165 tanesi parsimoni olarak bilgi vericiydi (Pin) (Tablo B.5). Ortalama nükleotid oranları timin (T) %34,71 için, sitozin (C) için %16,38, adenin (A) için %40,03, guanin (G) için %8,87 hesaplandı. Her bir dizi için nükleotid kompozisyonu Tablo C.5'te verildi.

3.3.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825

Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi başarıyla çoğaltılan 85 bireye ait dizilerin hizalanması sonucu 526 bç uzunluğundaki diziler elde edildi. Tespit edilen 51 haplotip için haplotip çeşitliliği (Hd) 0,985, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,004, nükleotid çeşitliliği (Pi , π) 0,15624, A+T oranı %70,8, G+C oranı %29,2 hesaplandı. Yirmi altı adet insersiyon ve delesyon (In-Del) olduğu belirlendi. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranı 1,06 olarak hesaplandı. Ayırıcı baz pozisyonu sayısının 244 (S, segregating sites), mutasyon sayısının (Eta) 424, parsimoni olarak bilgi verici bölge sayısının (Pin) 224 olduğu belirlendi (Tablo B.2). Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %31,98, sitozin (C) için %18,46, adenin (A) için, %39,19, guanin (G) için %10,37 hesaplandı. Dizilerin nükleotid kompozisyonları Tablo B.6'da verildi.

3.3.3. Alt familia: Lepturinae Latreille, 1825

Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi başarıyla çoğaltılan 30 bireye ait dizinin hizalanması sonucu 567 bç uzunluğunda veri seti ile yapılan analizde 27 haplotip tespit edilirken, haplotip çeşitliliği (Hd) 0,993, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,011, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,10133, A+T oranı %73,5, G+C oranı %26,5 hesaplandı. İnsersiyon ve delesyonun (In-Del) 30 adet olduğu belirlendi. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranı 0,60 olarak hesaplandı. Polimorfik 185 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 255 mutasyon (Eta) tespit edildi. Bunlardan 146 tanesi parsimoni olarak bilgi vericiydi (Pin) (Tablo B.2). Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %35,10, sitozin (C) için %16,02, adenin (A) için %38,87, guanin (G) için %10,00 olarak hesaplandı. Her bir dizi için nükleotid kompozisyonu Tablo C.7’de listelendi.

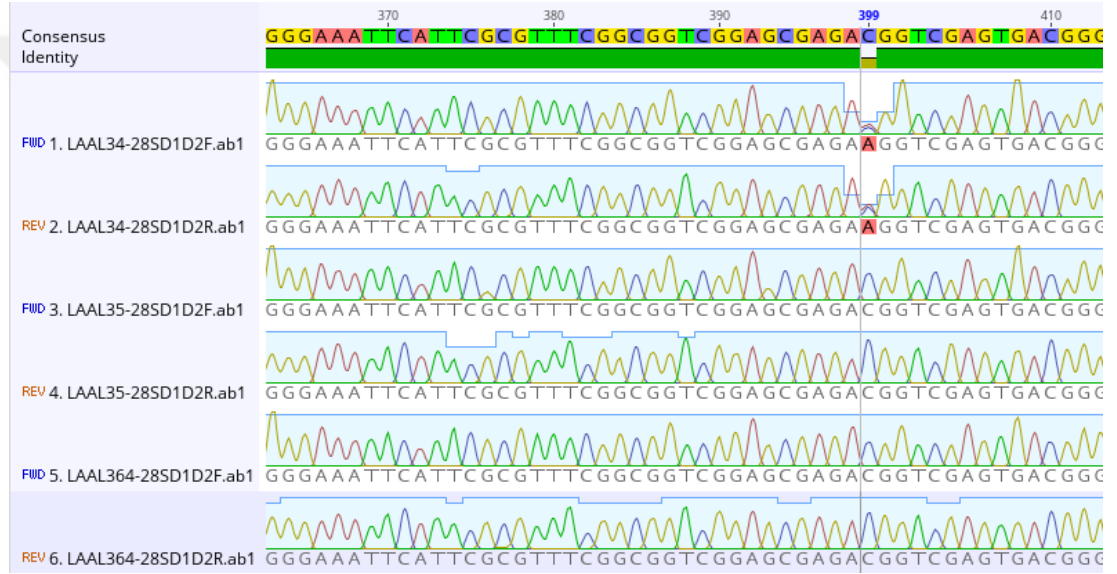
3.3.4. Alt familia: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi başarıyla çoğaltılan 23 bireye ait dizilerin hizalanması sonucu 560 bç uzunluğunda veri seti elde edildi. Belirlenen 20 haplotipin, haplotip çeşitliliği (Hd) 0,988, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,016, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,07991, A+T oranı %75,2 ve G+C oranı %24,8 olarak hesaplandı. İnsersiyon ve delesyonun (In-Del) 6 adet olduğu, transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranının 0,62 olduğu belirlendi. Polimorfik bölgeler incelendiğinde 129 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 149 mutasyon (Eta) tespit edildi. Bunlardan 92 tanesi parsimoni olarak bilgi vericiydi (Pin) (Tablo B.2). Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %35,31, sitozin (C) için %14,83, adenin (A) için %40,08 ve guanin (G) için %9,78 olarak hesaplandı. Her bir dizinin nükleotid kompozisyonu Tablo C.8’de verildi.

3.4. Kocaeli Cerambycidlerinde Nükleer 28S rRNA D1-D2 Gen Bölgesinin Çeşitlilik Analizi

3.4.1. Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825

Nükleer 28S rRNA D1-D2 ait gen bölgesi dizilerinin hizalanması sonucu elde edilen 1051 bç uzunluğunda veri setinde 50 bireye ait 21 benzersiz dizi (alel) belirlendi. *Agapanthia lateralis* türünden bir bireye (LAAL34) ait dizinin 399. baz pozisyonunda heterozigot bölge (M: A/C) tespit edilirken (Şekil 3.2), diğer baz pozisyonları ve diğer türlerin tamamının homozigot olduğu görüldü.

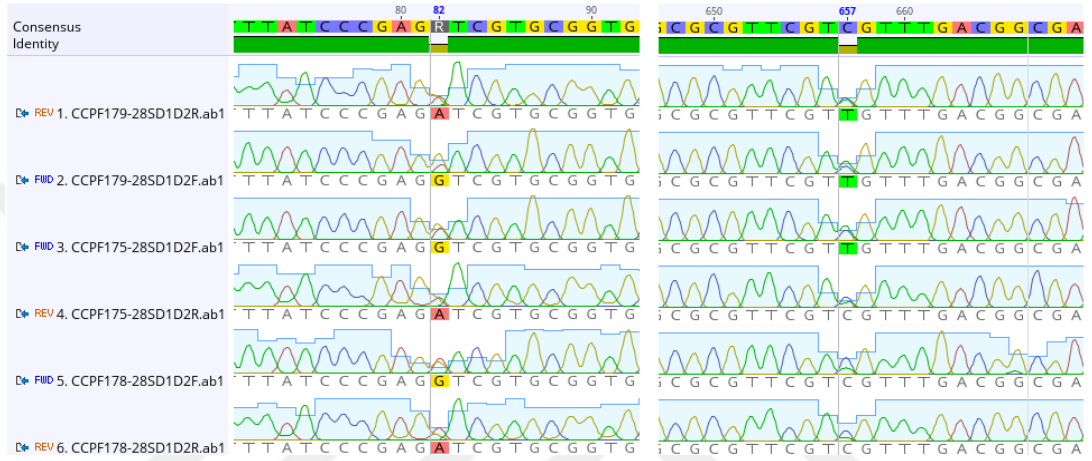


Şekil 3.2. Kocaeli'nden *Agapanthia lateralis* türüne ait bir örneğin (LAAL34) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 399. baz pozisyonundaki heterozigotik bölge

Nükleotid çeşitliliği (Pi , π) 0,05481, A+T oranı %39,8 ve G+C oranı %60,2 olarak hesaplandı. İnsersiyon ve delesyonun (In-Del) 10 adet olduğu tespit edildi. Polimorfik bölgeleri incelendiğinde 203 baz pozisyonunda (S, segregating sites) 258 mutasyon (Eta) tespit edildi. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranınının 2,49 olduğu belirlendi. Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %19,37, sitozin (C) için %27,65, adenin için %20,69 ve guanin için %32,29 olarak hesaplandı. Dizilere ait nükleotid kompozisyonu Tablo B.3'te ve polimorfik baz pozisyonları listesi Tablo C.9'da verildi.

3.4.2. Alt familia: Cerambycinae Latreille, 1825

Hizalama sonucu 1094 bç uzunluğuna ulaşan 100 bireye ait nükleer 28S rRNA gen bölgesi veri setinde 43 benzersiz dizi (alel) belirlendi. Clytini tribusundan *Plagionotus floralis* türüne ait CCPF175, CCPF 178 ve CCPF 179 kodlu bireylere ait dizilerin 82. (R: A/G) ve 657. (Y:C/T) baz pozisyonlarında heterozigot bölgeler saptandı (Şekil 3.3).

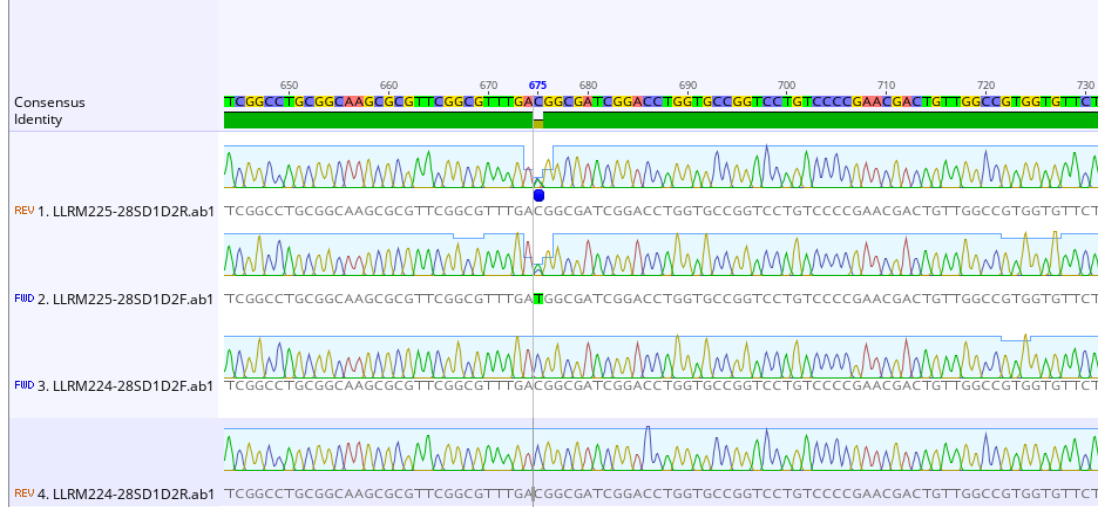


Şekil 3.3. Kocaeli'nden *Plagionotus floralis* türüne ait üç örneğin (CCPF175, CCPF 178 ve CCPF 179) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 82. (solda) ve 657. (sağda) baz pozisyonlarındaki heterozigotik bölgeler

Veri setinde nükleotid çeşitliliği (P_i , π) 0,02877, A+T oranı %40,8 ve G+C oranı %59,2 olarak hesaplandı. On iki adet insersiyon ve delesyon (In-Del) ve 170 polimorfik bölgede (S, segregating sites) 202 mutasyon (Eta) tespit edildi. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranının 2,56, ortalama nükleotid oranlarının timin (T) için %19,64, sitozin (C) için %26,87, adenin için %21,09 ve guanin için %32,40 olduğu belirlendi. Dizilerin nükleotid kompozisyonları Tablo B.10'da ve polimorfik baz pozisyonları listesi Tablo C.3'te verildi.

3.4.3. Alt familia: Lepturinae Latreille, 1825

Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi dizilerinin hizalanması sonucu elde edilen 1060 bç uzunluğunda veri setinde 28 bireye ait 22 benzersiz dizi (alel) belirlendi. *Rutpela maculata* türünden bir bireye (LLRM225) ait dizinin 675. baz pozisyonunda heterozigot bölge (Y:C/T) tespit edilirken (Şekil 3.4), diğer baz pozisyonları ve diğer türlerin tamamının homozigot olduğu görüldü.

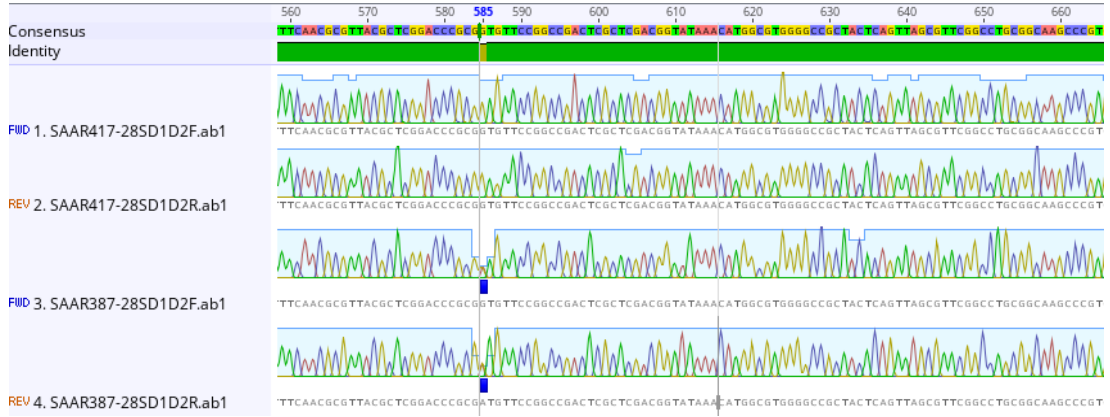


Şekil 3.4. Kocaeli'nden *Rutpela maculata* türüne ait bir örneğin (LLRM225) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 675. baz pozisyonundaki heterozigotik bölge

Nükleotid çeşitliliği (P_i , π) 0,02459, A+T oranı %40,3 ve G+C oranı %59,7 olarak hesaplandı. İnsersiyon ve delesyonun (In-Del) 15 adet olduğu tespit edildi. Toplam 130 mutasyon (Eta)'un 115 adet baz pozisyonunda (S, segregating sites) gerçekleştiği tespit edildi. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranınının 1,77 olduğu belirlendi. Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %19,34, sitozin (C) için %26,93, adenin için %21,14 ve guanin için %32,59 olarak hesaplandı. Her bir dizi için nükleotid kompozisyonu Tablo B.11'de, polimorfik baz pozisyonları listesi Tablo C.3'te verildi.

3.4.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi dizilerinin hizalanması sonucu elde edilen 1051 bç uzunluğunda veri setinde 23 bireye ait 16 benzersiz dizi (alel) belirlendi. *Arhopalus rusticus* türünden bir bireye (SAAR387) ait dizinin 585. baz pozisyonunda heterozigot bir bölge (R: A/G) tespit edildi (Şekil 3.5). Nükleotid çeşitliliği (P_i , π) 0,01700, A+T oranı %41,3, G+C oranı %58,7 olarak hesaplandı. İnsersiyon ve delesyonun (In-Del) 9 adet, polimorfik bölgenin (S, segregating sites) 54 adet ve toplam mutasyon sayısının 57 olduğu tespit edildi. Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranı 1,94 olarak; ortalama nükleotid oranları timin (T) için %19,52, sitozin (C) için %26,99, adenin için %21,80 ve guanin için %31,70 olarak hesaplandı. Tüm dizilerin nükleotid kompozisyonları Tablo B.12'de ve polimorfik baz pozisyonları listesi Tablo C.3'te verildi.



Şekil 3.5. Kocaeli’nden *Arhopalus rusticus* türüne ait bir örneğin (SAAR387) nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin hizalama sonucu 585. baz pozisyonundaki heterozigotik bölge

3.5. Kocaeli Cerambycidlerinin Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve Nükleer 28S rRNA D1-D2 Gen Dizilerini Kullanarak Filogenetik Analizleri

3.5.1. Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825

3.5.1.1. Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi

P-distance modeli ve G+I yer değiştirme oranı ile yapılan analizde ortalama uzaklık %17,1 olarak hesaplandı. Tür içi en yakın mesafe olan %0,15 değeri *Pogonocherus perroudi* türü LPPP14, LPPP360 ile LPPP53, LPPP359 haplotipleri arasında; *Morimus orientalis* türü LLMO303, LLMO306, LLMO308 ile LLMO304 haplotipleri arasında; *Exocentrus lusitanus* türü LPEL366 ile LPEL29 haplotipleri arasında; *Acanthocinus griseus* türü LAAG44, LAAG354, LAAG358 ve LAAG69 haplotipleri arasında ve morfolojik olarak kardeş türler olan *Leiopus nebulosus* türü LALN311 ve *Leiopus linnei* türü LALL54 haplotipleri arasında saptandı. Tür içi en uzak mesafe *Monochomus galloprovincialis* türü LMMG286, LMMG298 haplotipleriyle LMMG42 haplotipi arasında %3,80 olarak belirlendi. Cins içi en yüksek uzaklık değeri *Agapanthia suturalis* türü LAAS36, LAAS37, LAAS46, LAAS343 haplotipi ile *Agapanthia lateralis* türü LAAL35, LAAL364 arasında %14,4 olarak hesaplandı. Alt familyada en uzak mesafe *Agapanthiini* tribusundan *Agapanthia asphodeli* türü LAAA30 haplotipi ile *Pogonocherini* tribusu *Pogonocherus perroudi* türü LPPP14, LPPP360 ve LPPP53, LPPP359 haplotipleri arasında %22,95 olarak belirlendi (Tablo D.1).

3.5.1.2. Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

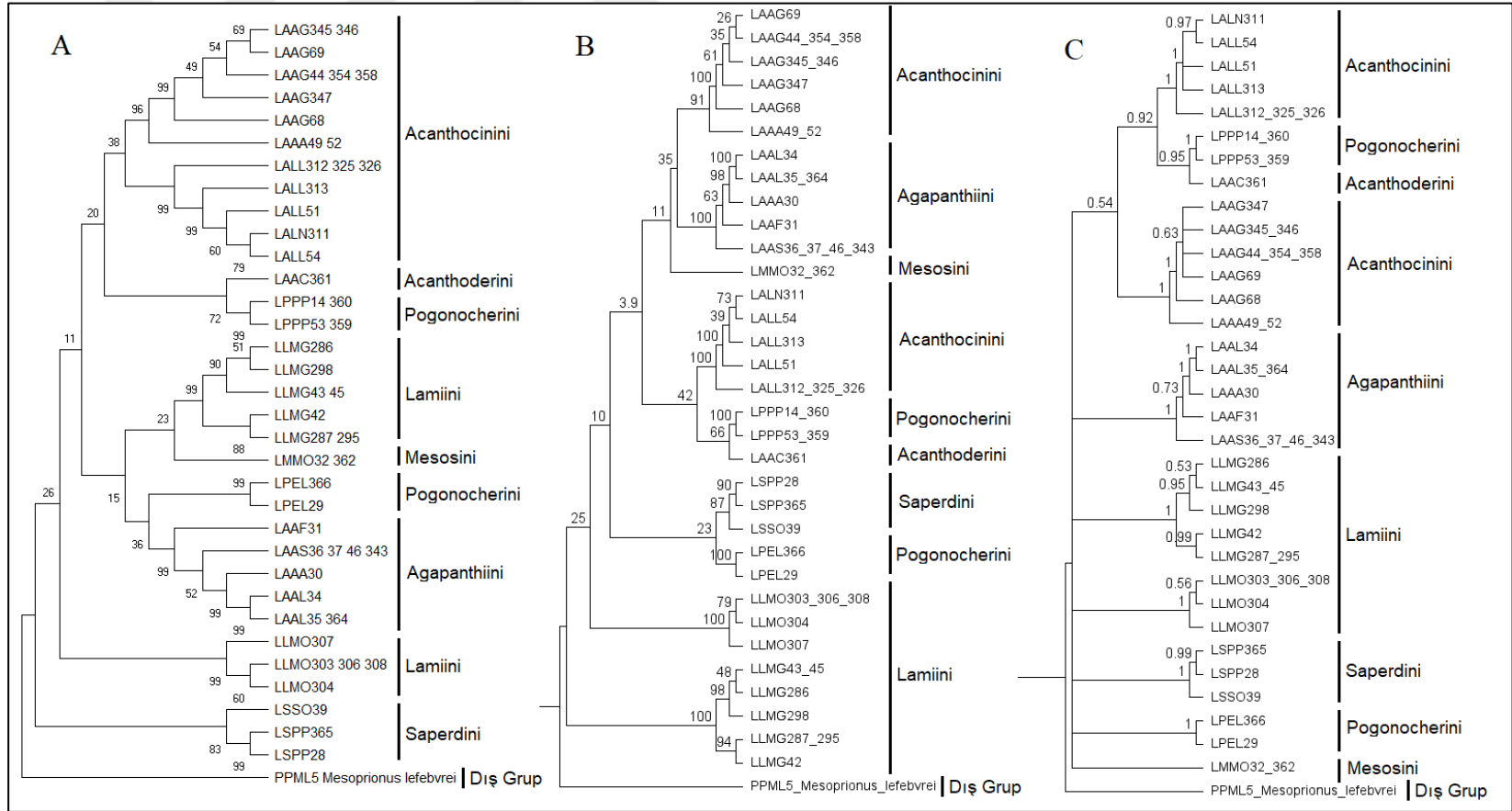
Lamiinae alt familyasından türler için dış grup olarak *Mesoprionus lefebvrei* (Cerambycidae: Prioninae)'nin kullanıldığı 10.000 bootstrap tekrarıyla yürütülen Neighbor-Joining (NJ) analizi K2P baz değişim modeliyle, 10.000 bootstrap tekrarıyla yürütülen Maksimum Olasılık (ML) ve 10.000.000 nesil değerlemesiyle yürütülen Bayesian Analizi (BI) ise GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. Her üç analizde de tribus düzeyinde politomi olduğu ancak infratribal taksonlar için tüm ağaçların çoğunlukla %70'den yüksek desteklenme değerleriyle dikotomik olarak çözüldükleri ve benzer topolojilere sahip oldukları görüldü (Şekil 3.6).

Tüm ağaçlarda Acanthocinini tribusunu temsil eden *Acanthocinus* ve *Leiopus* cinslerinin iki kümeye ayrıldığı görüldü. *Acanthocinus* kümesinden *Acanthocinus griseus* türü LAAG44, LAAG68, LAAG69, LAAG345-347, LAAG354, LAAG358 haplotipleri, *Acanthocinus aedilis* türü LAAA49, LAAA52 haplotipinden NJ ağacında %96, ML ağacında %91 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla ayrıldı. *Leiopus* kümesinde ise *L. nebulosus* (LALN311) türü ve *L. linnei* (LALL54, LALL312, LALL313, LALL315) içinde kümelendi.

Pogonocherini tribusunu temsil eden *Pogonocherus perroudi* (LPPP14, LPPP53, LPPP359, LPPP360) ve *Exocentrus lusitanus* LPEL29, LPEL366 haplotipleri iki ayrı dal üzerinde kümelendiler. *E. lusitanus* diğer taksonlardan bağımsız bir dal üzerinde konumlandı, ancak *P. perroudi* NJ ağacında %72, ML ağacında %66 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,95 posterior olasılıkla Acanthoderini'nin tek temsilcisi olan *Aegomorphus clavipes* (LAAC361) ile birlikte kümelendi.

NJ ağacında ve ML ağacında düşük bootstrap değeriyle desteklenmiş dallar üzerinde olmalarına rağmen BI ağacı 0,92 posterior olasılıkla [Pogonocherini+Acanthoderini] dalını *Leiopus* kümesine kardeş klad olarak önerdi.

Lamiini tribusundan *Monochomus galloprovincialis* LMMG42, LMMG43, LMMG45, LMMG286, LMMG287, LMMG295, LMMG298) ve *Morimus orientalis* LLMO303, LLMO304, LLMO306-308 tüm analizlerde ayrı politomik dallar üzerinde konumlandılar.



Şekil 3.6. Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli’nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

Mesosini tribusunun tek temsilcisi olan *Mesosa obscuricornis* (LMMO32, LLMO362) tüm ağaçlarda diğer tüm tribuslardan ayrı bir dal üzerinde konumlandı.

Agapanthiini tribusundan *Agapanthia* cinsi üyeleri *A. asphodeli* (LAAA30) *A. lateralis* (LAAL35, LAAL364), *A. suturalis* (LAAS36, LAAS37, LAAS46, LAAS343), *A. frivaldszkyi* (LAAF31), türleri NJ ağacında $\geq 52\%$, ML ağacında $\geq 63\%$ bootstrap değeri ve BI ağacında $\geq 0,73$ posterior olasılıkla desteklenerek dikotomik olarak çözüldüler. Çözülme tüm ağaçlarda [*A. suturalis*+ *A. frivaldszkyi* + (*A. lateralis*+*A. asphodeli*)] şeklinde gerçekleşti.

Saperdini tribusundan *Phytoecia pustulata* (LPPP365) ve *Phytoecia pubescens* (LPPP28) türleri NJ ağacında %83, ML ağacında %90 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla ayrılırken, *Saperda octopunctata* (LSSO39) türü NJ ağacında %99, ML ağacında %87 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla onların bazalından ayrıldı. *Phytoecia (Helladia) praetextata* (LPPP367) türü ise COI gen bölgesi çoğaltılamadığından analizlere dahil edilemedi.

3.5.1.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi

P-distance modeli ve G+I yer değiştirme oranı ile 522 bç uzunluğunda nükleotid dizileri yapılan analizde ortalama uzaklık %12,8 olarak hesaplandı. Tür içi en düşük uzaklık *Mesosa obscuricornis* türü LMMO32 ve LMMO362 haplotipleri arasında, *Acanthocinus griseus* türü LAAG69, LAAG345, LAAG346, LAAG347, LAAG354 ile LAAG44 haplotipleri arasında ve *Leiopus linnei* türü LALL312, LALL326 ile LALL50, LALL51, LALL54, LALL31, *Leiopus nebulosus* türü LALN311 haplotipleri arasında %0,21 olarak; tür içi yüksek uzaklık ise *Monochomus galloprovincialis* türü LMMG286 ve LMMG43 haplotipleri arasında %1,5 olarak hesaplandı. Cins içi en uzak mesafe *Agapanthia lateralis* türü LAAL34 haplotipi ile *Agapanthia frivaldszkyi* LAAF31 haplotipleri arasında %9,3 olarak hesaplandı. Alt familya içi en yüksek uzaklık değeri olan %18,1 Pogonocherini tribusundan *Pogonocherus perroudi* türü LPPP14, LPPP53, LPPP360, LPPP359 haplotipi ile Saperdini (Phytoeciini) tribusundan *Phytoecia pubescens* türü LPPP28 haplotipi ve Agapanthiini tribusundan *Agapanthia frivaldszkyi* türü LAAF31 haplotipi arasında olduğu görüldü (Tablo D.2).

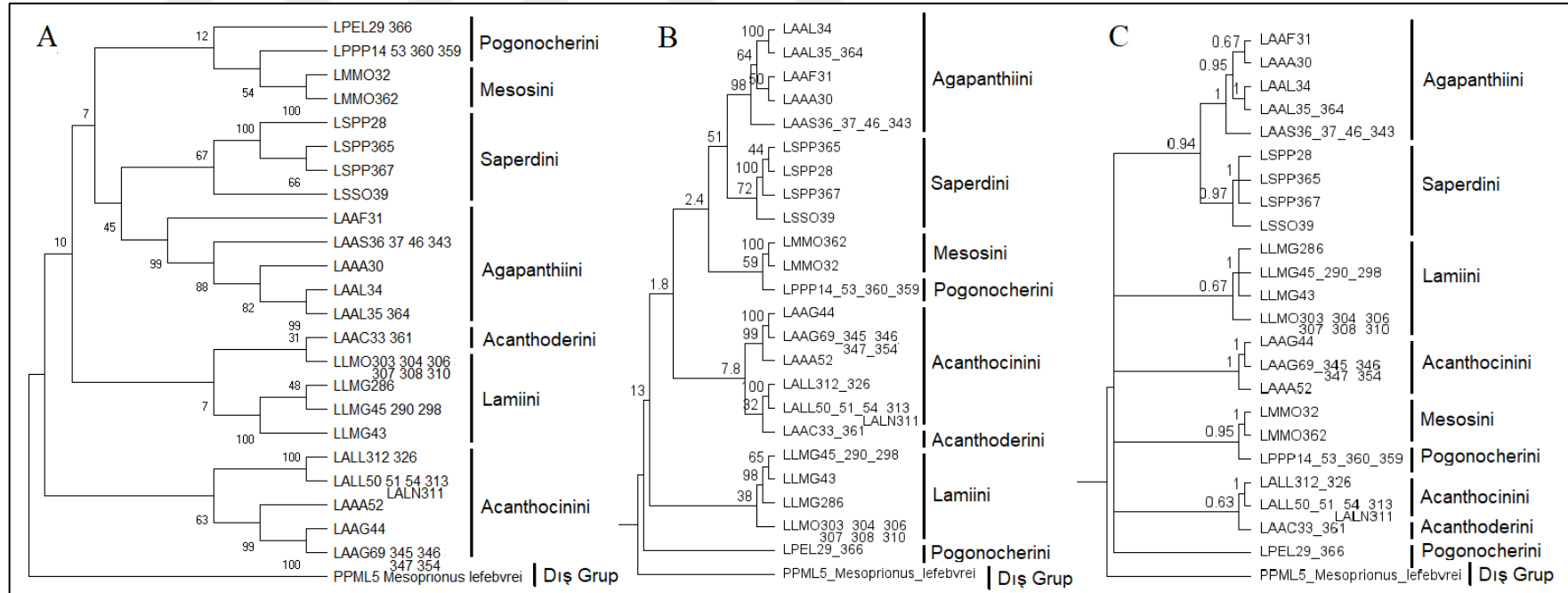
3.5.1.4. Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Dış grup olarak *Mesoprionus lefebvrei* (Cerambycidae: Prioninae)'nin kullanıldığı filogenetik analizler, 522 bç uzunluğunda 16S rRNA gen dizileriyle yapıldı. Neighbor-Joining (NJ) analizi K2P baz değişim modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla; Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) GTR+G+I yer değiştirme modeli ve sırasıyla 10.000 bootstrap tekrarı ve 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. COI gen dizilerinin kullanıldığı analizlerde olduğu gibi tribus düzeyinde çözülme gerçekleşmezken, infratribal taksonlarda çözümler görüldü (Şekil 3.7).

Mitokondriyal COI gen bölgesinin kullanıldığı analizlerde diğer tüm tribuslardan ayrı politomik bir dal üzerinde konumlanmış olan Mesosini tribusunun tek temsilcisi olan *Mesosa obscuricornis* (LMMO32, LMMO362) NJ ağacında %54, ML ağacında %59 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,95 posterior olasılıkla Pogonocherini tribusundan *Pogonocherus perroudi* (LPPP14, LPPP53, LPPP359, LPPP360) ile birlikte kümelenirken, Pogonocherini tribusundan *Exocentrus lusitanus* (LPEL29, LPEL366) ayrı bir dal üzerinde yalnız konumlandı.

Agapanthiini ve Saperdini tribusları NJ ağacında %45 bootstrap değeriyle ayrılmalarına rağmen, ML ağacında %51 bootstrap değeri, BI ağacında ise 0,94 posterior olasılıkla desteklenen kardeş kladlar oldular. Agapanthiini tribusundan *Agapanthia* cinsi üyeleri *A. asphodeli* (LAAA30) *A. lateralis* (LAAL35, LAAL364), *A. suturalis* (LAAS36, LAAS37, LAAS46, LAAS343), *A. frivaldszkyi* (LAAF31), türleri NJ ağacında \geq %82, ML ağacında \geq %50 bootstrap değeri ve BI ağacında \geq 0,67 posterior olasılıkla desteklenerek dikotomik olarak çözüldüler. Çözülme motifi COI gen bölgesi kullanılarak yapılan analizlerden farklı olarak tüm ağaçlarda [*A. suturalis*+ *A. lateralis* + (*A. frivaldszkyi* +*A. asphodeli*)] şeklinde gerçekleşti.

Saperdini tribusundan *Phytoecia pustulata* (LPPP365) ve *Phytoecia (Helladia) praetextata* (LPPP367) türleri NJ ağacında %66 bootstrap değeri ile desteklenen bir düğümden ayrılan iki dalda konumlanırken, *Phytoecia pubescens* (LPPP28) %100 desteklenme ile onların bazalına yerleşti. Bu üç türün çözülmesi ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında ise 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden trikotomik olarak gerçekleşti.



Şekil 3.7. Lamiinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

Tüm ağaçlarda *Phytoecia* cinsinin bazalından *Saperda octopunctata* (LSSO39) türünü ayıran düğüm NJ ağacında %67, ML ağacında %72 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,97 posterior olasılıkla desteklendi.

Acanthoderini'nin tek temsilcisi olan *Aegomorphus clavipes* (LAAC361) NJ ağacında Lamiini tribusundan *Morimus orientalis* ile birlikte kümelenirken, *Leiopus* cinsi ile ML ağacında <%50 desteklenme değeri, BI ağacında ise 0,63 posterior olasılıkla birlikte kümelendi. Lamiini tribusundan *Monochomus galloprovincialis* (LMMG43, LMMG45, LMMG286, LMMG290, LMMG298) ve *M. orientalis* (LLMO303, LLMO304, LLMO306-308, LLMO310) NJ ve ML ağacında birlikte kümelenirken, BI ağacında *M. orientalis* 0,67 posterior olasılıkla *M. galloprovincialis*'in bazalında konumlandı.

Acanthocinini tribusuna ait *Acanthocinus* ve *Leiopus* cinsleri COI gen bölgesi kullanılarak yapılan analizlerde olduğu gibi 16S rRNA gen bölgesi kullanılarak yapılan ML ve BI analizlerinde de iki ayrı daldaki konumlanmalarına rağmen, bu iki cins için NJ analizi %63 bootstrap desteğiyle dikotomik çözülme önerdi. *Acanthocinus* kümesinden *A. griseus* türü (LAAG44, LAAG69, LAAG345-347), *A.aedilis* türü LAAA52 haplotipinden NJ ve ML ağacında %99 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla ayrıldı. *Leiopus* kümesinde ise *L. nebulosus* (LALN311) türü ve *L. linnei* (LALL50, LALL51, LALL54, LALL312, LALL313, LALL326) içinde kümelendi.

3.5.1.5. Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi

Lamiinae alt familyasından 1051 bp uzunluğunda 28S rRNA gen bölgesi dizileri için p-distance modeli ve G+I yer değiştirme oranı ile yapılan analizde ortalama uzaklık %7,41 olarak hesaplandı. Tür içi uzaklıklar, yalnızca *Agapanthia lateralis* türü LAAL34 ile LAAL35, LAAL364 genotipleri arasında ve *Agapanthia suturalis* türü LAAS46 ve LAAS36, LAAS343 genotipleri arasında %0,01 olarak hesaplandı. Cins içi en uzak mesafe *Phytoecia (Helladia) praetextata* türü LPPP367 dizisi ile *Phytoecia pustulata* türü LPPP365 dizisi arasında %3,52 olarak hesaplandı. Alt familya en yüksek uzaklık olan %10,55 değerine sahip diziler ise *Agapanthiini* tribusundan *Agapanthia frivaldszkyi* ile *Saperdini* (Phytoeciini) tribusundan *Phytoecia (Helladia) praetextata* türü LPPP367 olarak belirlendi (Tablo D.3).

3.5.1.6. Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

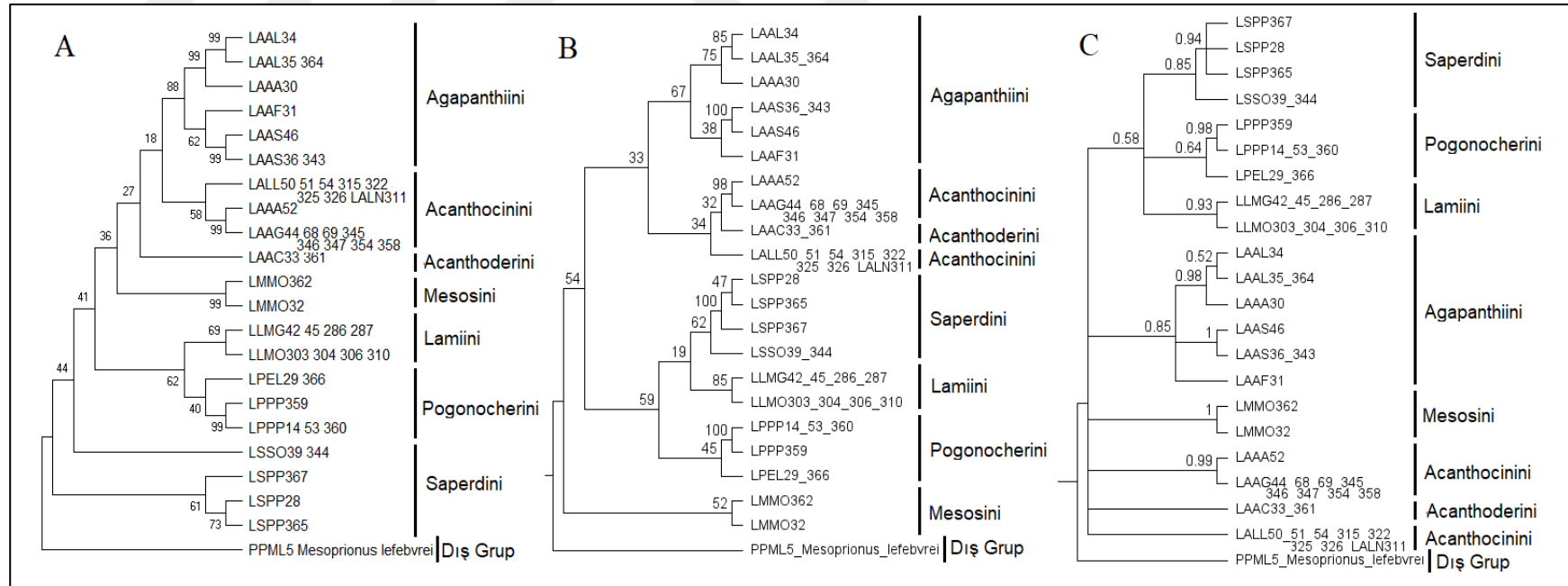
Lamiinae alt familyasından türlere ait 1170 bç uzunluğunda 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Mesoprionus lefebvrei* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI ise 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. NJ ve ML analizlerinde, diğer gen bölgelerinde olduğu gibi 28S rRNA D1-D2 gen bölgesiyle yapılan analizlerde de intertribal ilişkilerde düşük desteklenme değerleriyle desteklenen dallar görüldü (Şekil 3.8).

Mesosini tribusunun tek temsilcisi olan *Mesosa obscuricornis* (LMMO32, LMMO362) COI gen bölgesiyle yapılan analizlerde diğer tüm tribuslardan ayrı bir dal üzerinde konumlanmış, 16S rRNA gen bölgesiyle yapılan analizlerde Pogonocherini tribusundan *Pogonocherus perroudi* (LPPP14, LPPP53, LPPP359, LPPP360) ile birlikte kümelenmişken, 28S rRNA gen bölgesi kullanılarak yapılan NJ, ML ve BI analizlerinde de ayrı bir dal üzerinde konumlandı.

Pogonocherini tribusundan *Exocentrus lusitanus* (LPEL29, LPEL366) ve *Pogonocherus perroudi* (LPPP14, LPPP53, LPPP359, LPPP360) birlikte kümelenerek, Lamiini tribusu ile NJ ağacında %62 bootstrap desteğiyle desteklenmiş bir düğümden ayrıldı. Buna karşın ML ağacında %59 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,58 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan dallanmayla Pogonocherini, Lamiini ve NJ ağacında bağımsız bir dalda konumlanmış olan Saperdini tribusları birlikte kümelandiler.

Lamiini tribusundan *Monochomus galloprovincialis* (LMMG43, LMMG45, LMMG286, LMMG287) ve *Morimus orientalis* (LLMO303, LLMO304, LLMO306, LLMO310) NJ ağacında %69, ML ağacında %85 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,93 posterior olasılıkla ayrıldılar.

Saperdini tribusu *Phytoecia* cinsinden *P. pustulata* (LPPP365) ve *Phytoecia pubescens* (LPPP28) NJ ağacında %73 bootstrap desteğiyle ayrılırken, *Phytoecia (Helladia) praetextata* (LPPP367) %61 bootstrap desteğiyle onların bazalında konumlandı.



Şekil 3.8. Lamiinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

Bu üç türün çözülmesi ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında ise 0,98 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden trikotomik olarak gerçekleşti. NJ ağacında *Phytoecia* cinsi'den ayrı bir dalda konumlanan *Saperda octopunctata* (LSSO39, LSSO344), ML ağacında %62 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,85 posterior olasılıkla *Phytoecia* cinsinin bazalında konumlandı.

Agapanthiini tribusundan *Agapantia* cinsi üyeleri *A. asphodeli* (LAAA30) *A. lateralis* (LAAL35, LAAL364), *A. suturalis* (LAAS36, LAAS37, LAAS46, LAAS343), *A. frivaldszkyi* (LAAF31), türleri NJ ağacında \geq %62 bootstrap desteği dikotomik olarak çözülürken, ML ve BI ağacında (*A. lateralis*+*A. asphodeli*), *A. suturalis* ve *A. frivaldszkyi* ayrı dallarda konumlanarak ML ağacında %67 bootstrap değeri, BI ağacında 0,85 posterior olasılıkla desteklenen bir dal üzerinde kümeleniler.

Acanthoderini'nin tek temsilcisi olan *Aegomorphus clavipes* (LAAC33, LAAC361) tüm ağaçlarda diğer tribuslardan ayrı bir dal üzerinde konumlandı.

Acanthocinini tribusu *Acanthocinus* ve *Leiopus* cinsleri COI ve 16S rRNA gen bölgeleri kullanılarak yapılan bölgesi kullanılarak yapılan analizlerde olduğu gibi NJ ağacında %58 bootstrap desteğiyle çözülürken, ML ve BI analizlerinde iki ayrı dalda konumlandı. *Acanthocinus* cinsinden *A. griseus* (LAAG44, LAAG68, LAAG69, LAAG345-347, LAAG354, LAAG358), ve *A. aedilis* (LAAA52) NJ ağacında %99 ve ML ağacında %98 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla ayrıldı. *Leiopus* cinsinde ise *L. nebulosus* (LALN311) ve *L. linnei* (LALL50, LALL51, LALL54, LALL315, LALL322, LALL325, LALL326) birebir aynı dizilere sahiptiler.

3.5.1.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz

Lamiinae alt familyasından türlere ait üç gen bölgesine ait dizilerin birleştirilmesiyle elde edilen 2406 bç uzunluğunda dizileri kullanılarak Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Mesoprionus lefebvrei* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli 10.000 bootstrap tekrarı; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle sırasıyla 10.000 bootstrap tekrarı ve 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü.

Intertribal ilişkilerde COI, 16S rRNA ve 28S rRNA D1-D2 gen bölgeleri ayrı ayrı kullanılarak yürütülen analizlerde çözülme olmamasına rağmen, tüm gen bölgelerinin birleştirilerek kullanıldığı analizlerde dikotomik çözümler gerçekleşti (Şekil 3.9).

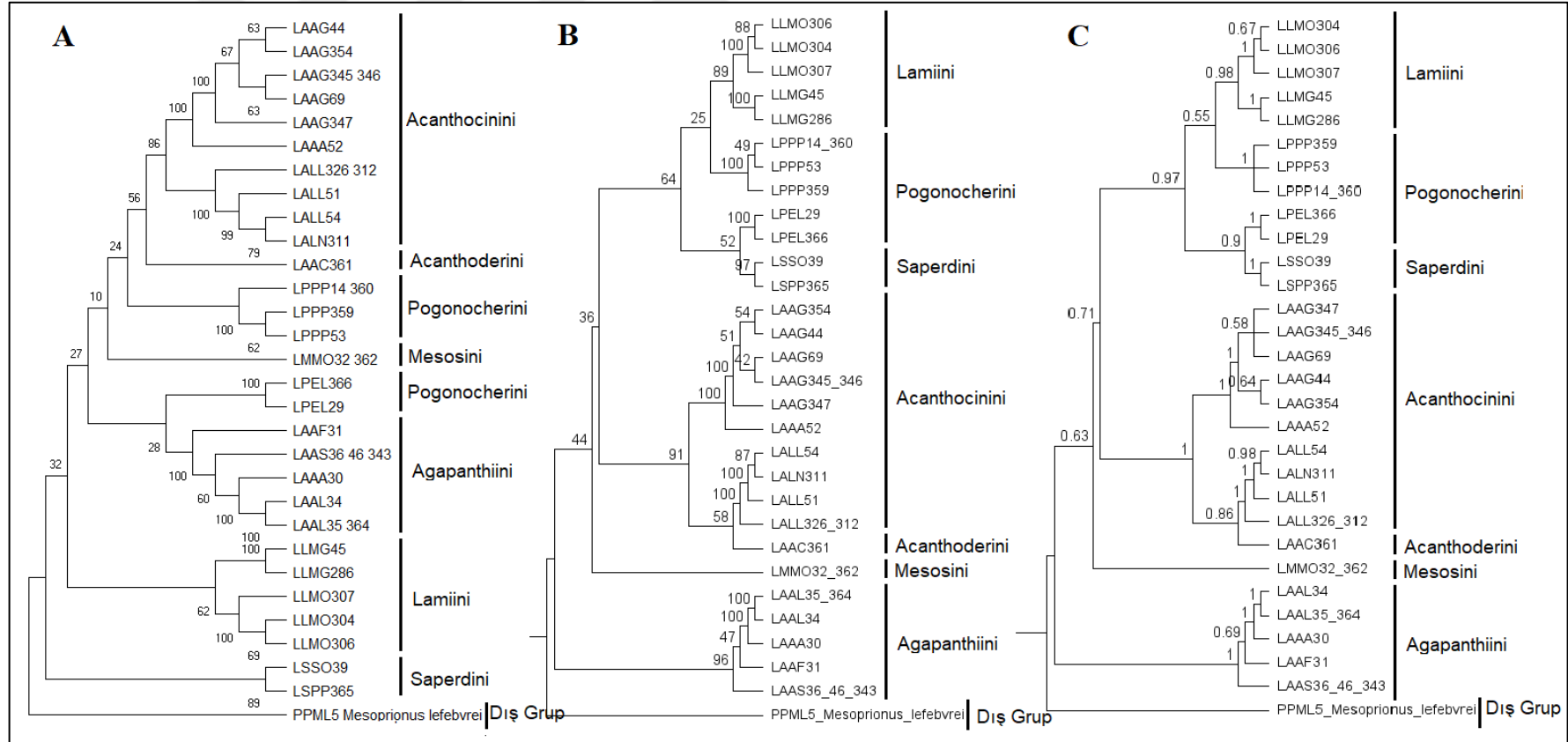
Acanthoderini tribusunun tek temsilcisi olan *Aegomorphus clavipes* (LAAC361) tüm ağaçlarda Acanthocinini tribusu ile birlikte kümelendi. *A. clavipes* NJ ağacında %56 bootstrap desteğiyle Acanthocinini'nin bazalından ayrılırken, ML ağacında %58 ve BI ağacında 0,86 ise posterior olasılıkla Acanthocinini tribusundan *Leiopus* cinsi ile birlikte kümelendi. *Leiopus* ve *Acanthocinus* cinsi NJ ağacında %86, ML ağacında %92 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrıldılar.

Acanthocinus cinsinden *A. griseus* (LAAG44, LAAG69, LAAG345-347, LAAG354, LAAG358), ve *A. aedilis* (LAAA52) NJ ağacında %100 ve ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla ayrıldı. *Leiopus* cinsinde ise *L. nebulosus* (LALN311) ve *L. linnei* (LALL54, LALL51, LALL311, LALL312, LALL326, LALL361) türüne ait diziler arasında kümelendi.

Pogonocherini, Lamiini ve Saperdini tribusları NJ ağacında ayrı dallar üzerinde konumlanmış olmalarına rağmen ML ve BI analizlerinde birlikte kümelendiler. Pogonocherini tribusundan *Exocentrus lusitanus* (LPEL29, LPEL366) ve *Pogonocherus perroudi* (LPPP14, LPPP53, LPPP359, LPPP360) BI ve ML ağaçlarında sırasıyla Lamiini ve Saperdini tribusları içinde kümelendiler.

Lamiini tribusundan *Monochomus galloprovincialis* (LMMG45, LMMG286) ve *Morimus orientalis* (LLMO304, LLMO306, LLMO307) NJ ağacında %62, ML ağacında %89 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,98 posterior olasılıkla ayrıldılar. ML ağacında Pogonocherini tribusundan *P. perroudi* (LPPP14, 53, 359, 360) politomik olarak, BI ağacında ise 0,55 posterior olasılıkla Lamiini ile birlikte kümelendi.

Saperdini tribusundan *Phytoecia pustulata* (LPPP365) ve *Saperda octopunctata* (LSSO39), NJ ağacında %89, ML ağacında %97 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla ayrılırken, *Exocentrus lusitanus* (LPEL29, LPEL366) ML ağacında %52 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,90 posterior olasılıkla ayrı olarak kardeş klad oldu.



Şekil 3.9. Lamiinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

Mesosini tribusunun tek temsilcisi olan *Mesosa obscuricornis* (LMMO32, LMMO362) NJ ve ML ağacında diğer tribuslardan ayrılmış bir dal üzerinde konumlanmışken, BI ağacında {[Saperdini+(Lamiini+Pogonocherini)]+[Acanthoderini+Acanthocinini]} dalının bazalından 0,68 posterior olasılıkla ayrılan bir dalda konumlandı.

Agapanthiini tribusundan *Agapantia* cinsi üyeleri *A. asphodeli* (LAAA30) *A. lateralis* (LAAL35, LAAL364), *A. suturalis* (LAAS36, LAAS46, LAAS343), *A. frivaldszkyi* (LAAF31), türleri NJ ağacında ≥ 60 bootstrap desteği, BI ağacında $\geq 0,69$ posterior olasılıkla çözülrken, ML ağacında bazal düğümünden 96 bootstrap desteğiyle ayrılan *A. suturalis* dışındaki türler trikotomik olarak ayrıldılar.

3.5.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825

3.5.2.1. Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi

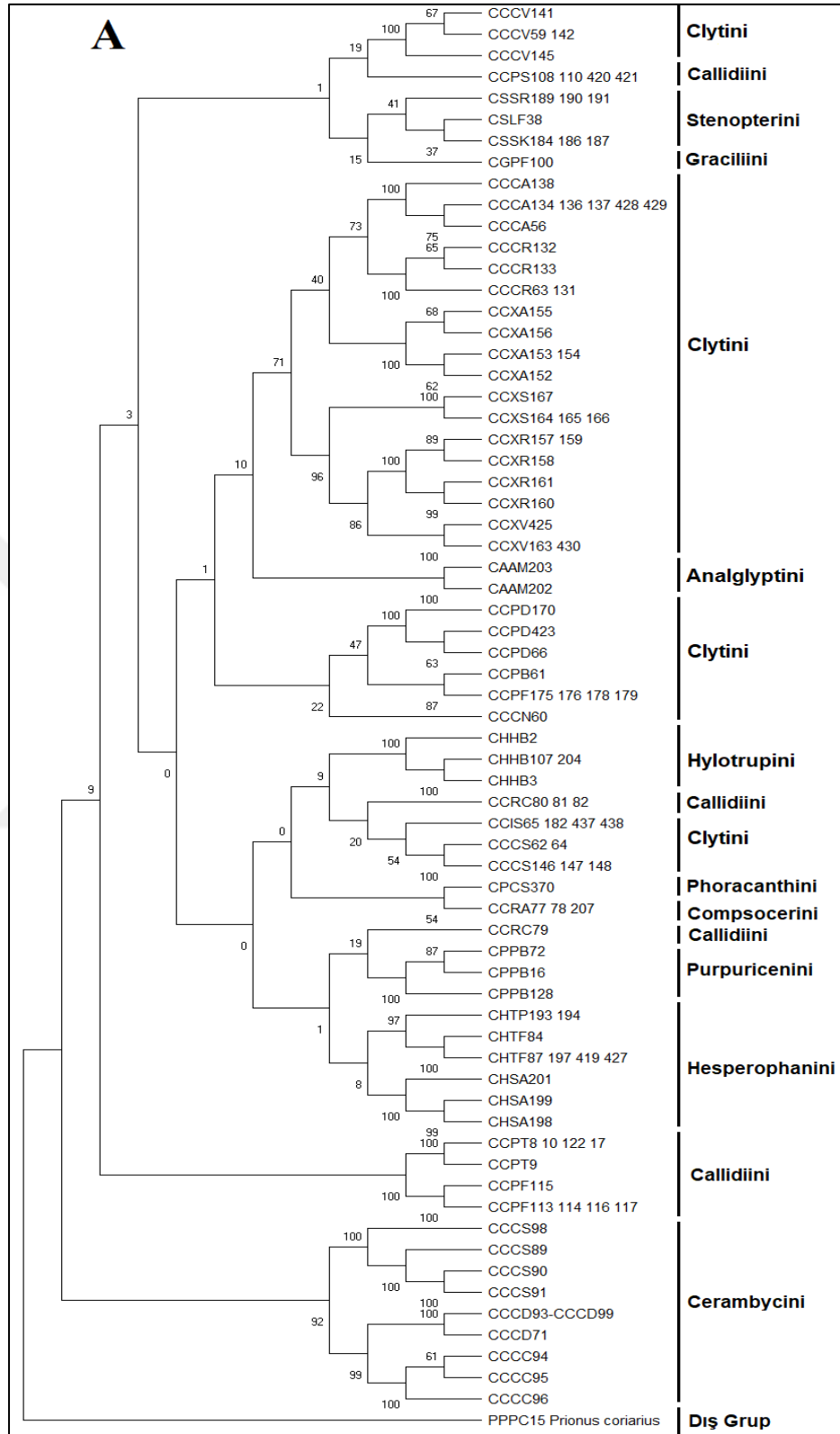
Diziler arası ikili uzaklıklar p-distance modeli ve G+I yer değiştirme oranı ile yapılan analizde ortalama uzaklık $18,5$ olarak hesaplandı. Tür içi en yakın mesafe olan $0,15$ değerinin *Cerambyx dux* türü CCCD93, CCCD99 ile CCCD71 haplotipleri arasında; *Trichoferus fasciculatus* türü CHTF84 ile CHTF87, CHTF197, CHTF419, CHTF427 haplotipleri arasında; *Chlorophorus varius* türü CCCV59, CCCV142 ile CCCV141, CCCV145 haplotipleri arasında; *Cerambyx scopolii* türü CCCS90 ile CCCS91 haplotipleri arasında; *Purpuricenus budensis* türü CPPB16 ile CPPB72, CPPB128 haplotipleri arasında; *Phymatodes femoralis* türü CCPF115 ile CCPF113, CCPF114, CCPF116, CCPF117 haplotipleri arasında; *Phymatodes testaceus* türü CCPT9 ile CCPT8, CCPT10, CCPT17, CCPT122 haplotipleri arasında; *Stromatium auratum* türü CHSA198 ile CHSA199, CHSA201 haplotipleri arasında; *Clytus arietis* türü CCA134, CCA136, CCA137, CCA428, CCA429 ile CCA56, CCA138 haplotipleri arasında, *Xylotrechus antilope* türü CCXA155 ile CCXA156 haplotipleri ve CCXA153, CCXA154 ile CCXA152 haplotipleri arasında; *Clytus rhamni* türü CCCR133 ile CCCR63, CCCR131, CCCR132 haplotipleri arasında; *Xylotrechus rusticus* türü CCXR161 ile CCXR160 ve CCXR157, CCXR159 ile CCXR158 haplotipleri arasında olduğu belirlendi. Tür içi en uzak mesafe *Hylotrupes bajulus* türü CHHB2 ile CHHB3 haplotipleri arasında $2,74$ olarak hesaplandı. Cins içi en yüksek uzaklık değeri *Cerambyx dux* türü CCCD93, CCCD99 haplotipi ve

Cerambyx cerdo türü CCCC96 haplotipi arasında %14,56 olarak hesaplandı. Alt familya içinde en yüksek uzaklık değeri ise Stenopterini tribusundan *Stenopterus kraatzii* ile ve Callidiini tribusundan *Pyrrhidium sanguineum* arasında ve %24,51 olarak belirlendi (Tablo D.4).

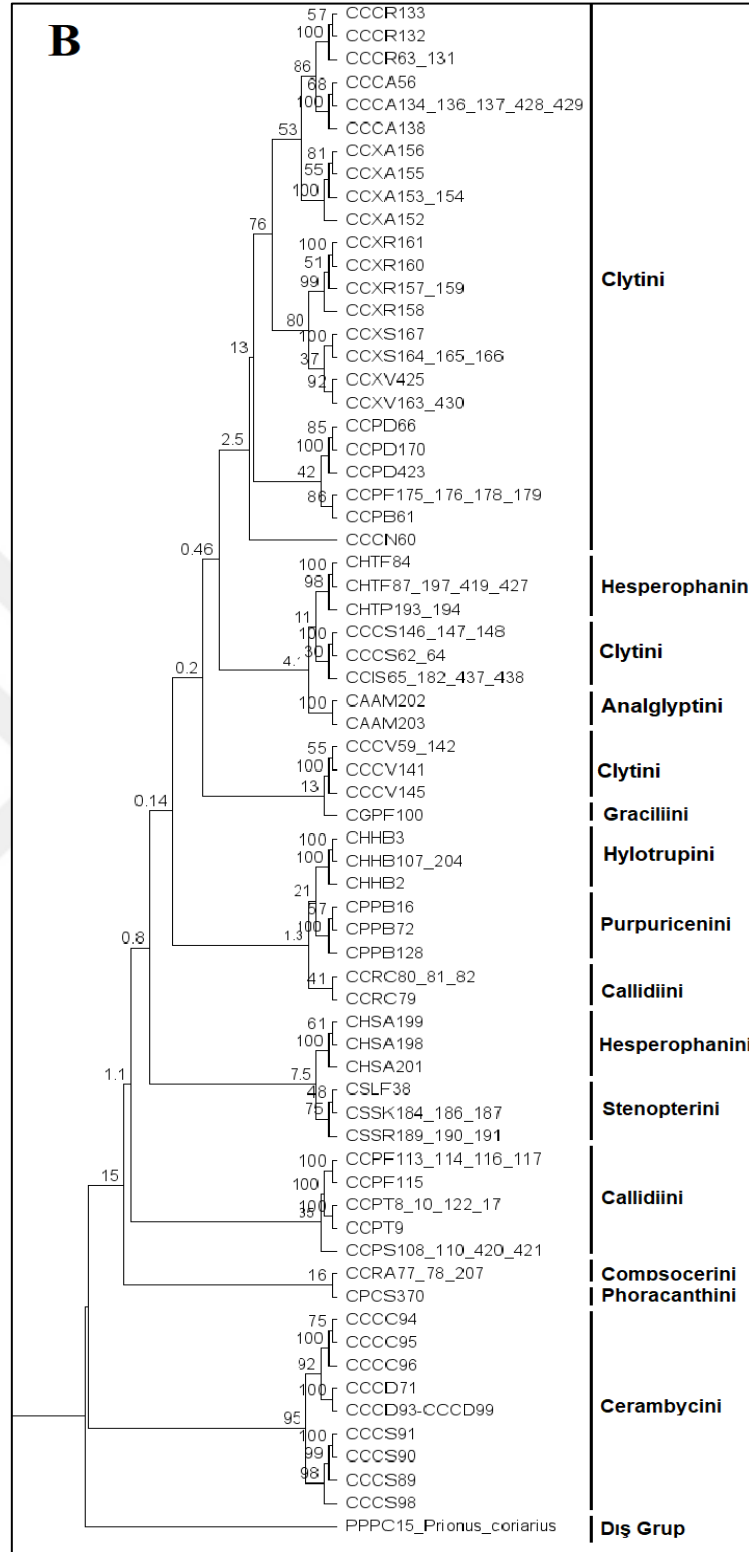
3.5.2.2. Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Cerambycinae alt familyasından türlere ait 658 bç uzunluğunda kısmi COI gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarıyla, BI ise 8.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. Her üç analizde de infratribal taksonlar için tüm ağaçların çoğunlukla %50'den yüksek desteklenme değerleriyle çözüldükleri ve benzer topolojilere sahip oldukları görüldü (Şekil 3.10).

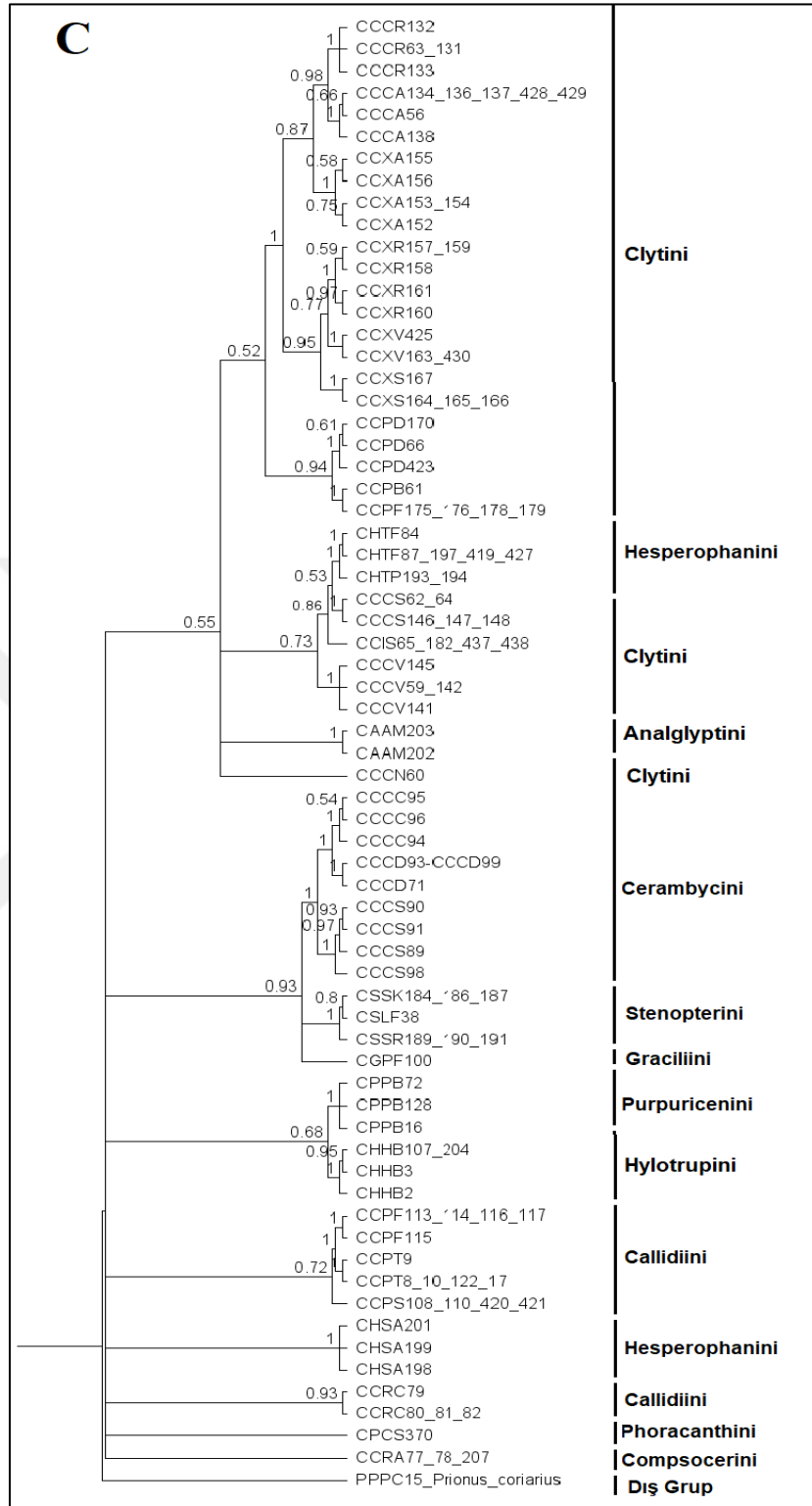
Clytini tribusundan *Clytus* ve *Xylotrechus* cinsleri NJ ağacında %71, ML ağacında %76 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan iki dal üzerinde konumlandılar. *Clytus* cinsinden *C. arietis* (CCCA56, CCCA138, CCCA134, CCCA136, CCCA137, CCCA428, CCCA429) ve *C. rhamni* (CCCR63, CCCR131, CCCR132, CCCR133) türlerinin kardeş kladlar olarak konumlandıkları dal, *Xylotrechus antilope* (CCXA152-156) türü ile aynı ana daldan ayrıldı. *Xylotrechus* cinsinden *X. arvicola* (CCXV163, CCXV425, CCXV430), *X. stebbingi* (CCXS164-167) ve *X. rusticus* (CCXR157-161) türleri birlikte kümelendiler. Bu durum *Xylotrechus* cinsinin polifiletik olduğunun göstergesi olabilir. Clytini tribusu *Chlorophorus* cinsinden *C. niehuisi* (CCCN60) ve *C. varius* (CCCV141, CCCV142, CCCV145) türleri Clytini tribusu içinde diğer türlerden <%50 desteklenme değerleriyle ayrılmış dalda konumlandılar. *C. sartor* (CCCS62, CCCS64, CCCS146-148) ise *Isotomus speciosus* (CCIS65, CCIS182, CCIS437, CCIS438) türü ile birlikte kümelendi. Clytini tribusu *Plagionotus* cinsinden *P. bobelayei* (CCPB61) ve *P. floralis* (CCPF175, CCPF176, CCPF178, CCPF179) türleri birlikte kümelenecek *P. detritus* (CCPD66, CCPD170, CCPD423) 'dan ayrıldılar.



Şekil 3.10. Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı



Şekil 3.10. (Devam) Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı



Şekil 3.10. (Devam) Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

Anaglyptini tribusundan tek tür olan *Anaglyptus mysticus* (CAAM202, CAAM203) her üç ağaçta da Clytini tribusu içinde ayrı bir dalda konumlandı.

Callidiini tribusundan *Phymatodes* cinsine ait *P. testaceus* (CCPT8-10, 1 CCPT7, CCPT122) ve *P. femoralis* (CCPF113-117) türleri NJ, ML ve BI ağaçlarında birlikte kümeleniler. Ancak *Ropalopus clavipes* türü CCRC79 ve CCRC80-82 haplotipleri tüm analizlerde politomi gösteren dallar üzerinde Callidiini tribusundan ayrık dallarda konumlandılar. *Pyrrhidium sanguineum* (CCPS108, CCPS110, CCPS420-421) ise Clytini tribusu içinde kümelendi. Tüm analiz sonuçlarında Cerambycini tribusundan *Cerambyx* cinsi birisi *C. scopoli* (CCCS89-91, CCCS98), diğeri *C. dux* (CCCD71, CCCD93, CCCD99) ve *C. cerdo* (CCCC94-96)'dan oluşan iki gruba ayrıldı.

Graciliini tribusundan *Penichroa fasciata* (CGPF100), Compsocerini tribusundan *Rosalia alphina* (CCRA77-78, CCRA207) ve Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* (CPCS370) türleri tüm analizlerde politomik dallarda konumlandılar. Stenopterini tribusundan *Stenopterus kraatzi* (CSSK184, CSSK186-187) ve *Callimus (Lampropterus) femoratus* (CSLF38) türleri tüm analizlerde aynı düğümden ayrılan dallarda konumlanırken, *Stenopterus rufus* (CSSR 189-191) de ML ağacında %75 bootstrap desteği, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı, NJ ağacında ise çözülme gerçekleşmedi. Hesperophanini tribusu *Trichoferus* cinsinden *T. fasciculatus* (CHTF84, CHTF87, CHTF197, CHTF419, CHTF427) ve *T. pallidus* (CHTP193, CHTP134) birlikte kümelendirken, *Stromatium auratum* (CHSA198-199, CHSA201) NJ ağacında aynı küme içinde, BI ve ML ağacında bağımsız bir dalda konumlandı.

Purpuricenini tribusundan *Purpuricenus budensis* (CPPB16, CPPB72, CPPB128) ve Hylotrupini tribusundan *Hylotrupes bajulus* (CHHB2-3, CHHB107, CHHB204) türü NJ ve ML ağaçlarında <%50 desteklenme değerine sahip dallarda konumlanırken, BI ağacında 0,68 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan iki dalda konumlandılar.

3.5.2.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi

Cerambycinae alt familyası 16S rRNA gen bölgesi (526 bç) nükleotid dizileri için p-distance modeli ve G+I yer değiştirme oranı ile yapılan ikili uzaklık analizinde

ortalama %15,7 olarak hesaplandı. Tür içi en yakın mesafe olan %0,2 değeri ve *Hylotrupes bajulus* türü CHHB3, CHHB107, CHHB204 ile CHHB2 haplotipleri arasında; *Xylotrechus antilope* türü CCXA154 ile CCXA155-156 haplotipleri arasında; *Stromatium auratum* türü CHSA198 ile CHSA199, CHSA201 haplotipleri arasında; *Phymatodes femoralis* türü CCPF116 ve CCPF113-115, CCPF117 haplotipleri arasında; *Purpuricenus budensis* türü CPPB16 ile CPPB72, CPPB128 haplotipleri arasında ve *Cerambyx cerdo* türü CCCC95 ile CCCC96 haplotipleri arasında tespit edildi. Tür içi en uzak mesafe ise *Cerambyx dux* türünde CCCD97 ile CCCC71, 93, 99 haplotipleri arasında %9,9 olarak hesaplandı. Cins içi en yüksek uzaklık değeri *Plagionotus floralis* türü CCPF175 haplotipi ile *Plagionotus detrius* türü CCPD66, 423 haplotipi arasında %10,51 olarak belirlendi. Alt familya içinde en uzak değer ise Hesperophanini tribusundan *Trichoferus pallidus* türü CHTP193-194 haplotipleri ile Stenopterini tribusundan *Stenopterus rufus* türü CSSR189-191 haplotipleri arasında ve %23,8 olduğu saptandı (Tablo D.5).

3.5.2.4. Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Cerambycinae alt familyasından türlere ait 523 bç uzunluğunda 16S rRNA gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI ise 2.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. NJ analizi K2P baz değişim modeli; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. COI gen bölgesinin kullanıldığı analizlerde olduğu gibi tribus düzeyinde yüksek desteklenme değerleri alan çözümler görülmezken, infratribal taksonlarda çözümler görüldü (Şekil 3.11).

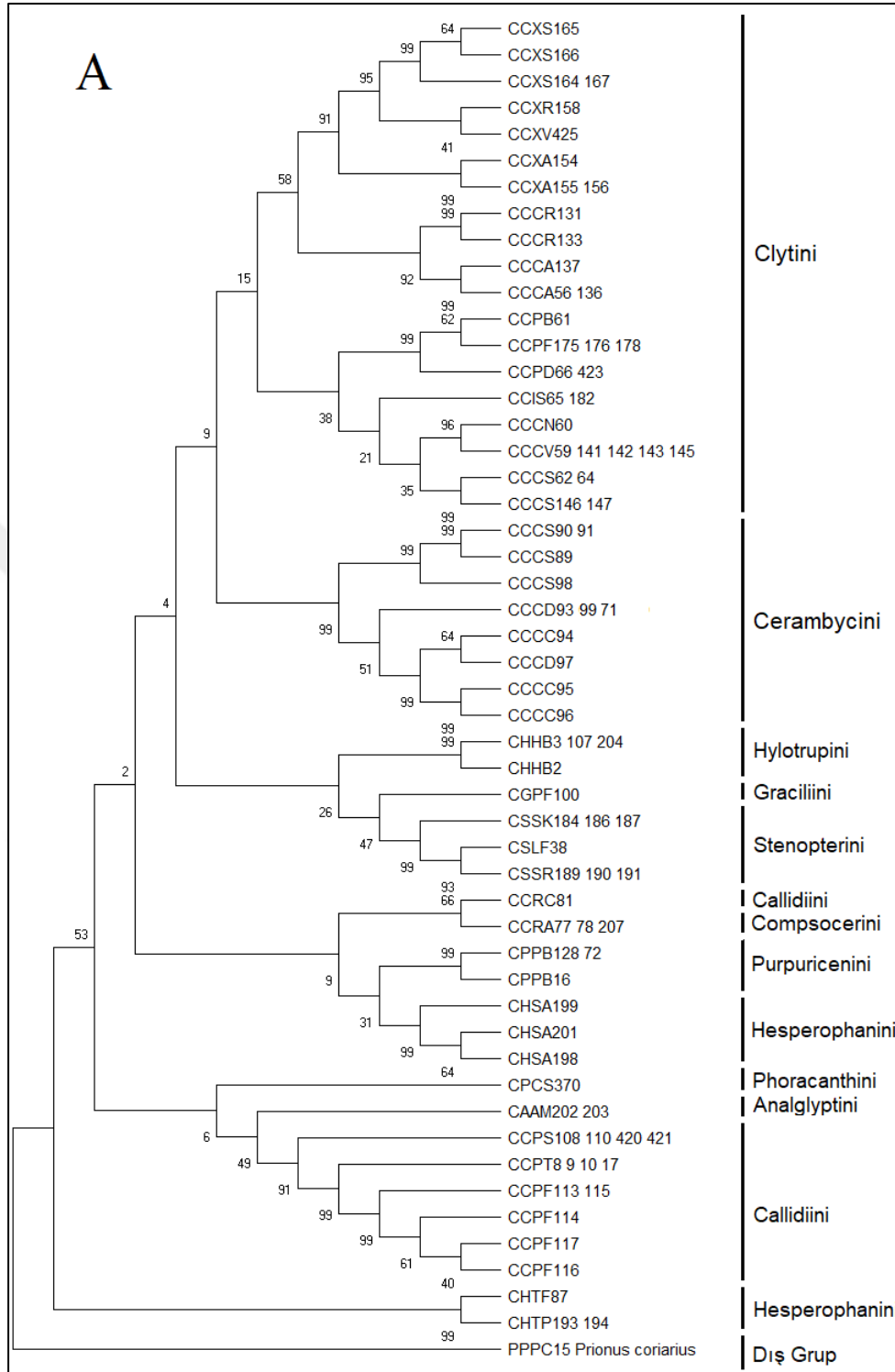
Clytini tribusundan *Clytus* cinsinden *C. arietis* (CCCA56, CCCA136-137) ve *C. rhamni* (CCCR131-132) ve *Xylotrechus* cinsinden *X. antilope* (CCXA154-156) *X. arvicola* (CCXV425), *X. stebbingi* (CCXS164-167) ve *X. rusticus* (CCXR158) COI gen bölgesi kullanılarak yapılan analizlerinden farklı olarak, aynı cinse ait türler beraberce kümelenmiş olarak NJ ağacında %57, bootstrap desteğiyle, BI ağacında ise 0.93 posterior olasılıkla birbirlerinden ayrıldılar. ML ağacında ise ayrıklı iki dalda kümelenildiler. *Chlorophorus* cinsinden *C. niehuisi* (CCCN60) ve *C. varius* (CCCV59,

141-145), *C. sartor* (CCCS62, CCCS64, CCCS146-147); *Isotomus speciosus* (CCIS65, CCIS182) türleri <%50 desteklenme değeriyle desteklenen dallarda konumlanırken, *Plagionotus* cinslerine ait *P. bobelayei* (CCPB61) ve *P. floralis* (CCPF175-176, CCPF178), *P. detritus* (CCPD66, CCPD423) türleri tüm ağaçlarda çözüldüler. Anaglyptini tribusundan tek tür olan *Anaglyptus mysticus* (CAAM202-203) BI ağacında 0,57 posterior olasılıkla *Xylotrechus* cinsinin bazalında konumlanırken, NJ ağacında %53 bootstrap desteğiyle ayrılmış olan [Phoracanthini+Hesperophanini+Callidiini+Anaglyptini] dalında konumlandı.

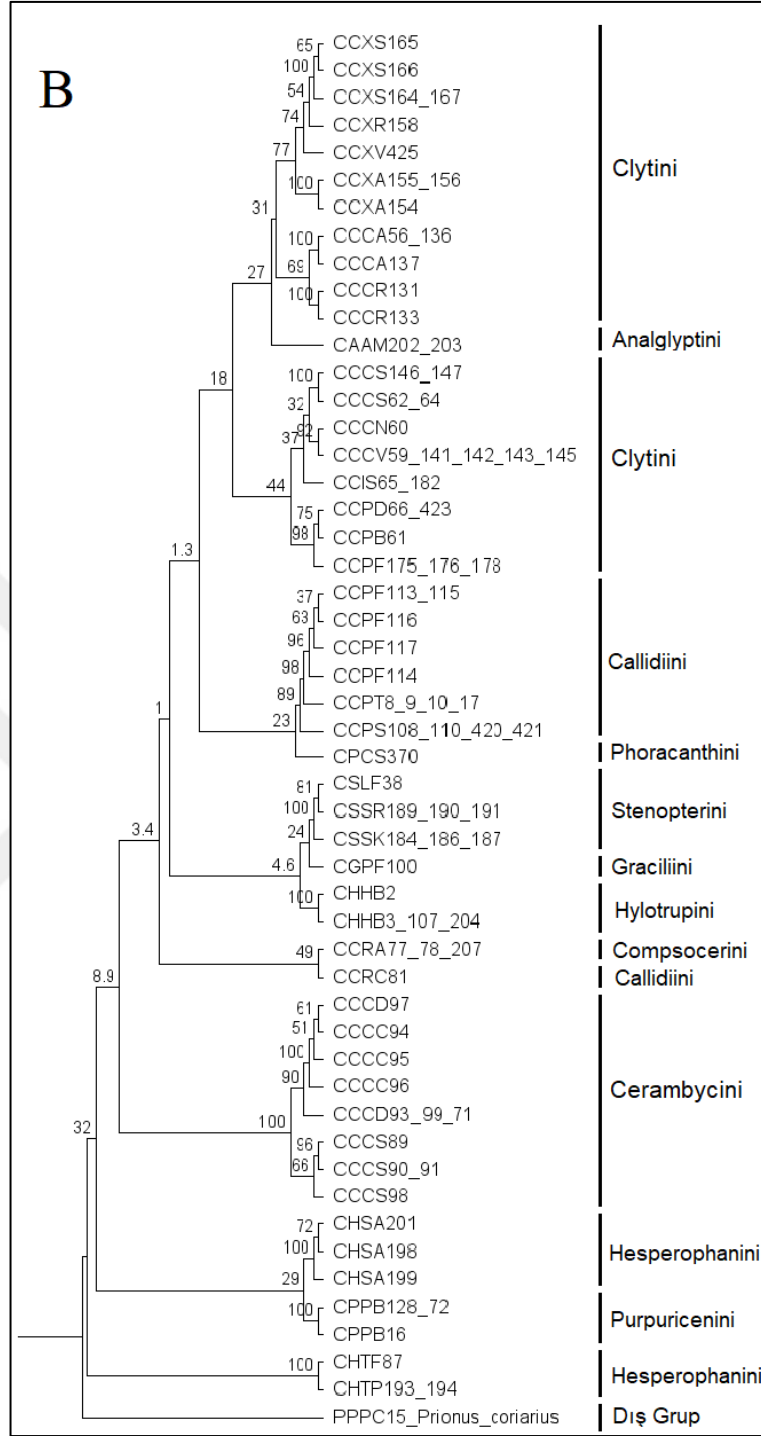
Cerambycini tribusundan *Cerambyx* cinsi birisi *C. scopoli* (CCCS89-91, CCCS98), NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla diğer türlerden ayrıldı. Ancak NJ ve ML ağaçlarında %51 bootstrap desteğinden ve BI ağacı 0,51 posterior olasılıktan yüksek dallanmalara sahip olan CCCD97 ve CCCC94 haplotipleri kardeş kladlar olarak kümenin terminalinde konumlanırken, NJ ve ML ağaçlarında %90'dan yüksek bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla CCCC95 ve CCCC96 haplotipleri onların bazalında konumlandılar; CCCD93,99,71 haplotipi ise NJ ve ML'da %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla hepsinin bazalında konumlandı.

Callidiini tribusundan *Phymatodes* cinsine ait *P. testaceus* (CCPT8-10, CCPT17) ve *P. femoralis* (CCPF113-117) türleri NJ, ML ve BI ağaçlarında birlikte kümelendiler. COI gen bölgesiyle yapılan analizlerde Clytini içinde kümeleneşmiş olan *Pyrrhidium sanguineum* (CCPS108, CCPS110, CCPS420-421) türü ise NJ ağacında %91 bootstrap desteği, BI ağacında 0.65 posterior olasılıkla *Phymatodes* cinsinin tabanına yerleşti. Ancak *Ropalopus clavipes* türü CCRC79 ve CCRC80-82 haplotipleri NJ ağacında %66, ML ağacında %49 bootstrap desteği, BI ağacında 0,89 posterior olasılıkla Compsocerini tribusundan *Rosalia alphina* (CCRA77-78, CCRA207) ile aynı düğümden ayrılan iki dalda konumlandılar.

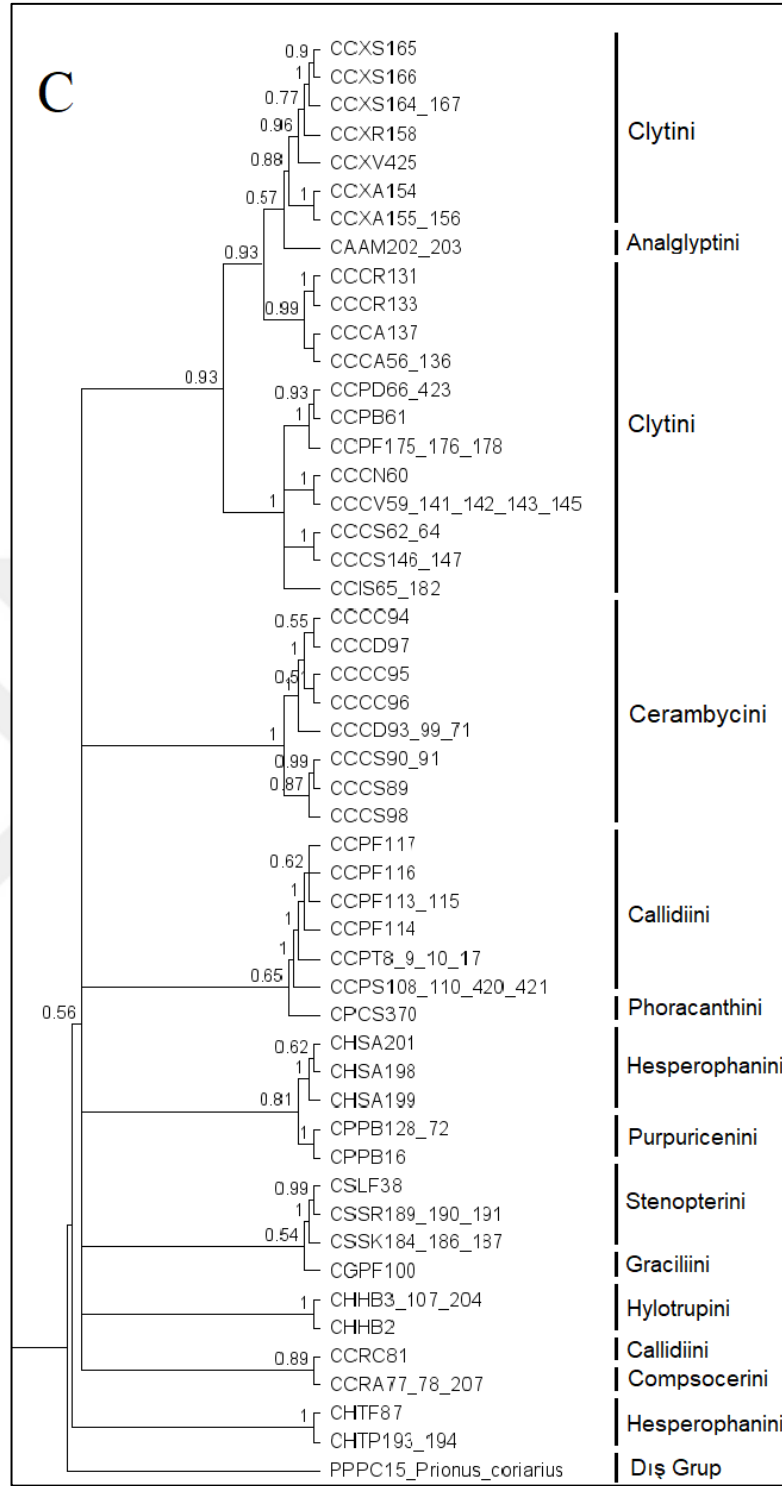
COI gen bölgesi analizlerindeki konumlanmanın aksine Stenopterini tribusundan *Callimus (Lampropterus) femoratus* (CSLF38) türü *Stenopterus kraatzi* (CSSK184, CSSK186-187) ile değil, *Stenopterus rufus* (CSSR 189-191) ile aynı düğümden ayrılan bir dalda konumlanırken, *Stenopterus kraatzi* (CSSK184, CSSK186-187) NJ ve ML



Şekil 3.11. Cerambycinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı



Şekil 3.11. (Devam) Cerambycinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı



Şekil 3.11. (Devam) Cerambycinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli’nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

ağaçlarında %99 bootstrap desteği, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı.

Hesperophanini tribusu *Trichoferus* cinsinden *T. fasciculatus* (CHTF87) ve *T. pallidus* (CHTP193-194) birlikte kümelenirken, *Stromatium auratum* (CHSA198-199, CHSA201) NJ, BI ve ML ağaçlarında bağımsız bir dalda konumlandı. *Stromatium auratum* (CHSA198-199, CHSA201) ile BI ağacında 0,81 posterior olasılıkla Purpuricenini tribusundan *Purpuricenus budensis* (CPPB16, CPPB72, CPPB128) ile kardeş kladlar olurken, bu ilişki NJ ve ML ağaçlarında %50'den düşük desteklenme değerleri aldı.

Graciliini tribusundan *Penichroa fasciata* (CGPF100), Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* (CPCS370) ve Hylotrüpini tribusundan *Hylotrupes bajulus* (CHHB2-3, CHHB107, CHHB204) tüm analizlerde ayrıık dallar üzerinde konumlandılar.

3.5.2.5. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi

Cerambycinae alt familyası 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi (1094 bç) nükleotid dizileri için p-distance modeli ve G+I yer deęiřtirme oranı ile yapılan ikili uzaklık analizinde ortalama uzaklık %2,89 olarak hesaplandı. Tür içi en düşük uzaklık deęeri *Plagionotus floralis* türüne ait CCPF175, CCPF178 ve CCPF179 kodlu diziler arasında %0,01 olarak belirlendi. Tür içi en yüksek deęer ise *Ropalopus clavipes* türü CCRC79 ve CCRC80-82 dizileri arasında %0,05 olarak hesaplandı. Cins içi en yüksek uzaklık deęeri *Stenopterus rufus* türü CSSR190 dizisi ile *Stenopterus kraatzi* türü CSSK184, CSSK187 dizileri arasında %1,32 olarak hesaplandı. Alt familyada en uzak mesafe Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* türü CPCS370 dizisi ile Clytini tribusundan *Isotomus speciosus* türü CCIS65, CCIS182, CCIS438 dizileri arasında %5,91 olarak hesaplandı (Tablo D.6).

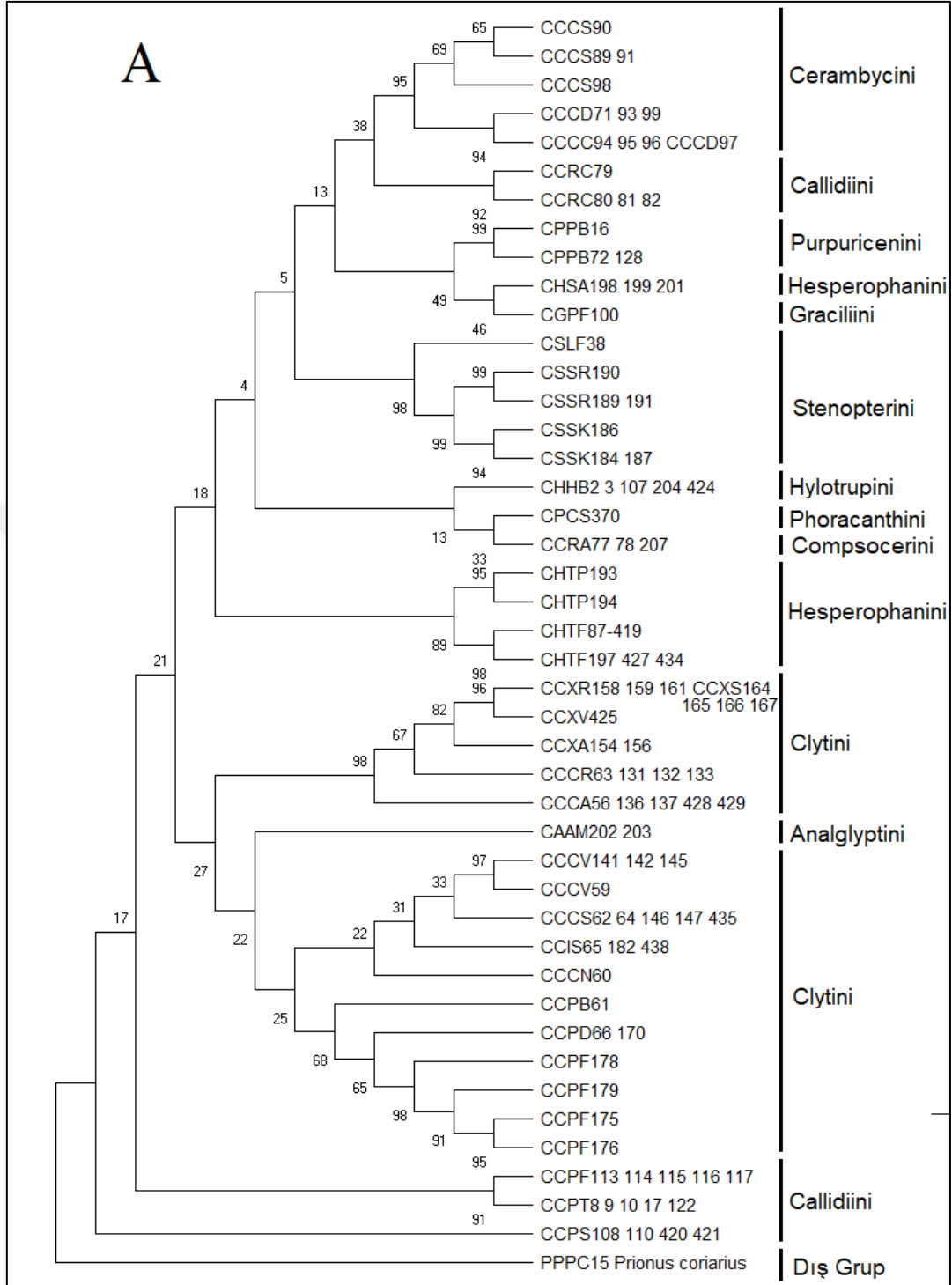
3.5.2.6. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Cerambycinae alt familyasından türlere ait 1009 bç uzunluęunda 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dıř grup olarak *Prionus*

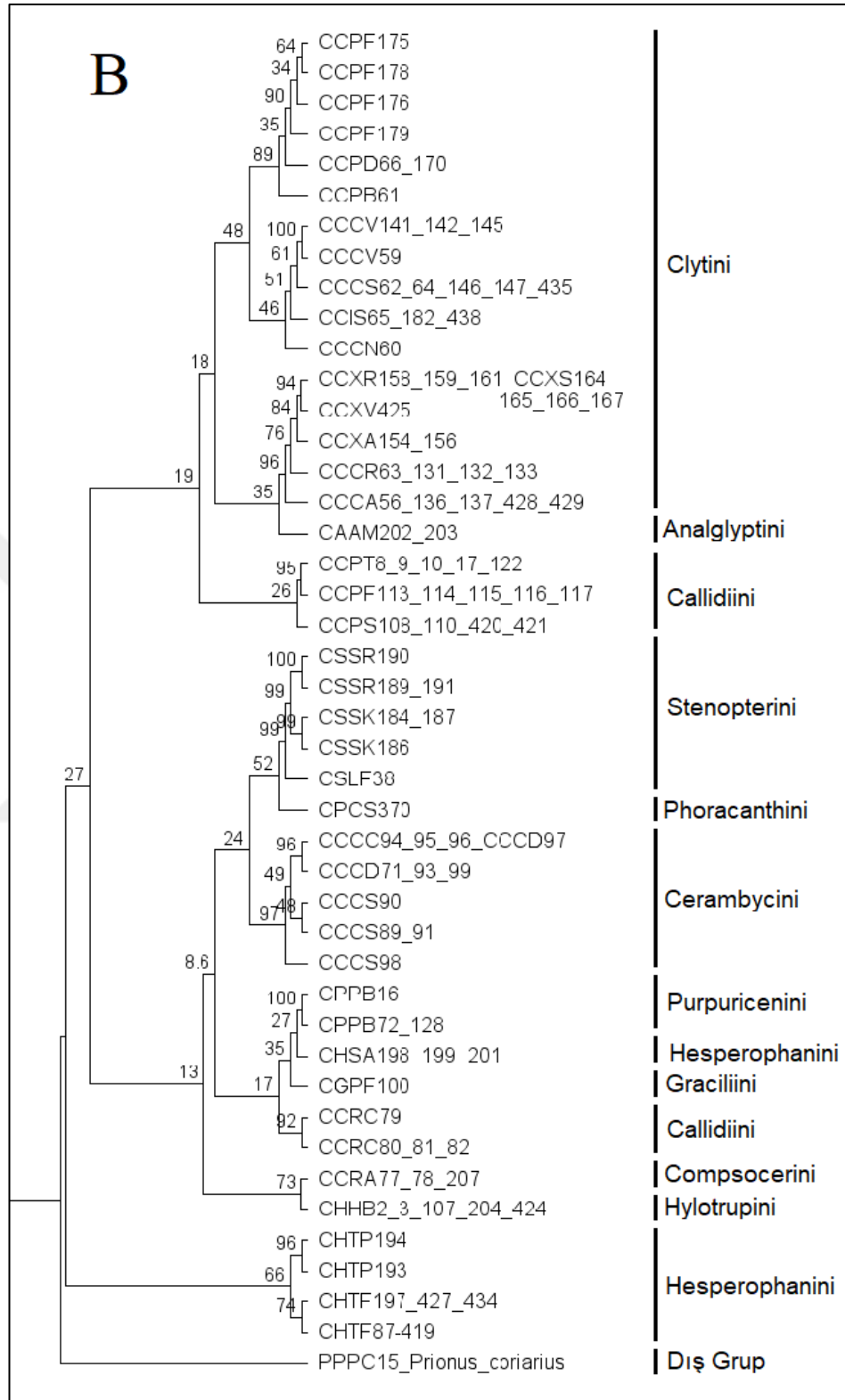
coriarius (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P baz deęişim modeli 10.000 bootstrap tekrarı; ML analizi GTR+G+I yer deęiştirme modeli 10.000 bootstrap tekrarı ve BI analizi GTR+G+I yer deęiştirme modeli 2.000.000 nesil deęerlemesiyle yürütüldü. NJ ve ML analizlerinde, diđer gen bölgelerinde olduđu gibi 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinde de tribus düzeyinde ayrılmalar <%50 desteklenme deęerleri alırken, BI ağacında ayrılma trikotomik olarak gerçekleşti (Şekil 3.12).

BI analizinin önerdiđi birinci dal [Stenopterini+Phoracanthini+Cerambycini+Purpuricenini+Hesperophanini+Comspcerini+Hyloptrini], ikinci dal [Clytini+Anaglyptini] üçüncü dal ise yalnızca Callidiini tribusundan *Phymatodes* cinsine ait *P. testaceus* (CCPT8-10, CCPT17, CCPT122), *P. femoralis* (CCPF113-117) ve *Pyrrhidium sanguineum* (CCPS108, CCPS110, CCPS420-421) türlerinden oluştu. Callidiini tribusundaki bu ayrılma, bu tribusun polifiletik olduğuna işaret ediyor olabilir.

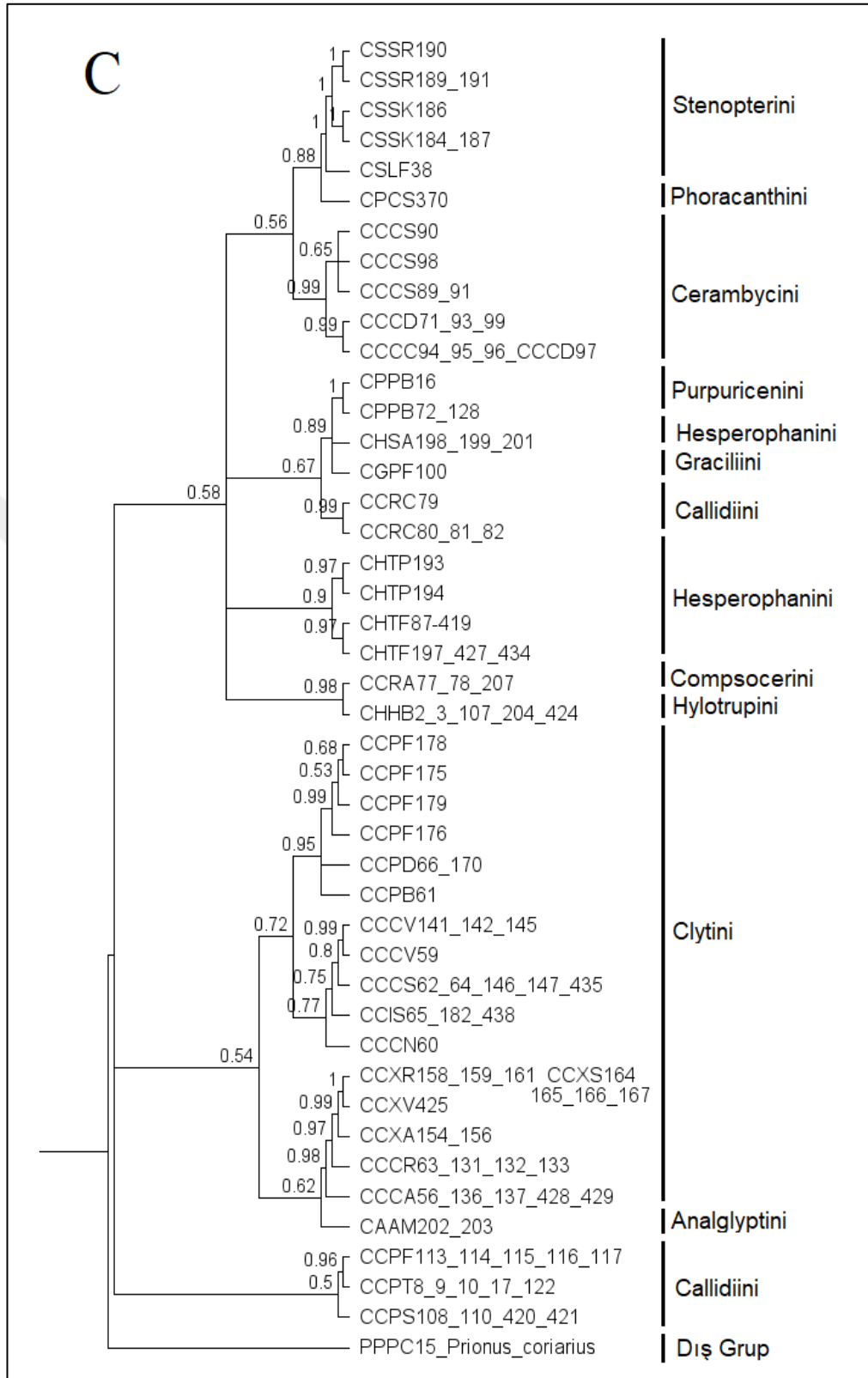
Mitokondriyal gen bölgelerinden farklı olarak nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin Bayesian analizi Clytini tribusunu monofiletik bir klad olarak çözümlendi. Anaglyptini tribusundan tek tür olan *Anaglyptus mysticus* (CAAM202-203) NJ ve ML ağacında <%50 desteklenme deęerleri, BI ağacında ise 0,62 posterior olasılıkla *Xylotrechus* cinsinin bazalından ayrılan bir dalda konumlandı. *Xylotrechus* cinsi içinde çözümler %82 ve üzeri bootstrap destekleri ve %97 ve üstü posterior olasılıkla gerçekleşmiş olmasına rağmen, *X. rusticus* (CCXR157-161) ve *X. stebbingi* (CCXS164-167) türleri aynı dizileri paylaştılar. Oysa bu türler COI ve 16sRNA dizileriyle yapılan analizlerde ML ve NJ ağacında %74-%95 bootstrap desteđi ve BI ağacında 0,96 posterior olasılıkla ayrılan kardeş türler olarak çözüldüler. Öte yandan COI ve 16sRNA ile yapılan analizlerde bir kardeş olarak ayrılmış olan *Clytus* cinsinden *C. arietis* (CCCA56, CCCA134, CCCA136-138, CCCA428-429) ve *C. rhamni* (CCCR63, CCCR131-133) türleri *X. antilope* (CCXA152-156) türünün bazalından ayrılmak suretiyle NJ ağacında %67, ML ağacında %96 bootstrap desteđi ve BI ağacında 0,98 posterior olasılıkla *Xylotrechus* cinsinin bazalına yerleşti. Diđer analizlerde politomiler gösteren ve bir tek kümede toplanamamış olan *Chlorophorus* cinsinden *C. niehuisi* (CCCN60) ve *C. varius* (CCCV141-42, CCCV145),



Şekil 3.12. Cerambycinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı



Şekil 3.12. (Devam) Cerambycinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı



Şekil 3.12. (Devam) Cerambycinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

C. sartor (CCCS62, CCCS64, CCCS146-148) ve *Isotomus speciosus* (CCIS65, CCIS182, CCIS437-438) türü ile NJ ve ML yüksek desteklenme değerleriyle çözülmemiş olsalar da BI ağacında 0,72 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılmış bir dal üzerinde birlikte kümeleniler ve *Plagionotus* cinsine kardeş bir filogrup oluşturdular. *Plagionotus* cinsinde ise *P. bobelayei* (CCPB61), *P. floralis* (CCPF175-176, CCPF178-179) *P. detritus* (CCPD66, CCPD170, CCPD423) birlikte kümeleniler.

Cerambycini tribusundan *Cerambyx* cinsi NJ ağacında %95, ML ağacında %97 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla mitokondriyal gen bölgelerinde olduğu gibi birisi *C. scopoli* (CCCS89- 91, CCCS98), diğeri *C. dux* (CCCD71, CCCD93, CCCD97, CCCD99) ve *C. cerdo* (CCCC94-96)'dan oluşan iki gruba ayrıldı. Ancak, CCCD97 ve CCCC94-96 kodlu bireyler aynı diziyi paylaştılar. Bu durum 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin *Cerambyx* cinsi için ayırıcı olmadığına işaret ediyor olabilir.

Mitokondriyal gen bölgelerinden farklı olarak Stenopterini tribusundan *Stenopterus kraatzi* (CSSK184, CSSK186-187) ve *Stenopterus rufus* (CSSR189-191) türleri NJ ve ML ağaçlarında %99 bootstrap desteği, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenmiş olan bir düğümden ayrılan kardeş soylar olurken, *Callimus (Lampropterus) femoratus* (CSLF38) türü NJ ağacında %98, ML ağacında %99 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı. Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* (CPCS370) ise ML ağacında %52 bootstrap desteği, BI ağacında 0,88 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan bir dalda bu grubun bazalında konumlandı.

Gracilliini tribusundan *Penichroa fasciata* (CGPF100); Compsocerini tribusundan *Rosalia alphina* (CCRA77-78, CCRA207) Purpuricenini tribusundan *Purpuricenus budensis* (CPPB16, CPPB72, CPPB128); Hesperophanini tribusu *Trichoferus* cinsinden *T. fasciculatus* (CHTF84, CHTF87, CHTF197, CHTF427, CHTF419) ve *T. pallidus* (CHTP134, CHTP193) ve *Stromatium auratum* (CHSA198-199, CHSA201); Hylotruperini tribusundan *Hylotrupes bajulus* (CHHB2-3, CHHB107, CHHB204) ve Callidiini'den *Ropalopus clavipes* (CCRC79-82) türlerine ait diziler ayrık dallarda konumlandılar.

3.5.2.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz

Cerambycinae alt familyasından türlere ait üç gen bölgesinden dizilerin birleştirilmesiyle elde edilen 2457 bp uzunluğunda dizileri kullanılarak Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli 10.000 bootstrap tekrarı; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle, sırasıyla 1.000 bootstrap tekrarı ve 6.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü.

Intertribal ilişkilerde COI, 16S rRNA ve 28S rRNA D1-D2 gen bölgeleri ayrı ayrı kullanılarak yürütülen analizlerde olduğu gibi yüksek desteklenme değerleriyle çözülme gerçekleşmedi. Ancak intratribal taksonlar için çoğunlukla %95'ten yüksek desteklenme değerleriyle dikotomik çözümler gerçekleşti (Şekil 3.13).

Anaglyptini tribusundan tek tür olan *Anaglyptus mysticus* (CAAM202-203) NJ ağacında Clytini tribusuna politomik bir dalda konumlanırken ML ağacında [*Clytus*+*Xylotrechus*] dalından %50 bootstrap desteğiyle desteklenen bir dalda yalnız konumlandı, aynı topolojiye sahip BI ağacında ise 0,91 posterior olasılıkla desteklendi.

Clytini tribusundan *Clytus* ve *Xylotrechus* cinsleri NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan iki dal üzerinde konumlandılar. *Clytus* cinsinden *C. arietis* (CCCA56, CCCA136-137) ve *C. rhamni* (CCCR131, CCCR133) türleri tüm ağaçlarda %90'dan yüksek desteklenme değeri aldı.

Xylotrechus cinsine ait türlerin ayrımı da tüm ağaçlarda $\{[(X. rusticus+X. arvicola)+X. stebbingi] + X. antilope\}$ şeklinde gerçekleşti. *X. antilope* türü CCXA154 ve CCXA156 kodlu, *X. arvicola* türü CCXV425 kodlu, *X. stebbingi* türü CCXS164-167 kodlu ve *X. rusticus* türü CCXR158 kodlu diziler tarafından temsil edildiler. Türler arası ayrılma NJ ağacında ≥ 94 , ML ağacında ≥ 91 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklendi. Yalnızca *X. rusticus* (CCXR158) ve *X. arvicola* (CCXV425) türlerinin ayrıldıkları düğüm nispeten düşük değerlerle (NJ ağacında

≥%84, ML ağacında ≥55 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,53 posterior olasılıkla desteklendi.

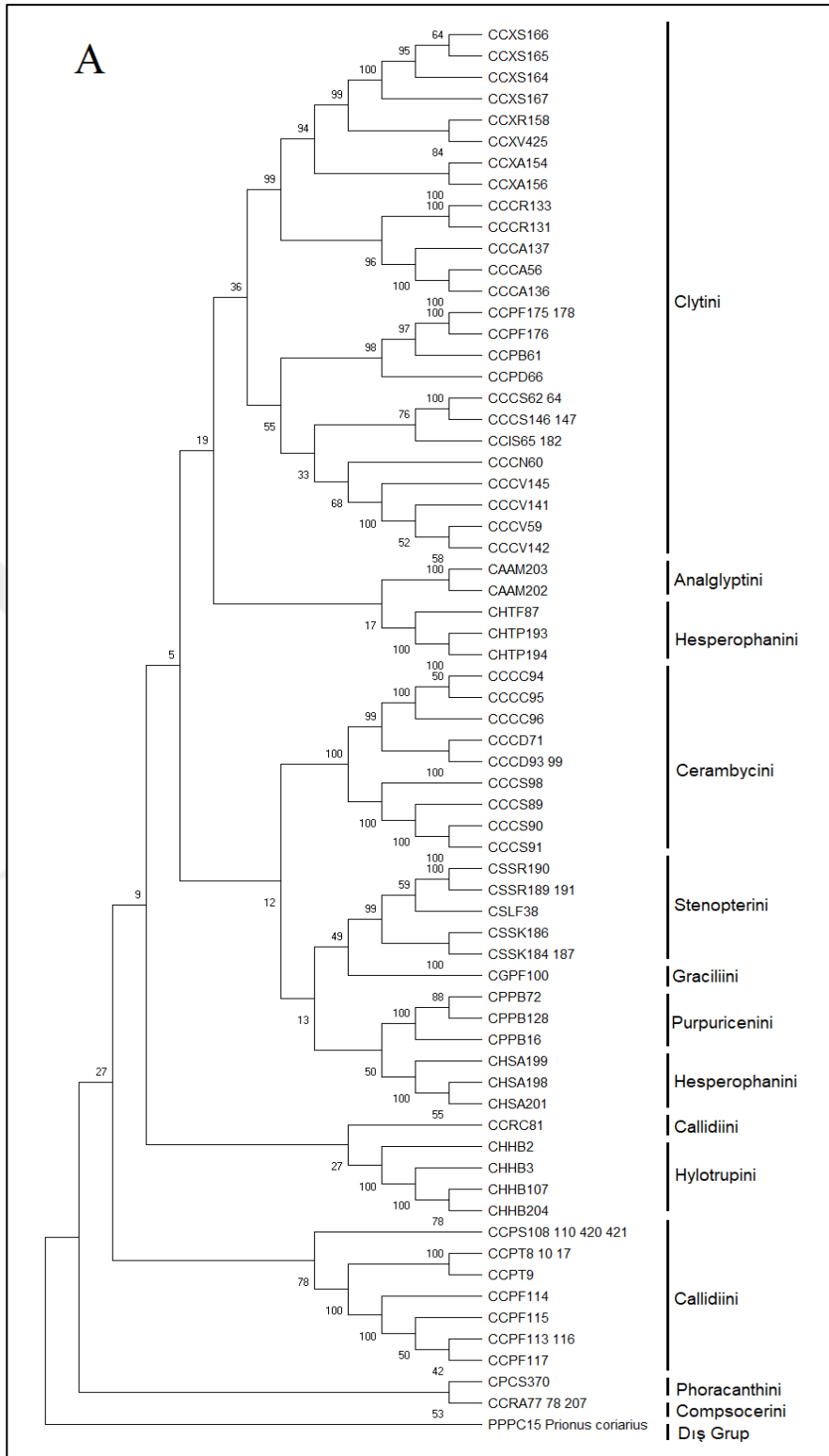
Clytini tribusundan *Isotomus speciosus* (CCIS65, CCIS182) türü *Chlorophorus* cinsi içinde kümelendi. *Chlorophorus* ve *Plagionotus* cinsleri NJ ağacında ≥%55, ML ağacında ≥78 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,98 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrıldılar. *Chlorophorus* cinsi [(*C. varius*+*C. niehuisi*)+(*C. sartor*+*I. speciosus*)] şeklinde kümelendi. *C. niehuisi* türü CCCN60 kodlu, *C. varius* türü CCCV59, CCCV141-142, CCCV145 kodlu, *C. sartor* türü CCCS62, CCCS64, CCCS 146-147 kodlu *I. speciosus* türü CCIS65, CCIS182 kodlu dizilerle temsil edildiler.

Plagionotus cinsinde ayrılma [*P. floralis*+(*P. bobelayei*+*P. detritus*)] şeklinde gerçekleşti. *P. bobelayei* türü CCPB61 kodlu, *P. detritus* CCPD66 kodlu, *P. floralis* türü CCPF175-176, CCPF-178 kodlu dizilerle temsil edildiler.

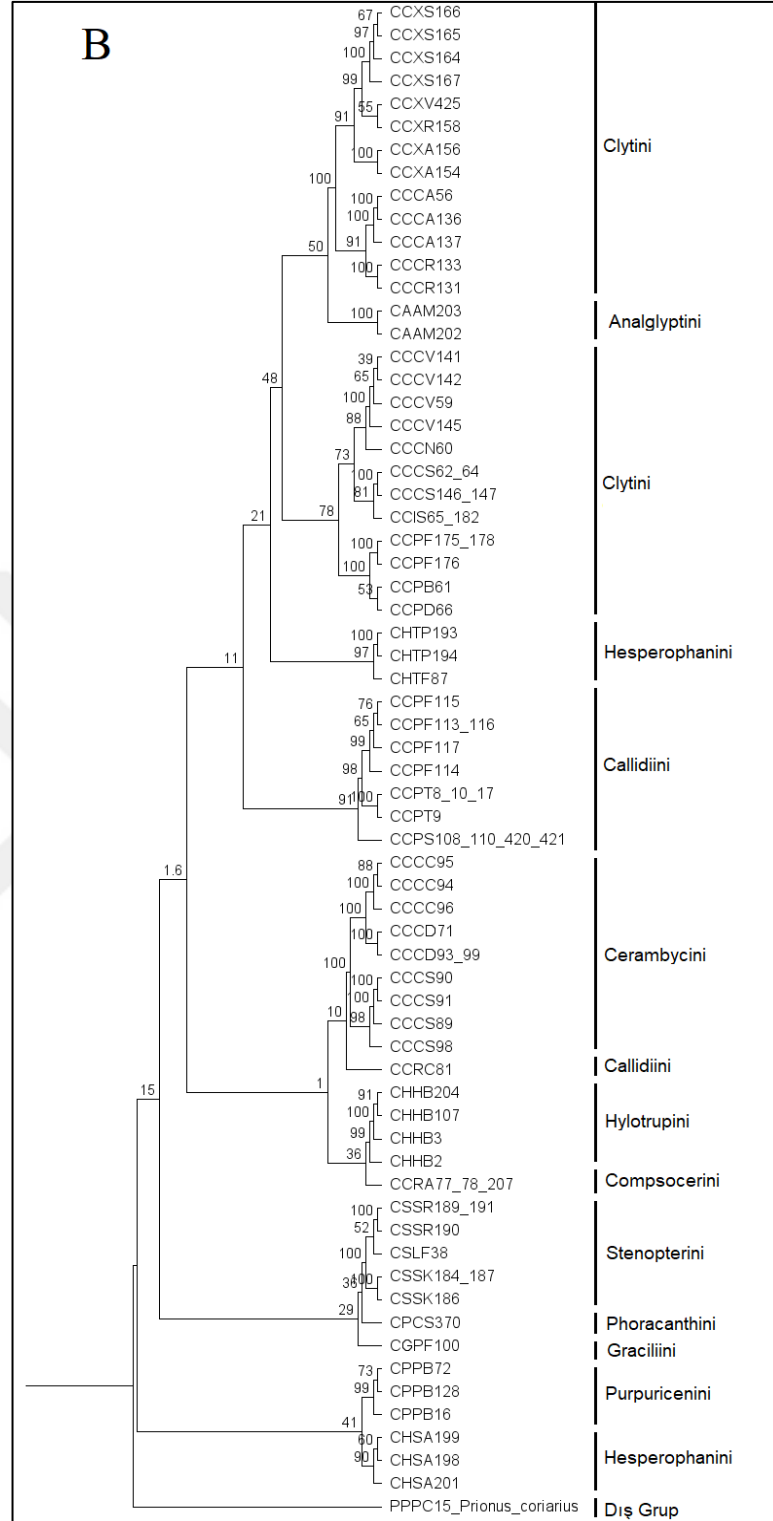
Tüm analiz sonuçlarında Cerambycini tribusundan *Cerambyx* türler arası ayrılmalar dikotomik olarak ve NJ ve ML ağacında ≥%99 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla gerçekleşti. Cinsin iki ana dalından birisinde yalnızca *C. scopoli* (CCCS89-91, CCCS98) türü konumlanırken, diğerinde *C. dux* (CCCD71, CCCD93, CCCD99) ve *C. cerdo* (CCCC94-96) türleri kardeş olarak konumlandılar.

Callidiini tribusundan *Ropalopus clavipes* türü CCRC81 kodlu dizi tüm analizlerde Callidiini tribusundan ayrık bir dalda konumlandı. Diğer Callidiini üyeleri olan *Phymatodes* cinsine ait *P. testaceus* (CCPT8-10, CCPT17) ve *P. femoralis* (CCPF113-117) türleri NJ, ML ve BI ağaçlarında birlikte kümelendiler.

COI ve 28S rRNA D1-D2 gen bölgeleri ile yapılan analizlerde Clytini tribusu içinde kümelenen, ancak 16S rRNA ile yapılan analizlerde Callidiini içinde kümelenen *Pyrrhidium sanguineum* (CCPS108, CCPS110, CCPS420-421) türü, tüm dizilerin birleştirildiği bu analizlerde de Callidini tribusunun bazalında konumlandı. Türler arası ayrılmalar NJ ağacında ≥%78, ML ağacında ≥%91 bootstrap desteği ve BI ağacında ≥%0,99 posterior olasılıkla gerçekleşti. Dikotomik ayrılma [*P. sanguineum*+(*P. testaceus*+*P. femoralis*)] şeklinde gerçekleşti.



Şekil 3.13 Cerambycinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı



Şekil 3.13 (Devam) Cerambycinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

Hesperophanini tribusu *Trichoferus* cinsinden *T. fasciculatus* (CHTF87) ve *T. pallidus* (CHTP193-194) tüm analizlerde politomik bir dal üzerinde birlikte kümelenirken, *Stromatium auratum* (CHSA198-199, CHSA201) NJ ağacında %50, ML ağacında %41 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,87 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan bir dalda Purpuricenini tribusundan *Purpuricenus budensis* (CPPB16, CPPB72, CPPB128) türü ile birlikte kümelendi.

Graciliini tribusundan *Penichroa fasciata* (CGPF100), Compsocerini tribusundan *Rosalia alphina* (CCRA77-78, CCRA207) ve Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* (CPCS370) ve Hylotrupini tribusundan *Hylotrupes bajulus* (CHHB2-3, CHHB107, CHHB204) Stenopterini tribusundan *Stenopterus kraatzi* (CSSK184, CSSK186-187) *Stenopterus rufus* (CSSR189-191) ve *Callimus (Lampropterus) femoratus* (CSLF38) türü ML ağacında ayrı dallarda konumlanırken, BI analizi Compsocerini hariç bu tribusların iyi çözümlenmiş bir küme olduğunu önerdi. BI analizine göre türler arası ayrılımların 0,77-1,0 posterior olasılıklar arasında değiştiği çözümlenme Purpuricenini+Hesperophanini kümesine 0,59 posterior olasılıkla kardeş klad olarak [Graciliini+(Phoracanthini+Stenopterini)] şeklinde gerçekleşti.

Compsocerini tribusu *Rosalia alphina* (CCRA77-78, CCRA207) türü NJ ağacında %53 bootstrap desteğiyle Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* (CPCS370) ile birlikte, BI ağacında ise 0,99 posterior olasılıkla Hylotrupini tribusundan *Hylotrupes bajulus* (CHHB2-3, CHHB107, CHHB204) ile birlikte kümelendi.

3.5.3. Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825

3.5.3.1. Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi

P-distance modeli G+I oranı ile yapılan diziler arası ikili uzaklık ortalaması %15,5 olarak hesaplandı. Tür içi en yakın mesafenin *Anastranglia dubia* türünde LLAD233 ile LLAD231 haplotipleri arasında ve %0,15; tür içi en uzak mesafe *Rutpela maculata* türünde LLRM224 ile LLRM225 haplotipleri arasında ve %3,65 olduğu belirlendi. Cins içi en yüksek uzaklığın *Stenurella melanura* (LLSM257) ile *Stenurella septempunctata* (LLSPA272) arasında ve %18,87 olduğu belirlendi. Lepturini ve Rhagiini tribusları arasında ise %12,79 mesafe ile *Rhagium mordax* (LRRM75) ile

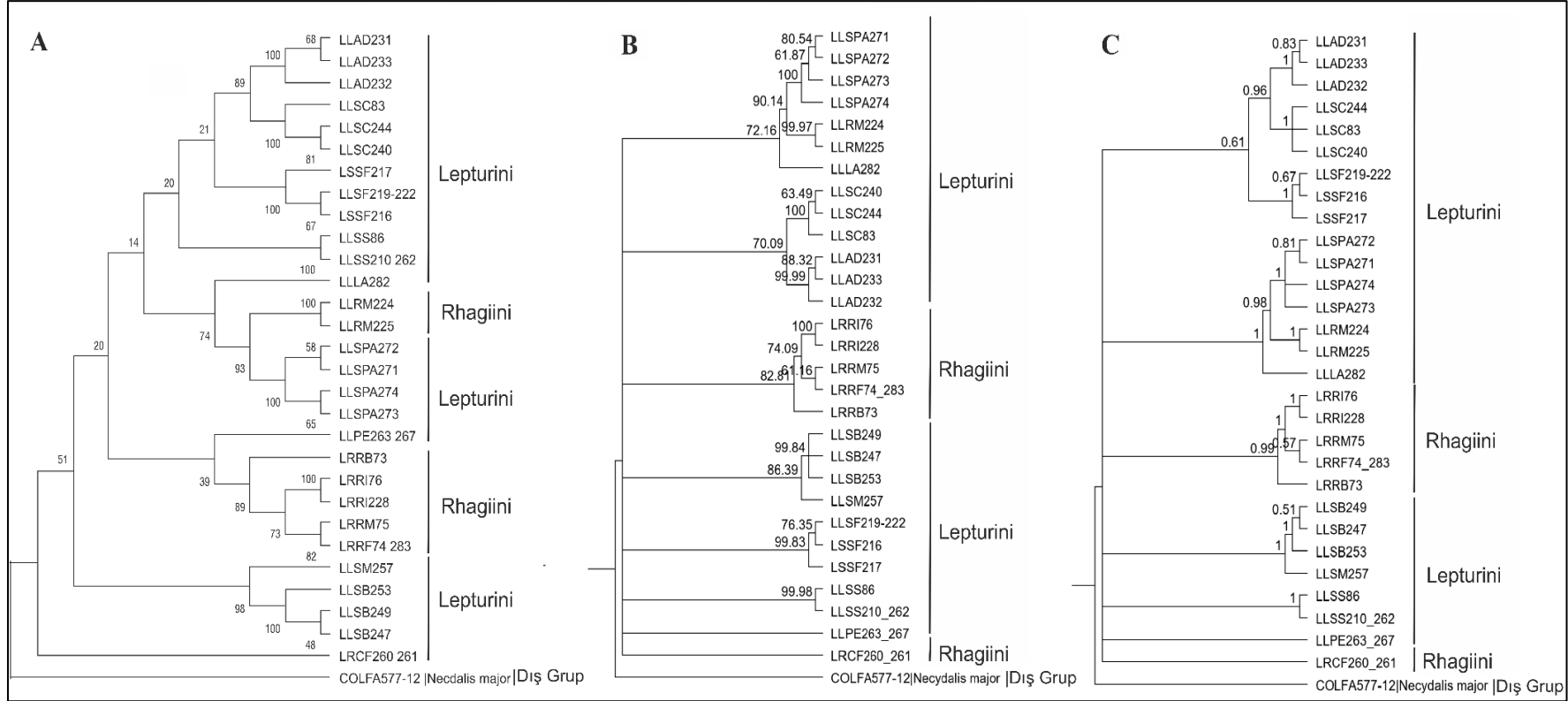
Stictoleptura fulva (LSSF217) en yakın haplotipler oldu. İki tribus arasındaki en uzak mesafe ise %20,40 değeriyle *Rhagium inquisitor* (LRR176) ile *Stenurella melanura* (LLSM257); *Rhagium fasciculatum* (LRRF74, LRRF283) ile *Pachytodes erraticus* (LLPE263, LLPE267) ve *Rhagium fasciculatum* (LRRF74, LRRF283) ile *Stictoleptura cordigera* (LLSC244) türleri arasında belirlendi (Tablo D.7).

3.5.3.2. Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Lepturinae alt familyasından türlere ait 658 bp uzunluğunda kısmi COI gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Necydalis major* (Cerambycidae: Necydalinae) (COLFA577-12, Pentinsaari ve diğ., 2014) kullanıldı. NJ analizi K2P modeliyle, ML ve BI analizleri ise GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI ise 10.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. Her üç analizinde önerdiği ağaçlar benzer topolojiler gösterdiler (Şekil 3.14).

Rhagiini tribusundan *Cortodera flavimana* (LLCF260-261) NJ ağacında %51,1 bootstrap desteğiyle diğer tüm türlerin bazalında yer alırken, ML ve BI ağacında ayrı bir politomik dalda konumlandı. Tüm *Rhagium* cinsi *R. inquisitor* (LRR176, LRR1228) *R. mordax* (LRRM75), *R. fasciculatum* (LRRF74, LRRF283), *R. bifasciatum* (LRRB73) ise aynı dal üzerinde NJ ağacında \geq %73, ML ağacında \geq %61 bootstrap desteği ve BI ağacında \geq 0,57 posterior olasılık desteklenme değerleriyle dikotomik olarak çözümlenerek birlikte kümelendiler.

Lepturini tribusundan *Anastranglia dubia* (LLAD231-233) ve *Stictoleptura cordigera* (LLSC83, LLSC240, LLSC244) NJ ağacında %89, ML ağacında %70 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,96 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan dallarda konumlandılar. Ancak BI ağacında 0,61 posterior olasılıkla onların bazalından ayrılan *Stictoleptura fulva* (LSSF216-217, LSSF219, LSSF222) ML ve NJ ağacında ayrı bir dalda konumlandı. *Stenurella melanura* ve (LLSM257), *Stenurella bifasciata* (LLSB247, LLSB249, LLSB253) ayrı bir dal üzerindeki düğümden NJ ağacında %98, ML ağacında %86 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla ayrıldılar.



Şekil 3.14 Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli’nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

3.5.3.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi

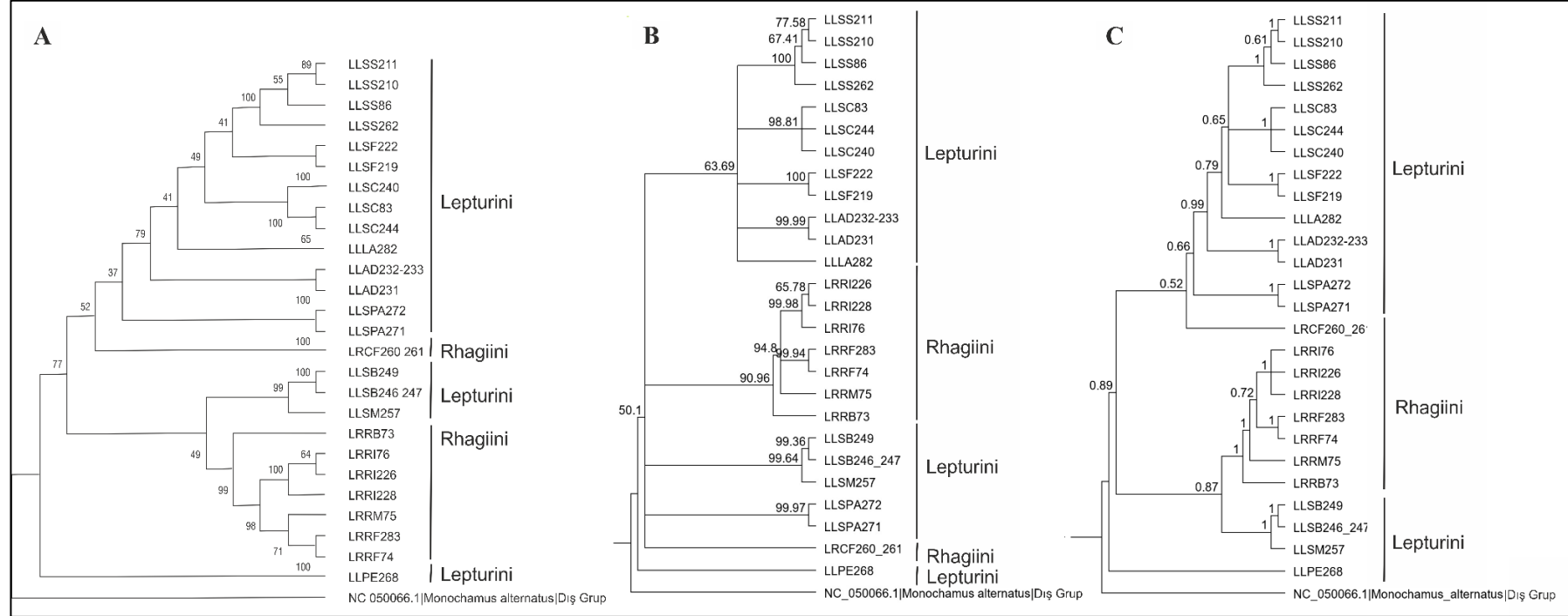
Lepturinae alt familyası 567 bç uzunluğunda nükleotid dizileri için p-distance modeli G+I oranı ile yapılan hesaplama göre %10,1 ortalama ile tür içi uzaklıklar %0,19- %0,74 arasında değişiklik gösterdi. *A. dubia* LLAD232-233 ve LLAD231; *S. scutellata* LLSS86 ve LLSS210; *Rhagium fasciculatum* LRRF74 ve LRRF283 haplotipleri %0,19 uzaklık değerini paylaşıyor, *R. inquisitor* LRRI226 ve LRRI228, *Stictoleptura scutellata* LLSS211 ve LSS262; LLSS210 ve LLSS211; LLSS210 ve LLSS262 kodlu haplotipler %0,74 değerini paylaştı. Cins içi en yüksek uzaklık değeri *Stenurella melanura* (LLSM257) ile *Stenurella septempunctata* (LLSPA272) arasında %13,33 olarak belirlendi. İki tribus arası en uzak mesafe %16,85 değeriyle *Pachytodes erraticus* (LLPE268) ve *Rhagium inquisitor* (LRRI76) haplotipleri arasında, en yakın mesafe ise %7,41 değeriyle *Stictoleptura scutellata* (LLSC244) ve *Rhagium bifasciatum* (LRRB73) arasında tespit edildi (Tablo D.8).

3.5.3.4. Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Lepturinae alt familyasından türlere ait 567 bç uzunluğunda dizilerle Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Monochamus alternus* (Cerambycidae: Lamiinae) (COLAT105-08, URL-12) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli; GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI analizi ise 5.000.000 nesil değerlendirilmesiyle yürütüldü. COI gen dizileri kullanılarak yapılan analiz sonuçlarına benzer şekilde, Lepturini ve Rhagiini tribusları yüksek desteklenme değerleriyle ayrılma gösteremediler (Şekil 3.15).

Tüm ağaçlarda Lepturini tribusundan *Pachytodes erraticus* (LLPE268) diğer türlerden ayrı bir dal üzerinde konumlandı

NJ ve BI ağaçları benzer topolojiler önerdiler. NJ ağacında %77, bootstrap desteği ve BI ağacında 0,89 posterior olasılıkla iki filogrup oluştu. Birinci filogrup Lepturini tribusu *Stictoleptura* cinsinden *S. scutellata* (LLSS86, LLSS210-211); *S. fulva* (LLSF219, LLSF222), *S. cordigera* (LLSC83, LLSC240, LLSC244), *Leptura aurulenta* (LLLA282) ve *Anastranglia dubia* (LLAD231-233) ve *Stenurella septempunctata* (LSPA271-272) ve bu türlerin NJ ağacında %52 bootstrap desteği,



Şekil 3.15. Lepturinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli’nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

BI ağacında 0,52 posterior olasılıkla bazalından ayrılan dalda konumlanan Rhagiini tribusundan *Cortodera flavimana* (LLCF260-261)'dan oluştu. *Stictoleptura* cinsinden türler tüm ağaçlarda politomik olarak ayrıldılar.

İkinci filogrup Lepturini tribusu *Stenurella* cinsinden *S. melanura* ve (LLSM257), *S. bifasciata* (LLSB246-247, LLSB249) ile Rhagiini tribusu *Rhagium* cinsi *R. inquisitor* (LRR176, LRR1226, LRR1228) *R. mordax* (LRRM75), *R. fasciculatum* (LRRF74, LRRF283), *R. bifasciatum* (LRRB73) ise aynı dal üzerinde NJ ağacında %49 bootstrap desteği ve BI ağacında $\geq 0,87$ posterior olasılık değerleriyle birlikte kümelendiler. *Stenurella* cinsinden *S. melanura* (LLSM257) ve *S. bifasciata* (LLSB246-247, LLSB249) NJ ve ML ağacında %99 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla çözüldüler.

3.5.3.5. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi

Lepturinae alt familyasına ait 1060 bç uzunluğunda nükleotid dizileri için p-distance modeli G+I oranı ile yapılan analize göre Lepturinae ortalaması %2,65 olarak hesaplandı. Tür içi uzaklıklar *Rutpela maculata* LLRM224 ve LLRM225 bireyleri arasında %0,00 ile en düşük değeri alırken; *Stenurella bifasciata* LLSB249 ve LLSB253 bireyleri arasında %1,06 ile en yüksek değeri aldı.

Cins içi en yüksek değer *Stenurella septempunctata* (LLSPA274) ile *Stenurella bifasciata* (LLSB249) arasında %3,48 olarak hesaplandı. İki tribus arası en yakın mesafe %1,84 ile *Rhagium inquisitor* (LRR176, LRR1226) ve *Stenurella bifasciata* (LLSB246) arasında; en yüksek mesafe ise %4,26 ile *Stictoleptura fulva* (LLSF219, LLSF222) ve *Cortodera flavimana* (LRFC260, LRFC261) arasında hesaplandı (Tablo D.9).

3.5.3.6. Nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

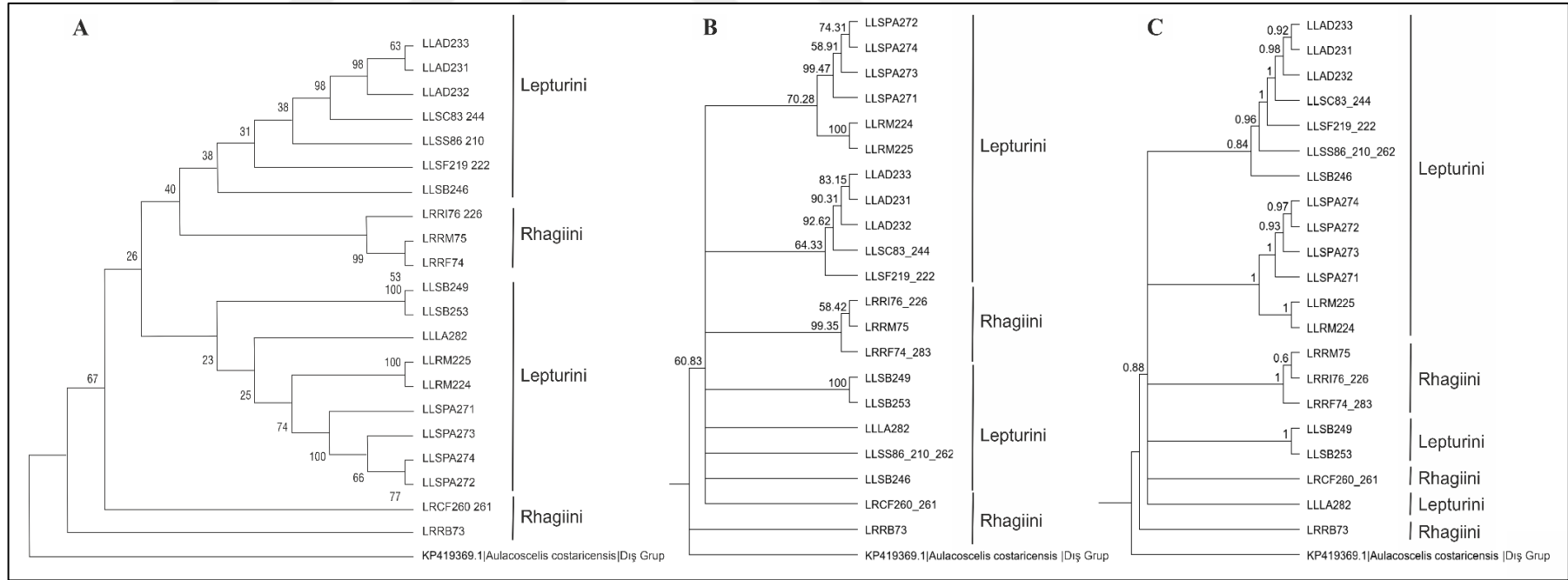
Lepturinae alt familyasından türlere ait 1060 bç uzunluğunda dizilerle Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Aulacoscelis costaricensis* (Coleoptera; Orsodacnidae) (KP419369, Mckenna ve diğ., 2015) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla; ML analizi GTR+G+I yer değiştirme

modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla, BI analizi ise GTR+G+I yer deęiřtirme modeli ve 5.000.000 nesil deęerlemesiyle yurutuldu.

COI ve 16S rRNA gen dizileri kullanılarak yapılan analiz sonuęlarına benzer řekilde, Lepturini ve Rhagiini tribusları ayrı gruplar olarak kumelenmediler. Dięer gen bglgelerinden farklı olarak tım aęaęlarda *Rhagium bifasciatum* (LRRB73) *Rhagium* cinsinin dięer uyelerinden ayrılarak, alt familyadaki dięer tım dizilerden ayrı bir dalda konumlandı (řekil 3.16). *Rhagium bifasciatum* (LRRB73) harię, tım diziler NJ aęacında %67, ML aęacında %61 bootstrap desteęi ve BI aęacında 0,88 posterior olasılıkla desteklenen bir duęumden ayrılan dallar uzerinde kumelendiler. Rhagiini tribusundan *Cortodera flavimana* (LLCF260-261), COI ve 16S rRNA gen bglgeleri kullanılarak yapılan analizlerde olduęu gibi politomik bir dalda dięer tım turlerden ayrıldı. *Rhagium* cinsinden *R. inquisitor* (LRR176, LRR1226), *R. mordax* (LRRM75) ve *R. fasciculatum* (LRRF74, LRRF283) arasında cözmler ise NJ aęacında \geq %53, ML aęacında \geq %58 bootstrap desteęi ve BI aęacında \geq 0,60 posterior olasılıkla dikotomik olarak geręekleřti.

Tım aęaęlarda COI dizilerinden elde edilen aęaęlara benzer řekilde Lepturini'den *Stenurella septempunctata* (LLSPA271-274) ve *Rutpela maculata* (LLRM224-225) NJ aęacında %74, ML aęacında %70 bootstrap desteęi ve BI aęacında 1,0 posterior olasılıkla kardeř kladlar oldular ancak, COI aęaęlarından farklı olarak *Leptura aurulenta* (LLLA282) politomik bařka bir dal uzerinde konumlandı.

Anastranglia dubia (LLAD231-233) ve *Stictoleptura cordigera* (LLSC83, LLSC244) NJ aęacında %98, ML aęacında %93 bootstrap desteęi ve BI aęacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenmiř olan bir daldan ayrıldı. NJ aęacında politomik bařla bir dalda konumlanmiř olan *Stictoleptura fulva* (LLSF219, LLSF222), ML %64 ve bootstrap desteęi ve BI aęacında 1,0 posterior olasılıkla bu iki turun bazalında konumlanırken, BI aęacında ilave olarak *Stictoleptura scutellata* (LLSS66, LLSS210, LLSS262) ve *Stenurella bifasciata* (LLSB246) sırasıyla 0,96 ve 0,84 posterior olasılıkla aynı grupta kumelendi. NJ ve BI aęaęlarında ise *Stictoleptura scutellata* ve *Stenurella bifasciata* ayrı iki dalda konumlandılar.



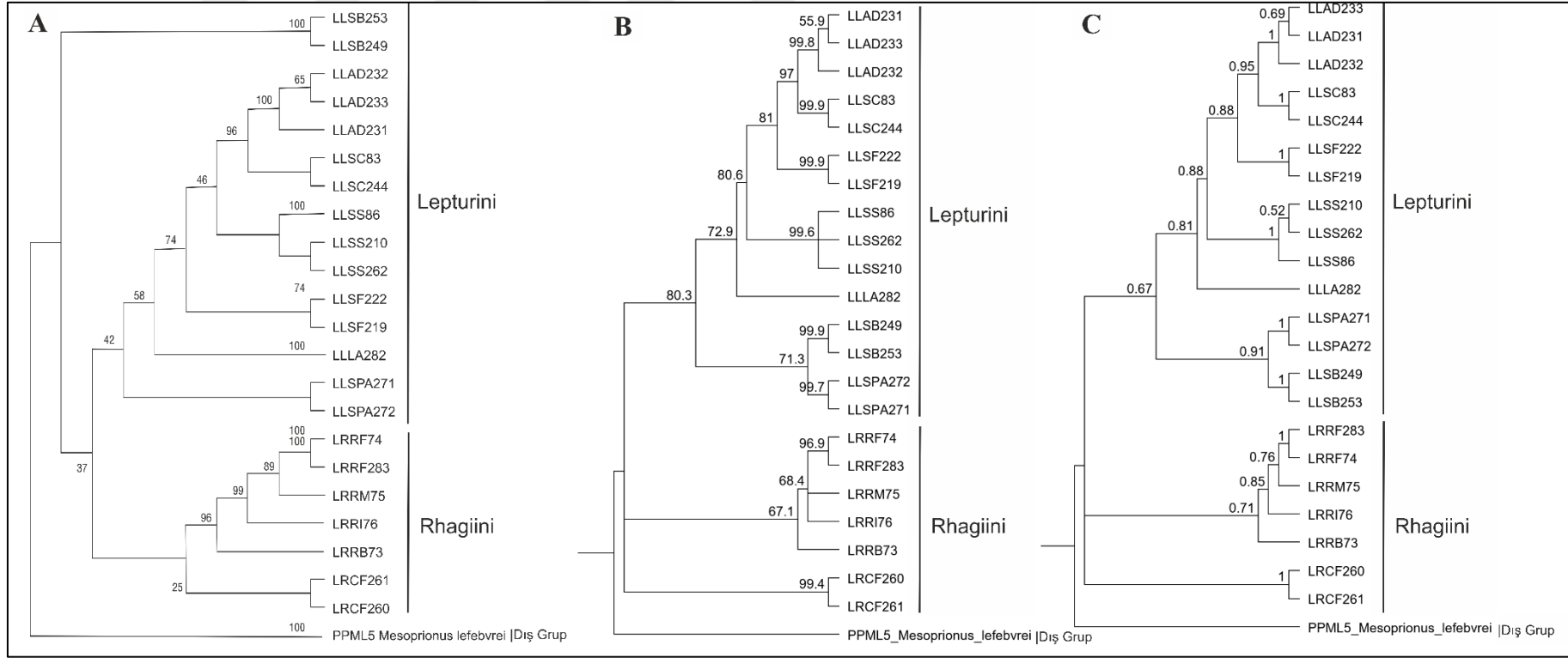
Şekil 3.16. Lepturinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

3.5.3.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nüklear 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz

Lepturinae alt familyasından türlerin kısmi COI, 16SrRNA geni ve 28S rRNA D1-D2 gen bölgelerine ait dizilerin birleştirilmesiyle elde edilen 2401 bç uzunluğunda dizilerle Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Mesoprionus lefebvrei* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI analizi ise 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü (Şekil 3.17). NJ, ML ve BI analizleri sonucunda tüm gen bölgelerinde olduğu gibi Rhagiini tribusundan *Cortodera flavimana* (LLCF260-261) de ayrı bir dal üzerinde yalnız konumlandı. Diğer tüm Rhagiini ve Lepturini türleri ayrı iki dal üzerinde kümelendiler. Yalnızca NJ ağacında *C. flavimana*'ya ilave olarak Lepturini tribusundan *Stenurella bifasciata* (LLSB249, LLSB253) ve *Stenurella septempunctata* (LLSPA271-272) de ayırık dallarda konumlandılar.

Lepturini kladı ML ağacında %80 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,67 posterior olasılık değerleriyle desteklenen düğümünden dikotomik olarak dallandı. Dallardan birisinde *Stenurella bifasciata* (LLSB249, LLSB253) ve *Stenurella septempunctata* (LLSPA271-272) ML ağacında %71 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,91 posterior olasılıkla kardeş olarak konumlandılar. Diğer Lepturini dalında *Anastranglia dubia* (LLAD231-233), *Stictoleptura cordigera*, (LLSC83, 244), *Stictoleptura fulva* (LLSF219, LLSF222), *Stictoleptura scutellata* (LLSS86, LLSS210, LLSS262), *Leptura aurulenta* (LLLA282) türleri ML ağacında \geq %73 bootstrap desteği ve BI ağacında \geq 0,81 posterior olasılık türler arası ayrılma değerleriyle birlikte kümelendiler. Bu kümenin dikotomik çözümü $\{S. bifasciata+S. septempunctata\}+\{S. scutellata+[S. fulva+(S. cordigera+ A. dubia)]\}$ şeklinde gerçekleşti.

Rhagium cinsi *R. inquisitor* (LRR176) *R. mordax* (LRRM75), *R. fasciculatum* (LRRF74, LRRF283), *R. bifasciatum* (LRRB73) ise aynı dal üzerinde NJ ağacında \geq %89, ML ağacında \geq %67 bootstrap desteği ve BI ağacında \geq 0,71 posterior olasılık değerleriyle çözüldüler. Bu kümenin çözümü $\{R. bifasciatum + [R. inquisitor + (R. fasciculatum + R. mordax)]\}$ şeklinde gerçekleşti.



Şekil 3.17. Lepturinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

3.5.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

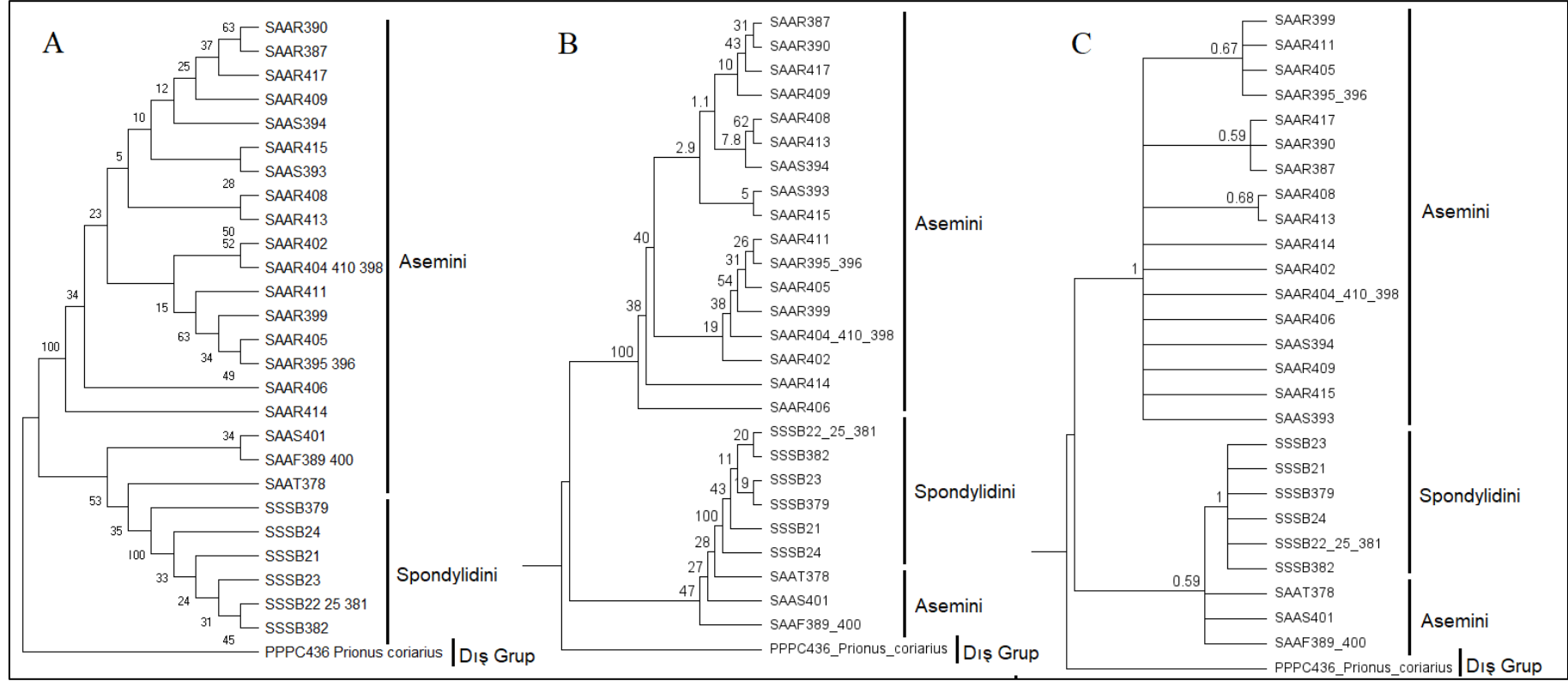
3.5.4.1. Mitokondriyal COI gen bölgesi genetik uzaklık analizi

Diziler arasındaki uzaklıklar p-distance modeli G+I oranıyla hesaplandı. Yapılan analize göre ortalama uzaklık %10,4 olarak belirlendi. Tür içi en düşük uzaklık değeri olan %0,15 *Spondylis buprestoides* türü SSSB22, SSSB25, SSSB381 ile SSSB24 ve SSSB382 haplotipleri arasında ve *Arhopalus rusticus* türü SAAR395-396 ile SAAR411 ve SAAR405 haplotipleri arasında paylaşıldı. Ayrıca *Arhopalus syriacus* morfotipli SAAS393 kodlu bireyin *A. rusticus* türü SAAR387 haplotipine olan uzaklığı da %0,15 olarak hesaplandı. Tür içi en yüksek uzaklık değerleri ise *Arhopalus syriacus* türü SAAS394 ile SAAS401 haplotipleri arasında %16,11 olarak belirlendi. Cins içi en yüksek değer *A. rusticus* türü SAAR390 ile *A. syriacus* türü SAAS401 haplotipleri arasında %16,3 olarak belirlendi. Alt familya içinde en uzak mesafe ise %20,4 olarak *Asemium tenuicorne* türü SAAT378 ile *A. rusticus* türü SAAR390 haplotipleri arasında ve *A. rusticus* türü SAAR 400 ile *S. buprestoides* türü SSSB382 haplotipleri arasında belirlendi (Tablo D.10).

3.5.4.2. Mitokondriyal COI gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Spondylidinae alt familyasından türlere ait 658 bç uzunluğunda kısmi COI gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeli; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI ise 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. Her üç analizinde önerdiği ağaçlar benzer topolojilere sahipti. Spondylidini ve *Asemium* tribal ve infratribal düzeyde yüksek desteklenme değerleriyle çözümedi, ancak analiz edilen diziler iki kümede toplandılar (Şekil 3.18).

Birinci kümede yalnızca *Asemium* tribusundan *Arhopalus rusticus* türü (SAAR387, SAAR390, SAAR393-396, SAAR398-399, SAAR402, SAAR404-406, SAAR408-411, SAAR413-415, SAAR417), ve bu türle COI dizisi eşleşen ancak *A. syriacus* morfolojisine sahip olan SAAS393 ve SAAS394 haplotipleri toplandılar.



Şekil 3.18. Spondylidinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi Kocaeli’nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar
A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

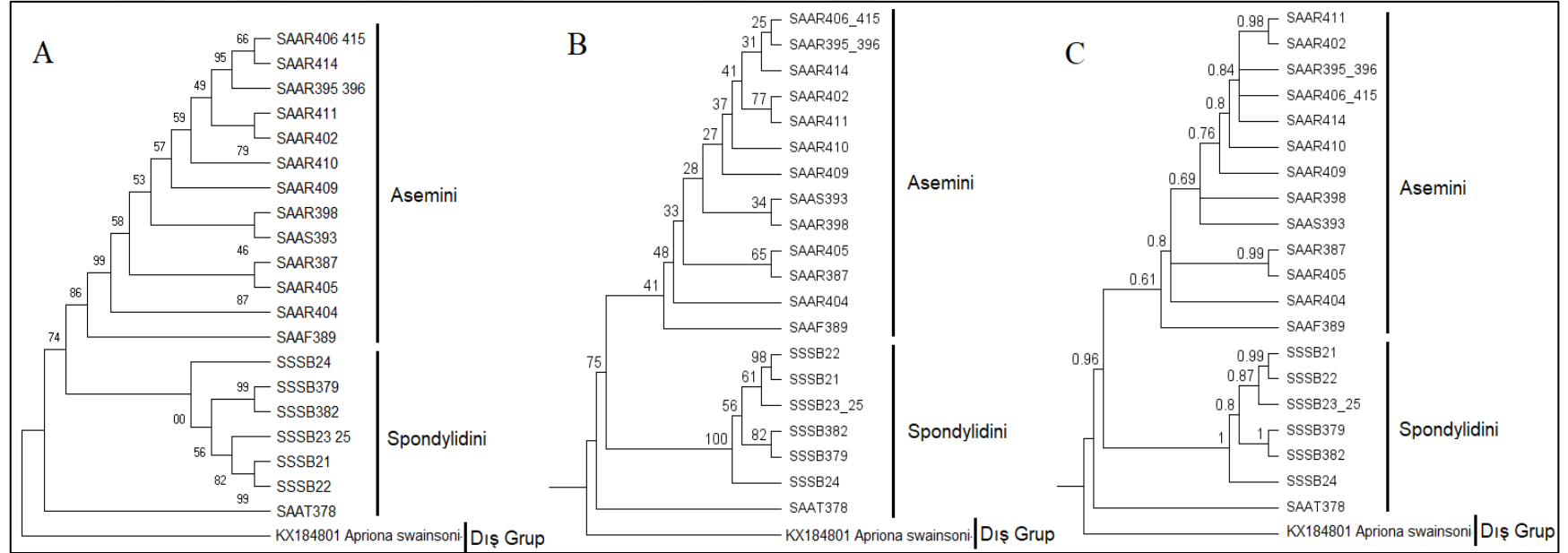
İkinci kümede Asemini tribusu *Arhopalus* cinsinden *A. syriacus* (SAAS401) ve *A. ferus* (SAAF389, SAAF400) NJ ağacında %53 bootstrap desteğiyle *Asemum tenuicorne* (SAAT387)'den ayrılırken, ML ağacında ve BI ağacında bağımsız dallarda konumlandılar. *A. tenuicorne*, Spondylidini tribusundan *Spondylis buprestoides* (SSSB21-25, SSSB379, SSSB381-382) ile birlikte kümelendi.

3.5.4.3. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi genetik uzaklık analizi

Spondylidinae alt familyasından 560 bç uzunluğunda 16S rRNA geni nükleotid dizileri arasındaki ikili uzaklıklar belirlemek için p-distance modeli G+I oranı ile yapılan analize göre ortalama uzaklık %8,2 olarak hesaplandı. Tür içi en düşük değer olan %0,18 *Spondylis buprestoides* türüne ait SSSB379 ile SSSB382 haplotipleri, SSSB21 ile SSSB22 haplotipleri ve *Arhopalus rusticus* türüne ait SAAR395-396 ile SAAR406, SAAR415 haplotipleri; SAAR406, SAAR415 ile SAAR414 haplotipleri arasında paylaşıldı. Tür içi en yüksek değer olan %3,27 *A. rusticus* türü ise SAAR398 ve SAAR409 haplotipleri arasında belirlendi. Cins içi en uzak mesafe %7,45 değeri ile *Arhopalus rusticus* türü SAAR411 ile *Arhopalus ferus* türü SAAF389 haplotipleri arasında belirlendi. Alt familya içinde en uzak mesafe ise %17,27 olarak Asemini tribusundan *Asemum tenuicorne* türüne ait SAAT378 haplotipi ile Spondylidini tribusundan *Spondylis buprestoides* türüne ait SSSB382 haplotipi arasında belirlendi (Tablo D.11).

3.5.4.4. Mitokondriyal 16S rRNA gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Spondylidinae alt familyasından türlere ait 560 bç uzunluğunda 16S rRNA gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Apriona swainsoni* (Cerambycidae: Lamiinae) (KX184801, Que, Yayınlanmamış) kullanıldı. NJ analizi K2P baz değişim modeliyle; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI analizi ise 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. Her üç analizinde önerdiği ağaçlar benzer topolojilere sahipti. COI gen bölgesi kullanılarak yapılan analizlerden farklı olarak 16SrRNA gen dizileri çoğu dalda dikotomik olarak çözüldüler (Şekil 3.19).



Şekil 3.19. Spondylidinae alt familyasından türlere ait 16S rRNA gen bölgesi Kocaeli'nden haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

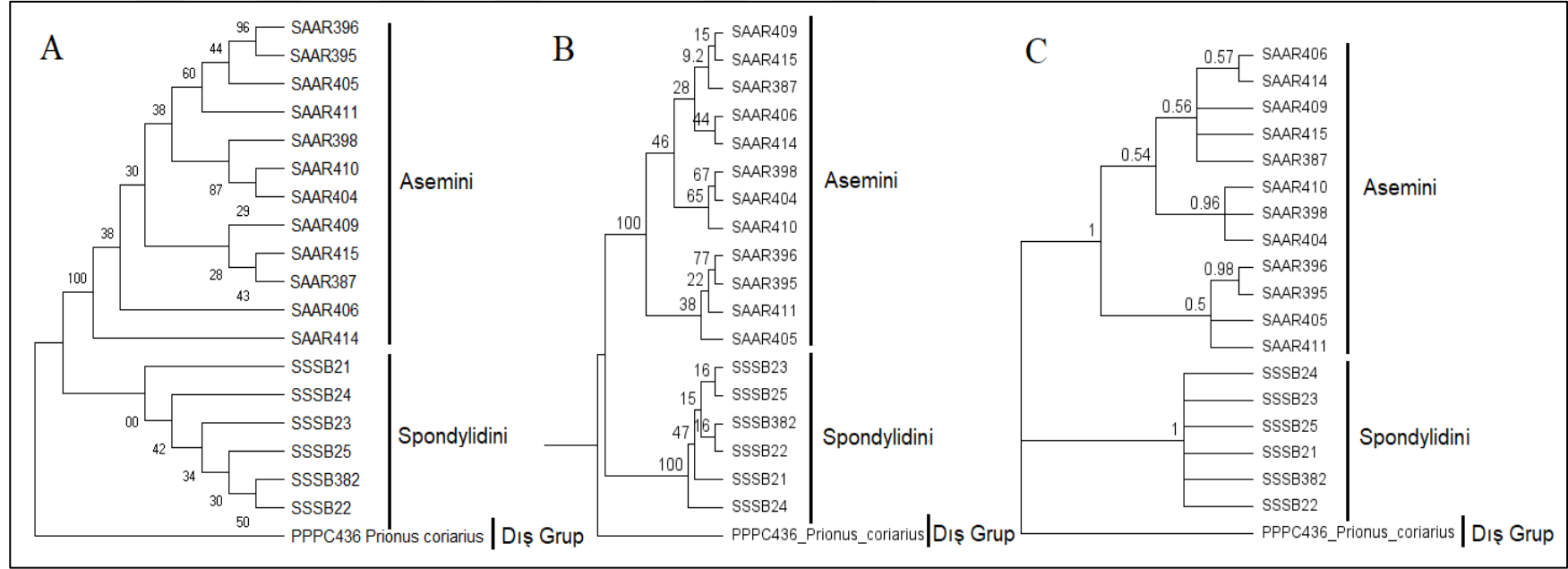
Asemini tribusundan *Asemum tenuicorne* (SAAT387), *Arhopalus* cinsi ve *Spondylis buprestoides* (SSSB21-25, SSSB379, SSSB382) NJ ağacında %74, ML ağacında %75 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,96 posterior olasılıkla desteklenen bir daldan ayrıldılar. *Arhopalus* cinsinde haplotipler arası dallanmalar, COI gen dizilerinden farklı olarak çoğunlukla dikotomik olarak gerçekleşti. *Arhopalus rusticus* türü (SAAR387, SAAR393, SAAR395-396, SAAR398, SAAR402, SAAR404-406, SAAR408-411, SAAR413-415) ve bu türle COI dizisi eşleşen ancak *A. syriacus* morfolojisine sahip olan SAAS393 haplotipi COI gen dizileri kullanılarak yapılan analizlerde olduğu gibi yine birlikte kümelendi. *A. ferus* (SAAF389) NJ ağacında %68 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,61 posterior olasılıkla *A. rusticus*'tan ayrılırken, ML ağacında <%50 desteklenme değeri alan bir dalda konuldu.

3.5.4.5. Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi genetik uzaklık analizi

Spondylidinae alt familyasından 28S rRNA D1-D2 gen bölgesine ait 1051 bç uzunluğundaki dizilerin p-distance modeli G+I oranı ile yapılan uzaklık analizine göre ortalama %2,30 olarak belirlendi. En yakın mesafe *Arhopalus rusticus* türüne ait SAAR387 ve SAAR398, SAAR395, SAAR405, SAAR408, SAAR410-411, SAAR414-415, SAAR417 dizileri arasında %0,01 olarak hesaplandı. Tür içi en uzak mesafe ise *A. rusticus* türüne ait SAAR404 ile SAAR409 dizileri arasında %1,05 olarak hesaplandı. Cins içi en uzak mesafe %1,63 değeri ile *Arhopalus rusticus* türü SAAR409 ile *Arhopalus ferus* türü SAAF389 dizileri arasında belirlendi. Alt familya içinde en uzak mesafe ise %4,70 olarak Asemini tribusundan *A. rusticus* türüne ait SAAR404 ile Spondylidini tribusundan *Spondylis buprestoides* türüne ait SSSB24 dizileri arasında belirlendi (Tablo D.12).

3.5.4.6. Nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizileri kullanılarak filogenetik analiz

Spondylidinae alt familyasından türlere ait 1051 bç uzunluğunda 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi dizileri ile Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Leptura maculata* (Cerambycidae: Lepturinae) (KP419628, McKenna ve diğ., 2015) kullanıldı. NJ analizi K2P; ML ve BI analizleri GTR+G yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI ise 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü.



Şekil 3.20. Spondylidinae alt familyasından türlere ait 28S rRNA D1-D2 bölgesi Kocaeli'nden genotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

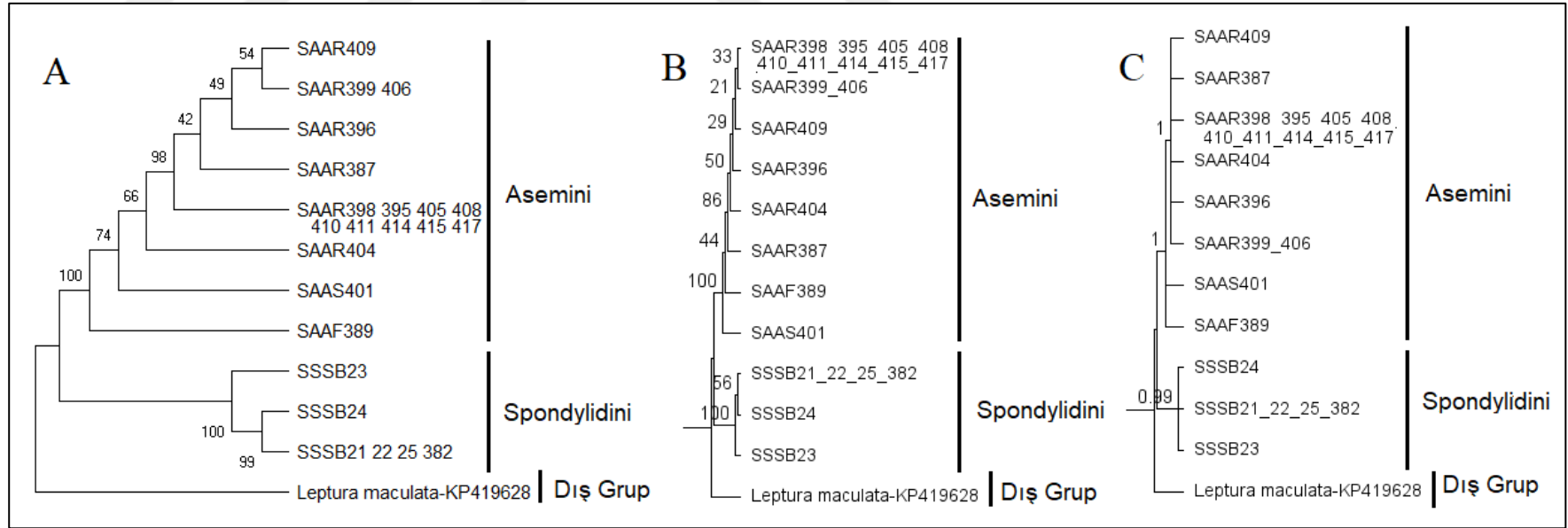
Tüm ağaçlarda Asemini ve Spondylidini tribusları ayrı dallarda kümelendiler. Asemini tribusu *Arhopalus* cinsinden *A. syriacus* (SAAS401) ve *A. ferus* (SAAF389) NJ ağacında sırasıyla %74 ve %100 bootstrap destekleri ile *A. rusticus* (SAAR387, SAAR395-396, SAAR398-399, SAAR402, SAAR404-406, SAAR408-411, SAAR414-415, SAAR417)'un bazalında konumlanırken, bu üç tür ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrıldılar. Spondylidini dalında ise *Spondylis buprestoides* (SSSB21-25, SSSB382) türü konumlandı (Şekil 3.20).

3.5.4.7. Mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle yapılan filogenetik analiz

Spondylidinae alt familyasından türlerin kısmi COI, 16SrRNA geni ve 28S rRNA D1-D2 gen bölgelerine ait dizilerin birleştirilmesiyle elde edilen 2457 bp uzunluğunda dizilerle Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. NJ analizi K2P modeliyle; ML ve BI analizleri GTR+G+I yer değiştirme modeliyle gerçekleştirildi. NJ ve ML analizleri 10.000 bootstrap tekrarı, BI analizi ise 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü. Analizler yalnızca her üç gen bölgesi de başarıyla çoğaltılmış Asemini tribusundan *Arhopalus rusticus* (SAAR387, SAAR 395-396, SAAR398, SAAR404-406, SAAR409-411, SAAR414-415), Spondylidini tribusundan da *Spondylis buprestoides* ile yürütüldü. Tribuslar arasında tam çözülme gerçekleşmezken, *A. rusticus* ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 bootstrap desteğiyle iki gruba ayrıldı. NJ ağacında ise böyle bir gruplanma olmadı. SAAR414 dizisi, diğer *A. rusticus* dizilerinin bazalında %100 bootstrap desteğiyle desteklenen bir dalda konumlandı (Şekil 3.21)

3.6. Kocaeli Haplotipleri ve BOLD Taksonomi Arşivinden Elde Edilen Mitokondriyal COI Gen Bölgesi Dizilerinin Birlikte Filogenetik Analizi

Filogenetik analizler Cerambycinae alt familyası için 648 bp, diğer alt familyalar için 658 bp uzunluğunda COI gen bölgesi dizileriyle Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla gerçekleştirildi.



Şekil 3.21. Spondylidinae alt familyasından türlere ait mitokondriyal COI, 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen dizilerinin birleştirilmesiyle elde edilmiş Kocaeli'nden bireylere ait diziler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren ağaçlar A. K2P modeliyle oluşturulmuş NJ ağacı, B. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş ML ağacı, C. GTR+G+I modeliyle oluşturulmuş BI ağacı

Donanım ve programların yetersizliği dolayısıyla veri setleri her bir coğrafi bölgeden bir her bir türe ait bir temsilci haplotip seçilerek sınırlandırıldı. Spondylidinae'den 48, Lepturinae'den 170, Cerambycinae'den 384, Lamiinae'den 443 dizi kullanıldı. Zoocoğrafik bölgeler ve kısaltmaları Smetana (2010) esas alınarak yapıldı. Neotropik: NTR, Nearktik: NAR, Afrotropikal: AFR, Oryantal: ORR: Avustralyan: AUR, Palearktik: 1. Avrupa: E, 2. Asya:A, 3. Kuzey Afrika:N, bu çalışmadan elde edilen örnekler için ise Türkiye: TUR kısaltması kullanıldı.

Tüm alt familyalar için NJ analizinde K2P baz değişim modeli; ML ve BI analizlerinde AICc kriterine göre seçilen GTR+G+I yer değiştirme modeli kullanıldı. Spondylidinae alt familyası için NJ ve ML 10.000 bootstrap tekrarı, BI 5.000.000 nesil, diğer alt familyalar için ise donanım ve analiz programlarının yetersizliği nedeniyle ML analizi 100 bootstrap tekrarı, BI analizi ise 1.000.000 nesil değerlemesiyle yürütüldü.

3.6.1. Alt familya: Lamiinae Latreille, 1825

Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Mesoprionus lefebvrei* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. Her üç analizde de tribus seviyesinde dalların çoğunlukla politomik olduğu, dikotomik olsalar da farklı cinslere ait türlerin bazen birlikte kümelenedikleri görüldü. Ancak interspesifik ve intraspesifik ilişkilerin önemli bir kısmında dikotomik çözümler gerçekleşti ve NJ, ML ve BI yaklaşımları benzer topolojiler önerdiler. Bu çalışmadan elde edilen dizilerin (Tablo A.1), BOLD taksonomi arşivinden elde edilen dizilerle (Tablo A.6) olan ilişkileri NJ (Şekil 3.22), ML (Şekil E.1) ve BI (Şekil E.2) ağaçlarında şöyledir:

Leiopus cinsi *L. nebulosus* ve *L. linnei* türleri birlikte kümelenediler. *L. femoratus* türü *L. nebulosus/L. linnei* kompleksinden ayrılan bir dal üzerinde konumlandı. NJ ve BI ağaçlarında ise *L. albivittis* türü *Leiopus* cinsinin diğer üyelerinin bazalında konumlanırken, ML ağacında *L. nebulosus/L. linnei* kompleksiyle beraber konumlandı. *L. nebulosus* türünü temsil eden haplotipler Almanya'dan FBCOO502-13, GCOL487-16, FBCON710-13, GCOL401-16, FBCOG554-12 ve FBCOB776-10, Finlandiya'dan COLFG014-13 erişim numaralı diziler ve Kocaeli'nden LALN311 kodlu dizi; *L. linnei* türünü temsil eden haplotipler Almanya'dan GBCOU1110-13 ve GBCOU778-13, Estonya'dan COLFG057-13 ve COLFG058-13; Kocaeli'nden

LALL54, LALL312, LALL313, LALL315'dir. Bu iki türe ait haplotipler kendi içlerinde NJ ağacında %59-%99, ML ağacında %42-%100 bootstrap değeriyle ve BI ağacında 0,71-1,0 posterior olasılıkla desteklenerek çözülmüş olmalarına rağmen beraberce kümelandiler. *L. femoratus* türüne ait haplotipler olan Almanya'dan GCOL411-16 ve GCOL1311-16 erişim numaralı diziler *L. nebulosus/L. linnei* kompleksinden NJ ağacında %72, ML ağacında %84 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan bir dal üzerinde kümelandiler. Rusya'dan *L. albivittis* türüne ait VVGPL2984-15 erişim numaralı haplotip ise *Leiopus* cinsinin diğer üyelerinin NJ ağacında %55 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek bazalında, ML ağacında 50% bootstrap değeri ile desteklenerek *L. nebulosus/L. linnei* kompleksi içinde yer aldı.

Agapantia cinsi üyeleri NJ ağacında %29 ML ağacında 54% bootstrap değeri ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla desteklenerek iki gruba ayrıldılar. Birinci grupta Kocaeli'nden *A. suturalis* türüne ait LAAS36, 37, 46, 343 haplotipleri, Almanya'dan *A. pannonica* türüne ait bir haplotip (GBCOD105-13) ve Almanya'dan *A. intermedia* (FBCOE204-12) türüne ait bir haplotip NJ ağacında 55%, ML ağacında %66 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda kümelandiler. İkinci grup ise Kocaeli'nden *A. frivaldszkyi* türüne ait LAAF31 haplotipi NJ ağacında %54 ML ağacında 70% bootstrap değeri ve BI ağacında 0,95 posterior olasılıkla desteklenerek diğer haplotiplerin bazalında konumlanmış olmak üzere, kendi aralarında NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek ayrılan Almanya'dan *A. villosoviridescens* türüne ait bir haplotip (GCOL483-16), Çin'den *A. daurica* türüne ait bir haplotip (GBMNA17789-19), Kocaeli'nden *A. asphodeli* türüne ait LAAA30 ve *A. lateralis* türüne ait LAAL35, LAAL364 haplotipleri beraber kümelandiler.

Acanthocinus cinsi *A. griseus* türü LAAG44, LAAG68-69, LAAG345-347, LAAG354 ve LAAG358 haplotipleri, Finlandiya'dan konspesifik bir haplotip (COLFE001-12) ile beraber, Rusya'dan *A. sachalinensis* türüne ait bir haplotipten (VVGPL2946-15) NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek ayrılan bir dalda kümelandiler. Kocaeli'nden *A. aedilis* türü LAAA49, 52 haplotipi Finlandiya'dan konspesifik bir haplotiple (COLFB118-12) birlikte NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0

posterior olasılıkla desteklenen bir dalda kümelenirken, Fransa'dan *A. reticulatus* türüne ait bir haplotip (PSFOR030-13) NJ ağacında %84, ML ağacında %70 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla *A. aedilis* haplotiplerinden ayrıldı. ABD'den *A. nodosus* (BBCCA042-12), Kanada'dan *A. obliquus* (CERPA265-08), *A. princeps* (CERPA269-08) ve *A. pusillus* (COLAT135-08) türlerine ait haplotipler aynı grupta kümelendiler.

Morimus orientalis türüne ait LLMO303, LLMO304, LLMO306-308 haplotipleri Fransa'dan *Morimus asper*'e ait bir haplotip (PSFOR063-13) ile NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda konumlandılar.

Monochomus cinsi NJ ağacında %99, bootstrap değeriyle desteklenen iki ana gruba ayrıldı. ML ağacında ve BI ağacında ayrılma Hindistan'dan *M. bimaculatus* (GBMNA28723-19)'a ait bir haplotip tarafından trikotomik hale getirildi. Birinci grupta, Rusya'dan *M. urusovi* (CERPA383-08), Finlandiya'dan *M. sutor* (COLFA559-12) ve *M. urusovii* (COLFA121-10), Çin'den *M. sartor urusovii* (GBMNA17788-19) ve Avusturya'dan *M. sartor* (GBCOU2583-13) türlerini temsil eden haplotipler ve *M. galloprovincialis* türüne ait haplotipler NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek birlikte kümelendiler. Kocaeli'nden *M. galloprovincialis* türüne ait LMMG43,45 haplotipi Fransa'dan PSFOR131-13 erişim numaralı dizi ile paylaşıldı. Kocaeli'den olan LMMG42-43, LMMG45, LMMG286, LMMG287, LMMG295, LMMG298 haplotipleri ise NJ ağacında %92, ML ağacında %68 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,55 posterior olasılıkla desteklen bir dalda kümelendiler grupta, ML ve BI ağacında ayrı bir dalda konumlanan Hindistan'dan *M. bimaculatus* (GBMNA28723-19) da dahil olmak üzere, Kanada'dan *M. notatus* (ASALC294-13), *M. obtusus* (CERPA246-08), *M. scutellatus* (HMCOC601-09) haplotipleri, Tayvan'dan *M. alternatus* (GBCL10126-12), Kanada'dan *M. alternatus* (CERPA237-08), *M. carolinensis* (CERGL184-08), *M. clamator* (CERPA240-08), *M. marmorator* (CERPA353-08), ve ABD'den *M. titillator* (BBCCA067-12) olmak üzere diğer tüm haplotipler NJ ağacında %59, ML ağacında %52 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,95 posterior olasılıkla desteklenen bir dal üzerinde kümelendiler. Ayrıca bu grupta, BOLD taksonomi arşivinde *Goes debilis* (BARSM242-17) olarak kayıtlı bir dizi kümelendi,

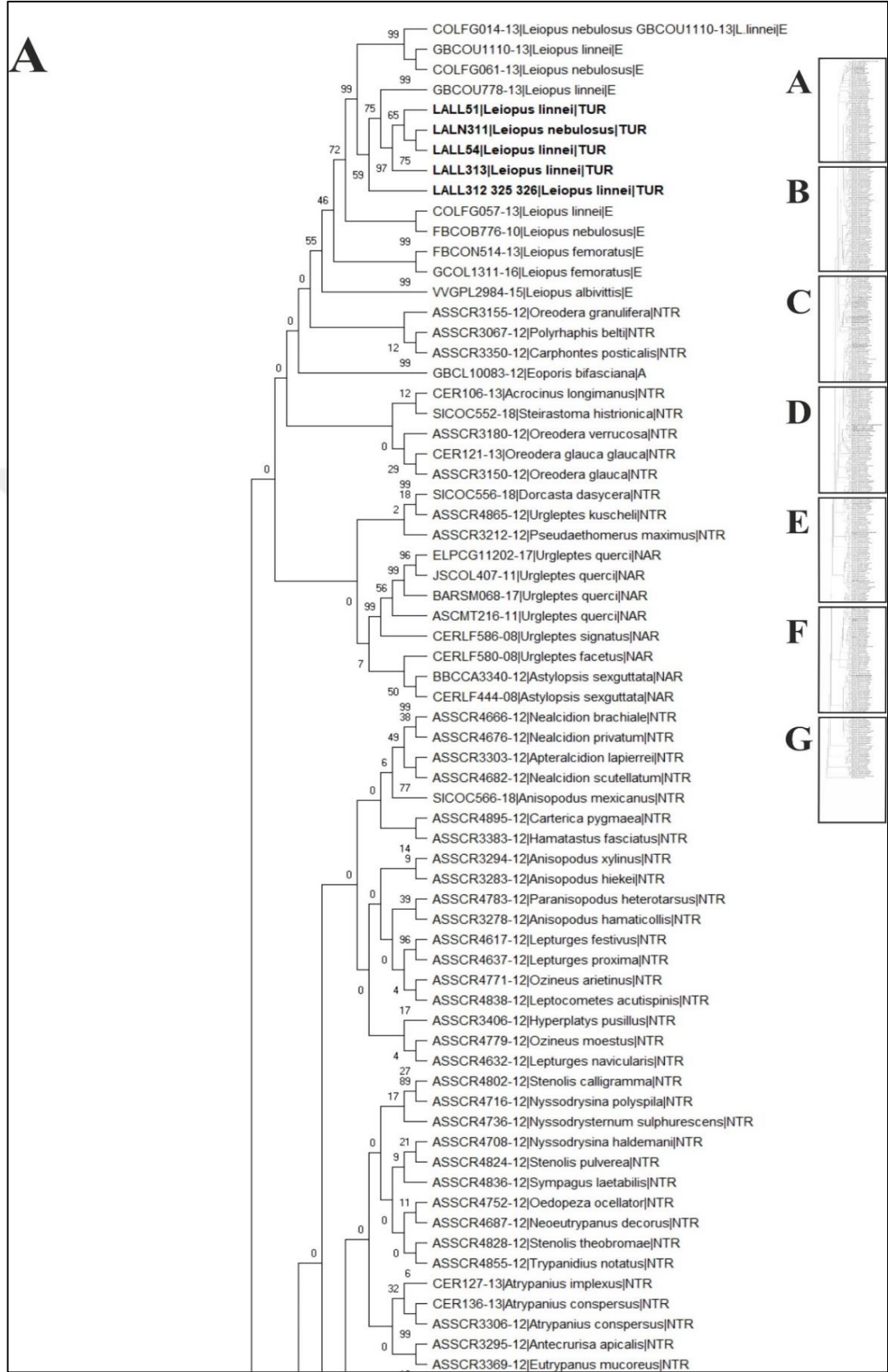
fakat bu dizinin morfolojik olarak yanlış teşhis edilmiş bir bireyden amplifiye edilmiş olması muhtemeldir.

Kocaeli'nden *Aegomorphus clavipes* türüne ait LAAC361 haplotipi, BLAST analizinde aynı türe ait Rusya VVGPL2857-15, Finlandiya'dan COLFG013-13, COLFF143-13, COLFB889-12 erişim numaralı dizilerle eşleşmiş olmasına rağmen, bu diziler kısa olmaları nedeniyle filogenetik analizlere dahil edilemedi. Ancak LAAC361 haplotipi, Kanada'dan (CERLF430-08) ve ABD'den (GBCLC1094-19, GBMIN48557-17) *Aegomorphus modestus* türüne ait haplotiplerle NJ ağacında %51, ML ağacında %50 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,90 posterior olasılıkla desteklenerek birlikte kümelendi.

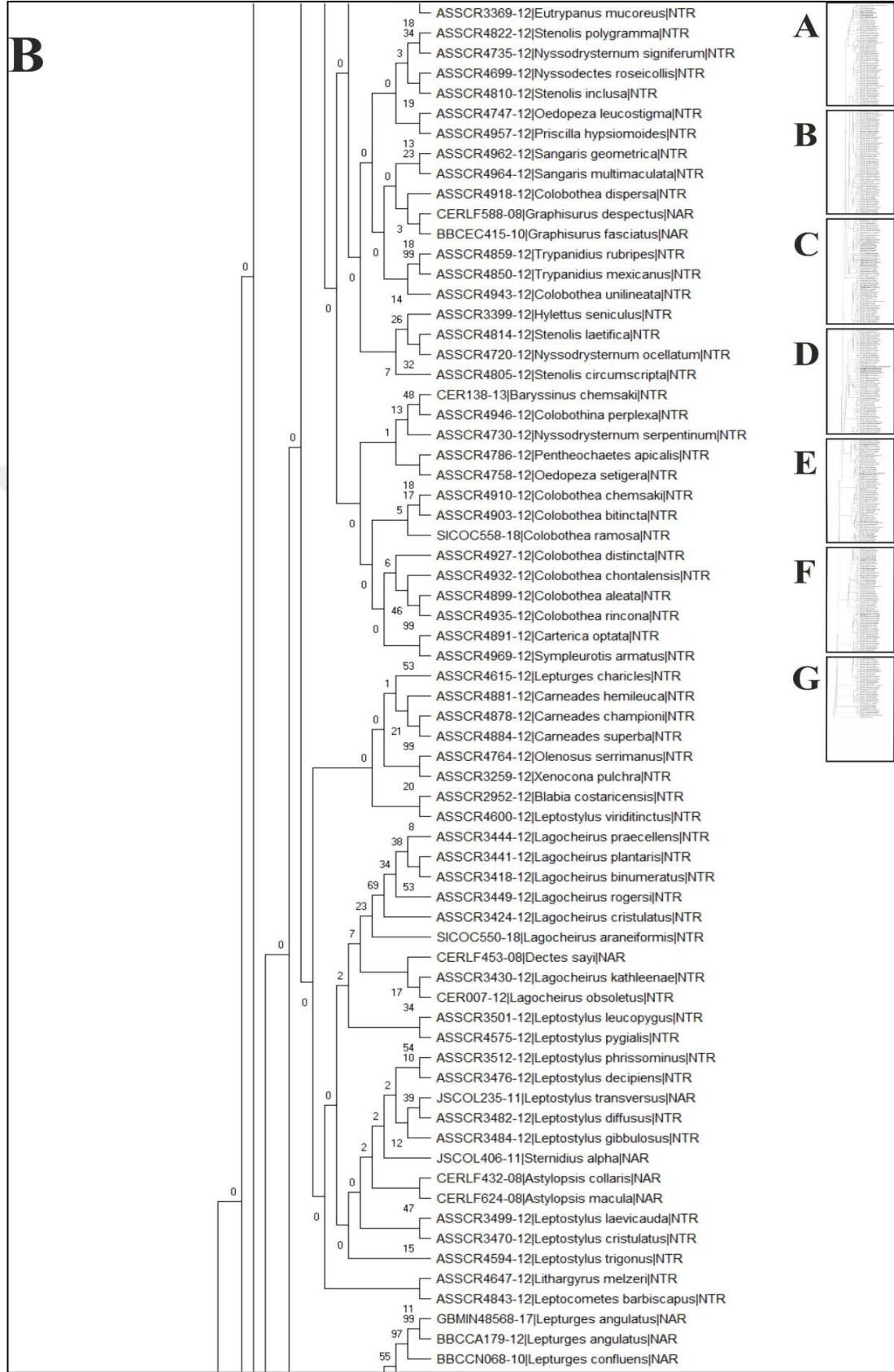
Exocentrus cinsi Almanya'dan NJ ve ML ağacında *E. adspersus* türüne ait bir haplotip (FBCOD630-11) hariç diğerleri, BI ağacında ise tüm haplotipler dikotomik olarak çözüldüler. BI ağacında *E. adspersus* 0,96 posterior olasılıkla tüm diğer haplotiplerin bazalında konumlandı. Slovenya'dan *E. punctipennis* (FBCOP843-13) NJ ağacında %62, ML ağacında %70 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,78 posterior olasılıkla diğer haplotiplerden ayrılırken, Estonya'dan *E. lusitanus* türüne ait bir haplotip (COLFA603-12), aynı türe ait Kocaeli'nden LPEL366 haplotipi ve Kocaeli ile Slovenya arasında paylaşılan LPEL29-GBCOU2625-13 haplotipi NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek birlikte kümelendiler.

Mesosa cinsi *M. obscuricornis* türüne ait Kocaeli'nden LMMO32, LMMO362 haplotipi NJ ağacında %99, ML ağacında %98 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla Almanya'dan *M. nebulosa* türüne ait bir haplotip (GCOL633-16) ile birlikte kümelendi.

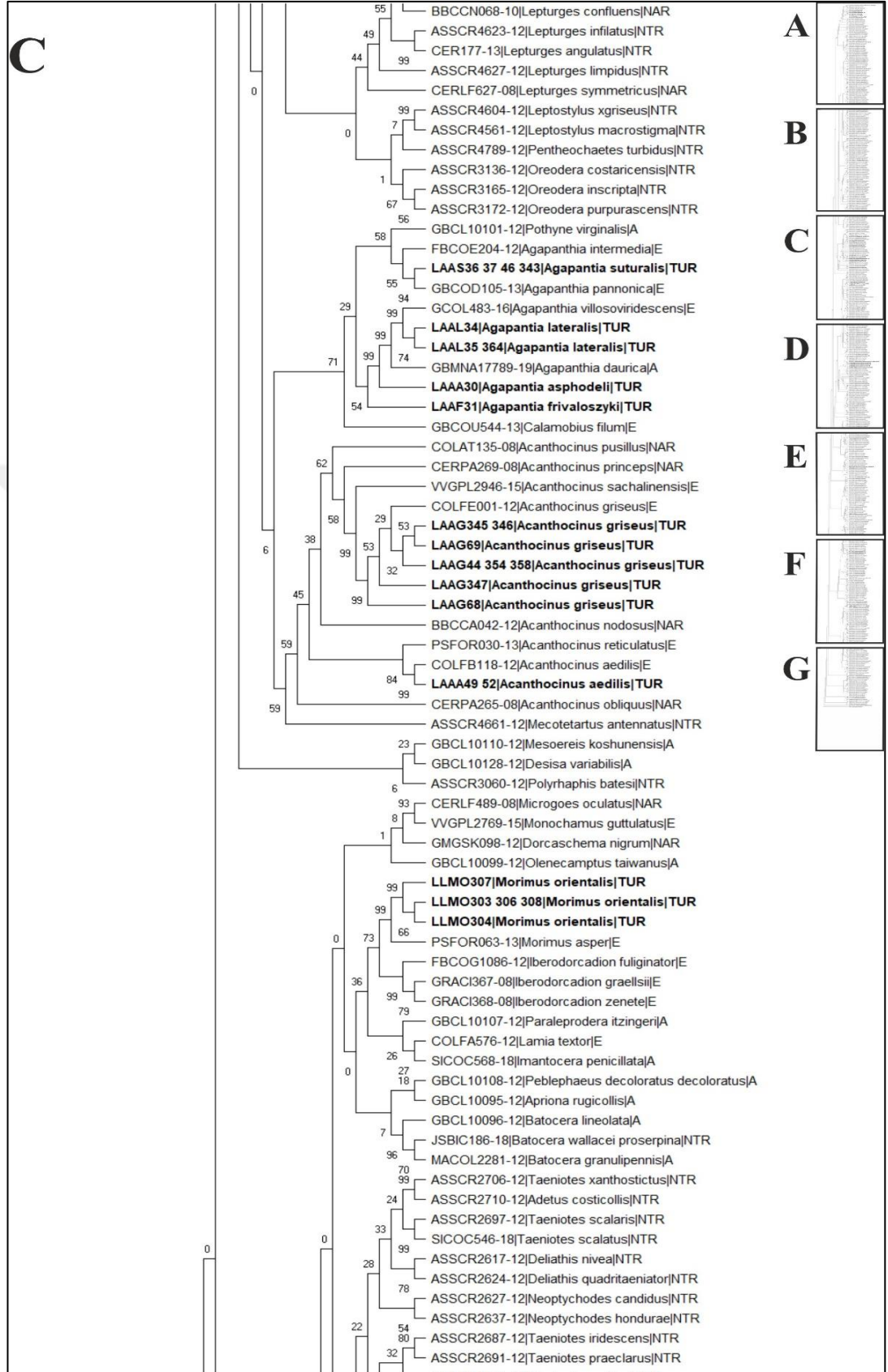
Fransa'dan *M. curculionoides* türüne ait bir haplotip (FBCOG1425-12) ve *M. myops* türüne ait Mogolistan'dan (FBCOK552-13) ve Finlandiya'dan (COLFB898-12) iki haplotip kendi içinde NJ ağacında %99, ML ağacında %98 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek çözüldüler ancak, *M. obscuricornis* ve *M. nebulosa*'dan NJ ve ML ağacında ayrı bir dalda konumlandılar.



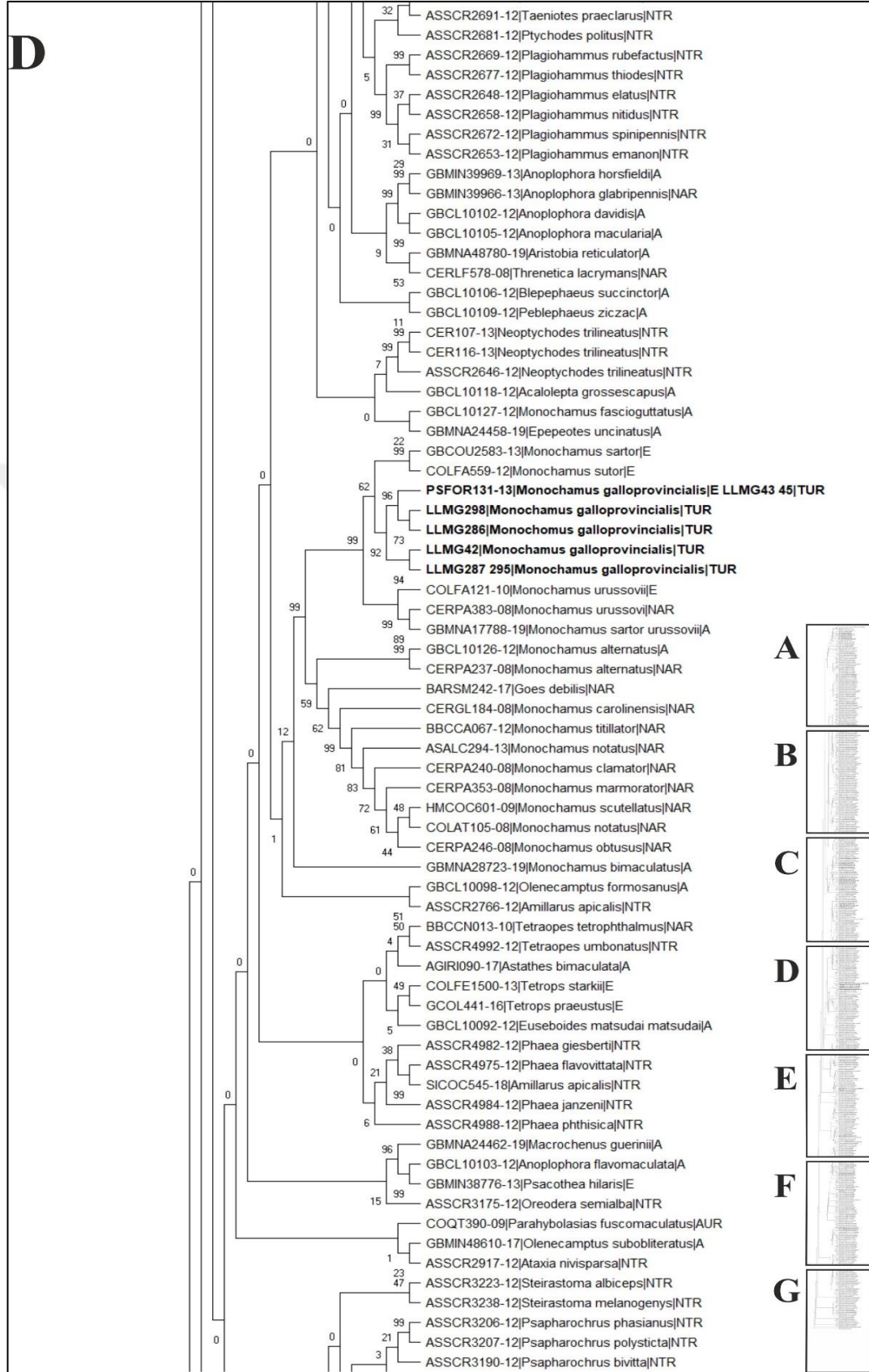
Şekil 3.22. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



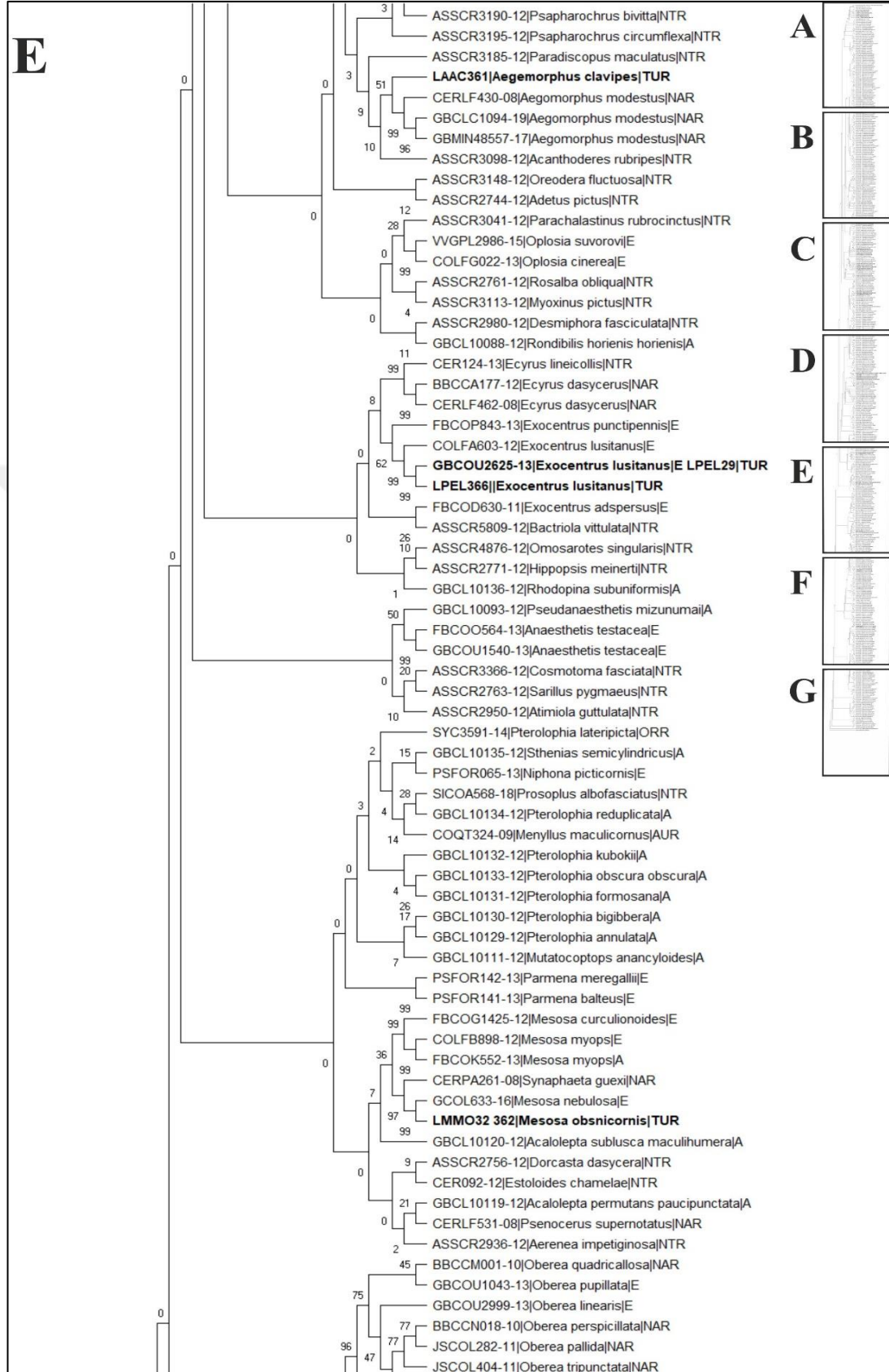
Şekil 3.22. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



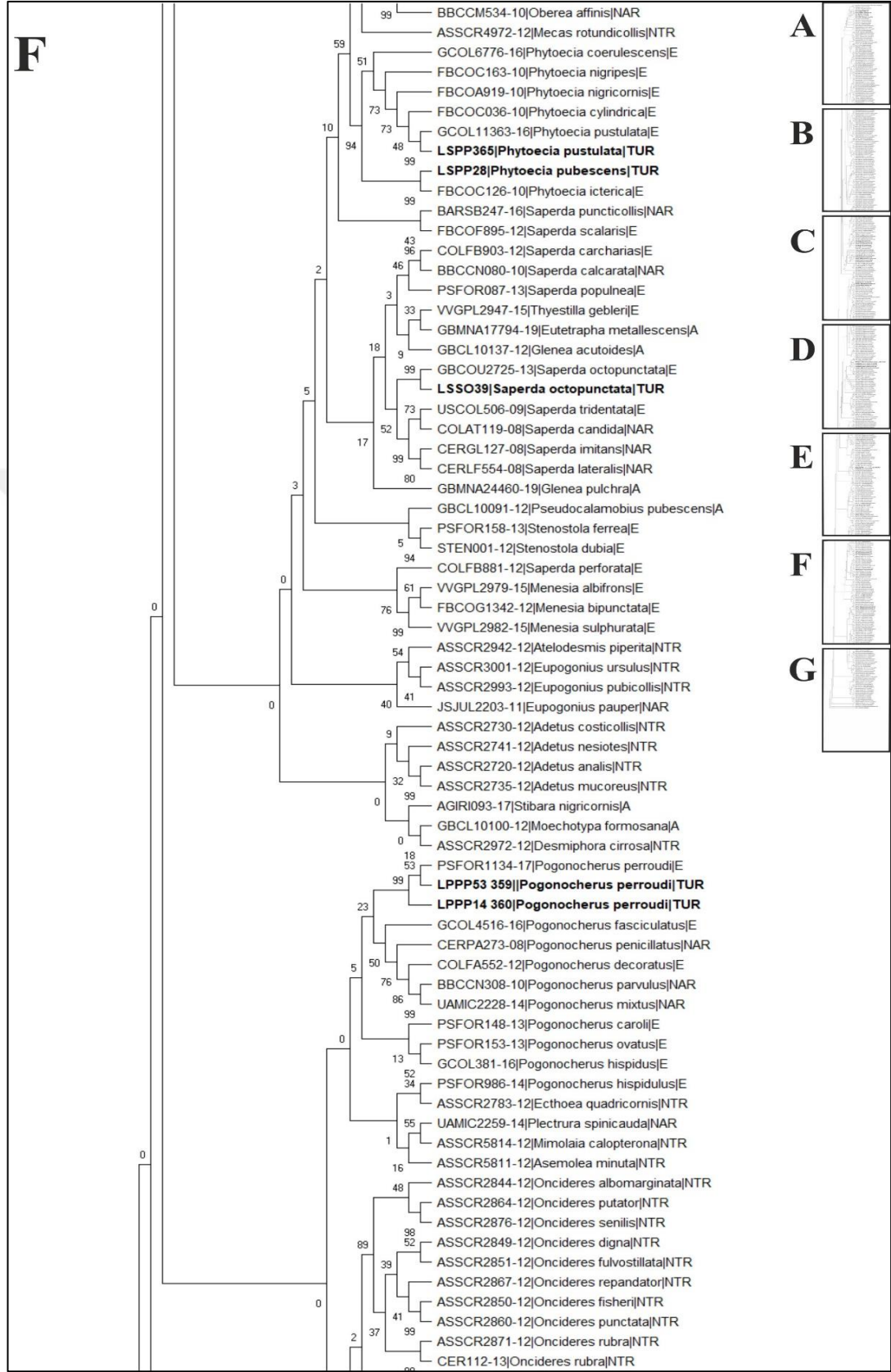
Şekil 3.22. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



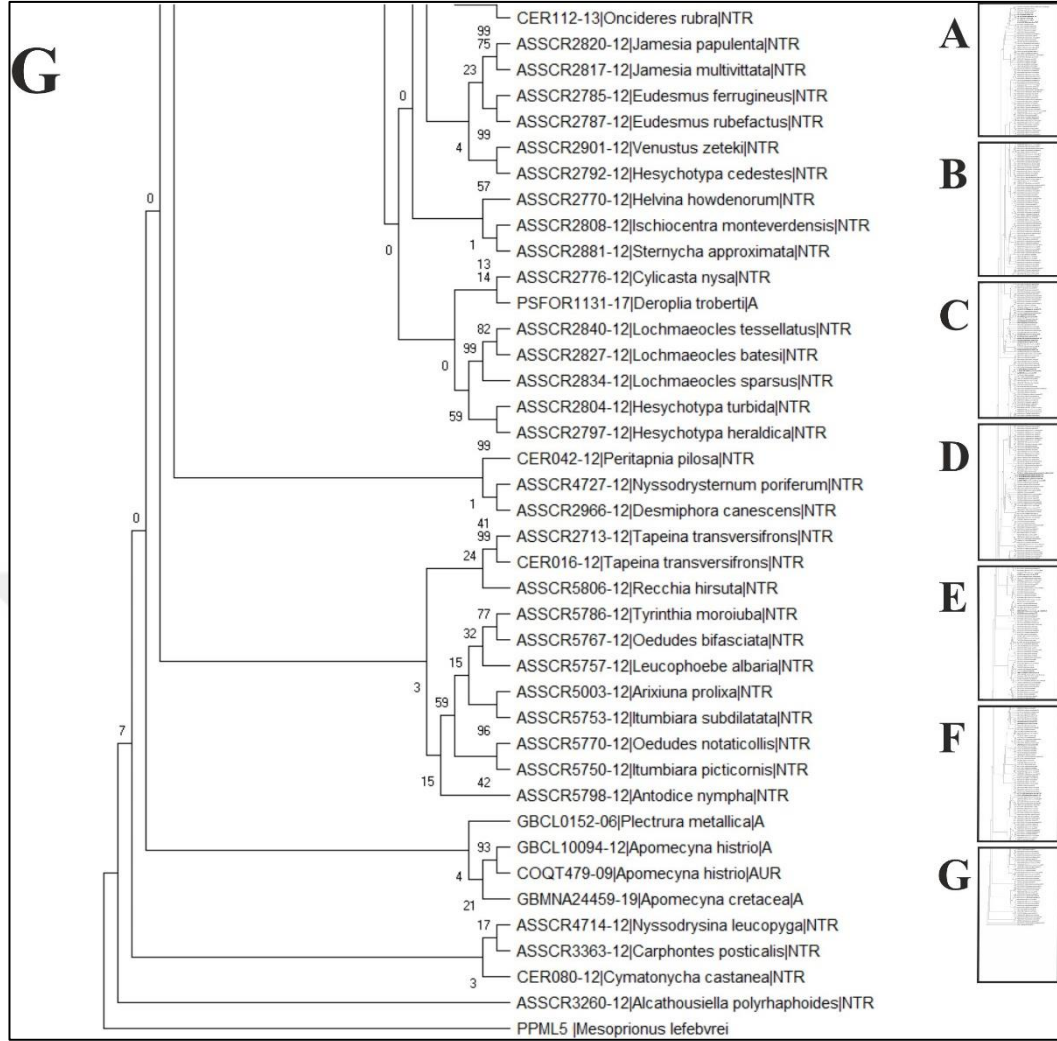
Şekil 3.22. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.22. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.22. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.22. (Devam) Kocaeli’nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı

M. obscuricornis’in intraspesifik ilişkileri, Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde bu türün COI gen bölgesine ait kayıtlı henüz bir dizi olmadığından incelenemedi.

Phytoecia cinsi üyeleri NJ ağacında 94% bootstrap değeriyle desteklenen iki grupta kümelendiler. Birinci grupta Çek Cumhuriyeti’nden *P. coerulea* (GCOL6776-16) türüne ait bir haplotip diğer tüm türlerin bazalında NJ ağacında %51 bootstrap desteğiyle konumlandı. Kocaeli’nden *P. pustulata* türüne ait LPPP365 haplotipi, Almanya’dan aynı bir dizi (GCOL11363-16) ile NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla birlikte kümelendirken, Almanya’dan *P. cylindrica* (FBCOC036-10) onlarla tüm ağaçlarda ayrı bir dalda

konumlandı. Almanya'dan *P. nigripes* (FBCOC163-10) ve *P. nigricornis* (FBCOA919-10) NJ ağacında %73 bootstrap desteğiyle ayrılan bir dalda konumlandı. İkinci grupta Kocaeli'nden *Phytoecia pubescens* türüne ait LPPP28 haplotipi ile Almanya'dan *P. icterica* türüne ait bir haplotip (FBCOC126-10) NJ ağacında %99 bootstrap desteği ML %98 ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla birlikte kümelendiler. ML ağacında ve BI ağacında *P. pustulata* ve *P. pubescens* türüne ait dizilerin ayrılması dışında, cins içinde dallanmalar düşük desteklenme değerleriyle gerçekleşti. *Phytoecia pubescens* türüne ait Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde COI gen bölgesine ait kayıtlı henüz bir dizi olmadığından, tür içi ilişkileri değerlendirilemedi. *Phytoecia (Helladia) praetextata* türü ise COI gen bölgesi amplifiye edilemediğinden analizlere dahil edilemedi.

Saperda cinsi *S. octopunctata* türüne ait Kocaeli'nden LSSO39 haplotipi, Almanya'dan aynı türe ait GBCOU2725-13 erişim numaralı dizi ile NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap desteği ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda, Kanada'dan *S. imitans* (CERGL127-08), *S. lateralis* (CERLF554-08), *S. candida* (COLAT119-08) ve ABD'den *S. tridentata* (USCOL506-09)'dan oluşan kümeden NJ ağacında %52, ML ağacında <%50 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,97 posterior olasılıkla ayrıldı. Almanya'dan *S. scalaris* (FBCOF895-12), Finlandiya'dan *S. carcharias* (COLFB903-12) ve *S. perforata* (COLFB881-12) Fransa'dan *S. populnea* (PSFOR087-13), Kanada'dan *S. puncticollis* (BARSB247-16) ve *S. calcarata* (BBCCN080-10) ise %50'den düşük desteklenme değerine sahip dallarda konumlandılar.

Pogonocherus cinsinden *P. perroudi* türüne ait LPPP14, LPPP359 ve LPPP53, LPPP360 haplotipleri aynı türe ait Fransa'dan PSFOR1134-17 erişim numaralı dizi ile NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek birlikte kümelendiler. Tüm ağaçlarda Almanya'dan *P. fasciculatus* (GCOL4516-16) Finlandiya'dan *P. decoratus* (COLFA552-12), Fransa'dan *P. hispidulus* (PSFOR986-14), Kanada'dan *P. penicillatus* (CERPA273-08) ve *P. parvulus* (BBCCN308-10) türlerine ait haplotipler kendi arasında dikotomik çözümlenerek bir grupta toplanırken, Fransa'dan *P. ovatus* (PSFOR153-13), *P. caroli* (PSFOR148-13), ABD'den *P. mixtus* (UAMIC2228-14) ve Almanya'dan *P. hispidus* (GCOL381-16) türlerini temsil eden haplotipler ayrık dallarda konumlandılar.

3.6.2. Alt familya: Cerambycinae Latreille, 1825

Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde dış grup olarak *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı. Her üç analizde de tribus seviyesinde çözülme olmazken, çözülme görülen tribus altı ilişkilerde de uzak olduğu düşünülen taksonların birlikte kümelenmeleri görüldü. İnterspesifik ve intraspesifik ilişkilerin önemli bir kısmında çözümler yüksek desteklenme değerleriyle gerçekleşti ve NJ, ML ve BI yaklaşımları benzer topolojiler önerdiler. Bu çalışmadan elde edilen dizilerin (Tablo A.2) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen dizilerle (Tablo A.7) olan ilişkileri NJ (Şekil 3.23), ML (Şekil E.3) ve BI (Şekil E.4) ağaçlarında şöyledir:

Stenopterus cinsi *S. rufus* türü Kocaeli'nden CSSR189-191 haplotipleri NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dal üzerinde Almanya'dan konspesifik bir haplotiple (FBCOB270-10) birlikte kümelenildi. Almanya'dan *S. ater* (GBCOB117-12) türüne ait bir haplotip NJ ağacında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla *S. rufus*'dan ayrılan bir dalda konumlanırken, ML ağacında ayrı bir dalda konumlandı. Kocaeli'nden *S. kraatzi* türü CSSK184, CSSK186-187 haplotipleri ve *Callimus* cinsinden *C. (Lampropterus) femoratus* (CSLF38) ve Fransa'dan *C. abdominalis* (PSFOR109-13) NJ, ML ve BI ağacında aynı grupta yer aldılar. *S. kraatzi* ve *C. femoratus* türleri için Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde kayıtlı diziler henüz olmadığından, bu haplotiplerin intraspesifik ilişkileri hakkında bilgi edinilemedi.

Kocaeli'nden *Penichroa fasciata* (CGPF100) ise PSFOR073-13 Fransa'dan haplotipi ile NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeriyle ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan dallar üzerinde kümelenildiler. Kocaeli'nden *Pyrrhidium sanguineum* türü CCPS108-110, CCPS420-421 haplotipleri, Almanya'dan GCOL4232-16 erişim numaralı haplotiple NJ ağacında %100 bootstrap desteğiyle bağımsız bir dal üzerinde konumlanırken, ML ve BI ağacında *Phymatodes* cinsi içinde kümelenildi. Kocaeli'nden *Stromatium auratum* türü CHSA198, CHSA199, CHSA201 haplotipleri Tayvan'dan *Stromatium longicorne* türüne ait bir haplotiple (GBCL10074-129) birlikte NJ ağacında %48, ML ağacında %66 bootstrap değeri

desteklenen düğümden ayrılan dallar üzerinde konumlanırken, çözümleri BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklendi.

Purpuricenus cinsi *P.budensis* türüne ait Kocaeli'nden CPPB16, CPPB72, CPPB128 haplotipleri ile Fransa'dan *P. kaehlerii* (PSFOR815-13) türüne ait haplotip NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri, BI 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan iki dalda konumlandılar. Kanada'dan *P. humeralis* (CERLF385-08) NJ ağacında %52, ML ağacında %58, BI ağacında 1,0 desteklenen bir dalda onların bazalından ayrıldı.

Trichoferus cinsi *T. pallidus* türüne ait Kocaeli'nden CHTP134, CHTP193 haplotipleri Fransa'dan konspesifik haplotip (PSFOR017-13) ile NJ ve ML ağaçlarında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan iki dalda konumlandılar. Kocaeli'nden *T. fasciculatus* türüne ait CHTF84, CHTF87, CHTF197, CHTF419, CHTF427 haplotipleri ve İspanya'dan konspesifik (GCOL3736-16) bir haplotip NJ ve ML ağaçlarında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dal üzerinde kümelendiler. *T. campestris* türü Pakistan (MACOL1485-11) ve Kanada (VVGCO39-08) haplotipleri ise NJ ağacında %77, ML ağacında %76 bootstrap değeri, BI ağacında 0,92 posterior olasılıkla desteklenerek, *T. fasciculatus*'dan ayrıldı. Ayrıca NJ ve BI ağacında ayrık dallarda konumlanmış olan Fransa'dan *T. holosericeus* türüne ait bir haplotip (PSFOR168-13) ML ağacında bu grupta kümelendi.

Plagionotus cinsinden *P. floralis* türüne ait Kocaeli'nden CCPF175-176, CCPF178-179 haplotipleri, Yunanistan'dan konspesifik bir haplotip (GBCOU549-13) ile NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan dallarda konumlanırken, *P. bobelayei* türüne ait Kocaeli'nden CCPB61 haplotipi NJ ağacında %57, ML ağacında %66 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı. *P. bobelayei* türü COI gen bölgesine ait Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde kayıtlı diziler henüz olmadığından, bu haplotipin intraspesifik ilişkileri hakkında bilgi edinilemedi. Başka bir grupta NJ ağacında %99 ML ağacında %76, BI ağacında 0,92 desteklenen bir dalda *P. detritus* türüne ait Kocaeli'nden CCPD66, CCPD170, CCPD423 haplotipleri ve Almanya'dan konspesifik bir haplotip (FBCON250-13) birlikte kümelendiler.

Almanya'dan *P. arcuatus* türüne ait bir haplotip (GCOL4406-16) NJ ağacında ve ML ağacında %100, BI ağacında 1,0 desteklenme ile *P. detritus*'dan ayrıldı. Bu iki *Plagionotus* grubu NJ ağacında ayrık ve ML ağacında aynı kümede ancak ayrık dallarda konumlanırken, BI ağacında 0,92 desteklenmeyle kardeş kladlar oldular.

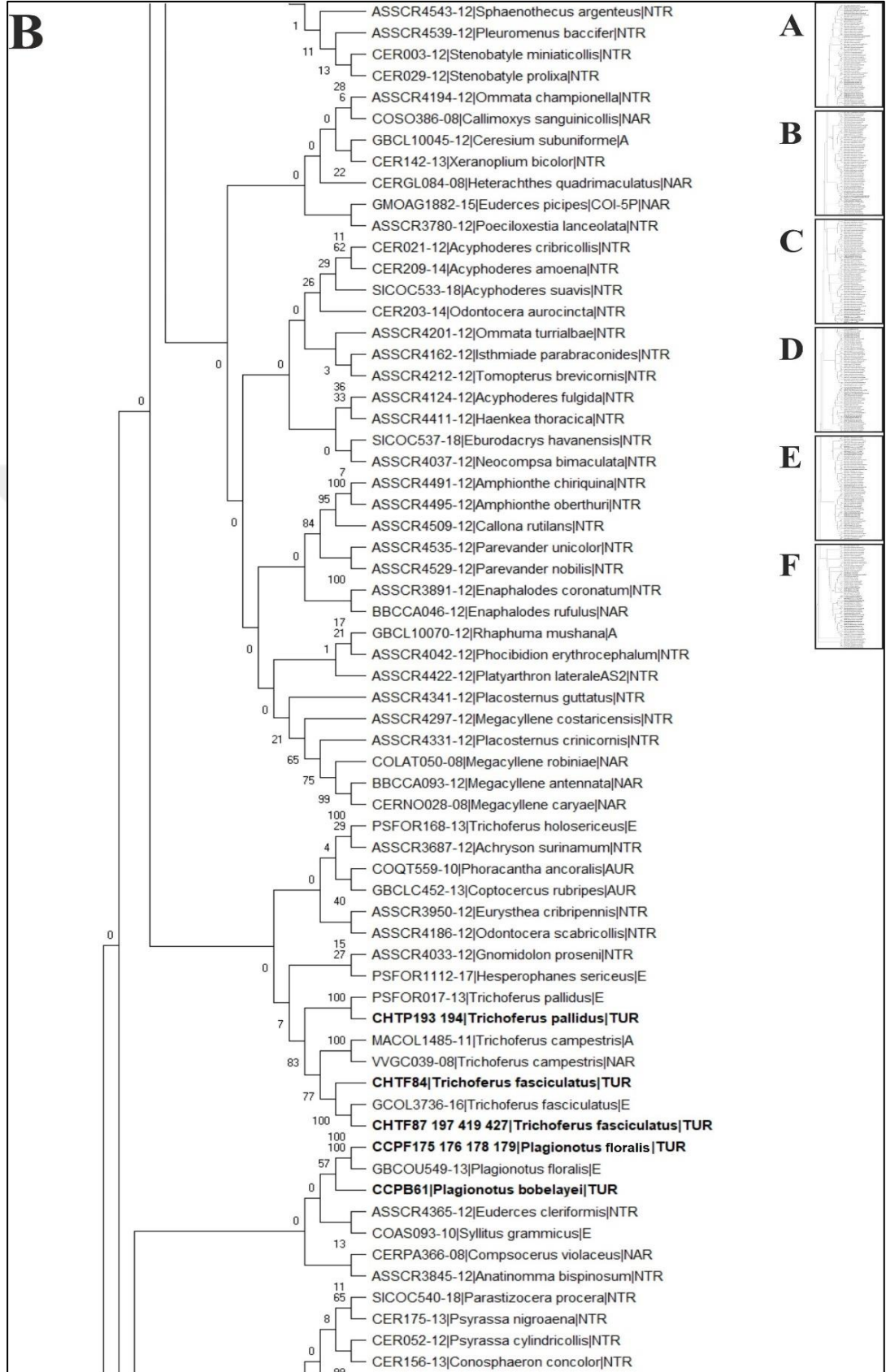
Kocaeli'nden *Anaglyptus mysticus* türüne ait CAAM202-203 haplotipleri Almanya'dan konspesifik bir haplotip (GCOL4274-16) ile NJ ağacında %100, ML ağacında %88 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,91 posterior olasılıkla desteklenerek birlikte kümelendiler. Fransa'dan *Anaglyptus gibbosus* türüne ait bir haplotip (PSFOR1108-17) NJ ağacında %95, MI'de %92 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek onların bazalında konumlandı.

Cerambyx cinsi NJ ve ML ağacında %50'den düşük bootstrap değeriyle, BI ağacında 0,81 posterior olasılıkla iki gruba ayrıldı. Birinci grupta *C. scopolii* türüne ait Almanya'dan bir haplotip (GCOL518-16) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri BI 1,0 posterior olasılıkla Kocaeli'nden CCCS89-91 haplotipleri ile birlikte kümelendirken, Yunanistan'dan *Cerambyx miles* türüne ait bir haplotip (GBCLC859-19) NJ ağacında %41, ML ağacında %100 bootstrap desteği, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla ile *C. scopolii* grubunun bazalına yerleşti. CCCS98 haplotipi ise yalnızca NJ ağacında %100 desteklenme ile bu grubun bazalında konumlandı. İkinci *Cerambyx* grubunda Fransa'dan *C. cerdo* türüne ait bir haplotip (PSFOR095-13) NJ ağacında %99, ML ağacında %76 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,92 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda Kocaeli'nden konspesifik CCCC94-96 haplotipleri ile birlikte kümelendirken, Fransa'dan *Cerambyx welensii* (PSFOR046-13) haplotipi NJ ve ML ağacında %100 bootstrap desteği, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı. *C. dux* (CCCD71, CCCD93, CCCD99) ise bu gruptan NJ ve ML ağacında %100 bootstrap desteği, BI ağacında 0,98 posterior olasılıkla ayrıldı.

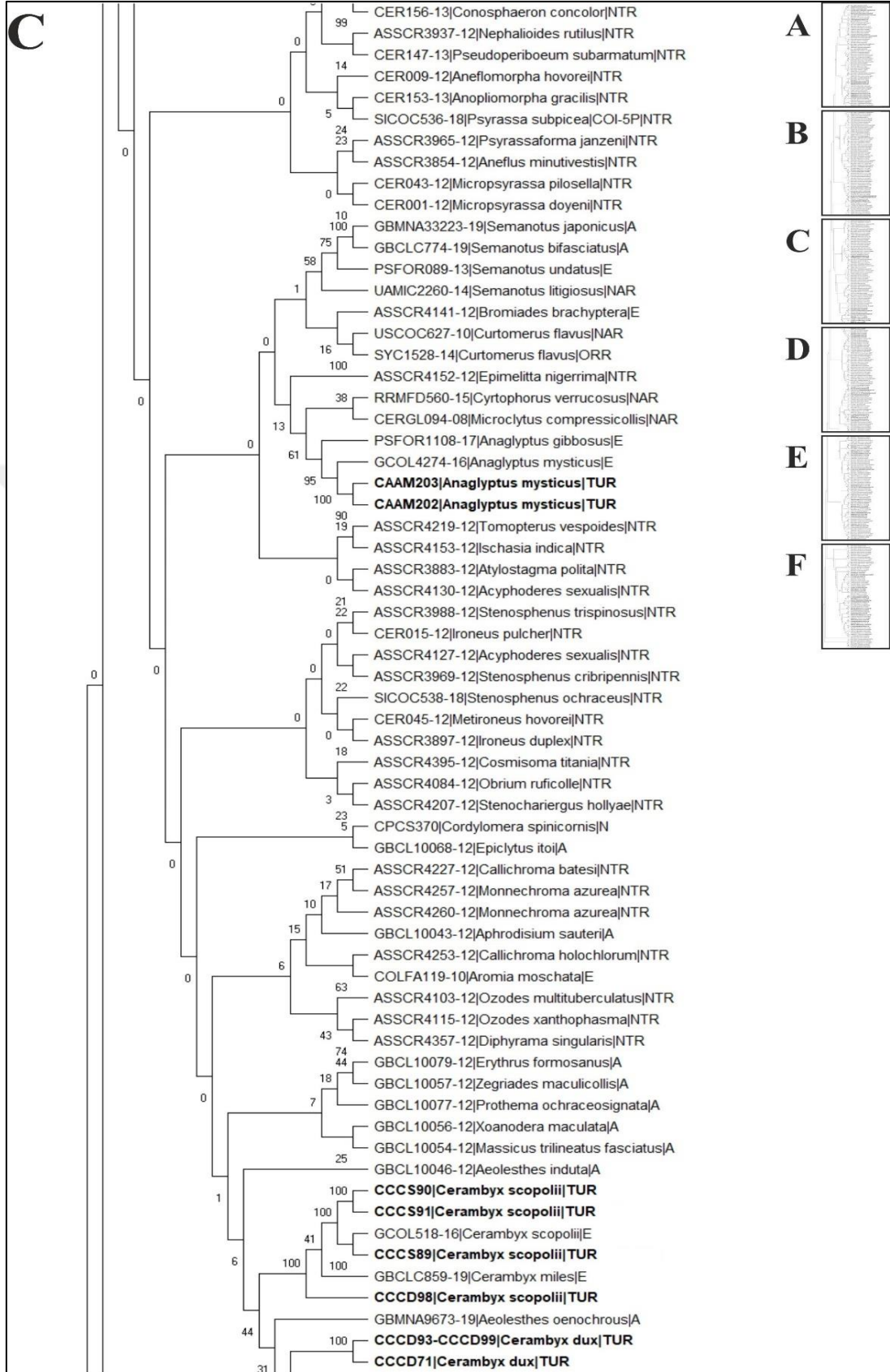
Phymatodes cinsinden *P. testaceus* türüne ait Kocaeli'nden CCPT8-10, CCPT17, CCPT122 haplotipleri ve Fransa'dan bir haplotip (PSFOR445-13) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte kümelendi.



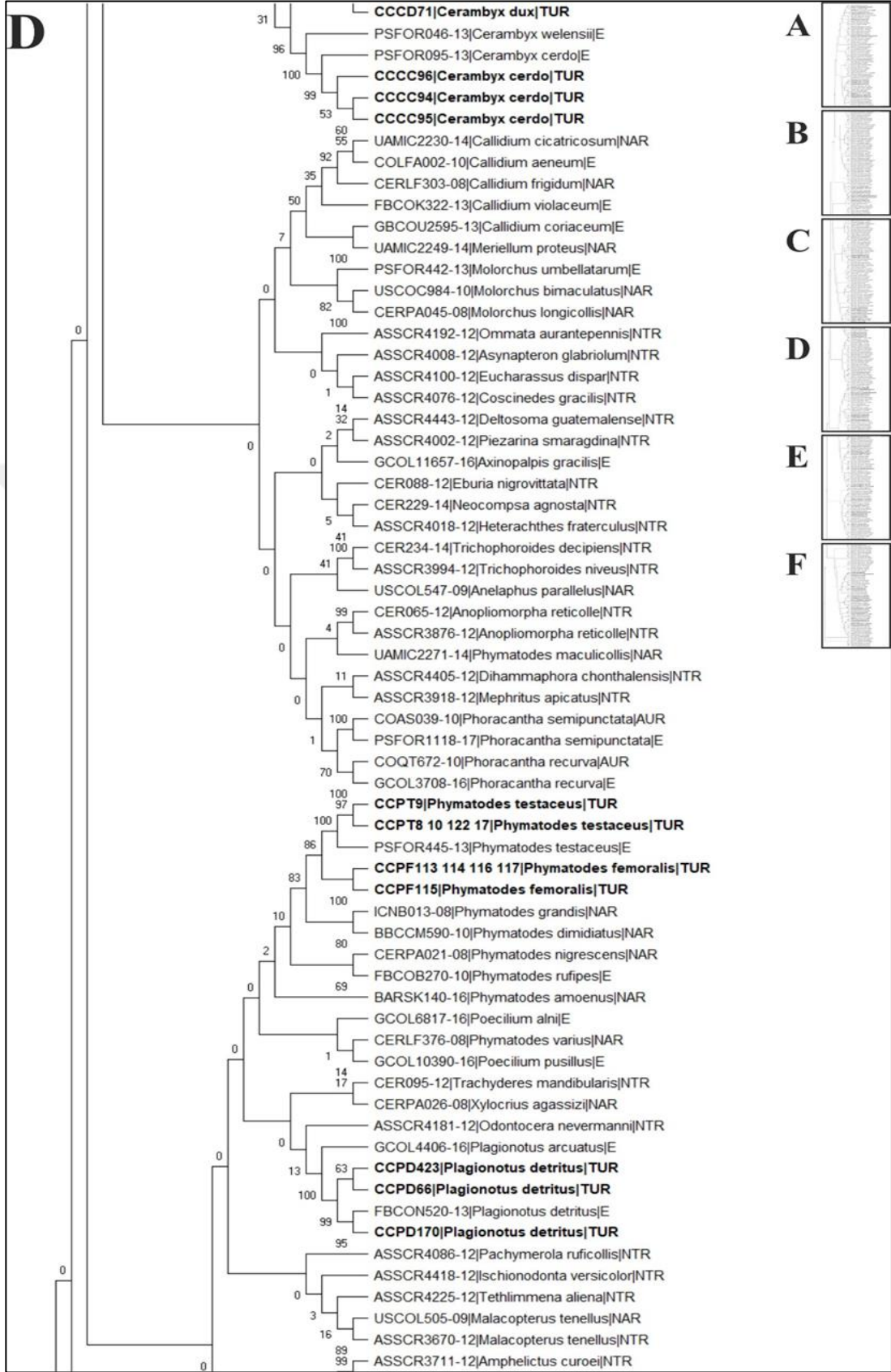
Şekil 3.23. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



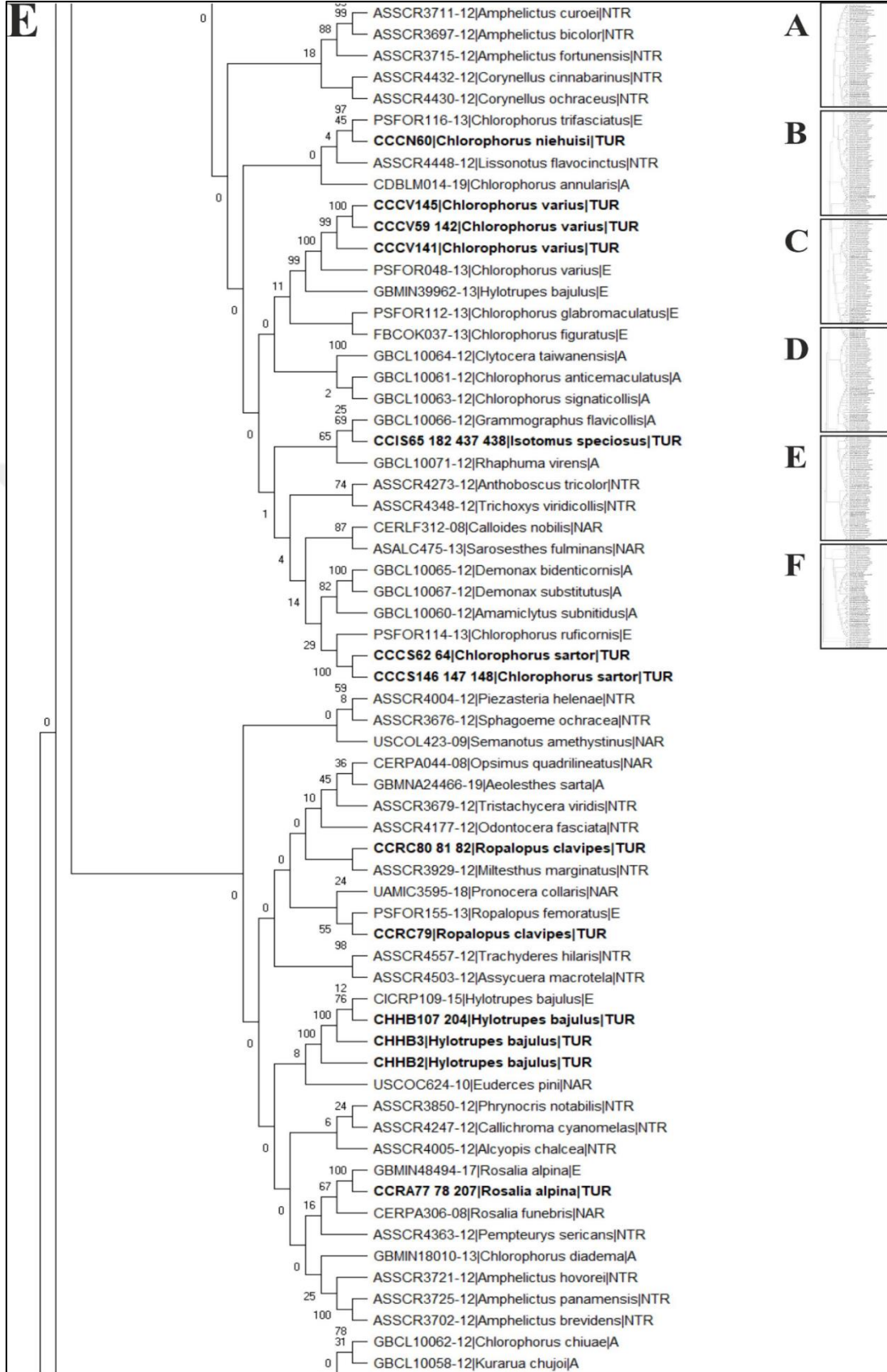
Şekil 3.23. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



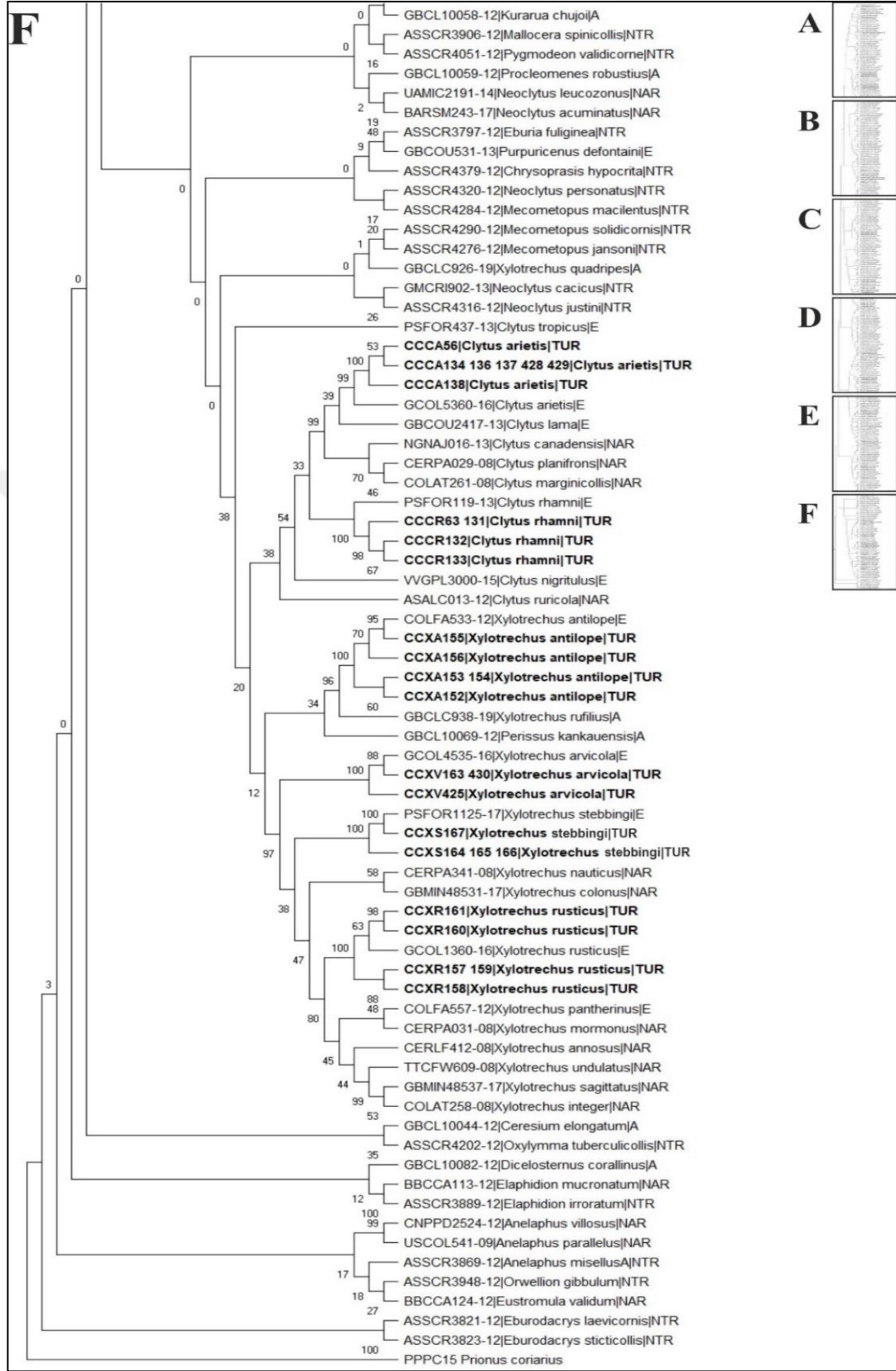
Şekil 3.23. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.23. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.23. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.23. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı

P. femoralis türüne ait Kocaeli'nden CCPF113-117 haplotipleri ile eşleşen GenBank ve BOLD taksonomi arşivinde başka COI barkod bölgesi dizisi olmadığından, bu türün intraspesifik ilişkisi incelenemedi. Ancak bu tür NJ ağacında %100, ML ağacında %50 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek *P. testaceus*'a kardeş klad olarak konumlandı. *Phymatodes* cinsinden diğer türler olan Kanada'dan *P. amoenus* (BARSK140-16), *P. dimidiatus* (BBCCM590-10), *P. varius* (CERLF376-08), *P. nigrescens* (CERPA021-08); Almanya'dan *P. rufipes* (FBCOB270-10); ABD'den *P. grandis* (ICNB013-08) türlerine ait haplotipler ise bu gruptan NJ ağacında %83 bootstrap desteği, ML ağacında ayrılan ve her iki analizde de kendi aralarında bir grup oluşturdular. ABD'den *P. maculicollis* (UAMIC2271-14) NJ ağacında başka dalda, *Anopliomorpha* cinsinden türlerle ile birlikte kümelenirken, ML ağacında *Phymatodes* cinsiyle beraber konumlandı. BI ağacında *P. dimidiatus* ve *P. grandis*, *P. testaceus* + *P. femoralis* dalından 1,0 posterior olasılıkla ayrıldı.

NJ ve ML ağacında bağımsız bir dalda konumlanan *Pyrrhidium sanguineum* türüne ait Kocaeli'nden CCPS108-110, CCPS420-421 haplotipi, NJ ağacında %100 ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla Almanya'dan konspesifik bir haplotip (GCOL4232-16) ile birlikte kümelendi. Yalnızca BI ağacında 0,62 posterior olasılıkla *Phymatodes* cinsi içinde *P. nigrescens* ve *P. rufipes* ile beraber kümelendi. Diğer *Phymatodes* cinsi üyeleri ise tüm ağaçlarda benzer şekilde ayrıldılar.

Chlorophorus cinsi üyeleri farklı dallarda konumlandılar ve polifiletik olabileceklerini çağrıştıran bağımsız gruplar oluşturdular. *C. niehuisi* türü için Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde bir kayıt olmadığından bu türün intraspesifik ilişkisi belirlenemedi, ancak *C. niehuisi* türüne ait Kocaeli'nden CCCN60 haplotipi Fransa'dan *C. trifasciatus* (PSFOR116-13) türüne ait bir haplotip ile NJ ağacında %45, ML ağacında %60 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla birlikte kümelendi. NJ ve ML ağacında Japonya'dan (CDBLM014-19) *C. annularis* haplotipi de bu grup içinde yer aldı. Diğer grupta ise *C. varius* türüne ait Kocaeli'nden CCCV141-142, CCCV145 haplotipleri ile Fransa'dan konspesifik bir haplotip (PSFOR048-13) ile NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeriyle ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda konumlanırken, Almanya'dan *C. figuratus* (FBCOK037-13), Tayvan'dan *C. anticemaculatus* (GBCL10061-12) ve *C. signaticollis* (GBCL10063-12), Fransa'dan *C. glabromaculatus* (PSFOR112-13) türlerine ait haplotipler NJ ağacında birlikte

kümelenirken, ML ve BI da ise ayrı dallarda konumlandılar. Başka bir grupta, *C. sartor* türüne ait Kocaeli'nden CCCS62, CCCS64, CCCS146-148 haplotipleri Fransa'dan *C. ruficornis* türüne ait bir haplotip (PSFOR114-13) ile NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri, BI ağacında ise 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek birlikte kümelendiler. Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde *C. sartor* türü COI gen bölgesine ait kayıtlı diziler henüz olmadığından, bu haplotiplerin intraspesifik ilişkileri incelenemedi. Tayvan'dan *C. chiuae* (GBCL10062-12), Güney Kore'den *C. diadema* (GBMIN18010-13), ve Fransa'dan *C. ruficornis* (PSFOR114-13) tüm analizlerde ayrı dallarda hiçbir *Chlorophorus* türü ile birlikte kümelenebilsin konumlandılar.

Isotomus speciosus türü için Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde kayıtlı hiç konspesifik bir dizi olmadığından CCIS65, CCIS182, CCIS437-438 haplotiplerinin tür içi ilişkisi belirlenemedi ancak, Tayvan'dan *Grammographus flavicollis* (GBCL10066-12) türüne ait bir haplotipten NJ ağacında %69 bootstrap değeri, ML ağacında %66 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,96 posterior olasılıkla ayrılan bir dalda konumlandı.

Ropalopus clavipes türüne ait Kocaeli'nden CCRC79 ve CCRC80-82 haplotiplerinin intraspesifik ilişkileri, Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde bu türün COI gen bölgesine ait kayıtlı henüz bir dizi olmadığından belirlenemedi, ancak CCRC79 NJ ağacında %98, ML ağacında %72 bootstrap değeri, BI ağacında 0,94 posterior olasılıkla, diğer haplotipler ise Fransa'dan *Ropalopus femoratus* türüne ait (PSFOR155-13) bir haplotiple birlikte kümelendi. *Hylotrupes bajulus* türüne ait Kocaeli'nden CHHB2, 3, 107, 204 haplotipleri Fransa'dan aynı türe ait olan bir haplotip (CICRP109-15) ile NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenmiş bir dal üzerinde birlikte konumlandılar. *Rosalia alphina* türüne ait Kocaeli'nden CCRA77-78, CCRA207 haplotipleri İtalya'dan aynı türe ait bir haplotiple (GBMIN48494-17) NJ ve ML ağaçlarında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla birlikte kümelendirken, Kanada'dan *Rosalia funebris* türüne ait haplotip (CERPA306-08) NJ ağacında %67, ML ağacında %72 bootstrap değeri BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı.

Clytus ve *Xylotrechus* cinsleri NJ ve ML ağacında %50'den düşük bootstrap değerleriyle ve BI ağacında 0,96'da posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden

ayrılan dallarda konumlandılar. *Clytus* cinsinden *C. arietis* türüne ait Kocaeli'nden CCCA56, CCCA134, CCCA136-138, CCCA 428-429 haplotipleri, Almanya'dan aynı türe ait bir haplotipten (GCOL5360-16) NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılırken, Avusturya'dan *Clytus lama* türüne ait bir haplotip (GBCOU2417-13) NJ ağacında <%50 bootstrap değeri, ML ağacında %66 bootstrap değeri, BI ağacında 0,96 posterior olasılıkla desteklenerek onlarla beraber kümelendi. ML ağacında <%50 bootstrap değeriyle ve BI ağacında <0,50'den düşük posterior olasılıkla desteklenmiş olmasına rağmen, NJ ağacında %99 bootstrap değeri ile desteklenerek kümelenen kardeş kladda ise Kanada'dan *C. canadensis* (NGNAJ016-13), *C. planifrons* (CERPA029-08), *C. marginicollis* (COLAT261-08) türlerine ait haplotipler yer aldı. Fransa'dan *C. tropicus* (PSFOR437-13) türü ise NJ ve ML ağacında tüm diğer *Clytus* türlerinden ayrı bir dalda konumlanırken, BI ağacında 0,85 posterior olasılıkla bu iki grubun bazalında konumlandı. Diğer *Clytus* üyelerine NJ, ML ve BI ağaçlarında düşük desteklenme değerlerine sahip dalda kümelenen bir grupta *C. rhamni* türüne ait Türkiye'den CCCR63, CCCR131-133 haplotipleri ve Fransa'dan bir haplotip (PSFOR119-13) NJ ağacında %100, ML ağacında %90 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dal üzerinde birlikte kümelendiler. Rusya'dan *C. nigritulus* (VVGPL3000-15) ve Kanada'dan *C. ruricola* (ASALC013-12) türlerine ait haplotipler *C. rhamni*'den NJ ağacında %54, ML ağacında %50 bootstrap desteği ve BI ağacında sırasıyla 0,75 ve 0,93 posterior olasılıkla ayrıldılar.

Xylotrechus cinsi altı grup oluşturdu. Birinci grupta, *X. antilope* türüne ait Kocaeli'nden CCXA152-156 haplotipleri ve Rusya'dan (COLFA533-12) bir haplotip NJ ağacında %95, ML ağacında %70 bootstrap değerleriyle ve BI ağacında 0,93 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte kümelendiler. Onların bazalında NJ ve ML ağacında %96 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen Japonya'dan *X. rufilius* (GBCLC938-19) türüne ait bir haplotip yerleşti. İkinci grupta *X. arvicola* türüne ait bir Almanya'dan haplotip (GCOL4535-16) ve Kocaeli'nden CCXV163, CCXV425, CCXV430 haplotipleri NJ ağacında %88, ML ağacında %98 bootstrap destekleri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte kümelendiler. Üçüncü grupta *X. stebbingi* türüne ait Fransa'dan bir haplotip (PSFOR1125-17) ve Kocaeli'nden CCXS164-167 haplotipleri NJ ağacında %100, ML

ağacında %94 bootstrap destekleri ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla birlikte kümelendiler. Dördüncü grupta Kanada'dan *X. nauticus* (CERPA341-08) ve ABD'den *X. colonus* (GBMIN48531-17) türlerine ait haplotipler NJ ağacında %58, ML ağacında %52 bootstrap değerleri ve BI ağacında 0,54 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte konumlanırken, beşinci grupta *X. rusticus* türüne ait Türkiye'den CCXR157-161 ve Almanya'dan (GCOL1360-16) haplotipleri NJ ağacında %100 bootstrap değeri, ML ağacında <%50 bootstrap desteği ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda kümelendiler. Altıncı grupta ise *X. rusticus* grubundan NJ ağacında %80 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla ayrılan Finlandiya'dan *X. pantherinus* türüne ait bir haplotip (COLFA557-12), Kanada'dan *X. mormonus* (CERPA031-08), *X. annosus* (CERLF412-08), *X. undulates* (TTCFW609-08), *X. integer* (COLAT258-08) ve ABD'den *X. sagittatus* türüne ait haplotipler birlikte kümelendirken, ML ağacında ayrı politomik dallarda konumlandılar. BI ağacında NJ ağacından farklı olarak *X. mormonus* (CERPA031-08) altıncı grup içinde değil, Kanada'dan *X. nauticus* (CERPA341-08) ve ABD'den *X. colonus* (GBMIN48531-17)'un bazalında 0,84 posterior olasılıkla konumlandı. NJ ve BI ağaçlarında Hindistan'dan (GBCLC926-19) *X. quadripes* haplotipi *Neoclytus* cinsi içinde, ayrı bir dalda konumlanırken, ML ağacında *Xylotrechus* ve *Clytus* cinslerinin bazalında %66 bootstrap değeri ile desteklenerek konumlandı.

3.6.3. Alt familya: Lepturinae Latreille, 1825

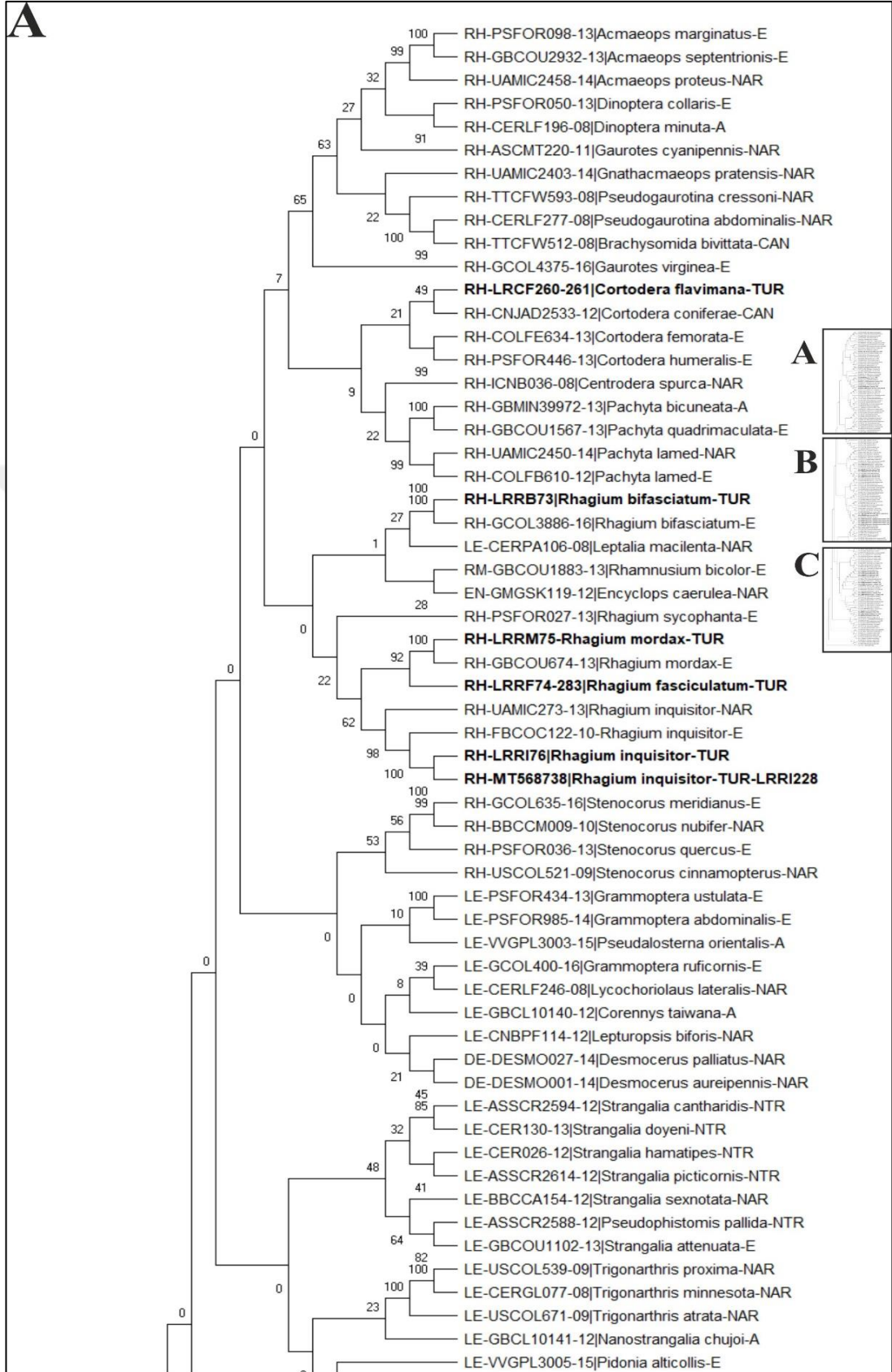
Dış grup olarak *Necydalis major* (Cerambycidae: Necydalinae) (COLFA577-12, URL-12)'ün kullanıldığı Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde tribus seviyesinde dallarda çoğunlukla politomi olduğu ve farklı cinslere ait türlerin bazen birlikte kümelendikleri görüldü. İnterspesifik ve intraspesifik ilişkilerin önemli bir kısmında çözümler yüksek desteklenme değerleriyle gerçekleşti ve NJ, ML, BI yaklaşımları benzer topolojiler önerdiler. Bu çalışmadan elde edilen dizilerin (Tablo A.3) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen diziler (Tablo A.8) ile olan ilişkileri NJ (Şekil 3.24), ML (Şekil E.5) ve BI (Şekil E.6) ağaçlarında şöyledir:

Cortodera cinsi Türkiye'den *C. flavimana* türüne ait LLCF260, 261 haplotipi NJ ağacında %49, ML ağacında %48 bootstrap değeriyle Kanada'dan *C. coniferae* türüne

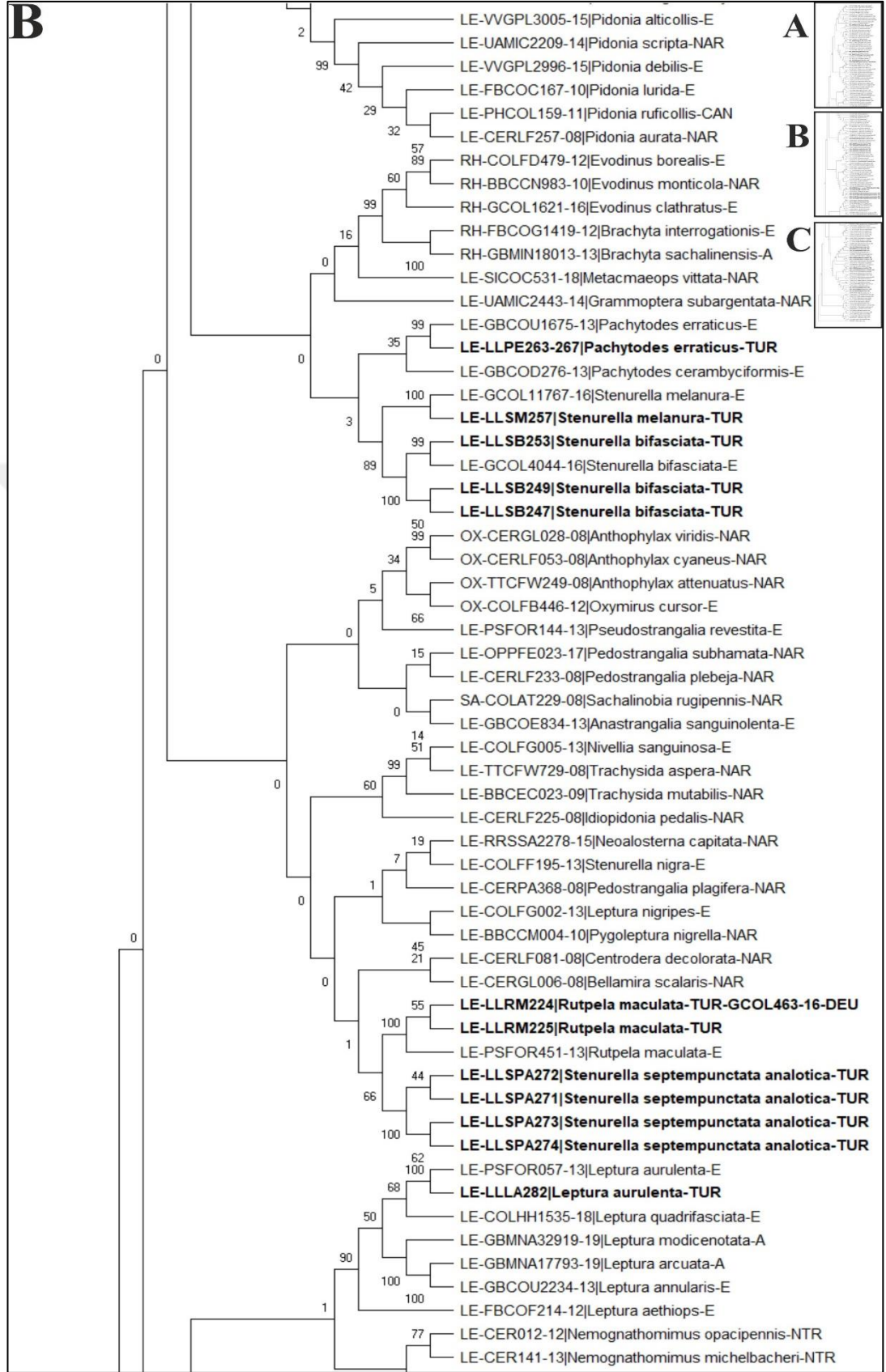
ait bir haplotiple (CNJAD2533-12) birlikte kümelenirken, Finlandiya'dan *C. femorata* (COLFE634-13) ve Fransa'dan *C. humeralis* (PSFOR446-13) haplotipleri NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap değerleri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen diğer bir dalda beraber kümelendiler. *C. flavimana* türüne ait Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde COI gen bölgesine ait kayıtlı henüz bir dizi olmadığından, bu türün tür içi ilişkileri değerlendirilemedi.

Rhagium cinsi üyelerinden Almanya'dan *R. bifasciatum* türüne ait bir haplotip (GCOL3886-16) ve Kocaeli'nden LRRB73 haplotipi NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek, diğer *Rhagium* üyelerinden ayrı bir dalda birlikte kümelendiler. Fransa'dan *R. sycophanta* (PSFOR027-13)'da yalnız konumlandı. *R. inquisitor* türüne ait Kocaeli'nden bu çalışmadan LRRI76, 228 haplotipleri ve yine Kocaeli'nden MT568738 erişim numaralı bir haplotip, ABD'den (UAMIC273-13) ve Almanya'dan bir haplotip (FBCOC122-10) NJ ağacında %98, ML ağacında %88 bootstrap değerleri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte kümelendi. *R. inquisitor* grubu *R. fasciculatum*+*R. mordax* grubundan NJ ağacında %62 bootstrap değeriyle ayrılırken, ML ve BI ağaçlarında %50'den düşük desteklenme değerleriyle ayrıldı. Kocaeli'nden *R. mordax* türüne ait LRRM75 haplotipi, Almanya'dan konspesifik bir haplotip (GBCOU674-13) ile NJ ağacında %100, ML ağacında %98 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla birlikte kümelendirken, Kocaeli'nden *R. fasciculatum* türüne ait LRRF74, 283 haplotipi NJ ağacında %92 ML ağacında %76 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,93 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı. *R. fasciculatum* türüne ait Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde COI gen bölgesine ait kayıtlı henüz bir dizi olmadığından, bu türün intraspesifik ilişkileri değerlendirilemedi.

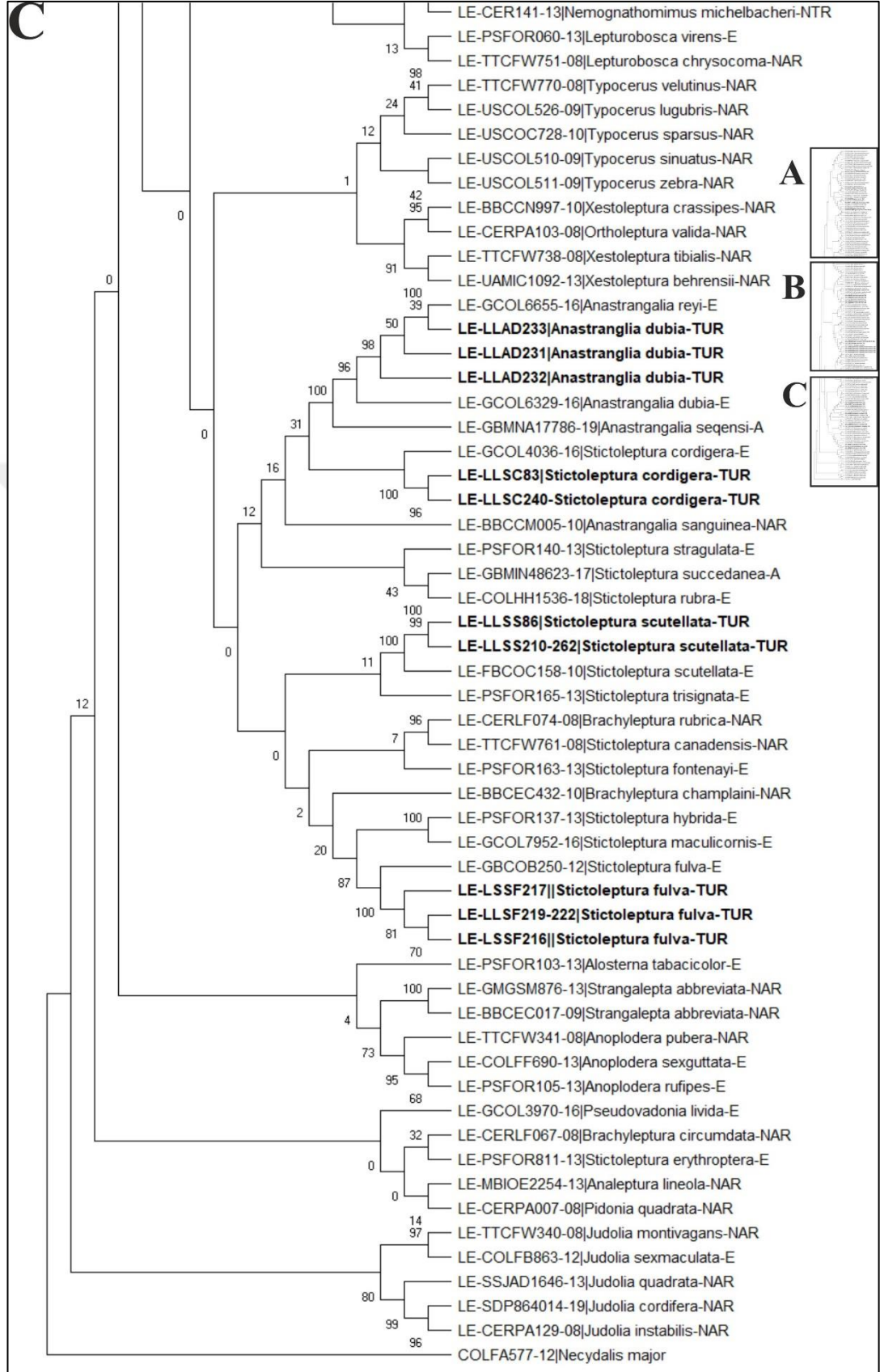
Pachytodes erraticus türüne ait Kocaeli'nden LLPE263, 267 haplotipi Slovenya'dan aynı türe ait bir haplotiple (GBCOU1675-13) NJ ağacında %99, ML ağacında %98 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla birlikte kümelendirken, Almanya'dan *P. cerambyciformis* türüne ait bir haplotip (GBCOD276-13) NJ ağacında, %35 ML ağacında %72 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,97 posterior olasılıkla onların bazalında konumlandı.



Şekil 3.24. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.24. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı



Şekil 3.24. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı

Stenurella cinsine ait *S. melanura* ve *S. bifasciata* türleri NJ ağacında %98, ML ağacında bootstrap değerleri ve %86 BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan kardeş kladlar olarak çözülürken, ML ağacında politomik dallarda konumlandılar. İsveç'ten *S. nigra* (COLFF195-13) ise ayrık bir politomik dalda yalnız konumlandı. *S. melanura* türüne ait Kocaeli'nden LLSM257 haplotipi Almanya'dan aynı türe ait bir haplotiple (GCOL11767-16) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla, Kocaeli'nden *S. bifasciata* LLSB247, 249, 253 haplotipleri ise Fransa'dan aynı türe ait bir haplotiple (GCOL4044-16) NJ ağacında %100 ve ML ağacında %94 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,76 posterior olasılıkla birlikte kümelendiler. *Stenurella septempunctata anatolica* (LLSPA224- 225, LLSPA271-272) türüne ait COI dizisi ilk kez bu çalışmada dizilenmiş olduğundan konspesifik bir haplotiple eşleşmedi; ancak aynı dal üzerinde kümelendiği olduğu *Rutpela maculata türünden* NJ ağacında %66, ML ağacında %54 bootstrap değerleri ve BI ağacında 0,97 posterior olasılıkla ayrıldı. *R. maculata* türüne ait Kocaeli'nden LLRM224 ve LLRM225 haplotipleri, aynı türe ait Fransa'dan bir haplotip (PSFOR451-13) ile birlikte NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda kümelendi ve LLRM224 haplotipi Almanya ile paylaşıldı (GCOL463-16).

Leptura cinsi üç gruba ayrıldı. Almanya'dan *L. aethiops* (FBCOF214-12) NJ ağacında %90, bootstrap desteğiyle diğer iki grubun bazalında konumlandı. Fakat BI ağacında 0,61 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda, ML ağacında <%50 bootstrap değeriyle *L. aurulenta*+*L. quadrifasciata* grubunun bazalına yerleşti.

Birbirlerinden NJ ağacında %50, ML ağacında %84 bootstrap değerleri ve BI ağacında posterior olasılıkla ayrılan iki gruptan birisi Fransa'dan *L. aurulenta* (PSFOR057-13), Kocaeli'den LLLA282 ve Norveç'ten *L. quadrifasciata* (COLHH1535-18) haplotiplerinden oluşurken, diğer grup Avusturya'dan *L. annularis* (GBCOU2234-13), Çin'den *L. arcuata* (GBMNA17793-19), Japonya'dan *L. modicenotata* (GBMNA32919-19), Finlandiya'dan *L. nigripes* (COLFG002-13) haplotiplerinden oluştu. Her iki grup içinde de çözümlerin tamamı NJ ağacında \geq %68, ML ağacında \geq %84 bootstrap desteği ve BI ağacında \geq 0,76 posterior olasılıkla gerçekleşti.

Anastranglia cinsi Kocaeli'nden *A. dubia*. LLAD231, 232, 233 haplotipleri İtalya'dan *A. dubia* (GCOL6329-16) ve *A. reyi* (GCOL6655-16) türlerine ait haplotiplerle birlikte kümelenecek, Çin'den *A. seqensi* türüne ait bir haplotip (GBMNA17786-19) ile NJ ve ML ağaçlarında %100 bootstrap değeriyle desteklenen bir düğümden ayrıldı, BI ağacında ise bu grup içinde ayrık bir dala yerleşti. Kanada'dan *A. sanguinea* (BBCCM005-10) ve Almanya'dan *A. sanguinolenta* (GBCOE834-13) türlerine ait haplotipler ise ML ve NJ ağaçlarında, bu gruptan ayrık dallarda yalnız konumlanırken, BI ağacında 0,53 posterior olasılıkla birlikte kümelendiler.

Stictoleptura cinsi *S. cordigera* türüne ait Kocaeli'nden LLSC83, LLSC240, LLSC244 haplotipleri Fransa'dan aynı türe ait bir haplotiple (GCOL4036-16) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla, *S. fulva* türüne ait Kocaeli'nden LLSF216-217, LLSF219-222 haplotipleri Almanya'dan aynı türe ait bir haplotiple (GBCOB250-12) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değerleri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla, *S. scutellata* türüne ait Kocaeli'nden LLSS86, LLSS210, LLSS262 haplotipleri aynı türe ait Almanya'dan bir haplotiple (FBCOC158-10) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan dallar üzerinde yerleşerek birlikte kümelendiler. Cins içi ilişkilerde ise *S. fulva* grubu *S. hybrida* (Fransa, PSFOR137-13) ve *S. maculicornis* (Avusturya, GCOL7952-16) NJ ağacında %87, ML ağacında %80 bootstrap değerleri ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda kümelenecek, yukarıda belirtilen *S. scutellata* grubu ve *S. cordigera* grubu, Kanada'dan (TTCFW761-08) *S. canadensis*, Fransa'dan (PSFOR811-13) *S. erythroptera*, Fransa'dan (PSFOR163-13) *S. fontenayi*, Norveç'ten (COLHH1536-18) *S. rubra*, Fransa'dan (PSFOR140-13) *S. stragulata*, Çin'den (GBMIN48623-17) *S. succedanea*, Fransa'dan (PSFOR165-13) *S. trisignata* haplotipleri ayrı dallarda konumlandılar.

3.6.4. Alt familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) kullanıldı.

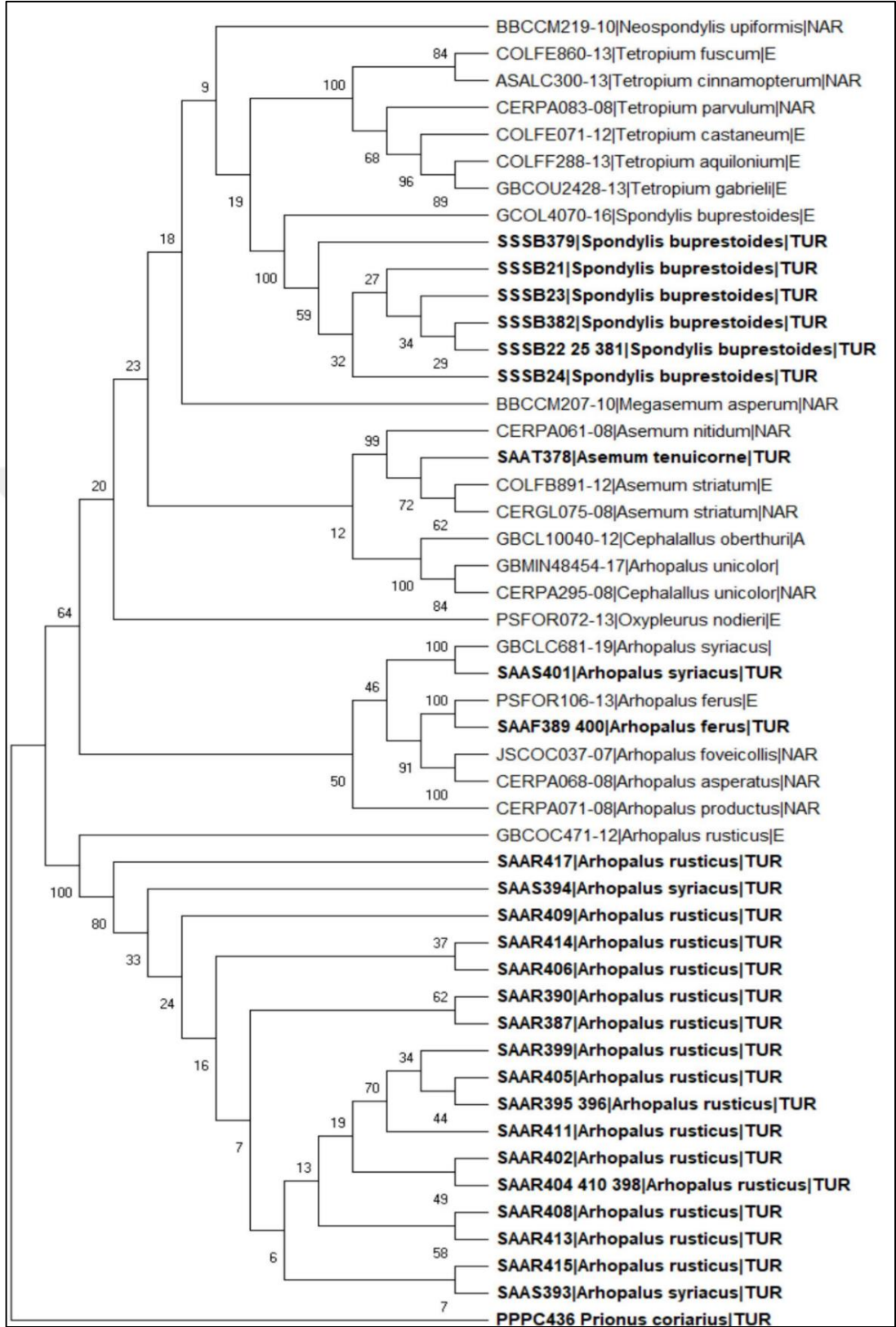
Bu çalışmadan elde edilen dizilerin (Tablo A.4) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen diziler (Tablo A.9) ile olan ilişkileri NJ (Şekil 3.25), ML (Şekil E.7) ve BI (Şekil E.8) ağaçlarında aşağıda belirtildiği gibidir:

Spondylis buprestoides türüne ait Kocaeli'nden SSSB21-25, SSSB379, SSSB381-382 haplotipleri NJ ağacında %59 bootstrap değeriyle, desteklenen bir dalda birlikte kümelendiler. Almanya'dan aynı türe ait bir haplotip (GCOL4070-16), NJ ağacında %100 bootstrap değeriyle Kocaeli'nden haplotiplerin bazalında konumlanırken; ML ağacında %100 bootstrap değeriyle, BI ağacında ise 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dal üzerinde yerleşmiş olan Kocaeli grubu içinde konumlandı.

Asemum tenuicorne türüne ait Kocaeli'nden SAAT387 haplotipi NJ ağacında %72 bootstrap değeriyle desteklenerek *A. striatum* türüne ait Finlandiya'dan (COLFB891-12) ve Kanada'dan (CERGL075-08) haplotipleriyle birlikte kümelendi, ML ağacında %54 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,78 posterior olasılıkla Kanada'dan *A. nitidum* türüne ait bir haplotip (CERPA061-08) onların bazalına yerleşti. *A. tenuicorne* türüne ait Gen Bankası ve BOLD taksonomi arşivinde COI gen bölgesine ait kayıtlı henüz bir dizi olmadığından, bu türün intraspesifik ilişkileri değerlendirilemedi.

Arhopalus cinsi için NJ, ML ve BI yaklaşımları türler arası ilişkilerde politomik gruplanmalar önerdiler. *A. syriacus* türüne ait Kocaeli'nden SAAS401 haplotipi, Türkiye'den ABD'ye ithalat sırasında limanda yakalanmış bir bireyin COI gen bölgesi haplotipi (GBCLC681-19) ile NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve 1,0 BI ağacında posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte kümelendiler. Benzer şekilde *A. ferus* türüne ait Kocaeli'nden SAAF389, 400 haplotipi de Fransa'dan bir haplotiple (PSFOR106-13) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve 1,0 BI ağacında posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte kümelendi.

Her ikisi de Kanada'dan *A. asperatus* (CERPA068-08) ve *A. foveicollis* (JSCOC037-07) türlerine ait haplotipler NJ ağacında %100 ve ML ağacında %99 bootstrap değerleriyle ve 1,0 BI ağacında posterior olasılıkla desteklenen bir dalda birlikte kümelendiler. *A. asperatus* + *A. foveicollis* grubu NJ ağacında %91 ve ML ağacında %84 bootstrap değeri ve BI ağacında 0,99 posterior olasılıkla *A. ferus* türüne kardeş klad olarak yerleşti.



Şekil 3.25. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Spondylidinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkileri gösteren, K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı

A. productus (CERPA071-08) türüne ait bir haplotip NJ ağacında %50 posterior olasılıkla *A. syriacus*+[(*A. asperatus* +*A. foveicollis*)+*A. ferus*] grubunun bazalında konumlanırken, ML ve BI ağacında *A. productus* *A. syriacus*, *A. ferus* +(*A. asperatus* +*A. foveicollis*) ve *A. rusticus* grupları politomik dallarda konumlandılar. *A. rusticus* türü Kocaeli'nden SAAR387, SAAR390, SAAR393-396, SAAR398-399, SAAR402, SAAR404-406, SAAR408-411, SAAR413-415, SAAR417 haplotipleri ve bu türle COI gen bölgesi dizisi eşleşen ancak *A. syriacus* morfolojisine sahip olan SAAS393 ve SAAS394 haplotipleri tüm ağaçlarda politomik dallarda konumlanırken, Almanya'dan bir haplotip (GBCOC471-12) NJ ve ML ağacında %100 bootstrap değeri ve 1,0 BI ağacında posterior olasılıkla desteklenen bir dalda Kocaeli haplotiplerinden ayrıldı. *Oxypleurus nodieri* türüne ait Fransa'dan bir haplotip (PSFOR072-13) tüm ağaçlarda diğer türlerden ayrık bir dalda konumlandı.

3.7. Ekonomik Öneme Sahip Taksonların Mitokondriyal COI Gen Bölgesi Kocaeli Haplotipleri ve BOLD Taksonomi Arşivinden Elde Edilen Dizilerin Birlikte Filogenetik, Haplotip Ağı ve Barkod Aralığı Analizleri

3.7.1. *Leiopus* Audinet-Serville, 1835

3.7.1.1. Genetik Çeşitlilik Analizi

Leiopus cinsinden türlere ait yedi tanesi Kocaeli'nden, 27 tanesi BOLD taksonomi arşivinden elde edilen 637 bp uzunluğundaki toplam 34 mitokondriyal COI gen bölgesi dizisinin analizi sonucunda 16 haplotip belirlendi (Tablo 3.1). Yapılan analiz sonucunda haplotip çeşitliliği (Hd) 0,911, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,00873, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,08875, A+T oranı %66,2, G+C oranı %33,8 olarak hesaplandı. İnsersiyon ve delesyona rastlanmazken, 181 (S, segregating sites) ayırıcı baz pozisyonunda 158 tanesi parsimoni olarak bilgi verici (Pin) 232 mutasyon (Eta) tespit edildi (Tablo B.4). Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranınının 1,44 olduğu belirlendi. Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %36,95; sitozin (C) için %16,95; adenin (A) için %29,18; guanin (G) için %16,93 olarak hesaplandı.

Tablo 3.1. *Leiopus* cinsine ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli’nden elde edilen dizilerin erişim numaraları, koleksiyon numaraları ve haplotip kodları

#	Tür ismi	Haplotip Kodu	BOLD erişim numarası/	Lokalite	Kaynak
1		LFE1	FBCON514-13	Almanya, Rhineland-	Hendrich ve diğerleri (2015)
2	<i>L. femoratus</i>	LFE2	GCOL1311-16	Almanya: North Rhine-Westphalia	Rulik ve diğerleri (2017)
3		LFE3	GCOL411-16	Almanya: North Rhine-Westphalia	Rulik ve diğerleri (2017)
4		LLI1	COLFG057-13	Estonya: Saare	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
5		LLI1	COLFG058-13	Estonya: Saare	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
6		LLI2	GCOL3730-16	Almanya: North Rhine-Westphalia	Rulik ve diğerleri (2017)
7			GBCOU2555-13	Avusturya: Tyrol	Hendrich ve diğerleri (2015)
8		LLI3	GBCOU778-13	Almanya: Bavaria	Hendrich ve diğerleri (2015)
9		LLI4	GCOL13418-16	Almanya: Saxony-Anhalt	Rulik ve diğerleri (2017)
10	<i>L. linnei</i>	LLI4	GCOL13417-16	Almanya: Saxony-Anhalt	Rulik ve diğerleri (2017)
11		LLI5	LALL312	Türkiye: Kocaeli	-
12			LALL325	Türkiye: Kocaeli	-
13			LALL326	Türkiye: Kocaeli	-
14		LLI6	LALL51	Türkiye: Kocaeli	-
15		LLI7	LALL313	Türkiye: Kocaeli	-
16		LLI8	LALL54	Türkiye: Kocaeli	-
17			FBCOB776-10	Almanya: Rhineland-	URL-12
18			FBCOG554-12	Almanya: Rhineland-	URL-12
19			FBCON243-13	Almanya: Rhineland-	URL-12
20		LNE1	FBCON710-13	Almanya: Rhineland-	URL-12
21	<i>L. nebulosus</i>	LNE1	FBCOO502-13	Almanya: Rhineland-	URL-12
22			GCOL12711-16	Almanya: North Rhine-Westphalia	Rulik ve diğerleri (2017)
23			GCOL401-16	Almanya: North Rhine-Westphalia	Rulik ve diğerleri (2017)
24			GCOL487-16	Almanya: Thuringia	Rulik ve diğerleri (2017)
25		LNE2	LALN311	Türkiye: Kocaeli	-

Tablo 3.1. (Devam) *Leiopus* cinsine ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli’nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve toplandıkları lokaliteler

#	Tür ismi	Haplotip Kodu	BOLD erişim numarası/	Lokalite	Kaynak
26			COLFB899-12	Finlandiya: Åland Islands	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
27			COLFG061-13	Finlandiya:Regio aboensis	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
28	<i>L. nebulosus</i>	LNI1	COLFB900-12	Finlandiya: Åland Islands	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
29			COLFG014-13	Finlandiya: Åland Islands	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
30			GBCL5247-09	İsveç	Wallin ve diğerleri (2009)
31	<i>L. linnei</i>		GBCOU1110-13	Almanya: Bavaria	Hendrich ve diğerleri (2015)
32	<i>L. punctulatus</i>	LPU1	GBCL5251-09	İsveç	Wallin ve diğerleri (2009)
33	<i>L. albivittis</i>	LAL1	VVGPL2983-15	Rusya: Primorskiy Kray	Grebennikov ve diğerleri (2017)
34			VVGPL2984-15	Rusya: Primorskiy Kray	Grebennikov ve diğerleri (2017)

3.7.1.2. Barkod Aralığının Belirlenmesi

ABGD (automatic barcode gap discover, otomatik barkod aralığı bulma) (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>) aracı kullanılarak morfolojik tür sınırları ile barkod aralığı arasındaki tutarlılık sınandı. P (prior maximal distance) 0,001-0,1 ($P_{(min)}$ - $P_{(max)}$) aralığında, bağıl aralık genişliği (X, relative gap width) 1,5 değerlemesi ve basit uzaklık metoduna göre yapılan analizde barkod aralığı 0,073 olarak belirlendi.

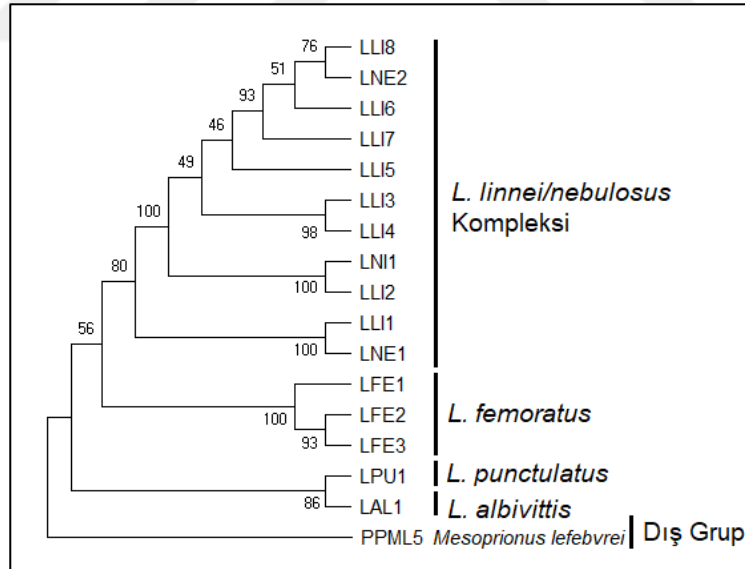
Buna göre birinci grup, *L. femoratus* türüne ait LFE1 LFE2 ve LFE3 haplotiplerinden, ikinci grup haplotiplerinden *L. linnei* türüne ait LLI2, LLI3, LLI4, LLI5, LLI6, LLI7 ve LLI8 haplotiplerinden ve *L. nebulosus* türüne ait LNE2 haplotipinden, BOLD taksonomi arşivinde hem *L. linnei* hem de *L. nebulosus* türü için var olan LNI1 haplotipinden, üçüncü grup *L. linnei* türünden LLI1 ve *L. nebulosus* türünden LNE1 haplotiplerinden, dördüncü grup yalnızca *L. punctulatus* LPU1, beşinci grup ise yalnızca *L. albivittis* türüne ait LAL1 haplotipinden oluştu ($P=0,001$).

3.7.1.3. Genetik Uzaklık Analizi

COI (637 bç) nükleotid dizileri için p-distance modeliyle ortalama uzaklık %9,8 olarak hesaplandı (Tablo 3.2). Tür içi en yakın mesafenin %0,02 değeriyle *L. linnei* türüne ait LLI3 ve LLI4 haplotipleri arasında, tür içi en uzak mesafenin %12,1 değeriyle LLI1 ve LLI3 haplotipleri arasında olduğu belirlendi. Türler arası en uzak mesafe *L. linnei* türüne ait LLI3 ile LAL1 haplotipleri arasında %17 olarak hesaplandı (Tablo 3.2).

3.7.1.4. Filogenetik Analiz

Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) (PPPC15) dış grup olarak kullanıldı. K2P yer değiştirme modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla yürütülen NJ analizi, GTR+G+I yer değiştirme modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla yürütülen ML analizi ve GTR+G+I yer değiştirme modeli 5.000.000 nesil değerlemesiyle yürütülen BI analizi benzer topolojiler önerdiler (Şekil 3.26-3.28).



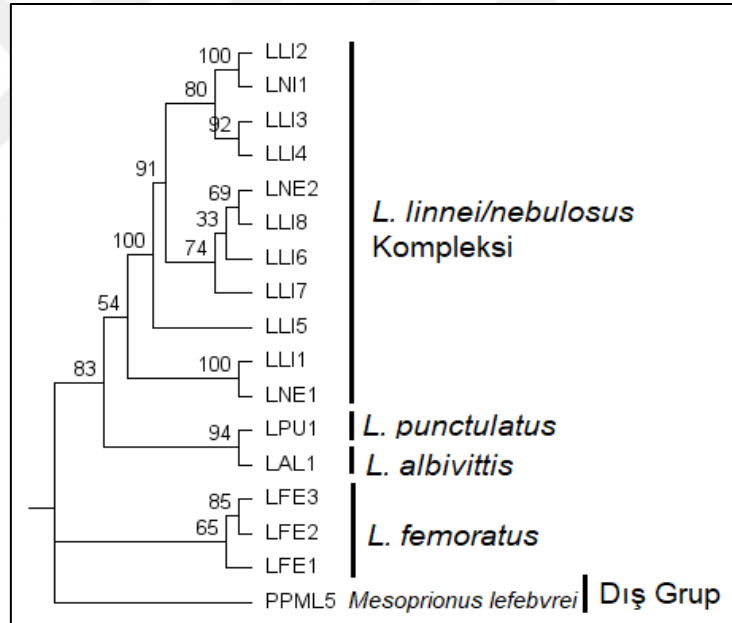
Şekil 3.26. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Leiodus* cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı

Tablo 3.2. *Leiopus* cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,098)

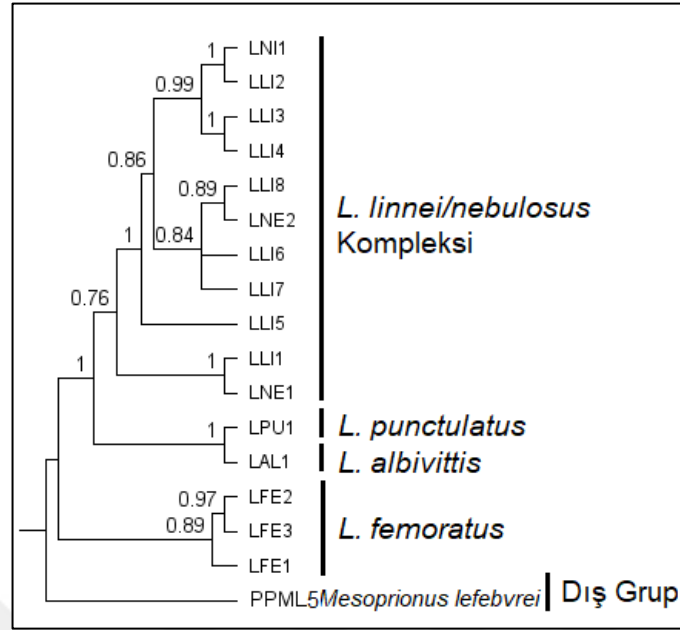
	LFE1	LFE2	LFE3	LNI1	LLI1	LLI2	LLI3	LLI4	LLI5	LLI6	LLI7	LLI8	LNE1	LNE2	LPU1	LAL1
LFE1	*															
LFE2	0,030	*														
LFE3	0,035	0,017	*													
LNI1	0,140	0,139	0,139	*												
LLI1	0,128	0,126	0,132	0,120	*											
LLI2	0,139	0,137	0,137	0,002	0,118	*										
LLI3	0,142	0,142	0,142	0,028	0,121	0,027	*									
LLI4	0,140	0,140	0,140	0,027	0,120	0,025	0,002	*								
LLI5	0,129	0,131	0,132	0,032	0,110	0,030	0,021	0,022	*							
LLI6	0,136	0,136	0,136	0,030	0,114	0,028	0,017	0,019	0,013	*						
LLI7	0,132	0,134	0,134	0,027	0,112	0,025	0,017	0,019	0,013	0,003	*					
LLI8	0,136	0,132	0,136	0,027	0,112	0,025	0,017	0,019	0,013	0,003	0,003	*				
LNE1	0,126	0,125	0,131	0,118	0,002	0,117	0,120	0,118	0,109	0,112	0,110	0,110	*			
LNE2	0,137	0,134	0,137	0,028	0,114	0,027	0,019	0,021	0,014	0,005	0,005	0,002	0,112	*		
LPU1	0,159	0,161	0,158	0,158	0,142	0,156	0,153	0,155	0,147	0,153	0,151	0,153	0,140	0,155	*	
LAL1	0,164	0,155	0,155	0,167	0,145	0,166	0,170	0,169	0,169	0,169	0,167	0,166	0,144	0,167	0,137	*

L. femoratus, *L. punctulatus* ve *L. albivittis* türlerinin ayrı kümelenmelerine karşın, *L. linnei* ve *L. nebulosus* türlerinin, dallardaki çözümlere rağmen türler arasında hiçbir ayrılma olmaksızın birlikte kümelenedikleri görüldü. *L. punctulatus* ve *L. albivittis* türleri NJ ağacında %86, ML ağacında %94 bootstrap değeri ve BI ağacında %100 posterior olasılıkla desteklen bir dalda birlikte kümeleniler. Bu dal, NJ ağacında %56 bootstrap değeriyle diğer tüm türlerin bazalında konumlanırken ML %83 bootstrap değeri, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenerek *L. linnei/nebulosus* kompleksinden ayrıldı.

L. femoratus türü ise NJ ağacında %56 bootstrap değeriyle desteklenen bir düğümden *L. linnei/nebulosus* kompleksinden ayrılırken, ML ağacında %83 bootstrap değeriyle, BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda konumlanarak diğer türlerin bazalına yerleşti.



Şekil 3.27. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Leiopos* cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



Şekil 3.28. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Leioopus* cinsinden türlere ait 637 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı

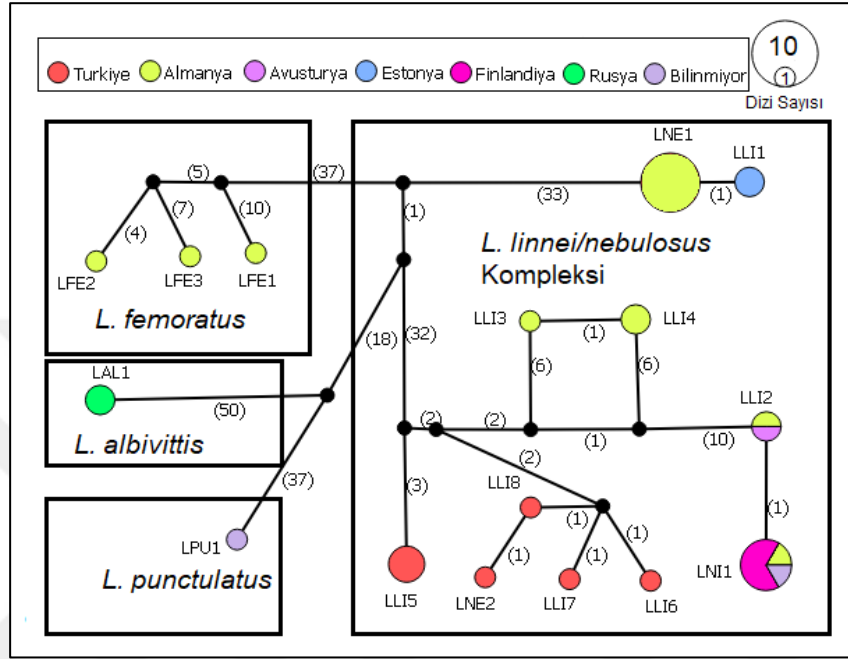
L. linnei LL1 ve *L. nebulosus* LNE1 haplotipleri her üç ağaçta da %100 desteklenme değeriyle çözülürken, NJ ağacında %80 ve ML ağacında %54, BI ağacında %76 desteklenen bir düğümle, diğer haplotiplerden ayrıldı. Diğer haplotipler ise çözümlenmeleri ise her üç analizde farklı desteklenme değerleri almış olan [(LLI6+LLI7+LLI8+LNE) + (LNI1+LLI2+LLI3+LLI4) + (LLI5)] olmak üzere aynı kümeleri oluşturdular.

3.7.1.5. Haplotip Ağı Analizi

Leioopus cinsine ait türlerin filogenetik ilişkilerinin yanı sıra coğrafi dağılımları hakkında da fikir edinmek için yapılan istatistiksel parsimoni temelli TCS haplotip ağı analizinde haplotipler NJ, ML ve BI ve ABGD analizlerine benzer gruplanma ve dallanmalar gösterdiler (Şekil 3.29).

L. femoratus tür grubunda Almanya'dan LFE1 LFE2 ve LFE3 haplotipleri hipotetik haplotipler aracılığıyla birbirlerine bağlandılar. *L. femoratus* ve *L. linnei/nebulosus* kompleksi aralarında 37 mutasyonel adım olan iki hipotetik haplotip aracılığıyla bağlandı. Toplandığı lokalite bilinmeyen *L. punctulatus* ve Rusya'dan *L. albivittis*

türlerine ait haplotipler sırasıyla 37 ve 50 adımda *L. linnei/nebulosus* grubuna 18 mutasyonel adımla bağlanmış olan hipotetik bir haplotipe bağlandılar ancak NJ, ML ve BI ağaçlarındaki çözümlerden farklı olarak ikisi de *L. femoratus* ile hiçbir bağ kurmadılar.



Şekil 3.29. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Leiopus* cinsinden türlere ait 637 bp uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren istatistiksel parsimoni ağı

L. linnei/nebulosus grubunda Estonya'dan LLI1 ve Almanya'dan LNE1 haplotipleri birbirlerine bir mutasyonel adımda bağlandılar ve grup içindeki diğer haplotiplerle bağlantıları iki hipotetik haplotip aracılığıyla 33+1+32 adımda gerçekleşti. Türkiye Kocaeli'nden LLI5, LLI6, LLI7 LLI8 ve LNE2 kendi aralarında 1-3 mutasyonel adımda bağlanmalar gerçekleştirirken, Almanya'dan LLI3 ve LLI4 haplotiplerinin altışar mutasyonla bağlandıkları hipotetik haplotiplere 2 ve 3 adımda bağlandılar. Almanya ve Avusturya arasında paylaşılan LLI2 ve Almanya ve Finlandiya arasında paylaşılan, Almanya'dan *L. linnei* Finlandiya'dan *L. nebulosus* olarak bildirilmiş olan LNI1 haplotipi birbirlerine bir mutasyonel adımda bağlanırken, LLI2 diğer haplotiplerle bağlantılarını sağlayan hipotetik bir haplotipe 10 mutasyonel adımda bağlandı.

3.7.2. *Hylotrupes bajulus* (Linnaeus 1758)

3.7.2.1. Genetik Çeşitlilik Analizi

Üç tanesi Kocaeli'nden, 12 tanesi BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Hylotrupes bajulus* türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi dizilerinin analizi sonucunda 9 haplotip belirlendi (Tablo 3.3). Toplam 15 bireye ait diziler için haplotip çeşitliliği (Hd) 0,876, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,01921, nükleotid çeşitliliği (Pi, π) 0,04129, A+T oranı %64,5, G+C oranı %35,5 hesaplandı. İnsersiyon ve delesyona rastlanmadı. Polimorfik bölgeler incelendiğinde 134 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 145 mutasyon (Eta) tespit edildi (Tablo B.4). Bunlardan 26 tanesi parsimoni olarak bilgi vericiydi (Pin). Transisyon/Transversiyon (Tr/Tv) oranı 1,01 olarak; ortalama nükleotid oranları timin (T) için %34,6, sitozin (C) için %18,5, adenin (A) için %29,9 ve guanin (G) için %17,0 olarak hesaplandı.

Tablo 3.3. *Hylotrupes bajulus* türüne ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve lokaliteler

#	Haplotip Kodu	Bold-Id/ Koleksiyon	Lokalite	Kaynak
1	HBU1	GBMIN39962-13	Almanya	An ve diğerleri (Yayınlanmamış)
2	HBU2	CHHB3	Türkiye: Kocaeli	-
3		CICRP109-15	Fransa: Occitanie	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)
4		CICRP251-15	Yunanistan	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)
5	HBU3	GBMNB25641-20	Almanya	URL-12
6		GCOL2349-16	Almanya: Thuringia	Rulik ve diğerleri (2017)
7		CHHB204	Türkiye: Kocaeli	-
8	HBU4	GCOL13048-16	Almanya: Saxony	Rulik ve diğerleri (2017)
9	HBU5	CICRP249-15	Fransa	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)
10	HBU6	CHHB2	Türkiye: Kocaeli	-
11	HBU7	CICRP246-15	Fransa: Provence-Alpes-Cote d'Azur	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)
12	HBU8	COLFA624-12	Finlandiya: Aland Islands	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
13		CICRP247-15	Fransa: Provence-Alpes-Cote d'Azur	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)
14	HBU9	CICRP248-15	Fransa: Provence-Alpes-Cote d'Azur	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)
15		CICRP250-15	Fransa: Provence-Alpes-Cote d'Azur	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)

3.7.2.2. Barkod Aralığının Belirlenmesi

ABGD (automatic barcode gap discover, otomatik barkod aralığı bulma) (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>) aracı kullanılarak morfolojik tür sınırları ile barkod aralığı arasındaki tutarlılık sınıandı. Basit uzaklık metodu esas alınarak, P (prior maximal distance) 0,001-0,1 ($P_{(min)}$ - $P_{(max)}$) aralığında, bağıl aralık genişliği (X, relative gap width) 1,5 değerlemesiyle yapılan analizde ve barkod aralığı 0,016 olarak belirlendi. Buna göre birinci grup, HBU2, HBU3 ve HBU4 haplotiplerinden, ikinci grup haplotiplerinden HBU7, HBU8, HBU9, üçüncü grup HBU6 ve HBU5'ten, dördüncü grup ise yalnızca HBU1 haplotiplerinden oluştu ($P=0,001$).

3.7.2.3. Genetik Uzaklık Analizi

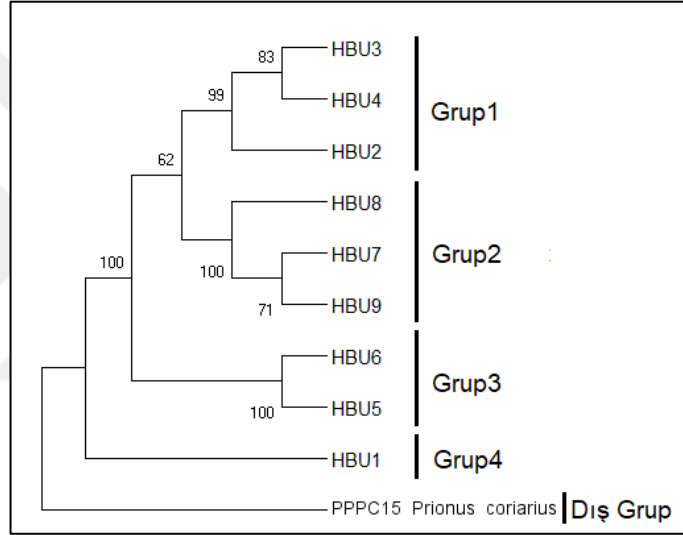
COI (658 bç) nükleotid dizileri için p-distance modeliyle ortalama uzaklık %5,9 olarak hesaplandı. Tür içi en yakın mesafenin %0,02 değeriyle HBU9 ile HBU7 ve HBU8, HBU3 ve HBU4 haplotipleri arasında; tür içi en uzak mesafenin %0,19 değeriyle HBU1 ile HBU2, HBU3, HBU7, HBU8 ve HBU9 haplotipleri arasında olduğu belirlendi (Tablo 3.4).

Tablo 3.4. *Hylotrupes bajulus* türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,059)

	HBU1	HBU2	HBU3	HBU4	HBU6	HBU5	HBU8	HBU7	HBU9
HBU1	*								
HBU2	0,190	*							
HBU3	0,190	0,003	*						
HBU4	0,188	0,005	0,002	*					
HBU6	0,184	0,027	0,026	0,027	*				
HBU5	0,182	0,026	0,024	0,026	0,002	*			
HBU8	0,190	0,030	0,029	0,030	0,027	0,026	*		
HBU7	0,190	0,032	0,030	0,032	0,027	0,026	0,003	*	
HBU9	0,190	0,030	0,029	0,030	0,026	0,024	0,002	0,002	*

3.7.2.4. Filogenetik Analiz

Neighbor-Joining (NJ) K2P yer deęiřtirme modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla, Maksimum Olasılık (ML) GTR+G+I yer deęiřtirme modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla ve Bayesian Analizi (BI) GTR+G+I yer deęiřtirme modeli 5.000.000 nesil deęerlemesiyle yurütüldü. Dıř grup olarak *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) (PPPC15)'nin kullanıldıęı her üç analizde aynı topolojiyi önerdikleri ve haplotiplerin dört haplogrupta kümelendikleri görüldü. (řekil 3.30-3.32). İlk iki grup NJ ağacında %62, ML ağacında %98 bootstrap deęerleri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düęümden ayrılan iki dalda kümelendiler.

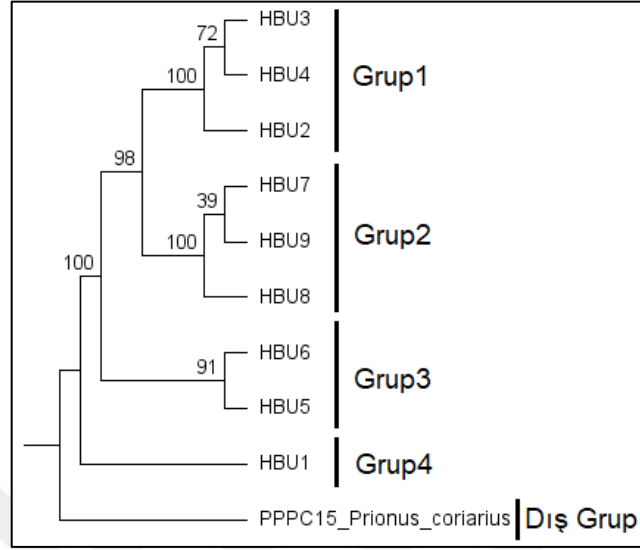


řekil 3.30. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arřivinden elde edilen *Hylotrupes bajulus* türüne ait 658 bç uzunluęundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki iliřkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluřturulmuř NJ ağacı

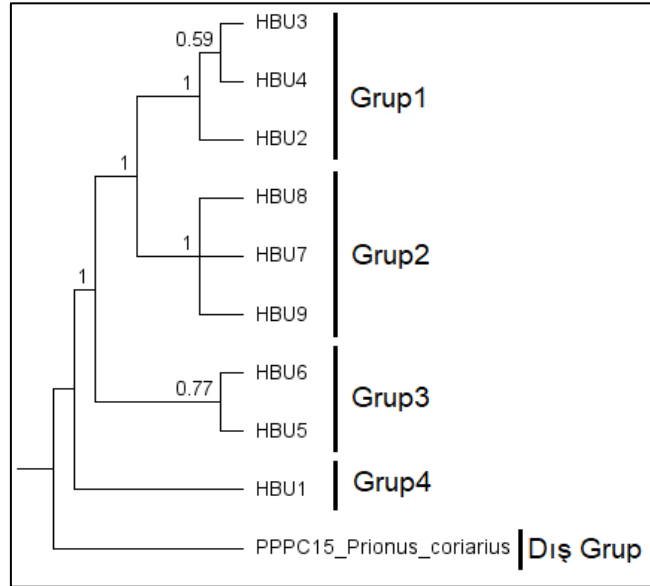
Birinci grup HBU2, HBU3 ve HBU4 haplotiplerinden oluřtu. HBU2 NJ ağacında %99, ML ağacında %100 bootstrap deęerleri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla HBU3 ve HBU4'ün bazalında konumlanırken, HBU3 ve HBU4 kendi aralarında NJ ağacında %83, ML ağacında %72 bootstrap deęerleri ve BI ağacında 0,59 posterior olasılıkla çözüldüler.

İkinci grup HBU7, HBU8 ve HBU9 haplotiplerinden oluřtu. HBU8 haplotipi, yalnızca NJ ağacında %100 bootstrap desteęiyle, kendi aralarında %72 bootstrap deęeriyle çözülmüř olan HBU7 ve HBU9'un bazalında konumlanırken, bu üç haplotip ML

ağacında %100 bootstrap değeri ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen bir düğümden ayrılan dallarda konumlandılar.



Şekil 3.31. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Hylotrupes bajulus* türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



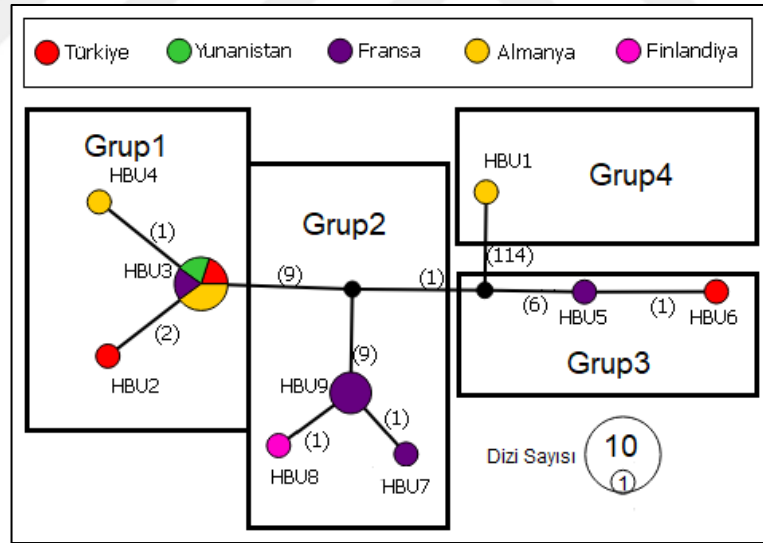
Şekil 3.32. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Hylotrupes bajulus* türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı

Dördüncü grup ise yalnızca HBU1 haplotipinden oluştu. Bu haplotip, NJ ağacında ve ML ağacında %100 bootstrap değeriyle ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla desteklenen daldan ayrılarak [(Grup1+Grup2) +Grup3] kümesinin bazalına yerleşti.

HBU6 ve HBU5 haplotiplerinden oluşan üçüncü grup NJ ağacında ve ML ağacında %100 bootstrap değeriyle ve BI ağacında 1,0 posterior olasılıkla Grup1+Grup2'den ayrıldı. Bu iki haplotipin kendi aralarındaki çözülmesi ise NJ ağacında %100, ML ağacında %91 bootstrap değeri, BI ağacında ise 0,77 posterior olasılıkla gerçekleşti.

3.7.2.5. Haplotip Ağı Analizi

Hylotrupes bajulus tür içi ilişkilerini mutasyonel adımlara dayanarak, veri setindeki olası eksik haplotipleri varsayımsal olarak belirlemek ve filogenetik ilişkilerle beraber coğrafi dağılımları hakkında da fikir edinmek için yapılan istatistiksel parsimoni temelli TCS haplotip ağı analizinde haplotipler, NJ, ML ve BI ve ABGD analizlerine benzer gruplanma ve dallanmalar gösterdiler (Şekil 3.33).



Şekil 3.33. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Hylotrupes bajulus* türüne ait 658 bp uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren istatistiksel parsimoni ağı

Grup 1, Türkiye'den HBU2 haplotipi, Fransa, Yunanistan, Almanya ve Türkiye tarafından paylaşılan HBU3 haplotipi ve Almanya'dan HBU4 haplotipi olmak üzere üç haplotipten oluştu. Merkezi haplotip olan HBU3, Grup 2'ye bağlantı sağlayan hipotetik bir haplotipe 9 mutasyonel adımla bağlandı.

Grup 2, Grup1 ile aynı hipotetik haplotipe 9 mutasyonla bağlanan Fransa'dan HBU9 merkezi haplotipine birer mutasyonla bağlanan Fransa'dan HBU7 ve Finlandiya'dan HBU8 haplotiplerinden oluştu.

Grup 3, birbirlerine bir mutasyonel adımda bağlanmış olan Fransa'dan HBU5 ve Türkiye'den HBU6'dan oluştu. Grup 3'ü Grup 2 ve Grup 4'e bağlayan hipotetik haplotip, HBU5'e 6 mutasyonel adımda bağlandı. Grup 4 ise aynı hipotetik haplotipe 114 mutasyonel adım uzaklıkta konumlanan Almanya'dan HBU1 haplotipinden oluştu.

3.7.3. *Arhopalus* Serville, 1834

3.7.3.1. Genetik Çeşitlilik Analizi

Arhopalus cinsine ait 23 tanesi Kocaeli'nden, 42 tanesi BOLD taksonomi arşivinden elde edilen 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi dizilerinin analizi sonucunda 43 *A. rusticus*, dört *A. ferus*, dört *A. syriacus*, üç *A. productus*, üç *A. foveicollis* ve iki *A. asperatus* türüne ait olmak üzere 59 haplotip belirlendi (Tablo 3.5). Toplam 65 bireye ait diziler için haplotip çeşitliliği (Hd) 0,996, haplotip çeşitliliğinin standart sapması (SD_{Hd}) 0,003, nükleotid çeşitliliği (Pi , π) 0,04129, A+T oranı %65,0 ve G+C oranı %35,0 olarak hesaplanırken, insersiyon ve delesyona rastlanmadı. Polimorfik bölgeler incelendiğinde için 196 ayırıcı baz pozisyonunda (S, segregating sites) 269 mutasyon (Eta) tespit edildi (Tablo B.4). Bunlardan 169 tanesi parsimoni olarak bilgi vericiydi (Pin). Yapılan analiz sonucunda transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranının 2,05 olduğu belirlendi. Ortalama nükleotid oranları timin (T) için %36,3; sitozin (C) için %16,97; adenin (A) için %28,6; guanin (G) için %18,05 olarak hesaplandı.

3.7.3.2. Barkod Aralığının Belirlenmesi

ABGD (automatic barcode gap discover, otomatik barkod aralığı bulma) (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>) aracı kullanılarak morfolojik tür sınırları ile barkod aralığı arasındaki tutarlılık sınıandı.

Tablo 3.5. *Arhopalus* cinsine ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli’nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve toplandıkları lokaliteler

#	Tür ismi	Haplotip Kodu	BOLD-ID/ Koleksiyon Kodu	Lokalite	Kaynak
1		ARU1	GBCOF241-13	Almanya Rhineland	Hendrich ve diğerleri (2015)
2		ARU2	COLFA139-10	Finlandiya Proper, Regio aboensis	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
3		ARU3	COLFA604-12	Finlandiya Kymenlaakso,	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
4		ARU4	GBMIN48375-17	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
5		ARU5	COLFA600-12	Estonya: Vaerska, Veski	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
6		ARU6	SAAR399	Türkiye,Kocaeli	-
7		ARU7	GBMIN48374-17	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
8		ARU8	SAAR417	Türkiye,Kocaeli	-
9		ARU9	SAAR414	Türkiye,Kocaeli	-
10		ARU10	SAAR406	Türkiye,Kocaeli	-
11		ARU11	GBMIN39961-13	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
12		ARU12	SAAR411	Türkiye,Kocaeli	-
13		ARU13	SAAR405	Türkiye,Kocaeli	-
14	<i>A. rusticus</i>	ARU14	SAAR390	Türkiye,Kocaeli	-
15		ARU15	GCOL7880-16	Bilinmiyor	Rulik ve diğerleri (2017)
16		ARU16	SAAR402	Türkiye,Kocaeli	This study
17		ARU17	FBCOG474-12	Almanya North Rhine	Hendrich ve diğ., (2015)
18		ARU18	SAAR396	Türkiye,Kocaeli	This study
19			SAAR395	Türkiye,Kocaeli	This study
20		ARU19	GCOL4010-16	Almanya Thuringia	Rulik ve diğerleri (2017)
21		ARU20	COLFA499-12	Finlandiya Uusimaa,	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
22		ARU21	SAAR413	Türkiye,Kocaeli	-
23		ARU22	SAAR415	Türkiye,Kocaeli	-
24		ARU23	SAAR409	Türkiye,Kocaeli	-
25		ARU24	SAAR408	Türkiye,Kocaeli	-
26		ARU25	GBMIN48376-17	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)

Tablo 3.5. (Devam) *Arhopalus* cinsine ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve toplandıkları lokaliteler

#	Tür ismi	Haplotip Kodu	BOLD-ID/ Koleksiyon Kodu	Lokalite	Kaynak
27		ARU26	GCOL4539-16	Almanya: Brandenburg,	Rulik ve diğerleri (2017)
28		ARU27	SAAR387	Türkiye, Kocaeli	-
29		ARU28	GCOL7626-16	Almanya: North Rhine-Westphalia,	Rulik ve diğerleri (2017)
30		ARU29	GCOL7642-16	Almanya: North Rhine-Westphalia	Rulik ve diğerleri (2017)
31		ARU30	GBCOC470-12	Almanya Rhineland Palatinate	Hendrich ve diğerleri (2015)
32		ARU31	GBCOC471-12	Almanya Rhineland Palatinate	Hendrich ve diğerleri (2015)
33		ARU32	PSFOR107-13	Fransa: Languedoc- Roussillon,	Rougerie ve diğerleri (2015)
34		ARU33	FBCOC686-10	Almanya	URL-12
35		ARU34	GBMIN48377-17	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
36	<i>A. rusticus</i>	ARU35	GCOL4030-16	North Rhine- Westphalia	Rulik ve diğerleri (2017)
37		ARU36	GCOL1510-16	Almanya: Thuringia,	Rulik ve diğerleri (2017)
38		ARU37	PSFOR108-13	Fransa: Languedoc- Roussillon	Rougerie ve diğerleri (2015)
39		ARU38	GBCLC655-19	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
40		ARU39	GCOL9332-16	Almanya: Brandenburg	Rulik ve diğerleri (2017)
41		ARU40	FBCOG532-12	Almanya: Rhineland Palatinate	Hendrich ve diğerleri (2015)
42		ARU41	SAAR404	Türkiye, Kocaeli	-
43			SAAR398	Türkiye, Kocaeli	-
44			SAAR410	Türkiye, Kocaeli	-
45		ARU42	GBCOU3286-13	Almanya North Rhine-Westphalia	Hendrich ve diğerleri (2015)
46		ARU43	GCOL1141-16	Almanya, Thuringia, Erfurt	Rulik ve diğerleri (2017)
47		AFE1	GBMNA24461- 19	Hindistan	Behere ve diğerleri (Yayınlanmamış)
48		AFE2	PSFOR106-13	Fransa Occitanie	Rougerie ve diğerleri (2015)
49	<i>A. ferus</i>	AFE3	SAAF400	Türkiye, Kocaeli	-
50			SAAF389	Türkiye, Kocaeli	-
51			AFE4	GBCLC648-19	İtalya

Tablo 3.5. (Devam) *Arhopalus* cinsine ait BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden elde edilen dizilerin haplotip kodları, erişim numaraları, koleksiyon kodları ve toplandıkları lokaliteler

#	Tür ismi	Haplotip Kodu	BOLD-ID/ Koleksiyon Kodu	Lokalite	Kaynak
52		ASY1	SAAS401	Türkiye, Kocaeli	-
53		ASY2	GBCLC680-19	Türkiye	Wu ve diğerleri (2017)
54	<i>A. syriacus</i>		GBCLC681-19	Türkiye	Wu ve diğerleri (2017)
55		ASY3	SAAS393	Türkiye, Kocaeli	-
56		ASY4	SAAS394	Türkiye, Kocaeli	-
57		APR1	CERPA071-08	Kanada, İngiliz Kolumbiyası	URL-12
58	<i>A. productus</i>	APR2	CERPA069-08	Kanada, İngiliz Kolumbiyası	URL-12
59		APR	CERPA070-08	Kanada, İngiliz Kolumbiyası	URL-12
60		AFO1	JSCOC037-07	Kanada, Manitoba	Woodcock ve diğerleri (2013)
61	<i>A. foveicollis</i>	AFO2	JSCOC038-07	Kanada, Manitoba	Woodcock ve diğerleri (2013)
62		AFO3	JSCOC036-07	Kanada, Manitoba	Woodcock ve diğerleri (2013)
63		AAS1	CERPA067-08	Kanada, İngiliz Kolumbiyası	URL-12
64	<i>A. asperatus</i>	AAS2	CERPA066-08	Kanada, İngiliz Kolumbiyası	URL-12
65			CERPA068-08	Kanada, İngiliz Kolumbiyası	URL-12

P (prior maximal distance) 0,001-0,1 (P(min)-P(max)) aralığında, bağıl aralık genişliği (X, relative gap width) 1,5 değerlemesiyle analiz yapıldı ve basit uzaklık metoduna göre *Arhopalus* cinsi için barkod aralığı 0,068 olarak belirlendi.

Birinci grup *A. asperatus* türünden her ikisi de Kanada'dan AAS1 ve AAS2 ve *A. foveicollis* türünden üçü de Kanada'dan AFO1, AFO2 ve AFO3 haplotiplerinden oluştu. İkinci grup Kanada'dan üç *A. productus* haplotipi APR1, APR2 ve APR3 haplotiplerinden oluştu. *A. ferus* türünden üç haplotip, Fransa'dan AFE2, Türkiye Kocaeli'nden AFE3 ve İtalya'dan AFE4 haplotipleri üçüncü grubu oluştururken, Hindistan'dan AFE1 dördüncü grubun tek üyesi oldu. Beşinci grupta İki *A. syriacus* haplotipi bu çalışmadan ASY1 ve Amerika'ya Türkiye'den gitmiş ve limanda kereste üzerinde yakalandığı bildirilmiş (Wu ve diğ., 2017) olan ASY2 (KY357827 ve KY357828) haplotipleri yer aldı.

Altıncı grupta ise *A. rusticus*'un 43 haplotipi yer aldı. Almanya'dan ARU1, ARU17, ARU19, ARU26, ARU28, ARU29, ARU30, ARU31, ARU33, ARU36, ARU35, ARU39, ARU40, ARU42, ARU43; Finlandiya'dan ARU2, ARU3, ARU20; Estonya'dan ARU5; Amerika limanlarında kerestelerde yakalanmış hangi ülkelerden ihraç edildiği bilinmeyen ARU4, ARU7, ARU11, ARU15, ARU25, ARU34, ARU38; Fransa'dan ARU32, ARU37; bu çalışmadan elde edilen ARU6, ARU8, ARU9, ARU10, ARU12, ARU13, ARU14, ARU16, ARU18, ARU21 (SAAR413), ARU22, ARU23, ARU24, ARU27, ARU41 ve bu çalışmada morfolojik olarak *Arhopalus syriacus* olarak teşhis edilmiş olan ASY4 (SAAS394) ve ASY3 (SAAS393) haplotipleri oldu.

3.7.3.3. Genetik Uzaklık Analizi

Arhopalus cinsinde Mitokondriyal COI (658 bç) nükleotid dizileri için p-distance modeliyle ortalama uzaklık %7,2 olarak hesaplandı. Tür içi en yakın mesafenin *A. rusticus* türüne ait ARU1 ile ARU29 ve ARU25 ile ARU26 haplotipleri arasında %0,2; en uzak mesafenin *A. rusticus* türüne ait ARU2 haplotipi ile *A. ferus* türüne ait AFE1 arasında ve *A. rusticus* türüne ait ARU4 ile *A. syriacus* türüne ait ASY2 haplotipleri arasında paylaşılan %17,2 değeri olduğu belirlendi. *A. syriacus* morfolojik özelliklerine sahip olan ASY4 (SAAS394) ve ASY3 (SAAS393) haplotiplerinin *A. rusticus* ARU27 haplotipine çok yakın olduğu (%0,02) ancak ASY1 ve ASY2'den uzak olduğu (%16,1) görüldü (Tablo 3.6).

3.7.3.4. Filogenetik Analiz

Arhopalus cinsine ait türler için Neighbor-Joining (NJ), Maksimum Olasılık (ML) ve Bayesian Analizi (BI) yaklaşımlarıyla yapılan filogenetik analizlerde *Prionus coriarius* (Cerambycidae: Prioninae) (PPPC15) dış grup olarak kullanıldı. K2P yer değiştirme modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla yürütülen NJ analizi, GTR+G yer değiştirme modeli ve 10.000 bootstrap tekrarıyla yürütülen ML analizi ve GTR+G yer değiştirme modeli 10.000.000 nesil değerlemesiyle yürütülen BI analizi benzer topolojiler önerdiler. Birisi yalnızca *A. rusticus* türünü, diğeri tüm diğer türleri kapsayan iki grup oluştu (Şekil 3.34.-3.36).

Tablo 3.6. *Arhopalus* cinsine türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,072)

091

	AFE1	ASY1	ASY2	APR1	APR2	APR3	AFE2	AFE3	AFE4	AFO1	AFO2	AFO3	AAS1	AAS2	ARU2	ARU3	ARU4	ARU5	ARU31	
AFE1	*																			
ASY1	0,128	*																		
ASY2	0,131	0,011	*																	
APR1	0,128	0,103	0,102	*																
APR2	0,128	0,103	0,102	0,006	*															
APR3	0,126	0,102	0,100	0,005	0,002	*														
AFE2	0,132	0,117	0,116	0,109	0,108	0,108	*													
AFE3	0,132	0,117	0,112	0,103	0,102	0,102	0,011	*												
AFE4	0,129	0,119	0,117	0,105	0,103	0,103	0,011	0,009	*											
AFO1	0,132	0,108	0,116	0,111	0,109	0,109	0,093	0,094	0,091	*										
AFO2	0,132	0,108	0,116	0,111	0,109	0,109	0,090	0,091	0,088	0,008	*									
AFO3	0,132	0,109	0,114	0,111	0,109	0,109	0,090	0,091	0,088	0,009	0,002	*								
AAS1	0,129	0,108	0,109	0,097	0,096	0,096	0,096	0,094	0,091	0,041	0,043	0,041	*							
AAS2	0,126	0,105	0,109	0,097	0,093	0,093	0,090	0,088	0,085	0,044	0,046	0,047	0,015	*						
ARU2	0,172	0,163	0,166	0,152	0,155	0,155	0,161	0,163	0,161	0,164	0,163	0,161	0,170	0,167	*					
ARU3	0,170	0,164	0,167	0,150	0,153	0,153	0,158	0,160	0,158	0,164	0,163	0,161	0,170	0,167	0,005	*				
ARU4	0,169	0,169	0,172	0,152	0,155	0,155	0,163	0,164	0,160	0,166	0,164	0,163	0,169	0,169	0,008	0,006	*			
ARU5	0,170	0,167	0,170	0,153	0,157	0,157	0,161	0,163	0,161	0,167	0,166	0,164	0,173	0,170	0,006	0,005	0,005	*		
ARU31	0,161	0,161	0,164	0,144	0,147	0,147	0,161	0,163	0,161	0,157	0,155	0,153	0,163	0,166	0,023	0,021	0,024	0,023	*	

Tablo 3.6. (Devam) *Arhopalus* cinsine türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,072)

	AFE1	ASY1	ASY2	APR1	APR2	APR3	AFE2	AFE3	AFE4	AFO1	AFO2	AFO3	AAS1	AAS2	ARU2	ARU3	ARU4	ARU5	ARU31
ARU32	0,166	0,160	0,157	0,150	0,153	0,153	0,155	0,153	0,152	0,160	0,158	0,157	0,166	0,163	0,032	0,027	0,030	0,032	0,027
ARU33	0,163	0,161	0,164	0,147	0,150	0,150	0,158	0,160	0,155	0,160	0,158	0,157	0,166	0,166	0,020	0,015	0,018	0,020	0,021
ARU6	0,170	0,161	0,161	0,144	0,147	0,147	0,158	0,157	0,155	0,166	0,164	0,163	0,166	0,166	0,027	0,023	0,023	0,024	0,029
ARU19	0,169	0,158	0,158	0,149	0,152	0,152	0,160	0,158	0,160	0,163	0,161	0,160	0,166	0,166	0,024	0,020	0,023	0,021	0,023
ARU12	0,166	0,158	0,158	0,143	0,146	0,146	0,157	0,155	0,153	0,161	0,160	0,158	0,161	0,161	0,027	0,023	0,023	0,024	0,023
ARU13	0,169	0,158	0,158	0,146	0,149	0,149	0,160	0,158	0,157	0,161	0,160	0,158	0,164	0,164	0,027	0,023	0,023	0,024	0,026
ARU18	0,167	0,160	0,160	0,144	0,147	0,147	0,158	0,157	0,155	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,026	0,021	0,021	0,023	0,024
ARU34	0,166	0,160	0,163	0,149	0,152	0,152	0,161	0,160	0,158	0,158	0,157	0,158	0,164	0,164	0,033	0,029	0,029	0,030	0,029
ARU35	0,166	0,164	0,167	0,152	0,155	0,155	0,164	0,163	0,161	0,161	0,160	0,161	0,167	0,167	0,038	0,033	0,033	0,035	0,033
ARU7	0,167	0,166	0,166	0,149	0,152	0,152	0,164	0,163	0,161	0,166	0,161	0,160	0,166	0,167	0,029	0,024	0,024	0,026	0,029
ARU36	0,169	0,161	0,164	0,152	0,155	0,155	0,161	0,160	0,158	0,161	0,160	0,161	0,170	0,164	0,030	0,026	0,026	0,027	0,026
ARU11	0,166	0,161	0,161	0,146	0,149	0,149	0,164	0,163	0,161	0,164	0,163	0,161	0,164	0,164	0,030	0,029	0,026	0,027	0,026
ARU37	0,160	0,157	0,157	0,146	0,149	0,149	0,161	0,160	0,158	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,023	0,024	0,021	0,023	0,018
ARU8	0,166	0,160	0,160	0,146	0,149	0,149	0,160	0,158	0,160	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,024	0,020	0,026	0,024	0,020
ARU24	0,164	0,160	0,160	0,146	0,146	0,146	0,161	0,160	0,158	0,161	0,160	0,158	0,158	0,161	0,029	0,024	0,021	0,026	0,027
ARU40	0,167	0,161	0,161	0,144	0,147	0,147	0,160	0,158	0,157	0,166	0,164	0,163	0,163	0,163	0,026	0,021	0,024	0,026	0,021
ARU38	0,169	0,157	0,160	0,150	0,153	0,153	0,161	0,160	0,161	0,167	0,166	0,167	0,170	0,167	0,029	0,024	0,027	0,026	0,024
ARU39	0,164	0,163	0,166	0,150	0,153	0,153	0,163	0,161	0,160	0,163	0,161	0,163	0,169	0,166	0,027	0,026	0,023	0,024	0,023
ARU9	0,163	0,155	0,155	0,137	0,140	0,140	0,158	0,157	0,155	0,155	0,153	0,152	0,158	0,158	0,030	0,026	0,026	0,027	0,020
ARU42	0,163	0,158	0,161	0,146	0,149	0,149	0,160	0,158	0,157	0,163	0,161	0,163	0,166	0,163	0,027	0,023	0,023	0,024	0,023

Tablo 3.6. (Devam) *Arhopalus* cinsine türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,072)

	APE1	ASY1	ASY2	APR1	APR2	APR3	APE2	APE3	APE4	AFO1	AFO2	AFO3	AAS1	AAS2	ARU2	ARU3	ARU4	ARU5	ARU31
ARU43	0,164	0,158	0,161	0,144	0,147	0,147	0,164	0,163	0,161	0,164	0,163	0,164	0,164	0,161	0,024	0,020	0,020	0,021	0,023
ARU17	0,164	0,160	0,163	0,147	0,150	0,150	0,164	0,163	0,161	0,161	0,160	0,161	0,164	0,164	0,026	0,021	0,021	0,023	0,018
ARU29	0,164	0,157	0,160	0,147	0,150	0,150	0,161	0,160	0,161	0,164	0,163	0,164	0,167	0,164	0,023	0,018	0,021	0,020	0,018
ARU1	0,163	0,158	0,161	0,146	0,149	0,149	0,163	0,161	0,160	0,163	0,161	0,163	0,166	0,163	0,024	0,020	0,020	0,021	0,020
ASY4	0,167	0,161	0,161	0,144	0,147	0,147	0,161	0,160	0,158	0,160	0,155	0,153	0,160	0,160	0,026	0,021	0,021	0,023	0,021
ARU10	0,166	0,157	0,157	0,141	0,144	0,144	0,160	0,155	0,153	0,157	0,155	0,153	0,160	0,157	0,026	0,021	0,021	0,023	0,024
ARU15	0,164	0,157	0,157	0,141	0,144	0,144	0,160	0,158	0,157	0,160	0,158	0,157	0,160	0,160	0,029	0,024	0,024	0,026	0,024
ARU20	0,163	0,161	0,161	0,143	0,146	0,146	0,164	0,163	0,161	0,163	0,161	0,160	0,161	0,161	0,023	0,021	0,018	0,020	0,018
ARU25	0,164	0,161	0,161	0,144	0,147	0,147	0,160	0,158	0,157	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,026	0,021	0,024	0,026	0,021
ARU26	0,163	0,160	0,160	0,144	0,147	0,147	0,160	0,158	0,157	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,026	0,021	0,024	0,026	0,021
ARU41	0,163	0,160	0,160	0,144	0,147	0,147	0,161	0,160	0,158	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,024	0,020	0,020	0,021	0,020
ARU16	0,160	0,157	0,157	0,141	0,144	0,144	0,160	0,158	0,157	0,160	0,158	0,157	0,160	0,160	0,027	0,023	0,023	0,024	0,020
ARU14	0,161	0,163	0,163	0,146	0,149	0,149	0,158	0,157	0,155	0,164	0,163	0,161	0,164	0,164	0,027	0,023	0,023	0,024	0,023
ARU21	0,166	0,160	0,160	0,143	0,146	0,146	0,161	0,160	0,158	0,161	0,160	0,158	0,161	0,161	0,024	0,020	0,020	0,021	0,023
ARU22	0,161	0,160	0,160	0,144	0,147	0,147	0,163	0,161	0,160	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,024	0,023	0,020	0,021	0,020
ARU23	0,164	0,158	0,158	0,146	0,149	0,149	0,160	0,158	0,160	0,164	0,163	0,161	0,164	0,164	0,024	0,020	0,023	0,021	0,020
ARU28	0,163	0,158	0,158	0,143	0,146	0,146	0,161	0,160	0,158	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,027	0,023	0,023	0,024	0,023
ARU30	0,164	0,161	0,158	0,146	0,149	0,149	0,161	0,160	0,158	0,164	0,163	0,161	0,164	0,164	0,027	0,023	0,023	0,024	0,023
ASY3	0,163	0,158	0,158	0,143	0,146	0,146	0,161	0,160	0,158	0,161	0,160	0,158	0,161	0,161	0,024	0,020	0,020	0,021	0,020
ARU27	0,163	0,160	0,160	0,144	0,147	0,147	0,160	0,158	0,157	0,163	0,161	0,160	0,163	0,163	0,026	0,021	0,021	0,023	0,021

Tablo 3.6. (Devam) *Arhopalus* cinsine türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,072)

	ARU32	ARU33	ARU6	ARU19	ARU12	ARU13	ARU18	ARU34	ARU35	ARU7	ARU36	ARU11	ARU37	ARU8	ARU24	ARU40	ARU38	ARU39	ARU9
ARU32	*																		
ARU33	0,021	*																	
ARU6	0,024	0,017	*																
ARU19	0,021	0,014	0,009	*															
ARU12	0,021	0,014	0,006	0,006	*														
ARU13	0,021	0,014	0,006	0,006	0,003	*													
ARU18	0,020	0,012	0,005	0,005	0,002	0,002	*												
ARU34	0,024	0,020	0,018	0,012	0,015	0,015	0,014	*											
ARU35	0,029	0,024	0,023	0,017	0,020	0,020	0,018	0,005	*										
ARU7	0,027	0,020	0,014	0,012	0,012	0,012	0,011	0,021	0,026	*									
ARU36	0,021	0,020	0,018	0,015	0,015	0,015	0,014	0,012	0,017	0,021	*								
ARU11	0,027	0,023	0,018	0,015	0,015	0,015	0,014	0,024	0,029	0,018	0,024	*							
ARU37	0,020	0,018	0,017	0,014	0,011	0,014	0,012	0,017	0,021	0,017	0,017	0,017	*						
ARU8	0,027	0,020	0,018	0,012	0,015	0,015	0,014	0,024	0,029	0,018	0,024	0,018	0,020	*					
ARU24	0,029	0,018	0,014	0,014	0,014	0,014	0,012	0,023	0,027	0,015	0,023	0,017	0,018	0,017	*				
ARU40	0,021	0,017	0,012	0,012	0,009	0,009	0,008	0,018	0,023	0,015	0,018	0,018	0,014	0,014	0,017	*			
ARU38	0,023	0,018	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,014	0,018	0,020	0,014	0,023	0,015	0,020	0,021	0,014	*		
ARU39	0,021	0,017	0,015	0,012	0,012	0,012	0,011	0,008	0,012	0,018	0,009	0,018	0,011	0,021	0,020	0,015	0,011	*	
ARU9	0,027	0,020	0,015	0,012	0,009	0,012	0,011	0,021	0,026	0,015	0,021	0,015	0,014	0,015	0,014	0,015	0,020	0,018	*
ARU42	0,021	0,017	0,012	0,012	0,012	0,012	0,011	0,012	0,017	0,015	0,012	0,018	0,011	0,018	0,017	0,012	0,011	0,009	0,015

Tablo 3.6. (Devam) *Arhopalus* cinsine türüne ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,072)

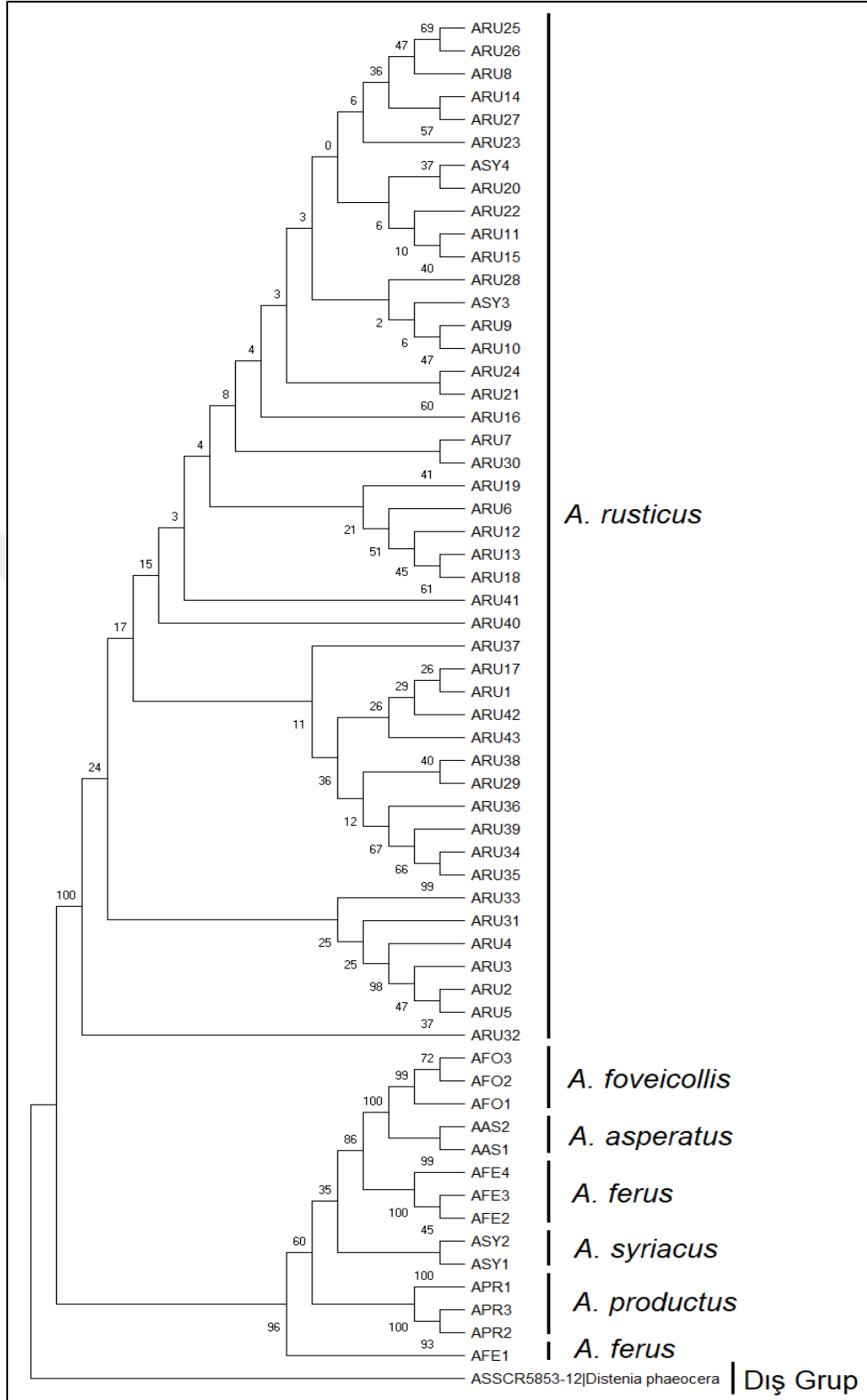
	ARU32	ARU33	ARU6	ARU19	ARU12	ARU13	ARU18	ARU34	ARU35	ARU7	ARU36	ARU11	ARU37	ARU8	ARU24	ARU40	ARU38	ARU39	ARU9
ARU43	0,021	0,017	0,012	0,012	0,012	0,012	0,011	0,012	0,017	0,014	0,012	0,018	0,011	0,018	0,014	0,012	0,011	0,009	0,015
ARU17	0,020	0,015	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,011	0,015	0,014	0,011	0,017	0,009	0,017	0,015	0,011	0,009	0,008	0,014
ARU29	0,020	0,015	0,014	0,008	0,011	0,011	0,009	0,011	0,015	0,014	0,011	0,017	0,009	0,014	0,015	0,011	0,006	0,008	0,014
ARU1	0,018	0,014	0,012	0,009	0,009	0,009	0,008	0,009	0,014	0,012	0,009	0,015	0,008	0,015	0,014	0,009	0,008	0,006	0,012
ASY4	0,026	0,018	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,020	0,024	0,014	0,020	0,014	0,015	0,011	0,012	0,012	0,018	0,017	0,011
ARU10	0,023	0,018	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,020	0,024	0,014	0,017	0,014	0,015	0,014	0,012	0,014	0,018	0,017	0,008
ARU15	0,020	0,018	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,020	0,024	0,014	0,020	0,011	0,012	0,014	0,012	0,014	0,018	0,017	0,011
ARU20	0,026	0,018	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,020	0,024	0,014	0,020	0,011	0,012	0,011	0,012	0,012	0,018	0,014	0,011
ARU25	0,024	0,017	0,015	0,012	0,012	0,012	0,011	0,021	0,026	0,012	0,021	0,015	0,017	0,008	0,014	0,011	0,020	0,018	0,012
ARU26	0,023	0,015	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,020	0,024	0,011	0,020	0,014	0,015	0,008	0,012	0,011	0,018	0,017	0,011
ARU41	0,018	0,014	0,009	0,006	0,006	0,006	0,005	0,012	0,017	0,009	0,012	0,012	0,008	0,012	0,011	0,006	0,011	0,009	0,009
ARU16	0,021	0,017	0,012	0,009	0,009	0,009	0,008	0,015	0,020	0,012	0,015	0,012	0,011	0,012	0,011	0,009	0,014	0,012	0,009
ARU14	0,023	0,017	0,014	0,011	0,011	0,011	0,009	0,020	0,024	0,014	0,020	0,014	0,015	0,011	0,012	0,014	0,018	0,017	0,011
ARU21	0,024	0,017	0,009	0,009	0,009	0,009	0,008	0,018	0,023	0,011	0,018	0,012	0,014	0,012	0,008	0,012	0,017	0,015	0,009
ARU22	0,024	0,017	0,012	0,009	0,009	0,009	0,008	0,018	0,023	0,012	0,018	0,009	0,011	0,012	0,011	0,012	0,017	0,012	0,009
ARU23	0,024	0,017	0,012	0,006	0,009	0,009	0,008	0,018	0,023	0,012	0,018	0,012	0,014	0,009	0,011	0,012	0,014	0,015	0,009
ARU28	0,024	0,017	0,012	0,009	0,009	0,009	0,008	0,017	0,021	0,012	0,018	0,012	0,014	0,012	0,011	0,012	0,017	0,015	0,009
ARU30	0,021	0,017	0,012	0,009	0,009	0,009	0,008	0,018	0,023	0,009	0,018	0,012	0,014	0,012	0,011	0,012	0,017	0,015	0,009
ASY3	0,021	0,014	0,009	0,006	0,006	0,006	0,005	0,015	0,020	0,009	0,015	0,009	0,011	0,009	0,008	0,009	0,014	0,012	0,006
ARU27	0,023	0,015	0,011	0,008	0,008	0,008	0,006	0,017	0,021	0,011	0,017	0,011	0,012	0,008	0,009	0,011	0,015	0,014	0,008

Birinci grup olan *Arhopalus rusticus* tür grubu NJ ağacında %100, ML ağacında %96 bootstrap değeriyle ve BI ağacında %100 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda kümelenen *A. rusticus* türüne ait 43 haplotip ve bu türle kümelenen ve morfolojik olarak *A. syriacus* olmasına rağmen, *A. rusticus* mtDNA'sı taşıyan bu çalışmada elde edilmiş ASY3-4 (SAAS393,394, Türkiye Kocaeli) haplotiplerinden oluştu. *A. rusticus* haplotipleri arasında nadiren dikotomik çözümler olsa da haplotiplerden çoğunluğu politomik dallarda konumlandılar.

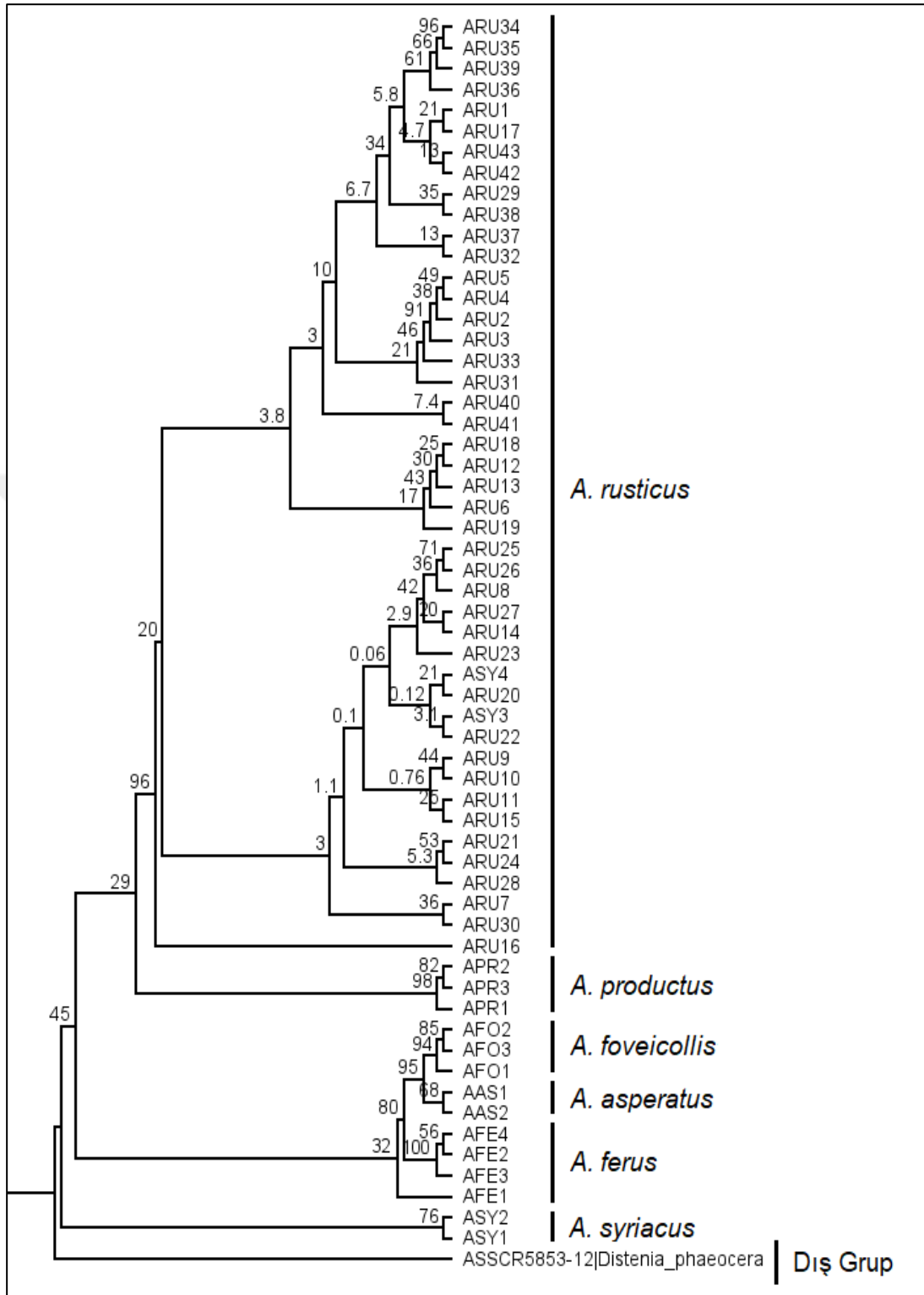
İkinci grupta *Arhopalus* cinsinden diğer 5 tür NJ ağacında %96 bootstrap değeri, BI ağacında 0,97 posterior olasılıkla desteklenen bir dalda dikotomik çözümlerle kümelendiler. ML ağacında ise *A. productus*, *A. foveicollis*+*A. asperatus*+*A. ferus* (AFE2-4), *A. ferus* AFE1 ve *A. syriacus* olmak üzere *A. rusticus* tür grubundan ayrılan dört alt grup oluştu. *A. foveicollis* türü AFO1, AFO2, AFO3 haplotipleri, *A. asperatus* AAS1 ve AAS2 haplotiplerinden ayrılırken NJ ağacında %100, ML ağacında %95 bootstrap değerleri ve BI ağacında %100 posterior olasılıkla, bu kardeş kladdan NJ ağacında %86, ML ağacında %80 bootstrap değeri ve BI ağacında %98 posterior olasılıkla *A. ferus* türü AFE2, AFE3 ve AFE4 haplotipleri ayrıldı. NJ ağacında *A. syriacus* türüne ait ASY1 ve ASY2 haplotipleri ve *A. productus* türüne ait APR1, APR2 ve APR3 haplotipleri, bu grupta birlikte %60 desteklenen bir dalda kümelendiler. BI ağacında *A. productus* grubu *A. foveicollis*+*A. asperatus*+*A. ferus* grubundan %68 posterior olasılıkla ayrılırken, *A. syriacus* grubu %97 posterior olasılıkla kümedeki tüm diğer haplotiplerden ayrıldı. *A. ferus* türü AFE1 haplotipi yalnızca NJ ağacında %96 bootstrap değeriyle çözümlenerek tüm grup üyelerinden ayrılırken, BI ağacında %72 posterior olasılıkla çözümlenerek, ML ağacında politomik olarak (*A. foveicollis*+*A. asperatus*+*A. ferus*) grubuna dahil oldu.

3.7.3.5. Haplotip Ağı Analizi

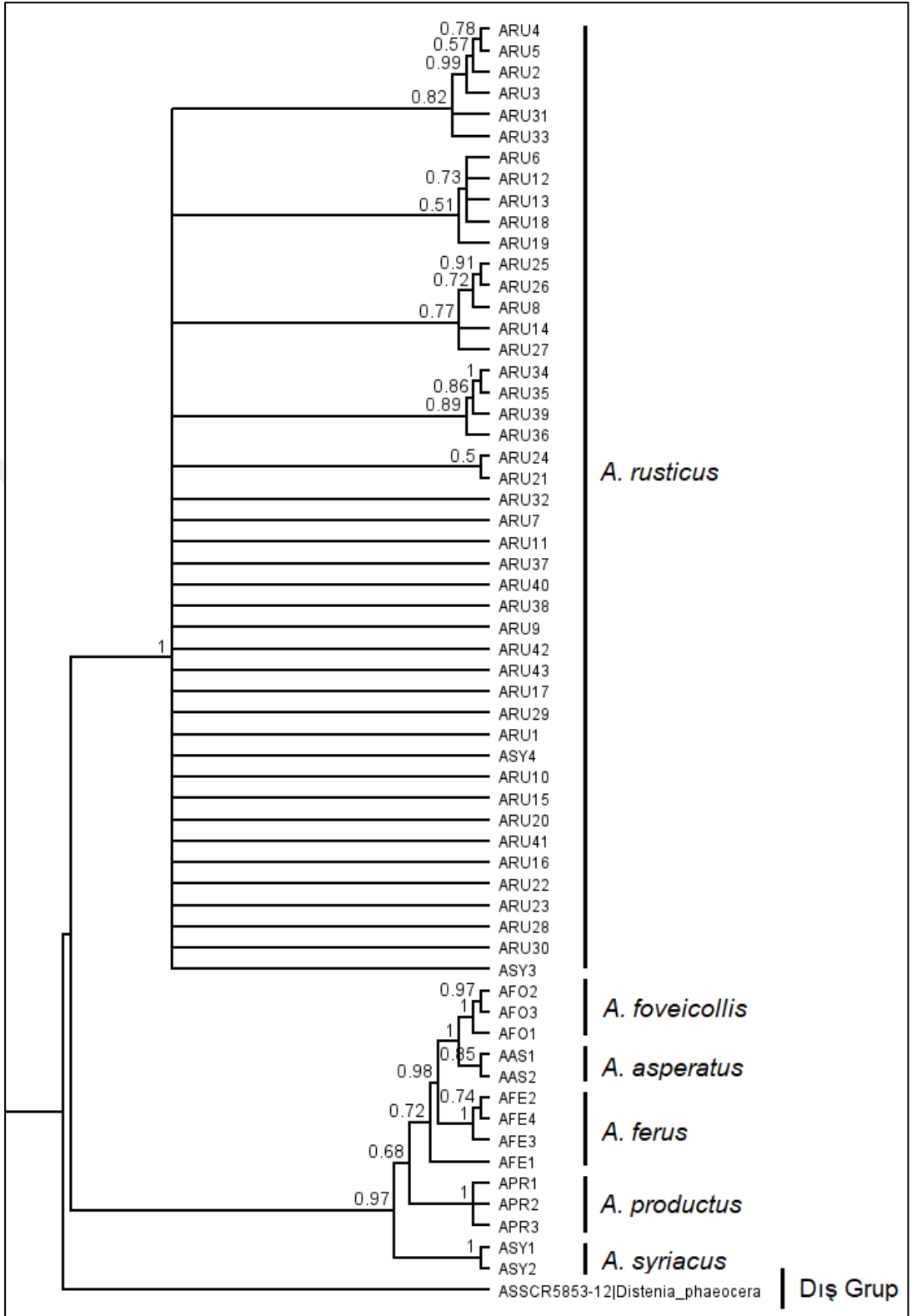
Arhopalus cinsine ait türlerin filogenetik ilişkilerinin yanı sıra coğrafi dağılımları hakkında da fikir edinmek için yapılan istatistiksel parsimoni temelli TCS haplotip ağı analizinde haplotipler NJ, ML ve BI analizlerinden farklı bir topoloji gösterdiler. (Şekil 3.28). *Arhopalus rusticus* türünden 43 haplotip, ASY3, ASY4 ve 21 hipotetik haplotipten oluşan *A. rusticus* grubunda ASY3 haplotipi merkezde olmak üzere ışınal (radyal) dallanmayla çözüldü (Şekil 3.37)



Şekil 3.34. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Arhopalus* cinsinden türlere ait 658 bp uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren K2P modeli kullanılarak oluşturulmuş NJ ağacı

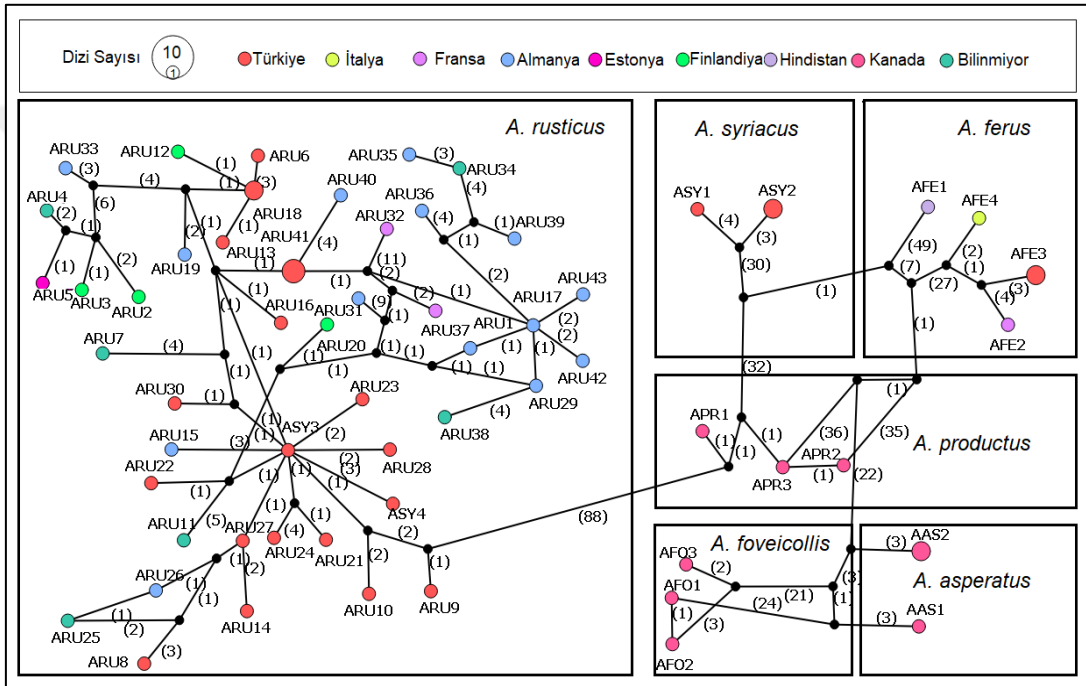


Şekil 3.35. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Arhopalus* cinsinden türlere ait 658 bp uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



Şekil 3.36. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Arhopalus* cinsinden türlere ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren GTR+G modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı

Merkeze hipotetik haplotip arada olmak üzere ARU 16 (SAAR402)'dan bağlanmış bir dalda Almanya'dan ARU19 (GCOL4010-16), ARU33 (FBCOC686-10); Finlandiya'dan ARU2 (COLFA139-10), ARU3 (COLFA604-12), Estonya'dan ARU5 (COLFA600-12); Amerika limanlarında kerestelerden toplanmış yaşadığı lokalite bilinmeyen ARU4 (GBMIN48375-17) ve Türkiye Kocaeli'nden ARU12 (SAAR411), ARU6 (SAAR399) ARU13 (SAAR405), ARU16 (SAAR402), ARU18 (SAAR395 ve SAAR396) haplotipleri kümelendi. Bu haplotipler arası mutasyon sayısı 1-6 arasında değişti.



Şekil 3.37. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen *Arhopalus* cinsinden türlere ait 658 bç uzunluğundaki mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki ilişkiyi gösteren istatistiksel parsimoni ağı

Bir diğer dal merkeze biri ARU 16'yla ortak olan iki farklı hipotetik haplotiple bağlanan Almanya'dan ARU1 (GBCOF241-13), ARU17 (FBCOG474-12), ARU29 (GCOL7642-16), ARU31 (GBCOC471-12), ARU36 (GCOL1510-16), ARU35 (GCOL4030-16), ARU39 (GCOL9332-16) ARU40 (FBCOG532-12) ARU42 (GBCOU3286-13) ARU43 (GCOL1141-16); Amerika limanlarında kerestelerden toplanmış yaşadığı lokalite bilinmeyen, ARU34 (GBMIN48377-17) ARU38 (GBCLC655-19); Fransa'dan ARU32 (PSFOR107-13) ARU37 (PSFOR108-13); bu çalışmadan elde edilen, ARU41 (SAAR398, SAAR410, SAAR404) haplotiplerinden oluştu. Bu haplotipler arası mutasyon sayısı 1-11 arasında değişti.

Merkeze hipotetik haplotiple bağlanan Almanya'dan ARU30 (GBCOC470-12) ve diğer daldaki ARU16'yla ortak bir hipotetik haplotipe bağlanan yaşadığı lokalite bilinmeyen belirsiz ARU7 (GBMIN48374-17) başka bir dalda yer aldı (Şekil 3.6).

Bir dalda merkeze ARU27 (SAAR387) ile bağlanan Almanya'dan ARU26 (GCOL4539-16), ve bu çalışmadan ARU14 (SAAR390), ARU8 (SAAR417), ve menşesi belirsiz ARU25 (GBMIN48376-17) yer aldı. Bu dalda haplotipler arası mutasyon sayısı 1-3 arasında değişti. Menşesi belirsiz ARU25 ve Almanya'dan ARU26 arasında tek bir mutasyon olduğu görüldü.

Türkiye Kocaeli'nden ARU21 (SAAR413) ve ARU24 (SAAR408) hipotetik haplotiple merkeze bağlandılar. Ortak bağlı oldukları hipotetik haplotip arasında ARU21(SAAR413) ile bir, ARU24 (SAAR408) ile dört mutasyon vardı (Şekil 3.6). Bu çalışmadan elde edilen ARU22 (SAAR415) hipotetik bir haplotiple merkeze, başka bir hipotetik haplotiple, Finlandiya'dan ARU20 (COLFA499-12)'ye ve bir tek mutasyonla da yaşadığı lokalite belirsiz ARU11 (GBMIN39961-13)'e bağlandı.

Almanya'dan ARU28 (GCOL7626-16) Amerika limanlarında kerestelerden toplanmış yaşadığı lokalite belirsiz ARU15 (GCOL7880-16) bu çalışmadan ARU23 (SAAR409) ve bu çalışmada morfolojik olarak *A. syriacus* olarak teşhis edilen ASY4 (SAAS394), ASY3 merkezine münferit olarak bağlandılar.

A. rusticus grubunun diğer gruplarla bağlantısını Kocaeli'nden ARU10 (SAAR406)'la aynı hipotetik haplotip aracılığıyla ASY3 merkezine bağlanmış olan ARU9 (SAAR414) haplotipi sağladı. ARU9 haplotipi APR1'e 1+88+1 mutasyonda iki hipotetik haplotip aracılığıyla bağlandı.

Kanada, İngiliz Kolombiyası'dan üç *A. productus* haplotipi APR1 (CERPA071-08), APR2 (CERPA069-08), APR 3 (CERPA070-08) tüm diğer analizlerde olduğu gibi birbirleriyle yakın ilişkili oldular. APR3, APR2'ye tek bir mutasyonla, APR1'e aralarında birer mutasyon olan 3 hipotetik haplotiple bağlandı. *A. syriacus* haplotipleri ASY1 (SAAS401) ve ASY2 (Türkiye, GBCLC680-19 ve GBCLC681-19) sırasıyla dört ve üç mutasyonla hipotetik bir haplotipe bağlandılar ve varsayımsal haplotipler *A. syriacus* ve *A. productus* grupları aralarındaki 30+32 mutasyonluk bağlantıyla bir köprü teşkil etti.

A. ferus türünden üç haplotip, AFE2 (PSFOR106-13, Fransa, Occitanie), AFE3 (SAAF389 ve SAAF400, Türkiye, Kocaeli), AFE4 (İtalya, GBCLC648-19) APR2'ye 27+1+35 mutasyonla iki hipotetik haplotip aracılığıyla bağlandı, AFE1 haplotipi (GBMNA24461-19, Hindistan) diğer analizlerde olduğu, bu gruptan farklılık gösterdi ve AFE4'e 3 hipotetik haplotiple 49+7+27+2 mutasyonla bağlandı. *A. asperatus* türünden her ikisi de Kanada, İngiliz Kolombiyası'ndan AAS1 (CERPA067-08) ve AAS2 (CERPA066-08 ve CERPA068-08) haplotipleri ve *A. foveicollis* türünden Kanada Manitoba'dan üç haplotip AFO1(JSCOC037-07), AFO2 (JSCOC038-07) ve AFO3 (KJ203733) birbirleriyle birden fazla bağlantı kurarak, retiküler (ağsı) bir ilişki kurdular. Aralarındaki mutasyon sayısı 1-24 arasında değişti.



4. TARTIŞMA

4.1. Cerambycidae Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Cerambycidae çeşitliliği hala keşfedilme aşamasındadır. Yakın geçmişte 4.000 cins, 35.000 tür olduğu düşünülürken (Grimaldi ve Michael, 2005, Monné ve diğ., 2009; Švácha ve Lawrence, 2014), 2015 yılında bu sayı 5.300 cins, 36.300 türe yükselmiş, 2020’de ise, birçok türün sinonim olduğunun anlaşılmasıyla yaklaşık 34.000’e düşmüştür (Tavakilian ve Chevillotte, 2020). Tür sayısındaki belirsizliklerin nedeni ergin boyutlarına, eşeye, fenotipik plastisiteye bağlı olarak değişen morfolojik özellikler ve larval karakterlerin benzerliğidir. Bu durum hem tür sınırlarının belirlenmesini zorlaştırmakta hem de morfolojik teşhisi karmaşık, bazen de içinden çıkılmaz hale getirmektedir (Švácha ve Lawrence, 2014).

Son yıllarda DNA barkodlama tür teşhisinde güçlü bir alternatif olarak karşımıza çıkmaktadır. COI barkod bölgesinin tür tanımlama eşiğinin genellikle %1’den az (Hebert ve diğ., 2004, Ratnasingham ve Hebert, 2007) bazen %2’den az (Hebert ve diğ., 2003) ve nadiren %2’den fazla (Hebert ve diğ., 2003; deWaard ve diğ., 2005; Hajibabaei ve diğ., 2006) olduğu bildirilmiştir. Diptera, Hymenoptera ve Lepidoptera’ya nisbeten daha az çalışılmış olan (Woodcock ve diğ., 2013; Boykin ve diğ., 2012) Coleoptera takımı içindeki Buprestidae familyası için Kelnarova ve diğerleri (2019), genetik mesafe ve apomorfik karakterler arasındaki uyumluluğunu test ederek %2 ve %3 eşik değerlerinden her ikisinin de mümkün olduğunu ve eşiklerin türe özgü olduğu kanısına vardıklarını ifade etmişlerdir.

Wu ve diğerleri (2017), Sponylidinae’den *Arhopalus syriacus*, *Arhopalus sp.*, *A. ferus*, *A. productus*, *A. montanus*, *Asemum sp.* *Cephalallus unicolor* (makalede *A. unicolor* sinonimi kullanılmıştır), *Tetropium castaneum*, *T. fuscum*, Cerambycinae’den *Xylotrechus magnicollis*, *X. rufilius*, *X. buqueti*, *X. rusticus*, *X. smei*, *X. sagittatus*, *Stromatium longicorne*, *Trichoferus campestris*, *Trichoferus sp.*, *Chlorophorus sp.*, *Chlorophorus diadema*, *Callidium violaceum*, *Phoracantha recurva*, *Hylotrupes sp.*, *Ceresium sp.* türlerini, Lamiinae’den *Monochamus alternatus*, *M. galloprovincialis* *M. sutor* *M. urussovi* *M. sartor*, *M. clamator* *Batocera lineolata*, *A. glabripennis*,

Acanthocinus aedilis, *A. griseus*, *Pogonocherus perroudi*, *Saperda perforata*, *Acalolepta sp.* ve Lepturinae'den *Anastrangalia dubia* türlerini dahil ederek; ikili uzaklık için p-distance, kladogramlar için Bayesian analizi (BI) ve Neighbor-Joining (NJ) algoritmalarını kullanarak yapmış oldukları analizlerde COI gen bölgesinin %1 eşik değerinin cerambycidlerde tür düzeyinde ayırıcı olduğunu, bazen de %2'ye kadar yükselebildiğini öne sürmüşlerdir. Sire ve diğerleri (2019) saproksilik böceklerin barkodlanmasını hedefledikleri çalışmalarında kendi elde ettikleri diziler ve BOLD taksonomi arşivinden indirdikleri mitokondriyal COI gen bölgesi dizilerinden oluşan veri setinde tür içi genetik uzaklıkları %0-%18,70 (ortalama %1,11); cins içi uzaklıkları %0-%30,41 (ortalama %13,62), barkod aralığını yaklaşık %2 hesaplamışlar, cins içindeki türler arası uzaklığın ise %8-%32 arasında değişebildiğini belirtmişlerdir. Rougerie ve diğerleri (2015), 69 cins, 115 tür 165 bireyden oluşan cerambycid örneklerinde mitokondriyal COI gen bölgesi için genetik uzaklığın ortalama %36,7 olduğunu belirtmiştir. Çalışmamızda elde edilen dizilerde ise genetik mesafenin %0-%24,51 arasında olduğu görüldü.

Min ve Hickey (2007), Clare ve diğerleri (2008), Wei ve diğerleri (2010), Raupach ve diğerleri (2010) Insecta sınıfı için mitokondriyal COI'nin G+C içeriğinin %25-%47 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Bulgularımıza göre de Cerambycidae'nin Lamiinae, Cerambycinae, Lepturinae ve Spondylidinae alt familyalarında G+C içeriği %34,5-%36 arasındadır. Bu değerler protein kodlayan fonksiyonel genler için uygun değerler olup (Foster ve diğ., 1997), analiz edilen gen bölgelerinin yalancı gen olmadığını göstergesi olarak değerlendirilebilir (Bensasson ve diğerleri 2001; Song ve diğ., 2008, Koutroumpa ve diğ., 2009).

Wei ve diğerleri (2014) Cerambycoidea üst familyasının yüksek taksonlarının moleküler filogenisini araştırmak için 63 türe ait nükleer 28S rRNA geni D2 ve D3 bölgesi ve nükleer 18S rRNA V4 ve V7 bölgesi dizileriyle yaptıkları NJ, ML ve BI analizlerinde Transisyon/transversiyon (Tr/Tv) oranını 1,73 hesaplamışlardır. Çalışmamızdan elde edilen bulgular nükleer 28S rRNA geni D1 ve D2 bölgeleri için Lamiinae alt familyasında Tr/Tv oranının 2,49, Cerambycinae alt familyası için 2,56; Lepturinae alt familyası için 1,77; Spondylidinae alt familyası için ise 1,94 olduğunu gösterdi. Bulgular arasındaki farklılık, nükleer DNA'da Tr/Tv oranın taksona ve gen bölgesine özgü olduğunun göstergesi olabilir. Wei ve diğerleri (2014) NJ, ML ve BI

yöntemlerine dayanan filogenetik ağaçların benzer topolojiler göstermiş olduğunu Lamiinae, Cerambycinae ve Lepturinae'nin monofiletik olduğunu ve geleneksel morfolojiyle tutarlılık gösterdiğini belirtmişlerdir. Haddad ve diğerleri (2018) 522 tek kopya nükleer gen dizisi kullanarak, sınırlı sayıda temsilci taksonla, ancak tip türleri seçerek yaptıkları çalışmada Cerambycidae s.s.'nin sekiz alt familyasının, (1) Spondylidinae + Lamiinae, (2) Lepturinae + Necydalinae, (3) Dorcasominae + Cerambycinae ve (4) Prioninae + Parandrinae olmak üzere her biri iki alt familyadan oluşan monofiletik dört klada ayrıldığını ifade etmişlerdir.

Wei ve diğerleri (2014) ve Haddad ve diğerleri (2018) ve bizim de karşılaştığımız bir sorun olan “örnek sayısı ve örneklerin temsil edebilecekleri taksonomik seviyelerin kısıtlı olması” Cerambycidae familyası için genetik belirteçlerle yapılan diğer çalışmalar için de kısıtlayıcı faktörler olarak görülmüştür (Švácha ve Lawrence, 2014; de Santana Souza ve diğ., 2020, Lee ve Lee, 2020). Çalışmamız kapsamında Necydalinae, Dorcasominae ve Parandrinae alt familyalarını temsil edebilecek türler olmadığından, familya düzeyinde yapılacak analizler anlamlı olmayacaktı. Öte yandan intertribal ve infratribal ilişkileri konu alan moleküler yaklaşımlarla yapılan çalışmaların sınırlı oluşu bizi alt familyaları ayrı ayrı analiz etmeye yöneltti. Özellikle monofiletik olduğu düşünülen kladların bir kısmına ait temsilciler olmadığından, Lamiinae, Cerambycinae, Lepturinae ve Spondylidinae alt familyalarını kendi içlerinde ayrı ayrı tartışmayı uygun gördük.

4.2. Lamiinae Alt Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Lamiinae yaklaşık 3000 cins ve 20.000'den fazla tür sayısı ile en büyük alt familyadır (Tavakilian ve Chevillotte, 2020). Tüm biyocoğrafik bölgelere yayılmış olan alt familyanın üyeleri yaklaşık 4000 m rakıma kadar yaşayabilirler, özellikle tropik ve subtropik bölgelerde en yüksek tür çeşitliliğine ulaşırlar (Monné ve diğ., 2017).

Bu alt familya iyi tanımlanmış monofiletik bir grup olarak düşünülmüştür (Napp 1994; Švácha ve Lawrence, 2014). Lamiinae monofilisi, Cerambycidae alt familyaları arasındaki ilişkileri değerlendirmek için filogenetik yaklaşımlar kullanan üç çalışmada desteklenmiştir. Napp (1994), hem ergin hem de larva karakterlerinin morfolojik verilerini kullanarak; Raje ve diğerleri (2016), iki mitokondriyal genin (rrnS ve cox1) kısmi dizilerini kullanarak ve daha yakın zamanda Haddad ve diğerleri (2018), çapa

melez zenginleştirme (anchored hybrid enrichment) yöntemi ile üretilen 522 tek kopya nükleer genin filogenomik verilerini kullanarak alt familyaların evrimsel geçmişini araştırmıştır. Napp (1994), Linsley, 1961; Villiers, 1978; Nakamura, 1981 gibi morfolojiye dayanan çalışmalar Cerambycinae'nin Lamiinae'nin kardeş grubu olduğunu öne sürerken, Haddad ve diğerleri (2018) ve diğer kladistik çalışmalar (örneğin, Gómez-Zurita ve diğ., 2007, 2008; Marvaldi ve diğ., 2009; Wang ve diğ., 2013) Spondylidinae'yi en yakın akraba olarak görmüşlerdir.

XIX. yüzyılda önerilmiş olan tribuslar (örn. Blanchard, 1845; Thomson, 1860, 1864; Lacordaire, 1869-1872) de Santana Souza ve diğerlerinin 2020 yılında yaptıkları çalışmaya dek filogenetik kriterler altında değerlendirilmemiştir. Bu araştırmacılar, 46 tribusu temsil eden 130 terminal taksona ait iki mitokondriyal üç nükleer belirteç gen bölgesi (cox1, rrrL, Wg, CPS ve LSU)'ne ait toplam 5.024 bç uzunluğunda fragmentlerle yaptıkları, birisi tüm veri seti ve birisi de sadece mitokondriyal gen bölgelerinden oluşan veri seti için ML ve BI yaklaşımlarıyla yaptıkları analizlerde, birden fazla türle temsil edilen 35 tribustan 11 tanesinin %90 üzeri bootstrap desteği ve 0,95 posterior olasılıkla monofiletik, diğerlerinin polifiletik olduğunu bildirmişlerdir. De Santana Souza ve diğerleri (2020)'nin sonuçları Švácha ve Lawrence (2014) tarafından tanımlanan hipognat baş, akuminat distal palpomerler, erginlerde asimetric stridülator plakası ve mesoscutum yapısı, larvalarda aşırı derecede indirgenmiş ve lateral olarak kaymış sabit kardo gibi sinapomorfik karakterleri desteklemektedir. Polifiletik olan tribuslardan 15 tanesinin yeniden gözden geçirilmesinin gerekliliğini belirtmişlerdir. Bu tribuslar Acanthocinini, Acanthoderini, Agapanthiini, Apomecynini, Desmiphorini, Dorcaschematini, Enicodini, Hemilophini, Monochamini, Onciderini, Parmenini, Phytoeciini, Pogonocherini, Pteropliini ve Saperdini'dir.

De Santana Souza ve diğerleri (2020) tarafından yapılan çalışmada Acanthocinini tribusundan *Acanthocinus* ve *Leiopus* cinsleri ML ve BI ağaçlarında polifiletik olarak konumlanmış olmalarına rağmen, bizim çalışmamızda yalnızca COI gen bölgesiyle yapılan analizlerde %50'den düşük desteklenme değerleriyle de olsa birlikte kümelenirken, diğer gen bölgeleriyle yapılan analizlerde ve tüm gen bölgeleri birleştirilerek yapılan analizlerde yüksek desteklenme değerleriyle çözülen bir dal üzerinde, monofiletik olarak birlikte kümelendiler.

Yaptığımız tüm analizlerin sonuçları, de Santana Souza ve diğerleri (2020)'nin elde ettiği BI ve ML ağaçlarında olduğu gibi, *Agaphantia* cinsinin monofilisini desteklemektedir. Ancak bizim örneklememiz *Agapanthiini* tribusundan başka bir cins içermediğinden tribusun polifiletik olup olmadığı hakkında yorum yapmak mümkün değildir. Öte yandan yazarların ileri sürmüş olduğu *Pogonocherini* tribusunun polifilisini analiz sonuçlarımız da desteklemektedir.

De Santana Souza ve diğerleri (2020), *Moneilemini*'nin *Acanthocinini* sinonimi, *Onocephalini*'nin *Onciderini*'nin sinonimi, *Dorcadionini*, *Gnomiini*, *Monochamini* ve *Rhodopini*'nin *Lamiini* tribusunun sinonimi; *Obereini* ve *Phytoeciini* tribuslarının da *Saperdini* tribusunun sinonimi olması gerektiğini öne sürmüşlerdir. Ohbayashi ve diğerleri (2009), Japonya'dan toplanan örneklerle mitokondriyal COI gen bölgesini esas alarak *Lamiini* tribusundan *Anoplophora* ve yakın cinslerin altı soy hattına bölündüğünü, *Anoplophora*'nın, *Dolichoprosopus*'dan ayrı *Monochamus* ile aynı soy hattında olduğunu, *Callophora* ve *Pseudonemophas*'ın ise tamamen bağımsız soy hatlarında olduklarını ifade etmişlerdir. Bulgularımız De Santana Souza ve diğerleri (2020) ve Ohbayashi ve diğerleri (2009)'nin bulgularıyla örtüşmekte; *Monochamini* tribusunun *Lamiini* tribusunun sinonimi olabileceğini desteklemektedir. Çünkü elde edilen tüm ağaçlarda *Monochamus* cinsi, *Morimus* cinsi ile birlikte kümelenmiştir.

Çalışmamızda her bir gen bölgesiyle ayrı ayrı ve hepsi birleştirilerek yapılan analizlerde de NJ, ML, BI yaklaşımları benzer topolojiler önererek, *Phytoecia* cinsi ile *Saperda* cinsini birlikte kümelediler. Bu bulgu de Santana Souza ve diğerleri (2020)'nin *Phytoeciini* tribuslarının *Saperdini* tribusunun sinonimi olması gerektiği önerisini desteklemektedir. *Acanthoderini* tribusundan yalnızca *Aegomorphus clavipes* türü olduğundan bu tribusla ilgili sonuçlarımıza dayanarak bir yorum yapılamamaktadır. Bulgularımıza göre *Pogonocherini* tribusundan *Exocentrus lusitanus* (LPEL29, LPEL366) ve *Pogonochenus perroudi* (LPPP14, LPPP53, LPPP359-360) türlerinin NJ ağacında iki ayrı dalda diğer tribuslardan ayrılmasına rağmen, BI ve ML ağacında ise sırasıyla *Lamiini* ve *Saperdini* tribusları içinde kümelenmiş olmaları, bu tribusun yeniden değerlendirilmesinin gerekli olabileceğini göstermektedir.

De Santana Souza ve diğeri (2020) dışındaki çalışmalardan hiç birisi intertribal ilişkileri konu edinmemiş, çoğunlukla barkodlama, tür sınırları, cins sınırları veya infratribal ilişkilerine odaklanmışlardır.

Orta Avrupa, özellikle de Almanya coleopterlerinin barkodlanması çalışmasında Hendrich ve diğeri (2015), 818 cerambycid örneğinden 631 tanesi için 500 bp üzerinde COI dizisi elde etmiş ve K2P baz değişim modeline göre tür içi uzaklıkları belirlemişlerdir. Çalışmalarında Lamiinae'den *Leiopus linnei* (%2,81); *Calamobius filum* (%5,38); *Anaesthetis testacea* (%2,32); *Pogonocherus hispidulus* (%2,48); *Exocentrus lusitanus* (%3,27); *Phytoecia nigricornis* (%5,98) türlerinin tür içi genetik uzaklıklarının yüksek olduğunu bildirmişlerdir. Çalışmamızda tür içi en yüksek mesafe *Monochamus galloprovincialis* türü LMMG286, LMMG298 haplotipleriyle LMMG42 haplotipi arasında %3,8 olarak hesaplanmıştır.

Cesari ve diğeri (2005) *Monochamus* cinsine ait beş Avrupa türündeki mitokondriyal COI geninin tamamı ve 12S rRNA gen dizileri ile yaptıkları analizlerine *M. galloprovincialis* türüne ait morfolojik olarak ayırt edilen *M. galloprovincialis galloprovincialis* ve *M. galloprovincialis pistor* alt türlerini, *M. sutor*, *M. saltuarius*; *M. sartor* ve *M. urussovi* türlerini, Asya'dan *M. alternatus* ve Japonya'dan *M. saltuarius* türlerini dahil etmişlerdir. Her iki gen için, *M. galloprovincialis*'in iki alt türü arasında mutlak bir özdeşlik ve *M. sartor* ile *M. urussovi* arasında güçlü bir yakınlık olduğunu belirtmişlerdir. *M. saltuarius* türünün, İtalyan ve Japon haplotiplerinin birlikte Avrupa haplotiplerinin bazalında, Japon *M. alternatus* türünün ise diğer tüm türlerin bazalında konumlandığını belirtmişlerdir. Kromozom analizleri, diploid otozomal komplementlerin *M. saltuarius*'ta 18n'den *M. galloprovincialis*'de 20n'ye ve *M. sartor*'da 22n'ye kadar değiştiğini, ancak XX-Xy_p cinsiyet belirleme sisteminin analiz edilen tüm taksonlar tarafından paylaşıldığını belirtmişlerdir. *M. saltuarius* karyotipinin diğeri (2005) gibi görüldüğünü, bu nedenle karyolojik verilerin moleküler analizlerle uyumlu olduğunu, *M. galloprovincialis* ve *M. sartor*'un farklı iki evrimsel birimi temsil ettiklerini, karyotip analizlerinin, *M. galloprovincialis galloprovincialis* ile *M. galloprovincialis pistor* arasındaki özdeşliğe ilişkin moleküler sonuçları doğruladığını belirtmişlerdir. Cesari ve diğeri (2005)'nin *M. galloprovincialis* alt türlerinin özdeş gen dizilerine sahip olduklarına ilişkin sonuçları, çalışmamızdan elde edilen verilerle uyumludur. Ancak morfolojik olarak farklı

desenlenme gösteren bu alt türler zaten aynı haplotipi paylaştıklarından, alt türleri ayrıca belirtmedik.

Koutroumpa ve diğerleri (2013), Avrupa'dan örnekledikleri, sıklıkla kardeş kladlar olarak kabul edilen (Sama, 2002, Sama, 2008; Tomminen ve Leppänen, 1991; Vives, 2000) *M. galloprovincialis* ve *M. sutor*'un tür sınırlarını belirlemek amacıyla morfolojik, ekolojik ve moleküler veri birlikte değerlendirdikleri çalışmalarında, 792 bç uzunluğunda mitokondriyal COI nükleotid dizilerini kullanmışlardır. *M. galloprovincialis* için dokuz haplotip (Erişim numaraları KC692719- KC692727), *M. sutor* için 16 haplotip tanımlamışlardır (Erişim numaraları KC692728- KC692742). Bu iki türün de 28S rRNA geni D2 bölgesinde hiçbir intraspesifik varyasyon göstermemiş olan farklı iki alele sahip olduklarını tespit etmişlerdir (KC692744 ve KC692745). *M. galloprovincialis* ve *M. sutor* arası düzeltilmemiş p-distance metoduyla hesapladıkları genetik uzaklığı %2,3-%3,7 (ortalama %3,1), 28S rRNA D2 bölgesi (878 bç) nükleotid dizisi için %0,23 hesaplamışlardır. Bu türlerin dış grup *M. alternatus*'a olan uzaklıkları ise %0,7'ye ulaşmıştır. Tür içi genetik uzaklıklar ise *M. galloprovincialis*'de %0 ile 0,9 arasında, *M. s. sutor* için ise %0 ile %1,9 arasında değiştiğini; Yunanistan örneklerinden aday alt tür olan *M. s. pellio*'ya olan genetik uzaklığının (%1,7), diğer örneklerden daha az olduğunu belirlemişlerdir. Ayrıca *M. galloprovincialis* ve *M. sutor* arasındaki COI geni için intraspesifik ve interspesifik düzeltilmemiş p-distance uzaklıkları arasında hiçbir örtüşme gözlemlenemediklerini bildirmişlerdir. Plewa ve diğerleri (2018), *Monochamus sartor sartor* ve *Monochamus sartor urussovii* alt türlerini morfoloji, mitokondriyal COI geni çeşitliliği ve *Wolbachia* endosimbiyontları açısından değerlendirmişlerdir. *M. s. urussovii* alt türü için Avrasya'dan 29 bireyde 25 haplotip ve 28 ayırıcı bölge (S), *M. s. sartor* alt türü için Alpler ve Karpatya'dan 30 bireyde 12 haplotip ve 11 ayırıcı bölge bulmuşlardır. K2P modeline göre yaptıkları genetik uzaklık analizlerinin sonucunda *M. s. urussovii* alt tür içi uzaklığın %0,1-%0,7; *M. s. sartor* alt tür içi uzaklığın ise %0,0-%0,2; iki alt tür arası uzaklığın ise %0,4-%1,2 arasında olduğunu ifade etmişlerdir. Morfolojik verilere dayanan analizlerine ve bPTP (Bayesian implementation of Poisson Tree Processes) tür sınırlarını belirleme metoduna göre aynı tür, BPP (Bayesian Phylogenetics and Phylogeography)'ye göre ise farklı tür olarak ayırdıklarını ifade etmişler ve bu iki alt tür arasındaki genetik uzaklığın %1'den düşük olmasına rağmen,

ekolojik istekleri ve endosimbiyontları arasındaki farklılıklar göz önünde bulundurularak; kontrol ve koruma programlarında birbirlerinden ayrı değerlendirilmeleri gerektiğini belirtmişlerdir. Plewa ve diğerleri (2018), dış grup olarak *M. galloprovincialis*, *M. saltuarius*, *M. alternatus*, *M. sutor* ve *Anoplophora glabripennis* (Erişim numaraları sırasıyla AY260835, AY260842, KF737828, AY264403, EU914688) türlerini kullanmışlar ve BI ve ML ağaçlarında %90'dan yüksek desteklenme değerleriyle göre bu iki alt türün ayrık birer soy hattı olduklarını ifade etmişlerdir. Çalışmamızdan elde edilen bulgularda mitokondriyal COI geni için tür içi en uzak mesafe *Monochomus galloprovincialis* türü LMMG286, LMMG298 haplotipleriyle LMMG42 haplotipi arasında p- distance metoduyla %3,8 olarak hesaplanırken, 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinde ise örnekler arasında hiçbir varyasyon gözlenmedi. Bu bulgular Kocaeli'nde *Monochomus galloprovincialis* bireyleri arasındaki COI gen bölgesi varyasyonunun kriptik türleşmeye işaret edebilecek kadar yüksek olduğunu göstermektedir. Ancak bu varsayım bütünleşik taksonomi anlayışıyla sınımalıdır (Sheth ve Thaker, 2017).

Solano ve diğerleri (2013), Kuzey Paleartik'te yayılış gösteren *Morimus* cinsinin çözülmemiş taksonomik durumunu aydınlatmak için Türkiye ve Avrupa popülasyonları içindeki ve arasındaki genetik çeşitliliği mitokondriyal COI ve nükleer ribozomal ITS2 moleküler belirteçlerini kullanarak değerlendirmişlerdir. Reitter (1894), Dajoz (1976), Sama ve Löbl (2010) tarafından hazırlanmış olan teşhis anahtarlarındaki dikotomik karakterlerle net bir ayırım yapamadıklarından hepsini *Morimus* sp. olarak değerlendirmişlerdir. İtalya, Slovenya, Hırvatistan, Karadağ, Yunanistan, Türkiye ve İran olmak üzere yedi ülkeden 65 bireyin 800 bç uzunluğunda 39 farklı COI gen bölgesi haplotiplerinden 36 tanesinin yalnızca tek bir lokaliteden örneklenmiş olduğunu belirtmişlerdir (Erişim numaraları KC592216-KC592254). Paylaşılan haplotiplerin Karadağ, Hırvatistan ve Slovenya; Hırvatistan ve Karadağ, Hırvatistan ve İtalya arasında olduklarını ifade etmişlerdir. *Herophila tristis* (Lamiinae)'yi dış grup olarak kullanılarak oluşturdukları BI, ML ve MP (maksimum parsimoni) ağaçlarının birbiriyle uyumluluk gösterdiğini, Türkiye ve Hırvatistan'dan örneklenmiş bireylerin aynı soy hattı içinde kümelenmiş olduğunu ve bu soy hattına en yakın Karadağ-Slovenya-Hırvatistan soy hattı olduğunu belirtmişlerdir. Soy hatları arasındaki genetik uzaklıkların %2,5-%3,6 arasında değiştiğini, Türkiye örneklerinin

içinde olduğu soy hattıyla arasındaki genetik uzaklığın %2,9 olduğunu ifade etmişlerdir. Haplotip çeşitliliğini (h) 0,959; nükleotid çeşitliliğini 0,0226 olduğunu, Türkiye $p = 0,0016$ ve Slovenya'nın 0,0026 çok düşük nükleotid çeşitliliği değerlerine sahip olduğunu belirtmişlerdir. Buna rağmen Türkiye haplotiplerinin ortalama bir haplotip çeşitliliği değeri gösterdiğini (0,561), Türkiye ve Slovenya örneklerinin en fazla farklılaşmış örnekler olduklarını belirtmişlerdir. Özellikle Türkiye popülasyonunun Yunanistan ($F_{st} = 0,817$), Kuzey İtalya ($F_{st} = 0,869$, $p < 0,05$) ve Orta İtalya ($F_{st} = 0,777$, $p < 0,05$)'ya kıyasla çok daha fazla farklılaşmış olduklarını dile getirmişlerdir. Sama ve Löbl (2010) *Morimus asper asper* (Orta ve Kuzey Avrupa), *M. asper funereus* (Doğu ve Güneydoğu Avrupa), *M. asper verecundus* (Türkiye'nin kuzeyi ve Kuzeybatı İran), *M. assamensis* (Güney Çin), *M. lethalis* (Doğu Çin) ve *M. orientalis* (Türkiye'nin kuzeyi) olmak üzere Palearttik bölgeden altı tane *Morimus* türü/alt türü ve Oryantal bölgede yedi tane daha tür olduğunu bildirilmişlerdir (URL-13). Bu türlerin teşhisinde esas problemin *M. funereus* + *M. orientalis* ve *M. asper* + *M. verecundus* arasındaki geçiş formları olduğunu belirten Reitter (1894) bu formu *M. ganglbaueri* Reitter 1894 olarak isimlendirmiştir. Solano ve diğerleri (2013) ise tüm bu türlerin aslında tek bir tür olduğunu öne sürmektedirler. Giannoulis ve diğerleri (2020), karyotip analizi ve mitokondriyal COI gen bölgesi çeşitliliğini birlikte değerlendirdikleri çalışmalarında *Morimus* cinsinden *M. asper* ve *M. funereus*'un COI gen bölgeleri arasında çeşitliliğin az olduğunu, kromozomlarının çok benzer olduğunu, esaret altındayken çiftleşebildiklerini, *M. ganglebaueri* formunun aslında bir *funereus* X *asper* melezi olabileceğini belirtmişlerdir. Bulgularımıza göre *Morimus orientalis* bireylerine ait COI gen bölgesinin LLMO303, LLMO306, LLMO308 ile LLMO304 haplotipleri arasında mesafenin %0,15 olduğu görüldü. BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden örneklerin birleştirildiği veri setiyle yapılan analizlerde ise Kocaeli haplotipleri Fransa'dan (PSFOR063-13) *Morimus asper* türüne ait bir dizi ile birlikte kümelendi. Bulgularımız Solano ve diğerleri (2013) ve Giannoulis ve diğerleri (2020)'nin belirttiği gibi, *Morimus* türlerinde genetik çeşitliliğin az olduğunu desteklemektedir.

Wallin ve diğerleri (2009), Avrupa'da yayılış gösteren *Leiopus nebulosus* türünün aslında kardeş iki tür olabileceği hipotezini sınamak için yaptıkları genitalya morfolojisi ve mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı çalışmalarında p-distance

modeliyle yapılmış uzaklık analizlerine göre *L. linnei*'nin tür içi en yüksek uzaklığını %0,17, *L. nebulosus*'a olan uzaklığını %11,5; *L. nebulosus*'un tür içi en yüksek uzaklığını %0,17 olarak hesaplamışlardır. Tüm *Leiopus*'un türlerinin *Tetraopes texanus*'a olan uzaklığını %13,8-%16,7; *L. linnei*'nin ve *L. nebulosus*'un *L. punctulatus*'a olan uzaklıklarını ise %13,5 ve %15,5 olarak belirlemişlerdir. Dış grup olarak *Leiopus punctulatus* (Lepturinae) ve *Tetraopes texanus* (Lamiinae)'u kullandıkları NJ ağacı ve genitalya morfolojisine dayalı bulguları tutarlılık göstermiştir. Yeni türe *Leiopus linnei* sp. nov. (Erişim numaraları EU436850-EU436854) adını vermişlerdir. Bulgularımıza göre ise, mitokondriyal COI gen bölgesi için *Leiopus nebulosus* türü LALN311 ve türü *Leiopus linnei* LALL54 haplotipleri arasındaki genetik uzaklık p-distance yöntemi ile %0,15 olarak hesaplanmıştır. Mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi için ise *L. linnei* LALL50-51, LALL54, LALL313 ve *L. nebulosus* türü LALN311 haplotipleri arasındaki uzaklık %0,21 olarak hesaplanmıştır. 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için ise *L. linnei* LALL50-51, LALL54, LALL313 ve *L. nebulosus* türü LALN311 aynı genotipi paylaşmışlardır. Genetik uzaklığın çok düşük olması, bu türler arası üreme izolasyonunun henüz gerçekleşmemiş olduğuna işaret ediyor olabilir (Torres-Vila ve Bonal, 2019). Öte yandan morfolojik karakterlerin statik allometri veya fenotipik plastisite nedeniyle gösterdiği varyasyonların iki türün birbirinden ayrılmasını zorlaştırması da muhtemeldir (Stanbrook ve diğ., 2021).

Yeni tanımlanmış bir tür olan *Tetraopes huetheri* Skillman, 2007'in geçerliliği ve morfolojik olarak ayırt edici karakteri olan apendikulat tarsal pençe hakkında şüpheye düşmüş olan Etzler ve diğerleri (2013), tip lokalitede detaylı saha çalışması yaparak benzer bireyleri toplayıp, müze örnekleriyle karşılaştırmışlar ve hepsinin tarsal pençesinin iyi bir mikroskop altında *Tetraopes annulatus* LeConte gibi bifid (Linsley ve Chemsak, 1984) oldukları kanısına varmışlardır. Bunların aynı tür olabilecekleri hipotezini test etmek için mitokondriyal COI gen bölgesini kullanmışlardır. Farrell (2001)'in dizilerini de dahil ederek yaptıkları NJ ağacında bu iki tür arası mesafenin %1'den çok daha az olduğunu görmüşler ve *Tetraopes huetheri* Skillman, 2007'in *Tetraopes annulatus* LeConte'nin sinonimi olduğunu ilan etmişlerdir.

Acanthocinini'den *Sternidius alpha*'nın göstermiş olduğu kırmızı ve gri renklenmeden yola çıkarak bu türün birden fazla tür veya alt tür kompleksi olduğu hipotezini sınamak

üzere Raje ve diğerleri (2012)'nin yaptıkları mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı analizlerinde (Erişim numaraları JX280927- JX280941) kırmızı renkli örneklerin kendi içlerinde %0,3-%0,8, gri örneklerin kendi içlerinde %0,0-%2,1 uzaklık değerlerine sahipken, iki grup arasındaki uzaklığın %1,8-%2,8 olduğunu hesaplamışlardır. Genetik mesafe ve ML ağaçlarındaki %66 bootstrap desteğiyle ayrılmaya dayanarak bu türün en az iki, belki üç alt türden oluştuğunu ileri sürmüşlerdir.

Kvamme ve diğerleri (2012), Saperdini tribusundan *Stenostola ferrea* ve *S. dubia*'nın ayrı türler oldukları hipotezini sınıadıkları çalışmalarında genitalya, larva morfolojisi ve mitokondriyal COI gen bölgesi için genetik uzaklığı değerlendirmişler ve morfolojik farklılıklarına ilave olarak iki tür arası genetik uzaklığı %10,3 olarak hesapladıklarını belirtmişlerdir (Erişim numaraları JQ907475, JQ907474, JQ907477, JQ9074769). *Phytoecia algerica*'nın (Erişim numarası AM283245.1) dış grup olarak kullanıldığı NJ ağacında bu türlerin iki klad olarak ayrıldığını belirlemişlerdir.

Toki ve Kubota (2010), mitokondriyal 16S rRNA ve COI gen bölgelerine ait nükleotid dizilerini kullanarak Japonya'da yayılış gösteren Lamiini tribusundan 12 cins, 25 tür ve 3 alt tür için filogenetik analiz yapmış ve *Acalolepta* cinsi dışında diğer cinslerin monofiletik olduğu kanısına varmışlardır. Nakamine ve Takeda (2008a) Lamiini tribusundan *Mesechthistatus* cinsinin COI bölgesini baz alarak filogenetik analiz yapmışlar, cinsin polifiletik olabileceğini öne sürmüşler ve Japonya'da bulunan *M. binodosus*, *M. furciferus*, *M. taniguchii* ve *M. fujisanus*'un Pliosen'de ayrıldığını belirlemişlerdir. Ohbayashi ve diğerleri (2009) Japonya'dan toplanan örneklerle Lamiini tribusundan *Anoplophora*'nın mitokondriyal COI gen bölgesini esas alarak yakın cinslerle olan akrabalık ilişkilerini araştırmış ve yakın geçmişte altı soy hattına bölündüklerini; *Anoplophora* ve *Dolichoprosopus*'un ayrı, *Callophora* ve *Pseudonemophas*'ın tamamen bağımsız soy hatlarında, *Anoplophora* ve *Monochamus*'un aynı soy hattında yer aldıklarını belirtmişlerdir. Yine Nakamine ve Takeda (2008b) Japonya'ya endemik uçamayan *Parechthistatus gibber* ve *Hayashiechthistatus inexpectus*'un türleşme modellerini açıklığa kavuşturmak için mitokondriyal COI geninin 1144 bç'lik bir bölgesini kullanarak yaptıkları filogenetik analize 51 popülasyonu dahil etmişler, *P. gibber*'e ait dokuz soy hattı olduğunu ve *H. inexpectus* türünün, *P. gibber* soy hatlarından biriyle kümелendiğini bildirmişlerdir.

Bu dokuz soy hattının, COI geni için daha önce yayınlanan moleküler değişim oranlarına (milyon yılda %1,5-%2,3) dayanarak, ıraksamanın 3,0-4,6 milyon yıl önce, Pliyosen’de gerçekleştiği sonucuna varmışlardır.

Berkov (2002), Acanthocinini tribusundan *Palame* cinsinin tür sınırlarını konak, mevsim ve stratum özelliklerini esas alarak belirlemişler ve bulgularını mitokondriyal COI dizisiyle doğrulamışlardır. COI nükleotid dizisinde %8,27-%17,56 farklılıkla 6 farklı haplotipin varlığını ve bunlar arasında kriptik türlerin olduğunu bildirmişlerdir. Raje ve diğerleri (2012), Indiana (ABD)’nin farklı bölgelerinden toplanan morfolojik olarak Acanthocinini tribusundan *Sternidius alpha* olduğu belirlenen 14 örnekle COI gen bölgesini kullanarak yaptıkları çalışmada, iki farklı renklenme gösteren bireylerin aslında farklı türler olduklarını ileri sürmüşlerdir. Smith ve Farrell (2005), *Moneilema appressum*’un filocoğrafyasına odaklandıkları bir çalışmada Arizona, Durango, Chihuahua ve New Mexico Gök Adaları’ndan topladıkları örneklerin mitokondriyal COI gen bölgeleri inceleyerek Pleistosen’de gerçekleştiği öne sürülen iklim değişikliği hakkındaki hipotez test edilmiş ve dağların varsayılan ayrılma zamanlarıyla, *M. appressum*’un haplotiplerinin ayrılma zamanlarının paralel olduğu sonucuna vardıklarını ifade etmişlerdir. Raje ve diğerleri (2016), Kuzey Amerika’daki Cerambycinae, Lamiinae ve Spondylinae alt familyadan bazı zararlı türleri ekolojik istekleri ve beslenme özelliklerini dikkate alarak mitokondriyal 12S rRNA ve COI gen bölgeleriyle birlikte analiz etmişler ve kladlara göre orman zararlısı olarak risk oranlarının tahmininde filogenetik sinyallerin kullanılabileceğini, ancak bunun başarılması için taksondan yeterli sayıda örneğin analize dahil edilmesinin önemli olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca yaptıkları çalışmalarında, Lamiinae’nin “Cerambycidae+Spondylidinae” kladından ayrı olduğunu ileri sürmüşlerdir.

Anoplophora glabripennis’in ağırlıklı olarak Çin, Kore ve Moğolistan popülasyonları arasındaki genetik varyasyonu değerlendirmek için mitokondriyal DNA ve nükleer mikrosatelit frekanslarına dayalı çalışmalarının sonucunda Carter ve diğerleri (2009), Çin’de popülasyonların birbirlerine karışmış durumda olduklarını, bu durumun da muhtemelen Çin’deki ağaçlandırma çalışmaları sırasında, bu türe ait izole popülasyonlara ait bireylerin hassas ve stresli ağaçlara sahip yeni bölgelere taşınmasından kaynaklandığı sonucuna varmışlardır. Kore ve Moğolistan haplotiplerinin ise daha izole olduğunu belirtmişlerdir. Yine Carter ve diğerleri (2010),

Anoplophora grabripennis'in Kuzey Amerika, Avrupa ve Asya popülasyonlarını mitokondriyal DNA kullanarak yaptıkları istatistiksel parsimoni ağı, ve NJ analizleri ve nükleer mikrosatelit frekanslarını değerlendirdikleri araştırmalarında Kuzey Amerika popülasyonlarının Çin popülasyonlarına kıyasla çok daha az genetik çeşitliliğe sahip olduklarını, Kuzey Amerika ve Avrupa popülasyonlarının Çin'den köken aldığını ve *A. grabripennis*'in birkaç defa ticaret yolları aracılığıyla bu bölgelere girdiğini belirtmişlerdir.

4.3. Cerambycinae Alt familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Tanımlanmış 11.000'den fazla tür sayısı ile Cerambycidae'nin ikinci en büyük alt familyası olan Cerambycinae için yapılmış olan çalışmalar Lamiinae'ye kıyasla çok daha azdır. Wei ve diğerleri (2014) ile Lee ve Lee (2020) en kapsamlı çalışmaları yapmışlardır. Çin'den toplanan 24 Cerambycinae örneği ile derin ilişkiler için çözümü yeterli düşük iki nükleer ribozomal DNA (18S rRNA ve 28S rRNA) (Wild ve Maddison, 2008) kullanarak yaptıkları analizlerde Wei ve diğerleri (2014), Xystrocerini + Thranini + Callichromatini tribuslarının birlikte, Clytini + Hesperophanini + Trachyderini tribuslarının birlikte kümelenmelerini belirtmişlerdir.

Lee ve Lee (2020)'nin yaptıkları Cerambycinae'nin oviposiyonla ilişkili evrimsel tarihini aydınlatmaya yönelik çalışma konuyla ilgili en güncel ve kapsamlı filogenetik çalışmadır. Bu çalışmada, yumurtlama stratejileri, konukçu bitkiler ve ovipozitör uzunlukları karakterlerini, çok lokuslu filogeni ile çözümlenmiş ağaçlar ile kombine ederek rekonstrüksiyon analizleri yapmışlardır. Cerambycinae'deki kısaltılmış ovipositorün en az dört kez bağımsız olarak evrimleştiğini ve konakçı bitkinin kullanımının stresli konakçılardan, ölü veya yaşayan konakçılara; geniş yapraklı ağaçlardan kozalaklı ağaçlara evrildiğini göstermişlerdir. Çalışmalarında 616 bç 16S rRNA, 558 bç 18S rRNA, 1338 bç 28S rRNA, 627 bç COI, 431bç Wng ve 1,641bç CAD olmak üzere toplam 5.211bç nükleotid dizisi kullanmışlardır. Cerambycidae'nin tüm alt familyalarına ait dizilerin dış grup olarak kullanıldığı ML ve BI analizlerinde Cerambycinae'nin Prioninae+Parandryinae ile kardeş grup olduğu sonucuna varmışlardır. ML ve BI analizleri sonucunda Cerambycinae alt familyasının iki büyük klada ayrıldığını belirtmişlerdir. Bu kladlardan birisi COCX adını verdikleri Obriini, Stenhomalini, Stenopterini, Thranini, Cleomenini, Phoracanthini (*Nyphasia pascoei*

Lacordaire), Xystrocerini, Callichromatini, Molorchini, Cerambycini ve Pyrestini tribuslarından oluşurken, diğeri ise TCCH adını verdikleri Tillomorphini, Compsocerini, Hylotrupini, Callidiini, Elaphidiini, Callidiopini, Hesperophanini, Trachyderini, Oemini, Phoracanthini (*N. pascoei* hariç), Dichophyiini, Anaglyptini ve Clytini tribuslarını içine almıştır. Callidiini, Callidiopini, Cerambycini, Cleomenini ve Phoracanthini tribuslarının parafiletik oldukları sonucuna varmışlardır.

Çalışmamızdan elde edilen bulgular Callidiini tribusunun polifiletik olabileceğini desteklemektedir. *Ropalopus clavipes* türü CCRC81 kodlu dizi tüm analizlerde Callidiini tribusundan ayrık bir dalda konumlandı. Diğer Callidiini üyeleri olan *Phymatodes* cinsine ait *P. testaceus* (CCPT8-10, CCPT17) ve *P. femoralis* (CCPF113-117) türleri NJ, ML ve BI ağaçlarında birlikte kümeleniler. Mitokondriyal COI ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgeleri ile yapılan analizlerde Clytini tribusu içinde kümelenen, ancak mitokondriyal 16S rRNA ile yapılan analizlerde Callidiini içinde kümelenen *Pyrrhidium sanguineum* (CCPS108, CCPS110, CCPS420-421) türü, tüm diziler birleştirilerek yapılan analizlerde Callidini tribusunun bazalında konumlandı. Türler arası ayrılmalar tüm ağaçlarda yüksek desteklenme değerleriyle gerçekleşen çözülme [*P. sanguineum*+(*P. testaceus*+*P. femoralis*)] şeklinde oldu. Lee ve Lee (2020), Callidiini'nin iki uzak gruba ayrıldığını belirtmişlerdir. Her iki grup için de tip örnekleri olan *Phymatodes testaceus* (Linnaeus) ve *Callidium aeneum* (De Geer)'in dahil olduğu BI ve ML analizlerinde her iki grubun da bazal nodlarının desteklenme değerlerinin çok yüksek olduğunu göstermişlerdir. Filogenetik pozisyonlarındaki uzaklık nedeniyle *Phymatodes* grubunun monofilisini destekleyen morfolojik karakterler bulunduktan sonra bağımsız bir tribus olarak tanımlanması gerektiğini öne sürmüşlerdir.

Linsley (1964), Gressitt ve Rondon (1970) ve Ohbayashi ve Niisato (2007) tarafından çok yakın gruplar, hatta Gressitt (1951) ve Cherepanov (1981) tarafından aynı tribus olarak kabul edilmiş olan Anaglyptini ve Clytini tribusları, Lee ve Lee (2020) tarafından Clytini tribusu *Teratoclytus* cinsi dışında ML ve BI ağaçlarında monofiletik olarak çözümlenmiştir. Ancak *Teratoclytus* cinsi hem ML hem de BI ağaçlarında Anaglyptini ile birlikte, Clytini'ye kardeş klad olarak kümelenmiştir. Bu durumda, şayet Anaglyptini ve Clytini ayrı tribuslarsa Clytini polifiletik, aynı tribuslarsa monofiletik görünmektedir. Bulgularımız, Anaglyptini ve Clytini tribuslarındaki

karmaşık durumun varlığını desteklemektedir. COI gen bölgesi ile yapılan analizlerde *Anaglyptini* tribusundan tek tür olan *Anaglyptus mysticus* (CAAM202-203) her üç ağaçta da *Clytini* tribusu içinde bir dalda konumlanırken, mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesiyle yapılan analizlerde *Clytini*'den *Xylotrechus* cinsinin bazalında konumlandı. Mitokondriyal gen bölgelerinden farklı olarak nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesinin BI analizi *Clytini* tribusunu monofiletik bir klad olarak çözümlendi. Tüm gen bölgelerinin birleştirildiği analizlerde ise *A. mysticus* (CAAM202-203) NJ ağacında *Clytini* tribusundan ayırık bir dalda, ML ve BI ağaçlarında [*Clytus*+*Xylotrechus*] grubunun bazalında konumlandı. Hoshino ve diğerleri (2015), erkek feromon bezlerinin histolojisine ek olarak, COI, ND2 ve 28S rRNA bölgelerini kullanarak *Clytini* tribusundan *Xylotrechus pyrrhoderus pyrrhoderus* ve 11 diğer türü, *Anaglyptini*' den bir türü dış grup olarak kullanarak analiz etmişler, *Xylotrechus*'un tek bir soy hattı üzerinde toplandığını belirlemişlerdir. Bu çalışmadan elde edilen ağaçlarda da benzer şekilde *Xylotrechus* cinsi $\{[(X. rusticus+X. arvicola)+ X. stebbingi] + X. antilope\}$ motifine sahip olmak üzere monofiletik olarak kümelendi. Grebennikov ve diğerleri (2017) de Cerambycinae alt familyasından *Callidiini* ve *Clytini* tribuslarının parafiletik olduğu sonucuna varmışlardır.

Lee ve Lee (2020)'nin öne sürdüğü *Stenopterini* ve *Cerambycini* tribuslarının monofilisini bizim bulgularımız da desteklemektedir. Lee ve Lee (2020)'nin örneklemeinden farklı olarak çalışmamızda analizlere dahil edilen *Trichoferus* cinsi *Hesperophanini* tribusunun polifiletik olabileceğini göstermiştir. Ayrıca *Stromatium auratum* (CHSA198-199, CHSA201) türü de *Purpuricenini* tribusundan *Purpuricenus budensis* (CPPB16, CPPB72, CPPB128)'e affinite göstermiştir. Lee ve Lee (2020), Saito (1993)'nin önerdiği *Purpuricenus*+*Pyrestes* affinitesini reddetmişler, *Purpuricenus*+*Amaryslus* affinitesini önermişlerdir. Bulgularımıza göre *Purpuricenus*+*Stromatium* affinitesi olduğu görüldü. Bulgular arasındaki farklılıklar *Purpuricenus* tribusunun konumunun belirsizliğinin giderilmesinde farklı yöntemlerin denenmesinin gerekli olduğuna işaret ediyor olabilir.

Lee ve Lee (2020)'nin analiz sonuçlarında görülen *Compsozerini* tribusu *Rosalia alphina* ve *Hylotropini* tribusundan *Hylotropes bajulus* kümeleneceği, bu çalışmada da görüldü. *Rosalia alphina* (CCRA77-78, CCRA207) ve *Hylotropes bajulus* (CHHB2-3, CHHB107, CHHB204) haplotipleri ML ve BI analizlerinde yüksek desteklenme

değerleriyle birlikte kümelendiler. Lee ve Lee (2020)'den farklı olarak tropik bir tür olan Phoracanthini tribusundan *Cordylomera spinicornis* (CPCS370) analizlere dahil edilmiş olması, NJ ağacında *R. alphina* ve *C. spinicornis*'in birlikte kümelmesiyle sonuçlandı.

Bu alt familya için Lee ve Lee (2020) ve Wei ve diğerleri (2014) dışında yapılan çalışmalardan hiç birisi intertribal ilişkiler konu edinmemektedir. Çoğunlukla barkodlama, tür sınırları, cins sınırları veya infratribal ilişkileri konu edinmektedirler.

Drag ve diğerleri (2015), *Rosalia alpina*'nın Avrupa popülasyonlarındaki genetik farklılaşmayı mitokondriyal COI ve sekiz nükleer mikrosatelit lokusunu kullanarak belirledikleri çalışmada, bir soyun İç ve Güneydoğu Avrupa'da baskın olduğu ve Doğu-Batı Karpatya sınırında birbirinden farklı iki soy hattının var olduğu sonucuna varmışlardır. Jin ve diğerleri (2019) *Stromatium* cinsinden yeni bir türü tanımladıkları çalışmalarında 421 bç uzunluğunda COI gen dizisinin p-distance metoduyla uzaklık analizlerini yapmışlar, farklı bir grubu temsil eden Avustralya örneklerinin *S. barbatum*'dan %13,56-%14,9 uzaklıkta ve *S. longicorne*'den %6,0-%7,3 uzaklıkta olduğunu belirtmişler ve bu yeni türün morfolojik olarak diğer iki türden farklılıklarını da belirleyerek, *S. darwinense* Jin ve Weir sp.nov. ismini verdikleri Avustralya'ya endemik aday tür ilan etmişlerdir (Erişim numaraları MF939085- MF939091).

ABD limanlarından ithalat esnasında yakalanmış ve ormanlarından örneklenmiş Hesperophanini tribusundan *Trichoferus campestris* bireylerinin mitokondriyal COI, COII, COIII, Cyt *b*, ND2 ve ND4 nükleotid dizilerini kullanarak (Erişim numaraları MN707621-MN707741 ve MN717432-MN718011) tür içi filogenetik analizlerini yaptıkları çalışmada Wu ve diğerleri (2019), 658 bç mitokondriyal COI gen bölgesi için G+C oranını %36,6; polimorfik bölge sayısını (S) 49, parsimoni olarak bilgi verici bölge sayısını (Pi) 35, p-distance modeliyle hesaplanmış maksimum uzaklığı %2,7, her bölge için ortalama polimorfizm oranını 0,074 hesaplamışlardır. Toplam 121 bireyden mitokondriyal COI gen bölgesi için 26, tüm gen bölgelerinin toplamı için 6 tanesi paylaşılan 52 eşsiz haplotip bulmuşlardır. P-distance metoduyla yapılan uzaklık analizinde COI bölgesi için uzaklığın %0-%2,74 arasında, tüm gen bölgeleri için veri setinde %0-%2,16 olduğunu; üç soy arasında net uzaklığın COI için %1,51-%1,79,

tüm veri seti için %1,03-%1,46 arasında olduğunu belirtmişlerdir. ABGD metoduyla sekiz, bPTP analiziyle 24-61 arası mOTU belirlediklerinden bahsetmişlerdir.

Rougerie ve diğerleri (2015), tür içi uzaklıkları *Anaglyptus mysticus* (PSFOR018-13, PSFOR034-13, PSFOR026-13, PSFOR035-13, PSFOR441-13) için %0,00-%0,15; *Callidium aeneum* (PSFOR042-13, PSFOR901-14, PSFOR429-13) için %0,00-%0,48; *Cerambyx cerdo* (PSFOR095-13, PSFOR044-13) için %0,32; *Cerambyx scopolii* (PSFOR439-13, PSFOR023-13, PSFOR045-13) için %0,15-%0,77; *Clytus arietis* için (PSFOR436-13, PSFOR890-14) için %0,15; *Phymatodes testaceus* (PSFOR1051-14, PSFOR445-13, PSFOR431-13) için %0,61-%1,55 *Plagionotus arcuatus* (PSFOR010-13-PSFOR074-13) için %0,00; *Pyrrhidium sanguineum* (PSFOR020-13, PSFOR481-13, PSFOR082-13, PSFOR449-13) için %0,00-%0,43; *Rosalia alpina* (PSFOR311-13, PSFOR086-13) için %0,00; *Trichoferus pallidus* (PSFOR017-13, PSFOR097-13) için %0,00 değerlerini hesapladıklarını bildirmişlerdir. (Parantez içlerindeki kodlar BOLD taksonomi arşivi erişim numaralarıdır). Cins içi uzaklıkların *Trichoferus* spp. için %22,16; *Cerambyx* spp. için %20,36-%3,81; *Chlorophorus* spp. için %1,10-%22,08; *Clytus* spp. için %8,20-%15,69 olduğunu belirtmişlerdir. P-distance metoduyla yaptığımız uzaklık analizleri sonuçlarına göre Cerambycinae alt familyasının COI gen bölgesi için tür içi en yakın mesafe olan %0,15 değeri *Cerambyx dux*, *Trichoferus fasciculatus*; *Chlorophorus varius*; *Cerambyx scopolii Purpuricenus budensis*; *Phymatodes femoralis*; *Phymatodes testaceus*; *Stromatium auratum*, *Xylotrechus antilope* *Clytus arietis* *Clytus rhamni* *Xylotrechus rusticus* arasında paylaşıldı. Tür içi en uzak mesafe *Hylotrupes bajulus* haplotipleri arasında %2,74 olarak hesaplandı. Bu değerler Rougerie ve diğerleri (2015)'nin ve Wu ve diğerleri (2019)'nin hesapladıkları uzaklık değerleriyle uyumlu görünmektedirler.

Torres-Vila ve Bonal (2019) morfolojik olarak birbirlerinden ayrılması zor olan *Cerambyx cerdo*, *Cerambyx welensi* ve *Prinobius myardi* arasındaki ilişkiyi belirlemek için mitokondriyal COI ve 12SrRNA, nükleer 18SrRNA ve 28SrRNA gen bölgelerini analiz etmişlerdir. K2P modeliyle hesapladıkları genetik uzaklığın mitokondriyal COI geni için *C. cerdo* ve *C. welensii* arası %4 olduğunu, tür içi mesafelerin COI için 2%'den düşük, 12S rRNA için %1 civarında ve 18S rRNA için %2 civarında olduğunu; *C. cerdo* ve *C. welensii* bireylerinin aynı nükleer 28S rRNA

geni D3-fragmenti dizisini paylaşması sebebiyle bu bölgenin türler arası ayrımında katkısı olmadığını belirtmişlerdir (Erişim numaraları 12S rRNA geni için MK084974- MK084977 ve 16S rRNA geni için K088074- K088076). Tür sınırlarını GMYC metoduyla ile belirleyip (tür içi mesafeler %1'den az) iki farklı mOTU olduklarını doğrulamışlardır. NJ ve BI ağaçlarında *C. cerdo* Avrupa ve *C. cerdo* İberya olmak üzere kardeş kladlar olarak çözüldüklerini ve hepsinin %100 posterior olasılıkla *C. welensii*'den ayrılmış olduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışmada *Cerambyx* cinsi COI gen dizisi için en yüksek uzaklık değeri *C. dux* ile *C. cerdo* arasında %14,56 olarak hesaplandı. 16S rRNA geni için ise tür içi en uzak mesafe ise *C. dux* türünde %9,9 olarak hesaplandı. Ayrıca 28S rRNA D1-D2 bölgesinin Torres-Vila ve Bonal (2019)'ın D3 bölgesi için belirttiği gibi ayırıcı olmadığı sonucuna varıldı. Cins içi ayrılmalar ise [(*C. cerdo*+*C. dux*)+*C. scopoli*] şeklinde gerçekleşti.

4.4. Lepturinae Alt familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Lepturinae alt familyası, dünyada 1.500'den fazla türe sahiptir. Diğer alt familyalara nazaran küçük olan bu alt familyanın taksonomik sorunları Swaine ve Hopping (1928), Hopping (1937) ve Hopping ve Hopping (1947) tarafından yapılan revizyonlarda tespit edilmiş, ancak çözülememiştir (Linsley ve Chemsak, 1976). Bu alt familya ile ilgili günümüze dek tek moleküler filogenetik çalışma Sýkorová (2008) tarafından 16S rRNA gen dizileriyle yapılmıştır. ML ve BI analizlerinde Lepturini tribusundan türlerin politomik dallar üzerinde konumlandığını, Oxymerini tribusunun ML ağacında ayrık, BI ağacında Rhagiini içinde kümelenildiğini *Cortodera* cinsinin de diğer Rhagiini tribusu üyelerinden ayrı bir dalda konumlandığını göstermişlerdir. Ayrıca dış grup olarak kullandıkları Necydalinae alt familyasından türlerin de politomik bir dalda kümelenildiğini belirtmişlerdir. NJ, ML ve BI analizlerimiz sonucunda tüm gen bölgelerinde olduğu gibi Rhagiini tribusundan *Cortodera flavimana* de ayrı bir dal üzerinde yalnız konumlandı. Diğer tüm Rhagiini ve Lepturini türleri ayrı iki dal üzerinde kümeleniler. Bulgularımız Lepturini ve Rhagiini tribuslarının polifiletik veya parafiletik olduğuna işaret ediyor olabilir. Lepturini filogenisine ilişkin diğer verilerin çoğu barkodlama çalışmalardan elde edilmiştir (Hendrich ve diğ., 2015, Rougerie ve diğ., 2015).

Almanya ve Orta Avrupa'dan örnekleme yapan Hendrich ve diğerleri (2015), *Anastrangalia* cinsinden *A. dubia* ve *A. reyi* arasındaki mesafenin %0 olduğunu bu iki türün mitokondriyal COI barkod bölgesiyle teşhis edilemeyeceğini öne sürmüşler, Amerika limanlarından örnekleme yapan Wu ve diğerleri (2017); Fransa'dan örnekleme yapan Rougerie ve diğerleri (2015) ve hem moleküler hem de morfolojik verilere dayanarak bu iki türün taksonomik pozisyonlarını belirlemeye çalışan Zamoroka ve diğerleri (2019) de aynı sonuçları desteklemişlerdir. Kocaeli'den örneklediğimiz *A. dubia* türüne ait mitokondriyal COI gen dizileri de BLAST analizi sonucunda %99,9 *A. reyi* ile eşleşti. Türkiye, İran, Orta Asya, Çin ve Moğolistan'da da bulunan *A. dubia* ve tüm Avrupa'da yayılış gösteren *A. reyi* için renklenme cinsiyete ve popülasyona özgüdür (siyah, kahverengi ve kırmızı olabilir). Bu iki tür morfolojik olarak çok benzerdir, ancak *A. dubia*'nın başı gözlerin altında köşeli kenarlara sahipken, *A. reyi*'nin yuvarlaktır (Bense, 1995).

Hendrich ve diğerleri (2015) Lepturinae'de tür içi mesafeleri yüksek türler olduğunu ifade etmişlerdir. K2P modeli kullanılarak yapılan uzaklık analizine göre tür içi en yüksek uzaklıkları *Rhagium bifasciatum* için %1,71; *Stenurella melanura* için %3,45; *Stenurella nigra* için %4,28; *Leptura quadrifasciata* için %4,41; *Corymbia rubra* için %3,45; *Corymbia fulva* için %2,49 (sinonimi *Stictoleptura fulva*); *Evodinus clathratus* için %3,07; *Dinoptera collaris* için %2,33 olarak hesaplamışlardır, bizim örneklememizde ise tür içi en uzak mesafe *Rutpela maculata* türünde %3,65 olarak belirlendi. Tipik kırmızı-kahverengi rengi sayesinde kolayca teşhis edilebilen bir tür (Bense, 1995) olan *Corymbia rubra* (Linnaeus, 1758) için Hendrich ve diğerleri (2015) tür içi %3,45 olarak hesapladıkları genetik uzaklığın kriptik türleşmenin göstergesi olabileceğinden bahsetmişlerdir. Bu mesafe *Rutpela maculata*'da kriptik türleşmenin işareti olabilir, ancak bu varsayım bütünleşik taksonomi anlayışıyla sınanmalıdır (Sheth ve Thaker, 2017).

Fransa'nın saproksilik böceklerini barkodlama amacıyla Rougerie ve diğerleri (2015) yaptıkları çalışmada K2P modeliyle uzaklık analizlerine saproksilik olmamalarına rağmen birkaç Lepturinae üyesini de dahil etmişler ve tür içi uzaklıkları *Pseudovadonia livida* (PSFOR989-14, PSFOR154-13) için %3,79; *Cortodera humeralis* (PSFOR446-13, PSFOR025-13, PSFOR121-13) için %0,15-%0,61; *Pedostrangalia revestita* (PSFOR144-13, PSFOR028-13) için %3,01; *Rhagium*

inquisitor (PSFOR435-13, PSFOR880-14, PSFOR083-13) için %0,00; *Rhagium mordax* (PSFOR884-14, PSFOR440-13, PSFOR084-13); *Paracorymbia stragulata* (PSFOR140-13-PSFOR139-13); *Rhagium sycophanta* (PSFOR443-13, PSFOR027-13) ve *Rutpela maculata* (PSFOR450-13, PSFOR451-13) için %0,00; *Stenurella melanura* (PSFOR160-13, PSFOR987-14, PSFOR453-13, PSFOR452-13, PSFOR454-13) için %0,00-%0,33; *Stictoleptura rubra* (PSFOR892-14, PSFOR164-13) için %0,77 değerlerini hesapladıklarını bildirmişlerdir. Cins içi uzaklıkları da *Anastrangalia* spp. için %0,03-%12,84; *Cortodera* spp. için %9,21-%9,74; *Leptura* spp. için %9,16; *Paracorymbia* spp. için %0,93-%17,32; *Pedostrangalia* spp. için %16,24-%16,44; *Rhagium* spp. için %11,39-15,83; *Stenurella* spp. için %15,72-%19,79 *Stictoleptura* spp. için %13,91-%21,67 değerlerini hesapladıklarını bildirmişlerdir (Parantez içlerindeki kodlar BOLD taksonomi arşivi erişim numaralarıdır). Çalışmamızda ise cins içi en yüksek uzaklığın *S. melanura* ile *S. septempunctata* arasında %18,87 olduğu belirlendi. İki tribus arasındaki en uzak mesafe ise *Rhagium* ve *Stenurella* cinsleri arasında %20,40 olarak hesaplandı. Tüm uzaklık hesapları birlikte değerlendirildiğinde, Lepturinae alt familyasında COI gen bölgesinin taksonlar arasında değişik oranlarda farklılaşmış olduğu görülmektedir.

4.5. Spondylidinae Alt Familyasının Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Esas olarak Holarktik olmak üzere Kuzey Yarımküre'de yayılmış olan alt familyanın her taksonomik seviyede ilişkileri tartışmalıdır. Bu alt familyanın diğer tüm alt familyalardan az sayıda taksondan oluşması, sınıflandırılmasıyla ilgili tartışmaların daha açık bir zeminde yapılmasına olanak vermiştir. Napp (1994) ile Wang ve Leschen (2003) Aseminae'yi ve Spondylidinae'den ayrı bir alt familya olarak değerlendirmiş olsalar da bu yaklaşım Bouchard ve diğerleri (2011) ve Monné (2012) tarafından reddedilmiş ve Aseminae, Spondylidinae'nin bir tribusu olarak değerlendirilmiş, Monné ve diğerleri (2017) de bu görüşü desteklemiştir. Monné (2012) ve Monné ve diğerleri (2017)'ne göre bu alt familya 160 tür 32 cinsten oluşurken, Švácha ve Lawrence (2014) yalnızca 20 cinsi ve neredeyse üçte ikisi Asemini tribusu altında yaklaşık 100 türü kabul etmektedir. Spondylidinae'nin ne erginlerinde ne de larvalarında bariz apomorfik karakterler olmadığından sınıflandırılmaları sağlam temeller üzerine oturtulamamıştır (Švácha ve Lawrence, 2014).

Saphanin (Anisarthrini+Saphanini+Atimiini) ve Spondylidin (Spondylidini+Asemini) olmak üzere iki temel dalda toplanırlar (Švácha ve Lawrence, 2014). Yalnızca mitokondriyal 16S rRNA gen dizisi ile yapılan öncül bir moleküler çalışma (Sykorová 2008), bu alt familyanın monofiletik olduğunu ve alt familyanın spondylidin ve saphanin olmak üzere iki temel gruba ayrıldığını destekler. Bousquet ve diğerleri (2009)'ne göre Spondylidin dalı kanattaki servikal skleritlerin veya kama hücrelerinin eksikliği ve ilk evre larvalarında uzun flagelliform pretarsus karakterleri gibi bazı evrensel apomorfilere sahip olsa da Asemini hiçbir apomorfiye sahip değildir. Švácha ve Lawrence (2014)'a göre Spondylidin dalı Spondylidini tribusu açısından parafiletik olabilir.

Haddad ve diğerleri (2018), 522 tek kopya nüklear gene ait hem amino asit hem de nükleotid dizilerini ML ve BI yaklaşımlarıyla analiz etmiş, Asemini ve Spondylidini'nin %100 bootstrap desteği ve 1,0 posterior olasılıkla kardeş klad olduğunu ifade etmişlerdir. Cerambycidae s.l.'yu kapsayan bu çalışmada Spondylidinae alt familyasının temsilcileri olarak yalnızca *Asemum striatum* ve *Spondylis buprestoides* kullanılmıştır. Bu nedenle Spondylidin dalından diğer cinsler arasındaki ilişkiler hakkında bilgi verici değildir. Švácha ve Lawrence (2014)'a göre Spondylidini'nin monofiletikliğini şüpheli kılan toprakaltı kazma (fossorial) davranışa paralel gelişen ergin modifikasyonlarıdır.

Sykorová' (2008)'nın tez çalışması Spondylidinae'nin genetik çeşitliliği ve filogenisi hakkında bugüne dek yapılmış olan tek çalışmadır. Lepturinae başta olmak üzere tüm alt familyalardan örneklerin dahil edilmiş olduğu çalışmada 10 spondylidin tür kullanılmıştır. Yalnızca 16S rRNA gen dizisi kullanılarak elde edilen Minimum Evolution (ME), ML, BI ağaçlarında, Saphanin dalından *Saphanus piceus*, *Oxypleurus nodieri*, *Atimia okayamensis*, *Schurmannia sicula* ve *Anisarthron barbipes* türleri, Spondylidin dalından *Tetropium castaneum*, *Arhopalus rusticus*, *Megasemum quadricostulatum*, *Spondylis buprestoides* ve *Asemum striatum* türlerini kullanmıştır. Saphanin ve Spondylidin dalları Minimum Evolution analizinde %2 desteklenmeyle, Maximum Likelihood ağacında %100 desteklenmeyle, BI ağacında ise 0,53 posterior olasılıkla ayrılmıştır (Sykorová, 2008).

Kocaeli'nden örneklenmiş türlerin dahil olduğu Spondylidin (Spondylidini+Asemini) dalına odaklanan bu tez çalışmasında analizlere Saphanin dalından *Oxypleurus nodieri* dahil edildi. Sistematikteki yeri tartışmalı olan bu takson özelleşmiş 1-2-2 tibial mahmuz (spur) düzenlenmesi, *Pinus* spp. üzerinde beslenme ve erginlerin kışlaması gibi özelliklerinden dolayı Saphanini'den alınıp Atimiini içine taşınmıştır (Gressitt 1951). Çin'de yayılış gösteren *Proatimia pinivora*'ya oldukça benzerdir. Ohbayashi ve Lin'e göre ise bu iki cins muhtemelen sinonimdir (Petr Švácha ve John F. Lawrence'ın kişisel iletişimi, 2014). Sykorová (2008)'nın bulgularına göre *Oxypleurus nodieri* ME ağacına göre %99, ML ağacına göre %86 bootstrap değerleri, BI ağacına göre ise 0,90 posterior olasılıkla göre *Saphanus piceus* (Saphanini) ile kardeştir. Bu çalışmada kısmi mitokondriyal COI geni nükleotid dizisiyle yapılan analizlerde, ML ve NJ ağaçlarına göre Spondylidin dalından düşük desteklenme değerleriyle ayrılmış bir dalda konumlanmıştır. Sykorová (2008)'nin çalışmasında kullanılmış olan diziler veri bankalarına yüklenmemiş olduğundan, analizlerimize dahil etme ve bulgularını karşılaştırma imkânı bulamadık.

Spondylidini tribusu Švácha ve Lawrence (2014)'a göre *Spondylis* Fabricius, *Neospondylis* Sama, *Scaphinus* LeConte olmak üzere üç cinsten oluşmaktadır (Švácha ve Lawrence, 2014). *Spondylis* cinsinin yalnızca eski dünyada, *Neospondylis* cinsinin yalnızca yeni dünyada yayılış gösterdiği kabul edilmektedir (Švácha ve Lawrence, 2014).

Spondylis ve *Neospondylis* larva morfolojileri (Švácha ve Danilevsky 1987), kanat venasyonu (Saalas 1936) ve diğer kanat karakterlerinde (Sama 2005) belirgin farklılıklar gösterdiğinden ilişkilerinin yakınlığı soru işaretleri uyandırmaktadır. Bu çalışmadaki NJ, ML ve BI analizlerine göre, *Spondylis buprestoides* ve *Neospondylis upiformis* yüksek desteklenme değerleriyle çözülen kardeş kladlar oldular.

Megasemum cinsi Palearktik *Megasemum quadricostulatum* ve Nearktik *Megasemum asperum* türlerini barındırır (Monné, 2006; Löbl ve Smetana, 2010; Bezark, 2016; Tavakilian ve Chevillotte, 2020). Sykorová, 2008'e göre *Arhopalus rusticus* ve *Megasemum quadricostulatum* ME ağacında %44, ML ağacında %78 bootstrap desteğiyle, BI ağacında ise 0,99 posterior olasılıkla kardeş kladlardır. Bulgularımızda mitokondriyal COI gen bölgesi kullanılarak üretilen ML ağacında *Megasemum*

asemum Spondylidini tribusu ile birlikte kümelendi. Mevcut sınıflandırmada *Megasemum* cinsinde kabul edilen iki türden birisi *Arhopalus*, bir diğeri *Spondylis* cinslerine yakın olabilir. Bu sonuç *Megasemum* cinsinin Asemini tribusunda kabul edilmesine rağmen (Bouchard ve diğ., 2011; Monné, 2012; Švácha ve Lawrence, 2014) Spondylidini tribusuyla daha yakın ilişkili olabileceğine işaret etmektedir. Bu bulgu genetik ve morfolojik özellikler dikkate alınarak sınanmalıdır; çünkü bu sonuç COI gen bölgesinin coğrafi uzaklıklardan kaynaklanan fazla baz değişiminin (Collins ve Cruickshank, 2013) etkisinden kaynaklanıyor olabilir.

Yalnızca Kocaeli'nden örneklenen bireylerin COI, 16S rRNA ve 28S rRNA D1-D2 gen bölgelerinin birleştirilmesiyle yapılan analizler *Spondylis*, *Arhopalus* ve *Asemum* cinslerinden temsilci türlerle yapıldığından detaylı bir bilgi vermese de Haddad ve diğ. (2018)'nin bulgularındaki *Spondylis* ve *Asemum* cinslerinin birbirlerinden ayrık olduğunu desteklemektedir.

Asemini tribusunun, *Arhopalus* Audinet-Serville, *Asemum* Eschscholtz, *Cephalallus* Sharp, *Megasemum* Kraatz, *Tetropium* Kirby ve *Nothorhina* Redtenbacher cinslerinden oluştuğu kabul edilmektedir (Švácha ve Lawrence, 2014). *Nothorhina* cinsine ait Gen Bankasında, BOLD taksonomi arşivinde ve örneklememizde herhangi bir veri olmadığından bu cins tartışmanın dışında kalmıştır.

Asemum cinsinden *A. tenuicorne* Palearktik, *A. nitidum* Nearktik *A. striatum* Holarktik (Monné, 2006; Löbl ve Smetana, 2010; Bezark ve Monné, 2016) yayılış gösterir. *A. tenuicorne* türü için mitokondriyal COI gen bölgesi dizisi ilk kez bu çalışmada elde edildi. Sykorová (2008)'e göre ME ağacında *Asemum striatum*, *Arhoplus rusticus* ve *Megasemum quadricostulatum* kardeş kladının bazalına yerleşirken, ML ve BI ağaçlarında politomi göstermiştir. Bizim bulgularımıza göre diğ. tüm cinslerden %50'den düşük desteklenme değerleriyle ayrıldı. Wu ve diğ. (2017)'ne göre COI barkod dizilerinden üretilen BI ağacında *Asemum* cinsi ve *Arhoplalus* cinsi kardeş kladlar olarak ayrılmışlardır.

Her ne kadar filogenetik ilişkileri belirlemekten ziyade limanlarda yakalanan örneklerin tür teşhisine odaklanmış olsalar da Wu ve diğ. (2017)'ne göre COI barkod dizilerinden üretilen BI ağacında Spondylidinae alt familyası, *Tetropium* spp. ve Lamiinae arasındaki yakın affiniteden dolayı polifiletiktir. Haddad ve diğ. (2018)

(2018) göre de Spondylidinae ve Lamiinae kardeş kladlardır. Bu bulgular Wu ve diğerleri (2017)'nin COI gen bölgesine dayalı sonuçlarının tesadüfi olmadığını göstergesi olarak değerlendirilebilir.

Arhopalus cinsi Wu ve diğerleri (2017)'nin BI ağacına göre monofiletik değildir ve iki gruba ayrılmıştır. *A. rusticus* ve onunla ilişkili örneklerden oluşan Grup II, Cerambycinae içinde yuvalanmıştır, (Grup II Avrupa menşeli ahşap malzemeler üzerinde yakalanan örneklerdir); diğer Grup I ise *Asemum*'a kardeş kladdır. *Arhopalus* Grup I A. *syriacus*, *A. ferus*, *A. unicolor*, *A. montanus* ve *A. productus* türlerinin yakın akraba olduğunu göstermiştir ve bu türler çoğunlukla Kuzey Amerika ve Asya'dan yapılan gönderilen paketlerde kullanılan ahşap ambalajlarda bulunmuştur. Bizim bulgularımız Wu ve diğerleri (2017)'ni *A. rusticus*'un diğer *Arhopalus* cinsi üyelerinden ayrılmış bir klad olduğunu konusunda desteklemektedir. Bulgularımızda bir istisna vardır: AFE1 haplotipi (Hindistan, MK689187) (Behere ve diğ., yayınlanmamış) *A. ferus* adıyla GenBankasına yüklenmiş olmasına rağmen, diğer *A. ferus* haplotiplerinden ayrıldı. *A. ferus*'un Hırvatistan, Kanarya Adaları, Sardinya, Sicilya, Korsika, Girit, Libya, İngiltere, Yugoslavya, Bosna Hersek, Tunus, Slovenya, Türkiye, Sibiry, Letonya, Kırım, Ermenistan, Azerbaycan, Çek Cumhuriyeti, Estonya, Gürcistan, Slovakya ve Suriye'de yayılış gösterdiği bilinmektedir (Tavakilian ve Chevillotte, 2020). Behere ve diğerleri (yayınlanmamış)'nin Hindistan'dan bildirdiği tür *A. ferus* yayılış alanının dışındadır. Çin, Tayvan, Hindistan'da yayılış gösteren *Cephalallus oberthuri* ve Çin Hindistan Japonya Moğolistan, Myanmar'da yayılış gösteren *Cephalallus unicolor* (Tavakilian ve Chevillotte, 2020)'un yayılış alanı içindedir. Bu durum *A. ferus*'un polifiletik olduğunun ya da Behere ve diğerleri (yayınlanmamış) tarafından yanlış teşhis edilmiş olduğunun işareti olabilir.

Arhopalus (Cephalallus) oberthuri'nin kabul edilen ismi *Cephalallus oberthuri* Sharp, 1905'dir (Tavakilian ve Chevillotte, 2020). Bu türün hangi cinse ait olduğu tartışmalıdır. Chen ve Lin (1981), Hua (2002), Gressitt (1951) ve Pu (1992) *Arhopalus* kabul ederken, Sharp (1905), Niisato (1993) ve Weigel (2012) *Cephalallus* olarak kabul ederler. Bizim bulgularımız bu türün *Cephalallus* cinsinden olduğunu desteklemektedir. *Arhopalus (Cephalallus) unicolor*'un kabul edilen ismi *Cephalallus unicolor* (Gahan, 1906)'dur (Tavakilian ve Chevillotte 2020). Bu türün de ait olduğu

cins tartışmalıdır. Okamoto (1927) *Megasemum* cinsinde ise *M. projectum* olarak isimlendirmiştir. Hua (2002), Xu ve Neng (2010), Gressitt (1951), Gressitt ve Rondon (1970), Hayashi (1961) Pu (1992) *Arhopalus* cinsi içinde kabul etmektedirler. Gahan, (1906) ve Gardner (1942) *Criocephalus unicolor* olarak tanımlamış ancak bu ismin sinonime düştüğü kabul görmüştür (Tavakilian ve Chevillotte, 2020).

Spondylidinae alt familyasının sınıflandırılması ve filogenisi hakkında için günümüze dek yapılan çalışmalar yukarıda bahsedilenlerle sınırlıdır. Ancak genetik çeşitliliğine değinen çalışmalar da vardır. Sykorová, 2008'e göre 16S rRNA geni nükleotid dizisinin 508 bç için G+C oranı *Spondylis buprestoides* türünde %23,5'tur. Bizim bulgularımıza göre 555 bç için %24,9'dur. Sykorová, (2008)'ya göre *Arhopalus rusticus* türü için (508 bç) %22,9; bizim bulgularımıza göre (555bç) 24.5%'dir. Diğer türlere ait her iki çalışmada da ortak olan diziler olmadığından kıyaslama yapılamamıştır.

Rougerie ve diğerleri (2015)'nin K2P modeliyle yaptıkları uzaklık analizlerinde *A. rusticus* (PSFOR107-13) ve *A. ferus* (PSFOR106-13) arası uzaklığı %17,35; *A. syriacus* (PSFOR108-13) ve *A. ferus* (PSFOR106-13) arası uzaklığı %18,15; *A. syriacus* (PSFOR108-13) ve *A. rusticus* (PSFOR107-13) arası uzaklığı %2,02 olarak hesaplamışlardır. Benzer şekilde Wu ve diğerleri (2017) COI geni için *Arhopalus* cinsinde düzeltilmemiş p-distance değerleri, örnekledikleri diğer türler arasındaki mesafeleri aşarak %12,9 ile %17,4 arasında değişmiştir. Kocaeli'nden örneklenmiş olan *Arhopalus spp.* p-distance yöntemiyle hesaplanmış olan *A. ferus* ile *A. syriacus* arasındaki mesafenin %11,7, *A. ferus* ile *A. rusticus* arası mesafenin %16,2 ile %15,5 arasında, *A. syriacus* ile *A. rusticus* arası mesafenin %16,1 ile %15,5 arasında olduğu görüldü. Rougerie ve diğerleri (2015) Sponylidin dalından iki *Asemum striatum* arası mesafeyi %1,5 (PSFOR040-13, PSFOR041-13) ve iki *Tetropium castaneum* arası mesafeyi %0 (PSFOR166-13, PSFOR432-13) bulmuşlardır (Parantez içlerindeki kodlar BOLD taksonomi arşivi erişim numaralarıdır). Ancak bizim örneklemimizde bu türler bulunmamaktadır.

4.6. Ekonomik Öneme Sahip Taksonların Genetik Çeşitliliği ve Filogenisi

Doğal yayılış alanları dışında popülasyon kurmuş Cerambycidae üyelerinin çoğu, insanlar tarafından yanlışlıkla tomruk, kereste, ahşap ambalajlar veya canlı bitkiler içinde taşınmıştır (Haack, 2006; Haack ve diğ., 2010; Haack ve diğ., 2014; Brockerhoff ve diğ., 2014; Rassati ve diğ., 2016). ABD limanlarında 1984-2008 yılları arasında yakalanan toplam cerambycid sayısının 3.483 olduğunu bildiren Haack ve diğerleri (2014), en az cins düzeyinde teşhis edilebilen 2.655 tanesinin 46 Cerambycinae, 28 Lamiinae, 2 Lepturinae, 4 Prioninae ve 4 Spondylidinae alt familyalarından olmak üzere toplam 84 cinsle ait olduğunu bildirmişlerdir. Wu ve diğerleri (2017), 2012-2015 yılları arasında Amerika limanlarında yakaladıkları Cerambycinae, Lamiinae, Lepturinae ve Spondylidinae alt familyalarından toplam 275 bireyin 149 tanesinin zararlı veya potansiyel zararlı olduğunu belirtmişlerdir. En çok giriş yapan cinslerin *Arhopalus* (106 birey), *Monochamus* (48 birey), *Trichoferus* (29 birey), *Xylotrechus* (22 birey), ve *Tetropium* (19 birey), cinslerine ait olduklarını belirtmişlerdir.

Çakmak ve diğerleri (2019), Kocaeli limanlarının yüksek ticaret hacmi ve Marmara Havzası'nın coğrafi özelliklerinin istilacı türlerin yayılması için uygun olduğunu belirtmişlerdir. Özdikmen ve Atak (2017) 2015 ve 2016'da Kamerun'dan iroko ve sedir kokoti ağaçları üzerinde Kocaeli limanlarına gelen *Phrynetta leprosa* (Fabricus, 1775) (Lamiinae) bireylerini yakaladıklarını bildirmişlerdir. Çakmak ve diğerleri (2020) Kocaeli'nden yaptıkları *Rhagium inquisitor* (Lepturinae) türünün mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı çalışmalarında, kereste depolarından topladıkları örnekler arasında Avrupa'da yayılış gösteren bir haplotipi tespit ettiklerini bildirmişlerdir. Bu bulgular göz önüne alındığında, dünya ticareti ve seyahatinin bir sonucu olarak gelecekte çok daha fazla cerambycid türünün kendi doğal alanlarının dışında yerleşik hale gelme olasılığı büyüktür (Brockerhoff ve diğ., 2014).

Guimapi ve diğerleri (2020)'nin tarım zararlısı istilacı *Tuta absoluta* (Meyrick). (Lepidoptera: Gelechiidae)'nin Asya'yı istilasını mekân-zaman modellemesine dayanarak araştırdıkları çalışmalarında bu türün 2009 yılında ilk kez Türkiye'de tespitinden sonra 2017 yılına dek Afrika'yı tamamen istila edip, 2018 yılında ise Asya'nın Güneydoğusuna ulaştığını bildirmişlerdir. Doğal koşullarda 20 yıldan daha

uzun sürmesi gereken yayılışın bu kadar kısa zamanda gerçekleşmesinin sebebini mahsul nakliyesi ve insan hareketlerine bağlamışlardır. Guimapi ve diğerleri (2020) Çakmak ve diğerleri (2020) ve Özdikmen ve Atak (2017) çalışma alanımızın istilacıların yayılması açısından önemini ortaya koymaktadır.

Cordylomera spinicornis, Afrika kıtasına özgü, tüm kıtaya yayılmış bir türdür. (Duffy 1957; Duffy, 1980). Doğal yayılış alanında Meliaceae familyasındaki türleri istila eden bu tür ayrıca *Acacia*, *Baphia*, *Celtis*, *Funtumia*, *Guarea*, *Lasiodiscus*, *Teclea* ve *Theobroma* cinslerindeki ağaçları da istila edebilmektedir (Duffy 1957; Duffy 1980). *C. spinicornis* henüz Afrika dışında yayılış göstermiyor olsa da erginleri doğal yayılış alanı dışındaki ülkelere girerken yakanmışlardır. Örneğin O'Connor ve Nash (1984) İrlanda'ya girerken yakalandığını, Cocquempot ve Mifsud (2013), Avrupa'ya girerken ithal keresteler üzerinde yakalandığını, Rassati ve diğerleri (2015), İtalya'da liman yakınında bir kasabada tuzakla yakalandığını bildirmişlerdir. Raju ve diğerleri (2019), bu türün Hindistan'a girerken de yakalandığını belirtmiştir. Bu çalışmada, Özdikmen ve diğerleri (2017) tarafından Kocaeli'nde limandan yakalanmış olan *Cordylomera spinicornis* bireylerinin barkodlaması yapılmıştır. Özdikmen ve diğerleri (2017) *Cordylomera* spp.'nin Lamiinae altında olduğunu ileri sürmüş olmasına rağmen bu türün taksonomideki yeri Cerambycinae alt familyasının Phoracanthini tribusundadır (Duffy 1957; Adlbauer,1999). Bu tür için GBCLC946-19 ve GBCLC947-19 dizileri (Zheng ve diğ., yayınlanmamış) BOLD taksonomi arşivine yüklenmiştir ancak 500 bç'den kısa dizilerdir. Bu çalışmada ilk kez tüm barkod dizisi belirlenmiştir. Diğer ekonomik önemi yüksek taksonlar, son yıllarda taksonomik tartışmaları yoğunlaşmış olan *Leiopus* cinsi, mobilyalardan gelen seslerin sorumlusu olan *Hylotrupes bajulus* ve uluslararası hareketliliğiyle gündemde olan *Arhopalus* cinsidir.

4.6.1. *Leiopus* Audinet-Serville, 1835

Leiopus cinsi, Palaearktik bölgenin çoğunda bulunur (Löbl ve Smetana, 2010; Danilevsky, 2012). Wallin ve diğerleri (2012) Çin'den tanımladıkları son altı türü yeni tanımladıkları *Carinopus* alt cinsi içinde değerlendirmişler ve toplam tür sayısını 26'ya yükseltmişlerdir. Avrupa'da *L. femoratus*, *L. linnei*, *L. nebulosus*, *L. punctulatus* ve *L. settei* türleri yayılış gösterir (Danilevsky, 2012).

Leiopus nebulosus, renklenme, elitradaki noktaların desenlenmesi ve boyutları oldukça fazla varyasyon gösteren bir tür olarak bildirilmiştir (Bense 1995; Cherepanov 1991; Sama 2002; Villiers 1978; Vives 2000). Aynı zamanda hem yaprak döken hem de iğne yapraklı ağaçlar dahil olmak üzere çok çeşitli konukçusu olan polifaj bir tür olduğu belirtilmiştir (Demelt, 1966; Bense, 1995; Sama, 2002; Heliövaara ve diğ 2004). Sama (2002), popülasyonlar arasındaki morfolojik farklılıkların coğrafi dağılımının geniş olmasıyla ilişkili olduğunu belirtmiştir. Mayr ise bu türün türleşme sürecinde başarısız olduğu hipotezini öne sürmüştür (Mayr,1979).

Wallin ve diğerleri (2009) tek tür olduğu zannedilen *L. nebulosus*'u genitalya morfolojisi ve mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı analizlerle iki türe ayırmışlardır. Morfolojik analiz yaptıkları örneklerini İskandinavya'dan, Akdeniz çevresinden ve İngiliz adalarından toplamışlar ve müze örneklerini de değerlendirmişlerdir. *L. nebulosus* ve *L. linnei*'nin teşhisinde erkek genitali ve dişilerde spermatekanın sklerotize kısmının ayırt edici özellikler olduğunu, baş ve pigidium şeklinin karşılaştırılması da yardımcı özellikler olarak değerlendirilebileceğini ancak bu özelliklerin bireyler arasında varyasyon gösterebileceği belirtmişlerdir. Rossa ve diğerleri (2017) bu iki türün arka kanat morfolojisiyle ayrılabilirliğini öne sürmüşler, yaygın olan türün *L. linnei* olduğunu belirtmişlerdir. Wallin ve diğerleri (2009), DNA analizi için ise yalnızca İsveç'ten farklı ağaç türleri üzerinden topladıkları larvalardan DNA izolasyonu yaparak COI barkod bölgesine ait dizilerin (Erişim numaraları EU436850-EU436854) ve p-distance metoduyla Neighbor-Joining ve ikili uzaklık analizlerini yapmışlardır. *L. linnei* ve *L. nebulosus*'un %95 bootstrap desteğiyle ayrılmış olduğunu ve iki tür arasındaki genetik uzaklığın %11,5 olduğunu belirtmişlerdir. Dış grup olarak kullandıkları aynı bölgeden toplanmış olan *L. punctulatus*'un *L. nebulosus* ile arasındaki uzaklığın %15,7; *L. linnei* ile arasındaki uzaklığın %13,5 olduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışmada Kocaeli'nden toplanan örnekler arasında morfolojik olarak *L. nebulosus* ve *L. linnei* olarak teşhis edilmiş olan türlerin, COI gen bölgesinde varyasyon görülmemiştir. Bu durum türler arası üreme izolasyonu olmadığından, bireyler arası morfolojik varyasyondan veya iki tür arasında, her iki türe ait ayırıcı morfolojik karakterleri taşıyan üçüncü bir türün varlığından kaynaklanıyor olabilir. Haplotip analizi göstermiştir ki, Pentinsaari ve diğerleri (2014) tarafından Finlandiya'dan ve Wallin ve diğerleri (2009) tarafından İsveç'ten *L.*

nebulosus olarak bildirilen haplotip, Almanya'dan Hendrich ve diğerleri (2015) tarafından *L. linnei* olarak bildirilmiştir.

P-distance yöntemi ile hesapladığımız, *L. linnei* türüne ait %0,02 değeri Wallin ve diğerleri 2009'nin hesapladığı değerlere uygundur, ancak beklenenin aksine *L. linnei* türüne ait en yüksek uzaklık değeri %12,1'dir. Bu değer, Pentinsaari ve diğerleri (2014)'nin Estonya'dan bildirdiği COLFG057-13 ve COLFG058-13 BOLD erişim numaralı diziler ile Rulik ve diğerleri (2017)'nin Almanya'dan bildirdiği GCOL3730-16 ve Hendrich ve diğerlerinin (2015)'nin Avusturya'dan bildirdiği GBCOU2555-13 erişim numaralı diziler arasında hesaplandı. ABGD analizi bu türün barkod aralığını 0,073 olarak hesapladı ve haplotipleri iki tür grubuna ayırdı. İstatistiksel parsimoni ağına göre Estonya'dan LLI1'in tek bağlantısı Almanya'dan LNE1 ile oldu ve bu iki haplotip, diğer grup üyelerinden 66 mutasyonluk mesafede konumlandılar. Almanya'dan *L. linnei* Finlandiya'dan *L. nebulosus* olarak bildirilmiş olan LNI1 haplotipi ise yalnızca *L. linnei* grubu ile bağlantılıydı. Kocaeli'nden LNE2 haplotipi de yalnızca *L. linnei* ile ilişkiliydi. Bulgularımız Wallin ve diğerleri (2009)'nin belirttiği gibi en az iki tür olduğuna, ancak morfolojik karakterlerin tanımlanması veya kullanılmasında sorunlar olduğuna işaret ediyor olabilir.

4.6.2. *Hylotrupes bajulus* (Linnaeus, 1758)

Hylotrupes bajulus, evlerimizde mobilyalardan gelen seslerin sorumlusudur, larvaları sert odunla beslenir ve galerilerinden dökülen ince tozlar oluşturur. Avrupa ve Kuzey Afrika'ya özgüdür ancak Arjantin, Avustralya, Brezilya, Çin, Madagaskar, Güney Afrika, Uruguay ve Amerika Birleşik Devletleri de dahil olmak üzere dünyanın birçok başka ülkesine taşınmıştır (Duffy, 1968; Grimm, 2005). Duffy (1968) *Abies*, *Picea*, *Pseudotsuga*, *Acacia*, *Alnus*, *Corylus*, *Juglans*, *Populus*, *Quercus* ve *Tamarix* cinslerinde sert ağaçları istila ettiğini, Bense (1995) olgun iğne yapraklı ağaçları, özellikle *Pinus*'u tercih ettiğini belirtmiştir. Mobilyaların yanı sıra çatı kaplaması, çerçeve ve döşeme tahtalarında ciddi hasara neden olabilir (Duffy 1968; Baker 1972; Cannon ve Robinson, 1981).

İlginç bir şekilde bu türün genetik çeşitliliğini, filocoğrafik veya filogenetik ilişkilerini konu alan Castalanelli ve diğerleri (2013) dışında başka bir çalışmaya rastlanmamıştır. Castalanelli ve diğerleri (2013), 2004 yılında Avusturalya'nın Kuzey'ine yayılan *H.*

bajulus'un kökenini bulmak ve popülasyon yapısını incelemek için 14 yurtdışından, 156 yerli örnekten 1003 klonlanmış nükleer ribozomal ITS1 dizisi ve 170 mitokondriyal COI dizisini analiz etmişlerdir. ITS1 bölgesi %94 oranında polimorfik olduğundan temel bileşen analizi yaparak belirledikleri sekiz bilgi verici tek nükleotid polimorfizmi ve yedi mikrosatellitten 119 farklı ITS1 haplotipi bulmuşlardır. Buna karşılık yalnızca dört COI haplotipi belirlemişlerdir. Bulgularına göre ikisi aynı mitokondriyal haplotipi paylaşan ancak farklı ITS1 haplotipleri olan en az üç bağımsız istila olmuştur. Veri kümelerini türün yayılma kapasitesini tahmin etmede kullanmışlar ve >14 km alana dağılma kabiliyetine sahip olduğunu belirtmişlerdir.

Castalanelli ve diğerleri (2013), dört mitokondriyal COI gen bölgesi haplotipinde 17 tanesi parsimoni olarak bilgi içeren 25 polimorfik bölge tespit etmişlerdir. Bu çalışmada 9 COI gen bölgesi haplotipi için 134 ayırıcı baz pozisyonunda tespit edilen 145 mutasyondan 26 tanesinin parsimoni olarak bilgi verici olduğunu tespit ettik. Castalanelli ve diğerleri (2013) gen dizilerini mtDNA kalıbının 3' ucundan çoğalttıklarından bizim dizilerimizle hizalayıp analizlere dahil edemedik.

Castalanelli ve diğerleri (2013) Almanya, Avusturya ve Danimarka haplotipleri ile aralarında çok az mitokondriyal ve ITS1 varyasyonu olan bir haplotipin hem geniş dağılış gösterdiğini hem bir Amerika'dan taşınmış bir bireye hem de İngiltere'den ithal edilmiş mobilyalardan toplanan bireylere ait olduğunu belirtmişlerdir.

Bu çalışmada HBU3 olarak adlandırılmış olan haplotip, Türkiye (Kocaeli CHHB204), Fransa (CICRP109-15), Yunanistan (CICRP251-15) ve Almanya, GBMNB25641-20, COL2349-16) olmak üzere 4 ülke tarafından paylaşılan haplotiptir. Castalanelli ve diğerleri (2013)'ne benzer şekilde, bu çalışmada da Avrupa kökenli olması muhtemel bir haplotip bulunmuştur. Bu türün COI gen bölgesi ile yapılan analizlerde evrimleşmesi dikotomik modele uygun görünmektedir. Ayrıca tüm analizlerde aynı kümelenmeyi göstermiş olan haplogrupların lokalite bakımından heterojenitesi bu türün ülkeler arasında geçiş yaptığının bir göstergesi olarak değerlendirilebilir.

4.6.3. *Arhopalus* Serville, 1834

Arhopalus cinsinin doğal yayılış alanı Kuzey Yarımküre olmasına rağmen gittikçe tüm biyocoğrafik bölgelere dağılmaktadır (Aurivillius, 1912; Linsley, 1962; Chemsak ve Linsley, 1965; Hua, 1982; Bense, 1995, Haack ve diğ., 2014, Wu ve diğ., 2017). *Arhopalus* spp.'nin *Pinus* (çam) ağaçları için tüm dünyada tehlike teşkil ettiği yıllar önce bildirilmeye başlanmış olmasına rağmen (Linsley, 1962; Duffy, 1968; Bradbury, 1998) ciddi bir orman zararlısı olarak ele alınmalarına yakın geçmişteki popülasyon patlamaları neden olmuştur (Ciesla, 2011).

Adlbauer (2001) *Arhopalus fesus*'un Namibiya'ya, Wang ve Leschen (2003) *A. fesus*, *A. rusticus* ve *A. syriacus* türlerinin Avustralasya Bölgesi'ne, López ve diğerleri (2008) *A. fesus* ve *A. rusticus* türlerinin Arjantin'e taşındığını bildirmiştir. ABD limanlarında Haack ve diğerleri (2014)'ne göre 1984-2008 yılları arasında yakalanan 1105 Spondylidin'den 637 tanesi, Wu ve diğerleri (2017)'ne göre de 2012-2015 yılları arasında yakalananlardan ise 106 tanesi *Arhopalus* cinsindedir. Bu cinsin en yaygın türleri olan *A. fesus*, *A. rusticus* ve *A. syriacus* türleri bu çalışmada Kocaeli'nden örneklenmiştir.

Analiz edilen veri setinde *A. rusticus* için Kocaeli'nden 20 bireyde 17 haplotip tespit edilirken, BOLD taksonomi arşivinden elde edilen dizilerle Kocaeli örneklerinin birleştirilmiş olduğu veri setinde ise 49 bireyde 46 haplotip olduğu belirlendi. *A. syriacus* için bu çalışmadan 3 bireyin yanı sıra, Wu ve diğerleri (2017)'nin bildirdiği iki birey de (GBCLC680-19, GBCLC681-19) Türkiye'den yapılan ihracat sırasında Amerika limanlarına yakalanmıştır. *A. fesus* için doğal yayılış alanı dışından Hindistan'dan bildirilen (Behere ve diğ., yayınlanmamış) haplotipin filogenetik analizlerde *A. fesus*'dan ayrı, diğer türlerin tabanında konumlanmış olması, türün yanlış teşhis edilmiş olma olasılığını düşündürmektedir. Kıtalar arasında geçişi birçok yazar tarafından (Aurivillius, 1912; Linsley, 1962; Bense, 1995, Haack ve diğ., 2014, Wu ve diğ., 2017) bildirilmiş olmasına rağmen, beklenenin aksine paylaşılan bir *Arhopalus* haplotipi tespit edemedik.

Rougerie ve diğ., (2015) Fransa'dan örnekleriyle K2P modeli kullanarak yaptıkları genetik uzaklık analizlerinde *A. rusticus* (PSFOR107-13) ve *A. fesus* (PSFOR106-13) arası mesafeyi %17,35; *A. syriacus* (PSFOR108-13) ve *A. fesus* (PSFOR106-13) arası

mesafeyi %18,15; *A. syriacus* (PSFOR108-13) ve *A. rusticus* (PSFOR107-13) arası mesafeyi %2,02 bulmuşlardır (Parantez içlerindeki kodlar BOLD taksonomi arşivi erişim numaralarıdır). Benzer şekilde Wu ve diğerleri (2017) p-distance modeli kullanarak yaptıkları analizde türler arası mesafenin %12,9 ile %17,4 arasında değiştiğini belirtmişlerdir. Kocaeli'nden örneklenmiş olan *Arhopalus* türleri arasında p-distance modeliyle hesaplanmış genetik uzaklık bulguları incelendiğinde *A. ferus* ile *A. syriacus* arasındaki mesafenin %11,7, *A. ferus* ile *A. rusticus* arası mesafenin %16,2 ile %15,5 arasında, *A. syriacus* ile *A. rusticus* arası mesafenin %16,1 ile %15,5 arasında olduğu görülmektedir.

Kocaeli ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen dizilerin birleştirildiği veri seti değerlendirildiğinde *A. ferus* 'un tür içi genetik uzaklıklarının %0,9-%13,2' in arasında değiştiği görüldü. Coğrafi açıdan yakın, Avrupa ve Türkiye örnekleri arası mesafenin %0,9-%1,1 arasında olduğu Hindistan'dan bildirilmiş haplotipin diğer haplotiplere uzaklığının %13,2 olduğu görüldü. *A. rusticus*'un tür içi uzaklık değerleri ise bu çalışmadan elde edilmiş diziler arasında %0,2-%1,7; BOLD taksonomi arşivinden elde edilen dizilerle birleştirilmiş veri setinde %0,2-%3,5 arasında değişti. ABGD analizleri bu türü yalnızca bir tek grup olarak belirlerken, NJ, BI ve ML ağaçlarında da tüm haplotipler birlikte kümelendiler. Bulgularımız *A. rusticus* için tür sınırlarının Hebert ve diğerleri (2004) ve Ratnasingham ve Hebert (2007)'in ileri sürdüğü %1, Hebert, Ratnasingham ve deWaard (2003)'in ileri sürdüğü %2 eşik değerlerinden farklı olarak en az %3,5 olduğuna işaret ederken Hebert ve diğ., (2003); deWaard ve diğ., (2005) ve Hajibabaei ve diğerlerinin (2006)'nin kabul ettiği gibi nadir bir durum olan %2'den fazla olduğu bulgusuyla örtüşmektedir.

Wu ve diğerleri (2017)'nin BI ağacına göre *Arhopalus* cinsi monofiletik değildir ve iki gruba ayrılmıştır. *A. rusticus* bir grup, *A. syriacus*, *A. ferus*, *A. unicolor*, *A. montanus* ve *A. productus* türleri ise başka bir gruptur. Bizim bulgularımız Wu ve diğerleri (2017)'nin öne sürdüğü *A. rusticus*'un diğer *Arhopalus* cinsi üyelerinden ayrılmış bir klad olduğu fikrini desteklemektedir. Öte yandan, *A. rusticus*'da tür içi politomiler kısmi COI gen bölgesinin dizi kısalığı ve varyasyon miktarının azlığı nedeniyle yeterli sinapomorfik karakterlere sahip olmamasından (Simon ve diğ., 1994) ve/veya ortak atalara ait gen dizilerinin analize dahil edilememesinden (Townsend ve Lopez-Giraldez, 2010), ve/veya kullanılan analiz tekniklerinin yetersiz kalmasından

kaynaklanmış olabilir (Lewis ve diğ., 2005; Sayyari ve Mirarab, 2018). Ayrıca bu durum evrimleşmenin dikotomik şekilde değil, devam eden gen akışının belirtisi olan retiküler şekilde veya dar boğaz etkisine işaret eden ışımsal şekilde gerçekleştiğine işaret ediyor olabilir (Wollenberg ve diğ., 2019; Richards ve diğ., 2019).

4.7. COI Barkod Dizilerinin Kullanımında Karşılaşılan Kısıtlayıcı Faktörler

COI barkod dizilerinin gıda güvenliği (Hanner ve diğ., 2011), küresel biyogüvenlik (Günay ve diğ., 2015; Boykin ve diğ., 2012), biyoçeşitliliğin korunması ve tür etkileşimlerinin incelenmesi (Ficetola ve diğ., 2020) gibi güncel sorunların çözümünde kullanımı özellikle son 20 yılda kabul görmüştür. Faydalarının yanında kullanımını sınırlandıran faktörler de vardır (Collins ve Cruickshank, 2013). Yakın geçmişte türleşme, parafilin yaygınlığı, meleleşme, taksonomik belirsizlikler ve *Wolbachia* gibi endosimbiyotik bakterilerin neden olduğu yüksek enfeksiyonlar, yeryüzündeki zengin biyoçeşitliliğin çok az bir kısmının ulaşılabilir olması DNA barkodlama performansını olumsuz etkileyebilen faktörler olarak değerlendirilmişlerdir (Aikawa ve diğ., 2009; Cameron ve diğ., 2006; Meier, 2008; Moritz ve Cicero 2009; Whitworth ve diğ., 2007; Funk ve Omland 2003; Smith ve diğ., 2008). Bu çalışmada karşılaşılan kısıtlamalar ise BOLD ve Gen Bankasında depolanmış yanlış teşhisli örnekler, sinonimlerin ve yazım hatalarının bağımsız bir türmüş gibi arşivlenmiş olması, düşük kaliteli dizileme sonuçlarının ve barkod bölgesi dışındaki dizilerin yeni BIN veya mOTU olarak değerlendirilmiş olması, *Wolbachia* enfeksiyonları, melez bireyler, yüksek tür içi ve düşük türler arası genetik uzaklıklar, veri bankalarında kayıtlı cerambycid türü sayısının sınırlı olması, COI geninin evrimleşme hızının türleşme hızına her zaman paralel olmaması (Collins ve Cruickshank, 2013) gibi sorunlardır.

Yanlış teşhisli türlere örnek olarak, BLAST araması sırasında %99,7 *A. rusticus* türüne ait diziyile eşleşmiş olan BOLD taksonomi arşivinde GBMIN39970-13, Gen Bankasında GU003935 erişim numarası altında kayıtlı olan bir *Tetropium castaneum* dizisi verilebilir. An ve diğerleri (yayınlanmamış) tarafından Rusya'dan yüklenmiş olan bu dizinin daha önce de *Arhopalus rusticus* örnekleriyle %99,4 eşleştiği bildirilmiştir (Wu ve diğ., 2017) Ayrıca Wu ve diğerleri (2017) BLAST araması sonucunda %98,6 dizi eşleşmesi olan bir *A. syriacus*'un varlığından bahsetmişler ve

T. castaneum ile *A. syriacus* örneklerinin daha önce yanlış bildirilmiş diziler olması gerektiği fikrine varmışlardır.

Sinonim hatalarına örnek olarak *Spondylis upiformis* türü adı altında BOLD taksonomi arşivinde Alaska'dan bildirilen GBCLC2081-19, UAMIC660-13, UAMIC661-13 erişim numaralı dizi kayıtları verilebilir. Bu türün binomiyal ismi *Neospondylis upiformis* Mannerheim, 1843 olarak kabul edilmiş olup *Spondylis upiformis* Sama, 1912 ismi sinonime düşmüştür (Sama, 2005; Bezark ve Monné, 2016; Löbl ve Smetana, 2010). Bu nedenle taksonomi arşivindeki kayıtlar *Spondylis* cinsinden *Neospondylis* cinsi altına taşınmalıdır. Öte yandan bu türün kayıtlı COI nükleotid dizisi barkod dizisi dışında olduğundan, diğer *N. upiformis* dizileriyle hizalanamamış ve analizlere dahil edilememiştir. Benzer bir problem Wu ve diğerleri (2017) tarafından da fark edilmiştir. Bir örneklerinin, %99,4 oranında tek bir *Arhopalus unicolor* ve %98,8'de iki *Cephalallus oberthuri* ile eşleşmiş olduklarından bahsetmiştir. Kendileri de *A. unicolor* ismiyle (GBMIN48454-17, KY357742; GBMIN48453-17, KY357746) bildirimde bulunmuşlardır. Ancak *Arhopalus unicolor*'un kabul edilen ismi *Cephalallus unicolor* (Gahan, 1906)'dur (Tavakilian ve Chevillotte, 2020). Sinonim hatalarından kaynaklanan sorunlara verilebilecek diğer örnekler BOLD taksonomi arşivi kayıtlarında *Arhopalus unicolor* ve sinonimi *Cephalallus unicolor*'un farklı iki tür, *Trichoferus campestris* sinonimi *Hesperophanes campestris* farklı iki tür, *Monochamus urussovi* [Fischer von Waldheim] ve yazım yanlışı olan *Monochamus urussovii*'nin iki farklı tür olarak kaydedilmiş olmasıdır.

Başka bir önemli sorun dizilerdeki belirsiz bazlardır. *Tetropium cinnamopterum* türü COLAT016-08, *Asemum nitidum* türü CERPA061-08 ve *Tetropium parvulum* UAMIC1091-13, *Stenurella senni* PSFOR1138-17, PSFOR162-13, *Stenurella bifasciata* PSFOR159-13 erişim numaralı örneklerin konsensüs dizilerinde belirsiz bazlar bulunmaktadır. *Arhopalus rusticus* türü CERLF007-08 dizisi yeni bir mOTU temsilcisi olarak arşivlenmiş olmasına rağmen, farklılığın sebebi ileri ve geri yöndeki kromatogramları örtüşmemesi ve düşük kromatogram kalitesidir. Bunun gibi örnekler hem Gen Bankasında hem de BOLD taksonomi arşivinde sayılamayacak kadar çoktur.

Torres-Vila ve Bonal (2019), morfolojik olarak birbirlerinden ayrılması zor olan *Cerambyx cerdo*, *Cerambyx welensi* ve *Prinobius myardi* arasındaki ilişkiyi belirlemek için yaptıkları COI, 12SrRNA, 18SrRNA ve 28SrRNA'ya dayalı çalışmalarında üç larvanın yanlış barkodlandıklarını farketmişler ve bu iki tür arasında laboratuvar ortamında yaptıkları interbreeding çalışmaları sonucunda, iki türün çiftleşip verimli döl verebildiklerini bildirmişlerdir. Bu durumu barkodlamanın tür teşhisinde yanlış sonuçlar verebileceğinin göstergesi olarak değerlendirmişlerdir. Solano ve diğerleri (2013), *Morimus*'un cins içi ilişkilerini araştırdıkları çalışmalarında nükleer belirteç dizilerde belirledikleri farklı iki türde olan alellerden gelmiş olan heterozigotluğu interfertilite olarak yorumlamışlardır. Çalışmamızda genetik uzaklık hesaplaması sonucunda *A. syriacus*'a ait ayırıcı morfolojik özellikleri taşıyan bir bireye ait COI gen bölgesi dizisinin konspesifik haplotiplere uzaklığının %16, *A. rusticus* haplotiplerine uzaklığının %0,8-%0,3 arasında olduğunu gördük. Bu durum morfolojik olarak *A. syriacus* türünün, *A. rusticus* türüne ait mitokondriyal genom taşıdığına göstergesi olabilir. Ancak gerçekten bir melezleşme olup olmadığını belirlemek için bu türler arası dölleme laboratuvar ortamında ya da doğada gözlenmelidir (Dojnov ve diğ., 2011).

Yüksek tür içi uzaklıklar ve düşük türler arası uzaklıklar da barkod dizilerin kullanımını sınırlayıcı bir faktör olarak karşımıza çıkmaktadır. Rougerie ve diğerleri (2015), K2P modeliyle hesapladıkları tür içi genetik uzaklığın Lepturinae'den *Alosterna tabacicolor* için %11,2; *Tetrops praeustus* için %11,8 olduğunu Çakmak ve diğerleri (2020) da *Rhagium inquisitor* için Amerika kıtası ve Avrasya örnekleri arasında uzaklığın %10,9'a ulaştığını bildirmişlerdir. Hendrich ve diğerleri (2014), *Anastrangalia dubia* ve *A. reyi* türlerinin DNA barkodlarıyla ayırt edilemeyeceğini ileri sürmüşler, Rougerie ve diğerleri (2015), bu iki tür arası uzaklığın %0,47 olduğunu ve geçmiş veya devam eden hibridizasyon yoluyla introgresyon veya düşük seviyede sonuçlanan yeni türleşme söz konusu olabileceğini düşündüklerinden bahsetmişlerdir. Hendrich ve diğerleri (2014) ve Rougerie ve diğerleri (2015)'ni destekler şekilde, bu çalışmada BOLD taksonomi arşivi ve Kocaeli'nden elde edilen örneklerin birlikte analiz edildiği NJ, ML ve BI ağaçlarında Kocaeli'nden *A. dubia* haplotipleri İtalya'dan *A. dubia* (GCOL6329-16) ve *A. reyi* (GCOL6655-16) türlerine ait haplotiplerle birlikte, birbirleri içinde kümelendiler. Rougerie ve diğerleri (2015) *Stenurella sennii*

türünde tür içi uzaklığın %7,11; *Stenurella sennii* ile *S. melanura* arası uzaklığın %0,24 olduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışmada benzer bir sorun *Leipus* cinsinde görülmüştür. *L. linnei* ve *L. nebulous* aynı haplotipi paylaşırken, *L. linnei* türüne LLI1 ve LLI3 haplotipleri arasındaki mesafe %12,1 olarak hesaplandı.

Çalışmamızda karşılaşılan bir diğer sorun endosimbiyotik bir bakteri olan *Wolbachia sp.* enfeksiyonlarıdır. Bu çalışmada alt familyalar arasında yalnızca Cerambycinae alt familyasından CCPS432, CCLL433, CAAM1, CHTS43 kodlu örnekler ait COI gen bölgesi dizileri BLAST analizi sonucunda *Wolbachia sp.* ile eşleşmişlerdir. Benzer şekilde Rougerie ve diğerleri (2015) de *Stenurella sennii* (PSFOR0134), *Trichoferus griseus* (PSFOR0754) ve *Deroplia troberti* (PSFOR0761)'de *Rickettsia* enfeksiyonu bulmuşlardır. Bu durum Coleoptera'da sıklıkla karşılaşılan bir sorun olarak görülmüştür (Aikawa ve diğ., 2009; Plewa ve diğ., 2018).

Çalışmamızda COI barkod bölgesinin kullanımında karşılaşılan kısıtlayıcı faktörler yukarıda bahsedilenlerden ibarettir. Sonuç olarak, gözden kaçan veya kriptik biyoçeşitlilik vakalarını aydınlatmaya çalışırken, popülasyon yapısını araştırırken, atalara ait polimorfizmleri belirleme ve filogenetik çıkarımlar yaparken *Wolbachia* enfeksiyonlarından kaynaklanan varyasyonlar olabileceği, mitokondriyal COI geninin evrimleşme hızının her zaman türleşme hızına paralel olmayabileceği, interspesifik fertilité olasılığı ve veri bankalarındaki dizilerin hatalı olabileceği göz önünde bulundurulmalıdır.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Cerambycidae familyasının üst ve alt kategorilerinin gen bölgelerine dayalı filogenetik ilişkilerini konu alan çalışmalar dünyada son birkaç yılda yoğunlaşmıştır ancak ülkemizde yapılmış bir çalışmaya rastlanmamıştır. Coleptera takımı gibi süper radyasyon gruplarıyla çalışan araştırmacıların karşılaştığı genel sorun, yeterince fazla taksonun ve gen bölgesinin analize dahil edilememesidir. Bunun temel sebepleri takson sayısının fazla oluşundan dolayı ekonomik yük, analizlerde kullanılan bilgisayar yazılımları ve donanımlarının yetersizliği ve türlerin yayılış alanlarının araştırmacıların ulaşabilecekleri sınırların ötesinde kalmasıdır. Her ne kadar, erişime açık veri tabanlarının uzak coğrafyaları erişilebilir kıldığı düşünülse de, bu veri tabanlarında depolanmış hatalı veriler araştırmacıları sınırlamaktadır.

Daha önceki araştırmacılar tarafından veri bankalarına mitokondriyal COI gen bölgesi için dizilerinin yanlış isimler altında yüklenmiş olması, sinonim isimlerin farklı taksonlar olarak değerlendirilmeleri, yazım hatalarından kaynaklı karmaşa, bakteriyel genomlara ait dizilerin konak organizma adı altında bildirilmiş olması, yakın morfolojiye sahip türlerin hatalı teşhisleri, çapraz kontaminasyonların gözden kaçırılması, belirsiz baz dizilerine sahip, düşük kaliteli kromatogramlardan elde edilen dizilerin yüklenmiş olması sorunlarıyla yüz yüze geldik. Çalışmamızda ele alınan taksonlara ait mitokondriyal 16S rRNA ve nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgelerinden daha önce başka araştırmacılar tarafından veri bankalarına bildirim yapılmamış olması, Cerambycidae familyasına ait bildirilmiş olan birkaç mitokondriyal 16S rRNA dizisinin de mitokondriyal genomda ilgili bölgeyle eşleşmemiş olması, yüzyüze geldiğimiz bir diğer sorundur. Bu gen bölgeleri için son iki yılda yapılan çalışmalardan bildirilmiş diziler varsa da, henüz erişime açık değildir. Dolayısıyla bu çalışmada analiz edilen ribozomal gen dizileri ilk kez elde edilmiştir.

5.1. Alt Familya: Lamiinae Latreille, 1825

Bu tez çalışmasında Lamiinae alt familyasından *Agapanthia (Smaragdula) frivaldszkyi* Ganglbauer, 1884 Kocaeli için yeni kayıttır. *Agapanthia (Agapanthia) suturalis* Fabricius, 1787, *Agapanthia (Epoetes) asphodeli* Latreille, 1804, *Agapanthia (Smaragdula) frivaldszkyi* Ganglbauer, 1884, *Aegomorphus clavipes* (Schrank, 1781), *Mesosa (Aplocnemia) obscuricornis* Pic, 1894, *Phytoecia (Phytoecia) pubescens* Pic, 1895 için mitokondriyal COI geni barkod dizileri, *Morimus orientalis* Reitter, 1894 için ise 5' ucundan amplifiye edilmiş mitokondriyal COI geni barkod bölgesi bu çalışmadan önce araştırmacılar tarafından veri tabanlarına bildirilmemiştir yada henüz erişime açık değildir. Ayrıca *Leiopus (Leiopus) linnei* (Wallin, Nýlander ve Kvamme, 2009) türü Türkiye için yeni kayıttır.

Elde edilen filogenetik ağaçlarda, Acanthocinini tribusundan monofilisi tartışmalı olan *Acanthocinus* ve *Leiopus* cinslerinin monofiletik olduğu görülmüştür. Ayrıca, bulgular *Agapanthiini* tribusundan *Agaphantia* cinsinin monofilisini desteklemektedir. *Monochamus* ve *Morimus* cinsi üyelerinin tüm analizlerde monofiletik olarak birlikte kümelenmiş olmaları, “Monochamini” tribusunun “Lamiini” tribusunun sinonimi olduğunu ve Monochamini tribusu altında sınıflandırılan türlerin Lamiini’ye taşınması gerektiği hipotezini desteklemektedir. Benzer şekilde *Phytoecia* + *Saperda* cinslerinin monofilisi de Phytoeciini tribusunun da Saperdini tribusunun sinonimi olabileceği hipotezini desteklemektedir. Daha önce hiçbir yazar tarafından önerilmemiş olan bir hipotez olarak, bulgularımız Pogonocherini tribusundan *Exocentrus* ve *Pogonochenus* cinslerinin sırasıyla Lamiini ve Saperdini tribusları içinde kümelenmiş olmaları, Pogonocherini tribusu üyelerinin diğer tribuslara olan affiniteleri dikkate alınarak yeniden değerlendirilmesi gerektiğini önermektedir.

Elitra desenlenmesine göre *Monochamus galloprovincialis* (Olivier, 1795) türüne ait iki alt tür olarak tanımlanmış olan *M. galloprovincialis galloprovincialis* (Olivier, 1795) ve *M. galloprovincialis pistora* (Germar, 1818); arasında mitokondriyal ve nükleer gen bölgelerine göre bir farklılık görülmemiş, ancak tüm analizlerde *M. galloprovincialis* haplotipleri arasında kümelenen bir haplotipin, COI gen bölgesi ve için hesaplanmış genetik uzaklığın kriptik türleşmeye işaret edebilecek kadar yüksek olduğu, 16S rRNA gen bölgesinin uzaklık değerlerinin de bunu desteklediği

görülmüştür. Ancak bu varsayım geometrik morfometri, ekolojik istekler ve üreme izolasyonu dikkate alınarak bütünleşik taksonomi anlayışıyla sınanmalıdır. *M. galloprovincialis* mitokondriyal COI geni haplotiplerinden birisi Fransa ile paylaşılmış olması, türün kereste ticareti esnasında limanlardan giriş yaptığı fikrini akla getirmektedir.

Bu çalışmadan elde edilen *Morimus orientalis* bireylerine ait mitokondriyal COI geni haplotipleri *Morimus asper* türüyle birlikte kümelenmiştir. Fakat bu bulgu, buldukları coğrafyaya göre farklı türler gibi değerlendirilen *M. funereus* + *M. orientalis*, *M. asper* + *M. verecundus* + *M. ganglbaueri*'nin aslında bir tek tür grubu olabileceği varsayımını desteklemek veya reddetmek için yeterli değildir.

Leiopus (Leiopus) linnei (Wallin, Nýlander ve Kvamme, 2009) ile *Leiopus nebulosus* türü arasında paylaşılan haplotipler, bu türün üreme izolasyonunun henüz gerçekleşmemiş olduğuna, statik allometri veya fenotipik plastisite nedeniyle gösterdiği varyasyonların doğru teşhisi engellediğine işaret ediyor olabilir. Her iki hipotez de sınanmalıdır.

5.2. Alt Familya: Cerambycinae Latreille, 1825

Callimus (Lampropterus) femoratus Germar, 1824; *Stenopterus kraatzii* Pic, 1892; *Stromatium auratum* Böber, 1793; *Phymatodes (Melasmetus) femoralis* Ménétrés, 1832; *Purpuricenius budensis* Götz, 1783; *Plagionotus (Neoplacionotus) bobelayei* Brullé, 1832; *Isotomus speciosus* Schneider, 1787; *Chlorophorus (Chlorophorus) niehuisi* Adlbauer, 1992 türleri için mitokondriyal COI geni barkod bölgesi daha önce araştırmacılar tarafından veri tabanlarına bildirilmemiştir yada henüz erişime açık değildir.

Tüm ağaçlarda *Ropalopus* cinsi ile *Phymatodes* cinsinin ayrık dallarda kümelenmeleri Callidiini tribusunun polifiletik olabileceğini hipotezini desteklemektedir. Anaglyptini tribusundan tek tür olan *Anaglyptus mysticus* 'un Clytini tribusu içinde konumlanması, bu iki tribusun sınırlarının yeniden belirlenmesi gerektiği fikri ile uyumludur. Clytini tribusundan *Xylotrechus* cinsinin tek bir soy hattı üzerinde toplandığını hipotezi de tüm ağaçlarda monofiletik bir cins grubu olmalarıyla desteklenmektedir. Ayrıca bu çalışmanın bulguları *Stenopterini* tribusunun monofilisini desteklemektedir. Ancak

daha önceki çalışmaların tür örneklemeinden farklı olarak bu çalışmada analizlere dahil edilen *Trichoferus* cinsi Hesperophanini tribusunu polifiletik hale getirmiştir Hesperophanini *Stromatium* cinsinin ise Purpuricenini tribusuna affinitesi görülmüştür. Daha önceki bir araştırmada Compsocerini tribusu *Rosalia alphina* ve Hylotrüpini tribusundan *Hylotrupes bajulus* affinitesi bu çalışmanın bulgularıyla da desteklenmektedir. Bu çalışmada COI gen bölgesi dizilenen bir *H. bajulus* haplotipi Fransa, Yunanistan ve Almanya tarafından paylaşılmaktadır.

Diğer alt familyalarda rastlanmazken yalnızca Cerambycinae alt familyasından *Pyrrhidium sanguineum* CCPS432, *Lioderina linearis* CCLL433, *Anaglyptus mysticus* CAAM1, *Trichoferus spartii* CHTS43 kodlu örneklere ait COI dizileri endosimbiyotik bir bakteri olan *Wolbachia sp.* ile eşleşmiştir. Yalnızca bu alt familyada tespit edilmiş olması, endosimbiyotik bakterilerin bu alt familyaya olan ilgisinden değil, yukarıda bahsedilen türlere ait örneklerin bacaklarından yeterli miktarda DNA edemediğimiz için gövdelerinden DNA izolasyonu yapmış olmamızdan kaynaklanmış olabilir.

5.3. Alt Familya: Lepturinae Latreille, 1825

Lepturinae alt familyasından *Rhagium (Megarhagium) fasciculatum* Faldermann, 1837 ve *Cortodera flavimana* Waltl, 1838 türleri için mitokondriyal COI geni için daha önceki araştırmacılar tarafından bildirilmiş bir kayda rastlanmamıştır.

Rhagiini tribusundan *Cortodera flavimana*'nın tüm ağaçlarda Rhagiini üyelerinden ayrık olması, bu cinsin ayrı bir tribus altında değerlendirilmesi gerektiğinin işareti olabilir. Ayrıca *Lepturini* ve *Rhagiini* tribuslarında cinslerin ayrık kümelenmeleri bu tribusların polifiletik olduğuna işaret ediyor olabilir, ancak bu varsayımlar daha fazla gen bölgesinin dahil edildiği çalışmalarla sınanmalıdır.

Kocaeli'den örneklenen *Anastrangalia dubia* türünün, daha önce başka çalışmalarda da bildirildiği gibi *A. reyi*'den ayrılmadığı görülmüştür. *Rutpela maculata*'da hesaplanan yüksek genetik uzaklık değerleri, kriptik türleşmenin olup olmadığının belirlenmesi daha fazla örnek toplanarak bütünleşik taksonomi anlayışıyla değerlendirilmelidir.

5.4. Alt Familya: Spondylidinae Audinet-Serville, 1832

Asemum tenuicorne Kraatz, 1879 Kocaeli için yeni kayıttır ve daha önce veri bankalarına bildirilmiş olan bir COI barkod dizisine rastlanmamıştır.

Bu çalışmanın verileri Spondylidin dalı Spondylidini tribusu açısından parafiletik olabileceği hipotezini desteklemektedir. Morfolojik olarak hiçbir apomorfiye sahip olmayan Asemini'nin genetik açıdan Spondylidini tribusundan ayrılmış olduğu görülmüştür. Yakınlıkları tartışmalı olan iki Spondylidin *Spondylis buprestoides* ve *Neospondylis upiformis* mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı analizlerde kardeş kladlar olarak konumlanmışlardır. *Megasemum* cinsinin polifiletik olabileceği düşünülmektedir. Çünkü *Megasemum asemum* Spondylidini tribusuna affinite gösterirken, *Megasemum quadricostulatum* Asemini tribusundan *Arhopalus* cinsine affinite göstermektedir. Bu hipotez genetik ve morfolojik özellikler dikkate alınarak sınanmalıdır.

Bu çalışmada *A. rusticus*'un diğer *Arhopalus* cinsi üyelerinden ayrılmış bir klad olduğu bulgusu *Arhopalus* cinsi monofiletik olmadığı hipotezini desteklemektedir. Kıtalar arasında geçişi defalarca bildirilmiş bir istilacı olmasına rağmen paylaşılan bir *Arhopalus rusticus* haplotipi tespit edemedik. Ayrıca morfolojik olarak *A. syriacus* olarak morfolojisine sahip bir örneğin *A. rusticus* mtDNA taşıyor olabileceğini belirledik, ancak gerçekten bir melezleşme olup olmadığını belirlemek için bu türler arası döllenme laboratuvar ortamında ya da doğada gözlenmelidir.

Sonuç olarak; Cerambycidae familyası için günümüze dek yapılmış olan tüm çalışmalar birlikte değerlendirildiğinde bile, bu familyanın filogenetik ve filocoğrafik ilişkilerinin çözülmesi çok daha fazla örnekleme, çok daha fazla gen bölgesiyle yapılacak analizlere ve çok daha fazla iş birliğine gerek olduğu açıktır.

KAYNAKLAR

Adlbauer K., Zur Cerambycidenfauna Äthiopiens I-Prinoninae, Spondyliinae, Cerambycinae (Coleoptera, Cerambycidae), *Linzer Biologiezentrum*, 1999, **31**(2), 603-622.

Adlbauer K., *Katalog und Fotoatlas der Bockkäfer Namibias (Cerambycidae)*, 1st ed., Taita Publishers, Hradec Kralove, 2001.

Adlbauer K., Zur Faunistik und Taxonomie der Bockkäferfauna der Türkei II (Coleoptera, Cerambycidae), *Entomofauna*, 1992, **13**(30), 485-509.

Aikawa T., Anbutsu H., Nikoh N., Kikuchi T., Shibata F. Fukatsu T., Longicorn Beetle That Vectors Pinewood Nematode Carries Many *Wolbachia* Genes on an Autosome. *Proceedings of the Royal Society (Series B, Biological Sciences)*, 2009, **276**(1674), 3791-3798.

Akaike H., A New Look at Statistical Model Identification, *IEEE Trans Auto Control*, 1974, **19**(1), 716-723.

Allen E.A, Humble L. M., Nonindigenous Species Introductions: A Threat to Canada's Forests and Forest Economy, *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2002, **24**(2), 103-110.

Allison J. D., Borden J. H., Seybold S. J., A review of the Chemical Ecology of the Cerambycidae (Coleoptera), *Chemoecology*, 2004, **14**(1), 123-150.

An Y.L., Xu M., Shi L.M., Wang B.D., Yang X.J., Genetic divergence and phylogenetic relationships among the longhorned beetles species, (Yayınlanmamış).

Astrin J. J., Stüben P. E., Phylogeny in Cryptic Weevils: Molecules, Morphology and New Genera of Western Palaearctic Cryptorhynchinae (Coleoptera: Curculionidae), *Invertebrate Systematics*, 2008, **22**(5), 503-522.

Audinet-Serville J. G., Nouvelle Classification de la Famille des Longicornes, *Annales de la Société Entomologique de France*, 1832, **1**(2), 118-201.

Audinet-Serville J.G., Nouvelle Classification de la Famille des Longicornes, *Annales de la Société Entomologique de France*, 1834, **3**(1), 5-110.

Audinet-Serville J.G., Nouvelle Classification de la Famille des Longicornes, *Annales de la Société Entomologique de France*, 1835, **4**(3), 197-228.

Aurivillius C., *Coleopterorum Catalogus, Pars 39, Cerambycidae: Cerambycinae*, 1st ed., W. Junk, Berlin, 1912.

Aurivillius C., *Coleopterorum Catalogus, Pars 73, Cerambycidae: Lamiinae I.*, 1st ed., W. Junk, Berlin, 1922.

Aurivillius C., *Coleopterorum Catalogus, Pars 74, Cerambycidae: Lamiinae II.*, 1st ed., W. Junk, Berlin, 1923.

Austin A. D., Quicke D. L. J., Marsh P. M., The Hymenopterous Parasitoids of Eucalypt Longicorn Beetles, *Phoracantha spp.* (Coleoptera: Cerambycidae) in Australia, *Bulletin of Entomological Research*, 1994, **84**(2), 145-174.

Avise J. C., *Molecular Markers, Natural History, and Evolution (2)*, Sinauer, Sunderland, 2004.

Ayberk H., Özdikmen H., Cebeci H. A Serious Pest Alert for Turkey: A Newly Introduced Invasive Longhorned Beetle, *Anoplophora glabripennis* (Cerambycidae: Lamiinae). *Florida Entomologist*, 2014, **97**(4), 1852-1855.

Baker W. L., *Eastern Forest Insects*, United States Department of Agriculture Forest Service, Miscellaneous Publications, Washington, DC, 1972.

Ballard J. W., Olsen G. J., Faith D. P., Odgers W. A., Rowell D. M., Atkinson P. W. Evidence from 12S Ribosomal RNA Sequences that Onychophorans are Modified Arthropods, *Science*, 1992, **258**(5086), 1345-1348.

Bandelt H. J., Forster P., Sykes B. C., Richards M. B. Mitochondrial Portraits of Human Populations Using Median Networks, *Genetics*, 1995, **141**(2), 743-753.

Banks J. C., Whitfield J. B., Dissecting the Ancient Rapid Radiation of Microgastrine Wasp Genera Using Additional Nuclear Genes, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2006, **41**(3), 690-703.

Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes, *The Annals and Magazine of Natural History*, 1861, **8**(45), 212-219.

Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes, *The Annals and Magazine of Natural History*, 1862, **9**(54), 446-458.

Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes, *The Annals and Magazine of Natural History*, 1863, **12**(71), 367-381.

Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes, *The Annals and Magazine of Natural History*, 1864, **13**(73), 43-56.

Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes. *Annals and Magazine of Natural History*, 1864, **14**(79), 11-24.

Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes, *The Annals and Magazine of Natural History*, 1865, **15** (84), 213-225.

- Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes, *The Annals and Magazine of Natural History*, 1865, **16**(90), 101-113.
- Bates H. W., Contributions to an Insect Fauna of the Amazon Valley. Coleoptera: Longicornes, *The Annals and Magazine of Natural History*, 1866, **17**(97), 31-42.
- Bates H. W. Contributions to an Insect Fauna of the Amazons Valley. Coleoptera: Longicornes. *Annals and Magazine of Natural History*, 1866, **17**(101), 367-373.
- Behere G. T., Firake D. M., Sharma B., Thubru D. P., Burange P. S., Ramamurthy V. V., Ghate H. V., Integrative Taxonomy of Cerambycid Beetles of Northeastern Himalaya (Yayınlanmamış).
- Bensasson D., Zhang D. X., Hartl, D. L., Hewitt, G. M. Mitochondrial Pseudogenes: Evolution's Misplaced Witnesses. *Trends in Ecology & Evolution*, 2001, **16**(6), 314-321.
- Bense U., *Longhorn Beetles. Illustrated Key to the Cerambycidae and Vesperidae of Europe*, 1st ed., Margraf Verlag, Weikersheim, 1995.
- Berkov A., The Impact of Redefined Species Limits in Palame (Coleoptera: Cerambycidae: Lamiinae: Acanthocinini) on Assessments of Host, Seasonal, and Stratum Specificity, *Biological Journal of the Linnean Society*, 2002, **76**(2), 195-209.
- Bezark L. G., Monné M. A., *Checklist of the Oxypeltidae, Vesperidae, Disteniidae and Cerambycidae (Coleoptera) of the Western Hemisphere*, Bioquip, France, 2016.
- Bílý S., Mehl O., *Longhorn Beetles (Coleoptera, Cerambycidae) of Fennoscandia and Denmark*, Brill, Denmark, 1989.
- Black W. 4., Piesman J., Phylogeny of Hard-and Soft-tick Taxa (Acari: Ixodida) Based on Mitochondrial 16S rDNA Sequences. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1994, **91**(21), 10034-10038.
- Blanchard C. E., *Histoire des Insectes, Traitant de leurs moeurs et Leurs Métamorphoses Em General et Comprenant Une Nouvelle Classification Fondée Sur Leurs Rapports Naturels. Hyménoptères et Coléoptères*, 1st ed., Librairie de Firmin Didot Frères, Paris, 1845.
- Bocak L., Barton C., Crampton-Platt A., Chesters D., Ahrens D., Vogler A.P., Building the Coleoptera Tree of Life for >8000 Species: Composition of Public DNA Data and Fit with Linnaean Classification. *Systematic Entomology*, 2014, **39**(1), 97-110.
- Bond W. B., Philips T. K., Diversity, Phenology, and Flower Hosts of Anthophilous Long-horned Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) in a Southeastern Ohio Forest *Entomological News*, 1999, **99**(1), 1-27.

- Botero J. P., Monné M. L., Cladistic Analysis of the Tribe Eburini Blanchard, 1945 and Revalidation of the Tribe Dychophyiini Gistel, 1848 (Coleoptera: Cerambycidae). *Zoological Journal of the Linnean Society*, 2019, **185**(4), 1095-1122.
- Bouchard P., Bousquet Y., Davies A. E., Alonso-Zarazaga M. A., Lawrence, J. F., Lyal, C. H. C., Newton, A. F., Reid, C. A. M., Schmitt, M., Ślipiński S. A., Smith A. B. T., Family-group Names in Coleoptera (Insecta), *ZooKeys*, 2011, **88**, 1-972.
- Bousquet Y., Heffern, D. J., Bouchard, P., Nearn, E., Catalogue of Family-group Names in Cerambycidae (Coleoptera), *Zootaxa*, 2009, 2321, 1-80.
- Boykin L. M., Armstrong K. F., Kubatko L., De Barro P., Species Delimitation and Global Biosecurity, *Evolutionary Bioinformatics*, 2012, **8**, 1-37.
- Boykin L. M., Armstrong K., Kubatko L., De Barro P., DNA Barcoding Invasive Insects: Database Roadblocks, *Invertebrate Systematics*, 2012, **26**(6), 506-514.
- Böving A. G., Craighead F. C., An Illustrated Synopsis of the Principal Larval Forms of the Order Coleoptera, *Entomologica Americana*, 1931, **11**(1), 1-351.
- Breuning S., Revision du Genre *Phytoecia* Muls. (Coleoptera Cerambycidae). *Entomologische Arbeiten aus dem Museum G. Frey*, 1951, **2**, 1-103.
- Breuning S., Études sur les Lamiaires (Coleop. Cerambycidae). Douzième Tribu: Agniini Thomson. *Novit. Entomol.* 1943, **3**(89-106), 137-280.
- Breuning S., Révision des Parmenini, *Longicornia*, 1950, **1**(29), 259.
- Breuning S., Revision einiger Gattungen aus der Gruppe der Saperdini Muls. (Col. Cerambycidae). *Entomologische Arbeiten aus dem Museum G. Frey*, 1952, **3**, 107-213.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 1, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1958.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 2, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1959.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 3, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1960.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 4, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1961.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 5, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1961.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 6, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1962.

- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 7, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1963.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 8, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1965.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 9, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1966.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 10, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1967.
- Breuning S., *Catalogue des Lamiaires du Monde (Col. Céramb.)* vol. 11, 1st ed., Museum G. Frey, Tutzing, 1969.
- Breuning S., Révision des Espèces Américaines de la Tribue des Apomecynini Lac. (Coleoptera, Cerambycidae), *Entomol. Abh. Staatl. Mus. Tierkd.*, 1971, **37**(1), 209-335.
- Breuning S., Revision de la Tribue des Pogonocherini (Coleoptera: Cerambycidae), *Folia Ent. Hung.*, 1975, **28**(1), 9-53.
- Brockerhoff E. G., Kimberley M., Liebhold A. M., Haack R. A., Cavey J. F. Predicting How Altering Propagule Pressure Changes Establishment Rates of Biological Invaders Across Species Pools, *Ecology*, 2014, **95**(3), 594-601.
- Burke H. E., Biological Notes on *Desmocerus*, a Genus of Roundhead Borers, the Species of Which Infest Various Elders. *Journal of Economic Entomology*, 1921, **14**(5), 450-452.
- Butovitsch V., Zur Kenntnis der Paarung, Eiablage und Ernährung der Cerambyciden, *Entomologisk Tidskrift*, 1939, **60**(3-4), 206-258.
- Cameron S., Rubinoff D., Will K., Who Will Actually Use DNA Barcoding and What Will It Cost? *Systematic biology*, 2006, **55**(5), 844-847.
- Cannon K. F., Robinson W. H., Wood Consumption and Growth of *Hylotrupes bajulus* (L.) Larvae in Three Environments, *Environmental Entomology*, 1981, **10**(4), 458-461.
- Carter, M. E., Smith, M. T., Harrison, R. G., Patterns of Genetic Variation Among Populations of the Asian Longhorned Beetle (Coleoptera: Cerambycidae) in China and Korea, *Annals of the Entomological Society of America*, 2009, **102**(5), 895-905.
- Carter M., Smith M., Harrison R., Genetic analyses of the Asian Longhorned Beetle (Coleoptera, Cerambycidae, *Anoplophora glabripennis*), in North America, Europe and Asia, *Biological Invasions*, 2010, **12**(5), 1165-1182.

Castalanelli M. A., Cunningham R. J., Davis M. B., Groth D. M., Grimm M., When Genes Go Wild: Highly Variable Internal Transcribed Spacer1 and Conserved Mitochondrial DNA Haplotypes Used to Examine the Genetic Diversity and Dispersal Pathways of Invasive *Hylotrupes bajulus* in Western Australia, *Agricultural and Forest Entomology*, 2013, **15**(3), 236-244.

Caterino M.S., Kadau, A., Cerambycidae of the Clemson area, Yayınlanmamış.

Cesari, M., Marescalchi, O., Francardi, V. Mantovani, B., Taxonomy and Phylogeny of European *Monochamus* Species: First Molecular and Karyological Data, *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 2005, **43**(1), 1-7.

Cesaroni D., De Felici S., Riccarducci G., Ciambotta M., Ventura A., Bianchi E., Sbordoni V., DNA Barcodes of the Animal Species Occurring in Italy Under the European “Habitats Directive” (92/43/EEC): A Reference Library for the Italian National Biodiversity Network, *Biogeographia-The Journal of Integrative Biogeography*, 2017, **32**(1), 5-23.

Chen F., Luo Y., Keena M. A., Wu Y., Wu P., Shi J., DNA Barcoding of Gypsy Moths from China (Lepidoptera: Erebidae) Reveals New Haplotypes and Divergence Patterns Within Gypsy Moth Subspecies, *Journal of Economic Entomology*, 2015, **109**(1), 366-374.

Cherepanov A. I., *Cerambycidae of Northern Asia (Prioninae, Disteniinae, Lepturinae, Aseminae)*, 1st ed., Nauka, Novosibirsk, 1979.

Cherepanov A. I., *Cerambycidae of Northern Asia (Cerambycinae)*, 1st ed., Nauka, Novosibirsk, 1981.

Cherepanov A. I., *Cerambycidae of Northern Asia. Vol. 3. Lamiinae, Part 2*, 2nd ed., Oxonian Press PVT. Ltd, New Delhi, 1991.

Chiu W. C., Yeh W. B., Chen M. E., Yang M. M., Complete Mitochondrial Genome of *Aeolesthes oenochrous* (Fairmaire) (Coleoptera: Cerambycidae): An Endangered and Colorful Longhorn Beetle, *Mitochondrial DNA*, 2016, **27**(1), 686-687.

Clement M., Posada D. C., Crandall K. A., TCS: A Computer Program to Estimate Gene Genealogies. *Molecular Ecology*, 2000, **9**(10), 1657-1659.

Cocquemot C., Mifsud D., First European Interception of the Brown Fir Longhorn Beetle, *Callidiellum villosulum* (Fairmaire, 1900) (Coleoptera, Cerambycidae), *Bulletin of the Entomological Society of Malta*, 2013, **6**(1), 143-147.

Collins R. A., Armstrong K. F., Meier R., Yi, Y., Brown S. D., Cruickshank R. H., Keeling S., Johnston C., Barcoding and Border Biosecurity: Identifying Cyprinid Fishes in the Aquarium Trade, *PloS One*, 2012, **7**(1), e28381.

Collins R. A., Cruickshank R. H., The Seven Deadly Sins of DNA Barcoding, *Molecular Ecology Resources*, 2013, **13**(6), 969-75.

Cordeiro G., dos Anjos N., de Carvalho A. G., Entomofauna Associada a Galhos de *Acacia mangium* Willd. Roletados por *Oncideres saga* (Dalman) (Coleoptera: Cerambycidae). *Entomo Brasiliis*, 2010, **3**(1), 22-24.

Craighead F. C., North American Cerambycid Larvae, *Bulletin of the Canada Department of Agriculture*, 1923, **27**(1), 1-239.

Craighead F. C., Larvae of the Prioninae, United States Department of Agriculture, Report No. 107, 8-24, 1915.

Craighead F. C., A Classification and the Biology of North American Cerambycid Larvae, *Dominion of Canada Department of Agriculture Bulletin (New Series, Technical)*, 1923, **27**(1), 1-239.

Crowson R. A., The Phylogeny of Coleoptera, *Annual Review of Entomology*, 1960, **5**(1), 111-134.

Çakmak Y. E., Ayoub H. K. S., Uçkan F., Size Divergence of *Rhagium inquisitor*: Sexual Similarity Versus Environmental Variability, *Fresenius Environmental Bulletin*, 2019, **28**(1), 7593-7602.

Çakmak Y. E., Soydabaş-Ayoub H. K., Uçkan F. A Preliminary Phylogenetic Analysis of Ribbed-Pine-Borer (*Rhagium inquisitor*) Based on Mitochondrial COI Sequences. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 2020, **23**(3), 809-815.

Danilevsky M. L., Morpho-Adaptive Ways of Evolution of the Larvae of Longhorn Beetles (Coleoptera, Cerambycidae) and Phylogenetic Relations of the Basic Groups of the Family, Editör: Danilevsky M. L., *Insects Decomposing Wood and their Entomophages*, 1st ed., Nauka, Moscow, 24-43, 1979.

Danilevsky M. L., Additions and Corrections to the New Catalogue of Palaearctic Cerambycidae (Coleoptera) Edited by I. Löbl and A. Smetana, 2010. Part. II., *Munis Entomology & Zoology*, 2012, **7**(1), 109-173.

Danilevsky M. L., Miroshnikov, A. I., New Data About Biology of *Enoploderes sanguineum* Fald. and *Isotomus comptus* Mannh. (Coleoptera, Cerambycidae) with Descriptions of Their Larvae, *Biologicheskije Nauki*, 1981, **9**(1), 50-53.

Danilevsky M. L., Miroshnikov A. I., *Longhorn Beetles of Caucasus An Identification Key*, Krasnodar Station of Forest Protection, Krasnodar, 1985.

De Santana Souza D., Marinoni L., Monné M. L., Gómez-Zurita J., Molecular Phylogenetic Assessment of the Tribal Classification of Lamiinae (Coleoptera: Cerambycidae), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2020, **145**, 106736.

Demelt C., *Bockkäfer oder Cerambycidae. I. Biologie Mitteleuropäischer Bockkäfer (Col. Cerambycidae) unter Besonderer Berücksichtigung der Larven*, Die Tierwelt, Deutschlands, 1966.

Dewaard J. R., Levesque-Beaudin V., Dewaard S. L., Ivanova N. V., Mckeown J. T., Miskie R., Naik S., Perez K. H., Ratnasingham S., Sobel C. N., Sones J. E., Expedited Assessment of Terrestrial Arthropod Diversity by Coupling Malaise Traps with DNA Barcoding, *Genome*, 2019, **62**(3), 85-95.

Dincă V., Montagud S., Talavera G., Hernández-Roldán J., Munguira M. L., García-Barros E., Vila R. DNA Barcode Reference Library for Iberian Butterflies Enables a Continental-Scale Preview of Potential Cryptic Diversity, *Scientific Reports*, 2015, **5**(1), 1-12.

Dincă V., Zakharov E. V., Hebert P. D., Vila R., Complete DNA Barcode Reference Library for A Country's Butterfly Fauna Reveals High Performance for Temperate Europe, *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2011, **278**(1704), 347-355.

Dodds K. J., Graber C. Stephen F. M., Oviposition Biology of *Acanthocinus nodosus* (Coleoptera: Cerambycidae) in *Pinus taeda*, *Florida Entomologist*, 2002, **85**(3), 452-457.

Dojnov B., Vujčić Z., Božić N., Margetić A., Vujčić M., Nenadović V., Ivanović J., Adaptations to Captive Breeding of the Longhorn Beetle *Morimus funereus* (Coleoptera: Cerambycidae); Application on Amylase Study, *Journal of Insect Conservation*, 2012, **16**(2), 239-247.

Drag L., Hauck D., Bérces S., Michalcewicz J., Šerić Jelaska L., Aurenhammer S., Cizek, L., Genetic Differentiation of Populations of the Threatened Saproxyllic Beetle *Rosalia longicorn*, *Rosalia alpina* (Coleoptera: Cerambycidae) in Central and South-East Europe, *Biological Journal of the Linnean Society*, 2015, **116**(4), 911-925.

Duffy, E. A. J., *A Monograph of the Immature Stages of African Timber Beetles (Cerambycidae)*, 1st ed., British Museum, London, UK, 1957.

Duffy, E. A. J., *A Monograph of the Immature Stages of Neotropical Timber Beetles (Cerambycidae)*, 1st ed., British Museum, London, UK, 1960.

Duffy E. A. J., *A Monograph of the Immature Stages of Oriental Timber Beetles (Cerambycidae)*, 1st ed., British Museum, London, UK, 1968.

Edgar R. C., MUSCLE: Multiple Sequence Alignment with High Accuracy and High Throughput, *Nucleic Acids Research*, 2004, **32**(5), 1792-1797.

Eisner T., Schroeder F. C., Snyder N., Grant J. B., Aneshansley D. J., Utterback D., Eisner M., Defensive Chemistry of Lycid Beetles and of Mimetic Cerambycid Beetles That Feed on Them. *Chemoecology*, 2008, **18**(2), 109-119.

Etzler F. E., Huether J., Johnson P. J., Skillman F. W., Ivie, M. A., Use of Morphology and CO1 Barcoding to Test the Validity of *Tetraopes Huetheri* Skillman (Coleoptera: Cerambycidae), *The Coleopterists Bulletin* 2013, **67**(1), 46-49.

Evans H. F., Moraal L. H., Pajares J. A., Editörler: Lieutier F., Day K. R., Battisti A., Grégoire J. C., Evans H. F., *Biology, Ecology and Economic Importance of Buprestidae and Cerambycidae, Bark and Wood Boring Insects in Living Trees in Europe, A Synthesis*, Springer, Netherlands, 447-474, 2007.

Farrell B. D., Inordinate Fondness Explained: Why Are There So Many Beetles? *Science*, 1998, **281**(5376), 555-559.

Farrell B. D., Mitter, C., The Timing of Insect/Plant Diversification: Might *Tetraopes* (Coleoptera: Cerambycidae) and *Asclepias* (Asclepiadaceae) Have Co-Evolved?, *Biological Journal of the Linnean Society*, 1998, **63**(4), 553-577.

Farrell B. D., Sequeira, A. S., Evolutionary Rates in the Adaptive Radiation of Beetles on Plants, *Evolution*, 2004, **58**(9), 1984-2001.

Farrell B. D., Evolutionary Assembly of the Milkweed Fauna: Cytochrome Oxidase I and the Age of *Tetraopes* Beetles, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2001, **18**(3), 467-478.

Ficetola G. F., Boyer F., Valentini A., Bonin A., Meyer A., Dejean T., Taberlet P., Comparison of Markers for the Monitoring of Freshwater Benthic Biodiversity Through DNA Metabarcoding, *Molecular Ecology*, 2020, **00**, 1-14.

Fohrer F., Meusnier I., Pest Insects of Cultural Heritage, Yayınlanmamış.

Folmer O., Black M., Hoer W., Lutz R., Vrijenhoek R., DNA Primers for Amplification of Mitochondrial Cytochrome C Oxidase Subunit I from Diverse Metazoan Invertebrates, *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 1994, **3**(5), 294-299.

Forchhammer P., Wang Q., An Analysis of the Subfamily Distribution and Composition of the Longicorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) in the Provinces of China, *Journal of Biogeography*, 1987, **14**(1), 583-593.

Foster P. G., Jermin L. S., Hickey D. A., Nucleotide Composition Bias Affects Amino Acid Content in Proteins Coded by Animal Mitochondria, *Journal of Molecular Evolution*, 1997, **44**(3), 282-288.

Fragoso S. A., The Terminalia as a Basis for the Classification of Cerambycidae (Coleoptera) Subfamilies. Part II, Oxypeltinae, *Revista Brasileira de Entomologia* 1985, **29**(1), 165-168.

Friedrich M., Tautz D., Evolution and Phylogeny of the Diptera: A Molecular Phylogenetic Analysis Using 28S rDNA Sequences, *Systematic Biology*, 1997, **46**(4), 674-698.

Funk D. J., Omland K. E., Species-Level Paraphyly and Polyphyly: Frequency, Causes, and Consequences, with Insights from Animal Mitochondrial DNA, *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2003, **34**(1), 397-423.

Gahan C. J. *Coleoptera, Vol. 1 (Cerambycidae) The Fauna of British India, Including Ceylon and Burma*, Taylor and Francis, London, 1906.

Galileo M. H. M., Martins U. R. Revisão Da Tribo Eupromerini, Trib. N. (Coleoptera, Cerambycidae, Lamiinae) da Região Neotropical, *Revista Brasileira de Entomologia*, 1995, **39**(1), 131-150.

Gardiner L. M., Egg Bursters and Hatching in the Cerambycidae (Coleoptera), *Canadian Journal of Zoology*, 1966, **44**(2), 199-212.

Gardner J. C. M., On Some Indian Cerambycidae, the Indian Forest Records (New Series), *Entomology*, 1942, **7**(2), 66-72.

Giannoulis T., Dutrillaux A. M., Sarri C., Mamuris Z., Dutrillaux B., Phylogenetic Relationships Between Genera *Dorcadion*, *Lamia*, *Morimus*, *Herophila* and Some Other Lamiinae (Coleoptera: Cerambycidae) Based on Chromosome and CO1 Gene Sequence Comparison, *Bulletin of Entomological Research*, 2020, **110**(3), 321-327.

Gilbert M. T., Moore W., Melchior L., Worebey M. DNA Extraction from Dry Museum Beetles Without Conferring External Morphological Damage, 2007, *Plos One* **2**(3), 1-4.

Gillespie J. J., Cannone J. J., Gutell R. R., Cognato A. I., A Secondary Structural Model of the 28S Rna Expansion Segments D2 and D3 from Rootworms and Related Leaf Beetles (Coleoptera: Chrysomelidae; Galerucinae), *Insect Molecular Biology*, 2004, **13**(5), 495-518.

Goh T., A Study on Thelytokous Parthenogenesis of *Kurarua rhopalopholoides* Hayashi (Coleoptera, Cerambycidae), *Elytra*, 1977, **5**(1), 13-16.

Gokan N., Hosobuchi K., Fine Structure of the Compound Eyes of Longicorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae), *Applied Entomology and Zoology*, 1979, **14**(1), 12-27.

Gómez-Zurita J., Hunt T., Vogler A. P., Multilocus Ribosomal RNA Phylogeny of the Leaf Beetles (Chrysomelidae). *Cladistics*, 2008, **24**(1), 34-50.

Gómez-Zurita J., Hunt T., Kopliku F., Vogler A. P., Recalibrated Tree of Leaf Beetles (Chrysomelidae) Indicates Independent Diversification of Angiosperms and Their Insect Herbivores, 2007, *Plos One*, **2**(4), E360.

- Gómez-Zurita J., Jolivet P., Vogler A. P., Molecular Systematics of Eumolpinae and the Relationships with Spilopyrinae (Coleoptera, Chrysomelidae), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2005, **34**(3), 584-600.
- Gosling D. C. L., An Annotated List of the Cerambycidae of Michigan (Coleoptera) Part I, Introduction and the Subfamilies Parandrinae, Prioninae, Spondyliinae, Aseminae, and Cerambycinae, 2017, *The Great Lakes Entomologist*, **6**(3), 1.
- Gosling D. C., Gosling N. M., An Annotated List of the Cerambycidae of Michigan (Coleoptera) Part II, the Subfamilies Lepturinae and Lamiinae, *The Great Lakes Entomologist*, 2017, **10**(1), 1.
- Grebennikov V. V., Jendek E., Smirnov M. E., Diagnostic and Phylogenetic Utility of the First DNA Barcode Library for Longhorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) from the Russian Far East, *Zootaxa* 2017, **4276**(3), 441-445.
- Green M. R., Sambrook J., Precipitation of DNA with Ethanol, *Cold Spring Harbor Protocols*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York, 2016.
- Gressitt J. L., Rondon J. A., 1970, Cerambycid-Beetles of Laos (Disteniidae, Prioninae, Philinae, Aseminae, Lepturinae, Cerambycinae), *Pacific Insects Monograph* 24, 1-314.
- Gressitt J. L., Longicorn Beetles of China, Editör: Lapesme P., *Longicornia Études et Notes Sur Les Longicornes*, Volume II, Lechevalier, Paris, 1951.
- Grimaldi D., Michael S. E., *Evolution of the Insects*. 1st ed., Cambridge University Press, Hong Kong, 2005.
- Grimm M., Incursion of *Hylotrupes Bajulus* Linnaeus (European House Borer) into Western Australia, *Proceedings of the International Research Group on Wood Protection*, India, 2005.
- Grünwald S., Pilhofer M., Höll W., Microbial Associations in Gut Systems of Wood-And Bark-Inhabiting Longhorned Beetles [Coleoptera: Cerambycidae]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2010, **33**(1), 25-34.
- Guimapi R. A., Srinivasan R., Tonnang H. E., Sotelo-Cardona, P., Mohamed, S. A., Exploring the Mechanisms of the Spatiotemporal Invasion of *Tuta Absoluta* in Asia, *Agriculture*, 2020, **10**(4), 124.
- Guindon S., Dufayard J. F., Lefort V., Anisimova, M., Hordijk, W., Gascuel, O. New Algorithms and Methods to Estimate Maximum-Likelihood Phylogenies: Assessing the Performance of Phyml 3.0, *Systematic Biology*, 2010, **59**(3), 307-321.
- Gutowski J. M., Kurzawa J., New Data on the Distribution, Biology and Morphology of *Asemum Tenuicorne* Kraatz, 1879 (Coleoptera: Cerambycidae), with New Records from Poland, *Entomologica Fennica*, 2019, **30**(2), 57-71.

Günay F., Alten B., Simsek F., Aldemir A., Linton Y. M., Barcoding Turkish Culex Mosquitoes to Facilitate Arbovirus Vector Incrimination Studies Reveals Hidden Diversity and New Potential Vectors, *Acta Tropica*, 2015, **143**(1), 112-120.

Haack R. A. Editör: Wang, Q., Feeding Biology of Cerambycids, *Cerambycidae of the World; Biology and Pest Management*, FLP CRC Press, Boca Raton, 105-124, 2017.

Haack R. A., Britton K. O., Brockerhoff E. G., Cavey J. F., Garrett L. J., Kimberley M., Vasilaky K. N., Effectiveness of the International Phytosanitary Standard ISPM No. 15 on Reducing Wood Borer Infestation Rates in Wood Packaging Material Entering the United States, 2014, *Plos One*, **9**(5), E96611.

Haack R. A., Hérard F., Sun J., Turgeon J. J., Managing Invasive Populations of Asian Longhorned Beetle and Citrus Longhorned Beetle: A Worldwide Perspective, *Annual Review of Entomology*, 2010, **55**(1) 521-546.

Haddad S., Mckenna D. D., Phylogeny and Evolution of the Superfamily Chrysomeloidea (Coleoptera: Cucujiformia), *Systematic Entomology*, 2016, **41**(4), 697-716.

Haddad S., Shin S., Lemmon A. R., Lemmon E. M., Svacha P., Farrell B., Ślipiński A., Windsor D., & Mckenna D. D., Anchored Hybrid Enrichment Provides New Insights into the Phylogeny and Evolution of Longhorned Beetles (Cerambycidae), *Systematic Entomology*, 2018, **43**(1), 68-89.

Hajibabaei M., Janzen D. H., Burns J. M., Hallwachs W., Hebert, P. D., DNA Barcodes Distinguish Species of Tropical Lepidoptera, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2006, **103**(4), 968-971.

Hall T. A., Bioedit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT, *Nucleic Acids Symposium Series*, Londra, Ocak 1999.

Handley K., Hough-Goldstein J., Hanks L. M., Millar J. G., D'amico V., Species Richness and Phenology of Cerambycid Beetles in Urban Forest Fragments of Northern Delaware, *Annals of the Entomological Society of America*, 2015, **108**(3), 251-262.S

Hanks L. M., Influence of the Larval Host Plant on Reproductive Strategies of Cerambycid Beetles, *Annual Review of Entomology*, 1999, **44**(1), 483-505.

Hanks L. M., Millar J. G., Moreira J. A., Barbour J. D., Lacey E. S., Mcelfresh J. S., Ray A. M., Using Generic Pheromone Lures to Expedite Identification of Aggregation Pheromones for the Cerambycid Beetles *Xylotrechus nauticus*, *Phymatodes lecontei*, and *Neoclytus modestus modestus*, 2007, *Journal of Chemical Ecology*, **33**(5), 889.

Hanks L. M., Mongold-Diers J. A., Mitchell R. F., Zou Y., Wong J. C., Meier, L. R., Millar, J. G., The Role of Minor Pheromone Components in Segregating 14 Species

of Longhorned Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) of the Subfamily Cerambycinae, *Journal of Economic Entomology*, 2019, **112**(5), 2236-2252.

Hanks L. M., Wang, Q., Editor: Wang, Q., Reproductive Biology of Cerambycids, *Cerambycidae of the World; Biology and Pest Management*. FLP CRC Press, Boca Raton, 147-174, 2017.

Hanner R., Becker S., Ivanova N. V., Steinke D. FISH-BOL and Seafood Identification: Geographically Dispersed Case Studies Reveal Systemic Market Substitution Across Canada, *Mitochondrial DNA*, 2011, **22**(1), 106-122.

Harde K. W., 87. Familie: Cerambycidae, Bockkäfer, Die Käfer Mitteleuropas. Editörler: Freude, H., Harde, K. W. Lohse, G. A. Band 9, Cerambycidae, Chrysomelidae, 1st Ed., Goecke and Evers, Krefeld, 7-94, 1966.

Harris A. C. Mimicry by a Longhorn Beetle, *Neocalliprason elegans* (Coleoptera: Cerambycidae), of Its Parasitoid, *Xanthocryptus novozealandicus* (Hymenoptera: Ichneumonidae), *New Zealand Entomologist*, 1978, **6**(4), 406-408.

Hart C. J., Cope J. S., Ivie M. A. A Checklist of the Cerambycidae (Coleoptera) of Montana, USA, with Distribution Maps. *The Coleopterists Bulletin* 2013, **67**(2), 133-148.

Hart M. W., Sunday, J., Things Fall Apart: Biological Species Form Unconnected Parsimony Networks, *Biology Letters*, 2007, **3**(5), 509-512.

Hausmann A., Haszprunar G., Segerer A. H., Speidel W., Behounek G., Hebert, P. D., Now DNA-Barcoded: The Butterflies and Larger Moths of Germany, *Spixiana*, 2011, **34**(1), 47-58.

Hayashi M., The Cerambycidae from Amami-Ôshima Islands. I. Additions to the Cerambycid Fauna of the Loochoo-Archipelago. 2 (Col.), *The Entomological Review of Japan*, 1961, **13**(2), 35-46.

Hebert P. D., Ratnasingham S., Zakharov E. V., Telfer A. C., Levesque-Beaudin, V., Milton, M. A., Dewaard, J. R. Counting Animal Species with DNA Barcodes: Canadian Insects, *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2016, **371**(1702), 3-33.

Hebert P. D. N., Cywinska A., Shelley L. B., Biological Identifications Through DNA Barcodes, *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 2003, **270**(1512), 313-321.

Hebert P. D. N., Dewaard J. R., Landry J. F., DNA Barcodes for 1/1000 of the Animal Kingdom, *Biology Letters* 2010, **6**(3), 359-362.

Hebert P. D., Zakharov E. V., Prosser S. W., Sones J. E., Mckeown J. T., Mantle B., La Salle, J., A DNA 'Barcode Blitz': Rapid Digitization and Sequencing of a Natural History Collection, 2013, *Plos One*, **8**(7), E68535.

Heliövaara K., Mannerkoski I. Siitonen J. *Longhorn Beetles of Finland (Coleoptera, Cerambycidae)*, Tremex Press, Helsinki, 2004.

Hendrich L., Morinière J., Haszprunar G., Hebert P. D., Hausmann A., Köhler F., Balke M., A Comprehensive DNA Barcode Database for Central European Beetles with a Focus on Germany: Adding more than 3500 Identified Species to BOLD, *Molecular Ecology Resources*, 2015, **15**(4), 795-818.

Hérard F., Ciampitti M., Maspero M., Krehan H., Benker U., Boegel C., Bialooki P. *Anoplophora* Species in Europe: Infestations and Management Processes 1. *EPPO Bulletin*, 2006, **36**(3), 470-474.

Hernandez J. M., Study of the Characters of the Egg in Various Iberian Cerambycidae and Their Taxonomic Interest Coleoptera, *Graellsia*, 1991, **47**(1), 49-59.

Hızal E., Arslangündoğdu Z., Göç A., Ak M., Türkiye İstilacı Yabancı Böcek Faunasına Yeni Bir Kayıt *Anoplophora Chinensis* (Forster, 1771) (Coleoptera: Cerambycidae), *İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi*, 2014, **65**(1), 7-10.

Holzmueller E. J., Jose S., Invasion Success of Cogongrass, an Alien C4 Perennial Grass, in the Southeastern United States: Exploration of the Ecological Basis, *Biological Invasions*, 2011, **13**(2), 435-342.

Hopping R., The Lepturini of America, North of Mexico, *Bulletin of the National Museum of Canada*, 1937, **85**(1), 1-42.

Hopping R., Hopping G. R., The Lepturini of America North of Mexico: Part III. Cortodera, *Scientific Agriculture*, 1947, **27**(5), 220-236.

Hoshino K., Nakaba S., Inoue H., Iwabuchi K., Structure and Development of Male Pheromone Gland of Longicorn Beetles and Its Phylogenetic Relationships Within the Tribe Clytini, *Journal of Experimental Zoology Part B: Molecular and Developmental Evolution*, 2015, **324**(1), 68-76.

Hu J., Angeli S., Schuetz S., Luo Y., Hajek A. E., Ecology and Management of Exotic and Endemic Asian Longhorned Beetle *Anoplophora Glabripennis*, *Agricultural and Forest Entomology*, 2009, **11**(4), 359-375.

Hua L. Z., *List of Chinese Insects 2*, Zhongshan (Sun Yat-Sen) University Press, Guangzhou, 2002.

Huemer P., Mutanen M., Sefc K. M., Hebert P. D. N., Testing DNA Barcode Performance in 1000 Species of European Lepidoptera: Large Geographic Distances Have Small Genetic Impacts. *Plos One* 2014, **9**(12), 1-22.

Hughes G. P., Meier L. R., Zou Y., Millar J. G., Hanks L. M., Ginzel M. D., Stereochemistry of Fuscumol and Fuscumol Acetate Influences Attraction of Longhorned Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) of the Subfamily Lamiinae, *Environmental Entomology*, 2016, **45**(5), 1271-1275.

Hulme P. E., Trade, Transport and Trouble: Managing Invasive Species Pathways in an Era of Globalization, *Journal of Applied Ecology*, 2009, **46**(1), 10-18.

Humble L., Pest Risk Analysis and Invasion Pathways - Insects and Wood Packing Revisited: What We Have Learned? *New Zealand Journal for Science*, 2010, **40**(1), 57-72.

Hurst G. D., Jiggins F. M., Problems with Mitochondrial DNA as a Marker in Population, Phylogeographic and Phylogenetic Studies: The Effects of Inherited Symbionts, *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 2005, **272**(1572), 1525-1534.

Hwang U., Kim W., General Properties and Phylogenetic Utilities of Nuclear Ribosomal DNA and Mitochondrial DNA Commonly Used in Molecular Systematics, *The Korean Journal of Parasitology*, 1999, **37**(4), 215-228.

Imrei Z., Millar J. G., Tóth M., Field Screening of Known Pheromone Components of Longhorned Beetles in the Subfamily Cerambycinae (Coleoptera: Cerambycidae) in Hungary, *Zeitschrift Für Naturforschung C*, 2013, **68**(5-6), 236-242.

Jang H. K., Lee S. H., Choi W., *Cerambycidae of Korea*, Geobook, Seoul, Korea, 2015.

Jin M., Weir T., Cameron S. L., Lemann C., Ślipiński A., Pang H., Discovery of a New Species of *Stromatium* Audinet-Serville, 1834 (Coleoptera: Cerambycidae) Native to Australia, Based on Morphology and DNA Barcoding, *Austral Entomology*, 2019, **58**(1), 137-147.

Kambhampati S., Smith P. T., PCR Primers for the Amplification of Four Insect Mitochondrial Gene Fragments, *Insect Molecular Biology*, 1995, **4**(4), 233-236.

Kato M., Kakutani T., Inoue T., Itino T., Insect-Flower Relationship in the Primary Beech Forest of Ashu, Kyoto: An Overview of the Flowering Phenology and the Seasonal Pattern of Insect Visits, *Contributions from the Biological Laboratory, Kyoto University*, 1990, **27**(4), 309-376.

Katoh K., Standley D. M., MAFFT: Multiple Sequence Alignment Software Version 7: Improvements in Performance and Usability, *Molecular Biology and Evolution*, 2013, **30**(4), 772-780.

Katoh K., Misawa K., Kuma, K., Miyata T., MAFFT: A Novel Method for Rapid Multiple Sequence Alignment Based on Fast Fourier Transform, *Nucleic Acids Research*, 2002, **30**(14), 3059-3066.

Kearse M., Moir R., Wilson A., Stones-Havas S., Cheung M., Sturrock S., Buxton S., Cooper A., Markowitz S., Duran C., Thierer T., Geneious Basic: An Integrated and Extendable Desktop Software Platform for the Organization and Analysis of Sequence Data, *Bioinformatics*, 2012, **28**(12), 1647-1649.

Kelnarova I., Jendek E., Grebennikov V. V., Bocak L., First Molecular Phylogeny of *Agrilus* (Coleoptera: Buprestidae), the Largest Genus on Earth, with DNA Barcode Database for Forestry Pest Diagnostics, *Bulletin of Entomological Research*, 2019, **109**(2), 200-211.

Kim K.G., Hong M.Y., Kim M.J., Im H.H., Kim M.I., Bae C.H., Seo S.J., Lee S.H., Kim I., Complete Mitochondrial Genome Sequence of the Yellow-Spotted Long-Horned Beetle *Psacotha hilaris* (Coleoptera: Cerambycidae) and Phylogenetic Analysis Among Coleopteran Insects, *Molecules and Cells*, 2009, **27**(4), 429-441.

Kliejunas J. T., *Pest Risk Assessment of the Importation into the United States of Unprocessed Eucalyptus Logs and Chips from South America (Vol. 124)*. US Department of Agriculture, Forest Service, Forest Products Laboratory, USA, 2001.

Kojima K., Morphological Studies of the Cerambycidae Larvae in Japan, Supplementary Study on the Ecology of a Few Species of Cerambycidae, *Memoirs of the Faculty of Agriculture. Kochi University*, 1959, **6**(1), 1-72.

Kojima K., Ecological Studies of the Family Cerambycidae as Found in Japan on the Ovipositing-Habits of the Adult and the Food-Habits of the Larva, *Gensei*, 1960, **10**(1) 21-46.

Kolk A., Starzyk J. R., *The Atlas of Forest Insect Pests*, The Polish Forest Research Institute, Multico Warszawa, 1996.

Koutroumpa F. A., Lieutier F., Roux-Morabito G. Incorporation of Mitochondrial Fragments in the Nuclear Genome (Numts) of the Longhorned Beetle *Monochamus Galloprovincialis* (Coleoptera, Cerambycidae), *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 2009, **47**(2), 141-148.

Koutroumpa F. A., Rougon D., Bertheau C., Lieutier F., Roux-Morabito G., Evolutionary Relationships Within European *Monochamus* (Coleoptera: Cerambycidae) Highlight the Role of Altitude in Species Delineation, *Biological Journal of the Linnean Society*, 2013, **109**(2), 354-376.

Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K., MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Across Computing Platforms, *Molecular Biology and Evolution* 2018, **35**(6), 1547-1549.

Kumar S., Nei M., Dudley J., Tamura, K., MEGA: A Biologist-Centric Software for Evolutionary Analysis of DNA and Protein Sequences, *Briefings in Bioinformatics*, 2008, **9**(4), 299-306.

- Kvamme T., Wallin H., Kvie K. S., Taxonomy and DNA Barcoding of *Stenostola ferrea* (Schrank, 1776) and *S. dubia* (Laicharting, 1784) (Coleoptera, Cerambycidae, Saperdini), 2012, *Norwegian Journal of Entomology*, **59**(1), 78-87.
- Lacordaire J. T., *Histoire Naturelle des Insectes. Genera des Coléoptères, Volume 8*, Librairie Encyclopédique De Roret, Paris, 1868.
- Lacordaire J. T., *Histoire Naturelle des Insectes. Genera des Coléoptères, Volume 9*, Librairie Encyclopédique De Roret, Paris, 1869.
- Lacordaire J. T., *Histoire Naturelle des Insectes. Genera des Coléoptères, Ou Exposé Méthodique et Critique de Tous Les Genres Proposés Jusqu'ici Dans Cet Ordre D'insectes. Tome Neuvième, Deuxième Partie. Famille des Longicornes (Fin)*, Librairie Encyclopédique De Roret, Paris, 1872.
- Lameere A. A., Étude Sur La Phylogénie des Longicornes. Première Communication Préliminaire. *Annales de la Société Entomologique de Belgique*, 1901, **45**(1), 314-323.
- Lanfear R., Frandsen P. B., Wright A. M., Senfeld T., Calcott B., Partitionfinder 2: New Methods for Selecting Partitioned Models of Evolution for Molecular and Morphological Phylogenetic Analyses, *Molecular Biology and Evolution*, 2017, **34**(3), 772-773.
- Lawrence J. F., Families and Subfamilies of Coleoptera (With Selected Genera, Notes, References and Data on Family-Group Name), Editörler: Pakaluk J., Ślipiński S. A., *Biology, Phylogeny, and Classification of Coleoptera*, Muzeum I Instytut Zoologii PAN, Warszawa, 779-1006, 1995.
- Lee S., Lee S., Multigene Phylogeny Uncovers Oviposition-Related Evolutionary History of Cerambycinae (Coleoptera: Cerambycidae), *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2020, **145**, 106707.
- Leigh J. W., Bryant D., Popart: Full-Feature Software for Haplotype Network Construction, *Methods in Ecology and Evolution*, 2015, **6**(9), 1110-1116.
- Lemey P., Salemi M., Vandamme A., *The Phylogenetic Handbook, a Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*, 2nd ed., Cambridge University Press, Cambridge, UK, 2009.
- Lewis P. O., Holder M. T., Holsinger K. E., Polytomies and Bayesian Phylogenetic Inference, *Systematic Biology*, 2005, **54**(2), 241-253.
- Librado P., Rozas J., Dnasp V5: A Software for Comprehensive Analysis of DNA Polymorphism Data, *Bioinformatics*, 2009, **25**(11), 1451-1452.
- Lim J., Jung S. Y., Lim J. S., Jang J., Kim K. M., Lee Y. M., Lee B. W., A Review of Host Plants of Cerambycidae (Coleoptera: Chrysomeloidea) with New Host Records

for Fourteen Cerambycids, Including the Asian Longhorn Beetle (*Anoplophora glabripennis* Motschulsky), in Korea. *Korean J. Appl. Entomol.*, 2014, **53**(2), 111-133.

Linnaeus C., *Systema Naturae Per Regna Tria Naturae Secundum Classes, Ordines, Genera, Species, Cum. Characteribus, Differentiis, Synonymis, Locis*, Laurentii Salvii, Stockholm, 1758.

Linsley E. G., Lycidlike Cerambycidae (Coleoptera), *Annals of the Entomological Society of America*, 1961, **54**(5), 628-635.

Linsley E. G. Ecology of Cerambycidae. *Annual Review of Entomology*, 1959, **4**(1), 99-138.

Linsley E. G. *The Cerambycidae of North America. Part III: Taxonomy and Classification of the Subfamily Cerambycinae, Tribes Opsimini Through Megaderini*, University of California Press, Berkeley, CA, 1962.

Linsley E. G., Chemsak, J. A., *The Cerambycidae of North America, Part VI, No. 1. Taxonomy and Classification of the Subfamily Lepturinae*, 1st Ed., University of California Publications in Entomology, Berkeley, CA, 1972.

Linsley E. G., A Revision of the North American Necydalini (Coleoptera, Cerambycidae), *Annals of the Entomological Society of America*, 1940, **33**, 269-281.

Linsley E. G. *The Cerambycidae of North America, Part II. Taxonomy and Classification of the Parandrinae, Prioninae, Spondylinae, and Aseminae*, 1st ed. University of California Publications in Entomology, University of California Press, Berkeley, 1962.

Linsley E. G., Chemsak J. A., *Entomology, Volume 102. the Cerambycidae of North America. Part VII, No. 1: Taxonomy and Classification of the Subfamily Lamiinae, Tribes Parmenini Through Acanthoderini*, 1st Ed., University of California, Publications in Entomology, Berkeley, 1984.

Liu Z. K., Gao P., Ashraf M. A., Wen J. B., the Complete Mitochondrial Genomes of Two Weevils, *Eucryptorrhynchus chinensis* and *E. Brandti*: Conserved Genome Arrangement in Curculionidae and Deficiency of tRNA-Ile Gene, *Open Life Sciences*, 2016, **11**(1), 458-469.

Lodos, N., *Türkiye Entomolojisi VI*, Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, İzmir, 1998.

Loni A., Jucker C., Belokobylskij S., Lupi D., First Record of *Rhoptrocentrus piceus* Marshall (Hymenoptera, Braconidae, Doryctinae) as Parasitoid of *Psacotheta hilaris* Hilaris (Pascoe) (Coleoptera, Cerambycidae), *Zookeys*, 2015, **2015**(482), 1-8.

López A., García J., Demaestri M., Di Lorio O. R., Magris R., the Genus "*Arhopalus*" Serville, 1834 (Insecta: Coleoptera: Cerambycidae: Aseminae) in Association To"

Sirex Noctilio" in Argentina, *Boletín De Sanidad Vegetal. Plagas*, 2008, **34**(4), 529-532.

Lowenstein J. H., Burger J., Jeitner C. W., Amato G., Kolokotronis S. O., Gochfeld, M., DNA Barcodes Reveal Species-Specific Mercury Levels in Tuna Sushi that Pose a Health Risk to Consumers, *Biology Letters*, 2010, **6**(5), 692-695.

Löbl I., Smetana A., *Catalogue of Palaearctic Coleoptera*, Apollo Books, Stenstrup, 2010.

Lu W., Wang Q., Yi Tian M., Xu J., Zhi Qin, A. Phenology and Laboratory Rearing Procedures of an Asian Longicorn Beetle, *Glenea cantor* (Coleoptera: Cerambycidae: Lamiinae), *Journal of Economic Entomology*, 2011, **104**(2), 509-516.

Martins U. R., Galileo M. H. M., Lamiinae (Coleoptera, Cerambycidae) Com Garras Tarsais Apendiculadas E Descrição De Pretiliini, Trib. N. *Revista Brasileira de Entomologia*, 1990, **34**(4), 703-708.

Marvaldi A. E., Duckett C. N., Kjer K. M., Gillespie J. J., Structural Alignment of 18S and 28S rDNA Sequences Provides Insights into Phylogeny of Phytophaga (Coleoptera: Curculionoidea and Chrysomeloidea), *Zoologica Scripta*, 2009, **38**(1), 63-77.

Mayr E., *Principles of Systematic Zoology*, Mcgraw-Hill Book Company, New York, 1969.

Mayr, E., *Animal Species and Evolution*, Belknap Press, Cambridge, 1979.

Mckenna D. D., Molecular Systematics of Coleoptera, 1st ed., Editörler: Beutel R., Leschen R.A.B., *Vol. I Coleoptera, Beetles. Morphology and Systematics*, Water De Gruyter Gmbh, Berlin/Boston, 2016.

Mckenna D. D., Wild A. L., Kanda K., Bellamy C. L., Beutel R. G., Caterino M. S., Farnum C. W., Hawks D. C., Ivie M. A., Jameson M. L., Leschen R. A. B., Marvaldi A. E., Mchugh, J. V., Newton A. F., Robertson J. A., Thayer, M. K., Whiting M. F., Lawrence J. F., Ślipiński A., Maddison D. R., Farrell B. D., the Beetle Tree of Life Reveals Coleoptera Survived End Permian Mass Extinction to Diversify During the Cretaceous Terrestrial Revolution, *Systematic Entomology*, 2015, **40**(4), 835-880.

Mckeown K. C., Catalogue of the Cerambycidae (Coleoptera) of Australia, *Memoirs of the Australian Museum*, 1947, **10**, 1-190.

Meier R., DNA Sequences in Taxonomy, Opportunities and Challenges, Editör: Wheeler Q. D., *The New Taxonomy*, CRC Press, Boca Raton, 95-128, 2008.

Meier L. R., Millar J. G., Mongold-Diers J. A., Hanks L. M., (S)-Sulcatol Is a Pheromone Component for Two Species of Cerambycid Beetles in the Subfamily Lamiinae, *Journal of Chemical Ecology*, 2019, **45**(5-6), 447-454.

- Meier L. R., Zou Y., Mongold-Diers J. A., Millar J. G., Hanks L. M., Pheromone Composition and Chemical Ecology of Six Species of Cerambycid Beetles in the Subfamily Lamiinae, *Journal of Chemical Ecology*, 2020, **46**(1), 30-39.
- Millar, J. G., Paine, T. D., Campbell, C. D., Hanks, L. M., Methods for Rearing *Syngaster lepidus* and *Jarra phoracantha* (Hymenoptera: Braconidae), Larval Parasitoids of the Phloem-Colonizing Longhorned Beetles *Phoracantha semipunctata* and *P. recurva* (Coleoptera: Cerambycidae), *Bulletin of Entomological Research*, 2002, **92**(2), 141.
- Mitchell, R. F., Graham, E. E., Wong, J. C., Reagel, P. F., Striman, B. L., Hughes, G. P., Paschen M. A., Ginzl M. D., Millar J. G., Hanks, L. M., Fuscumol and Fuscumol Acetate are General Attractants for Many Species of Cerambycid Beetles in the Subfamily Lamiinae, *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 2011, **141**(1), 71-77.
- Monné, M. A., Catalogue of the Type-Species of the Genera of the Cerambycidae, Disteniidae, Oxypeltidae and Vesperidae (Coleoptera) of the Neotropical Region, *Zootaxa*, 2012, **3213**, 1-183.
- Monné, M. L., Monné M. A., The Tribe Lepturini in South America (Coleoptera: Cerambycidae: Lepturinae), *Zootaxa*, 2008, **1858**, 37-52.
- Monné, M. A., Catalogue of the Cerambycidae (Coleoptera) of the Neotropical Region. Part III. Subfamilies Parandrinae, Prioninae, Anoplodermatinae, Aseminae, Spondylidinae, Lepturinae, Oxypeltinae, and Addenda to the Cerambycinae and Lamiinae, *Zootaxa*, 2006, **1212**, 1-244.
- Monné, M.L., Monné, M.A., Wang, Q., General Morphology, Classification and Biology of Cerambycidae. Editör: Wang, Q., *Cerambycidae of the World. Biology and Pest Management*, Taylor and Francis, Boca Raton, 2017.
- Monné, M. A., Catalogue of the Type-Species of the Genera of the Cerambycidae, Disteniidae, Oxypeltidae and Vesperidae (Coleoptera) of the Neotropical Region, *Zootaxa*, 2012, **3213**, 1-183.
- Moritz C., Cicero C., DNA Barcoding: Promise and Pitfalls, Editörler: Foottit R. G., Adler P. H., *Insect Biodiversity, Science and Society*, Wiley-Blackwell, Chichester, UK, 2009.
- Mulsant E., *Longicornes*, Histoire Naturelle des Coléoptères De France, Paris. 1839.
- Mulsant E., *Longicornes*, Histoire Naturelle des Coléoptères De France, Paris, 1862-1863.
- Mutanen M., Kivelä, S. M., Vos R. A., Doorenweerd C., Ratnasingham S., Hausmann A., Huemer P., Dincă V., Van Nieuwerkerken E.J., Lopez-Vaamonde C., Vila R., Species-level para-and polyphyly in DNA barcode gene trees: strong operational bias in European Lepidoptera, *Systematic Biology*, 2016, **65**(6), 1024-1040.

- Nakamine H., Takeda M., Molecular Phylogenetic Relationships of Flightless Beetles Belonging to the Genus *Mesechthistatus* Breuning (Coleoptera: Cerambycidae) Inferred from Mitochondrial COI Gene Sequences, *Journal of Insect Science* 2008a, **8**(70), 1-11
- Nakamine H., Takeda M., Molecular Phylogeny and Phylogeography of Flightless Beetles *Parechthistatus gibber* and *Hayashiechthistatus inexpectus* (Coleoptera: Cerambycidae) Inferred from Mitochondrial COI Gene Sequences, *Entomological Science*, 2008b, **11**(2), 239-246.
- Nakamura S., Morphological and Taxonomic Studies of the Cerambycid Pupae of Japan (Coleoptera: Cerambycidae), *Misc. Rep. Hiwa Mus. Nat. Hist.* 1981, **20**, 1-159.
- Napp D. S., Phylogenetic Relationships Among the Subfamilies of Cerambycidae (Coleoptera, Chrysomeloidea), *Revista Brasileira de Entomologia*, 1994, **38**(2), 265-419.
- Naves P. M., Camacho S., De Sousa E. M., Quartau J. A., Transmission of the Pine Wood Nematode *Bursaphelenchus xylophilus* Through Feeding Activity of *Monochamus galloprovincialis* (Col., Cerambycidae), *Journal of Applied Entomology*, 2007, **131**(1), 21-25.
- Nearns E. H., Systematics of Longhorned Beetles. Chapter 1: Molecular Phylogenetic Analysis of the Longhorned Beetle Subfamilies Prioninae and Parandrinae (Insecta: Coleoptera: Cerambycidae), *Doktora tezi*, University of New Mexico, Faculty of Natural Science, Albuquerque, 2013.
- Nei M., Kumar S., *Molecular Evolution and Phylogenetics*, 1st ed., Oxford University Press, New York, 2000.
- Nei M. Kumar S., *Molecular Evolution and Phylogenetics*, 2nd ed., Oxford University Press, New York, 2005.
- Niisato T., Some Records of Alpine Cerambycid Beetles (Coleoptera) from Taiwan, *Elytra*, 1993, **21**(1), 32.
- Nikkeshi A., Inoue H., Arai T., Kishi S., Kamo T., The Bumblebee *Bombus ardens ardens* (Hymenoptera: Apidae) Is the Most Important Pollinator of Oriental Persimmon, *Diospyros Kaki* (Ericales: Ebenaceae), in Hiroshima, Japan, *Applied Entomology and Zoology*, 2019, **54**(4), 409-419.
- Nowak D. J., Pasek J. E., Sequeira R. A., Crane D. E., Mastro V. C., Potential Effect of *Anoplophora glabripennis* (Coleoptera: Cerambycidae) on Urban Trees in the United States. *Journal of Economic Entomology*, 2001, **94**(1), 116-122.
- O'Connor J. P., Nash R., Insects Imported into Ireland. 6. Records of Orthoptera, Dermaptera, Lepidoptera and Coleoptera, *The Irish Naturalists' Journal*, 1984, **21**(8), 351-353.

Ohbayashi N., Taxonomic Notes on Japanese Cerambycidae (Coleoptera), *Acta Coleopterologica Japonica*, 1992, **2**(1), 1-11.

Ohbayashi N., A Revision of the Genus *Formosotoxotus* (Coleoptera, Cerambycidae, Apatophyseinae), with Description of a New Species from Sikkim, *Elytra*, 2007, **35**(1), 194-204.

Ohbayashi N., Niisato T., *Longicorn Beetles of Japan*, Tokai University Press, Kanagawa, 2007.

Ohbayashi N., Ogawa J., Su Z. H., Phylogenetic Analysis of the Lamiine Genus *Anoplophora* and Its Relatives (Coleoptera, Cerambycidae) Based on the Mitochondrial COI Gene, *Special Bulletin Japanese Society of Coleopterology*, 2009, **7**, 309-324.

Okamoto H., The Longicorn Beetles from Corea, *Insecta Matsumurana*, 1927, **2**(2), 62-86.

Özdikmen H., Aytar F., A New Subspecies of *Asemum tenuicorne* Kraatz, 1879 from Turkey (Coleoptera: Cerambycidae), *Munis Entomology & Zoology*, 2012, **7**(2), 1252-1255.

Özdikmen H., Turkish Agapanthiini Mulsant, 1839 with Identification Keys (Coleoptera: Lamiinae), *Munis Entomology & Zoology*, 2013, **8**(1), 9-40.

Özdikmen H., Turgut S. A., Synopsis of Turkish Vesperinae Mulsant, 1839 and Prioninae Latreille, 1802 (Coleoptera: Cerambycidae), *Munis Entomology & Zoology*, 2009, **4**(2), 402-423.

Özdikmen H., Atak Ş., First Detection of *Phryneta leprosa* (Fabricius) in Turkey (Coleoptera: Cerambycidae), *Munis Entomology & Zoology*, 2017, **12**(1), 38-40.

Pascoe F. P., On New Genera and Species of Longicorn Coleoptera. Part IV, *Transactions of the Entomological Society of London*, 1859, **5**, 12-61.

Pascoe F. P., Longicornia Malayana: Or a Descriptive Catalogue of the Species of the Three Longicorn Families Lamiidae, Cerambycidae and Prionidae Collected by Mr. A. R. Wallace in the Malay Archipelago, *Transactions of the Entomological Society of London*, 1864, **3**, 1-96.

Pascoe F. P., Longicornia Malayana: Or a Descriptive Catalogue of the Species of the Three Longicorn Families Lamiidae, Cerambycidae and Prionidae Collected by Mr. A. R. Wallace in the Malay Archipelago, *Transactions of the Entomological Society of London* 1865, **3**, 97-224.

Pascoe F. P., Longicornia Malayana: Or a Descriptive Catalogue of the Species of the Three Longicorn Families Lamiidae, Cerambycidae and Prionidae Collected by Mr.

A. R. Wallace in the Malay Archipelago, *Transactions of the Entomological Society of London* 1866, **3**, 225-336.

Pascoe F. P., Longicornia Malayana: Or a Descriptive Catalogue of the Species of the Three Longicorn Families Lamiidae, Cerambycidae and Prionidae Collected by Mr. A. R. Wallace in the Malay Archipelago, *Transactions of the Entomological Society of London* 1867, **3**, 337-464.

Pascoe F. P., Longicornia Malayana: Or a Descriptive Catalogue of the Species of the Three Longicorn Families Lamiidae, Cerambycidae and Prionidae Collected by Mr. A. R. Wallace in the Malay Archipelago. *Transactions of the Entomological Society of London* 1868, **3**, 465-496.

Pascoe F. P., Longicornia Malayana: Or a Descriptive Catalogue of the Species of the Three Longicorn Families Lamiidae, Cerambycidae and Prionidae Collected by Mr. A. R. Wallace in the Malay Archipelago, *Transactions of the Entomological Society of London* 1869a, **3**, 497-552.

Pascoe F. P., Longicornia Malayana: Or a Descriptive Catalogue of the Species of the Three Longicorn Families Lamiidae, Cerambycidae and Prionidae Collected by Mr. A. R. Wallace in the Malay Archipelago, *Transactions of the Entomological Society of London*. 1869b, **3**, 553-712.

Peck S. B., The Beetles of Lesser Antilles (Insecta: Coleoptera); Diversity and Distributions, *Insecta Mundi*, 2016, **0460**, 1-360.

Pedlar J. H., Mckenney D. W., Yemshanov D., Hope E. S., Potential Economic Impacts of the Asian Longhorned Beetle (Coleoptera: Cerambycidae) in Eastern Canada, *Journal of Economic Entomology*, 2020, **113**(2), 839-850.

Pentinsaari M., Hebert, P. D. N.; Mutanen M., Barcoding Beetles: A Regional Survey of 1872 Species Reveals High Identification Success and Unusually Deep Interspecific Divergences, *Plos One*, 2014, **9**(9), e108651.

Pic M., *Supplément Pour La Faune Franco-Algérienne (Variétés) Matériaux Pour Servir À L'étude des Longicornes. 2ème Cahier*, Imprimerie L. Jacquet, Lyon, 1898.

Picard F., *Coléoptères. Cerambycidae. Faune De France*, Lechevalier, Paris, 1929.

Plavilstshikov N. N., Die *Agapanthia*-Arten Der Palaearktischen Region. Bestimmungstabellen der Europäischen Coleopteren., E. Reitter, Troppau, 1930.

Plavilstshikov N. N., *Cerambycidae. Faune URSS*, 21, E. Reitter, Troppau, 1936a.

Plavilstshikov N. N., *Cerambycidae. Faune URSS*, 22, E. Reitter, Troppau, 1936b.

Plavilstshikov N. N., *Cerambycidae. Faune URSS*, 23, E. Reitter, Troppau, 1936c.

Plewa R., Sikora K., Gutowski J.M., Jaworski T., Tarwacki G., Tkaczyk M., Rossa R., Hilszczański J., Magoga G., Kajtoch Ł., Morphology, genetics and Wolbachia endosymbionts support distinctiveness of *Monochamus sartor sartor* and *M. s. urussovii* (Coleoptera: Cerambycidae). *Arthropod Syst. Phylo*, 2018, **76**,123-135.

Puillandre N., Lambert A., Brouillet S., Achaz G., ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for Primary Species Delimitation, *Molecular Ecology*, 2012, **21**(8), 1864-1877.

Raje K. R., Ferris V. R., Holland J. D., Two Color Variants of *Sternidius alpha* (Say)(Coleoptera: Cerambycidae) Show Dissimilar Cytochrome Oxidase I Genes. *The Coleopterists Bulletin*, 2012, **66**(4), 333-336.

Raje K. R., Ferris V. R., Holland J. D., Phylogenetic Signal and Potential for Invasiveness. *Agricultural and Forest Entomology*, 2016, **18**(3), 260-269.

Raju J., Gokulraam M., Mohan S. M., Keshavamurthy G. M., Nagaraju D.K., Geetha S., Interception of live exotic species *Cordylomera spinicornis* (Fabricius)(Coleoptera: Cerambycidae) in Tali wood imported from African countries, *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 2019, **7**(4), 432-435.

Ralser M., Querfurth R., Warnatz H. J., Lehrach H., Yaspo M. L., Krobisch, S., An Efficient and Economic Enhancer Mix for PCR, *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 2006, **347**(3), 747-751.

Rambaut, A., Drummond, A. J., Xie, D., Baele, G., Suchard, M. A. Posterior Summarization in Bayesian Phylogenetics Using Tracer 1.7, *Systematic Biology*, 2018, **67**(5), 901.

Rassati D., Faccoli M., Marini L., Haack R. A., Battisti A., Toffolo E. P. Exploring the Role of Wood Waste Landfills in Early Detection of Non-Native Wood-Boring Beetles, *Journal of Pest Science*, 2015, **88**(3), 563-572.

Ratnasingham S., Hebert P. D., BOLD: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>), *Molecular Ecology Notes*, 2007, **7**(3), 355-364.

Ray A. M., Swift I. P., Mcelfresh J. S., Alten R. L., Millar J. G., (R)-Desmolactone, a Female-Produced Sex Pheromone Component of the Cerambycid Beetle *Desmocerus californicus californicus* (Subfamily Lepturinae), *Journal of Chemical Ecology*, 2012, **38**(2), 157-167.

Ray A. M., Žunič A., Alten R. L., McElfresh J. S., Hanks, L. M., Millar, J. G., Cis-Vaccenyl Acetate, a Female-Produced Sex Pheromone Component of *Ortholeptura valida*, a Longhorned Beetle in the Subfamily Lepturinae, *Journal of Chemical Ecology* 2011, **37**(2), 173-178.

Reid C. A. M., A Cladistic Analysis of Subfamilial Relationships in the Chrysomelidae *sensu lato* (Chrysomeloidea), Editörler: Pakaluk J., Ślipiński S. A., *Biology*,

Phylogeny, and Classification of Coleoptera, Muzeum I Instytut Zoologii PAN, Warszawa, 559-631, 1995.

Richards E. J., Servedio M. R., Martin C. H., Searching for Sympatric Speciation in the Genomic Era, *Bioessays*, 2019, **41**(7), 1900047.

Roderick G. K., Geographic Structure of Insect Populations: Gene Flow, Phylogeography, and Their Uses, *Annual Review of Entomology*, 1996, **41**(1), 325-352.

Rodstein J., Millar, J. G., Barbour J. D., Mcelfresh J. S., Wright I. M., Barbour K. S., Ray A. M., Hanks L. M., Determination of the Relative and Absolute Configurations of the Female Produced Sex Pheromone of the Cerambycid Beetle *Prionus californicus*, *Journal of Chemical Ecology*, 2011, **37**(1), 114-124.

Ronquist F., Teslenko M., Van Der Mark P., Ayres D. L., Darling A., Höhna S., Larget B., Liu L., Suchard M. A., Huelsenbeck J. P., MrBayes 3.2: Efficient Bayesian Phylogenetic Inference and Model Choice Across a Large Model Space, *Systematic Biology*, 2012, **61**(3), 539-542.

Ronquist F., Huelsenbeck J. P., MrBayes 3: Bayesian Phylogenetic Inference Under Mixed Models, *Bioinformatics*, 2003, **19**(12), 1572-1574.

Rossa R., Goczał J., Tofilski A., Hind Wing Morphology Facilitates Discrimination Between Two Sibling Species: *Leiopus nebulosus* and *L. linnei* (Coleoptera: Cerambycidae), *Zootaxa*, 2017, **4227**(2), 266-278.

Rougerie R., Lopez-Vaamonde C., Barnouin T., Delnatte J., Moulin N., Noblecourt T., Nusillard B., Parmain G., Soldati F., Bouget C., PASSIFOR: A reference library of DNA barcodes for French saproxylic beetles (Insecta, Coleoptera), *Biodiversity data journal*, 2015, **3**, e4078.

Rulik B., Eberle J., von der Mark L., Thormann J., Jung M., Köhler F., Apfel W., Weigel A., Kopetz A., Köhler J., Fritzlar F., Using taxonomic consistency with semi-automated data pre-processing for high quality DNA barcodes, *Methods in Ecology and Evolution*, 2017, **8**(12), 1878-1887.

Saalas U., Ueber Das Flügelgeäder Und Die Phylogenetische Entwicklung Der Cerambyciden, *Annales Zoologici Societatis Zoologicae-Botanicae Fennicae Vanamo*, 1936, **4**(1), 1-198.

Saito A., Female Reproductive Organs of Cerambycid Beetles from Japan and the Neighboring Areas. IV. Callichromini Through Cleomenini, *Elytra*, 1993, **21**(1), 3-25.

Sakakibara Y., Kikuma A., Iwata R., Yamane A., Performances of Four Chemicals with Floral Scents as Attractants for Longicorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) in a Broadleaved Forest, *Journal of Forest Research*, 1998, **3**(4), 221-224.

Sama G., Preliminary Report of the Entomological Surveys (2010, 2011) of G. Sama and P. Rapuzzi to Turkey (Coleoptera: Cerambycidae), *Munis Entomology & Zoology*, 2012, **7**(1), 22-45.

Sama G., *Atlas of the Cerambycidae of Europe and Mediterranean Area. Vol 1: Northern, Western, Central and Eastern Europe*, Zlín, Czech Republic, Kabourek, 2002.

Sama G., Löbl I., Cerambycidae, Western Palaearctic Taxa, Eastward to Afghanistan Excluding Oman and Yemen and the Countries of the Former Soviet Union, *Catalogue of Palaearctic Coleoptera*, 2010, **6**, 84-334.

Sama G., Description of Neospondylis Gen. Nov. from North America and Mexico (Coleoptera, Cerambycidae, Spondylinae), *Les Cahiers Magellanes*, 2005, **1**, 1-10.

Sambrook J., Russell D. W., Gel Electrophoresis of DNA and Pulsed-Field Agarose Gel Electrophoresis, *Molecular Cloning: A Laboratory Manual 1*, 3th ed., Cold Spring Harbour, Cold Spring Harbour Press, New York, 2001.

Sambrook J., Russell D. W., Purification of Nucleic Acids by Extraction with Phenol: Chloroform, *Cold Spring Harbor Protocols*, 1st ed., Cold Spring Harbour Press, New York, 2006.

Samuelson G. A., Pollen Consumption and Digestion by Leaf Beetles, Editörler: Jolivet, P. H., Cox, M. Petitpierre, E., *Novel Aspects of the Biology of Chrysomelidae*, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 179-183, 1994.

Santos-Silva A., Nascimento F. E. L., On the True Identity of *Scopadus ciliatus* Pascoe, Reinstatement of Acanthomerosternoplini, and Description of a New Species (Coleoptera, Cerambycidae, Lamiinae), *Iheringia, Sér. Zool.* 2019, **109**(1), 1-11.

Sato Y., Komine X., Construction of a DNA Barcode Library for a Practical Insect Monitoring in Museums, *Yayınlanmamış*.

Sayyari E., Mirarab S., Testing for Polytomies in Phylogenetic Species Trees Using Quartet Frequencies. *Genes*, 2018, **9**(3), 132.

Schiødte J. C., Danmarks Cerambyces, *Naturhistorisk Tidsskrift*, 1864, **2**(3), 483-576.

Schiødte J. C., De Metamorphosi Eleutheratorum Observationes: Bidrag Til Insekternes Udviklingshistorie. Pars IX. Cerambyces, *Naturhistorisk Tidsskrift*, 1876, **10**(3), 369-458.

Schloss P. D., Delalibera Jr, I., Handelsman J. O., Ve Raffa, K. F. 2006, Bacteria Associated with the Guts of Two Wood-Boring Beetles: Anoplophora Glabripennis and Saperda Vestita (Cerambycidae), *Environmental Entomology*, **35**(3), 625-629.

Schmidt S., Noyes J. S., Two New Egg Parasitoids (Hymenoptera: Encyrtidae) of the Wood Borer *Agrianome spinicollis* (Macleay)(Coleoptera: Cerambycidae), a Pest of Pecans in Eastern Australia, *Australian Journal of Entomology*, 2003, **42**(1), 12-17.

Schwarz G. E., Estimating the Dimension of a Model, *Annals of Statistics*, 1978, **6**(2), 461-464.

Sharp D., The Genus *Criocephalus* with Notes on the Habits of *Asenum striatum* and *Criocephalus ferus* by F. Gilbert Smith. *Transactions of the Entomological Society of London*, 1905, **1905**, 145-176.

Sheth B. P., Thaker V. S., DNA Barcoding and Traditional Taxonomy: An Integrated Approach for Biodiversity Conservation. *Genome*, 2017, **60**(7), 618-628.

Sievers F., Higgins D.G., Clustal Omega for Making Accurate Alignments of Many Sequences, *Protein Sciences*, 2018, **27**(1), 135-145

Sievers F., Wilm A., Dineen D. G., Gibson T. J., Karplus K., Li W., Lopez R., McWilliam H., Remmert M., Söding J., Thompson J. D., Higgins D. G., Fast, Scalable Generation of High-Quality Protein Multiple Sequence Alignments Using Clustal Omega. *Molecular Systems Biology* 2011, **7**(1), 539.

Sikes D. S., Bowser M., Morton J. M., Bickford C., Meierotto S., Hildebrandt K., Building a DNA Barcode Library of Alaska's Non-Marine Arthropods, *Genome*, 2016, **60**(3), 248-259.

Simon C., Frati F., Beckenbach A., Crespi B., Liu H., Flook P., Evolution, Weighting, and Phylogenetic Utility of Mitochondrial Gene Sequences and a Compilation of Conserved Polymerase Chain Reaction Primers, *Annals of the Entomological Society of America*, 1994, **87**(6), 651-701.

Singhal S., Thakkar B., Pandya P., Parikh P., Unraveling the Diversity, Phylogeny, and Ecological Role of Cryptic Coleopteran Species of Vadodara District: A First Comparative Approach from India, *The Journal of Basic and Applied Zoology*, 2018, **79**(1), 53.

Sire L., Gey D., Debruyne R., Noblecourt T., Soldati F., Barnouin, T., ... Ve Rougerie, R., The Challenge of DNA Barcoding Saproxylic Beetles in Natural History Collections—Exploring the Potential of Parallel Multiplex Sequencing with Illumina Miseq. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 2019, **7**, 495.

Ślipiński A., Escalona H. E., *Australian Longhorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae), Volume 1, Introduction and Subfamily Lamiinae*, CSIRO Publishing, Melbourne, 2013.

Ślipiński A., Escalona H. E., *Australian Longhorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) Volume 2: Subfamily Cerambycinae*, CSIRO Publishing, Melbourne, 2016.

- Smith M. A., Rodriguez J. J., Whitfield J. B., Deans A. R., Janzen D. H., Hallwachs W., Hebert P. D. N., Extreme Diversity of Tropical Parasitoid Wasps Exposed by Iterative Integration of Natural History, DNA Barcoding, Morphology, and Collections. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 2008, **105**(35), 12359-12364.
- Smith C. I., Farrell B. D., Phylogeography of the Longhorn Cactus Beetle *Moneilema appressum* Leconte (Coleoptera: Cerambycidae): Was the Differentiation of the Madrean Sky Islands Driven by Pleistocene Climate Changes?, *Molecular Ecology*, 2005, **14**(10), 3049-3065.
- Solano, E., Mancini, E., Ciucci, P., Mason, F., Audisio, P., Antonini, G., The EU Protected Taxon *Morimus funereus* Mulsant, 1862 (Coleoptera: Cerambycidae) and Its Western Palaearctic Allies: Systematics and Conservation Outcomes, *Genetics*, 2013, **14**(3), 683-694.
- Solomon J. D., *Guide to Insect Borers in North American Broadleaf Trees and Shrubs*, United States Department of Agriculture Forest Service, Washington, DC, 1995.
- Song H., Buhay J. E., Whiting M. F., Crandall K. A., Many Species in One: DNA Barcoding Overestimates the Number of Species When Nuclear Mitochondrial Pseudogenes Are Coamplified, *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2008, **105**(36), 13486-13491.
- Sonnenberg R., Nolte A. W., Tautz D. An Evaluation of LSU rDNA D1-D2 Sequences for Their Use in Species Identification, *Frontiers in Zoology*, 2007, **4**(1), 6.
- Srivathsan A., Meier R., On the Inappropriate Use of Kimura-2-Parameter (K2P) Divergences in the DNA-Barcoding Literature, *Cladistics*, 2012, **28**(2), 190-194.
- Stanbrook R. A., Harris W. E., Wheeler C. P., Jones M. Evidence of Phenotypic Plasticity Along an Altitudinal Gradient in the Dung Beetle *Onthophagus proteus*, *PeerJ*, 2021, **9**, e10798.
- Stamatakis A., Raxml Version 8: A Tool for Phylogenetic Analysis and Post-Analysis of Large Phylogenies, *Bioinformatics*, 2014, **30**(9), 1312-1313.
- Švácha P., Lawrence J. F., Cerambycidae Latreille, 1802, Editörler: Leschen, R. A. B., Beutel, R. G., *Handbook of Zoology, Arthropoda: Insecta; Coleoptera, Beetles, Volume 3: Morphology and Systematics (Phytophaga)*, 1st ed., Walter De Gruyter, Berlin/Boston, 16-177, 2014.
- Švácha P., Wang J. J., Chen, S.C.: Larval Morphology and Biology of *Philus antennatus* and *Heterophilus punctulatus*, and Systematic Position of the Philinae (Coleoptera: Cerambycidae and Vesperidae) *Annales de la Société Entomologique de France* (N. S.) 1997, **33**(3), 323-369.

Swaine J. M., Hopping R., The Lepturini of America North of Mexico, Part I. *Bulletin of the Canadian National Museum*, 1928, **52**(1), 1-97.

Sweeney J., De Groot P., Macdonald L., Smith S., Cocquempot C., Kenis M., Gutowski J. M., Host Volatile Attractants and Traps for Detection of *Tetropium fuscum* (F.), *Tetropium castaneum* L., and Other Longhorned Beetles (Coleoptera: Cerambycidae), *Environmental Entomology*, 2004, **33**(4), 844-854.

Sýkorová, M. (Yüksek Lisans Tezi), Jihočeská univerzita v Českých Budějovicích, Přírodovědecká fakulta, České Budějovice, Molekulární Fylogeneze Podčeledí Spondylidinae a Lepturinae (Coleoptera: Cerambycidae) Pomocí Mitochondriální 16S rDNA, 2008.

Taki H., Makihara H., Matsumura T., Hasegawa M., Matsuura T., Tanaka H., Makino S. I., Okabe K., Evaluation of Secondary Forests as Alternative Habitats to Primary Forests for Flower-Visiting Insects. *Journal of Insect Conservation*, 2013, **17**(3), 549-556.

Tavakilian G. Base De Données Titan Sur Les Cerambycidés Ou Longicornes 2015, The Netherlands, www.catalogueoflife.org/col, (Ziyaret tarihi: 23.05.2017).

Tavakilian G., Chevillotte H., TITAN: Cerambycidae Database 2020, www.catalogueoflife.org/col, The Netherlands (Ziyaret tarihi: 13.02.2021).

Templeton A. R., Crandall K. A., Sing C. F., A Cladistic Analysis of Phenotypic Associations with Haplotypes Inferred from Restriction Endonuclease Mapping and DNA Sequence Data. III. Cladogram Estimation. *Genetics*, 1992, **132**, 619-633.

Braukmann T. W., Ivanova N. V., Prosser S. W., Elbrecht V., Steinke D., Ratnasingham S., de Waard J. R., Sones J. E., Zakharov E. V., Hebert P. D., Metabarcoding a Diverse Arthropod Mock Community *Molecular Ecology Resources*, 2019, **19**(3), 711-727.

Thomson J., *Essai D'une Classification de la Famille des Cérambycides et Matériaux Pour Servir a Une Monographie de Cette Famille*, Bouchard-Huzard, Paris, 1860.

Thomson J., Systema Cerambycidarum Ou Exposé De Tous Les Genres Compris Dans La Famille des Cérambycides et Familles Limitrophes, *Mémoires de la Société Royale des Sciences de Liège*, 1864, **19**, 1-352.

Toki W., Kubota K., Molecular Phylogeny Based on Mitochondrial Genes and Evolution of Host Plant Use in the Long-Horned Beetle Tribe Lamiini (Coleoptera: Cerambycidae) in Japan, *Environmental Entomology*, 2010, **39**(4), 1336-1343.

Tomminen J., Leppänen P., The Male Genitalia of *Monochamus sutor* (L.), *M. galloprovincialis* (Olivier) and *M. urussovi* (Fischer Von Waldheim) (Coleoptera, Cerambycidae), *Entomologica Fennica*, 1991, **2**(2), 49-51.

Torres-Vila L. M., Bonal R., DNA Barcoding of Large Oak-Living Cerambycids: Diagnostic Tool, Phylogenetic Insights and Natural Hybridization Between *Cerambyx cerdo* and *Cerambyx welensii* (Coleoptera: Cerambycidae), *Bulletin of Entomological Research*, 2019, **109**(5), 583-594.

Townsend J. P., Lopez-Giraldez F., Optimal Selection of Gene and Ingroup Taxon Sampling for Resolving Phylogenetic Relationships, *Systematic Biology*, 2010, **59**(4), 446-457.

Turnbow R. H., Thomas M. C. 120. Cerambycidae Leach 1815. Editörler: Arnett R. H., Thomas M. C., Skelley P. E., Frank J. H., *American Beetles. Volume 2. Polyphaga: Scarabaeoidea Through Curculionoidea*, CRC Press, Boca Raton, Florida, 568-601, 2002.

Umbers K. D., Fabricant S. A., Gawryszewski F. M., Seago A. E., Herberstein M. E., Reversible Colour Change in Arthropoda. *Biological Reviews*, 2014, **89**(4), 820-848.

Van der Gaag D. J., Sinatra G., Roversi P. F., Loomans A., Hérard F., Vukadin A., Evaluation of Eradication Measures Against Anoplophora Chinensis in Early Stage Infestations in Europe, *EPPO Bulletin*, 2010, **40**(2), 176-187.

Wild A. L., Maddison D. R., Evaluating Nuclear Protein-Coding Genes for Phylogenetic Utility in Beetles, *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2008, **48**(3), 877-891.

Villiers A., Coléoptères Cerambycidae des Antilles Françaises III. Lamiinae, *Annales de la Société Entomologique de France*, 1980, **16**(5), 541-598.

Villiers A., *Faune des Coléoptères De France. I. Cerambycida*, *Encyclopedie Entomologique*, Lechevalier, Paris, 1978.

Vives E., *Coleoptera, Cerambycidae. Fauna Iberica*, Museo Nacional De Ciencias Naturales, CSIC, Madrid, Spain, 2000.

Wallin H., Kvamme T., Lin M., A Review of the Genera *Leiopus* Audinet-Serville, 1835 and *Acanthocinus*, Dejean, 1821 (Coleoptera: Cerambycidae, Lamiinae, Acanthocinini) in Asia, with Descriptions of Six New Species of *Leiopus* from China, *Zootaxa*, 2012, **3326**(1), 1-36.

Wallin H., Nylander U., Kvamme T., Two Sibling Species of *Leiopus* Audinet-Serville, 1835 (Coleoptera: Cerambycidae) from Europe: *L. nebulosus* (Linnaeus, 1758) and *L. linnei* Sp. Nov. *Zootaxa*, 2009, **2010**(1), 31-45.

Wang B., Zhang H., Jarzembowski E., Early Cretaceous angiosperms and beetle evolution, *Frontiers in Plant Science*, 2013, **4**, 360.

Wang Q., Leschen R. A. B., Identification and Distribution of *Arhopalus* Species (Coleoptera: Cerambycidae: Aseminae) in Australia and New Zealand, *New Zealand Entomologist*, 2003, **26**(1), 53-59.

Wang Q., Shi G., Davis L. K., Reproductive Potential and Daily Reproductive Rhythms of *Oemona hirta* (Coleoptera: Cerambycidae), *Journal of Economic Entomology*, 1998, **91**(6), 1360-1365.

Wang Q., Chiang S. N., The Evolution in the Higher Taxa of the Cerambycidae (Coleoptera), *Entomotaxonomia*, 1991, **13**(2) 93-114.

Wang J., Dai X. Y., Xu X. D., Zhang Z. Y., Yu D.N., Storey K. B., Zhang J. Y., The Complete Mitochondrial Genomes of Five Longicorn Beetles (Coleoptera: Cerambycidae) and Phylogenetic Relationships Within Cerambycidae, *Peerj*, 2019, **7**, e7633.

Weigel A., Beitrag Zur Bockkäferfauna von Arunachal Pradesh (Indien) Mit Beschreibung Einer Neuen Art Aus Der Gattung *Acalolepta* Pascoe, 1858 (Insecta: Coleoptera: Cerambycidae), Editörler: Hartmann M., Weipert J., *Biodiversität und Naturausstattung Im Himalaya IV*. Verein Der Freunde Und Förderer des Naturkundemuseums, Erfurt, 405-411, 2012.

Wei Z. H., Yin X. M., An S. H., Su L. J., Li J., Zhang H. F., Molecular Phylogenetic Study of the Higher Taxa of the Superfamily Cerambycoidea (Insecta: Coleoptera) Based on the Combined Analysis of Ribosomal DNA Sequences. *Acta Entomologica Sinica*, 2014, **57**(6), 710-720.

Whitworth T. L., Dawson R. D., Magalon H., Baudry E., DNA Barcoding Cannot Reliably Identify Species of the Blowfly Genus *Protocalliphora* (Diptera: Calliphoridae). *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2007, **274**(1619), 1731-1739.

Williams, D. M., Chapter 30: Largest, University of Florida Book of Insect Records, 2001, http://entomology.ifas.ufl.edu/walker/ufbir/chapters/chapter_30.Shtml, (Ziyaret tarihi: 12.04.2017).

Wollenberg Valero K. C., Marshall J. C., Bastiaans E., Caccone A., Camargo A., Morando M., Niemiller M. L., Pabijan M., Russello M. A., Sinervo B., Werneck F. P. Patterns, Mechanisms and Genetics of Speciation in Reptiles and Amphibians, *Genes*, 2019, **10**(9), 646.

Wu Y., Krishnankutty S. M., Vieira K. A., Wang B., Nadel H., Myers S. W., Ray A. M., Invasion of *Trichoferus campestris* (Coleoptera: Cerambycidae) into the United States Characterized by High Levels of Genetic Diversity and Recurrent Introductions, *Biological Invasions*, 2020, **22**(4), 1309-1323.

Wu Y., Trepanowski N. F., Molongoski J. J., Reagel P. F., Lingafelter S. W., Nadel H., Myers S. W., Ray A. M., Identification of wood-boring beetles (Cerambycidae and

Buprestidae) intercepted in trade-associated solid wood packaging material using DNA barcoding and morphology, *Scientific Reports*, 2017, **7**(1), 1-12.

Yang Z., Landry J. F., Hebert P. D., A DNA Barcode Library for North American Pyraustinae (Lepidoptera: Pyraloidea: Crambidae). *Plos One*, 2016, **11**(10), e0161449.

Yang J., The Mitochondrial Genome Sequencing and Phylogenetic Analysis of Cerambycidae Species (Insecta: Coleoptera), Yayınlanmamış.

Yeh W. B., Liao C. A., Tseng M. J., Chung Y. H., Su J. P., Huang S. J., COI Variations of Longhorn Beetles in Taiwan, Yayınlanmamış.

Yoon H. J., Bae J. S., Kim I., Jin B. R., Mah Y. I., Moon J. Y., Sohn H. D., A phylogenetic study in some long-horned beetles (Coleoptera: Cerambycidae) using mitochondrial COI gene and 16S rRNA sequences, *International Journal of Industrial Entomology*, 2001, **2**(1),37-53.

Zahiri R., Lafontaine J. D., Schmidt B. C., Zakharov E. V., Hebert P. D., A Transcontinental Challenge-A Test of DNA Barcode Performance for 1,541 Species of Canadian Noctuoidea (Lepidoptera), *Plos One*, 2014, **9**(3), e92797.

Zamoroka A. M., Semaniuk D. V., Shparyk V. Y., Mykytyn T. V., Skrypnyk S. V. Taxonomic Position of *Anastrangalia reyi* and *A. sequensi* (Coleoptera, Cerambycidae) Based on Molecular and Morphological Data, *Vestnik Zoologii*, 2019, **53**(3), 209-226.

Zamoroka, A. M., Kapelyukh, Y. I., The Genus *Leiopus* Audinet-Serville, 1835 in Western Ukraine and the Invading of Mediterranean-Pontic Species *Leiopus femoratus* Fairmaire 1859 (Coleoptera: Cerambycidae: Acanthocinini), Uzhhorod National University Publish, Hoverla, Ukrayna, 2012.

Zheng S. Z., An Y. L., Xu M., Yang X. J., Qian, L., The Study About DNA Code of Cerambycidae, Yayınlanmamış.

URL-1: <https://www.ogm.gov.tr/tr/ormanlarimiz/resmi-istatistikler> (Ziyaret tarihi: 01 Mart 2021).

URL-2: Zirai Karantina Müdürlüğü, <http://www.tbbdm.gov.tr/> (Ziyaret tarihi: 01 Mart 2021).

URL-3: Milliyet Gazetesi, Turuncgil Uzun Antenli Böcekle Mücadele Sürüyor, <http://www.milliyet.com.tr/turuncgil-uzun-antenli-bocekle-mucadele-antalya-yerelhaber-1898747/>, (Ziyaret tarihi: 11 Ocak 2017).

URL-4: Milliyet Gazetesi, Uzun Antenli Teke Böceği İstanbul'un Yeni Kâbusu Oldu, www.milliyet.com.tr/uzun-antenli-teke-bocegi-gundem-2162498/, (Ziyaret tarihi: 11 Ocak 2017).

URL-5: https://www.eppo.int/ACTIVITIES/plant_quarantine/A2_list (Ziyaret tarihi: 15 Şubat 2021).

URL-6: <https://www.mevzuat.gov.tr/File/GeneratePdf?mevzuatNo=19797&mevzuatTur=KurumVeKurulusYonetmeligi&mevzuatTertip=5> (Ziyaret tarihi: 10 Şubat 2021).

URL-7: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/> (Ziyaret tarihi: 5 Mart 2020).

URL-8: http://www.Boldsystems.Org/Index.Php/IDS_Openidengine (Ziyaret tarihi: 10 Mart 2020).

URL-9: <https://www.boldsystems.org/> (Ziyaret tarihi: 10 Mart 2020).

URL-10: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/> (Ziyaret tarihi: 10 Mart 2020).

URL-11: <https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html> (25 Aralık 2020).

URL-12: http://www.boldsystems.org/index.php/Public_SearchTerms (Ziyaret tarihi: 10 Haziran 2020).

URL-13: <http://www.lamiinae.org> (Ziyaret tarihi: 19 Haziran 2020).



EKLER

EK-A

Tablo A.1. Lamiinae alt familyasına ait örneklerin koleksiyon kodları, tribusları, tür isimleri, koordinatları, lokaliteleri ve toplanma tarihleri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalise	Toplanma Tarihi
	<i>Acanthocinus aedilis</i>	LAAA49	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze	23.06.2016
	<i>Acanthocinus aedilis</i>	LAAA52	40° 42' 40.4892" 30° 3' 6.498"	Kartepe Entegre Tesisi	22.04.2016
	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG345	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG346	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG347	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG354	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	25.09.2017
	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG358	40° 41' 31.4304" 29° 53' 55.1832"	Başiskele Kırsal	16.08.2017
Acanthocinini	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG44	40° 47' 19.338" 29° 50' 45.3516"	Derince	5.06.2016
	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG68	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze	11.07.2016
	<i>Acanthocinus griseus</i>	LAAG69	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7274"	Gebze	12.07.2016
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL325	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze	13.05.2015
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL326	40° 47' 15.3054" 29° 50' 48.4008"	Derince	22.05.2016
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL50	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze	8.06.2016
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL51	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze	2.06.2016
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL54	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze	23.06.2016

Tablo A.1. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait örneklerin koleksiyon kodları, tribusları, tür isimleri, koordinatları, lokaliteleri ve toplanma tarihleri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Acanthocini	<i>Leiopus nebulosus</i>	LALN311	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze	16.06.2016
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL312	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze	23.05.2016
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL313	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze	13.05.2015
	<i>Leiopus linnei</i>	LALL315	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze	8.06.2016
Acanthoderini	<i>Aegomorphus clavipes</i>	LAAC33	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze	1.06.2016
	<i>Aegomorphus clavipes</i>	LAAC361	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze	1.06.2016
	<i>Agapantia lateralis</i>	LAAL34	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	11.07.2017
Agapanthini	<i>Agapantia asphodeli</i>	LAAA30	40° 41' 43.4652" 29° 53' 56.9616"	Başiskele Kırsal	12.06.2017
	<i>Agapantia lateralis</i>	LAAL35	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	19.06.2016
	<i>Agapantia lateralis</i>	LAAL364	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	19.06.2016
	<i>Agapantia suturalis</i>	LAAS343	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	10.06.2016
	<i>Agapantia suturalis</i>	LAAS36	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	16.06.2016
	<i>Agapantia suturalis</i>	LAAS37	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	27.07.2016
	<i>Agapantia suturalis</i>	LAAS46	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	13.06.2016
	<i>Agapantia frivaloszyki</i>	LAAF31	40° 41' 43.4652" 29° 53' 56.9616"	Başiskele Kırsal	28.06.2017

Tablo A.1. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait örneklerin koleksiyon kodları, tribusları, tür isimleri, koordinatları, lokaliteleri ve toplanma tarihleri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Lamini	<i>Morimus orientalis</i>	LLMO303	41° 7' 53.0394" 30° 11' 55.6218"	Kandıra	1.05.2017
	<i>Morimus orientalis</i>	LLMO304	41° 7' 53.0394" 30° 11' 55.6218"	Kandıra	1.05.2017
	<i>Morimus orientalis</i>	LLMO306	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze	23.06.2016
	<i>Morimus orientalis</i>	LLMO307	40° 41' 20.6916" 29° 54' 5.6478"	Başiskele Kırsal	12.08.2016
	<i>Morimus orientalis</i>	LLMO308	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit	2.04.2016
	<i>Morimus orientalis</i>	LLMO310	41° 7' 53.0394" 30° 11' 55.6218"	Kandıra	1.05.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG286	41° 7' 53.0394" 30° 11' 55.6218"	Kandıra	9.08.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG287	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG290	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG295	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Kereste Deposu	15.07.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG298	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG42	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG43	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Monochomus galloprovincialis</i>	LMMG45	40° 47' 13.6062" 29° 50' 45.1386"	Derince	7.09.2016
Mesosini	<i>Mesosa obsnicornis</i>	LMMO32	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	2.06.2016
	<i>Mesosa obsnicornis</i>	LMMO362	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	2.06.2016

Tablo A.1. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait örneklerin koleksiyon kodları, tribusları, tür isimleri, koordinatları, lokaliteleri ve toplanma tarihleri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Pogonocherini	<i>Pogonochenus perroudi</i>	LPPP14	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	11.08.2016
	<i>Pogonochenus perroudi</i>	LPPP53	40° 45' 55.0908" 30° 1' 46.0596"	Kartepe Orman	19.08.2016
	<i>Pogonochenus perroudi</i>	LPPP359	40° 45' 55.0908" 30° 1' 46.0596"	Kartepe Orman	19.08.2016
	<i>Pogonochenus perroudi</i>	LPPP360	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	11.08.2016
	<i>Exocentrus lusitanus-</i>	LAEL366	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Exocentrus lusitanus-</i>	LAEL29	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	1.06.2016
	<i>Saperda octopunctata</i>	LSSO344	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Kereste Deposu	14.06.2017
Saperdini	<i>Saperda octopunctata</i>	LSSO39	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Phytoecia (Helladia) praetextata</i>	LPPP367	41° 7' 53.0394" 30° 11' 55.6218"	Kandıra Orman	1.05.2017
	<i>Phytoecia pustulata</i>	LPPP365	41° 7' 53.0394" 30° 11' 55.6218"	Kandıra Orman	1.05.2017
	<i>Phytoecia pubescens</i>	LPPP28	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	13.06.2016

Tablo A.2. Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Anaglyptini	<i>Anaglyptus mysticus</i>	CAAM1*	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	22.04.2016
	<i>Anaglyptus mysticus</i>	CAAM202	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	7.06.2017

Tablo A.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Hylotrupini	<i>Anaglyptus mysticus</i>	CAAM203	40° 41' 20.7708" 29° 54' 10.2054"	Başiskele Kırsal	16.06.2017
	<i>Hylotrupes bajulus</i>	CHHB2	40° 41' 57.9798" 29° 54' 38.3904"	Başiskele Kırsal	8.06.2017
	<i>Hylotrupes bajulus</i>	CHHB3	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	16.06.2016
	<i>Hylotrupes bajulus</i>	CHHB107	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	1.06.2016
	<i>Hylotrupes bajulus</i>	CHHB204	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Ropalopus clavipes</i>	CCRC79	40° 49' 37.5522" 29° 29' 54.8226"	Gebze Orman	28.04.2016
	<i>Phymatodes femoralis</i>	CCPF114	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	23.06.2017
	<i>Phymatodes femoralis</i>	CCPF115	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	15.07.2017
	<i>Phymatodes femoralis</i>	CCPF116	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	6.08.2017
	<i>Phymatodes femoralis</i>	CCPF117	40° 49' 37.5522" 29° 29' 54.8226"	Gebze Orman	16.06.2016
Callidiini	<i>Ropalopus clavipes</i>	CCRC80	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	8.06.2016
	<i>Ropalopus clavipes</i>	CCRC81	40° 49' 39.165" 29° 54' 48.7404"	İzmit Orman	14.05.2016
	<i>Ropalopus clavipes</i>	CCRC82	40° 47' 15.3378" 29° 50' 44.7216"	Derince Orman	22.05.2016
	<i>Pyrrhidium sanguineum</i>	CCPS108	40° 49' 37.5522" 29° 29' 54.8226"	Gebze Orman	12.04.2016
	<i>Pyrrhidium sanguineum</i>	CCPS110	40° 49' 37.5522" 29° 29' 54.8226"	Gebze Orman	12.04.2016
	<i>Pyrrhidium sanguineum</i>	CCPS420	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	27.07.2016
	<i>Pyrrhidium sanguineum</i>	CCPS421	40°47'56.0" 29°58'40.1"	Gebze Orman	12.04.2016
	<i>Pyrrhidium sanguineum</i>	CCPS432*	40°47'56.0" 29°58'40.1"	Gebze Orman	12.04.2016
	<i>Phymatodes femoralis</i>	CCPF113	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	23.06.2017

Tablo A.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Callidini	<i>Phymatodes testaceus</i>	CCPT8	40° 41' 57.9798" 29° 54' 38.3904"	Başiskele Kırsal	8.06.2017
	<i>Phymatodes testaceus</i>	CCPT9	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	3.07.2016
	<i>Phymatodes testaceus</i>	CCPT10	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Kereste Deposu	7.06.2017
	<i>Phymatodes testaceus</i>	CCPT17	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	7.06.2017
	<i>Phymatodes testaceus</i>	CCPT122	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	16.06.2016
	<i>Lioderina linearis</i>	CCLL433*	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Chlorophorus varius</i>	CCCV59	40° 41' 31.4304" 29° 53' 55.1832"	Başiskele Kırsal	19.07.2017
	<i>Chlorophorus varius</i>	CCCV141	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	1.07.2017
	<i>Chlorophorus varius</i>	CCCV142	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	1.07.2017
	<i>Chlorophorus varius</i>	CCCV145	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	17.07.2017
Clytini	<i>Chlorophorus niehuisi</i>	CCCN60	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	17.07.2017
	<i>Chlorophorus sartor</i>	CCCS64	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	19.06.2016
	<i>Chlorophorus sartor</i>	CCCS62	40° 41' 57.9798" 29° 54' 38.3904"	Başiskele Kırsal	30.06.2017
	<i>Chlorophorus sartor</i>	CCCS64	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	19.06.2016
	<i>Chlorophorus sartor</i>	CCCS146	40° 47' 15.3054" 29° 50' 48.4008"	Derince Orman	22.05.2016
	<i>Chlorophorus sartor</i>	CCCS147	40° 41' 57.9798" 29° 54' 38.3904"	Başiskele Kırsal	14.06.2017
	<i>Chlorophorus sartor</i>	CCCS148	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	23.06.2017
	<i>Plagionotus bobelayei</i>	CCPB61	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Orman	2.06.2016
	<i>Plagionotus detrius</i>	CCPD66	40° 49' 39.165" 29° 54' 48.7404"	İzmit Orman	3.07.2016

Tablo A.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Clytini	<i>Plagionotus detritus</i>	CCPD170	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	8.06.2016
	<i>Plagionotus detritus</i>	CCPD423	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	11.07.2016
	<i>Plagionotus floralis</i>	CCPF175	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	8.07.2017
	<i>Plagionotus floralis</i>	CCPF176	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	8.07.2017
	<i>Plagionotus floralis</i>	CCPF178	40° 49' 44.0652" 29° 55' 2.6184"	İzmit Orman	22.07.2017
	<i>Plagionotus floralis</i>	CCPF179	40° 49' 44.0652" 29° 55' 2.6184"	İzmit Orman	22.07.2017
	<i>Isotomus speciosus</i>	CCIS182	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Orman	3.07.2016
	<i>Isotomus speciosus</i>	CCIS65	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	3.07.2016
	<i>Isotomus speciosus</i>	CCIS437	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	16.06.2016
	<i>Isotomus speciosus</i>	CCIS438	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	3.07.2016
	<i>Clytus rhamni</i>	CCCR63	40° 41' 20.7708" 29° 54' 10.2054"	Başiskele Kırsal	24.06.2017
	<i>Clytus rhamni</i>	CCCR131	40° 40' 45.1626" 29° 55' 30.72"	Başiskele Kırsal	17.06.2017
	<i>Clytus rhamni</i>	CCCR132	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Clytus rhamni</i>	CCCR133	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	8.07.2017
	<i>Clytus arietis</i>	CCCA56	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	13.05.2016
	<i>Clytus arietis</i>	CCCA134	40° 49' 37.5522" 29° 29' 54.8226"	Gebze Orman	4.05.2016
	<i>Clytus rhamni</i>	CCCR132	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Clytus rhamni</i>	CCCR133	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	8.07.2017

Tablo A.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
	<i>Clytus arietis</i>	CCCA136	40° 49' 44.0652" 29° 55' 2.6184"	İzmit Orman	4.06.2017
	<i>Clytus arietis</i>	CCCA137	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Orman	28.04.2016
	<i>Clytus arietis</i>	CCCA138	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	13.05.2015
	<i>Clytus arietis</i>	CCCA428	40° 48' 20.5662" 29° 29' 54.9306"	Gebze Orman	18.04.2016
	<i>Clytus arietis</i>	CCCA429	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Orman	28.04.2016
	<i>Xylotrechus arvicola</i>	CCXV430	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	6.08.2017
	<i>Xylotrechus arvicola</i>	CCXV425	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	3.07.2016
	<i>Xylotrechus arvicola</i>	CCXV163	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Orman	2.06.2016
	<i>Xylotrechus antilope</i>	CCXA152	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Orman	1.06.2016
Clytini	<i>Xylotrechus antilope</i>	CCXA153	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Kereste Deposu	10.06.2017
	<i>Xylotrechus antilope</i>	CCXA154	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	23.06.2016
	<i>Xylotrechus antilope</i>	CCXA155	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Orman	2.06.2016
	<i>Xylotrechus antilope</i>	CCXA156	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	10.06.2016
	<i>Xylotrechus rusticus</i>	CCXR157	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	14.06.2017
	<i>Xylotrechus rusticus</i>	CCXR158	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Xylotrechus rusticus</i>	CCXR159	40° 49' 45.3828" 29° 55' 5.3544"	İzmit Orman	10.08.2017
	<i>Xylotrechus rusticus</i>	CCXR160	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Orman	16.06.2016
	<i>Xylotrechus rusticus</i>	CCXR161	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	23.06.2016

Tablo A.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Clytini	<i>Xylotrechus stebbingi</i>	CCXS164	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	14.06.2017
	<i>Xylotrechus stebbingi</i>	CCXS165	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	23.06.2017 10
	<i>Xylotrechus stebbingi</i>	CCXS166	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	23.06.2017 10
	<i>Xylotrechus stebbingi</i>	CCXS167	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
Cerambycini	<i>Cerambyx dux</i>	CCCD71	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	18.07.2016
	<i>Cerambyx dux</i>	CCCD93	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	30.06.2017
	<i>Cerambyx dux</i>	CCCD97	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	30.06.2017
	<i>Cerambyx dux</i>	CCCD99	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	16.06.2016
	<i>Cerambyx scopolii</i>	CCCS89	40° 42' 42.3678" 30° 3' 18.0072"	Kartepe Orman	23.05.2016
	<i>Cerambyx scopolii</i>	CCCS90	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	9.05.2016
	<i>Cerambyx scopolii</i>	CCCS91	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	23.06.2016
	<i>Cerambyx scopoli</i>	CCCS98	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	30.06.2017
	<i>Cerambyx cerdo</i>	CCCC94	40° 41' 57.9798" 29° 54' 38.3904"	Başiskele Kırsal	3.06.2016
	<i>Cerambyx cerdo</i>	CCCC95	40° 49' 45.3828" 40° 49' 45.3828"	İzmit Orman	3.07.2016
	<i>Cerambyx cerdo</i>	CCCC96	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	27.07.2016
	Stenopterini	<i>Callimus (Lampropterus) femoratus</i>	CSLF38	40° 41' 57.9798" 29° 54' 38.3904"	Başiskele Kırsal
<i>Stenopterus kraatzi</i>		CSSK184	40° 47' 13.8264" 29° 50' 46.5"	Derince Orman	4.06.2017
<i>Stenopterus kraatzi</i>		CSSK186	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	1.07.2017

Tablo A.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Stenopterini	<i>Stenopterus kraatzii</i>	CSSK187	40° 41' 31.4304" 29° 53' 55.1832"	Başiskele Kırsal	3.07.2017
	<i>Stenopterus rufus</i>	CSSR189	40° 41' 20.7708" 29° 54' 10.2054"	Başiskele Kırsal	16.06.2017
	<i>Stenopterus rufus</i>	CSSR190	40° 41' 43.4652" 29° 53' 56.9616"	Başiskele Kırsal	22.06.2017
	<i>Stenopterus rufus</i>	CSSR191	40°41'21.6" 29°52'59.9"	Başiskele Kırsal	1.07.2017
Compsocerini	<i>Rosalia alphina</i>	CCRA207	40° 49' 39.165" 29° 54' 48.7404"	İzmit Orman	10.08.2017
	<i>Rosalia alphina</i>	CCRA77	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Orman	23.06.2016
	<i>Rosalia alphina</i>	CCRA78	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0824"	Gebze Orman	24.06.2016
Purpuricenini	<i>Purpuricenus budensis</i>	CPPB16	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	23.06.2016
	<i>Purpuricenus budensis</i>	CPPB72	40° 49' 33.2394" 29° 29' 52.0008"	Gebze Orman	1.06.2016
	<i>Purpuricenus budensis</i>	CPPB128	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Trichoferus spartii</i>	CHTS434*	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	28.07.2016
Hesperophanini	<i>Trichoferus pallidus</i>	CHTP193	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Kereste Deposu	15.07.2017
	<i>Trichoferus pallidus</i>	CHTP194	40° 45' 50.0322" 30° 2' 4.9848"	Kartepe Orman	8.08.2016
	<i>Trichoferus fasciculatus</i>	CHTF84	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	27.07.2016
	<i>Trichoferus fasciculatus</i>	CHTF87	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	28.07.2016
	<i>Trichoferus fasciculatus</i>	CHTF427	40°47'56.0" 29°58'40.1"	İzmit Ev	11.08.2018
	<i>Trichoferus fasciculatus</i>	CHTF419	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	23.06.2016
	<i>Trichoferus fasciculatus</i>	CHTF197	40°47'56.0" 29°58'40.1"	İzmit Ev	10.07.2018

Tablo A.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Hesperophanini	<i>Stromatium auratum</i>	CHSA198	40° 41' 27.6" 29° 54' 6.2598"	Başiskele Kırsal	21.07.2017
	<i>Stromatium auratum</i>	CHSA199	40° 41' 27.6" 29° 54' 6.2598"	Başiskele Kırsal	21.07.2017
	<i>Stromatium auratum</i>	CHSA201	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	28.07.2016
Phora canthini	<i>Cordylomera spinicornis</i>	CPCS370	Bilinmiyor	Kongo	8.07.2016
Gracilini	<i>Penichroa fasciata</i>	CGPF100	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	17.06.2016

Tablo A.3. Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Lepturini	<i>Anastranglia dubia</i>	LLAD231	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	19.06.2016
	<i>Anastranglia dubia</i>	LLAD232	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	23.05.2016
	<i>Anastranglia dubia</i>	LLAD233	40° 49' 33.24" 29° 29' 52.001"	Gebze Orman	23.06.2016
	<i>Leptura aurulenta</i>	LLLA282	40° 41' 57.98" 29° 54' 38.39"	Başiskele Kırsal	23.06.2016
	<i>Leptura aurulenta</i>	LLLA4	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Orman	3.07.2016
	<i>Pachytodes erraticus</i>	LLPE263	40° 41' 20.771" 29° 54' 0.2054"	Başiskele Kırsal	16.06.2017
	<i>Pachytodes erraticus</i>	LLPE267	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	Gebze Kereste Deposu	5.05.2017
	<i>Pachytodes erraticus</i>	LLPE268	40° 41' 20.771" 29° 54' 10.21"	Başiskele Kırsal	24.06.2017
	<i>Rutpela maculata</i>	LLRM224	40° 41' 43.465" 29° 53' 56.962"	Başiskele Kırsal	28.06.2017
	<i>Rutpela maculata</i>	LLRM225	40° 40' 45.163" 29° 55' 30.72"	Başiskele Kırsal	17.06.2017
	<i>Stenurella bifasciata</i>	LLSB246	41° 8' 43.1376" 30° 11' 12.800"	Kandıra Orman	12.09.2017
	<i>Stenurella bifasciata</i>	LLSB247	40° 41' 43.465" 29° 53' 56.962"	Başiskele Kırsal	24.06.2017
	<i>Stenurella bifasciata</i>	LLSB249	40° 40' 45.1626" 29° 55' 30.72"	Başiskele Kırsal	17.06.2017
	<i>Stenurella bifasciata</i>	LLSB253	40° 41' 20.7708" 29° 54' 10.2054"	Başiskele Kırsal	16.06.2017

Tablo A.3. (Devam) Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi	
Lepturini	<i>Stictoleptura scutellata</i>	LLSS210	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Orman	2.06.2016	
	<i>Stictoleptura scutellata</i>	LLSS211	40° 49' 33.3156" 29° 29' 52.0656"	Gebze Orman	16.06.2016	
	<i>Stictoleptura cordigera</i>	LLSC240	40° 49' 16.6326" 29° 55' 15.4704"	İzmit Orman	26.06.2017	
	<i>Stictoleptura cordigera</i>	LLSC244	40° 41' 43.4652" 29° 53' 56.9616"	Başiskele Kırsal	28.06.2017	
	<i>Stictoleptura cordigera</i>	LLSC83	40° 41' 27.6" 29° 54' 6.2598"	Başiskele Kırsal	27.06.2016	
	<i>Stictoleptura fulva</i>	LLSF216	40° 40' 45.1626" 29° 55' 30.72"	Başiskele Kırsal	17.06.2017	
	<i>Stictoleptura fulva</i>	LLSF217	40° 41' 43.4652" 29° 53' 56.9616"	Başiskele Kırsal	22.06.2017	
	<i>Stictoleptura fulva</i>	LLSF219	40° 41' 43.4652" 29° 53' 56.9616"	Başiskele Kırsal	23.06.2017	
	<i>Stictoleptura fulva</i>	LLSF222	40° 41' 48.696" 29° 53' 41.175"	Başiskele Kırsal	2.07.2017	
	<i>Stenurella melanura</i>	LLSM257	40° 41' 43.4652" 29° 53' 56.9616"	Başiskele Kırsal	15.06.2017	
	<i>Stenurella septempunctata analotica</i>	LLSPA271	40° 41' 27.6" 29° 54' 6.2598"	Başiskele Kırsal	27.06.2016	
	<i>Stenurella septempunctata analotica</i>	LLSPA272	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	İzmit Orman	5.05.2017	
	<i>Stenurella septempunctata analotica</i>	LLSPA273	40° 49' 16.6326" 29° 55' 15.4704"	İzmit Orman	26.06.2017	
	<i>Stenurella septempunctata analotica</i>	LLSPA274	40° 49' 27.102" 29° 30' 1.7238"	İzmit Orman	5.05.2017	
	<i>Stictoleptura scutellata</i>	LLSS262	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	İzmit Orman	24.06.2017	
	<i>Stictoleptura scutellata</i>	LLSS86	40° 49' 34.071" 29° 29' 53.1774"	Gebze Orman	4.05.2016	
	<i>Cortodera flavimana</i>	LRCF260	40°47'56.0" 29°58'40.1"	İzmit Ev	25.06.2018	
	<i>Cortodera flavimana</i>	LRCF261	40°47'56.0" 29°58'40.1"	İzmit Ev	30.06.2018	
	Rhagini	<i>Rhagium bifasciatum</i>	LRRB73	40° 42' 40.842" 30° 3' 0.2406"	Kartepe Orman	12.04.2016
		<i>Rhagium fasciculatum</i>	LRRF283	40° 42' 40.4892" 30° 3' 6.498"	Kartepe Orman	22.04.2016
<i>Rhagium fasciculatum</i>		LRRF74	40° 42' 40.4892" 30° 3' 6.498"	Kartepe Orman	22.04.2016	
<i>Rhagium inquisitor</i>		LRRI76	41° 3' 1.6164" 29° 56' 41.8338"	Kandıra Orman	21.04.2016	
<i>Rhagium inquisitor</i>		LRRI226	40° 49' 10.473" 29° 29' 37.086"	Gebze Kereste Dep.	13.04.2017	
<i>Rhagium inquisitor</i>		LRRI228	40° 46' 56.283" 29° 51' 6.2568"	Derince Orman	17.04.2017	
<i>Rhagium mordax</i>		LRRM75	40° 49' 10.6392" 29° 29' 37.0782"	Gebze Orman	23.06.2016	

Tablo A.4. Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Asemini	<i>Asemum tenuicorne</i>	SAAT378	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR387	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	6.08.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR390	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	26.08.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR395	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	14.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR396	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR398	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR399	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR402	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR404	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR405	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR406	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR408	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	15.07.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR409	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR410	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR411	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	7.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR413	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR414	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	10.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR415	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus rusticus</i>	SAAR417	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus syriacus</i>	SAAS393	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus syriacus</i>	SAAS394	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Arhopalus syriacus</i>	SAAS401	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	6.08.2017
	<i>Arhopalus ferus</i>	SAAF400	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Arhopalus ferus</i>	SAAF389	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	15.07.2017

Tablo A.4. (Devam) Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Spondylidini	<i>Spondylis buprestoides</i>	SSSB21	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Spondylis buprestoides</i>	SSSB22	40°49'45.9"N 29°54'34.1"E	İzmit Orman-	27.06.2017
	<i>Spondylis buprestoides</i>	SSSB23	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Spondylis buprestoides</i>	SSSB24	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	24.06.2017
	<i>Spondylis buprestoides</i>	SSSB25	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	4.07.2017
	<i>Spondylis buprestoides</i>	SSSB379	40°49'01.1"N 29°29'49.6"E	Gebze Kereste Deposu	7.06.2017
	<i>Spondylis buprestoides</i>				
	<i>Spondylis buprestoides</i>				
	<i>Spondylis buprestoides</i>				

Tablo A.5. Prioninae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin listesi, örnek kodları ve lokalite bilgileri

Tribus	Binomiyal İsim	Örnek Kodu	Koordinat	Lokalite	Toplanma Tarihi
Prionini	<i>Mesoprionus lefebvrei</i>	PPML5	40°49'45.9"N 29°54'34.16"E	İzmit Orman-	22.07.2017
	<i>Prionus coriarius</i>	PPPC15	40°49'45.9"N 29°54'34.1"E	İzmit Orman-	3.07.2016
	<i>Prionus coriarius</i>	PPPC436	40°49'45.9"N 29°54'34.16"E	İzmit Orman-	10.07.2016
	<i>Prionus coriarius</i>				

Tablo A.6. BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
1	ASSCR2648-12	<i>Plagiohammus elatus</i>	Kosta Rika	URL-12
2	ASSCR2901-12	<i>Venustus zeteki</i>	Kosta Rika	URL-12
3	ASSCR2993-12	<i>Eupogonius pubicollis</i>	Kosta Rika	URL-12
4	ASSCR3303-12	<i>Apteralcidion lapierrei</i>	Kosta Rika	URL-12
5	ASSCR4575-12	<i>Leptostylus pygialis</i>	Kosta Rika	URL-12
6	ASSCR4637-12	<i>Lepturges proxima</i>	Kosta Rika	URL-12
7	ASSCR4758-12	<i>Oedopeza setigera</i>	Kosta Rika	URL-12
8	ASSCR4822-12	<i>Stenolis polygramma</i>	Kosta Rika	URL-12
9	CERLF578-08	<i>Threnetica lacrymans</i>	Tayland	URL-12
10	CERPA261-08	<i>Synaphaeta guexi</i>	Kanada	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
11	CERPA383-08	<i>Monochamus urussovi</i>	Rusya	URL-12
12	FBCOC163-10	<i>Phytoecia nigripes</i>	Almanya	URL-12
13	GBCOU2725-13	<i>Saperda octopunctata</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
14	GBCL10132-12	<i>Pterolophia kubokii</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
15	GBMNA28723-19	<i>Monochamus bimaculatus</i>	Hindistan	Behere ve diğ., (Yayınlanmamış)
16	SICOC545-18	<i>Amillarus apicalis</i>	Nikaragua	URL-12
17	BARSM068-17	<i>Urgleptes querci</i>	Kanada	Dewaard (Yayınlanmamış)
18	ASSCR2710-12	<i>Adetus costicollis</i>	Kosta Rika	URL-12
19	ASSCR2917-12	<i>Ataxia nivisparsa</i>	Kosta Rika	URL-12
20	ASSCR3444-12	<i>Lagocheirus praececellens</i>	Kosta Rika	URL-12
21	ASSCR4604-12	<i>Leptostylus xgriseus</i>	Kosta Rika	URL-12
22	ASSCR4876-12	<i>Omosarotes singularis</i>	Kosta Rika	URL-12
23	GBCL10105-12	<i>Anoplophora macularia</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
24	GBMNA17794-19	<i>Eutetrappa metallescens</i>	Çin	Yang (Yayınlanmamış)
25	GBMNA24459-19	<i>Apomecyna cretacea</i>	Hindistan	Behere ve diğerleri (Yayınlanmamış)
26	GBMNA24464-19	<i>Batocera lineolata</i>	Hindistan	Behere ve diğerleri (Yayınlanmamış)
27	ASSCR3424-12	<i>Lagocheirus cristulatus</i>	Kosta Rika	URL-12
28	CER112-13	<i>Oncideres rubra</i>	Meksika	URL-12
29	ASSCR2672-12	<i>Plagiohammus spinipennis</i>	Kosta Rika	URL-12
30	ASSCR2851-12	<i>Oncideres fulvostillata</i>	Kosta Rika	URL-12
31	ASSCR2860-12	<i>Oncideres punctata</i>	Kosta Rika	URL-12
32	ASSCR2936-12	<i>Aerenea impetiginosa</i>	Kosta Rika	URL-12
33	ASSCR2980-12	<i>Desmiphora fasciculata</i>	Kosta Rika	URL-12
34	ASSCR3259-12	<i>Xenocona pulchra</i>	Kosta Rika	URL-12
35	ASSCR3399-12	<i>Hylettus seniculus</i>	Kosta Rika	URL-12
36	ASSCR4771-12	<i>Ozineus arietinus</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
37	ASSCR5750-12	<i>Itumbiara picticornis</i>	Kosta Rika	URL-12
38	FBCOB776-10	<i>Leiopus nebulosus</i>	Almanya	URL-12
39	FBCOG1425-12	<i>Mesosa curculionoides</i>	Fransa	URL-12
40	GBCOU1110-13	<i>Leiopus linnei</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
41	JSCOL282-11	<i>Oberea pallida</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
42	CER121-13	<i>Oreodera glauca glauca</i>	Meksika	URL-12
43	GBCL10130-12	<i>Pterolophia bigibbera</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
44	VVGPL2984-15	<i>Leiopus albivittis</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
45	ASSCR2766-12	<i>Amillarus apicalis</i>	Kosta Rika	URL-12
46	ASSCR3223-12	<i>Steirastoma albiceps</i>	Kosta Rika	URL-12
47	ASSCR3499-12	<i>Leptostylus laevicauda</i>	Kosta Rika	URL-12
48	CER007-12	<i>Lagocheirus obsoletus</i>	Meksika	URL-12
49	FBCOD630-11	<i>Exocentrus adpersus</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
50	ASSCR2808-12	<i>Ischiocentra monteverdensis</i>	Kosta Rika	URL-12
51	ASSCR3406-12	<i>Hyperplatys pusillus</i>	Kosta Rika	URL-12
52	CERPA282-08	<i>Anoplophora glabripennis</i>	ABD	URL-12
53	FBCOK552-13	<i>Mesosa myops</i>	Moğolistan	Hendrich ve diğerleri (2015)
54	GBCOU2583-13	<i>Monochamus sartor</i>	Avusturya	Hendrich ve diğerleri (2015)
55	GCOL483-16	<i>Agapanthia villosoviridescens</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
56	ASSCR4747-12	<i>Oedopeza leucostigma</i>	Kosta Rika	URL-12
57	ASSCR4982-12	<i>Phaea giesberti</i>	Kosta Rika	URL-12
58	CERGL127-08	<i>Saperda imitans</i>	Kanada	URL-12
59	COLFG014-13	<i>Leiopus nebulosus</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
60	JSCOL404-11	<i>Oberea tripunctata</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
61	PSFOR148-13	<i>Pogonocherus caroli</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
62	GBCL10101-12	<i>Pothyne virginalis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
63	GBCL10107-12	<i>Paraleprodera itzingeri</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
64	ASCMT216-11	<i>Urgleptes querci</i>	Kanada	Dewaard (Yayınlanmamış)
65	ASSCR2624-12	<i>Deliathis quadritaeniator</i>	Kosta Rika	URL-12
66	ASSCR2637-12	<i>Neoptychodes hondurae</i>	Kosta Rika	URL-12
67	ASSCR2677-12	<i>Plagiohammus thiodes</i>	Kosta Rika	URL-12
68	ASSCR2691-12	<i>Taeniotes praeclarus</i>	Kosta Rika	URL-12
69	ASSCR2741-12	<i>Adetus nesiotetes</i>	Kosta Rika	URL-12
70	ASSCR2785-12	<i>Eudesmus ferrugineus</i>	Kosta Rika	URL-12
71	GBMNA17788-19	<i>Monochamus sartor urussovii</i>	Çin	Yang (Yayınlanmamış)
72	ASSCR2820-12	<i>Jamesia papulenta</i>	Kosta Rika	URL-12
73	ASSCR3001-12	<i>Eupogonius ursulus</i>	Kosta Rika	URL-12
74	ASSCR3148-12	<i>Oreodera fluctuosa</i>	Kosta Rika	URL-12
75	ASSCR3180-12	<i>Oreodera verrucosa</i>	Kosta Rika	URL-12
76	ASSCR3470-12	<i>Leptostylus cristulatus</i>	Kosta Rika	URL-12
77	ASSCR3476-12	<i>Leptostylus decipiens</i>	Kosta Rika	URL-12
78	ASSCR4615-12	<i>Lepturges charicles</i>	Kosta Rika	URL-12
79	ASSCR4647-12	<i>Lithargyrus melzeri</i>	Kosta Rika	URL-12
80	ASSCR4699-12	<i>Nyssodectes roseicollis</i>	Kosta Rika	URL-12
81	ASSCR4779-12	<i>Ozineus moestus</i>	Kosta Rika	URL-12
82	ASSCR4810-12	<i>Stenolis inclusa</i>	Kosta Rika	URL-12
83	ASSCR4828-12	<i>Stenolis theobromae</i>	Kosta Rika	URL-12
84	ASSCR4838-12	<i>Leptocometes acutispinis</i>	Kosta Rika	URL-12
85	ASSCR4881-12	<i>Carneades hemileuca</i>	Kosta Rika	URL-12
86	ASSCR4943-12	<i>Colobothea unilineata</i>	Kosta Rika	URL-12
87	ASSCR4957-12	<i>Priscilla hypsiomoides</i>	Kosta Rika	URL-12
88	ASSCR4972-12	<i>Mecas rotundicollis</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
89	ASSCR4988-12	<i>Phaea phthisica</i>	Kosta Rika	URL-12
90	ASSCR5757-12	<i>Leucophoebe albaria</i>	Kosta Rika	URL-12
91	ASSCR5806-12	<i>Recchia hirsuta</i>	Kosta Rika	URL-12
92	CER080-12	<i>Cymatonycha castanea</i>	Meksika	URL-12
93	COLFB118-12	<i>Acanthocinus aedilis</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
94	COLFB898-12	<i>Mesosa myops</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
95	COLFD034-12	<i>Monochamus sutor</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
96	COQT504-09	<i>Parahyboliasis fuscomaculatus</i>	Avusturalya	URL-12
97	FBCOE204-12	<i>Agapanthia intermedia</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
98	FBCOF895-12	<i>Saperda scalaris</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
99	FBCOG1086-12	<i>Iberodorcadion fuliginator</i>	Almanya	URL-12
100	FBCOG554-12	<i>Leiopus nebulosus</i>	Almanya	URL-12
101	GBCOU2625-13	<i>Exocentrus lusitanus</i>	Slovenya	Hendrich ve diğerleri (2015)
102	JSCOL248-11	<i>Oberea perspicillata</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
103	JSCOL406-11	<i>Sternidius alpha</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
104	PSFOR063-13	<i>Morimus asper</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
105	PSFOR065-13	<i>Niphona picticornis</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
106	CERLF430-08	<i>Aegomorphus modestus</i>	Kanada	URL-12
107	CERLF462-08	<i>Ecyrus dasycerus</i>	Kanada	URL-12
108	CERLF531-08	<i>Psenocerus supernotatus</i>	Kanada	URL-12
109	VVGPL2769-15	<i>Monochamus guttulatus</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
110	VVGPL2947-15	<i>Thyestilla gebleri</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
111	VVGPL2982-15	<i>Menesia sulphurata</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
112	CERPA240-08	<i>Monochamus clamator</i>	Kanada	URL-12
113	COLAT164-08	<i>Monochamus saltuarius</i>	Polonya	URL-12
114	FBCOP843-13	<i>Exocentrus punctipennis</i>	Slovenya	Hendrich ve diğerleri (2015)
115	GBCOU2999-13	<i>Oberea linearis</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
116	GBCL10083-12	<i>Eoporis bifasciana</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
117	GBCL10094-12	<i>Apomecyna histrio</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
118	GBCL10102-12	<i>Anoplophora davidis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
119	GBCL10103-12	<i>Anoplophora flavomaculata</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
120	GBCL10106-12	<i>Blepephaeus succinctor</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
121	GBCL10109-12	<i>Peblephaeus ziczac</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
122	GBCL10118-12	<i>Acalolepta grossescapus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
123	GBCL10126-12	<i>Monochamus alternatus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
124	GBCL10127-12	<i>Monochamus fascioguttatus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
125	GBCL10128-12	<i>Desisa variabilis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
126	GBCL10131-12	<i>Pterolophia formosana</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
127	GBCL10137-12	<i>Glenea acutoides</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
128	GBCL10138-12	<i>Xenolea asiatica</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
129	GBMIN48610-17	<i>Olenecamptus subobliteratus</i>	Çin	URL-12
130	GBMNA17789-19	<i>Agapanthia daurica</i>	Çin	URL-12
131	SICOC546-18	<i>Taeniotes scalatus</i>	Nikaragua	URL-12
132	SICOC558-18	<i>Colobothea ramosa</i>	Nikaragua	URL-12
133	BARSM242-17	<i>Goes debilis</i>	Kanada	Dewaard (Yayınlanmamış)
134	GBCLC1094-19	<i>Aegomorphus modestus</i>	ABD	Caterino ve Kadau (Yayınlanmamış)
135	JSBIC185-18	<i>Batocera laena</i>	Papua Yeni Gine	URL-12
136	GBCLC600-19	<i>Monochamus sartor urussovii</i>	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
137	GBMNA24462-19	<i>Macrochenus guerinii</i>	Hindistan	Behere ve diğerleri (Yayınlanmamış)
138	AGIRI090-17	<i>Astathes bimaculata</i>	Hindistan	URL-12
139	GBCL0152-06	<i>Plectrura metallica</i>	Japonya	Nakamine (Yayınlanmamış)
140	ASSCR2763-12	<i>Sarillus pygmaeus</i>	Kosta Rika	URL-12
141	ASSCR2827-12	<i>Lochmaeocles batesi</i>	Kosta Rika	URL-12
142	ASSCR3175-12	<i>Oreodera semialba</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
143	ASSCR3207-12	<i>Psapharochrus polysticta</i>	Kosta Rika	URL-12
144	ASSCR3294-12	<i>Anisopodus xylinus</i>	Kosta Rika	URL-12
145	ASSCR3306-12	<i>Atrypanius conspersus</i>	Kosta Rika	URL-12
146	ASSCR3363-12	<i>Carphontes posticalis</i>	Kosta Rika	URL-12
147	ASSCR3366-12	<i>Cosmotoma fasciata</i>	Kosta Rika	URL-12
148	ASSCR4623-12	<i>Lepturges infilatus</i>	Kosta Rika	URL-12
149	ASSCR4632-12	<i>Lepturges navicularis</i> AS3	Kosta Rika	URL-12
150	ASSCR4735-12	<i>Nyssodrysternum signiferum</i>	Kosta Rika	URL-12
151	ASSCR4836-12	<i>Sympagus laetabilis</i>	Kosta Rika	URL-12
152	ASSCR4932-12	<i>Colobothea chontalensis</i>	Kosta Rika	URL-12
153	ASSCR4964-12	<i>Sangaris multimaculata</i>	Kosta Rika	URL-12
154	BBCCN013-10	<i>Tetraopes tetrophthalmus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
155	BBCEC415-10	<i>Graphisurus fasciatus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
156	FBCOF585-12	<i>Monochamus sartor</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
157	FBCOG1342-12	<i>Menesia bipunctata</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
158	GBCOD105-13	<i>Agapanthia pannonica</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
159	GBCOU1134-13	<i>Lamia textor</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
160	PSFOR158-13	<i>Stenostola ferrea</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
161	CERGL201-08	<i>Monochamus carolinensis</i>	Kanada	URL-12
162	CERLF491-08	<i>Monochamus carolinensis</i>	ABD	URL-12
163	CERPA353-08	<i>Monochamus marmorator</i>	Kanada	URL-12
164	GRACI368-08	<i>Iberodorcadion zenete</i>	İspanya	URL-12
165	GBCL10095-12	<i>Apriona rugicollis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
166	GBCL10099-12	<i>Olenecamptus Tayvanus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
167	GBCL10100-12	<i>Moechotypa formosana</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
168	GBCL10108-12	<i>Peblephaeus decoloratus decoloratus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
169	GBCL10110-12	<i>Mesoereis koshunensis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
170	GBCL10111-12	<i>Mutatocoptops anancyloides</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
171	GBCL10133-12	<i>Pterolophia obscura obscura</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
172	GBMIN48606-17	<i>Monochamus urussovii</i>	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
173	GBMNA48780-19	<i>Aristobia reticulator</i>	Hindistan	URL-12
174	GBCLC1104-19	<i>Batocera lineolata</i>	Çin	URL-12
175	GBMIN48578-17	<i>Monochamus galloprovincialis</i>	Bilinmiyor	Wu ve diğerleri (2017)
176	GBMNA17787-19	<i>Monochamus sutor</i>	Çin	URL-12
177	GBMNA24458-19	<i>Epepeotes uncinatus</i>	Hindistan	URL-12
178	GBMNA24460-19	<i>Glenea pulchra</i>	Hindistan	URL-12
179	SICOC566-18	<i>Anisopodus mexicanus</i>	Nikaragua	URL-12
180	STEN001-12	<i>Stenostola dubia</i>	Norveç	Kvamme ve diğerleri (2012)
181	GCOL633-16	<i>Mesosa nebulosa</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
182	ASSCR2669-12	<i>Plagiohammus rubefactus</i>	Kosta Rika	URL-12
183	ASSCR2687-12	<i>Taeniotes iridescens</i>	Kosta Rika	URL-12
184	ASSCR2756-12	<i>Dorcasta dasycera</i>	Kosta Rika	URL-12
185	ASSCR2776-12	<i>Cylicasta nysaAS3</i>	Kosta Rika	URL-12
186	ASSCR2871-12	<i>Oncideres rubra</i>	Kosta Rika	URL-12
187	ASSCR3155-12	<i>Oreodera granulifera</i>	Kosta Rika	URL-12
188	ASSCR3206-12	<i>Psapharochrus phasianus</i>	Kosta Rika	URL-12
189	GCOL11363-16	<i>Phytoecia pustulata</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
190	GCOL411-16	<i>Leiopus femoratus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
191	GCOL487-16	<i>Leiopus nebulosus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
192	SICOC550-18	<i>Lagocheirus araneiformis</i>	Nikaragua	URL-12
193	SICOC552-18	<i>Steirastoma histrionica</i>	Nikaragua	URL-12
194	ASSCR3190-12	<i>Psapharochrus bivitta</i>	Kosta Rika	URL-12
195	ASSCR3369-12	<i>Eutrypanus mucoreus</i>	Kosta Rika	URL-12
196	ASSCR3383-12	<i>Hamatastus fasciatus</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
197	ASSCR3501-12	<i>Leptostylus leucopygus</i>	Kosta Rika	URL-12
198	ASSCR4600-12	<i>Leptostylus viriditinctus</i>	Kosta Rika	URL-12
199	ASSCR4682-12	<i>Nealcidion scutellatum</i>	Kosta Rika	URL-12
200	ASSCR4708-12	<i>Nyssodrysinia haldemani</i>	Kosta Rika	URL-12
201	ASSCR4786-12	<i>Pentheochaetes apicalis</i>	Kosta Rika	URL-12
202	ASSCR4843-12	<i>Leptocometes barbiscapus</i>	Kosta Rika	URL-12
203	ASSCR4855-12	<i>Trypanidius notatus</i>	Kosta Rika	URL-12
204	ASSCR4878-12	<i>Carneades championi</i>	Kosta Rika	URL-12
205	ASSCR4969-12	<i>Sympleurotis armatus</i>	Kosta Rika	URL-12
206	ASSCR4992-12	<i>Tetraopes umbonatus</i>	Kosta Rika	URL-12
207	ASSCR5003-12	<i>Arixiuma proluxa</i>	Kosta Rika	URL-12
208	ASSCR5753-12	<i>Itumbiara subdilata</i>	Kosta Rika	URL-12
209	ASSCR5767-12	<i>Oedudes bifasciata</i>	Kosta Rika	URL-12
210	ASSCR5798-12	<i>Antodice nympa</i>	Kosta Rika	URL-12
211	BBCA042-12	<i>Acanthocinus nodosus</i>	ABD	URL-12
212	BCCM534-10	<i>Oberea affinis</i>	Kanada	URL-12
213	CER092-12	<i>Estoloides chamelae</i>	Meksika	URL-12
214	CERGL058-08	<i>Monochamus notatus</i>	Kanada	URL-12
215	CERLF457-08	<i>Dorcaschema nigrum</i>	Kanada	URL-12
216	CERLF624-08	<i>Astylopsis macula</i>	Kanada	URL-12
217	GBCOU1540-13	<i>Anaesthetis testacea</i>	İtalya	Hendrich ve diğerleri (2015)
218	GMGSK098-12	<i>Dorcaschema nigrum</i>	ABD	URL-12
219	UAMIC2228-14	<i>Pogonocherus mixtus</i>	ABD	Sikes ve diğerleri (2016)
220	VVGPL2986-15	<i>Oplosia suvorovi</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
221	SYC3591-14	<i>Pterolophia lateripicta</i>	Fransız Polinezyası	Ramage ve diğerleri (Yayınlanmamış)
222	GBCL10120-12	<i>Acalolepta sublusca maculihumera</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
223	GBCL10136-12	<i>Rhodopina subuniformis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
224	GCOL381-16	<i>Pogonocherus hispidus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
225	GCOL589-16	<i>Iberodorcadion fuliginator</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
226	GBCLC1840-19	<i>Monochamus titillator</i>	ABD	URL-12
227	GBMIN48557-17	<i>Aegomorphus modestus</i>	ABD	Caterino ve Kadau (Yayınlanmamış)
228	GCOL401-16	<i>Leiopus nebulosus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
229	GCOL441-16	<i>Tetrops praeustus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
230	AGIRI093-17	<i>Stibara nigricornis</i>	Hindistan	URL-12
231	CER136-13	<i>Atrypanius conspersus</i>	Meksika	URL-12
232	GCOL4516-16	<i>Pogonocherus fasciculatus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
233	SICOA568-18	<i>Prosoplus albofasciatus</i>	Papua Yeni Gine	URL-12
234	ASSCR2658-12	<i>Plagiohammus nitidus</i>	Kosta Rika	URL-12
235	ASSCR2697-12	<i>Taeniotes scalaris</i> AS3	Kosta Rika	URL-12
236	ASSCR2735-12	<i>Adetus mucoreus</i>	Kosta Rika	URL-12
237	ASSCR2744-12	<i>Adetus pictus</i>	Kosta Rika	URL-12
238	ASSCR2783-12	<i>Ecthoea quadricornis</i>	Kosta Rika	URL-12
239	ASSCR2787-12	<i>Eudesmus rubefactus</i>	Kosta Rika	URL-12
240	ASSCR2804-12	<i>Hesychotypa turbida</i>	Kosta Rika	URL-12
241	ASSCR2844-12	<i>Oncideres albomarginata</i>	Kosta Rika	URL-12
242	ASSCR2849-12	<i>Oncideres digna</i>	Kosta Rika	URL-12
243	ASSCR2942-12	<i>Atelodesmis piperita</i>	Kosta Rika	URL-12
244	ASSCR3041-12	<i>Parachalastinus rubrocinctus</i>	Kosta Rika	URL-12
245	ASSCR3067-12	<i>Polyrhaphis belti</i>	Kosta Rika	URL-12
246	ASSCR3098-12	<i>Acanthoderes rubripes</i>	Kosta Rika	URL-12
247	ASSCR3165-12	<i>Oreodera inscripta</i>	Kosta Rika	URL-12
248	ASSCR3172-12	<i>Oreodera purpurascens</i>	Kosta Rika	URL-12
249	ASSCR3195-12	<i>Psapharochrus circumflexa</i>	Kosta Rika	URL-12
250	ASSCR3418-12	<i>Lagocheirus binumeratus</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
251	ASSCR3430-12	<i>Lagocheirus kathleenae</i>	Kosta Rika	URL-12
252	ASSCR3482-12	<i>Leptostylus diffusus</i>	Kosta Rika	URL-12
253	ASSCR3484-12	<i>Leptostylus gibbulosus</i>	Kosta Rika	URL-12
254	ASSCR3512-12	<i>Leptostylus phrissominus</i>	Kosta Rika	URL-12
255	ASSCR4561-12	<i>Leptostylus macrostigma</i>	Kosta Rika	URL-12
256	ASSCR4627-12	<i>Lepturges limpidus</i>	Kosta Rika	URL-12
257	ASSCR4661-12	<i>Mecotetartus antennatus</i>	Kosta Rika	URL-12
258	ASSCR4676-12	<i>Nealcidion privatum</i>	Kosta Rika	URL-12
259	ASSCR4714-12	<i>Nyssodrycina leucopyga</i>	Kosta Rika	URL-12
260	ASSCR4727-12	<i>Nyssodrysternum poriferum</i>	Kosta Rika	URL-12
261	ASSCR4736-12	<i>Nyssodrysternum sulphurescens</i>	Kosta Rika	URL-12
262	ASSCR4783-12	<i>Paranisopodus heterotarsus</i>	Kosta Rika	URL-12
263	ASSCR4802-12	<i>Stenolis calligramma</i>	Kosta Rika	URL-12
264	ASSCR4805-12	<i>Stenolis circumscripta</i>	Kosta Rika	URL-12
265	ASSCR4824-12	<i>Stenolis pulvereae</i>	Kosta Rika	URL-12
266	ASSCR4850-12	<i>Trypanidius mexicanus</i>	Kosta Rika	URL-12
267	ASSCR4859-12	<i>Trypanidius rubripes</i>	Kosta Rika	URL-12
268	ASSCR4865-12	<i>Urgleptes kuscheli</i>	Kosta Rika	URL-12
269	ASSCR4884-12	<i>Carneades superba</i>	Kosta Rika	URL-12
270	ASSCR4895-12	<i>Carterica pygmaea</i>	Kosta Rika	URL-12
271	ASSCR4918-12	<i>Colobothea dispersa</i>	Kosta Rika	URL-12
272	ASSCR4962-12	<i>Sangaris geometrica</i>	Kosta Rika	URL-12
273	ASSCR5770-12	<i>Oedudes notaticollis</i>	Kosta Rika	URL-12
274	BBCCA067-12	<i>Monochamus titillator</i>	ABD	URL-12
275	BBCCA179-12	<i>Lepturges angulatus</i>	ABD	URL-12
276	BBCCN068-10	<i>Lepturges confluens</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
277	BBCCN951-10	<i>Monochamus scutellatus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
278	CER042-12	<i>Peritapnia pilosa</i>	Meksika	URL-12
279	COLFA121-10	<i>Monochamus urussovii</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
280	COLFA552-12	<i>Pogonocherus decoratus</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
281	COLFB881-12	<i>Saperda perforata</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
282	COLFB905-12	<i>Monochamus urussovii</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
283	COQT324-09	<i>Menyllus maculicornus</i>	Avusturalya	URL-12
284	COQT390-09	<i>Parahybolasias fuscomaculatus</i>	Avusturalya	URL-12
285	FBCOC036-10	<i>Phytoecia cylindrica</i>	Almanya	URL-12
286	FBCOO502-13	<i>Leiopus nebulosus</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
287	PSFOR142-13	<i>Parmena meregallii</i>	Fransa	Rougerie, ve diğerleri (2015)
288	PSFOR153-13	<i>Pogonocherus ovatus</i>	Fransa	Rougerie, ve diğerleri (2015)
289	CERGL184-08	<i>Monochamus carolinensis</i>	Kanada	URL-12
290	GBCOU2385-13	<i>Monochamus sartor</i>	Avusturya	Hendrich ve diğerleri (2015)
291	GBCOU2925-13	<i>Monochamus sartor</i>	İtalya	Hendrich ve diğerleri (2015)
292	GBCOU544-13	<i>Calamobius filum</i>	Yunanistan	Hendrich ve diğerleri (2015)
293	GBCOU778-13	<i>Leiopus linnei</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
294	UAMIC2259-14	<i>Plectrura spinicauda</i>	ABD	Sikes ve diğerleri (2016)
295	VVGPL2979-15	<i>Menesia albifrons</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
296	CERLF580-08	<i>Urgleptes facetus</i>	Kanada	URL-12
297	CERLF627-08	<i>Lepturges symmetricus</i>	Kanada	URL-12
298	CERPA237-08	<i>Monochamus alternatus</i>	Kanada	URL-12
299	CERPA265-08	<i>Acanthocinus obliquus</i>	Kanada	URL-12
300	CERPA269-08	<i>Acanthocinus princeps</i>	Kanada	URL-12
301	CERPA273-08	<i>Pogonocherus penicillatus</i>	Kanada	URL-12
302	COLAT105-08	<i>Monochamus notatus</i>	Kanada	URL-12
303	COLAT135-08	<i>Acanthocinus pusillus</i>	Kanada	URL-12
304	GRACI367-08	<i>Iberodorcadion graellsii</i>	İspanya	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
305	GBCL10098-12	<i>Olenecamptus formosanus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
306	GBCL10119-12	<i>Acalolepta permutans paucipunctata</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
307	GBCL10129-12	<i>Pterolophia annulata</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
308	GBCL10134-12	<i>Pterolophia reduplicata</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
309	GCOL6776-16	<i>Phytoecia coeruleascens</i>	Çek Cumhuriyeti	Rulik ve diğerleri (2017)
310	SICOC568-18	<i>Imantocera penicillata</i>	Nepal	URL-12
311	CER107-13	<i>Neoptychodes trilineatus</i>	Meksika	URL-12
312	CER138-13	<i>Baryssinus chemsaki</i>	Meksika	URL-12
313	JSBIC186-18	<i>Batocera wallacei proserpina</i>	Papua Yeni Gine	URL-12
314	ELPCG11202-17	<i>Urgleptes querci</i>	Kanada	URL-12
315	GCOL1311-16	<i>Leiopus femoratus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
316	ASSCR2653-12	<i>Plagiohammus emanon</i>	Kosta Rika	URL-12
317	ASSCR2681-12	<i>Ptychodes politus</i>	Kosta Rika	URL-12
318	ASSCR2720-12	<i>Adetus analis</i>	Kosta Rika	URL-12
319	ASSCR2771-12	<i>Hippopsis meinerti</i>	Kosta Rika	URL-12
320	ASSCR2797-12	<i>Hesychotypa heraldica</i>	Kosta Rika	URL-12
321	ASSCR3278-12	<i>Anisopodus hamaticollis</i>	Kosta Rika	URL-12
322	ASSCR3283-12	<i>Anisopodus hiekei</i>	Kosta Rika	URL-12
323	ASSCR3350-12	<i>Carphontes posticalis</i>	Kosta Rika	URL-12
324	ASSCR4720-12	<i>Nyssodrysternum ocellatum</i>	Kosta Rika	URL-12
325	ASSCR4752-12	<i>Oedopeza ocellator</i>	Kosta Rika	URL-12
326	ASSCR4891-12	<i>Carterica optata</i>	Kosta Rika	URL-12
327	ASSCR4984-12	<i>Phaea janzeni</i>	Kosta Rika	URL-12
328	ASSCR4903-12	<i>Colobothea bitincta</i>	Kosta Rika	URL-12
329	CERLF432-08	<i>Astylopsis collaris</i>	Kanada	URL-12
330	CERLF489-08	<i>Microgoes oculatus</i>	Kanada	URL-12
331	CERLF588-08	<i>Graphisurus despectus</i>	Kanada	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
332	COLFG057-13	<i>Leiopus linnei</i>	Estonya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
333	COQT479-09	<i>Apomecyna histrio</i>	Avusturalya	URL-12
334	FBCON514-13	<i>Leiopus femoratus</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
335	GBCOB007-12	<i>Exocentrus adpersus</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
336	PSFOR087-13	<i>Saperda populnea</i>	Fransa	Rougerie, ve diğerleri (2015)
337	PSFOR141-13	<i>Parmena balteus</i>	Fransa	Rougerie, ve diğerleri (2015)
338	USCOL506-09	<i>Saperda tridentata</i>	ABD	URL-12
339	CER116-13	<i>Neoptychodes trilineatus</i>	Meksika	URL-12
340	GBCL10091-12	<i>Pseudocalamobius pubescens</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
341	GBCL10093-12	<i>Pseudanaesthetis mizunumai</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
342	GBCL10135-12	<i>Sthenias semicylindricus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
343	GBMIN38776-13	<i>Psacotheta hilaris</i>	İtalya	Hendrich ve diğerleri (2015)
344	GBMIN39963-13	<i>Monochamus alternatus</i>	Çin	Hendrich ve diğerleri (2015)
345	BARSB247-16	<i>Saperda puncticollis</i>	Kanada	URL-12
346	PSFOR1131-17	<i>Deroplia troberti</i>	Fas	Rougerie, ve diğerleri (2015)
347	SICOC556-18	<i>Dorcasta dasycera</i>	Nikaragua	URL-12
348	ASALC265-12	<i>Monochamus scutellatus</i>	Kanada	URL-12
349	ASALC294-13	<i>Monochamus notatus</i>	Kanada	URL-12
350	ASSCR2617-12	<i>Deliathis nivea</i>	Kosta Rika	URL-12
351	ASSCR2627-12	<i>Neoptychodes candidus</i>	Kosta Rika	URL-12
352	ASSCR2706-12	<i>Taeniotes xanthostictus</i>	Kosta Rika	URL-12
353	ASSCR2770-12	<i>Helvina howdenorum</i>	Kosta Rika	URL-12
354	ASSCR2817-12	<i>Jamesia multivittata</i>	Kosta Rika	URL-12
355	ASSCR2840-12	<i>Lochmaeocles tessellatus</i>	Kosta Rika	URL-12
356	ASSCR2867-12	<i>Oncideres repandator</i>	Kosta Rika	URL-12
357	ASSCR2876-12	<i>Oncideres senilis</i>	Kosta Rika	URL-12
358	ASSCR2950-12	<i>Atimiola guttulata</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
359	ASSCR3060-12	<i>Polyrhaphis batesi</i>	Kosta Rika	URL-12
360	ASSCR3136-12	<i>Oreodera costaricensis</i>	Kosta Rika	URL-12
361	ASSCR3185-12	<i>Paradiscopus maculatus</i>	Kosta Rika	URL-12
362	ASSCR3238-12	<i>Steirastoma melanogenys</i>	Kosta Rika	URL-12
363	ASSCR3449-12	<i>Lagocheirus rogersi</i>	Kosta Rika	URL-12
364	ASSCR4617-12	<i>Lepturges festivus</i>	Kosta Rika	URL-12
365	ASSCR4716-12	<i>Nyssodrysinia polypila</i>	Kosta Rika	URL-12
366	ASSCR4899-12	<i>Colobothea aleata</i>	Kosta Rika	URL-12
367	ASSCR4910-12	<i>Colobothea chemsaki</i>	Kosta Rika	URL-12
368	ASSCR4927-12	<i>Colobothea distincta</i>	Kosta Rika	URL-12
369	ASSCR4935-12	<i>Colobothea rincona</i>	Kosta Rika	URL-12
370	ASSCR5786-12	<i>Tyrinthia moroiuba</i>	Kosta Rika	URL-12
371	ASSCR5814-12	<i>Mimolaia calopteron</i>	Kosta Rika	URL-12
372	BBCCA177-12	<i>Ecyrus dasycerus</i>	ABD	URL-12
373	BBCCM673-10	<i>Lepturges confluens</i>	Kanada	URL-12
374	BBCCN018-10	<i>Oberea perspicillata</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
375	BBCCN308-10	<i>Pogonocherus parvulus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
376	BBCEC272-09	<i>Monochamus scutellatus scutellatus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
377	COLFA559-12	<i>Monochamus sutor</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
378	COLFA576-12	<i>Lamia textor</i>	Estonya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
379	COLFE1500-13	<i>Tetrops starkii</i>	İsveç	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
380	FBCOA919-10	<i>Phytoecia nigricornis</i>	Almanya	URL-12
381	FBCOC126-10	<i>Phytoecia icterica</i>	Almanya	URL-12
382	FBCON710-13	<i>Leiopus nebulosus</i>	Almanya	URL-12
383	FBCOO564-13	<i>Anaesthetis testacea</i>	Almanya	URL-12
384	JSCOL235-11	<i>Leptostylus transversus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
385	JSJUL2203-11	<i>Eupogonius pauper</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
386	MACOL2281-12	<i>Batocera granulipennis</i>	Pakistan	URL-12
387	CERLF444-08	<i>Astylopsis sexguttata</i>	Kanada	URL-12
388	CERLF453-08	<i>Dectes sayi</i>	Kanada	URL-12
389	CERLF554-08	<i>Saperda lateralis</i>	Kanada	URL-12
390	CERLF586-08	<i>Urgleptes signatus</i>	Kanada	URL-12
391	GBCOU1043-13	<i>Oberea pupillata</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
392	GBCOU1138-13	<i>Iberodorcadion fuliginator</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
393	PSFOR986-14	<i>Pogonocherus hispidulus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
394	VVGPL2946-15	<i>Acanthocinus sachalinensis</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
395	COLAT119-08	<i>Saperda candida</i>	Kanada	URL-12
396	GBMIN39969-13	<i>Anoplophora horsfieldi</i>	Çin	Yang (Yayınlanmamış)
397	GBCL10096-12	<i>Batocera lineolata</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
398	CER127-13	<i>Atrypanius implexus</i>	Meksika	URL-12
399	CER177-13	<i>Lepturges angulatus</i>	Meksika	URL-12
400	GBCL10088-12	<i>Rondibilis horienis horienis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
401	GBCL10092-12	<i>Euseboides matsudai matsudai</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
402	GBCL10104-12	<i>Anoplophora horsfieldi tonkinensis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
403	GCOL8031-16	<i>Monochamus sutor</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
404	PSFOR1134-17	<i>Pogonocherus perroudi</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
405	ASSCR2646-12	<i>Neoptychodes trilineatus</i>	Kosta Rika	URL-12
406	ASSCR2966-12	<i>Desmiphora canescens</i>	Kosta Rika	URL-12
407	GBMIN48568-17	<i>Lepturges angulatus</i>	ABD	URL-12
408	ASSCR2713-12	<i>Tapeina transversifrons</i>	Kosta Rika	URL-12
409	ASSCR2730-12	<i>Adetus costicollisAS3</i>	Kosta Rika	URL-12
410	ASSCR2761-12	<i>Rosalba obliqua</i>	Kosta Rika	URL-12
411	ASSCR2792-12	<i>Hesychotypa cedestes</i>	Kosta Rika	URL-12
412	ASSCR2834-12	<i>Lochmaeocles sparsus</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
413	ASSCR2850-12	<i>Oncideres fisheri</i>	Kosta Rika	URL-12
414	ASSCR2864-12	<i>Oncideres putator</i>	Kosta Rika	URL-12
415	ASSCR2881-12	<i>Sternycha approximata</i>	Kosta Rika	URL-12
416	ASSCR2952-12	<i>Blabia costaricensis</i>	Kosta Rika	URL-12
417	ASSCR2972-12	<i>Desmiphora cirrosa</i>	Kosta Rika	URL-12
418	ASSCR3113-12	<i>Myoxinus pictus</i>	Kosta Rika	URL-12
419	ASSCR3150-12	<i>Oreodera glauca</i>	Kosta Rika	URL-12
420	ASSCR3212-12	<i>Pseudaethomerus maximus</i>	Kosta Rika	URL-12
421	ASSCR3260-12	<i>Alcathousiella polyrhaphoides</i>	Kosta Rika	URL-12
422	ASSCR3295-12	<i>Antecururisa apicalis</i>	Kosta Rika	URL-12
423	ASSCR3441-12	<i>Lagocheirus plantaris</i>	Kosta Rika	URL-12
424	ASSCR4594-12	<i>Leptostylus trigonus</i>	Kosta Rika	URL-12
425	ASSCR4666-12	<i>Nealcidion brachiale</i>	Kosta Rika	URL-12
426	ASSCR4687-12	<i>Neoeutrypanus decorus</i>	Kosta Rika	URL-12
427	ASSCR4730-12	<i>Nyssodrysternum serpentinum</i>	Kosta Rika	URL-12
428	ASSCR4764-12	<i>Olenosus serrimanus</i>	Kosta Rika	URL-12
429	ASSCR4789-12	<i>Pentheochaetes turbidus</i>	Kosta Rika	URL-12
430	ASSCR4814-12	<i>Stenolis laetifica</i>	Kosta Rika	URL-12
431	ASSCR4946-12	<i>Colobothina perplexa</i>	Kosta Rika	URL-12
432	ASSCR4975-12	<i>Phaea flavovittata</i>	Kosta Rika	URL-12
433	ASSCR5809-12	<i>Bactriola vittulata</i>	Kosta Rika	URL-12
434	ASSCR5811-12	<i>Asemolea minuta</i>	Kosta Rika	URL-12
435	BCCA3340-12	<i>Astylopsis sexguttata</i>	ABD	URL-12
436	BCCM001-10	<i>Oberea quadricalloso</i>	Kanada	URL-12
437	BCCN080-10	<i>Saperda calcarata</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
438	CER016-12	<i>Tapeina transversifrons</i>	Meksika	URL-12
439	COLFA603-12	<i>Exocentrus lusitanus</i>	Estonya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)

Tablo A.6. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
440	COLFB903-12	<i>Saperda carcharias</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
441	COLFE001-12	<i>Acanthocinus griseus</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
442	COLFG022-13	<i>Oplosia cinerea</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
443	JSCOL407-11	<i>Urgleptes querci</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
444	PSFOR030-13	<i>Acanthocinus reticulatus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
445	PSFOR131-13	<i>Monochamus galloprovincialis</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
446	CERGL086-08	<i>Anoplophora glabripennis</i>	Kanada	URL-12
447	CERLF558-08	<i>Saperda puncticollis</i>	Kanada	URL-12
448	COLFG058-13	<i>Leiopus linnei</i>	Estonya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
449	COLFG061-13	<i>Leiopus nebulosus</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
450	GBCOU1137-13	<i>Monochamus sutor</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
451	CERPA246-08	<i>Monochamus obtusus</i>	Kanada	URL-12
452	CERPA250-08	<i>Monochamus scutellatus</i>	Kanada	URL-12
453	COLAT162-08	<i>Monochamus urussovi</i>	Polonya	URL-12
454	GBMIN39966-13	<i>Anoplophora glabripennis</i>	ABD	An ve diğerleri (Yayınlanmamış)
455	HMCOC601-09	<i>Monochamus scutellatus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
456	CER106-13	<i>Acrocinus longimanus</i>	Meksika	URL-12
457	GCOL12336-16	<i>Exocentrus punctipennis</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
458	CER124-13	<i>Ecyrus lineicollis</i>	Meksika	URL-12

Tablo A.7. BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
1	COQT559-10	<i>Phoracantha ancoralis</i>	Avusturalya	URL-12
2	COQT672-10	<i>Phoracantha recurva</i>	Avusturalya	URL-12
3	ASALC013-12	<i>Clytus ruricola</i>	Kanada	URL-12
4	ASALC475-13	<i>Sarosesthes fulminans</i>	Kanada	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
5	ASSCR3670-12	<i>Malacopterus tenellus</i>	Kosta Rika	URL-12
6	ASSCR3679-12	<i>Tristachycera viridis</i>	Kosta Rika	URL-12
7	ASSCR3687-12	<i>Achryson surinamum</i>	Kosta Rika	URL-12
8	ASSCR3697-12	<i>Amphelictus bicolor</i>	Kosta Rika	URL-12
9	ASSCR3702-12	<i>Amphelictus brevidens</i>	Kosta Rika	URL-12
10	ASSCR3711-12	<i>Amphelictus curoei</i>	Kosta Rika	URL-12
11	ASSCR3715-12	<i>Amphelictus fortunensis</i>	Kosta Rika	URL-12
12	ASSCR3721-12	<i>Amphelictus hovorei</i>	Kosta Rika	URL-12
13	ASSCR3725-12	<i>Amphelictus panamensis</i>	Kosta Rika	URL-12
14	ASSCR3743-12	<i>Coleoxestia rachelae</i>	Kosta Rika	URL-12
15	ASSCR3747-12	<i>Coleoxestia curoei</i>	Kosta Rika	URL-12
16	CER095-12	<i>Trachyderes mandibularis</i>	Meksika	URL-12
17	ASSCR3784-12	<i>Eburia aegrota</i>	Kosta Rika	URL-12
18	ASSCR3789-12	<i>Eburia frankiei</i>	Kosta Rika	URL-12
19	ASSCR3797-12	<i>Eburia fuliginea</i>	Kosta Rika	URL-12
20	ASSCR3821-12	<i>Eburodacrys laevicornis</i>	Kosta Rika	URL-12
21	ASSCR3823-12	<i>Eburodacrys sticticollis</i>	Kosta Rika	URL-12
22	ASSCR3832-12	<i>Pronuba gracilis</i>	Kosta Rika	URL-12
23	ASSCR3834-12	<i>Pronuba incognita</i>	Kosta Rika	URL-12
24	ASSCR3845-12	<i>Anatinomma bispinosum</i>	Kosta Rika	URL-12
25	ASSCR3850-12	<i>Phrynocris notabilis</i>	Kosta Rika	URL-12
26	ASSCR3854-12	<i>Aneflus minutivestis</i>	Kosta Rika	URL-12
27	ASSCR3869-12	<i>Anelaphus misellus</i>	Kosta Rika	URL-12
28	ASSCR3876-12	<i>Anopliomorpha reticolle</i>	Kosta Rika	URL-12
29	ASSCR3883-12	<i>Atylostagma polita</i>	Kosta Rika	URL-12
30	ASSCR3889-12	<i>Elaphidion irroratum</i>	Kosta Rika	URL-12
31	ASSCR3897-12	<i>Ironeus duplex</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
32	ASSCR3906-12	<i>Mallocera spinicollis</i>	Kosta Rika	URL-12
33	ASSCR3918-12	<i>Mephritus apicatus</i>	Kosta Rika	URL-12
34	ASSCR3929-12	<i>Miltesthus marginatus</i>	Kosta Rika	URL-12
35	ASSCR3937-12	<i>Nephalioides rutilus</i>	Kosta Rika	URL-12
36	ASSCR3948-12	<i>Orwellion gibbulum</i>	Kosta Rika	URL-12
37	ASSCR3950-12	<i>Eurysthea cribripennis</i>	Kosta Rika	URL-12
38	ASSCR3965-12	<i>Psyrassaforma janzeni</i>	Kosta Rika	URL-12
39	ASSCR3969-12	<i>Stenosphenus cribripennis</i>	Kosta Rika	URL-12
40	ASSCR3988-12	<i>Stenosphenus trispinosus</i>	Kosta Rika	URL-12
41	ASSCR3994-12	<i>Trichophoroides niveus</i>	Kosta Rika	URL-12
42	ASSCR4000-12	<i>Hemilissa rufa</i>	Kosta Rika	URL-12
43	ASSCR4002-12	<i>Piezarina smaragdina</i>	Kosta Rika	URL-12
44	ASSCR4004-12	<i>Piezasteria helenae</i>	Kosta Rika	URL-12
45	ASSCR4005-12	<i>Alcyopsis chalcea</i>	Kosta Rika	URL-12
46	ASSCR4008-12	<i>Asynapteron glabriolum</i>	Kosta Rika	URL-12
47	ASSCR4018-12	<i>Heterachthes fraterculus</i>	Kosta Rika	URL-12
48	ASSCR4022-12	<i>Heterachthes nigrocinctus</i>	Kosta Rika	URL-12
49	ASSCR4033-12	<i>Gnomidolon proseni</i>	Kosta Rika	URL-12
50	ASSCR4037-12	<i>Neocompsa bimaculata</i>	Kosta Rika	URL-12
51	ASSCR4042-12	<i>Phocibidion erythrocephalum</i>	Kosta Rika	URL-12
52	ASSCR4051-12	<i>Pygmodeon validicorne</i>	Kosta Rika	URL-12
53	ASSCR4073-12	<i>Tropidion carinicolle</i>	Kosta Rika	URL-12
54	ASSCR4076-12	<i>Coscinedes gracilis</i>	Kosta Rika	URL-12
55	ASSCR4084-12	<i>Obrium ruficolle</i>	Kosta Rika	URL-12
56	ASSCR4086-12	<i>Pachymerola ruficollis</i>	Kosta Rika	URL-12
57	ASSCR4100-12	<i>Eucharassus dispar</i>	Kosta Rika	URL-12
58	ASSCR4115-12	<i>Ozodes xanthophasma</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
59	ASSCR4124-12	<i>Acyphoderes fulgida</i>	Kosta Rika	URL-12
60	ASSCR4127-12	<i>Acyphoderes sexualis</i>	Kosta Rika	URL-12
61	ASSCR4130-12	<i>Acyphoderes sexualis</i>	Kosta Rika	URL-12
62	ASSCR4141-12	<i>Bromiades brachyptera</i>	Kosta Rika	URL-12
63	ASSCR4152-12	<i>Epimelitta nigerrima</i>	Kosta Rika	URL-12
64	ASSCR4153-12	<i>Ischasia indica</i>	Kosta Rika	URL-12
65	ASSCR4162-12	<i>Isthmiade parabraconides</i>	Kosta Rika	URL-12
66	ASSCR4177-12	<i>Odontocera fasciata</i>	Kosta Rika	URL-12
67	ASSCR4181-12	<i>Odontocera nevermanni</i>	Kosta Rika	URL-12
68	ASSCR4186-12	<i>Odontocera scabricollis</i>	Kosta Rika	URL-12
69	ASSCR4192-12	<i>Ommata aurantepennis</i>	Kosta Rika	URL-12
70	ASSCR4194-12	<i>Ommata championella</i>	Kosta Rika	URL-12
71	ASSCR4201-12	<i>Ommata turrialbae</i>	Kosta Rika	URL-12
72	ASSCR4202-12	<i>Oxylymma tuberculicollis</i>	Kosta Rika	URL-12
73	ASSCR4212-12	<i>Tomopterus brevicornis</i>	Kosta Rika	URL-12
74	ASSCR4219-12	<i>Tomopterus vespoides</i>	Kosta Rika	URL-12
75	ASSCR4225-12	<i>Tethlimmena aliena</i>	Kosta Rika	URL-12
76	ASSCR4227-12	<i>Callichroma batesi</i>	Kosta Rika	URL-12
77	ASSCR4253-12	<i>Callichroma holochlorum</i>	Kosta Rika	URL-12
78	ASSCR4257-12	<i>Monnechroma azureaAS3</i>	Kosta Rika	URL-12
79	ASSCR4260-12	<i>Monnechroma azurea</i>	Kosta Rika	URL-12
80	ASSCR4273-12	<i>Anthoboscus tricolor</i>	Kosta Rika	URL-12
81	ASSCR4276-12	<i>Mecometopus jansoni</i>	Kosta Rika	URL-12
82	ASSCR4284-12	<i>Mecometopus macilentus</i>	Kosta Rika	URL-12
83	ASSCR4290-12	<i>Mecometopus solidicornis</i>	Kosta Rika	URL-12
84	ASSCR4297-12	<i>Megacyllene costaricensis</i>	Kosta Rika	URL-12
85	ASSCR4316-12	<i>Neoclytus justini</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
86	ASSCR4320-12	<i>Neoclytus personatus</i>	Kosta Rika	URL-12
87	ASSCR4328-12	<i>Ochraethes pollinosus</i>	Kosta Rika	URL-12
88	ASSCR4331-12	<i>Placosternus crinicornis</i>	Kosta Rika	URL-12
89	ASSCR4341-12	<i>Placosternus guttatus</i>	Kosta Rika	URL-12
90	ASSCR4357-12	<i>Diphyrama singularis</i>	Kosta Rika	URL-12
91	ASSCR4363-12	<i>Pempteurys sericans</i>	Kosta Rika	URL-12
92	ASSCR4365-12	<i>Euderces cleriformis</i>	Kosta Rika	URL-12
93	ASSCR4379-12	<i>Chrysoprasia hypocrita</i>	Kosta Rika	URL-12
94	ASSCR4387-12	<i>Monnecles apollinari</i>	Kosta Rika	URL-12
95	ASSCR4395-12	<i>Cosmisoma titania</i>	Kosta Rika	URL-12
96	ASSCR4405-12	<i>Dihammaphora chonthalensis</i>	Kosta Rika	URL-12
97	ASSCR4418-12	<i>Ischionodonta versicolor</i>	Kosta Rika	URL-12
98	ASSCR4422-12	<i>Platyarthron laterale</i>	Kosta Rika	URL-12
99	ASSCR4430-12	<i>Corynellus ochraceus</i>	Kosta Rika	URL-12
100	ASSCR4432-12	<i>Corynellus cinnabarinus</i>	Kosta Rika	URL-12
101	ASSCR4443-12	<i>Deltosoma guatemalense</i>	Kosta Rika	URL-12
102	ASSCR4448-12	<i>Lissonotus flavocinctus</i>	Kosta Rika	URL-12
103	ASSCR4463-12	<i>Coccoderus amazonicus</i>	Kosta Rika	URL-12
104	ASSCR4467-12	<i>Gigantotrichoderes conicollis</i>	Kosta Rika	URL-12
105	ASSCR4482-12	<i>Praxithea travassosi</i>	Kosta Rika	URL-12
106	ASSCR4487-12	<i>Xenambyx lansbergei</i>	Kosta Rika	URL-12
107	ASSCR4503-12	<i>Assyruera macrotela</i>	Kosta Rika	URL-12
108	ASSCR4504-12	<i>Axestoleus meridionalis</i>	Kosta Rika	URL-12
109	ASSCR4509-12	<i>Callona rutilans</i>	Kosta Rika	URL-12
110	ASSCR4523-12	<i>Metaleptus angulatus</i>	Kosta Rika	URL-12
111	ASSCR4529-12	<i>Parevander nobilis</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
112	ASSCR4535-12	<i>Parevander unicolor</i>	Kosta Rika	URL-12
113	ASSCR4539-12	<i>Pleuromenus baccifer</i>	Kosta Rika	URL-12
114	ASSCR4543-12	<i>Sphaenothecus argenteus</i>	Kosta Rika	URL-12
115	ASSCR3780-12	<i>Poeciloxestia lanceolata</i>	Kosta Rika	URL-12
116	ASSCR3891-12	<i>Enaphalodes coronatum</i>	Kosta Rika	URL-12
117	ASSCR4495-12	<i>Amphionthe oberthuri</i>	Kosta Rika	URL-12
118	ASSCR4557-12	<i>Trachyderes hilaris</i>	Kosta Rika	URL-12
119	CICRP109-15	<i>Hylotrupes bajulus</i>	Fransa	Fohrer ve Meusnier (Yayınlanmamış)
120	BARSK140-16	<i>Phymatodes amoenus</i>	Kanada	Dewaard (Yayınlanmamış)
121	BARSM243-17	<i>Neoclytus acuminatus</i>	Kanada	Dewaard (Yayınlanmamış)
122	BBCCA046-12	<i>Enaphalodes rufulus</i>	ABD	URL-12
123	BBCCA076-12	<i>Eburia quadrigeminata</i>	ABD	URL-12
124	BBCCA093-12	<i>Megacyllene antennata</i>	ABD	URL-12
125	BBCCA113-12	<i>Elaphidion mucronatum</i>	ABD	URL-12
126	BBCCA124-12	<i>Eustromula validum</i>	ABD	URL-12
127	BBCCM590-10	<i>Phymatodes dimidiatus</i>	Kanada	URL-12
128	ASSCR3676-12	<i>Sphagoeme ochracea</i>	Kosta Rika	URL-12
129	ASSCR4348-12	<i>Trichoxys viridicollis</i>	Kosta Rika	URL-12
130	ASSCR4411-12	<i>Haenkea thoracica</i>	Kosta Rika	URL-12
131	ASSCR4552-12	<i>Sphaenothecus facetus</i>	Kosta Rika	URL-12
132	ASSCR3756-12	<i>Coleoxestia sanguinipes</i>	Kosta Rika	URL-12
133	ASSCR4103-12	<i>Ozodes multituberculatus</i>	Kosta Rika	URL-12
134	ASSCR4207-12	<i>Stenochariergus hollyae</i>	Kosta Rika	URL-12
135	ASSCR3737-12	<i>Coleoxestia nitida</i>	Kosta Rika	URL-12
136	ASSCR4012-12	<i>Compsibidion vanum</i>	Kosta Rika	URL-12
137	ASSCR4067-12	<i>Thoracibidion pleurostictum</i>	Kosta Rika	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
138	ASSCR4247-12	<i>Callichroma cyanomelas</i>	Kosta Rika	URL-12
139	ASSCR4491-12	<i>Amphionthe chiriquina</i>	Kosta Rika	URL-12
140	CERAF154-08	<i>Neoclosterus lujae</i>	Gabon	URL-12
141	CERAF157-08	<i>Neoclosterus lemairei</i>	Zambia	URL-12
142	CDBLM014-19	<i>Chlorophorus annularis</i>	Japonya	URL-12
143	CER001-12	<i>Micropsyrassa doyeri</i>	Meksika	URL-12
144	CER003-12	<i>Stenobatyle miniaticollis</i>	Meksika	URL-12
145	CER009-12	<i>Aneflomorpha hovorei</i>	Meksika	URL-12
146	CER011-12	<i>Axestoleus quinquepunctatus</i>	Meksika	URL-12
147	CER015-12	<i>Ironeus pulcher</i>	Meksika	URL-12
148	CER021-12	<i>Acyphoderes cribricollis</i>	Meksika	URL-12
149	CER024-12	<i>Coleomethia crinicornis</i>	Meksika	URL-12
150	CER029-12	<i>Stenobatyle prolixa</i>	Meksika	URL-12
151	CER043-12	<i>Micropsyrassa pilosella</i>	Meksika	URL-12
152	CER045-12	<i>Metironeus hovorei</i>	Meksika	URL-12
153	CER052-12	<i>Psyrassa cylindricollis</i>	Meksika	URL-12
154	CER056-12	<i>Eburia laticollis</i>	Meksika	URL-12
155	CER065-12	<i>Anopliomorpha reticolle</i>	Meksika	URL-12
156	CER088-12	<i>Eburia nigrovittata</i>	Meksika	URL-12
157	CER091-12	<i>Eburia paraegrota</i>	Meksika	URL-12
158	CER142-13	<i>Xeranoplium bicolor</i>	Meksika	URL-12
159	CER147-13	<i>Pseudoperiboeum subarmatum</i>	Meksika	URL-12
160	CER153-13	<i>Anopliomorpha gracilis</i>	Meksika	URL-12
161	CER156-13	<i>Conosphaeron concolor</i>	Meksika	URL-12
162	CER175-13	<i>Psyrassa nigroaena</i>	Meksika	URL-12
163	CER203-14	<i>Odontocera aurocincta</i>	Meksika	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
164	CER209-14	<i>Acyphoderes amoena</i>	Meksika	URL-12
165	CER229-14	<i>Neocompsa agnosta</i>	Meksika	URL-12
166	CER234-14	<i>Trichophoroides decipiens</i>	Meksika	URL-12
167	CERAF009-07	<i>Plectogaster puncticollis</i>	Kamerun	URL-12
168	CERAF012-07	<i>Plectogaster noellae</i>	Gabon	URL-12
169	CERGL084-08	<i>Heterachthes quadrimaculatus</i>	Kanada	URL-12
170	CERGL094-08	<i>Microclytus compressicollis</i>	Kanada	URL-12
171	CERLF303-08	<i>Callidium frigidum</i>	Kanada	URL-12
172	CERLF312-08	<i>Calloides nobilis</i>	Kanada	URL-12
173	CERLF376-08	<i>Phymatodes varius</i>	Kanada	URL-12
174	CERLF385-08	<i>Purpuricenus humeralis</i>	Kanada	URL-12
175	CERLF412-08	<i>Xylotrechus annosus</i>	Kanada	URL-12
176	CERNO028-08	<i>Megacyllene caryae</i>	Kanada	URL-12
177	CERPA021-08	<i>Phymatodes nigrescens</i>	Kanada	URL-12
178	CERPA026-08	<i>Xylocrius agassizi</i>	Kanada	URL-12
179	CERPA029-08	<i>Clytus planifrons</i>	Kanada	URL-12
180	CERPA031-08	<i>Xylotrechus mormonus</i>	Kanada	URL-12
181	CERPA044-08	<i>Opsimus quadrilineatus</i>	ABD	URL-12
182	CERPA045-08	<i>Molorchus longicollis</i>	Kanada	URL-12
183	CERPA306-08	<i>Rosalia funebris</i>	Kanada	URL-12
184	CERPA341-08	<i>Xylotrechus nauticus</i>	Kanada	URL-12
185	CERPA366-08	<i>Compsocerus violaceus</i>	ABD	URL-12
186	CNPPD2524-12	<i>Anelaphus villosus</i>	Kanada	deWaard ve diğerleri (2018)
187	CNSLQ137-13	<i>Obrium rufulum</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
188	COAS039-10	<i>Phoracantha semipunctata</i>	Avusturalya	URL-12
189	COAS093-10	<i>Syllitus grammicus</i>	Avusturalya	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokelite	Kaynak
190	COLAT050-08	<i>Megacyllene robiniae</i>	Kanada	URL-12
191	COLAT258-08	<i>Xylotrechus integer</i>	Kanada	URL-12
192	COLAT261-08	<i>Clytus marginicollis</i>	Kanada	URL-12
193	COLFA002-10	<i>Callidium aeneum</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
194	COLFA119-10	<i>Aromia moschata</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
195	COLFA533-12	<i>Xylotrechus antilope</i>	Rusya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
196	COLFA536-12	<i>Purpuricenus kaehleri</i>	Rusya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
197	COLFA557-12	<i>Xylotrechus pantherinus</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
198	COSO386-08	<i>Callimoxys sanguinicollis</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
199	FBCOB270-10	<i>Phymatodes rufipes</i>	Almanya	URL-12
200	FBCOJ489-12	<i>Stenopterus rufus</i>	Almanya	URL-12
201	FBCOK037-13	<i>Chlorophorus figuratus</i>	Almanya	URL-12
202	FBCOK322-13	<i>Callidium violaceum</i>	Avusturya	URL-12
203	FBCON520-13	<i>Plagionotus detritus</i>	Almanya	URL-12
204	GBCL10043-12	<i>Aphrodisium sauteri</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
205	GBCL10044-12	<i>Ceresium elongatum</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
206	GBCL10045-12	<i>Ceresium subuniforme</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
207	GBCL10046-12	<i>Aeolesthes induta</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
208	GBCL10054-12	<i>Massicus trilineatus fasciatus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
209	GBCL10055-12	<i>Neoplocaederus bicolor</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
210	GBCL10056-12	<i>Xoanodera maculata</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
211	GBCL10057-12	<i>Zegriades maculicollis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
212	GBCL10058-12	<i>Kurarua chujoi</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
213	GBCL10059-12	<i>Procleomenes robustius</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
214	GBCL10060-12	<i>Amamiclytus subnitidus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
215	GBCL10061-12	<i>Chlorophorus anticemaculatus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
216	GBCL10062-12	<i>Chlorophorus chiuae</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
217	GBCL10063-12	<i>Chlorophorus signaticollis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
218	GBCL10064-12	<i>Clytocera Tayvanensis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
219	GBCL10065-12	<i>Demonax bidenticornis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
220	GBCL10066-12	<i>Grammographus flavicollis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
221	GBCL10067-12	<i>Demonax substitutus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
222	GBCL10068-12	<i>Epiclytus itoi</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
223	GBCL10069-12	<i>Perissus kankauensis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
224	GBCL10070-12	<i>Rhaphuma mushana</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
225	GBCL10071-12	<i>Rhaphuma virens</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
226	GBCL10074-12	<i>Stromatium longicorne</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
227	GBCL10077-12	<i>Prothema ochraceosignata</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
228	GBCL10079-12	<i>Erythrus formosanus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
229	GBCL10080-12	<i>Merionoeda formosana</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
230	GBCL10081-12	<i>Merionoeda uraiensis</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
231	GBCL10082-12	<i>Dicelosternus corallinus</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
232	GBCLC452-13	<i>Coptocercus rubripes</i>	Avusturalya	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
233	GBCLC774-19	<i>Semanotus bifasciatus</i>	Çin	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
234	GBCLC859-19	<i>Cerambyx miles</i>	Yunanistan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
235	GBCLC926-19	<i>Xylotrechus quadripes</i>	Hindistan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
236	GBCLC938-19	<i>Xylotrechus rufilius</i>	Japonya	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
237	GBCOB117-12	<i>Stenopterus ater</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
238	GBCOU2417-13	<i>Clytus lama</i>	Avusturya	Hendrich ve diğerleri (2015)
239	GBCOU2595-13	<i>Callidium coriaceum</i>	Avusturya	Hendrich ve diğerleri (2015)
240	FBCON250-13	<i>Plagionotus detritus</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
241	GBCOU-531-13	<i>Purpuricenens defontaini</i>	Yunanistan	Hendrich ve diğerleri (2015)

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
242	GBCOU549-13	<i>Plagionotus floralis</i>	Yunanistan	Hendrich ve diğerleri (2015)
243	GBMIN18010-13	<i>Chlorophorus diadema</i>	Güney Kore	URL-12
244	GBMIN39962-13	<i>Hylotrupes bajulus</i>	Almanya	An ve diğerleri (Yayınlanmamış)
245	GBMIN48494-17	<i>Rosalia alpina</i>	İtalya	Cesaroni ve diğerleri
246	GBMIN48531-17	<i>Xylotrechus colonus</i>	ABD	Caterino ve Kadau (Yayınlanmamış)
247	GBMIN48537-17	<i>Xylotrechus sagittatus</i>	ABD	Caterino ve Kadau (Yayınlanmamış)
248	GBMNA24466-19	<i>Aeolesthes sarta</i>	Hindistan	Behere ve diğerleri (Yayınlanmamış)
249	GBMNA33223-19	<i>Semanotus japonicus</i>	Japonya	Sato ve Komine (Yayınlanmamış)
250	GBMNA47780-19	<i>Nortia carinicollis</i>	Bilinmiyor	Wang ve diğerleri (2019)
251	GBMNA9673-19	<i>Aeolesthes oenochrous</i>	Tayvan	Chiu ve diğerleri (2016)
252	GBMNB25593-20	<i>Penichroa fasciata</i>	Bilinmiyor	URL-12
253	GCOL10390-16	<i>Poecilium pusillus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
254	GCOL11657-16	<i>Axinopalpis gracilis</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
255	GCOL1360-16	<i>Xylotrechus rusticus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
256	GCOL302-16	<i>Obrium brunneum</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
257	GCOL3708-16	<i>Phoracantha recurva</i>	İspanya	Rulik ve diğerleri (2017)
258	GCOL3736-16	<i>Trichoferus fasciculatus</i>	İspanya	Rulik ve diğerleri (2017)
259	GCOL4232-16	<i>Pyrrhidium sanguineum</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
260	GCOL4274-16	<i>Anaglyptus mysticus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
261	GCOL4406-16	<i>Plagionotus arcuatus</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
262	GCOL4535-16	<i>Xylotrechus arvicola</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
263	GCOL518-16	<i>Cerambyx scopolii</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
264	GCOL5360-16	<i>Clytus arietis</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
265	GCOL6817-16	<i>Poecilium alni</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
266	GMCRI902-13	<i>Neoclytus cacicus</i>	Kosta Rika	URL-12
267	GMOAG1882-15	<i>Euderces picipes</i>	Kanada	Dewaard (Yayınlanmamış)

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
268	ICNB013-08	<i>Phymatodes grandis</i>	ABD	URL-12
269	MACOL1485-11	<i>Trichoferus campestris</i>	Pakistan	URL-12
270	NGNAJ016-13	<i>Clytus canadensis</i>	Kanada	URL-12
271	PHFLO037-10	<i>Methia pusilla</i>	ABD	URL-12
272	PSFOR017-13	<i>Trichoferus pallidus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
273	PSFOR046-13	<i>Cerambyx welensii</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
274	PSFOR048-13	<i>Chlorophorus varius</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
275	PSFOR089-13	<i>Semanotus undatus</i>	Çek Cumhuriyeti	Rougerie ve diğerleri (2015)
276	PSFOR095-13	<i>Cerambyx cerdo</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
277	PSFOR109-13	<i>Callimus abdominalis</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
278	PSFOR1108-17	<i>Anaglyptus gibbosus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
279	PSFOR1112-17	<i>Hesperophanes sericeus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
280	PSFOR1118-17	<i>Phoracantha semipunctata</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
281	PSFOR112-13	<i>Chlorophorus glabromaculatus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
282	PSFOR1125-17	<i>Xylotrechus stebbingi</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
283	PSFOR114-13	<i>Chlorophorus ruficornis</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
284	PSFOR116-13	<i>Chlorophorus trifasciatus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
285	PSFOR119-13	<i>Clytus rhamni</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
286	PSFOR130-13	<i>Molorchus minor</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
287	PSFOR155-13	<i>Ropalopus femoratus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
288	PSFOR168-13	<i>Trichoferus holosericeus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
289	PSFOR437-13	<i>Clytus tropicus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
290	PSFOR442-13	<i>Molorchus umbellatarum</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
291	PSFOR445-13	<i>Phymatodes testaceus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
292	PSFOR815-13	<i>Purpuricenus kaehleri</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
293	RRMFD560-15	<i>Cyrtophorus verrucosus</i>	Kanada	Braukmann ve diğerleri (2019)
294	SICOC525-18	<i>Eburia quadrimaculata</i>	Puerto Rico	URL-12

Tablo A.7. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
295	SICOC527-18	<i>Methia necydalea</i>	Puerto Rico	URL-12
296	SICOC533-18	<i>Acyphoderes suavis</i>	Nikaragua	URL-12
297	SICOC536-18	<i>Psyrassa subpicea</i>	Nikaragua	URL-12
298	SICOC537-18	<i>Eburodacrys havanensis</i>	Nikaragua	URL-12
300	SICOC538-18	<i>Stenosphenus ochraceus</i>	Nikaragua	URL-12
301	SICOC540-18	<i>Parastizocera procera</i>	Nikaragua	URL-12
302	SYC1528-14	<i>Curtomerus flavus</i>	Fransız Polinezyası	Ramage ve diğerleri (2017)
303	TTCFW609-08	<i>Xylotrechus undulatus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
304	UAMIC2191-14	<i>Neoclytus leucozonus</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
305	UAMIC2230-14	<i>Callidium cicatricosum</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
306	UAMIC2249-14	<i>Meriellum proteus</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
307	UAMIC2260-14	<i>Semanotus litigiousus</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
308	UAMIC2271-14	<i>Phymatodes maculicollis</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
309	UAMIC3531-18	<i>Opsimus quadrilineatus</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
310	UAMIC3595-18	<i>Pronocera collaris</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
311	USCOC624-10	<i>Euderces pini</i>	ABD	URL-12
312	USCOC627-10	<i>Curtomerus flavus</i>	ABD	URL-12
313	USCOC916-10	<i>Batyle suturalis suturalis</i>	ABD	URL-12
314	USCOC984-10	<i>Molorchus bimaculatus</i>	ABD	URL-12
315	USCOL423-09	<i>Semanotus amethystinus</i>	ABD	URL-12
316	USCOL505-09	<i>Malacopterus tenellus</i>	ABD	URL-12
317	USCOL541-09	<i>Anelaphus parallelus</i>	ABD	URL-12
318	USCOL547-09	<i>Anelaphus parallelus</i>	ABD	URL-12
319	USCOL683-09	<i>Batyle ignicollis</i>	ABD	URL-12
320	VVGC039-08	<i>Trichoferus campestris</i>	Kanada	URL-12
321	VVGPL2989-15	<i>Obrium obscuripenne</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
322	VVGPL3000-15	<i>Clytus nigrifulus</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)

Tablo A.8. BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
1	PSFOR098-13	<i>Acmaeops marginatus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
2	UAMIC2458-14	<i>Acmaeops proteus</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
3	GBCOU2932-13	<i>Acmaeops septentrionis</i>	İtalya	Hendrich ve diğerleri (2015)
4	PSFOR103-13	<i>Alosterna tabacicolor</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
5	MBIOE2254-13	<i>Analeptura lineola</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
6	GCOL6329-16	<i>Anastrangalia dubia</i>	İtalya	Rulik ve diğerleri (2017)
7	GCOL6655-16	<i>Anastrangalia reyi</i>	İtalya	Rulik ve diğerleri (2017)
8	BBCCM005-10	<i>Anastrangalia sanguinea</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
9	GBCOE834-13	<i>Anastrangalia sanguinolenta</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
10	GBMNA17786-19	<i>Anastrangalia seqensi</i>	Çin	Yang (Yayınlanmamış)
11	TTCFW341-08	<i>Anoplodera pubera</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
12	PSFOR105-13	<i>Anoplodera rufipes</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
13	COLFF690-13	<i>Anoplodera sexguttata</i>	İsveç	URL-12
14	TTCFW249-08	<i>Anthophylax attenuatus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
15	CERLF053-08	<i>Anthophylax cyaneus</i>	Kanada	URL-12
16	CERGL028-08	<i>Anthophylax viridis</i>	Kanada	URL-12
17	CERGL006-08	<i>Bellamira scalaris</i>	Kanada	URL-12
18	BBCEC432-10	<i>Brachyleptura champlaini</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
19	CERLF067-08	<i>Brachyleptura circumdata</i>	ABD	URL-12
20	CERLF074-08	<i>Brachyleptura rubrica</i>	ABD	URL-12
21	TTCFW512-08	<i>Brachysomida bivittata</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
22	FBCOG1419-12	<i>Brachyta interrogationis</i>	Almanya	URL-12
23	GBMIN18013-13	<i>Brachyta sachalinensis</i>	Güney Kore	Park ve diğerleri (Yayınlanmamış)
24	ICNB036-08	<i>Centrodera spurca</i>	ABD	URL-12
25	GBCL10140-12	<i>Corennys Tayvana</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
26	CNJAD2533-12	<i>Cortodera coniferae</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
27	COLFE634-13	<i>Cortodera femorata</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)

Tablo A.8. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
28	PSFOR446-13	<i>Cortodera humeralis</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
29	DESMO027-14	<i>Desmocerus palliatus</i>	ABD	Dewaard (Yayınlanmamış)
30	PSFOR050-13	<i>Dinoptera collaris</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
31	GMGSK119-12	<i>Encyclops caerulea</i>	ABD	URL-12
32	COLFD479-12	<i>Evodinus borealis</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
33	GCOL1621-16	<i>Evodinus clathratus</i>	Almanya	URL-12
34	BBCCN983-10	<i>Evodinus monticola</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
35	ASCMT220-11	<i>Gaurotes cyanipennis</i>	Kanada	Dewaard (Yayınlanmamış)
36	GCOL4375-16	<i>Gaurotes virginea</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
37	UAMIC2403-14	<i>Gnathacmaeops pratensis</i>	ABD	Sikes ve diğerleri (2016)
38	PSFOR985-14	<i>Grammoptera abdominalis</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
39	GCOL400-16	<i>Grammoptera ruficornis</i>	Almanya	URL-12
40	UAMIC2443-14	<i>Grammoptera subargentata</i>	ABD	Sikes ve diğerleri (2016)
41	PSFOR434-13	<i>Grammoptera ustulata</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
42	CERLF225-08	<i>Idiopidonia pedalis</i>	Kanada	URL-12
43	SDP864014-19	<i>Judolia cordifera</i>	ABD	URL-12
44	CERPA129-08	<i>Judolia instabilis</i>	Kanada	URL-12
45	TTCFW340-08	<i>Judolia montivagans</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
46	SSJAD1646-13	<i>Judolia quadrata</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
47	CERPA106-08	<i>Leptalia macilenta</i>	Kanada	URL-12
48	FBCOF214-12	<i>Leptura aethiops</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
49	GBCOU2234-13	<i>Leptura annularis</i>	Avusturya	Hendrich ve diğerleri (2015)
50	GBMNA17793-19	<i>Leptura arcuata</i>	Çin	Yang (Yayınlanmamış)
51	PSFOR057-13	<i>Leptura aurulenta</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
52	GBMNA32919-19	<i>Leptura modicenotata</i>	Japonya	Nikkeshi ve diğerleri (2019)
53	COLFG002-13	<i>Leptura nigripes</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
54	COLHH1535-18	<i>Leptura quadrifasciata</i>	Norveç	URL-12

Tablo A.8. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalise	Kaynak
55	TTCFW751-08	<i>Lepturobosca chrysocoma</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
56	PSFOR060-13	<i>Lepturobosca virens</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
57	CNBPF114-12	<i>Lepturopsis biforis</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
58	CERLF246-08	<i>Lycochoriolaus lateralis</i>	ABD	URL-12
59	SICOC531-18	<i>Metacmaeops vittata</i>	ABD	URL-12
60	GBCL10141-12	<i>Nanostrangalia chujoi</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
61	CER141-13	<i>Nemognathomimus michelbacheri</i>	Meksika	URL-12
62	CER012-12	<i>Nemognathomimus opacipennis</i>	Meksika	URL-12
63	RRSSA2278-15	<i>Nealosterna capitata</i>	Kanada	Braukmann ve diğerleri (2019)
64	COLFG005-13	<i>Nivellia sanguinosa</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
65	CERPA103-08	<i>Ortholeptura valida</i>	Kanada	URL-12
66	COLFB446-12	<i>Oxymirus cursor</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
67	GBMIN39972-13	<i>Pachyta bicuneata</i>	Çin	Yang (Yayınlanmamış)
68	COLFB610-12	<i>Pachyta lamed</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
69	UAMIC2450-14	<i>Pachyta lamed</i>	ABD	Sikes ve diğerleri (2016)
70	GBCOU1567-13	<i>Pachyta quadrimaculata</i>	İtalya	Hendrich ve diğerleri (2015)
71	GBCOD276-13	<i>Pachytodes cerambyciformis</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
72	GBCOU1675-13	<i>Pachytodes erraticus</i>	Slovenya	Hendrich ve diğerleri (2015)
73	CERPA368-08	<i>Pedostrangalia plagifera</i>	Kanada	URL-12
74	OPPFE023-17	<i>Pedostrangalia subhamata</i>	Kanada	URL-12
75	VVGPL3005-15	<i>Pidonia alticollis</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
76	CERLF257-08	<i>Pidonia aurata</i>	ABD	URL-12
77	VVGPL2996-15	<i>Pidonia debilis</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
78	FBCOC167-10	<i>Pidonia lurida</i>	Almanya	URL-12
79	CERPA007-08	<i>Pidonia quadrata</i>	Kanada	URL-12
80	PHCOL159-11	<i>Pidonia ruficollis</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)

Tablo A.8. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
81	UAMIC2209-14	<i>Pidonia scripta</i>	ABD	Sikes ve diğerleri (2016)
82	VVGPL3003-15	<i>Pseudalosterna orientalis</i>	Rusya	Grebennikov ve diğerleri (2017)
83	CERLF277-08	<i>Pseudogaurotina abdominalis</i>	Kanada	URL-12
84	TTCFW593-08	<i>Pseudogaurotina cressoni</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
85	ASSCR2588-12	<i>Pseudophistomis pallida</i>	Kosta Rika	URL-12
86	PSFOR144-13	<i>Pseudostrangalia revestita</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
87	GCOL3970-16	<i>Pseudovadonia livida</i>	İtalya	Rulik ve diğerleri (2017)
88	BBCCM004-10	<i>Pygoleptura nigrella</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
89	GCOL3886-16	<i>Rhagium bifasciatum</i>	Almanya	Rulik ve diğerleri (2017)
90	UAMIC273-13	<i>Rhagium inquisitor</i>	ABD	Sikes ve diğerleri (2016)
91	MT568738	<i>Rhagium inquisitor</i>	Türkiye	Çakmak ve diğerleri (2020)
92	FBCOC122-10	<i>Rhagium inquisitor</i>	Almanya	URL-12
93	GBCOU674-13	<i>Rhagium mordax</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
94	PSFOR027-13	<i>Rhagium sycophanta</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
95	GBCOU1883-13	<i>Rhamnusium bicolor</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
96	GCOL463-16	<i>Rutpela maculata</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
97	PSFOR451-13	<i>Rutpela maculata</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
98	COLAT229-08	<i>Sachalinobia rugipennis</i>	Kanada	URL-12
99	USCOL521-09	<i>Stenocorus cinnamopterus</i>	ABD	URL-12
100	GCOL635-16	<i>Stenocorus meridianus</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
101	BBCCM009-10	<i>Stenocorus nubifer</i>	Kanada	URL-12
102	PSFOR036-13	<i>Stenocorus quercus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
103	GCOL4044-16	<i>Stenurella bifasciata</i>	Fransa	Hendrich ve diğerleri (2015)
104	GCOL11767-16	<i>Stenurella melanura</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
105	COLFF195-13	<i>Stenurella nigra</i>	İsveç	Hendrich ve diğerleri (2015)
106	TTCFW761-08	<i>Stictoleptura canadensis</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)

Tablo A.8. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
107	GCOL4036-16	<i>Stictoleptura cordigera</i>	Fransa	Rulik ve diğerleri (2017)
108	PSFOR811-13	<i>Stictoleptura erythroptera</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
109	PSFOR163-13	<i>Stictoleptura fontenayi</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
110	GBCOB250-12	<i>Stictoleptura fulva</i>	Almanya	Hendrich ve diğerleri (2015)
111	PSFOR137-13	<i>Stictoleptura hybrida</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
112	GCOL7952-16	<i>Stictoleptura maculicornis</i>	Avusturya	Rulik ve diğerleri (2017)
113	COLHH1536-18	<i>Stictoleptura rubra</i>	Norveç	URL-12
114	PSFOR140-13	<i>Stictoleptura stragulata</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
115	GBMIN48623-17	<i>Stictoleptura succedanea</i>	Çin	Yang (Yayınlanmamış)
116	FBCOC158-10	<i>Stictoleptura scutellata</i>	Almanya	URL-12
117	PSFOR165-13	<i>Stictoleptura trisignata</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
118	GMGSM876-13	<i>Strangalepta abbreviata</i>	ABD	URL-12
119	BBCEC017-09	<i>Strangalepta abbreviata</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
120	ASSCR2594-12	<i>Strangalia cantharidis</i>	Kosta Rika	URL-12
121	CER130-13	<i>Strangalia doyeri</i>	Meksika	URL-12
122	CER026-12	<i>Strangalia hamatipes</i>	Meksika	URL-12
123	ASSCR2614-12	<i>Strangalia picticornis</i>	Kosta Rika	URL-12
124	BBCCA154-12	<i>Strangalia sexnotata</i>	ABD	URL-12
125	TTCFW729-08	<i>Trachysida aspera aspera</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
126	BBCEC023-09	<i>Trachysida mutabilis</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
127	USCOL671-09	<i>Trigonarthris atrata</i>	ABD	URL-12
128	CERGL077-08	<i>Trigonarthris minnesotana</i>	Kanada	URL-12
129	USCOL539-09	<i>Trigonarthris proxima</i>	ABD	URL-12
130	USCOL526-09	<i>Typocerus lugubris</i>	ABD	URL-12
131	USCOL510-09	<i>Typocerus sinuatus</i>	ABD	URL-12
132	USCOC728-10	<i>Typocerus sparsus</i>	ABD	URL-12

Tablo A.8. (Devam) BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
133	TTCFW770-08	<i>Typocerus velutinus</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
134	USCOL511-09	<i>Typocerus zebra</i>	ABD	URL-12
135	UAMIC1092-13	<i>Xestoleptura behrensii</i>	ABD	Sikes ve diğerleri 2016
136	BBCCN997-10	<i>Xestoleptura crassipes</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)
137	TTCFW738-08	<i>Xestoleptura tibialis</i>	Kanada	Hebert ve diğerleri (2016)

Tablo A.9. BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Spondylidinae alt familyasına ait mitokondriyal COI gen bölgesi verileri

Sıra	Erişim Numarası	Binomiyal İsim	Lokalite	Kaynak
1	GCOL4070-16	<i>Spondylis buprestoides</i>	Almanya	Rulik ve Ahrens (2017)
2	GBCOC471-12	<i>Arhopalus rusticus</i>	Almanya	Hendrich ve diğ., (2015)
3	PSFOR106-13	<i>Arhopalus ferus</i>	Fransa	Rougerie ve diğerleri (2015)
4	GBCLC681-19	<i>Arhopalus syriacus</i>	Türkiye	Wu ve diğ., 2017
5	CERPA071-08	<i>Arhopalus productus</i>	Kanada	URL-12
6	JSCOC037-07	<i>Arhopalus foveicollis</i>	Kanada	Woodcock ve diğ., 2013
7	CERPA068-08	<i>Arhopalus asperatus</i>	Kanada	URL-12
8	BBCCM219-10	<i>Neospondylis upiformis</i>	Kanada	(Hebert ve diğ., 2016)
9	CERPA083-08	<i>Tetropium parvulum</i>	Kanada	URL-12
10	COLFE860-13	<i>Tetropium fuscum</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
11	COLFE071-12	<i>Tetropium castaneum</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
12	COLFF288-13	<i>Tetropium aquilonium</i>	Finlandiya	Pentinsaari ve diğerleri (2014)
13	GBCOU2428-13	<i>Tetropium gabrieli</i>	Avusturya	Hendrich ve diğerleri (2015)
14	ASALC300-13	<i>Tetropium cinnamopterum</i>	Kanada	URL-12
15	PSFOR072-13	<i>Oxypleurus nodieri</i>	Fransa	Rougerie ve diğ., 2015
16	BBCCM207-10	<i>Megasemum asperum</i>	Kanada	Hebert ve diğ., 2016
17	CERPA061-08	<i>Asemum nitidum</i>	Kanada	URL-12
18	COLFB891-12	<i>Asemum striatum</i>	Finlandiya	Pentinsaari, Hebert ve Mutanen (2014)
19	CERGL075-08	<i>Asemum striatum</i>	Kanada	URL-12

20	GBCL10040-12	<i>Cephalallus oberthuri</i>	Tayvan	Yeh ve diğerleri (Yayınlanmamış)
21	CERPA295-08	<i>Cephalallus (Arhopalus) unicolor</i>	Kanada	URL-12
22	GBMIN48454-17	<i>Cephalallus (Arhopalus) unicolor</i>	Bilinmiyor	Wu et al. 2017

EK-B

Tablo B.1. Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bp) gen dizisi içindeki polimorfik bölgeler

		Polimorfik Baz Pozisyonları	N
Laminae	Pin	5, 7, 10, 24, 28, 29, 31, 33, 40, 44, 50, 52, 59, 64, 68, 69, 73, 74, 80, 83, 89, 92, 94, 101, 103, 106, 112, 115, 118, 119, 120, 124, 136, 142, 143, 148, 154, 157, 172, 178, 187, 193, 197, 199, 200, 206, 208, 211, 212, 214, 226, 229, 235, 238, 241, 247, 250, 262, 263, 265, 266, 278, 281, 284, 287, 290, 292, 298, 301, 302, 305, 306, 307, 308, 325, 328, 340, 347, 350, 354, 358, 359, 367, 375, 382, 385, 386, 391, 397, 401, 407, 415, 416, 417, 424, 427, 428, 439, 442, 448, 449, 455, 457, 463, 466, 478, 482, 487, 493, 496, 497, 500, 502, 505, 511, 517, 527, 532, 533, 536, 539, 542, 548, 557, 559, 565, 567, 577, 578, 580, 581, 595, 601, 610, 616, 623, 632, 640, 641, 644, 645, 646, 652, 4, 13, 14, 16, 23, 25, 34, 43, 46, 49, 55, 58, 61, 70, 79, 81, 82, 88, 91, 100, 121, 127, 130, 133, 139, 145, 202, 217, 220, 223, 232, 277, 282, 283, 289, 304, 310, 312, 316, 343, 346, 349, 352, 353, 355, 361, 364, 368, 369, 370, 376, 379, 388, 400, 403, 412, 418, 421, 430, 436, 451, 454, 472, 473, 475, 483, 484, 485, 490, 499, 508, 514, 529, 535, 541, 547, 550, 553, 556, 562, 568, 574, 583, 586, 592, 596, 598, 604, 607, 622, 634, 637, 638, 643, 649, 653, 655, 1, 22, 38, 56, 67, 85, 163, 169, 181, 190, 205, 268, 271, 274, 286, 313, 319, 322, 334, 337, 373, 374, 433, 469, 474, 494, 526, 538, 544, 619, 625, 628, 631	273
	Sin	2, 18, 19, 32, 109, 184, 256, 280, 318, 406, 409, 437, 612, 613, 614, 615, 620, 621, 626, 629, 633, 636, 642, 647, 648, 650, 651, 656, 657, 658, , 654, 1, 22, 38, 56, 67, 85, 163, 169, 181, 190, 205, 268, 271, 274, 286, 313, 319, 322, 334, 337, 373, 374, 433, 469, 474, 494, 526, 538, 544, 619, 625, 628, 631	31
Cerambycinae	Pin	5, 10, 13, 17, 23, 24, 28, 29, 32, 33, 38, 39, 55, 59, 64, 68, 73, 74, 81, 92, 97, 101, 103, 106, 109, 112, 115, 118, 124, 136, 142, 143, 154, 157, 160, 163, 166, 170, 171, 175, 187, 193, 196, 197, 206, 211, 212, 226, 229, 235, 244, 247, 250, 253, 259, 262, 263, 266, 281, 284, 287, 294, 305, 311, 312, 331, 340, 347, 350, 354, 358, 362, 367, 368, 369, 374, 382, 385, 386, 394, 397, 401, 406, 407, 416, 427, 428, 438, 442, 445, 448, 456, 460, 463, 466, 467, 468, 477, 480, 491, 492, 497, 500, 503, 505, 506, 507, 511, 519, 521, 523, 533, 536, 539, 545, 548, 557, 571, 577, 578, 581, 589, 592, 595, 596, 601, 605, 610, 613, 617, 624, 635, 642, 647, 650, 653, 654, 659, 7, 14, 16, 19, 25, 31, 50, 52, 56, 61, 70, 79, 94, 127, 130, 133, 145, 169, 178, 199, 202, 208, 214, 217, 232, 241, 256, 278, 282, 286, 290, 292, 293, 295, 298, 301, 302, 304, 310, 319, 322, 325, 337, 352, 353, 355, 364, 370, 376, 379, 388, 391, 403, 409, 412, 415, 418, 430, 436, 451, 454, 469, 472, 476, 485, 486, 493, 494, 499, 502, 514, 517, 520, 526, 530, 532, 542, 544, 565, 574, 583, 598, 607, 638, 639, 641, 656, 1, 4, 22, 34, 40, 43, 46, 49, 58, 67, 76, 82, 85, 88, 91, 121, 139, 172, 181, 184, 190, 200, 205, 220, 223, 238, 265, 268, 271, 274, 277, 280, 283, 289, 307, 313, 316, 328, 334, 343, 346, 349, 359, 361, 373, 400, 421, 424, 433, 439, 457, 473, 474, 475, 478, 482, 483, 484, 487, 490, 496, 508, 518, 529, 535, 538, 541, 547, 550, 553, 556, 559, 562, 568, 580, 586, 604, 620, 623, 626, 629, 632, 644	308
	Si	100, 300, 360, 455, 464, 481, 512, 615	8

Pin: parsimoni olarak bilgi verici, Sin: Singleton, Parsimoni olarak bilgi verici olmayan, N: adet

Tablo B.1. (Devam) Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen dizisi içindeki polimorfik bölgeler

		Polimorfik Baz Pozisyonları	N
Lepturinae	Pin	1, 10, 13, 23, 24, 25, 28, 29, 32, 33, 37, 38, 50, 56, 59, 61, 68, 70, 73, 74, 79, 82, 92, 101, 103, 106, 112, 118, 121, 124, 131, 136, 142, 143, 154, 157, 160, 163, 169, 170, 172, 178, 184, 187, 193, 196, 197, 206, 208, 229, 235, 247, 250, 253, 259, 263, 265, 268, 274, 278, 284, 287, 293, 294, 298, 301, 302, 307, 337, 340, 347, 353, 358, 361, 364, 367, 368, 374, 382, 386, 388, 390, 397, 401, 406, 407, 416, 418, 427, 428, 437, 439, 442, 448, 449, 457, 460, 466, 468, 470, 485, 486, 487, 491, 492, 493, 497, 500, 505, 511, 519, 520, 523, 530, 533, 536, 539, 542, 548, 557, 568, 571, 578, 581, 583, 586, 589, 592, 595, 601, 610, 616, 634, 638, 640, 649, 4, 22, 34, 46, 52, 55, 67, 85, 88, 91, 100, 127, 133, 139, 145, 181, 190, 202, 205, 214, 217, 220, 232, 238, 241, 277, 280, 283, 286, 289, 292, 304, 312, 313, 319, 322, 328, 334, 343, 346, 349, 352, 355, 376, 379, 391, 403, 409, 415, 421, 424, 430, 433, 436, 454, 472, 473, 474, 475, 478, 483, 490, 494, 496, 499, 502, 508, 514, 518, 526, 529, 532, 535, 538, 541, 544, 547, 550, 553, 556, 562, 580, 596, 598, 604, 607, 619, 622, 628, 631, 637, 641, 646, 658, 31, 40, 43, 49, 58, 76, 130, 223, 271, 316, 325, 370, 373, 400, 412, 451, 484, 517, 565, 574, 625, 643	252
	Sin	5, 14, 212, 244, 256, 266, 281, 331, 385, 456, 477, 506, 636, 644, 648, 652, 653, 654, 657, 469	20
Spondylidinae	Pin	4, 5, 7, 10, 13, 28, 32, 50, 52, 55, 58, 59, 61, 67, 70, 74, 80, 88, 91, 97, 101, 103, 109, 112, 121, 127, 136, 143, 145, 163, 181, 184, 187, 202, 205, 206, 212, 217, 223, 229, 232, 235, 247, 259, 262, 263, 265, 271, 274, 277, 278, 281, 284, 286, 287, 289, 292, 293, 301, 302, 303, 304, 307, 312, 313, 325, 328, 334, 337, 347, 349, 352, 353, 355, 364, 373, 379, 385, 388, 401, 403, 407, 412, 415, 421, 424, 433, 436, 448, 451, 457, 469, 473, 474, 478, 485, 490, 491, 492, 493, 500, 502, 511, 514, 517, 523, 526, 529, 536, 538, 539, 541, 542, 544, 548, 556, 557, 559, 565, 571, 578, 580, 589, 595, 607, 616, 634, 637, 640, 641, 646, 649, 652, 653, 655, 22, 487, 85, 346	179
	Sin	24, 29, 64, 76, 142, 154, 166, 193, 197, 226, 319, 361, 374, 439, 454, 496, 518, 520, 547, 568, 592, 604, 621, 628, 1, 25, 31, 40, 46, 49, 56, 79, 81, 82, 100, 130, 169, 214, 220, 238, 280, 283, 316, 322, 343, 370, 376, 391, 400, 472, 475, 483, 484, 499, 508, 550, 553, 562, 574, 586, 619, 620, 622, 625, 631, 643	26

Pin: parsimoni olarak bilgi verici, Sin: Singleton, Parsimoni olarak bilgi verici olmayan, N: adet

Tablo B.2. Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen dizisi içindeki polimorfik bölgeler

		Polimorfik Baz Pozisyonları	N
Laminae, (622bç)	Pin	11, 25, 30, 34, 38, 50, 53, 82, 86, 87, 90, 92, 96, 97, 103, 104, 110, 111, 115, 130, 139, 140, 141, 146, 156, 157, 162, 165, 172, 175, 176, 181, 186, 194, 199, 200, 202, 204, 212, 213, 215, 216, 217, 223, 236, 237, 244, 250, 268, 272, 281, 283, 284, 290, 291, 293, 294, 295, 303, 308, 326, 329, 331, 344, 350, 357, 360, 363, 367, 371, 372, 374, 378, 379, 380, 382, 386, 389, 392, 394, 396, 399, 400, 401, 411, 419, 420, 427, 452, 455, 466, 469, 490, 491, 499, 500, 501, 502, 505, 516, 518, 59, 4, 8, 29, 32, 33, 39, 42, 57, 84, 85, 88, 93, 105, 106, 108, 112, 160, 163, 164, 173, 180, 182, 185, 198, 224, 229, 240, 243, 249, 254, 261, 263, 276, 277, 279, 280, 285, 286, 287, 299, 330, 332, 346, 354, 368, 376, 377, 387, 388, 405, 413, 460, 461, 462, 473, 476, 481, 507, 517, 161, 201, 262, 278, 292	165

Tablo B.2. (Devam) Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen dizisi içindeki polimorfik bölgeler

	Sin	9, 24, 47, 54, 109, 177, 214, 225, 390, 397, 450, 519, 282, 369	14
Cerambycinae, (626, bç)	Pin	5, 6, 10, 13, 25, 28, 36, 40, 49, 50, 56, 57, 58 78, 85, 87, 88, 93, 94, 97, 98, 109, 110, 112, 119, 131, 146, 148, 168, 173, 176, 177, 182, 183, 187, 191, 193, 196, 197, 206, 209, 216, 217, 218, 220, 223, 230, 235, 236, 251, 263, 295, 296, 303, 308, 317, 324, 328, 346, 349, 354, 373, 390, 392, 393, 394, 396, 400, 418, 419, 420, 427, 434, 436, 438, 450, 452, 460, 470, 474, 477, 488, 491, 497, 499, 500, 503, 504, 506, 509, 512, 520, 522, 523, 525, 12, 26, 30, 34, 35, 41, 44, 52, 55, 86, 89, 91, 106, 113, 140, 141, 147, 157, 161, 170, 171, 181, 188, 190, 192, 207, 208, 210, 231, 237, 239, 240, 243, 245, 248, 249, 250, 253, 255, 257, 260, 265, 266, 273, 282, 287, 288, 290, 294, 326, 332, 337, 344, 350, 363, 364, 369, 370, 372, 374, 375, 376, 377, 378, 379, 387, 389, 399, 401, 405, 411, 413, 462, 463, 489, 510, 513, 516, 31, 32, 51, 53, 83, 142, 158, 159, 160, 169, 172, 178, 195, 219, 241, 242, 244, 246, 247, 252, 254, 256, 261, 264, 267, 270, 271, 272, 274, 275, 279, 280, 281, 286, 289, 291, 292, 293, 298, 329, 330, 331, 368, 388, 481, 483, 484, 498, 505, 515, 521	224
	Sin	27, 68, 69, 100, 111, 162, 199, 232, 262, 325, 341, 355, 365 402, 403, 422, 455, 467, 511, 519	20
Lepturinae(567 bç)	Pin	1, 16, 38, 39, 51, 59, 60, 61, 63, 69, 76, 77, 81, 82, 115, 117, 119, 120, 124, 139, 180, 183, 184, 197, 199, 203, 207, 208, 214, 217, 221, 234, 235, 236, 245, 246, 257, 266, 267, 273, 275, 276, 282, 284, 292, 300, 313, 314, 316, 317, 321, 352, 353, 356, 376, 382, 392, 401, 405, 410, 422, 434, 443, 455, 478, 485, 489, 495, 503, 506, 511, 513, 519, 520, 525, 536, 537, 539, 540, 543, 545, 557, 562, 563, 566, 571, 2, 55, 57, 114, 136, 172, 173, 179, 181, 182, 195, 196, 198, 204, 215, 216, 218, 222, 233, 237, 258, 265, 268, 269, 270, 271, 277, 280, 290, 301, 302, 303, 304, 305, 308, 309, 310, 311, 312, 330, 351, 354, 385, 390, 395, 400, 411, 412, 417, 428, 496, 499, 505, 533, 535, 123, 315, 391, 398, 572	146
	Sin	3, 9, 14, 58, 109, 130, 153, 154, 165, 167, 174, 212, 223, 226, 274, 357, 359, 366, 368, 372, 397, 406, 408, 419, 421, 441, 442, 450, 463, 473, 484, 510, 529, 556, 112, 264, 283, 288, 396	39
Spondyliidinae (560bç),	Pin	9, 12, 48, 50, 52, 55, 57, 58, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 69, 74, 76, 78, 108, 114, 115, 118, 162, 165, 192, 204, 209, 210, 213, 228, 229, 230, 231, 232, 256, 258, 259, 262, 264, 272, 296, 299, 302, 303, 304, 306, 309, 310, 401, 402, 408, 414, 427, 434, 472, 474, 495, 510, 511, 512, 513, 516, 520, 525, 526, 531, 548 , 552, 553, 555, 556, 557, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 59, 112, 127, 128, 178, 313, 386, 554, 558, 559	92
	Sin	10, 13, 14, 51, 119, 161, 169, 193, 212, 270, 271, 275, 280, 281, 286, 294, 297, 301, 305, 307, 343, 344, 360, 374, 377, 383, 388, 391, 393, 432, 433, 441, 493, 497, 527, 413, 419	37

Pin: parsimoni olarak bilgi verici, Sin: Singleton, Parsimoni olarak bilgi verici olmayan, N: adet

Tablo B.3. Kocaeli'nden toplanan örneklerin nükleer 28S rRNA geni D1-D2 bölgesi dizisi içindeki polimorfik bölgeler

Polimorfik Baz Pozisyonları		N
Laminae (1051 bç)	3, 7, 13, 22, 23, 33, 37, 70, 75, 80, 81, 88, 89, 112, 146, 152, 153, 156, 157, 354, 361, 380, 384, 385, 387, 391, 392, 394, 397, 398, 402, 407, 412, 413, 416, 421, 423, 424, 434, 440, 441, 442, 446, 448, 449, 451, 452, 454, 457, 464, 465, 468, 470, 471, 494, 505, 506, 512, 518, 525, 534, 537, 540, 545, 548, 549, 550, 551, 557, 558, 559, 563, 564, 567, 571, 572, 574, 575, 578, 589, 590, 591, 593, 594, 598, 600, 601, 604, 608, 613, 615, 624, 634, 641, 642, 643, 644, 650, 651, 652, 654, 659, 672, 675, 684, 687, 688, 691, 695, 696, 700, 703, 705, 706, 707, 709, 711, 714, 717, 728, 733, 737, 743, 744, 751, 754, 773, 774, 860, 888, 891, 894, 897, 900, 903, 904, 913, 918, 920, 930, 931, 937, 938, 939, 947, 948, 954, 959, 961, 968, 983, 990, 991, 992, 993, 998, 2, 211, 386, 395, 396, 399, 401, 405, 417, 418, 433, 445, 450, 455, 456, 463, 533, 536, 553, 554, 562, 570, 576, 584, 586, 592, 633, 646, 671, 676, 679, 681, 712, 922, 923, 940, 941, 942, 958, 85, 155, 422, 462, 640, 645, 674, 955	203
Cerambycinae (1094 bç)	1, 2, 4, 5, 6, 7, 21, 66, 71, 72, 73, 82, 85, 86, 91, 104, 148, 151, 158, 159, 161, 164, 165, 171, 213, 313, 363, 382, 386, 388, 390, 394, 401, 402, 404, 405, 406, 410, 417, 420, 422, 424, 427, 428, 429, 432, 436, 440, 441, 442, 444, 446, 448, 453, 456, 458, 492, 502, 503, 504, 518, 521, 522, 523, 524, 525, 528, 531, 537, 542, 543, 544, 545, 557, 562, 566, 572, 573, 574, 580, 581, 584, 588, 590, 620, 639, 640, 641, 651, 654, 656, 657, 680, 683, 686, 687, 689, 690, 696, 697, 704, 708, 716, 717, 728, 729, 730, 732, 735, 737, 749, 757, 760, 783, 784, 800, 862, 866, 872, 880, 881, 882, 909, 928, 930, 939, 940, 941, 943, 945, 968, 969, 971, 972, 981, 983, 986, 988, 989, 1027, 1091, 3, 34, 380, 397, 400, 408, 419, 445, 447, 464, 533, 538, 541, 546, 558, 563, 576, 664, 706, 713, 733, 782, 898, 946, 947, 974, 577, 679, 781	170
Lepturinae (1060 bç)	51, 89, 98, 101, 102, 103, 107, 164, 171, 173, 229, 402, 407, 413, 414, 418, 425, 432, 437, 438, 460, 461, 462, 470, 471, 509, 521, 535, 536, 538, 546, 550, 552, 553, 555, 556, 559, 562, 567, 569, 570, 572, 573, 574, 583, 584, 585, 642, 659, 669, 672, 677, 681, 684, 685, 686, 697, 709, 715, 731, 733, 754, 755, 756, 760, 859, 862, 876, 893, 895, 898, 901, 919, 923, 925, 926, 930, 937, 939, 946, 951, 960, 962, 964, 965, 966, 975, 981, 1014, 1023, 1028, 1043, 1048, 1050, 1051, 1053, 1054, 1055, 1056, 1057404, 439, 566, 568, 624, 641, 734, 736, 903, 924, 932, 933, 945, 947, 1052	115
Spondylidinae (1051 bç)	2, 9, 15, 16, 17, 32, 58, 70, 71, 99, 103, 115, 116, 137, 178, 399, 407, 408, 414, 417, 418, 426, 437, 438, 439, 445, 449, 461, 463, 464, 472, 534, 555, 563, 569, 575, 590, 674, 677, 680, 690, 748, 832, 848, 881, 886, 890, 959, 1048, 1049, 1051, 102, 571, 586	54

Pin: parsimoni olarak bilgi verici, Sin: Singleton, Parsimoni olarak bilgi verici olmayan, N: adet

Tablo B.4. Kocaeli haplotipleri ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen dizilerin mitokondriyal COI gen dizisi içindeki polimorfik bölgeler

Polimorfik Baz Pozisyonları		N	
<i>Leiopus spp.</i>	Pin	7, 10, 16, 25, 29, 31, 35, 37, 38, 43, 47, 49, 58, 59, 65, 68, 70, 85, 97, 98, 100, 106, 115, 118, 121, 122, 124, 139, 166, 169, 175, 181, 184, 190, 191, 196, 199, 202, 208, 211, 226, 238, 244, 245, 253, 256, 257, 259, 263, 274, 280, 281, 286, 301, 304, 310, 319, 325, 326, 331, 334, 340, 343, 346, 349, 355, 358, 361, 367, 370, 376, 380, 385, 386, 395, 396, 400, 407, 409, 415, 418, 433, 436, 448, 453, 454, 469, 472, 478, 490, 493, 505, 508, 512, 515, 517, 527, 532, 547, 550, 553, 559, 560, 562, 568, 571, 604, 613, 617, 619, 620, 622, 625, 628, 632, 637, 4, 46, 61, 67, 79, 112, 148, 160, 163, 176, 193, 247, 250, 265, 283, 292, 316, 328, 379, 382, 391, 394, 397, 430, 463, 481, 520, 535, 541, 607, 610, 28, 64, 142, 295, 298, 322, 352, 544, 598, 601	158
	Sin	13, 22, 151, 220, 266, 291, 297, 337, 388, 403, 412, 424, 427, 429, 451, 475, 518, 521, 526, 529, 574, 580, 631	23
<i>Hylotropes bajulus</i>	Pin	5, 22, 82, 175, 206, 226, 287, 298, 328, 334, 337, 364, 466, 475, 523, 619, 631, 40, 79, 85, 238, 325, 379, 493, 643	26
	Sin	1, 7, 23, 28, 31, 49, 64, 67, 94, 106, 112, 118, 127, 130, 33, 136, 142, 169, 181, 190, 197, 202, 205, 212, 217, 220, 223, 229, 232, 235, 256, 262, 271, 277, 278, 282, 283, 290, 292, 293, 302, 304, 313, 316, 322, 340, 343, 346, 349, 350, 352, 353, 358, 374, 385, 388, 391, 394, 397, 409, 415, 416, 418, 421, 427, 433, 439, 457, 464, 472, 474, 478, 482, 484, 486, 487, 492, 499, 500, 508, 511, 514, 520, 535, 538, 539, 541, 544, 547, 550, 553, 556, 557, 559, 565, 571, 574, 586, 601, 604, 607, 634, 637, 640, 641, 646, 652, 653, 658	108
<i>Phymatodes testaceus</i>	Pin	20, 89, 158, 266, 299, 455, 536, 617	8
	Sin	2, 5, 36, 245, 248, 329, 452, 485, 560, 581, 596	11
<i>Arhopalus spp.</i>	Pin	5, 7, 10, 13, 22, 28, 29, 43, 50, 52, 55, 56, 59, 61, 67, 70, 74, 76, 81, 92, 103, 106, 109, 127, 130, 133, 136, 145, 157, 163, 166, 178, 184, 187, 193, 206, 208, 212, 217, 226, 229, 235, 238, 247, 262, 268, 271, 277, 278, 283, 284, 286, 287, 289, 304, 307, 312, 322, 325, 334, 337, 340, 347, 353, 364, 370, 373, 376, 388, 401, 403, 407, 412, 424, 448, 457, 463, 466, 485, 490, 493, 496, 499, 500, 502, 505, 511, 517, 518, 520, 523, 526, 529, 539, 541, 544, 548, 557, 559, 565, 571, 578, 580, 589, 592, 616, 620, 625, 634, 640, 641, 646, 653, 655 1, 25, 31, 49, 58, 181, 202, 214, 223, 274, 280, 316, 319, 328, 343, 349, 352, 355, 361, 421, 433, 451, 472, 474, 478, 542, 547, 550, 553, 556, 562, 574, 586, 619, 622, 628, 631, 637, 643, 4, 40, 79, 82, 85, 100, 169, 205, 220, 313, 346, 391, 400, 469, 475, 484	169
	Sin	16, 17, 37, 101, 124, 143, 160, 172, 232, 241, 253, 259, 359, 379, 409, 436, 495, 514, 527, 536, 538, 583, 596, 609, 652, 482, 508	27

Pin: parsimoni olarak bilgi verici, Sin: Singleton, Parsimoni olarak bilgi verici olmayan, N: adet

EK-C

Tablo C.1. Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
LAAA49	37,78	16,39	31,26	14,57
LAAA52	37,78	16,39	31,26	14,57
LAAL34	38,85	16,54	27,31	17,30
LAAC361	33,54	19,58	29,89	17,00
LAAG44	36,72	16,84	31,26	15,17
LAAG68	36,42	17,15	31,41	15,02
LAAG69	36,57	17,00	31,26	15,17
LAAG345	36,57	17,00	30,96	15,48
LAAG346	36,57	17,00	30,96	15,48
LAAG347	36,42	17,15	31,26	15,17
LAAG354	36,72	16,84	31,26	15,17
LAAG358	36,72	16,84	31,26	15,17
LAAA30	39,15	16,39	28,53	15,93
LAAL35	39,00	16,39	27,16	17,45
LAAL364	39,00	16,39	27,16	17,45
LAAS36	37,48	16,84	29,29	16,39
LAAS37	37,48	16,84	29,29	16,39
LAAS46	37,48	16,84	29,29	16,39
LAAS343	37,48	16,84	29,29	16,39
LAAF31	39,15	17,45	27,31	16,08
LAEL366	38,39	17,15	29,44	15,02
LAEL29	38,24	17,30	29,44	15,02
LALL325	38,39	16,54	29,14	15,93
LALL326	38,39	16,54	29,14	15,93
LALL51	38,09	17,00	28,68	16,24
LALN311	38,39	16,69	28,53	16,39
LALL312	38,39	16,54	29,14	15,93
LALL313	38,24	16,84	28,53	16,39
LALL54	38,24	16,84	28,53	16,39
LLMO303	34,14	18,97	29,29	17,60
LLMO304	33,99	19,12	29,29	17,60
LLMO306	34,14	18,97	29,29	17,60
LLMO307	34,14	18,97	29,44	17,45
LLMO308	34,14	18,97	29,29	17,60

Tablo C.1. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
LMMG42	38,15	15,05	31,16	15,65
LMMG43	37,78	15,33	31,11	15,78
LMMG45	37,78	15,33	31,11	15,78
LMMG286	37,48	16,08	30,96	15,48
LMMG287	38,09	15,17	31,11	15,63
LMMG295	38,09	15,17	31,11	15,63
LMMG298	37,78	15,48	31,26	15,48
LMMO362	39,61	14,11	30,96	15,33
LMMO32	39,61	14,11	30,96	15,33
LPPP14	37,63	18,82	28,22	15,33
LPPP53	37,63	18,82	28,38	15,17
LPPP359	37,63	18,82	28,38	15,17
LPPP360	37,63	18,82	28,22	15,33
LPPP365	37,78	16,39	30,65	15,17
LSPP28	37,18	16,69	30,35	15,78
LSSO39	35,81	19,27	29,44	15,48
Ortalama	37,36	16,97	29,74	15,93

Tablo C.2. Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
CSSK187	29,33	22,34	29,18	19,15
CSSK184	29,33	22,34	29,18	19,15
CSSK186	29,33	22,34	29,18	19,15
CCXA155	32,98	20,36	29,79	16,87
CCXA153	32,67	20,52	30,09	16,72
CSSR191	30,09	20,97	29,94	19,00
CSSR189	30,09	20,97	29,94	19,00
CSSR190	30,09	20,97	29,94	19,00
CCCS90	32,83	22,19	29,03	15,96
CCCD93	30,09	22,34	32,07	15,50
CCCD99	30,09	22,34	32,07	15,50
CCCD71	29,94	22,34	32,22	15,50
CCCC95	30,70	22,19	31,00	16,11
CCCC96	30,85	22,04	30,85	16,26
CCCC94	30,40	22,49	30,85	16,26

Tablo C.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
CCPS110	32,37	22,19	28,72	16,72
CCPS420	32,37	22,19	28,72	16,72
CCPS108	32,37	22,19	28,72	16,72
CCPS421	32,37	22,19	28,72	16,72
CHTP193	32,98	17,48	32,83	16,72
CHTP194	32,98	17,48	32,83	16,72
CHTF84	32,98	18,54	32,83	15,65
CHTF197	32,83	18,69	32,83	15,65
CHTF87	32,83	18,69	32,83	15,65
CHTF427	32,83	18,69	32,83	15,65
CHTF419	32,83	18,69	32,83	15,65
CGPF100	28,42	24,16	29,33	18,09
CCPD423	33,43	20,36	29,33	16,87
CCPD66	33,13	20,67	29,18	17,02
CCPD170	33,08	20,64	28,98	17,30
CCCN60	31,76	20,67	29,79	17,78
CCCV59	30,09	20,36	32,52	17,02
CCCV141	30,24	20,36	32,37	17,02
CCCV145	30,09	20,36	32,67	16,87
CCCV142	30,09	20,36	32,52	17,02
CCPB61	36,63	18,39	28,57	16,41
CCPF175	35,71	17,93	30,85	15,50
CCPF179	35,71	17,93	30,85	15,50
CCPF178	35,71	17,93	30,85	15,50
CCPF176	35,71	17,93	30,85	15,50
CHHB107	34,80	18,24	29,48	17,48
CHHB2	35,41	18,39	29,79	16,41
CHHB3	34,80	18,24	29,79	17,17
CHHB204	34,80	18,24	29,48	17,48
CCRC79	33,28	20,36	29,64	16,72
CCRC82	35,41	18,69	29,64	16,26
CCRC81	35,41	18,69	29,64	16,26
CCRC80	35,41	18,69	29,64	16,26
CCIS438	34,95	17,78	32,07	15,20
CCIS65	34,95	17,78	32,07	15,20
CCIS437	34,95	17,78	32,07	15,20
CCIS182	34,95	17,78	32,07	15,20

Tablo C.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
CCCS64	33,89	17,48	32,83	15,81
CCCS62	33,89	17,48	32,83	15,81
CCCS147	33,89	17,48	32,98	15,65
CCCS148	33,89	17,48	32,98	15,65
CCCS146	33,89	17,48	32,98	15,65
CPCS370	34,19	21,28	26,29	18,24
CCRA207	36,17	17,48	30,09	16,26
CCRA77	36,17	17,48	30,09	16,26
CCRA78	36,17	17,48	30,09	16,26
CCCS98	32,52	22,64	29,48	15,35
CCCS89	33,28	21,73	29,03	15,96
CCCS91	32,83	22,19	28,88	16,11
CSLF38	31,61	19,15	31,31	17,93
CPPB128	32,67	20,97	29,03	17,33
CPPB72	32,52	20,97	29,33	17,17
CPPB16	32,52	20,97	29,18	17,33
CCPF113	33,13	20,97	30,09	15,81
CCPF116	33,13	20,97	30,09	15,81
CCPF117	33,13	20,97	30,09	15,81
CCPF115	33,13	20,97	29,94	15,96
CCPF114	33,13	20,97	30,09	15,81
CCPT9	33,28	20,36	30,09	16,26
CCPT8	33,13	20,52	30,09	16,26
CCPT10	33,13	20,52	30,09	16,26
CCPT122	33,13	20,52	30,09	16,26
CCPT17	33,13	20,52	30,09	16,26
CHSA199	32,52	20,52	31,16	15,81
CHSA201	32,67	20,36	31,31	15,65
CHSA198	32,52	20,52	31,31	15,65
CAAM203	31,91	19,91	31,76	16,41
CAAM202	31,91	19,91	32,22	15,96
CCCA137	32,22	19,91	30,85	17,02
CCCA56	32,37	19,76	30,85	17,02
CCCA138	32,07	20,06	30,85	17,02
CCCA428	32,22	19,91	30,85	17,02
CCCA134	32,22	19,91	30,85	17,02

Tablo C.2. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
CCCA429	32,22	19,91	30,85	17,02
CCCA136	32,22	19,91	30,85	17,02
CCXS165	33,74	20,06	29,64	16,57
CCXS167	33,89	19,91	29,94	16,26
CCXS164	33,74	20,06	29,64	16,57
CCXS166	33,74	20,06	29,64	16,57
CCXA156	32,83	20,36	29,94	16,87
CCXA154	32,67	20,52	30,09	16,72
CCXA152	32,67	20,52	30,24	16,57
CCCR131	31,00	20,82	31,46	16,72
CCCR63	31,00	20,82	31,46	16,72
CCCR132	31,16	20,67	31,31	16,87
CCCR133	31,16	20,67	31,46	16,72
CCXV425	34,19	19,60	30,85	15,35
CCXV163	34,35	19,15	30,40	16,11
CCXV430	34,35	19,15	30,40	16,11
CCXR159	33,38	20,33	30,35	15,93
CCXR161	33,74	19,76	30,24	16,26
CCXR160	33,59	19,76	30,24	16,41
CCXR158	33,59	20,06	30,40	15,96
CCXR157	33,43	20,21	30,40	15,96
Ortalama	32,88	20,02	30,59	16,50

Tablo C.3. Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
LLPE267	37,69	17,78	28,57	15,96
LLPE263	37,69	17,78	28,57	15,96
LLSM257	37,84	18,84	26,90	16,41
L LSB249	37,99	17,93	27,05	17,02
L LSB253	37,84	17,93	26,60	17,63
L LSB247	37,99	17,78	27,05	17,17
L RCF260	35,41	17,93	29,94	16,72
L RCF261	35,41	17,93	29,94	16,72
LLSS86	37,08	17,63	27,66	17,63
LLSS210	36,78	17,93	27,66	17,63

Tablo C.3. (Devam) Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
LLSS262	36,78	17,93	27,66	17,63
LLAD232	36,63	17,02	29,03	17,33
LLAD231	36,32	17,33	29,18	17,17
LLAD233	36,47	17,17	29,18	17,17
LLSC244	35,92	17,66	28,31	18,11
LLSC83	37,08	18,09	27,51	17,33
LLSC240	37,23	17,93	27,51	17,33
LLSF219	38,91	16,26	28,12	16,72
LLSF222	38,91	16,26	28,12	16,72
LSSF216	38,91	16,41	28,42	16,26
LSSF217	38,91	16,41	28,57	16,11
LRRB73	39,21	16,26	28,72	15,81
LRRI76	38,75	16,57	28,88	15,81
LRRI228	38,75	16,57	29,03	15,65
LRRM75	39,67	15,35	29,48	15,50
LRRF74	37,99	17,02	28,42	16,57
LRRF283	37,99	17,02	28,42	16,57
LLLA282	39,51	14,13	30,09	16,26
LLSPA272	38,30	17,93	27,36	16,41
LLSPA274	38,45	17,78	27,36	16,41
LLSPA271	38,45	17,78	27,05	16,72
LLSPA273	38,45	17,78	27,20	16,57
LLRM224	37,69	17,48	27,96	16,87
LLRM225	38,15	16,87	27,05	17,93
Ortalama	37,80	17,25	28,19	16,76

Tablo C.4. Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
SSSB379	37,39	17,02	29,64	15,96
SSSB381	37,39	17,02	29,64	15,96
SSSB22	37,39	17,02	29,64	15,96
SSSB21	37,39	17,02	29,64	15,96
SSSB382	37,39	17,02	29,79	15,81
SSSB24	37,39	16,87	29,79	15,96
SSSB25	37,39	17,02	29,64	15,96

Tablo C.4. (Devam) Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal COI (658 bç) gen bölgesinin nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)
SSSB23	37,23	17,02	29,64	16,11
SAAR390	35,87	17,17	28,42	18,54
SAAS394	35,87	17,33	28,57	18,24
SAAR417	36,02	17,02	28,42	18,54
SAAR399	35,56	17,48	28,27	18,69
SAAR402	35,87	17,17	28,88	18,09
SAAR408	35,87	17,17	28,42	18,54
SAAR405	35,56	17,48	28,57	18,39
SAAR414	36,02	17,02	28,72	18,24
SAAR411	35,87	17,17	28,57	18,39
SAAR396	35,71	17,33	28,57	18,39
SAAR395	35,71	17,33	28,57	18,39
SAAR413	35,56	17,48	28,57	18,39
SAAR410	35,87	17,17	28,57	18,39
SAAR404	35,87	17,17	28,57	18,39
SAAR415	35,87	17,17	28,57	18,39
SAAR387	35,87	17,17	28,42	18,54
SAAR409	35,87	17,17	28,27	18,69
SAAR406	35,87	17,17	28,72	18,24
SAAR398	35,87	17,17	28,57	18,39
SAAS393	35,87	17,17	28,57	18,39
SAAR387	35,87	17,17	28,42	18,54
SAAT378	39,06	15,96	29,33	15,65
SAAS401	38,45	15,81	28,42	17,33
SAAF389	39,51	15,05	28,27	17,17
SAAF400	39,51	15,05	28,27	17,17
Ortalama	36,60	16,96	28,82	17,63

Tablo C.5. Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LPPP360	33,60	18,40	39,60	8,40	500
LPPP53	33,60	18,40	39,60	8,40	500
LPPP359	33,60	18,40	39,60	8,40	500
LPPP14	33,60	18,40	39,60	8,40	500
LPPP28	36,31	16,27	38,89	8,53	504

Tablo C.5. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LPPP365	36,93	15,17	39,32	8,58	501
LPPP367	36,18	14,91	39,96	8,95	503
LAAC33	34,52	15,98	40,83	8,68	507
LAAC361	34,52	15,98	40,83	8,68	507
LALL326	34,33	14,88	42,06	8,73	504
LALL50	34,13	14,88	42,26	8,73	504
LALL51	34,26	14,94	42,03	8,76	502
LALN311	34,19	14,91	42,15	8,75	503
LALL312	34,33	14,88	42,06	8,73	504
LALL313	34,19	14,91	42,15	8,75	503
LALL54	34,19	14,91	42,15	8,75	503
LAEL366	35,25	16,24	39,80	8,71	505
LAEL29	35,25	16,24	39,80	8,71	505
LSSO39	34,39	18,49	38,77	8,35	503
LAAF31	34,65	18,22	38,22	8,91	505
LAAS37	35,06	17,33	38,45	9,16	502
LAAS343	35,06	17,33	38,45	9,16	502
LAAS46	35,06	17,33	38,45	9,16	502
LAAS36	35,06	17,33	38,45	9,16	502
LAAA30	35,19	17,50	38,57	8,75	503
LAAL34	34,86	16,33	39,64	9,16	502
LAAL364	34,79	16,30	39,76	9,15	503
LAAL35	34,79	16,30	39,76	9,15	503
LAAA52	36,07	14,43	41,28	8,22	499
LAAG44	36,14	15,46	40,56	7,83	498
LAAG69	36,14	15,46	40,36	8,03	498
LAAG354	36,14	15,46	40,36	8,03	498
LAAG346	36,14	15,46	40,36	8,03	498
LAAG347	36,14	15,46	40,36	8,03	498
LAAG345	36,14	15,46	40,36	8,03	498
LMMO32	34,53	16,37	40,32	8,78	501
LMMO362	34,53	16,37	40,32	8,78	501
LMMG286	34,92	16,47	38,89	9,72	504
LMMG45	35,12	16,47	39,48	8,93	504
LMMG43	35,19	16,30	39,36	9,15	503
LMMG290	35,12	16,47	39,48	8,93	504

Tablo C.5. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LMMG298	35,12	16,47	39,48	8,93	504
LLMO303	33,07	17,03	40,00	9,90	505
LLMO306	33,07	17,03	40,00	9,90	505
LLMO307	33,07	17,03	40,00	9,90	505
LLMO304	33,07	17,03	40,00	9,90	505
LLMO310	33,07	17,03	40,00	9,90	505
LLMO308	33,07	17,03	40,00	9,90	505
Ortalama	34,71	16,38	40,03	8,87	502,45

Tablo C.6. Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
CSSK186	28,85	21,34	37,75	12,06	506
CSSK184	28,85	21,34	37,75	12,06	506
CSSK187	28,85	21,34	37,75	12,06	506
CSLF38	30,26	20,24	38,51	11,00	509
CSSR191	29,13	20,87	38,19	11,81	508
CSSR189	29,13	20,87	38,19	11,81	508
CSSR190	29,13	20,87	38,19	11,81	508
CCCC94	27,79	22,11	37,38	12,72	511
CCCD97	27,98	21,92	37,18	12,92	511
CCCC95	27,79	22,11	37,57	12,52	511
CCCC96	27,98	22,11	37,38	12,52	511
CCCC93	30,53	19,37	38,36	11,74	511
CCCH99	30,53	19,37	38,36	11,74	511
CCCD71	30,53	19,37	38,36	11,74	511
CCCD98	30,45	20,04	37,72	11,79	509
CCCS90	30,45	20,43	37,52	11,59	509
CCCS89	30,45	20,43	37,52	11,59	509
CCCS91	30,45	20,43	37,52	11,59	509
CHTF87	31,50	17,72	40,75	10,04	508
CHTP193	32,74	17,36	39,25	10,65	507
CHTP194	32,74	17,36	39,25	10,65	507
CCCN60	31,42	19,37	39,53	9,68	506
CCCV145	30,10	19,60	39,41	10,89	505

Tablo C.6. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
CCCV143	30,10	19,60	39,41	10,89	505
CCCV141	30,10	19,60	39,41	10,89	505
CCCV59	30,10	19,60	39,41	10,89	505
CCCV142	30,10	19,60	39,41	10,89	505
CCPD66	32,54	18,34	39,45	9,66	507
CCPD423	32,54	18,34	39,45	9,66	507
CCPB61	34,91	16,77	38,66	9,66	507
CCPF178	35,24	16,14	39,57	9,06	508
CCPF176	35,31	16,17	39,45	9,07	507
CCPF175	35,31	16,17	39,45	9,07	507
CCCR131	32,74	17,55	40,83	8,88	507
CCCR133	33,00	17,39	40,51	9,09	506
CCCA137	32,21	17,00	40,32	10,47	506
CCCA136	32,02	17,00	41,30	9,68	506
CCCA56	31,95	16,96	41,22	9,86	507
CCXA154	32,48	18,22	39,41	9,90	505
CCXA156	32,67	18,02	39,41	9,90	505
CCXA155	32,67	18,02	39,41	9,90	505
CCXV425	33,46	17,72	38,19	10,63	508
CCXS165	32,68	17,72	39,17	10,43	508
CCXS164	32,68	17,72	39,57	10,04	508
CCXS167	32,61	17,88	39,49	10,02	509
CCXS166	32,68	17,72	39,17	10,43	508
CCIS182	34,84	16,54	39,17	9,45	508
CCXR158	32,87	17,82	38,81	10,50	505
CCIS65	34,84	16,54	39,17	9,45	508
CHHB204	33,66	17,13	40,16	9,06	508
CHHB3	33,66	17,13	40,16	9,06	508
CHHB2	33,46	17,13	40,35	9,06	508
CHHB107	33,66	17,13	40,16	9,06	508
CCPS108	32,14	19,44	38,10	10,32	504
CCPS420	32,14	19,44	38,10	10,32	504
CCPS110	32,14	19,44	38,10	10,32	504
CCPS421	32,14	19,44	38,10	10,32	504
CCPT10	32,41	18,29	38,77	10,54	503
CCPT8	32,41	18,29	38,77	10,54	503

Tablo C.6. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16SrRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
CCPT9	32,41	18,29	38,77	10,54	503
CCPT17	32,41	18,29	38,77	10,54	503
CCPF114	31,61	18,69	39,17	10,54	503
CCPF113	31,81	18,49	39,36	10,34	503
CCPF116	31,81	18,49	39,17	10,54	503
CCPF115	31,81	18,49	39,36	10,34	503
CCPF117	31,61	18,69	39,17	10,54	503
CPCS370	33,93	16,77	39,45	9,86	507
CPPB128	33,20	18,18	38,14	10,47	506
CPPB16	33,20	18,18	38,34	10,28	506
CPPB72	33,20	18,18	38,14	10,47	506
CGPF100	28,60	19,53	41,22	10,65	507
CHSA201	32,35	17,45	41,18	9,02	510
CHSA198	32,42	17,49	40,86	9,23	509
CHSA199	32,28	17,72	40,75	9,25	508
CCRC81	34,52	16,17	40,04	9,27	507
CCCS62	33,66	17,32	39,37	9,65	508
CCCS64	33,66	17,32	39,37	9,65	508
CCCS147	33,66	17,52	39,17	9,65	508
CCCS146	33,66	17,52	39,17	9,65	508
CAAM203	30,33	18,00	42,07	9,59	511
CAAM202	30,33	18,00	42,07	9,59	511
CCRA77	33,47	16,63	40,20	9,70	505
CCRA78	33,47	16,63	40,20	9,70	505
CCRA207	33,47	16,63	40,20	9,70	505
CAAM1	37,57	15,07	38,75	8,61	511
Ortalama	31,98	18,46	39,19	10,37	506,94

Tablo C.7. Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LLPE268	33,88	18,48	37,68	9,96	552
LLSM257	34,83	16,16	39,68	9,34	557
LLSB249	34,35	15,83	39,39	10,43	556
LLSB247	34,11	15,98	39,86	10,05	557
LLSB246	34,17	16,01	39,75	10,07	556

Tablo C.7. Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LLSB253	34,65	15,62	39,86	9,87	557
LRRB73	34,59	15,50	39,64	10,27	555
LRRI76	34,30	16,06	38,63	11,01	554
LRRI226	34,72	16,09	39,06	10,13	553
LRRI228	34,66	16,06	38,81	10,47	554
LRRM75	34,89	15,83	39,57	9,71	556
LRRF283	35,32	16,22	38,74	9,73	555
LRRF74	35,32	16,22	38,56	9,91	555
LLSPA272	36,09	17,24	36,45	10,23	557
LLSPA271	36,22	15,50	38,56	9,73	555
LLLA282	36,80	15,26	38,24	9,69	557
LLAD232	35,55	16,52	37,88	10,05	557
LLAD233	35,55	16,52	38,06	9,87	557
LLAD231	35,66	16,31	38,17	9,86	558
LLSS262	35,14	16,04	38,92	9,91	555
LLSS211	35,13	15,59	39,07	10,22	558
LLSS210	35,37	15,44	38,96	10,23	557
LLSS86	35,43	15,65	38,67	10,25	556
LLSF222	33,99	15,47	40,65	9,89	556
LLSF219	33,75	15,44	40,75	10,05	557
LLSC83	36,10	15,70	38,45	9,75	554
LLSC244	36,22	15,32	38,56	9,91	555
LLSC240	36,23	15,58	38,41	9,78	552
LRCF261	35,03	16,52	38,66	9,80	551
LRCF260	35,09	16,55	38,55	9,82	550
Ortalama	35,10	16,02	38,87	10,00	555,3

Tablo C.8. Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
SSSB24	34,05	15,14	40,90	9,91	555
SSSB379	34,05	15,14	41,26	9,55	555
SSSB382	34,05	15,14	41,08	9,73	555
SSSB23	33,87	15,14	41,44	9,55	555
SSSB25	33,87	15,14	41,44	9,55	555
SSSB21	33,69	14,95	41,62	9,73	555

Tablo C.8. (Devam) Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin mitokondriyal 16S rRNA gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
SSSB22	33,87	14,95	41,44	9,73	555
SAAT378	35,44	15,55	39,42	9,58	553
SAAF389	36,27	14,18	39,68	9,87	557
SAAR398	36,04	14,41	39,82	9,73	555
SAAR387	36,04	14,59	39,64	9,73	555
SAAR405	35,86	14,59	39,64	9,91	555
SAAR404	36,22	14,77	39,28	9,73	555
SAAS393	36,28	14,80	39,17	9,75	554
SAAR409	35,86	14,95	38,92	10,27	555
SAAR411	36,22	14,05	39,64	10,09	555
SAAR402	35,86	14,59	39,64	9,91	555
SAAR410	35,86	14,77	39,46	9,91	555
SAAR395	35,68	14,95	39,64	9,73	555
SAAR415	35,86	14,77	39,64	9,73	555
SAAR406	35,86	14,77	39,64	9,73	555
SAAR396	35,68	14,95	39,64	9,73	555
SAAR414	35,74	14,80	39,71	9,75	554
Ortalama	35,31	14,83	40,08	9,78	554,9

Tablo C.9. Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LAEL366	20,60	26,17	22,19	31,04	1005
LAEL29	20,60	26,17	22,19	31,04	1005
LAAF31	20,02	27,05	21,19	31,74	1024
LAAL34	18,67	28,45	19,94	32,94	1023
LAAA30	18,71	28,46	19,88	32,94	1026
LAAL364	18,65	28,52	19,92	32,91	1024
LAAL35	18,65	28,52	19,92	32,91	1024
LAAS46	19,32	27,61	20,98	32,10	1025
LAAS343	19,32	27,61	20,98	32,10	1025
LAAS36	19,32	27,61	20,98	32,10	1025
LSSO344	18,53	28,19	20,82	32,47	1004
LSSO39	18,53	28,19	20,82	32,47	1004
LAAA52	19,86	27,61	20,36	32,17	1007
LAAG68	20,16	27,31	20,46	32,08	1007
LAAG44	20,16	27,31	20,46	32,08	1007
LAAG347	20,16	27,31	20,46	32,08	1007

Tablo C.9. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LAAG354	20,16	27,31	20,46	32,08	1007
LAAG345	20,16	27,31	20,46	32,08	1007
LAAG358	20,16	27,31	20,46	32,08	1007
LAAG69	20,16	27,31	20,46	32,08	1007
LAAG346	20,16	27,31	20,46	32,08	1007
LPPP28	18,71	28,11	21,25	31,93	1021
LPPP367	18,79	28,18	20,74	32,29	1022
LPPP365	18,81	27,91	21,06	32,22	1021
LPPP359	19,54	27,08	21,03	32,34	1008
LPPP53	19,56	27,31	21,05	32,08	1007
LPPP14	19,56	27,31	21,05	32,08	1007
LPPP360	19,56	27,31	21,05	32,08	1007
LMMG287	19,76	27,31	20,95	31,98	1007
LMMG42	19,76	27,31	20,95	31,98	1007
LMMG45	19,76	27,31	20,95	31,98	1007
LMMG286	19,76	27,31	20,95	31,98	1007
LLMO307	18,81	28,06	20,60	32,54	1005
LLMO304	18,82	27,99	20,62	32,57	1004
LLMO306	18,82	27,99	20,62	32,57	1004
LLMO310	18,82	27,99	20,62	32,57	1004
LMMO362	19,00	27,90	20,20	32,90	1000
LLMO303	18,82	27,99	20,62	32,57	1004
LMMO32	19,00	27,90	20,20	32,90	1000
LALL51	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LALL54	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LALL326	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LALL315	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LALL325	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LALL322	19,05	28,08	20,34	32,54	1008
LALN311	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LALL312	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LALL50	19,03	28,05	20,42	32,51	1009
LAAC33	19,80	26,67	21,19	32,34	1005
LAAC361	19,80	26,67	21,19	32,34	1005
Ortalama	19,37	27,65	20,69	32,29	1010,18

Tablo C.10. Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
CPCS370	18,93	28,06	21,07	31,94	1030
CCRA78	19,25	27,39	20,79	32,57	1044
CCRA207	19,25	27,39	20,79	32,57	1044
CCRA77	19,23	27,37	20,86	32,54	1045
CSLF38	20,06	26,29	21,23	32,42	1027
CSSR190	20,43	26,00	21,21	32,36	1023
CSSR189	20,33	26,00	21,21	32,45	1023
CSSR191	20,33	26,00	21,21	32,45	1023
CSSK186	19,55	26,88	21,11	32,45	1023
CSSK184	19,65	26,78	21,02	32,55	1023
CSSK187	19,65	26,78	21,02	32,55	1023
CCCS64	19,11	27,55	21,05	32,30	1031
CCCS435	19,11	27,55	21,05	32,30	1031
CCCS147	19,11	27,55	21,05	32,30	1031
CCCS62	19,11	27,55	21,05	32,30	1031
CCCS146	19,11	27,55	21,05	32,30	1031
CCCV141	18,07	28,31	21,16	32,46	1035
CCCV145	18,07	28,31	21,16	32,46	1035
CCCV142	18,07	28,31	21,16	32,46	1035
CCCV59	18,07	28,31	21,16	32,46	1035
CCPD170	19,55	26,75	21,11	32,59	1028
CCPD66	19,55	26,75	21,11	32,59	1028
CCPB61	19,17	27,30	21,10	32,43	1033
CCPF178	19,61	26,60	21,46	32,33	1030
CCPF175	19,71	26,50	21,46	32,33	1030
CCPF179	19,81	26,50	21,36	32,33	1030
CCPF176	19,69	26,58	21,34	32,40	1031
CAAM203	19,49	27,00	21,25	32,26	1026
CAAM202	19,49	27,00	21,25	32,26	1026
CCCA56	20,29	26,47	20,78	32,45	1020
CCCA428	20,29	26,47	20,78	32,45	1020
CCCA136	20,29	26,47	20,78	32,45	1020
CCCA137	20,29	26,47	20,78	32,45	1020
CCCA429	20,29	26,47	20,78	32,45	1020
CCCR133	20,49	26,27	20,59	32,65	1020
CCCR132	20,49	26,27	20,59	32,65	1020

Tablo C.10. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
CCCR63	20,49	26,27	20,59	32,65	1020
CCCR131	20,49	26,27	20,59	32,65	1020
CCXA154	20,37	26,25	20,67	32,71	1021
CCXA156	20,37	26,25	20,67	32,71	1021
CCXR161	20,47	26,35	20,47	32,71	1021
CCXS164	20,47	26,35	20,47	32,71	1021
CCXR158	20,47	26,35	20,47	32,71	1021
CCXS165	20,47	26,35	20,47	32,71	1021
CCXR159	20,47	26,35	20,47	32,71	1021
CCXS167	20,47	26,35	20,47	32,71	1021
CCXS166	20,47	26,35	20,47	32,71	1021
CCXV425	20,51	26,37	20,61	32,52	1024
CCCS90	19,59	26,80	21,35	32,26	1026
CCCS89	19,49	26,90	21,35	32,26	1026
CCCS91	19,49	26,90	21,35	32,26	1026
CCCS98	19,40	27,00	21,35	32,26	1026
CCCD71	19,90	26,54	21,17	32,39	1025
CCCD93	19,90	26,54	21,17	32,39	1025
CCCD99	19,90	26,54	21,17	32,39	1025
CCCD97	19,63	26,86	21,19	32,32	1024
CCCC94	19,63	26,86	21,19	32,32	1024
CCCC96	19,63	26,86	21,19	32,32	1024
CCCC95	19,63	26,86	21,19	32,32	1024
CHTP193	19,44	27,02	20,89	32,65	1029
CHTP194	19,44	27,02	20,99	32,56	1029
CHTF87	19,49	26,64	21,25	32,62	1021
CHTF419	19,49	26,64	21,25	32,62	1021
CHTS434	19,49	26,64	21,16	32,71	1021
CHTF427	19,49	26,64	21,06	32,81	1021
CHTF197	19,49	26,64	21,06	32,81	1021
CCRC79	19,02	27,61	20,98	32,39	1025
CCRC81	18,73	27,71	20,98	32,59	1025
CCRC82	18,73	27,71	20,98	32,59	1025
CCRC80	18,73	27,71	20,98	32,59	1025
CHHB3	19,67	26,81	21,14	32,39	1022
CHHB2	19,57	26,91	21,14	32,39	1022
CHHB107	19,57	26,91	21,14	32,39	1022

Tablo C.10. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
CHHB424	19,57	26,91	21,14	32,39	1022
CHHB204	19,55	26,98	21,11	32,36	1023
CGPF100	19,55	26,69	21,80	31,96	1023
CHSA198	19,75	26,65	21,50	32,10	1028
CHSA199	19,75	26,65	21,50	32,10	1028
CHSA201	19,75	26,65	21,50	32,10	1028
CCPF117	19,67	26,74	21,41	32,17	1032
CCPF115	19,67	26,74	21,41	32,17	1032
CCPF114	19,67	26,74	21,41	32,17	1032
CCPF116	19,67	26,74	21,41	32,17	1032
CCPF113	19,67	26,74	21,41	32,17	1032
CCPT8	19,73	26,82	21,38	32,07	1029
CCPT9	19,73	26,82	21,38	32,07	1029
CCPT122	19,73	26,82	21,38	32,07	1029
CCPT17	19,73	26,82	21,38	32,07	1029
CCPT10	19,73	26,82	21,38	32,07	1029
CCCN60	18,71	27,64	21,40	32,25	1042
CPPB16	19,67	26,65	21,22	32,46	1032
CPPB72	19,77	26,65	21,22	32,36	1032
CPPB128	19,77	26,65	21,22	32,36	1032
CCIS438	19,71	27,12	20,96	32,21	1040
CCIS182	19,71	27,12	20,96	32,21	1040
CCIS65	19,71	27,12	20,96	32,21	1040
CCPS420	19,33	27,06	21,41	32,21	1009
CCPS421	19,33	27,06	21,41	32,21	1009
CCPS110	19,33	27,06	21,41	32,21	1009
CCPS108	19,33	27,06	21,41	32,21	1009
Ortalama	19,64	26,87	21,09	32,40	1026,33

Tablo C.11. Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nükleer 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LLSB249	18,87	26,92	21,46	32,76	1044
LLSB253	18,76	27,18	21,05	33,01	1045
LLRM225	19,73	26,56	21,37	32,34	1039
LLRM224	19,69	26,61	21,33	32,37	1041

Tablo C.11. (Devam) Lepturinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
LRCF260	19,48	26,62	21,22	32,69	1037
LRCF261	19,48	26,62	21,22	32,69	1037
LRRM75	19,94	26,49	20,91	32,66	1038
LRRF283	19,96	26,52	20,93	32,59	1037
LRRF74	19,96	26,52	20,93	32,59	1037
LRRI76	19,86	26,71	20,93	32,50	1037
LRRI226	19,86	26,71	20,93	32,50	1037
LLAD232	19,42	26,73	21,25	32,60	1040
LLAD233	19,33	26,63	21,35	32,69	1040
LLAD231	19,33	26,73	21,44	32,50	1040
LLSC83	19,29	26,78	21,50	32,44	1042
LLSC244	19,29	26,78	21,50	32,44	1042
LLSB246	19,23	27,18	20,67	32,92	1045
LLSS210	19,10	27,26	20,92	32,73	1042
LLSS262	19,10	27,26	20,92	32,73	1042
LLSS86	19,10	27,26	20,92	32,73	1042
LRRB73	18,54	27,76	21,23	32,47	1041
LLSPA274	19,20	27,22	21,11	32,47	1047
LLSPA273	19,29	27,13	20,92	32,66	1047
LLSPA271	19,20	27,13	20,92	32,76	1047
LLSPA272	19,22	27,34	20,75	32,70	1046
LLLA282	20,08	26,51	21,04	32,37	1041
LLSF222	18,55	27,50	21,60	32,35	1051
LLSF219	18,55	27,50	21,60	32,35	1051
Ortalama	19,34	26,93	21,14	32,59	1041 96

Tablo C.12. Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
SSSB24	19,94	26,62	21,47	31,97	1048
SSSB25	19,96	26,65	21,49	31,90	1047
SSSB21	19,96	26,65	21,49	31,90	1047
SSSB22	19,96	26,65	21,49	31,90	1047
SSSB23	20,00	26,70	21,53	31,77	1045
SSSB382	19,98	26,67	21,51	31,84	1046
SAAS401	19,33	27,14	21,81	31,71	1050

Tablo C.12. Spondylidinae alt familyasına ait Kocaeli'nden toplanan örneklerin nüklear 28S rRNA D1-D2 gen bölgesi için nükleotid kompozisyonu

Örnek Kodu	T(%)	C(%)	A(%)	G(%)	Baz sayısı
SAAR409	19,64	27,17	21,73	31,46	1049
SAAR417	19,37	27,10	21,85	31,68	1048
SAAR398	19,37	27,10	21,85	31,68	1048
SAAR387	19,39	27,13	21,97	31,52	1047
SAAR395	19,37	27,10	21,95	31,58	1048
SAAR410	19,35	27,07	21,93	31,65	1049
SAAR415	19,35	27,07	21,93	31,65	1049
SAAR414	19,35	27,07	21,93	31,65	1049
SAAR411	19,35	27,07	21,93	31,65	1049
SAAR408	19,35	27,07	21,93	31,65	1049
SAAR405	19,35	27,07	22,02	31,55	1049
SAAR404	19,39	27,13	21,87	31,61	1047
SAAR396	19,33	27,05	22,00	31,62	1050
SAAR399	19,37	27,10	21,85	31,68	1048
SAAR406	19,39	27,13	21,78	31,71	1047
SAAF389	19,02	27,15	22,08	31,74	1046
Ortalama	19,52	26,99	21,80	31,70	1047,91

EK-D

Tablo D.1. Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1710)

	LAAC361	LPPP14_360	LPPP53_359	LLMO307	LLM0303_306_308	LLMO304	LAAS36_37_46_343	LAAF31	LAAL34	LAAL35_364	LAAA30	LSSO39	LPPP365	LPPP28	LALL312_325_326	LALL51
LAAC361	*															
LPPP14_360	0,1778	*														
LPPP53_359	0,1763	0,0015	*													
LLMO307	0,1991	0,2249	0,2234	*												
LLM0303_306_308	0,1960	0,2219	0,2204	0,0046	*											
LLMO304	0,1960	0,2234	0,2219	0,0061	0,0015	*										
LAAS36_37_46_343	0,1900	0,2021	0,2036	0,2006	0,2021	0,2021	*									
LAAF31	0,2021	0,1960	0,1945	0,2097	0,2082	0,2097	0,1398	*								
LAAL34	0,2097	0,2249	0,2249	0,2219	0,2204	0,2219	0,1429	0,1398	*							
LAAL35_364	0,2082	0,2264	0,2264	0,2249	0,2234	0,2249	0,1444	0,1383	0,0030	*						
LAAA30	0,2067	0,2295	0,2295	0,2158	0,2128	0,2143	0,1429	0,1353	0,0973	0,0973	*					
LSSO39	0,2021	0,2006	0,1991	0,2006	0,1991	0,1976	0,2067	0,1900	0,2204	0,2188	0,2158	*				
LPPP365	0,1869	0,2097	0,2097	0,1915	0,1900	0,1900	0,1793	0,1763	0,1809	0,1809	0,1687	0,1489	*			
LPPP28	0,1854	0,1945	0,1930	0,1809	0,1793	0,1793	0,1717	0,1748	0,1854	0,1854	0,1717	0,1444	0,0790	*		
LALL312_325_326	0,1854	0,1809	0,1824	0,2052	0,2021	0,2036	0,2036	0,1869	0,2158	0,2158	0,1960	0,1839	0,1641	0,1884	*	
LALL51	0,1869	0,1900	0,1915	0,2082	0,2052	0,2067	0,2082	0,1915	0,2173	0,2173	0,1991	0,1884	0,1717	0,1976	0,0122	*
LALL313	0,1884	0,1884	0,1900	0,2067	0,2036	0,2052	0,2067	0,1900	0,2158	0,2158	0,1976	0,1869	0,1702	0,1960	0,0122	0,0030

Tablo D.1. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1710)

	LAAC361	LPPP14_360	LPPP53_359	LLMO307	LLM0303_306_308	LLMO304	LAAS36_37_46_343	LAAF31	LAAL34	LAAL35_364	LAAA30	LSSO39	LPPP365	LPPP28	LALL312_325_326	LALL51	LALL313
LALN311	0,1884	0,1900	0,1915	0,2097	0,2067	0,2082	0,2067	0,1930	0,2158	0,2158	0,2006	0,1900	0,1733	0,1991	0,0137	0,0046	0,0046
LALL54	0,1869	0,1884	0,1900	0,2082	0,2052	0,2067	0,2052	0,1915	0,2143	0,2143	0,1991	0,1884	0,1717	0,1976	0,0122	0,0030	0,0030
LAEL366	0,1915	0,2036	0,2021	0,1976	0,1960	0,1960	0,1793	0,1687	0,1930	0,1930	0,1976	0,2067	0,1657	0,1793	0,1915	0,1976	0,1960
LAEL29	0,1930	0,2021	0,2006	0,1960	0,1945	0,1945	0,1809	0,1702	0,1945	0,1945	0,1991	0,2082	0,1672	0,1809	0,1930	0,1991	0,1976
LAAA49_52	0,1869	0,1884	0,1869	0,1793	0,1778	0,1793	0,1763	0,1626	0,1748	0,1763	0,1657	0,1778	0,1611	0,1687	0,1581	0,1611	0,1596
LAAG347	0,1930	0,1869	0,1884	0,2021	0,2006	0,2006	0,1687	0,1717	0,1900	0,1884	0,1793	0,1748	0,1702	0,1626	0,1657	0,1687	0,1672
LAAG345_346	0,1930	0,1869	0,1884	0,2021	0,2006	0,2006	0,1702	0,1748	0,1900	0,1884	0,1809	0,1763	0,1702	0,1626	0,1702	0,1733	0,1717
LAAG68	0,1915	0,1869	0,1884	0,2006	0,1991	0,1991	0,1687	0,1702	0,1884	0,1869	0,1793	0,1717	0,1657	0,1611	0,1657	0,1687	0,1672
LAAG44_354_358	0,1930	0,1824	0,1839	0,2021	0,2006	0,2006	0,1702	0,1702	0,1900	0,1884	0,1809	0,1733	0,1672	0,1596	0,1672	0,1702	0,1687
LAAG69	0,1930	0,1839	0,1854	0,2021	0,2006	0,2006	0,1702	0,1717	0,1900	0,1884	0,1809	0,1733	0,1672	0,1596	0,1672	0,1702	0,1687
LMMO32_362	0,1809	0,1763	0,1748	0,1793	0,1778	0,1778	0,1809	0,1459	0,1748	0,1748	0,1626	0,1763	0,1505	0,1596	0,1687	0,1733	0,1733
LMMG286	0,2173	0,2112	0,2097	0,2097	0,2082	0,2082	0,1945	0,1945	0,2082	0,2067	0,2082	0,1884	0,1717	0,1763	0,1960	0,2021	0,2006
LMMG43_45	0,1900	0,1854	0,1839	0,1748	0,1733	0,1733	0,1611	0,1657	0,1809	0,1793	0,1809	0,1596	0,1383	0,1459	0,1611	0,1672	0,1657
LMMG298	0,1915	0,1869	0,1854	0,1778	0,1763	0,1763	0,1626	0,1672	0,1824	0,1809	0,1824	0,1626	0,1413	0,1489	0,1641	0,1702	0,1687
LMMG42	0,2021	0,2006	0,1991	0,1930	0,1915	0,1915	0,1778	0,1778	0,1884	0,1900	0,1945	0,1778	0,1550	0,1657	0,1763	0,1824	0,1809
LMMG287_295	0,1869	0,1854	0,1839	0,1748	0,1733	0,1733	0,1565	0,1626	0,1763	0,1778	0,1793	0,1611	0,1429	0,1505	0,1626	0,1687	0,1672

Tablo D.1. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1710)

	LALL313	LALN311	LALL54	LAEL366	LAEL29	LAAA49_52	LAAG347	LAAG345_346	LAAG68	LAAG44_354_358	LAAG69	LMMO32_362	LMMG286	LMMG43_45	LMMG298	LMMG42	LMMG287_295
LALN311	0,0046	*															
LALL54	0,0030	0,0015	*														
LAEL366	0,1960	0,1991	0,1976	*													
LAEL29	0,1976	0,2006	0,1991	0,0015	*												
LAAA49_52	0,1596	0,1626	0,1611	0,1657	0,1672	*											
LAAG347	0,1672	0,1687	0,1672	0,1884	0,1900	0,1231	*										
LAAG345_346	0,1717	0,1733	0,1717	0,1900	0,1915	0,1216	0,0076	*									
LAAG68	0,1672	0,1687	0,1672	0,1854	0,1869	0,1185	0,0076	0,0061	*								
LAAG44_354_358	0,1687	0,1702	0,1687	0,1854	0,1869	0,1201	0,0061	0,0046	0,0046	*							
LAAG69	0,1687	0,1702	0,1687	0,1869	0,1884	0,1201	0,0046	0,0030	0,0030	0,0015	*						
LMMO32_362	0,1733	0,1748	0,1733	0,1611	0,1626	0,1398	0,1717	0,1717	0,1672	0,1687	0,1687	*					
LMMG286	0,2006	0,2021	0,2006	0,1869	0,1884	0,2052	0,1869	0,1884	0,1854	0,1854	0,1854	0,1657	*				
LMMG43_45	0,1657	0,1672	0,1657	0,1581	0,1596	0,1717	0,1565	0,1581	0,1550	0,1550	0,1550	0,1368	0,0380	*			
LMMG298	0,1687	0,1702	0,1687	0,1596	0,1611	0,1733	0,1581	0,1596	0,1565	0,1565	0,1565	0,1383	0,0395	0,0046	*		
LMMG42	0,1809	0,1824	0,1809	0,1763	0,1778	0,1839	0,1748	0,1778	0,1748	0,1748	0,1748	0,1489	0,0638	0,0365	0,0380	*	
LMMG287_295	0,1672	0,1687	0,1672	0,1611	0,1626	0,1687	0,1581	0,1611	0,1581	0,1581	0,1581	0,1337	0,0532	0,0152	0,0167	0,0213	*

Tablo D.2. Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,128)

	LPPP14_53_360_359	LPPP28	LPPP365	LPPP367	LAAC33_361	LALL312_326	LALL50_51_54_313_LALN311	LAEL29_366	LSSO39	LAAF31	LAAS36_37_46_343	LAAA30
LPPP14_53_360_359	*											
LPPP28	0,1811	*										
LPPP365	0,1600	0,0484	*									
LPPP367	0,1621	0,0589	0,0379	*								
LAAC33_361	0,1600	0,1495	0,1432	0,1474	*							
LALL312_326	0,1600	0,1516	0,1284	0,1432	0,1326	*						
LALL50_51_54_313_LALN311	0,1600	0,1495	0,1263	0,1411	0,1305	0,0021	*					
LAEL29_366	0,1684	0,1726	0,1579	0,1621	0,1642	0,1663	0,1642	*				
LSSO39	0,1579	0,1200	0,1158	0,1221	0,1326	0,1411	0,1389	0,1621	*			
LAAF31	0,1811	0,1368	0,1453	0,1516	0,1579	0,1642	0,1621	0,1600	0,1263	*		
LAAS36_37_46_343	0,1453	0,1368	0,1326	0,1305	0,1326	0,1432	0,1453	0,1432	0,1158	0,0821	*	
LAAA30	0,1663	0,1368	0,1347	0,1284	0,1495	0,1516	0,1537	0,1516	0,1179	0,0695	0,0400	*

Tablo D.2. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,128)

	LPPP14_53_360_359	LPPP28	LPPP65	LPPP67	LAAAC33_361	LALL312_326	LALL50_51_54_313 LALN311	LAEL29_366	LSSO39	LAAF31	LAAAS36_37_46_343	LAAA30
LAAL34	0,1600	0,1495	0,1389	0,1347	0,1537	0,1495	0,1516	0,1621	0,1242	0,0926	0,0547	0,0442
LAAL35_364	0,1579	0,1453	0,1347	0,1305	0,1516	0,1495	0,1516	0,1579	0,1200	0,0863	0,0505	0,0379
LAAA52	0,1495	0,1432	0,1347	0,1326	0,1326	0,1179	0,1158	0,1537	0,1242	0,1516	0,1284	0,1305
LAAG44	0,1600	0,1432	0,1368	0,1453	0,1389	0,1116	0,1095	0,1537	0,1411	0,1495	0,1411	0,1432
LAAG69_345_346_347_354	0,1621	0,1411	0,1347	0,1432	0,1368	0,1095	0,1074	0,1516	0,1389	0,1474	0,1389	0,1411
LMMO32	0,1284	0,1558	0,1347	0,1453	0,1221	0,1389	0,1368	0,1495	0,1242	0,1305	0,1095	0,1221
LMMO362	0,1305	0,1558	0,1368	0,1453	0,1242	0,1368	0,1347	0,1516	0,1263	0,1326	0,1116	0,1221
LMMG286	0,1453	0,1411	0,1368	0,1411	0,1326	0,1432	0,1411	0,1558	0,1179	0,1179	0,1137	0,1116
LMMG45_290_298	0,1347	0,1326	0,1263	0,1305	0,1221	0,1326	0,1305	0,1453	0,1095	0,1095	0,1032	0,1032
LMMG43	0,1389	0,1368	0,1305	0,1347	0,1221	0,1326	0,1305	0,1495	0,1137	0,1137	0,1074	0,1074
LLMO303_304_306_307_308_310	0,1516	0,1495	0,1516	0,1621	0,1200	0,1368	0,1347	0,1642	0,1284	0,1516	0,1368	0,1368

Tablo D.2. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,128)

	LAAL34	LAAL35_364	LAAA52	LAAG44	LAAG69_345_346_347_354	LMMO32	LMMO362	LMMG286	LMMG45_290_298	LMMG43	LLMO303_304_306_307_308_310
LAAL34	*										
LAAL35_364	0,0063	*									
LAAA52	0,1411	0,1411	*								
LAAG44	0,1537	0,1495	0,0484	*							
LAAG69_345_346_347_354	0,1516	0,1474	0,0463	0,0021	*						
LMMO32	0,1158	0,1137	0,1326	0,1305	0,1284	*					
LMMO362	0,1179	0,1158	0,1305	0,1284	0,1263	0,0021	*				
LMMG286	0,1242	0,1242	0,1137	0,1179	0,1158	0,1158	0,1137	*			
LMMG45_290_298	0,1137	0,1137	0,1032	0,1074	0,1053	0,1053	0,1032	0,0105	*		
LMMG43	0,1179	0,1179	0,1074	0,1116	0,1095	0,1095	0,1074	0,0147	0,0042	*	
LLMO303_304_306_307_308_310	0,1432	0,1432	0,1200	0,1263	0,1242	0,1200	0,1179	0,1032	0,0926	0,0968	*

Tablo D.3. Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli nükleer 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,075)

	LAAA30	LAAL34	LAAL35_364	LAAL31	LAAS46	LAAS36_343	LAAC33_361	LAAA52	LAAG44_68_69_345_346_347_354_358	LALL50_51_54_315_322_325_326_LALN311	LMMG42_45_286_287
LAAA30	*										
LAAL34	0,002	*									
LAAL35_364	0,002	0,000	*								
LAAL31	0,033	0,032	0,032	*							
LAAS46	0,031	0,031	0,031	0,030	*						
LAAS36_343	0,031	0,031	0,031	0,030	0,000	*					
LAAC33_361	0,086	0,085	0,085	0,083	0,083	0,083	*				
LAAA52	0,089	0,088	0,088	0,097	0,095	0,095	0,069	*			
LAAG44_68_69_345_346_347_354_358	0,088	0,087	0,087	0,094	0,092	0,092	0,069	0,004	*		
LALL50_51_54_315_322_325_326_LALN311	0,072	0,072	0,072	0,077	0,071	0,071	0,056	0,054	0,055	*	
LMMG42_45_286_287	0,094	0,093	0,093	0,092	0,086	0,086	0,075	0,077	0,080	0,057	*
LLMO303_304_306_310	0,083	0,082	0,082	0,090	0,077	0,077	0,070	0,066	0,067	0,049	0,037
LSSO39_344	0,099	0,099	0,099	0,101	0,094	0,094	0,072	0,081	0,084	0,062	0,064
LPPP367	0,102	0,101	0,101	0,105	0,098	0,098	0,088	0,094	0,095	0,081	0,090
LPPP28	0,098	0,097	0,097	0,102	0,095	0,095	0,080	0,082	0,083	0,073	0,080
LPPP365	0,096	0,095	0,095	0,097	0,095	0,095	0,074	0,083	0,084	0,072	0,079
LAEL29_366	0,099	0,099	0,099	0,100	0,095	0,095	0,082	0,096	0,095	0,081	0,068
LMMO362	0,081	0,080	0,080	0,088	0,082	0,082	0,060	0,067	0,070	0,053	0,065
LMMO32_362	0,081	0,080	0,080	0,088	0,082	0,082	0,060	0,067	0,070	0,053	0,065
LPPP359	0,100	0,099	0,099	0,103	0,098	0,098	0,080	0,092	0,095	0,077	0,063
LPPP14_53_360	0,086	0,085	0,085	0,089	0,084	0,084	0,063	0,075	0,079	0,060	0,048

Tablo D.3. (Devam) Lamiinae alt familyasına ait Kocaeli nüklear 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,075)

	LLMO303_304_306_310	LSSO39_344	LPPP367	LPPP28	LPPP365	LAEL29_366	LMMO362	LMMO32_362	LPPP359	LPPP14_53_360
LLMO303_304_306_310	*									
LSSO39_344	0,056	*								
LPPP367	0,077	0,074	*							
LPPP28	0,064	0,061	0,034	*						
LPPP365	0,067	0,061	0,035	0,019	*					
LAEL29_366	0,070	0,075	0,095	0,083	0,078	*				
LMMO362	0,052	0,073	0,074	0,064	0,063	0,078	*			
LMMO32_362	0,052	0,073	0,074	0,064	0,063	0,078	0,000	*		
LPPP359	0,062	0,084	0,071	0,085	0,083	0,077	0,067	0,067	*	
LPPP14_53_360	0,046	0,067	0,082	0,068	0,066	0,060	0,051	0,051	0,017	*

Tablo D.4. Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CSSK184_186_187	CCXA155	CCXA153_154	CSSR189_190_191	CCCS90	CCCD93-CCCD99	CCCD71	CCCC95	CCCC96	CCCC94	CCPS108_110_420_421	CHTP193_194	CHTF84	CHTF87_197_419_427	CGPF100	CCPD423	CCPD66	CCPD170
CSSK184_186_187	*																	
CCXA155	0,207	*																
CCXA153_154	0,204	0,005	*															
CSSR189_190_191	0,202	0,196	0,192	*														
CCCS90	0,216	0,174	0,175	0,184	*													
CCCD93-CCCD99	0,207	0,213	0,216	0,212	0,175	*												
CCCD71	0,209	0,215	0,218	0,213	0,177	0,002	*											
CCCC95	0,204	0,204	0,205	0,209	0,174	0,142	0,143	*										
CCCC96	0,205	0,199	0,201	0,207	0,174	0,142	0,143	0,008	*									
CCCC94	0,205	0,205	0,204	0,204	0,169	0,145	0,146	0,008	0,012	*								
CCPS108_110_420_421	0,245	0,207	0,210	0,205	0,210	0,221	0,222	0,244	0,240	0,239	*							
CHTP193_194	0,213	0,192	0,190	0,209	0,199	0,209	0,210	0,213	0,205	0,215	0,218	*						
CHTF84	0,210	0,204	0,202	0,212	0,205	0,227	0,228	0,225	0,219	0,227	0,215	0,132	*					
CHTF87_197_419_427	0,212	0,205	0,204	0,213	0,207	0,225	0,227	0,224	0,218	0,225	0,213	0,134	0,002	*				
CGPF100	0,198	0,195	0,193	0,192	0,216	0,207	0,209	0,213	0,213	0,209	0,202	0,210	0,198	0,196	*			
CCPD423	0,209	0,198	0,198	0,222	0,210	0,216	0,218	0,213	0,209	0,212	0,218	0,192	0,192	0,190	0,196	*		
CCPD66	0,209	0,199	0,199	0,218	0,215	0,215	0,216	0,213	0,209	0,212	0,219	0,196	0,193	0,192	0,195	0,005	*	
CCPD170	0,213	0,195	0,195	0,215	0,215	0,218	0,219	0,213	0,210	0,212	0,219	0,198	0,195	0,193	0,198	0,017	0,012	*

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CSSK184_186_187	CCXA155	CCXA153_154	CSSR189_190_191	CCCS90	CCCD93-CCCD99	CCCD71	CCCC95	CCCC96	CCCC94	CCPS108_110_420_421	CHTP193_194	CHTF84	CHTF87_197_419_427	CGPF100	CCPD423	CCPD66
CCCN60	0,218	0,209	0,210	0,205	0,216	0,225	0,227	0,205	0,204	0,210	0,207	0,196	0,189	0,187	0,198	0,178	0,181
CCCv59_142	0,193	0,177	0,177	0,193	0,201	0,193	0,195	0,196	0,198	0,198	0,183	0,175	0,170	0,169	0,175	0,187	0,190
CCCv141	0,193	0,175	0,175	0,195	0,202	0,195	0,196	0,195	0,196	0,196	0,181	0,177	0,170	0,169	0,174	0,187	0,190
CCCv145	0,193	0,177	0,177	0,192	0,199	0,192	0,193	0,195	0,196	0,196	0,181	0,175	0,170	0,169	0,177	0,186	0,189
CCPB61	0,240	0,207	0,207	0,222	0,213	0,239	0,240	0,224	0,224	0,221	0,199	0,181	0,192	0,190	0,221	0,169	0,167
CCPF175_176_178_179	0,219	0,187	0,190	0,205	0,201	0,225	0,227	0,215	0,213	0,215	0,193	0,177	0,166	0,164	0,202	0,169	0,170
CHHB107_204	0,233	0,199	0,202	0,218	0,193	0,213	0,215	0,221	0,218	0,221	0,190	0,196	0,199	0,198	0,212	0,190	0,195
CHHB2	0,228	0,198	0,201	0,222	0,192	0,205	0,207	0,212	0,209	0,212	0,189	0,190	0,193	0,192	0,201	0,178	0,183
CHHB3	0,234	0,201	0,204	0,219	0,195	0,215	0,216	0,222	0,219	0,222	0,190	0,198	0,201	0,199	0,213	0,192	0,196
CCRC79	0,225	0,193	0,190	0,210	0,210	0,224	0,225	0,209	0,202	0,202	0,195	0,193	0,167	0,166	0,190	0,196	0,201
CCRC80_81_82	0,224	0,192	0,193	0,204	0,189	0,215	0,216	0,209	0,210	0,209	0,207	0,193	0,181	0,183	0,198	0,193	0,196
CCIS65_182_437_438	0,218	0,178	0,181	0,207	0,195	0,216	0,218	0,218	0,219	0,219	0,195	0,180	0,169	0,167	0,207	0,201	0,202
CCCS62_64	0,210	0,187	0,189	0,184	0,178	0,218	0,219	0,202	0,205	0,204	0,209	0,175	0,170	0,172	0,210	0,199	0,202
CCCS146_147_148	0,205	0,187	0,189	0,190	0,174	0,219	0,221	0,196	0,199	0,198	0,215	0,170	0,167	0,169	0,212	0,202	0,205
CPCS370	0,233	0,205	0,202	0,210	0,209	0,222	0,224	0,212	0,205	0,205	0,195	0,202	0,218	0,216	0,204	0,213	0,210
CCRA77_78_207	0,218	0,190	0,192	0,212	0,183	0,202	0,204	0,204	0,205	0,207	0,193	0,180	0,201	0,199	0,216	0,205	0,209
CCCS98	0,228	0,186	0,186	0,199	0,094	0,172	0,174	0,174	0,175	0,172	0,210	0,209	0,210	0,209	0,215	0,210	0,215
CCCS89	0,222	0,167	0,169	0,189	0,026	0,172	0,174	0,169	0,169	0,167	0,215	0,190	0,207	0,209	0,218	0,209	0,213

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CSSK184_186_187	CCXA155	CCXA153_154	CSSR189_190_191	CCCS90	CCCD93-CCCD99	CCCD71	CCCC95	CCCC96	CCCC94	CCPS108_110_420_421	CHTP193_194	CHTF84	CHTF87_197_419_427	CGPF100	CCPD423	CCPD66
CCCS91	0,218	0,172	0,174	0,186	0,002	0,174	0,175	0,175	0,175	0,170	0,209	0,201	0,207	0,209	0,215	0,209	0,213
CSLF38	0,183	0,187	0,189	0,174	0,190	0,201	0,202	0,225	0,228	0,230	0,201	0,209	0,195	0,196	0,205	0,231	0,230
CPPB128	0,227	0,205	0,205	0,216	0,218	0,198	0,199	0,207	0,204	0,205	0,205	0,195	0,202	0,201	0,198	0,181	0,183
CPPB72	0,227	0,205	0,205	0,216	0,218	0,198	0,199	0,207	0,204	0,205	0,205	0,196	0,202	0,201	0,198	0,181	0,183
CPPB16	0,225	0,204	0,204	0,215	0,216	0,196	0,198	0,205	0,202	0,204	0,204	0,195	0,201	0,199	0,196	0,180	0,181
CCPF113_114_116_117	0,201	0,181	0,183	0,204	0,183	0,187	0,189	0,192	0,196	0,193	0,196	0,192	0,198	0,196	0,189	0,180	0,181
CCPF115	0,201	0,183	0,184	0,204	0,184	0,189	0,190	0,193	0,198	0,195	0,196	0,192	0,198	0,196	0,189	0,180	0,181
CCPT9	0,201	0,186	0,189	0,205	0,186	0,196	0,198	0,210	0,212	0,212	0,189	0,186	0,195	0,193	0,196	0,177	0,181
CCPT8_10_122_17	0,199	0,184	0,187	0,207	0,187	0,198	0,199	0,209	0,210	0,210	0,190	0,187	0,196	0,195	0,198	0,178	0,183
CHSA199	0,204	0,189	0,187	0,198	0,181	0,207	0,209	0,204	0,205	0,205	0,202	0,170	0,183	0,184	0,183	0,204	0,205
CHSA201	0,204	0,186	0,184	0,195	0,178	0,207	0,209	0,204	0,205	0,205	0,199	0,174	0,180	0,181	0,183	0,204	0,205
CHSA198	0,202	0,187	0,186	0,196	0,180	0,205	0,207	0,202	0,204	0,204	0,201	0,172	0,181	0,183	0,181	0,202	0,204
CAAM203	0,204	0,181	0,180	0,199	0,184	0,213	0,215	0,195	0,196	0,198	0,198	0,175	0,177	0,175	0,187	0,175	0,177
CAAM202	0,202	0,180	0,178	0,196	0,181	0,210	0,212	0,190	0,192	0,193	0,193	0,175	0,172	0,170	0,187	0,174	0,175
CCCA134_136_137_428_429	0,204	0,157	0,155	0,204	0,201	0,212	0,213	0,219	0,218	0,224	0,225	0,195	0,193	0,195	0,218	0,201	0,202
CCCA56	0,205	0,158	0,157	0,205	0,202	0,213	0,215	0,221	0,219	0,225	0,224	0,193	0,195	0,196	0,219	0,202	0,204
CCCA138	0,205	0,155	0,154	0,202	0,199	0,210	0,212	0,218	0,216	0,222	0,224	0,196	0,195	0,196	0,219	0,202	0,204
CCXS167	0,204	0,151	0,149	0,212	0,189	0,222	0,224	0,216	0,212	0,216	0,216	0,192	0,183	0,184	0,198	0,164	0,164

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CSSK184_186_187	CCXA155	CCXA153_154	CSSR189_190_191	CCCS90	CCCD93-CCCD99	CCCD71	CCCC95	CCCC96	CCCC94	CCPS108_110_420_421	CHTP193_194	CHTF84	CHTF87_197_419_427	CGPF100	CCPD423	CCPD66
CCXS164_165_166	0,202	0,155	0,154	0,210	0,189	0,224	0,225	0,215	0,210	0,215	0,218	0,193	0,184	0,186	0,198	0,167	0,167
CCXA156	0,207	0,002	0,003	0,195	0,175	0,215	0,216	0,204	0,199	0,205	0,209	0,190	0,202	0,204	0,196	0,196	0,198
CCXA152	0,202	0,006	0,002	0,190	0,177	0,215	0,216	0,204	0,199	0,202	0,209	0,192	0,202	0,204	0,192	0,196	0,198
CCCR63_131	0,196	0,157	0,158	0,216	0,181	0,215	0,216	0,201	0,199	0,199	0,205	0,189	0,181	0,183	0,198	0,195	0,199
CCCR132	0,199	0,157	0,158	0,218	0,184	0,216	0,218	0,202	0,201	0,201	0,204	0,189	0,184	0,186	0,198	0,196	0,201
CCCR133	0,198	0,155	0,157	0,218	0,183	0,216	0,218	0,202	0,201	0,201	0,204	0,187	0,183	0,184	0,196	0,195	0,199
CCXV425	0,199	0,132	0,131	0,196	0,186	0,218	0,219	0,205	0,202	0,204	0,192	0,180	0,180	0,181	0,189	0,172	0,174
CCXV163_430	0,207	0,135	0,134	0,196	0,187	0,222	0,224	0,209	0,205	0,204	0,202	0,183	0,187	0,189	0,192	0,169	0,170
CCXR157_159	0,215	0,158	0,160	0,205	0,181	0,210	0,212	0,207	0,202	0,205	0,186	0,186	0,170	0,172	0,180	0,174	0,178
CCXR161	0,215	0,160	0,161	0,207	0,187	0,216	0,218	0,207	0,202	0,205	0,190	0,190	0,177	0,178	0,178	0,178	0,183
CCXR160	0,215	0,161	0,163	0,209	0,189	0,218	0,219	0,209	0,204	0,207	0,192	0,192	0,178	0,180	0,178	0,178	0,183
CCXR158	0,213	0,157	0,158	0,204	0,180	0,209	0,210	0,205	0,201	0,204	0,184	0,184	0,172	0,174	0,181	0,172	0,177

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CCPD170	CCCN60	CCCV59_142	CCCV141	CCCV145	CCPB61	CCPF175_176_178_179	CHHB107_204	CHHB2	CHHB3	CCRC79	CCRC80_81_82	CCIS65_182_437_438	CCCS62_64	CCCS146_147_148	CPCS370	CCRA77_78_207
CCPD170	*																
CCCN60	0,186	*															
CCCV59_142	0,190	0,184	*														
CCCV141	0,190	0,186	0,002	*													
CCCV145	0,189	0,183	0,002	0,003	*												
CCPB61	0,166	0,192	0,204	0,204	0,204	*											
CCPF175_176_178_179	0,174	0,169	0,166	0,164	0,166	0,135	*										
CHHB107_204	0,198	0,202	0,190	0,189	0,189	0,189	0,202	*									
CHHB2	0,186	0,193	0,183	0,181	0,181	0,180	0,190	0,026	*								
CHHB3	0,199	0,202	0,192	0,190	0,190	0,186	0,202	0,003	0,027	*							
CCRC79	0,199	0,184	0,184	0,184	0,183	0,202	0,190	0,204	0,193	0,204	*						
CCRC80_81_82	0,201	0,195	0,174	0,172	0,174	0,193	0,177	0,169	0,160	0,170	0,167	*					
CCIS65_182_437_438	0,202	0,195	0,177	0,178	0,177	0,187	0,190	0,183	0,178	0,184	0,184	0,167	*				
CCCS62_64	0,199	0,189	0,172	0,174	0,172	0,196	0,183	0,180	0,180	0,181	0,199	0,158	0,160	*			
CCCS146_147_148	0,202	0,192	0,172	0,174	0,172	0,190	0,183	0,181	0,181	0,183	0,198	0,157	0,155	0,014	*		
CPCS370	0,212	0,195	0,204	0,202	0,204	0,184	0,198	0,193	0,189	0,193	0,184	0,189	0,216	0,209	0,209	*	
CCRA77_78_207	0,212	0,202	0,193	0,192	0,192	0,189	0,187	0,187	0,180	0,187	0,205	0,190	0,196	0,190	0,192	0,175	*
CCCS98	0,210	0,207	0,198	0,199	0,196	0,212	0,192	0,209	0,205	0,210	0,201	0,201	0,192	0,201	0,199	0,221	0,209

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CCPD170	CCCN60	CCCV59_142	CCCV141	CCCV145	CCPB61	CCPF175_176_178_179	CHHB107_204	CHHB2	CHHB3	CCRC79	CCRC80_81_82	CCIS65_182_437_438	CCCS62_64	CCCS146_147_148	CPCS370	CCRA77_78_207
CCCS89	0,213	0,213	0,199	0,201	0,198	0,212	0,193	0,199	0,199	0,201	0,210	0,187	0,195	0,183	0,178	0,213	0,183
CCCS91	0,213	0,215	0,199	0,201	0,198	0,212	0,199	0,192	0,190	0,193	0,209	0,187	0,193	0,180	0,175	0,207	0,181
CSLF38	0,234	0,198	0,183	0,184	0,183	0,224	0,189	0,180	0,181	0,181	0,195	0,186	0,187	0,190	0,193	0,218	0,207
CPPB128	0,180	0,198	0,190	0,190	0,192	0,205	0,205	0,187	0,181	0,187	0,181	0,201	0,218	0,215	0,219	0,207	0,190
CPPB72	0,180	0,198	0,190	0,190	0,192	0,205	0,205	0,187	0,181	0,187	0,181	0,201	0,218	0,215	0,219	0,207	0,193
CPPB16	0,178	0,196	0,189	0,189	0,190	0,204	0,204	0,186	0,180	0,186	0,180	0,199	0,216	0,213	0,218	0,205	0,192
CCPF113_114_116_117	0,183	0,180	0,180	0,178	0,180	0,196	0,170	0,190	0,184	0,192	0,193	0,175	0,190	0,181	0,180	0,196	0,201
CCPF115	0,183	0,178	0,180	0,178	0,180	0,196	0,170	0,190	0,184	0,192	0,195	0,177	0,190	0,181	0,180	0,196	0,201
CCPT9	0,186	0,178	0,183	0,181	0,181	0,192	0,175	0,184	0,178	0,186	0,186	0,184	0,202	0,193	0,193	0,198	0,174
CCPT8_10_122_17	0,187	0,180	0,184	0,183	0,183	0,190	0,174	0,186	0,180	0,187	0,187	0,186	0,204	0,195	0,195	0,199	0,175
CHSA199	0,207	0,187	0,199	0,198	0,198	0,202	0,198	0,195	0,186	0,195	0,181	0,183	0,186	0,196	0,193	0,195	0,175
CHSA201	0,207	0,184	0,199	0,198	0,198	0,199	0,195	0,195	0,186	0,195	0,183	0,184	0,183	0,196	0,193	0,195	0,177
CHSA198	0,205	0,186	0,198	0,196	0,196	0,201	0,196	0,193	0,184	0,193	0,181	0,183	0,184	0,195	0,192	0,193	0,175
CAAM203	0,180	0,180	0,178	0,180	0,178	0,174	0,157	0,178	0,170	0,180	0,190	0,167	0,166	0,163	0,160	0,198	0,174
CAAM202	0,178	0,177	0,174	0,175	0,174	0,172	0,152	0,180	0,172	0,181	0,186	0,163	0,161	0,160	0,157	0,196	0,170
CCCA134_136_137_428_429	0,205	0,187	0,207	0,209	0,205	0,198	0,181	0,207	0,201	0,209	0,204	0,187	0,181	0,193	0,193	0,207	0,198
CCCA56	0,207	0,189	0,209	0,210	0,207	0,199	0,180	0,209	0,202	0,210	0,205	0,189	0,180	0,192	0,192	0,205	0,196
CCCA138	0,207	0,189	0,205	0,207	0,204	0,199	0,183	0,209	0,202	0,210	0,205	0,189	0,183	0,192	0,192	0,205	0,196

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CCPD170	CCCN60	CCCV59_142	CCCV141	CCCV145	CCPB61	CCPF175_176_178_179	CHHB107_204	CHHB2	CHHB3	CCRC79	CCRC80_81_82	CCIS65_182_437_438	CCCS62_64	CCCS146_147_148	CPCS370	CCRA77_78_207
CCXS167	0,167	0,181	0,175	0,175	0,175	0,161	0,154	0,204	0,192	0,205	0,184	0,172	0,178	0,190	0,190	0,190	0,187
CCXS164_165_166	0,170	0,180	0,174	0,174	0,174	0,164	0,158	0,204	0,192	0,205	0,187	0,175	0,177	0,193	0,193	0,190	0,189
CCXA156	0,193	0,209	0,175	0,174	0,175	0,205	0,189	0,201	0,199	0,202	0,192	0,193	0,180	0,189	0,189	0,204	0,192
CCXA152	0,193	0,209	0,175	0,174	0,175	0,205	0,189	0,201	0,199	0,202	0,189	0,192	0,180	0,187	0,187	0,201	0,190
CCCR63_131	0,209	0,187	0,180	0,180	0,180	0,199	0,181	0,204	0,195	0,205	0,212	0,177	0,167	0,180	0,180	0,201	0,183
CCCR132	0,210	0,190	0,181	0,181	0,181	0,199	0,180	0,204	0,195	0,205	0,212	0,175	0,167	0,178	0,178	0,204	0,186
CCCR133	0,209	0,189	0,181	0,181	0,181	0,198	0,180	0,204	0,195	0,205	0,210	0,175	0,166	0,178	0,178	0,202	0,184
CCXV425	0,175	0,181	0,172	0,170	0,172	0,155	0,154	0,174	0,166	0,175	0,186	0,163	0,178	0,178	0,175	0,195	0,172
CCXV163_430	0,172	0,189	0,181	0,180	0,181	0,158	0,157	0,180	0,172	0,181	0,192	0,166	0,180	0,175	0,175	0,198	0,177
CCXR157_159	0,175	0,180	0,177	0,175	0,175	0,166	0,180	0,174	0,166	0,175	0,195	0,169	0,161	0,172	0,172	0,199	0,186
CCXR161	0,180	0,180	0,180	0,178	0,178	0,166	0,180	0,170	0,161	0,172	0,195	0,167	0,161	0,169	0,169	0,202	0,186
CCXR160	0,180	0,181	0,181	0,180	0,180	0,167	0,181	0,172	0,163	0,174	0,196	0,169	0,163	0,170	0,170	0,204	0,187
CCXR158	0,174	0,180	0,175	0,174	0,174	0,164	0,181	0,172	0,164	0,174	0,196	0,167	0,160	0,170	0,170	0,201	0,184

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CCCS98	CCCS89	CCCS91	CSLF38	CPPB128	CPPB72	CPPB16	CCPF113_114_116_117	CCPF115	CCPT9	CCPT8_10_122_17	CHSA199	CHSA201	CHSA198	CAAM203	CAAM202	CCCA134_136_137_428_429	CCCA56	
CCCS98	*																		
CCCS89	0,091	*																	
CCCS91	0,093	0,024	*																
CSLF38	0,195	0,195	0,192	*															
CPPB128	0,201	0,218	0,216	0,210	*														
CPPB72	0,201	0,218	0,216	0,213	0,003	*													
CPPB16	0,199	0,216	0,215	0,212	0,002	0,002	*												
CCPF113_114_116_117	0,195	0,183	0,181	0,189	0,196	0,196	0,195	*											
CCPF115	0,196	0,184	0,183	0,190	0,198	0,198	0,196	0,002	*										
CCPT9	0,186	0,181	0,184	0,190	0,193	0,193	0,192	0,097	0,099	*									
CCPT8_10_122_17	0,187	0,183	0,186	0,192	0,192	0,192	0,190	0,099	0,100	0,002	*								
CHSA199	0,193	0,186	0,180	0,175	0,180	0,183	0,181	0,190	0,190	0,184	0,186	*							
CHSA201	0,190	0,183	0,177	0,174	0,180	0,183	0,181	0,187	0,187	0,181	0,183	0,003	*						
CHSA198	0,192	0,184	0,178	0,175	0,178	0,181	0,180	0,189	0,189	0,183	0,184	0,002	0,002	*					
CAAM203	0,187	0,189	0,183	0,192	0,187	0,187	0,186	0,172	0,174	0,169	0,167	0,172	0,172	0,170	*				
CAAM202	0,183	0,186	0,180	0,190	0,183	0,183	0,181	0,167	0,169	0,164	0,163	0,167	0,167	0,166	0,005	*			
CCCA134_136_137_428_429	0,210	0,204	0,199	0,177	0,190	0,193	0,192	0,178	0,180	0,183	0,181	0,172	0,169	0,170	0,170	0,167	*		
CCCA56	0,212	0,205	0,201	0,178	0,189	0,192	0,190	0,180	0,181	0,184	0,183	0,174	0,170	0,172	0,169	0,166	0,002		

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CCCS98	CCCS89	CCCS91	CSLF38	CPPB128	CPPB72	CPPB16	CCPF113_114_116_117	CCPF115	CCPT9	CCPT8_10_122_17	CHSA199	CHSA201	CHSA198	CAAM203	CAAM202	CCCA134_136_137_428_429
CCCA138	0,209	0,202	0,198	0,175	0,189	0,192	0,190	0,177	0,178	0,184	0,183	0,170	0,167	0,169	0,172	0,169	0,002
CCXS167	0,195	0,189	0,187	0,196	0,193	0,193	0,192	0,178	0,178	0,183	0,184	0,174	0,174	0,172	0,163	0,160	0,149
CCXS164_165_166	0,198	0,189	0,187	0,195	0,195	0,195	0,193	0,180	0,180	0,181	0,183	0,175	0,175	0,174	0,167	0,164	0,152
CCXA156	0,184	0,169	0,174	0,189	0,204	0,204	0,202	0,181	0,183	0,187	0,186	0,187	0,184	0,186	0,180	0,178	0,155
CCXA152	0,184	0,170	0,175	0,189	0,204	0,204	0,202	0,184	0,186	0,187	0,186	0,187	0,184	0,186	0,178	0,177	0,157
CCCR63_131	0,198	0,181	0,180	0,184	0,196	0,199	0,198	0,180	0,181	0,190	0,189	0,169	0,169	0,167	0,146	0,146	0,139
CCCR132	0,196	0,184	0,183	0,187	0,196	0,199	0,198	0,180	0,181	0,193	0,192	0,169	0,169	0,167	0,145	0,145	0,139
CCCR133	0,196	0,183	0,181	0,186	0,195	0,198	0,196	0,178	0,180	0,192	0,190	0,167	0,167	0,166	0,145	0,145	0,137
CCXV425	0,177	0,180	0,184	0,178	0,183	0,183	0,181	0,166	0,166	0,166	0,167	0,166	0,163	0,164	0,166	0,161	0,145
CCXV163_430	0,184	0,184	0,186	0,183	0,192	0,192	0,190	0,174	0,174	0,170	0,172	0,170	0,167	0,169	0,167	0,169	0,148
CCXR157_159	0,181	0,184	0,180	0,184	0,181	0,181	0,180	0,198	0,198	0,189	0,190	0,169	0,169	0,167	0,167	0,166	0,151
CCXR161	0,187	0,193	0,186	0,186	0,181	0,181	0,180	0,196	0,196	0,192	0,193	0,172	0,172	0,170	0,169	0,167	0,154
CCXR160	0,189	0,195	0,187	0,187	0,181	0,181	0,180	0,198	0,198	0,192	0,193	0,174	0,174	0,172	0,170	0,169	0,155
CCXR158	0,180	0,183	0,178	0,186	0,180	0,180	0,178	0,198	0,198	0,189	0,190	0,167	0,167	0,166	0,166	0,164	0,152

Tablo D.4. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,1850)

	CCCA56	CCCA138	CCXS167	CCXS164_165_166	CCXA156	CCXA152	CCCR63_131	CCCR132	CCCR133	CCXV425	CCXV163_430	CCXR157_159	CCXR161	CCXR160	CCXR158
CCCA56	*														
CCCA138	0,003	*													
CCXS167	0,151	0,151	*												
CCXS164_165_166	0,154	0,154	0,005	*											
CCXA156	0,157	0,154	0,149	0,154	*										
CCXA152	0,158	0,155	0,148	0,152	0,005	*									
CCCR63_131	0,140	0,137	0,158	0,158	0,158	0,157	*								
CCCR132	0,140	0,137	0,158	0,161	0,158	0,157	0,003	*							
CCCR133	0,139	0,135	0,157	0,160	0,157	0,155	0,002	0,002	*						
CCXV425	0,146	0,146	0,104	0,108	0,131	0,129	0,149	0,149	0,1476	*					
CCXV163_430	0,149	0,149	0,108	0,113	0,134	0,132	0,151	0,151	0,1492	0,0198	*				
CCXR157_159	0,152	0,152	0,111	0,114	0,160	0,158	0,137	0,137	0,1355	0,0883	0,0944	*			
CCXR161	0,155	0,155	0,113	0,116	0,161	0,160	0,142	0,142	0,1400	0,0898	0,0944	0,0107	*		
CCXR160	0,157	0,157	0,114	0,117	0,163	0,161	0,143	0,143	0,1416	0,0898	0,0944	0,0122	0,0015	*	
CCXR158	0,154	0,154	0,113	0,116	0,158	0,157	0,135	0,135	0,1339	0,0868	0,0928	0,0015	0,0122	0,0137	*

Tablo D.5. Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,157)

	CAAMI	CHTF87	CHTP193_194	CPCS370	CGPF100	CHHB3_107_204	CHHB2	CCCR131	CCCR133	CCCA137	CCCA56_136	CCXA154	CCXA155_156	CCXR158	CCXV425	CCXS165	CCXS164_167
CAAMI	*																
CHTF87	0,168	*															
CHTP193_194	0,184	0,093	*														
CPCS370	0,152	0,145	0,170	*													
CGPF100	0,212	0,158	0,168	0,166	*												
CHHB3_107_204	0,156	0,156	0,156	0,137	0,143	*											
CHHB2	0,158	0,154	0,154	0,139	0,141	0,002	*										
CCCR131	0,152	0,135	0,143	0,125	0,154	0,125	0,127	*									
CCCR133	0,152	0,133	0,141	0,129	0,152	0,125	0,127	0,004	*								
CCCA137	0,162	0,141	0,160	0,129	0,152	0,125	0,127	0,081	0,085	*							
CCCA56_136	0,160	0,141	0,160	0,131	0,152	0,125	0,127	0,079	0,083	0,022	*						
CCXA154	0,156	0,137	0,170	0,137	0,168	0,141	0,143	0,103	0,103	0,107	0,105	*					
CCXA155_156	0,154	0,137	0,168	0,135	0,166	0,141	0,143	0,101	0,101	0,105	0,103	0,002	*				
CCXR158	0,147	0,154	0,158	0,154	0,172	0,145	0,147	0,109	0,109	0,113	0,109	0,089	0,087	*			
CCXV425	0,154	0,139	0,156	0,149	0,178	0,154	0,156	0,115	0,115	0,123	0,119	0,091	0,089	0,071	*		
CCXS165	0,149	0,137	0,154	0,137	0,162	0,137	0,139	0,101	0,101	0,103	0,101	0,097	0,097	0,065	0,067	*	
CCXS164_167	0,145	0,133	0,152	0,135	0,160	0,135	0,137	0,099	0,099	0,099	0,097	0,093	0,093	0,061	0,063	0,004	*

Tablo D.5. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,157)

	CAAMI	CHTF87	CHTP193_194	CPCS370	CGPF100	CHHB3_107_204	CHHB2	CCCRI131	CCCRI133	CCCA137	CCCA56_136	CCXA154	CCXA155_156	CCXR158	CCXV425	CCXS165	CCXS164_167
CCXS166	0,149	0,135	0,154	0,139	0,162	0,139	0,141	0,101	0,101	0,101	0,099	0,097	0,097	0,065	0,067	0,004	0,004
CCPD66_423	0,182	0,149	0,180	0,168	0,178	0,158	0,160	0,143	0,147	0,137	0,139	0,152	0,152	0,164	0,149	0,147	0,143
CCPB61	0,172	0,154	0,178	0,168	0,172	0,141	0,143	0,121	0,121	0,117	0,119	0,123	0,123	0,139	0,141	0,129	0,125
CCPF175_176_178	0,164	0,141	0,160	0,158	0,168	0,131	0,133	0,105	0,105	0,117	0,117	0,133	0,133	0,141	0,133	0,123	0,121
CCCN60	0,176	0,158	0,160	0,141	0,149	0,127	0,125	0,117	0,121	0,123	0,121	0,145	0,147	0,131	0,131	0,133	0,131
CCCV59_141_142_143_145	0,192	0,164	0,178	0,158	0,156	0,152	0,149	0,147	0,147	0,149	0,147	0,156	0,158	0,145	0,149	0,145	0,143
CCIS65_182	0,162	0,154	0,164	0,127	0,160	0,149	0,147	0,117	0,121	0,133	0,133	0,133	0,131	0,147	0,147	0,135	0,133
CHSA201	0,178	0,143	0,176	0,147	0,160	0,158	0,156	0,149	0,149	0,152	0,152	0,127	0,127	0,162	0,145	0,143	0,139
CHSA198	0,176	0,141	0,174	0,145	0,158	0,160	0,158	0,147	0,147	0,149	0,149	0,125	0,125	0,160	0,143	0,141	0,137
CHSA199	0,176	0,139	0,172	0,143	0,156	0,158	0,156	0,145	0,145	0,147	0,147	0,127	0,127	0,162	0,141	0,139	0,135
CCPS108_110_420_421	0,188	0,174	0,178	0,152	0,180	0,156	0,158	0,133	0,133	0,156	0,149	0,149	0,149	0,154	0,154	0,145	0,143
CCPT8_9_10_17	0,174	0,152	0,154	0,131	0,164	0,137	0,139	0,123	0,123	0,135	0,133	0,143	0,143	0,145	0,149	0,145	0,143
CCPF117	0,174	0,141	0,158	0,137	0,178	0,149	0,147	0,119	0,119	0,143	0,141	0,133	0,133	0,149	0,145	0,147	0,143
CCPF116	0,172	0,141	0,156	0,137	0,178	0,147	0,145	0,117	0,117	0,141	0,139	0,133	0,133	0,147	0,143	0,145	0,141
CCPF113_115	0,170	0,139	0,154	0,137	0,176	0,145	0,143	0,115	0,115	0,139	0,137	0,131	0,131	0,145	0,141	0,143	0,139
CCPF114	0,172	0,141	0,156	0,137	0,178	0,147	0,145	0,119	0,119	0,141	0,139	0,135	0,135	0,149	0,145	0,145	0,141
CCPB128_72	0,178	0,149	0,154	0,166	0,164	0,149	0,147	0,149	0,147	0,156	0,156	0,145	0,145	0,156	0,156	0,160	0,158

Tablo D.5. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,157)

	CAAMI	CHTF87	CHTP193_194	CPCS370	CGPF100	CHHB3_107_204	CHHB2	CCCR131	CCCR133	CCCA137	CCCA56_136	CCXA154	CCXA155_156	CCXR158	CCXV425	CCXS165	CCXS164_167
CPPB16	0,178	0,149	0,154	0,164	0,162	0,149	0,147	0,147	0,145	0,154	0,154	0,143	0,143	0,154	0,154	0,158	0,156
CCRC81	0,172	0,152	0,176	0,149	0,166	0,168	0,166	0,154	0,152	0,158	0,156	0,145	0,143	0,160	0,162	0,154	0,152
CCCS98	0,202	0,156	0,184	0,170	0,174	0,158	0,156	0,158	0,158	0,152	0,152	0,147	0,147	0,158	0,149	0,141	0,137
CCCS90_91	0,198	0,156	0,182	0,172	0,176	0,154	0,152	0,158	0,158	0,156	0,156	0,156	0,156	0,158	0,152	0,147	0,143
CCCS89	0,200	0,156	0,180	0,170	0,174	0,154	0,152	0,156	0,156	0,154	0,154	0,154	0,154	0,154	0,152	0,143	0,139
CCCD93_99_71	0,196	0,184	0,190	0,178	0,190	0,170	0,170	0,160	0,160	0,158	0,156	0,154	0,152	0,154	0,152	0,149	0,145
CCCC94	0,206	0,182	0,200	0,192	0,212	0,192	0,190	0,172	0,172	0,168	0,166	0,168	0,170	0,172	0,172	0,152	0,147
CCCD97	0,206	0,182	0,200	0,194	0,210	0,192	0,190	0,170	0,170	0,166	0,164	0,166	0,168	0,170	0,172	0,149	0,145
CCCC95	0,204	0,178	0,196	0,190	0,208	0,190	0,188	0,170	0,170	0,164	0,162	0,168	0,170	0,168	0,172	0,152	0,147
CCCC96	0,202	0,178	0,196	0,190	0,208	0,188	0,186	0,168	0,168	0,164	0,162	0,168	0,170	0,168	0,172	0,152	0,147
CCCS62_64	0,198	0,174	0,196	0,164	0,182	0,154	0,152	0,162	0,164	0,149	0,143	0,152	0,152	0,170	0,162	0,158	0,156
CCCS146_147	0,202	0,174	0,196	0,168	0,184	0,158	0,156	0,166	0,168	0,154	0,147	0,156	0,156	0,174	0,166	0,162	0,160
CAAM202_203	0,184	0,160	0,166	0,156	0,188	0,152	0,154	0,149	0,149	0,156	0,156	0,137	0,137	0,160	0,149	0,147	0,143
CCRA77_78_207	0,147	0,156	0,168	0,147	0,182	0,139	0,137	0,154	0,154	0,147	0,143	0,156	0,154	0,149	0,160	0,154	0,149
CSSK184_186_187	0,212	0,188	0,200	0,174	0,166	0,166	0,164	0,182	0,182	0,190	0,192	0,190	0,188	0,190	0,186	0,190	0,188
CSLF38	0,208	0,194	0,202	0,166	0,176	0,162	0,160	0,182	0,186	0,196	0,196	0,188	0,188	0,204	0,196	0,194	0,192
CSSR189_190_191	0,202	0,212	0,238	0,172	0,198	0,184	0,182	0,196	0,200	0,194	0,194	0,188	0,190	0,200	0,192	0,186	0,184

Tablo D.5. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,157)

	CCXS166	CCPD66_423	CCPB61	CCPF175_176_178	CCCN60	CCCV59_141_142_143_145	CCIS65_182	CHSA201	CHSA198	CHSA199	CCPS108_110_420_421	CCPT8_9_10_17	CCPF117	CCPF116	CCPF113_115	CCPF114	CPPB128_72
CCPD66_423	0,145	*															
CCPB61	0,127	0,093	*														
CCPF175_176_178	0,125	0,105	0,073	*													
CCCN60	0,133	0,129	0,123	0,133	*												
CCCV59_141_142_143_145	0,145	0,149	0,152	0,158	0,099	*											
CCIS65_182	0,135	0,141	0,127	0,117	0,129	0,137	*										
CHSA201	0,143	0,170	0,184	0,180	0,164	0,164	0,156	*									
CHSA198	0,141	0,168	0,182	0,178	0,162	0,162	0,154	0,002	*								
CHSA199	0,139	0,168	0,180	0,176	0,160	0,160	0,152	0,004	0,002	*							
CCPS108_110_420_421	0,145	0,180	0,166	0,158	0,158	0,168	0,149	0,160	0,158	0,160	*						
CCPT8_9_10_17	0,145	0,164	0,152	0,143	0,143	0,168	0,135	0,164	0,162	0,160	0,109	*					
CCPF117	0,145	0,170	0,154	0,149	0,141	0,164	0,135	0,158	0,156	0,154	0,123	0,046	*				
CCPF116	0,143	0,170	0,152	0,147	0,139	0,164	0,135	0,158	0,156	0,154	0,121	0,044	0,002	*			
CCPF113_115	0,141	0,168	0,149	0,145	0,137	0,162	0,133	0,158	0,156	0,154	0,119	0,046	0,004	0,002	*		
CCPF114	0,143	0,170	0,152	0,147	0,139	0,164	0,135	0,158	0,156	0,154	0,119	0,042	0,004	0,002	0,004	*	
CPPB128_72	0,160	0,164	0,162	0,162	0,164	0,190	0,176	0,145	0,143	0,145	0,180	0,166	0,172	0,170	0,168	0,172	*

Tablo D.5. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,157)

	CCXS166	CCPD66_423	CCPB61	CCPF175_176_178	CCCN60	CCCV59_141_142_143_145	CCIS65_182	CHSA201	CHSA198	CHSA199	CCPS108_110_420_421	CCPT8_9_10_17	CCPF117	CCPF116	CCPF113_115	CCPF114	CCPB128_72
CPPB16	0,158	0,164	0,162	0,162	0,162	0,188	0,174	0,143	0,141	0,143	0,180	0,166	0,172	0,170	0,168	0,172	0,002
CCRC81	0,156	0,178	0,172	0,166	0,178	0,192	0,154	0,152	0,149	0,152	0,170	0,166	0,176	0,176	0,176	0,176	0,170
CCCS98	0,141	0,186	0,180	0,168	0,162	0,174	0,172	0,164	0,162	0,160	0,182	0,168	0,170	0,170	0,168	0,170	0,182
CCCS90_91	0,147	0,184	0,178	0,164	0,162	0,184	0,170	0,174	0,172	0,170	0,188	0,170	0,172	0,172	0,170	0,172	0,178
CCCS89	0,143	0,186	0,178	0,166	0,162	0,180	0,172	0,172	0,170	0,168	0,186	0,168	0,170	0,170	0,168	0,170	0,178
CCCD93_99_71	0,149	0,196	0,184	0,180	0,158	0,182	0,180	0,180	0,178	0,176	0,186	0,172	0,174	0,172	0,170	0,172	0,192
CCCC94	0,152	0,212	0,194	0,192	0,186	0,204	0,194	0,178	0,176	0,174	0,208	0,194	0,196	0,194	0,192	0,194	0,212
CCCD97	0,149	0,210	0,196	0,192	0,186	0,204	0,196	0,180	0,178	0,176	0,210	0,194	0,196	0,194	0,192	0,194	0,212
CCCC95	0,152	0,210	0,196	0,190	0,182	0,206	0,194	0,178	0,176	0,174	0,206	0,190	0,192	0,190	0,188	0,190	0,208
CCCC96	0,152	0,208	0,194	0,188	0,182	0,206	0,192	0,178	0,176	0,174	0,208	0,190	0,192	0,190	0,188	0,190	0,208
CCCS62_64	0,158	0,160	0,160	0,143	0,141	0,145	0,139	0,170	0,168	0,166	0,178	0,164	0,170	0,170	0,170	0,172	0,182
CCCS146_147	0,162	0,164	0,164	0,147	0,141	0,149	0,139	0,172	0,170	0,168	0,182	0,168	0,174	0,174	0,174	0,176	0,186
CAAM202_203	0,147	0,198	0,176	0,162	0,174	0,194	0,164	0,147	0,145	0,143	0,149	0,147	0,145	0,145	0,145	0,145	0,184
CCRA77_78_207	0,154	0,166	0,154	0,152	0,154	0,172	0,154	0,154	0,156	0,158	0,168	0,160	0,162	0,160	0,160	0,160	0,158
CSSK184_186_187	0,190	0,200	0,202	0,192	0,172	0,180	0,182	0,188	0,186	0,186	0,178	0,188	0,190	0,190	0,190	0,192	0,198
CSLF38	0,196	0,184	0,198	0,184	0,170	0,190	0,182	0,178	0,176	0,176	0,192	0,186	0,192	0,192	0,192	0,192	0,196
CSSR189_190_191	0,188	0,198	0,218	0,208	0,198	0,198	0,188	0,168	0,166	0,166	0,196	0,186	0,202	0,202	0,202	0,202	0,210

Tablo D.5. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,157)

	CPPB16	CCRC81	CCCD98	CCCS90_91	CCCS89	CCCD93_99_71 _CCCD71	CCCC94	CCCD97	CCCC95	CCCC96	CCCS62_64	CCCS146_147	CAAM202_203	CCRA77_78_207	CSSK184_186_187	CSLF38	CSSR189_190_191
CPPB16	*																
CCRC81	0,168	*															
CCCS98	0,182	0,178	*														
CCCS90_91	0,178	0,182	0,022	*													
CCCS89	0,178	0,182	0,018	0,004	*												
CCCD93_99_71	0,192	0,194	0,083	0,087	0,083	*											
CCCC94	0,210	0,202	0,089	0,089	0,089	0,099	*										
CCCD97	0,210	0,202	0,093	0,093	0,093	0,099	0,004	*									
CCCC95	0,206	0,200	0,093	0,089	0,089	0,095	0,006	0,006	*								
CCCC96	0,206	0,200	0,093	0,089	0,089	0,095	0,004	0,004	0,002	*							
CCCS62_64	0,182	0,186	0,186	0,194	0,190	0,192	0,216	0,216	0,212	0,212	*						
CCCS146_147	0,186	0,186	0,186	0,194	0,190	0,194	0,216	0,216	0,212	0,212	0,004	*					
CAAM202_203	0,182	0,166	0,182	0,180	0,182	0,188	0,202	0,204	0,200	0,200	0,184	0,188	*				
CCRA77_78_207	0,158	0,141	0,174	0,176	0,172	0,174	0,186	0,188	0,188	0,186	0,184	0,188	0,178	*			
CSSK184_186_187	0,198	0,196	0,198	0,204	0,200	0,216	0,220	0,222	0,220	0,218	0,184	0,184	0,198	0,190	*		
CSLF38	0,194	0,196	0,214	0,220	0,216	0,216	0,230	0,230	0,224	0,226	0,170	0,172	0,190	0,200	0,145	*	
CSSR189_190_191	0,208	0,190	0,212	0,216	0,212	0,226	0,220	0,222	0,220	0,218	0,172	0,174	0,202	0,194	0,143	0,113	*

Tablo D.6. Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli nükleer 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,0289)

	CPCS370	CCIS65_182_438	CCRA77_78_207	CSLF38	CSSR190	CSSR189_191	CSSK186	CSSK184_187	CCCS62_64_146_147_435	CCCV141_142_145	CCCV59	CPPB16	CPPB72_128	CHSA198_199_201	CCCN60	CCPS108_110_420_421	CAAM202_203
CPCS370	*																
CCIS65_182_438	0,059	*															
CCRA77_78_207	0,050	0,042	*														
CSLF38	0,048	0,047	0,047	*													
CSSR190	0,055	0,053	0,053	0,023	*												
CSSR189_191	0,054	0,052	0,052	0,022	0,001	*											
CSSK186	0,052	0,046	0,046	0,018	0,013	0,012	*										
CSSK184_187	0,052	0,046	0,046	0,018	0,013	0,012	0,002	*									
CCCS62_64_146_147_435	0,055	0,027	0,041	0,047	0,050	0,049	0,045	0,045	*								
CCCV141_142_145	0,050	0,024	0,039	0,046	0,053	0,052	0,046	0,046	0,022	*							
CCCV59	0,050	0,027	0,041	0,048	0,055	0,054	0,048	0,048	0,024	0,002	*						
CPPB16	0,051	0,036	0,036	0,036	0,041	0,040	0,038	0,038	0,031	0,036	0,038	*					
CPPB72_128	0,050	0,037	0,036	0,035	0,040	0,039	0,037	0,037	0,032	0,037	0,039	0,001	*				
CHSA198_199_201	0,048	0,039	0,040	0,035	0,040	0,039	0,037	0,037	0,037	0,037	0,037	0,026	0,024	*			
CCCN60	0,057	0,028	0,043	0,040	0,047	0,046	0,040	0,040	0,026	0,024	0,027	0,030	0,031	0,038	*		
CCPS108_110_420_421	0,050	0,032	0,037	0,036	0,036	0,035	0,032	0,032	0,034	0,034	0,036	0,035	0,035	0,032	0,032	*	
CAAM202_203	0,052	0,031	0,037	0,038	0,041	0,040	0,036	0,036	0,031	0,029	0,031	0,035	0,035	0,030	0,023	0,024	*

Tablo D.6. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli nüklear 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,0289)

	CPCS370	CCIS65_182_438	CCRA77_78_207	CSLF38	CSSR190	CSSR189_191	CSSK186	CSSK184_187	CCCS62_64_146_147_435	CCCV141_142_145	CCCV59	CPPB16	CPPB72_128	CHSA198_199_201	CCCN60	CCPS108_110_420_421	CAAM202_203
CCCA56_136_137_428_429	0,047	0,028	0,033	0,033	0,037	0,036	0,033	0,033	0,032	0,032	0,034	0,027	0,026	0,027	0,032	0,021	0,021
CCCR63_131_132_133	0,047	0,030	0,035	0,033	0,037	0,036	0,033	0,033	0,034	0,034	0,034	0,029	0,028	0,024	0,034	0,021	0,023
CCXA154_156	0,047	0,032	0,039	0,037	0,037	0,036	0,033	0,033	0,036	0,036	0,036	0,033	0,032	0,029	0,034	0,022	0,023
CCXR158_159_161_CCXS164_165_166_167	0,047	0,030	0,037	0,035	0,039	0,038	0,035	0,035	0,034	0,034	0,034	0,031	0,030	0,027	0,032	0,023	0,023
CCXV425	0,048	0,031	0,038	0,036	0,040	0,039	0,036	0,036	0,033	0,035	0,035	0,030	0,029	0,028	0,031	0,024	0,024
CCPD66_170	0,048	0,021	0,032	0,033	0,036	0,035	0,029	0,029	0,021	0,021	0,023	0,022	0,023	0,024	0,019	0,020	0,020
CCPB61	0,046	0,021	0,028	0,037	0,038	0,037	0,033	0,033	0,023	0,019	0,021	0,027	0,028	0,027	0,026	0,022	0,022
CCPF178	0,051	0,021	0,033	0,036	0,037	0,036	0,033	0,033	0,023	0,026	0,028	0,027	0,028	0,026	0,023	0,021	0,021
CCPF179	0,051	0,021	0,033	0,036	0,037	0,036	0,033	0,033	0,023	0,026	0,028	0,027	0,028	0,026	0,023	0,021	0,021
CCPF175	0,051	0,021	0,033	0,036	0,037	0,036	0,033	0,033	0,023	0,026	0,028	0,027	0,028	0,026	0,023	0,021	0,021
CCPF176	0,051	0,021	0,033	0,036	0,037	0,036	0,033	0,033	0,023	0,026	0,028	0,027	0,028	0,026	0,023	0,021	0,021
CGPF100	0,044	0,037	0,041	0,030	0,037	0,036	0,034	0,034	0,037	0,039	0,041	0,024	0,023	0,021	0,036	0,033	0,032
CHHB2_3_107_204_424	0,045	0,040	0,031	0,033	0,038	0,037	0,033	0,033	0,034	0,036	0,038	0,031	0,030	0,028	0,038	0,027	0,029
CCPF113_114_115_116_117	0,048	0,036	0,040	0,033	0,034	0,033	0,029	0,029	0,036	0,036	0,038	0,032	0,031	0,028	0,034	0,019	0,026
CCPT8_9_10_17_122	0,046	0,038	0,038	0,035	0,036	0,035	0,031	0,031	0,037	0,037	0,039	0,033	0,033	0,030	0,036	0,020	0,026

Tablo D.6. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli nüklear 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,0289)

	CPCS370	CCIS65_182_438	CCRA77_78_207	CSLF38	CSSR190	CSSR189_191	CSSK186	CSSK184_187	CCCS62_64_146_147_435	CCCV141_142_145	CCCV59	CPPB16	CPPB72_128	CHSA198_199_201	CCCN60	CCPS108_110_420_421	CAAM202_203
CCCS90	0,044	0,038	0,034	0,030	0,033	0,032	0,030	0,030	0,032	0,039	0,041	0,028	0,027	0,024	0,038	0,028	0,032
CCCS98	0,043	0,036	0,032	0,029	0,032	0,031	0,029	0,029	0,032	0,037	0,039	0,026	0,024	0,022	0,036	0,026	0,030
CCCS89_91	0,044	0,037	0,033	0,030	0,033	0,032	0,030	0,030	0,031	0,038	0,040	0,027	0,026	0,023	0,037	0,027	0,031
CCCD71_CCCD93_CCCD99	0,046	0,041	0,035	0,032	0,035	0,034	0,032	0,032	0,035	0,042	0,044	0,033	0,032	0,030	0,039	0,028	0,033
CCCC94_95_96_CCCD97	0,046	0,041	0,035	0,030	0,033	0,032	0,030	0,030	0,035	0,042	0,044	0,033	0,032	0,028	0,039	0,027	0,033
CCRC79	0,043	0,036	0,035	0,034	0,037	0,036	0,034	0,034	0,033	0,037	0,039	0,026	0,026	0,023	0,034	0,024	0,026
CCRC80_81_82	0,042	0,032	0,031	0,034	0,037	0,036	0,034	0,034	0,029	0,033	0,035	0,023	0,023	0,021	0,032	0,022	0,024
CHTP193	0,044	0,032	0,035	0,029	0,037	0,036	0,032	0,032	0,034	0,036	0,038	0,027	0,026	0,026	0,030	0,021	0,026
CHTP194	0,044	0,031	0,034	0,028	0,036	0,035	0,031	0,031	0,033	0,035	0,037	0,026	0,024	0,024	0,029	0,020	0,024
CHTF87-419	0,047	0,035	0,040	0,032	0,036	0,035	0,031	0,031	0,037	0,039	0,041	0,028	0,027	0,029	0,033	0,022	0,027
CHTF197_427_434	0,047	0,034	0,039	0,031	0,035	0,034	0,030	0,030	0,036	0,038	0,040	0,027	0,026	0,028	0,032	0,021	0,026

Tablo D.6. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli nüklear 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,0289)

	CCCA56_136_137_428_429	CCCR63_131_132_133	CCXA154_156	CCXR158_159_161_164_165_166_167	CCXV425	CCPD66_170	CCPB61	CCPF178	CCPF179	CCPF175	CCPF176	CGPF100	CHHB2_3_107_204_424	CCPF113_114_115_116_117	CCPT8_9_10_17_122
CCCA56_136_137_428_429	*														
CCCR63_131_132_133	0,004	*													
CCXA154_156	0,008	0,006	*												
CCXR158_159_161_164_165_166_167	0,006	0,004	0,004	*											
CCXV425	0,007	0,005	0,005	0,001	*										
CCPD66_170	0,018	0,018	0,022	0,020	0,021	*									
CCPB61	0,020	0,020	0,024	0,022	0,023	0,008	*								
CCPF178	0,019	0,021	0,026	0,023	0,024	0,006	0,008	*							
CCPF179	0,019	0,021	0,026	0,023	0,024	0,006	0,008	0,000	*						
CCPF175	0,019	0,021	0,026	0,023	0,024	0,006	0,008	0,000	0,000	*					
CCPF176	0,019	0,021	0,026	0,023	0,024	0,006	0,008	0,000	0,000	0,000	*				
CGPF100	0,027	0,029	0,029	0,029	0,030	0,027	0,031	0,030	0,030	0,030	0,030	*			
CHHB2_3_107_204_424	0,024	0,027	0,029	0,027	0,028	0,027	0,029	0,030	0,030	0,030	0,030	0,029	*		
CCPF113_114_115_116_117	0,021	0,023	0,023	0,023	0,024	0,022	0,027	0,026	0,026	0,026	0,026	0,026	0,021	*	
CCPT8_9_10_17_122	0,022	0,024	0,024	0,024	0,026	0,024	0,029	0,028	0,028	0,028	0,028	0,028	0,023	0,004	*

Tablo D.6. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli nüklear 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,0289)

	CCCA56_136_137_428_429	CCCR63_131_132_133	CCXA154_156	CCXR158_159_161_CXXS164_165_166_167	CCXV425	CCPD66_170	CCPB61	CCPF178	CCPF179	CCPF175	CCPF176	CGPF100	CHHB2_3_107_204_424	CCPF113_114_115_116_117	CCPT8_9_10_17_122
CCCS90	0,024	0,027	0,029	0,027	0,028	0,024	0,029	0,028	0,028	0,028	0,028	0,024	0,020	0,026	0,026
CCCS98	0,022	0,024	0,027	0,024	0,026	0,022	0,027	0,026	0,026	0,026	0,026	0,023	0,020	0,023	0,023
CCCS89_91	0,023	0,026	0,028	0,026	0,027	0,023	0,028	0,027	0,027	0,027	0,027	0,024	0,019	0,024	0,024
CCCD71_CCCD93_CCCD99	0,028	0,030	0,032	0,030	0,031	0,028	0,032	0,031	0,031	0,031	0,031	0,027	0,019	0,024	0,024
CCCC94_95_96_CCCD97	0,028	0,028	0,032	0,030	0,031	0,026	0,030	0,029	0,029	0,029	0,029	0,027	0,021	0,024	0,024
CCRC79	0,023	0,026	0,028	0,026	0,027	0,022	0,027	0,026	0,026	0,026	0,026	0,020	0,022	0,022	0,019
CCRC80_81_82	0,020	0,022	0,024	0,022	0,023	0,018	0,022	0,021	0,021	0,021	0,021	0,018	0,022	0,022	0,020
CHTP193	0,022	0,024	0,027	0,024	0,026	0,020	0,024	0,023	0,023	0,023	0,023	0,022	0,018	0,018	0,021
CHTP194	0,021	0,023	0,026	0,023	0,024	0,019	0,023	0,022	0,022	0,022	0,022	0,021	0,017	0,017	0,020
CHTF87-419	0,026	0,028	0,026	0,028	0,029	0,023	0,028	0,027	0,027	0,027	0,027	0,021	0,022	0,017	0,020
CHTF197_427_434	0,024	0,027	0,024	0,027	0,028	0,022	0,027	0,026	0,026	0,026	0,026	0,020	0,021	0,018	0,021

Tablo D.6. (Devam) Cerambycinae alt familyasına ait Kocaeli nüklear 28S rRNA D1-D2 geni genotipler arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,0289)

	CCCS90	CCCS98	CCCS89_91	CCCD71_CCCD93_CCCD99	CCCC94_95_96_CCCD97	CCRC79	CCRC80_81_82	CHTP193	CHTP194	CHTF87-419	CHTF197_427_434
CCCS90	*										
CCCS98	0,002	*									
CCCS89_91	0,001	0,001	*								
CCCD71_CCCD93_CCCD99	0,007	0,007	0,006	*							
CCCC94_95_96_CCCD97	0,007	0,007	0,006	0,002	*						
CCRC79	0,019	0,017	0,018	0,020	0,020	*					
CCRC80_81_82	0,015	0,013	0,014	0,018	0,018	0,005	*				
CHTP193	0,023	0,021	0,022	0,021	0,022	0,017	0,017	*			
CHTP194	0,022	0,020	0,021	0,020	0,021	0,016	0,016	0,001	*		
CHTF87-419	0,027	0,024	0,026	0,024	0,026	0,018	0,018	0,009	0,008	*	
CHTF197_427_434	0,026	0,023	0,024	0,023	0,024	0,017	0,017	0,008	0,007	0,001	*

Tablo D.7. Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,155)

	LLPE263_267	LLSM257	LLSB249	LLSB247	LLSB253	LLPP259	LLPP258	LRCF260_261	LLSS86	LLSS210_262	LLAD232	LLAD231	LLAD233	LLSC244	LLSC83
LLPE263_267	*														
LLSM257	0,187	*													
LLSB249	0,178	0,134	*												
LLSB247	0,174	0,131	0,023	*											
LLSB253	0,177	0,135	0,035	0,027	*										
LLPP259	0,178	0,129	0,037	0,029	0,008	*									
LLPP258	0,183	0,129	0,024	0,018	0,029	0,033	*								
LRCF260_261	0,190	0,175	0,163	0,166	0,167	0,163	0,169	*							
LLSS86	0,170	0,178	0,155	0,152	0,157	0,158	0,157	0,169	*						
LLSS210_262	0,172	0,180	0,152	0,152	0,157	0,158	0,154	0,166	0,006	*					
LLAD232	0,178	0,167	0,164	0,152	0,157	0,157	0,157	0,163	0,146	0,143	*				
LLAD231	0,183	0,169	0,164	0,155	0,160	0,160	0,157	0,167	0,149	0,146	0,005	*			
LLAD233	0,181	0,167	0,164	0,155	0,160	0,160	0,157	0,166	0,149	0,146	0,003	0,002	*		
LLSC244	0,198	0,190	0,181	0,174	0,178	0,177	0,177	0,189	0,172	0,170	0,143	0,143	0,145	*	
LLSC83	0,183	0,177	0,161	0,160	0,164	0,163	0,160	0,174	0,158	0,154	0,126	0,128	0,129	0,023	*

Tablo D.7. Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,155)

	LLPE263_267	LLSM257	LLSB249	LLSB247	LLSB253	LLPP259	LLPP258	LRCF260_261	LLSS86	LLSS210_262	LLAD232	LLAD231	LLAD233	LLSC244	LLSC83
LLSC240	0,184	0,175	0,163	0,158	0,163	0,161	0,161	0,174	0,157	0,155	0,128	0,129	0,131	0,021	0,002
LLSF219-222	0,187	0,172	0,163	0,160	0,166	0,166	0,161	0,145	0,143	0,145	0,139	0,139	0,137	0,163	0,149
LSSF216	0,181	0,163	0,160	0,154	0,163	0,163	0,155	0,148	0,137	0,139	0,134	0,137	0,135	0,160	0,145
LSSF217	0,180	0,163	0,164	0,160	0,166	0,163	0,161	0,149	0,140	0,142	0,132	0,135	0,134	0,155	0,140
LRRB73	0,166	0,180	0,177	0,175	0,178	0,180	0,175	0,166	0,172	0,170	0,155	0,157	0,155	0,195	0,177
LRR176	0,177	0,204	0,189	0,187	0,195	0,195	0,193	0,177	0,183	0,183	0,161	0,163	0,163	0,196	0,181
LRR1228	0,178	0,202	0,190	0,189	0,196	0,196	0,195	0,178	0,184	0,184	0,163	0,164	0,164	0,198	0,183
LRRM75	0,181	0,183	0,175	0,174	0,178	0,180	0,170	0,161	0,163	0,163	0,149	0,149	0,149	0,195	0,180
LRRF74_283	0,204	0,177	0,163	0,167	0,174	0,175	0,167	0,170	0,177	0,177	0,186	0,186	0,186	0,204	0,189
LLA282	0,183	0,160	0,151	0,151	0,157	0,154	0,151	0,152	0,145	0,145	0,145	0,145	0,145	0,170	0,157
LLSPA272	0,181	0,189	0,175	0,181	0,187	0,189	0,183	0,172	0,178	0,177	0,163	0,166	0,164	0,189	0,170
LLSPA274	0,178	0,186	0,174	0,177	0,183	0,184	0,178	0,169	0,172	0,170	0,157	0,160	0,158	0,189	0,170
LLSPA271	0,181	0,184	0,177	0,180	0,186	0,184	0,181	0,174	0,177	0,175	0,158	0,161	0,160	0,187	0,169
LLSPA273	0,180	0,186	0,174	0,177	0,183	0,184	0,178	0,170	0,174	0,172	0,158	0,161	0,160	0,189	0,170
LLRM224	0,181	0,177	0,163	0,166	0,170	0,166	0,166	0,163	0,175	0,175	0,145	0,143	0,142	0,172	0,158
LLRM225	0,180	0,177	0,169	0,177	0,172	0,170	0,175	0,155	0,167	0,164	0,140	0,142	0,140	0,167	0,152

Tablo D.7. Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,155)

	LLSC240	LLSF219-222	LSSF216	LSSF217	LRRB73	LRRI76	LRRI228	LRRM75	LRRF74_283	LLA282	LLSPA272	LLSPA274	LLSPA271	LLSPA273	LLRM224	LLRM225
LLSC240	*															
LLSF219-222	0,148	*														
LSSF216	0,143	0,017	*													
LSSF217	0,139	0,027	0,017	*												
LRRB73	0,178	0,149	0,152	0,152	*											
LRRI76	0,181	0,151	0,151	0,146	0,131	*										
LRRI228	0,183	0,152	0,152	0,148	0,132	0,002	*									
LRRM75	0,180	0,131	0,129	0,128	0,125	0,107	0,108	*								
LRRF74_283	0,189	0,170	0,166	0,163	0,152	0,142	0,143	0,099	*							
LLA282	0,155	0,135	0,131	0,135	0,174	0,174	0,175	0,142	0,161	*						
LLSPA272	0,172	0,160	0,163	0,163	0,175	0,170	0,172	0,170	0,181	0,142	*					
LLSPA274	0,172	0,158	0,158	0,160	0,174	0,166	0,167	0,164	0,181	0,139	0,011	*				
LLSPA271	0,170	0,160	0,160	0,161	0,177	0,167	0,169	0,169	0,183	0,140	0,008	0,006	*			
LLSPA273	0,172	0,160	0,160	0,161	0,175	0,167	0,169	0,164	0,181	0,139	0,009	0,002	0,005	*		
LLRM224	0,157	0,157	0,157	0,155	0,178	0,177	0,178	0,151	0,183	0,131	0,134	0,125	0,126	0,125	*	
LLRM225	0,154	0,154	0,157	0,155	0,180	0,180	0,181	0,157	0,187	0,132	0,134	0,128	0,126	0,128	0,037	*

Tablo D.8. Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,101)

	LLPE2 68	LLSM 257	LLSB2 49	LLSB2 46_24 7	LRRB 73	LRR17 6	LRR12 26	LRR12 28	LRRM 75	LRRF 283	LRRF 74	LLSP A272	LLSP A271
LLPE268	*												
LLSM257	0,144	*											
LLSB249	0,156	0,061	*										
LLSB246_247	0,152	0,057	0,004	*									
LRRB73	0,137	0,098	0,107	0,104	*								
LRR176	0,169	0,139	0,148	0,144	0,096	*							
LRR1226	0,137	0,113	0,119	0,115	0,061	0,035	*						
LRR1228	0,144	0,119	0,126	0,122	0,069	0,043	0,007	*					
LRRM75	0,139	0,111	0,107	0,104	0,057	0,085	0,050	0,057	*				
LRRF283	0,135	0,102	0,111	0,107	0,056	0,078	0,044	0,052	0,039	*			
LRRF74	0,137	0,102	0,113	0,109	0,057	0,080	0,046	0,050	0,041	0,002	*		
LLSPA272	0,150	0,133	0,119	0,115	0,122	0,156	0,130	0,137	0,126	0,119	0,120	*	
LLSPA271	0,130	0,115	0,094	0,094	0,100	0,139	0,107	0,115	0,106	0,102	0,104	0,030	*
LLA282	0,133	0,115	0,126	0,122	0,089	0,139	0,107	0,115	0,111	0,107	0,109	0,111	0,096
LLAD232-233	0,131	0,109	0,111	0,107	0,089	0,135	0,104	0,111	0,102	0,098	0,100	0,098	0,080
LLAD231	0,130	0,107	0,109	0,106	0,087	0,133	0,102	0,109	0,100	0,096	0,098	0,096	0,078
LLSS262	0,157	0,137	0,150	0,146	0,111	0,148	0,120	0,122	0,137	0,126	0,128	0,139	0,119
LLSS211	0,157	0,137	0,150	0,146	0,111	0,144	0,120	0,122	0,137	0,126	0,128	0,139	0,119
LLSS210	0,154	0,133	0,146	0,143	0,107	0,148	0,117	0,122	0,133	0,122	0,124	0,135	0,115
LLSS86	0,152	0,131	0,144	0,141	0,106	0,146	0,115	0,120	0,131	0,120	0,122	0,133	0,113
LLSF222	0,148	0,107	0,115	0,111	0,091	0,139	0,107	0,115	0,109	0,106	0,107	0,113	0,093
LLSF219	0,154	0,113	0,120	0,117	0,096	0,144	0,113	0,120	0,115	0,111	0,113	0,119	0,098
LLSC83	0,141	0,107	0,113	0,109	0,078	0,130	0,096	0,102	0,102	0,098	0,098	0,096	0,080
LLSC244	0,137	0,106	0,109	0,106	0,074	0,126	0,093	0,100	0,098	0,094	0,096	0,093	0,076
LLSC240	0,137	0,106	0,109	0,106	0,078	0,126	0,093	0,100	0,098	0,094	0,096	0,093	0,076
LRCF260_261	0,143	0,128	0,119	0,115	0,093	0,130	0,104	0,111	0,098	0,094	0,096	0,115	0,102

Tablo D.8. (Devam) Lepturinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,101)

	LLLA282	LLAD232-233	LLAD231	LLSS262	LLSS211	LLSS210	LLSS86	LLSF222	LLSF219	LLSC83	LLSC244	LLSC240	LRCF260_261
LLLA282	*												
LLAD232-233	0,076	*											
LLAD231	0,074	0,002	*										
LLSS262	0,096	0,094	0,096	*									
LLSS211	0,096	0,098	0,096	0,007	*								
LLSS210	0,089	0,094	0,093	0,007	0,007	*							
LLSS86	0,091	0,093	0,091	0,006	0,006	0,002	*						
LLSF222	0,081	0,081	0,080	0,087	0,087	0,083	0,081	*					
LLSF219	0,087	0,083	0,085	0,089	0,093	0,089	0,087	0,006	*				
LLSC83	0,069	0,070	0,069	0,080	0,080	0,076	0,074	0,063	0,069	*			
LLSC244	0,065	0,067	0,065	0,076	0,076	0,072	0,070	0,059	0,065	0,004	*		
LLSC240	0,069	0,065	0,067	0,076	0,080	0,076	0,074	0,063	0,065	0,007	0,004	*	
LRCF260_261	0,109	0,100	0,098	0,126	0,126	0,122	0,120	0,107	0,113	0,093	0,089	0,089	*

Tablo D.9. Lepturinae alt familyasına ait nükleer 28S rRNA D1-D2 geni Kocaeli genotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,0265)

	LLSB249	LLSB253	LLRM225	LLRM224	LRCF260_261	LRRM75	LRRF74_283	LRR176_226	LLAD232	LLAD233	LLAD231	LLSC83_244	LLSB246	LLSS86_210_262	LRRB73	LLSPA274	LLSPA273	LLSPA271	LLSPA272	LLA282	LLSF219_222
LLSB249	*																				
LLSB253	0,011	*																			
LLRM225	0,037	0,027	*																		
LLRM224	0,037	0,027	0,000	*																	
LRCF260_261	0,037	0,027	0,032	0,032	*																
LRRM75	0,037	0,026	0,027	0,027	0,027	*															
LRRF74_283	0,035	0,024	0,027	0,027	0,027	0,002	*														
LRR176_226	0,038	0,027	0,030	0,030	0,030	0,003	0,005	*													
LLAD232	0,041	0,030	0,036	0,036	0,034	0,029	0,029	0,030	*												
LLAD233	0,038	0,027	0,033	0,033	0,031	0,026	0,026	0,027	0,009	*											
LLAD231	0,036	0,025	0,031	0,031	0,029	0,024	0,024	0,025	0,007	0,002	*										
LLSC83_244	0,037	0,026	0,029	0,029	0,031	0,023	0,023	0,024	0,011	0,008	0,006	*									
LLSB246	0,033	0,022	0,028	0,028	0,025	0,019	0,019	0,018	0,023	0,020	0,018	0,020	*								
LLSS86_210_262	0,032	0,021	0,025	0,025	0,026	0,020	0,020	0,019	0,019	0,016	0,015	0,013	0,012	*							
LRRB73	0,040	0,029	0,033	0,033	0,030	0,025	0,025	0,026	0,034	0,031	0,029	0,029	0,026	0,023	*						
LLSPA274	0,035	0,026	0,024	0,024	0,032	0,027	0,027	0,028	0,037	0,031	0,030	0,032	0,025	0,024	0,037	*					
LLSPA273	0,032	0,022	0,020	0,020	0,028	0,023	0,023	0,024	0,033	0,030	0,028	0,028	0,021	0,020	0,033	0,006	*				
LLSPA271	0,031	0,020	0,018	0,018	0,026	0,021	0,021	0,022	0,031	0,028	0,026	0,026	0,019	0,018	0,031	0,006	0,002	*			
LLSPA272	0,034	0,023	0,021	0,021	0,029	0,024	0,024	0,025	0,034	0,030	0,029	0,029	0,022	0,021	0,034	0,005	0,003	0,003	*		
LLA282	0,036	0,025	0,027	0,027	0,032	0,026	0,028	0,027	0,030	0,027	0,025	0,025	0,024	0,021	0,031	0,030	0,026	0,024	0,027	*	
LLSF219_222	0,043	0,032	0,043	0,043	0,043	0,028	0,028	0,027	0,030	0,027	0,025	0,025	0,025	0,022	0,037	0,036	0,032	0,030	0,033	0,040	*

Tablo D.10. Spondylidinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,104)

	SSSB23	SSSB21	SSSB379	SSSB24	SSSB22_2_5_381	SSSB382	SAAR399	SAAR411	SAAR405	SAAR395_396	SAAR408	SAAR417	SAAR414
SSSB23	*												
SSSB21	0,006	*											
SSSB379	0,006	0,006	*										
SSSB24	0,005	0,005	0,005	*									
SSSB22_25_381	0,003	0,003	0,003	0,002	*								
SSSB382	0,005	0,005	0,005	0,003	0,002	*							
SAAR399	0,204	0,202	0,202	0,201	0,202	0,204	*						
SAAR411	0,199	0,198	0,198	0,196	0,198	0,199	0,006	*					
SAAR405	0,199	0,198	0,198	0,196	0,198	0,199	0,006	0,003	*				
SAAR395_396	0,201	0,199	0,199	0,198	0,199	0,201	0,005	0,002	0,002	*			
SAAR408	0,201	0,199	0,199	0,198	0,199	0,201	0,014	0,014	0,014	0,012	*		
SAAR417	0,202	0,201	0,201	0,199	0,201	0,202	0,018	0,015	0,015	0,014	0,017	*	
SAAR414	0,199	0,198	0,198	0,196	0,198	0,199	0,015	0,009	0,012	0,011	0,014	0,015	*
SAAR402	0,199	0,198	0,198	0,196	0,198	0,199	0,012	0,009	0,009	0,008	0,011	0,012	0,009
SAAR404_410_398	0,202	0,201	0,201	0,199	0,201	0,202	0,009	0,006	0,006	0,005	0,011	0,012	0,009
SAAR406	0,204	0,202	0,202	0,201	0,202	0,204	0,014	0,011	0,011	0,009	0,012	0,014	0,008
SAAS394	0,198	0,196	0,196	0,195	0,196	0,198	0,014	0,011	0,011	0,009	0,012	0,011	0,011
SAAR409	0,204	0,202	0,202	0,201	0,202	0,204	0,012	0,009	0,009	0,008	0,011	0,009	0,009
SAAR415	0,202	0,201	0,201	0,199	0,201	0,202	0,012	0,009	0,009	0,008	0,011	0,012	0,009
SAAR413	0,204	0,202	0,202	0,201	0,202	0,204	0,009	0,009	0,009	0,008	0,008	0,012	0,009
SAAR390	0,205	0,204	0,204	0,202	0,204	0,205	0,014	0,011	0,011	0,009	0,012	0,011	0,011
SAAS393	0,202	0,201	0,201	0,199	0,201	0,202	0,009	0,006	0,006	0,005	0,008	0,009	0,006
SAAR387	0,204	0,202	0,202	0,201	0,202	0,204	0,011	0,008	0,008	0,006	0,009	0,008	0,008
SAAT378	0,176	0,175	0,176	0,175	0,176	0,178	0,181	0,179	0,182	0,181	0,185	0,182	0,176
SAAS401	0,172	0,170	0,167	0,169	0,170	0,172	0,161	0,158	0,158	0,160	0,160	0,160	0,155
SAAF389_400	0,185	0,184	0,184	0,182	0,184	0,185	0,157	0,155	0,158	0,157	0,160	0,158	0,157

Tablo D.10. (Devam) Spondylidinae alt familyasına ait mitokondriyal COI geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,104)

	SAAR402	SAAR404_410_398	SAAR406	SAAS394	SAAR409	SAAR415	SAAR413	SAAR390	SAAS393	SAAR387	SAAT378	SAAS401	SAAF389_400
SAAR404_410_398	0,003	*											
SAAR406	0,008	0,008	*										
SAAS394	0,008	0,008	0,009	*									
SAAR409	0,006	0,006	0,008	0,008	*								
SAAR415	0,006	0,006	0,008	0,008	0,006	*							
SAAR413	0,006	0,006	0,008	0,008	0,006	0,006	*						
SAAR390	0,008	0,008	0,009	0,009	0,008	0,008	0,008	*					
SAAS393	0,003	0,003	0,005	0,005	0,003	0,003	0,003	0,005	*				
SAAR387	0,005	0,005	0,006	0,006	0,005	0,005	0,005	0,003	0,002	*			
SAAT378	0,181	0,184	0,178	0,182	0,185	0,184	0,182	0,187	0,182	0,184	*		
SAAS401	0,157	0,160	0,157	0,161	0,158	0,160	0,160	0,163	0,158	0,160	0,143	*	
SAAF389_400	0,158	0,160	0,155	0,160	0,158	0,161	0,160	0,157	0,160	0,158	0,135	0,117	*

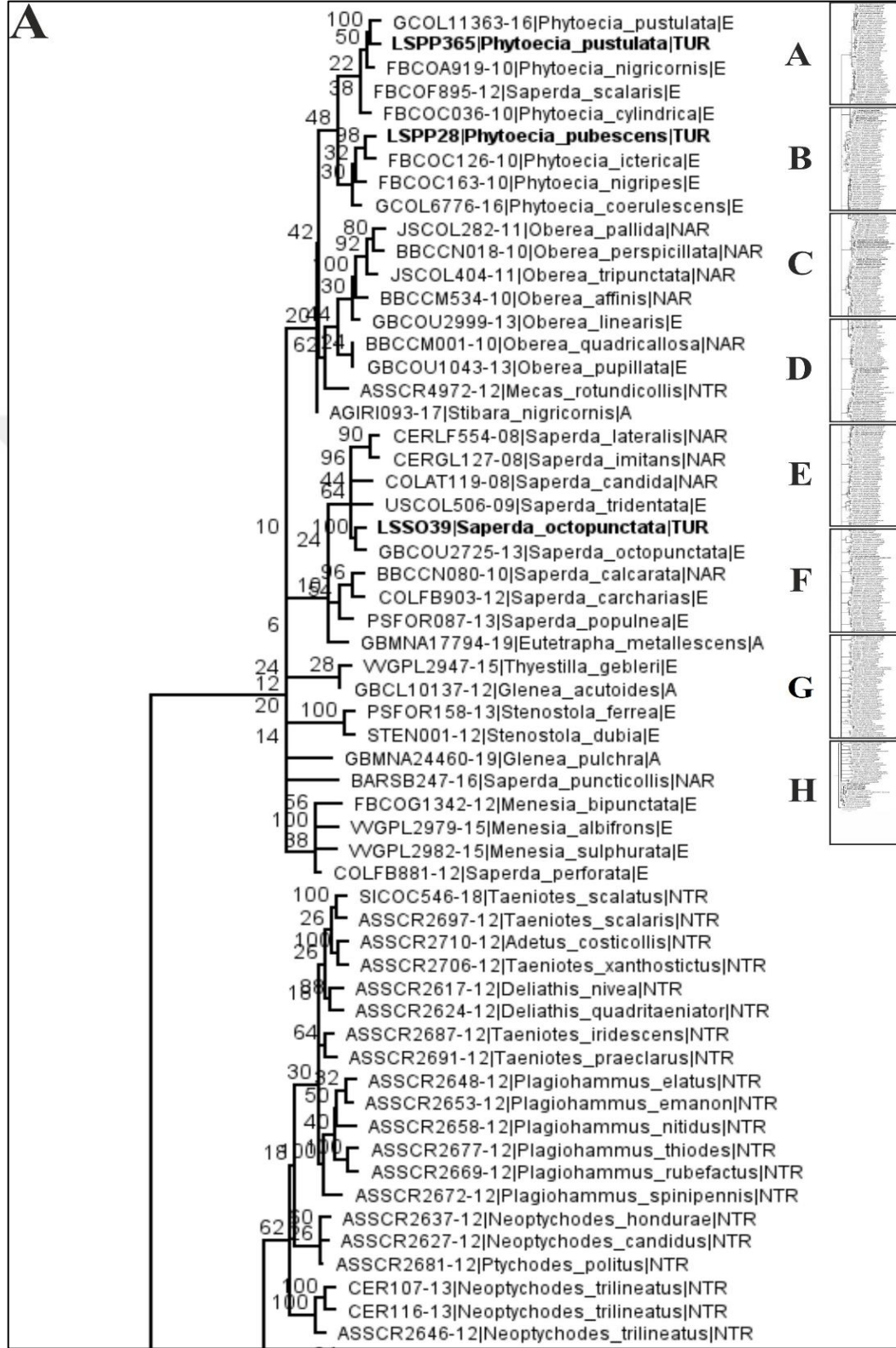
Tablo D.11. (Devam) Spondylidinae alt familyasına ait mitokondriyal 16S rRNA geni Kocaeli haplotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,082)

	SSSB24	SSSB379	SSSB382	SSSB23_25	SSSB21	SSSB22	SAAT378	SAAF389	SAAR398	SAAR387	SAAR405	SAAR404	SAAS393	SAAR409	SAAR411	SAAR402	SAAR410	SAAR395_396	SAAR406_415	SAAR414	
SSSB24	*																				
SSSB379	0,020	*																			
SSSB382	0,018	0,002	*																		
SSSB23_25	0,020	0,011	0,013	*																	
SSSB21	0,024	0,022	0,024	0,011	*																
SSSB22	0,022	0,020	0,022	0,009	0,002	*															
SAAT378	0,158	0,171	0,173	0,160	0,164	0,162	*														
SAAF389	0,138	0,144	0,145	0,155	0,158	0,156	0,102	*													
SAAR398	0,145	0,135	0,136	0,145	0,147	0,145	0,120	0,062	*												
SAAR387	0,133	0,147	0,145	0,147	0,151	0,149	0,107	0,058	0,029	*											
SAAR405	0,135	0,149	0,147	0,144	0,144	0,145	0,104	0,060	0,031	0,007	*										
SAAR404	0,129	0,135	0,136	0,145	0,149	0,147	0,105	0,045	0,016	0,013	0,015	*									
SAAS393	0,138	0,129	0,127	0,140	0,147	0,145	0,115	0,058	0,016	0,022	0,024	0,013	*								
SAAR409	0,145	0,142	0,142	0,136	0,144	0,145	0,113	0,073	0,033	0,022	0,022	0,027	0,020	*							
SAAR411	0,147	0,147	0,149	0,136	0,136	0,135	0,111	0,075	0,029	0,027	0,024	0,029	0,025	0,027	*						
SAAR402	0,144	0,142	0,144	0,131	0,124	0,122	0,105	0,071	0,024	0,027	0,024	0,025	0,024	0,025	0,013	*					
SAAR410	0,144	0,133	0,131	0,127	0,138	0,136	0,109	0,069	0,024	0,020	0,016	0,024	0,015	0,016	0,020	0,015	*				
SAAR395_396	0,144	0,135	0,136	0,124	0,135	0,133	0,102	0,067	0,025	0,027	0,024	0,025	0,020	0,018	0,016	0,011	0,007	*			
SAAR406_415	0,142	0,133	0,135	0,122	0,133	0,131	0,104	0,069	0,024	0,025	0,022	0,024	0,018	0,016	0,015	0,009	0,005	0,002	*		
SAAR414	0,140	0,131	0,133	0,120	0,131	0,129	0,102	0,071	0,025	0,027	0,024	0,025	0,020	0,018	0,016	0,011	0,007	0,004	0,002	*	

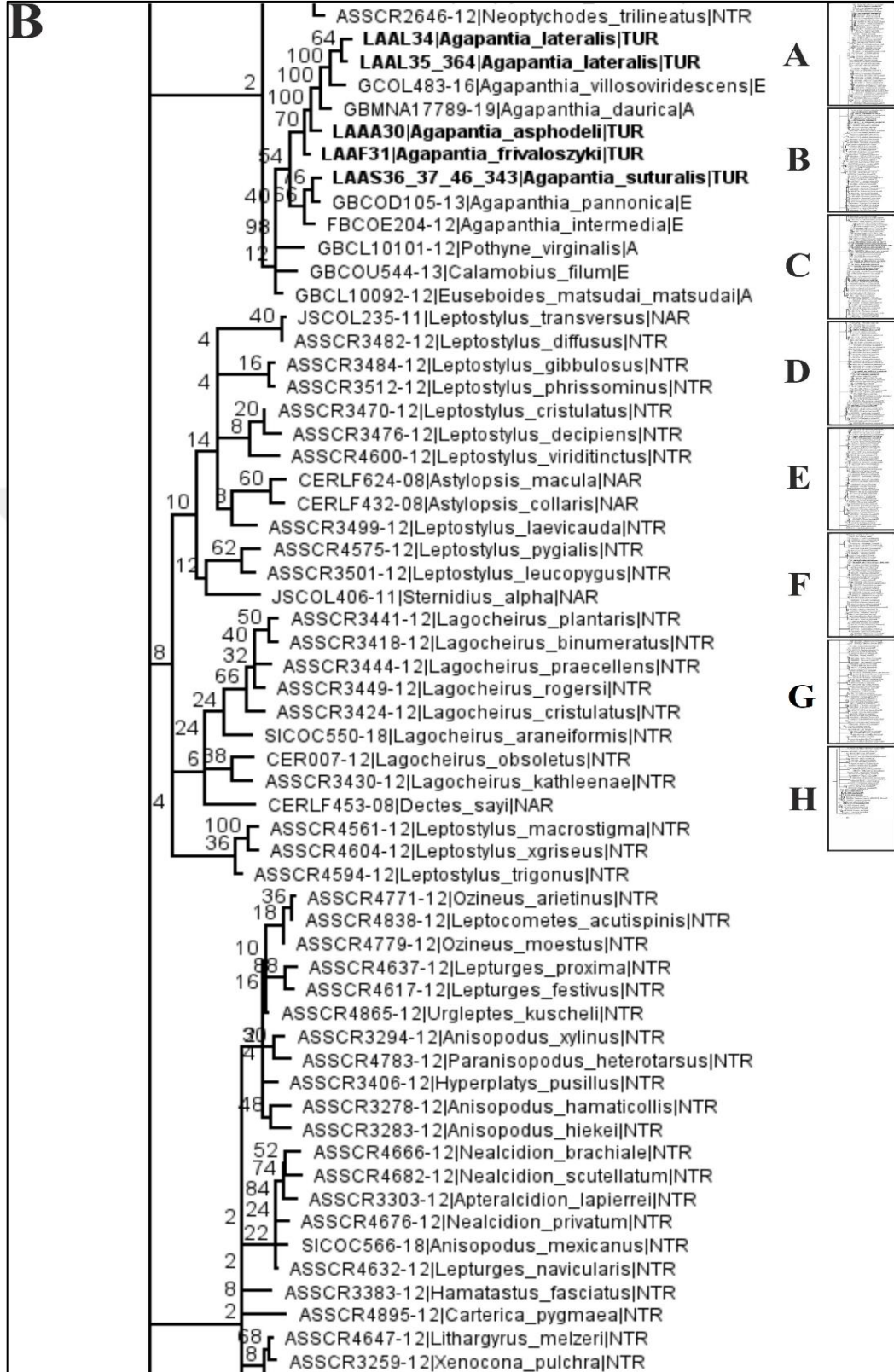
Tablo D.12. Spondylidinae alt familyasına ait nükleer 28S rRNA D1-D2 geni Kocaeli genotipleri arası p-distance modeli kullanılarak hesaplanmış genetik uzaklık değerleri (ortalama 0,023)

	SSSB24	SSSB21_22_25_382	SSSB23	SAAS401	SAAR409	SAAR387	SAAR398_395_405_408_410_411_414_415_417	SAAR404	SAAR396_399_406	SAAF389
SSSB24	*									
SSSB21_22_25_382	0,002	*								
SSSB23	0,009	0,007	*							
SAAS401	0,041	0,039	0,046	*						
SAAR409	0,044	0,042	0,049	0,012	*					
SAAR387	0,039	0,037	0,044	0,008	0,004	*				
SAAR398,395,405,408,410,411,414,415,417	0,040	0,038	0,045	0,009	0,004	0,000	*			
SAAR404	0,047	0,045	0,038	0,015	0,011	0,007	0,007	*		
SAAR396_399_406	0,041	0,039	0,046	0,010	0,005	0,001	0,001	0,008	*	
SAAF389	0,041	0,039	0,046	0,010	0,005	0,001	0,001	0,008	0,002	*

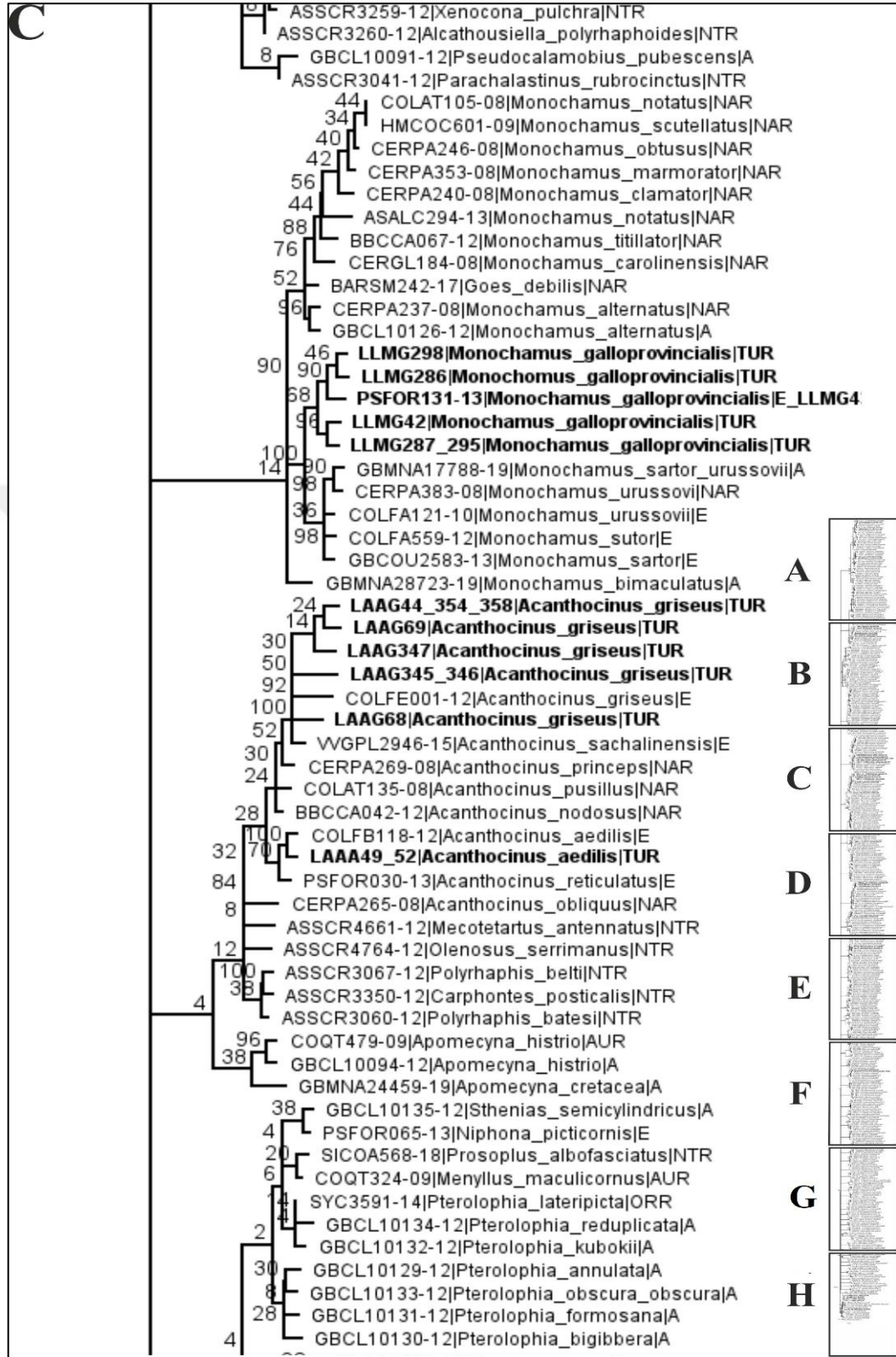
EK-E



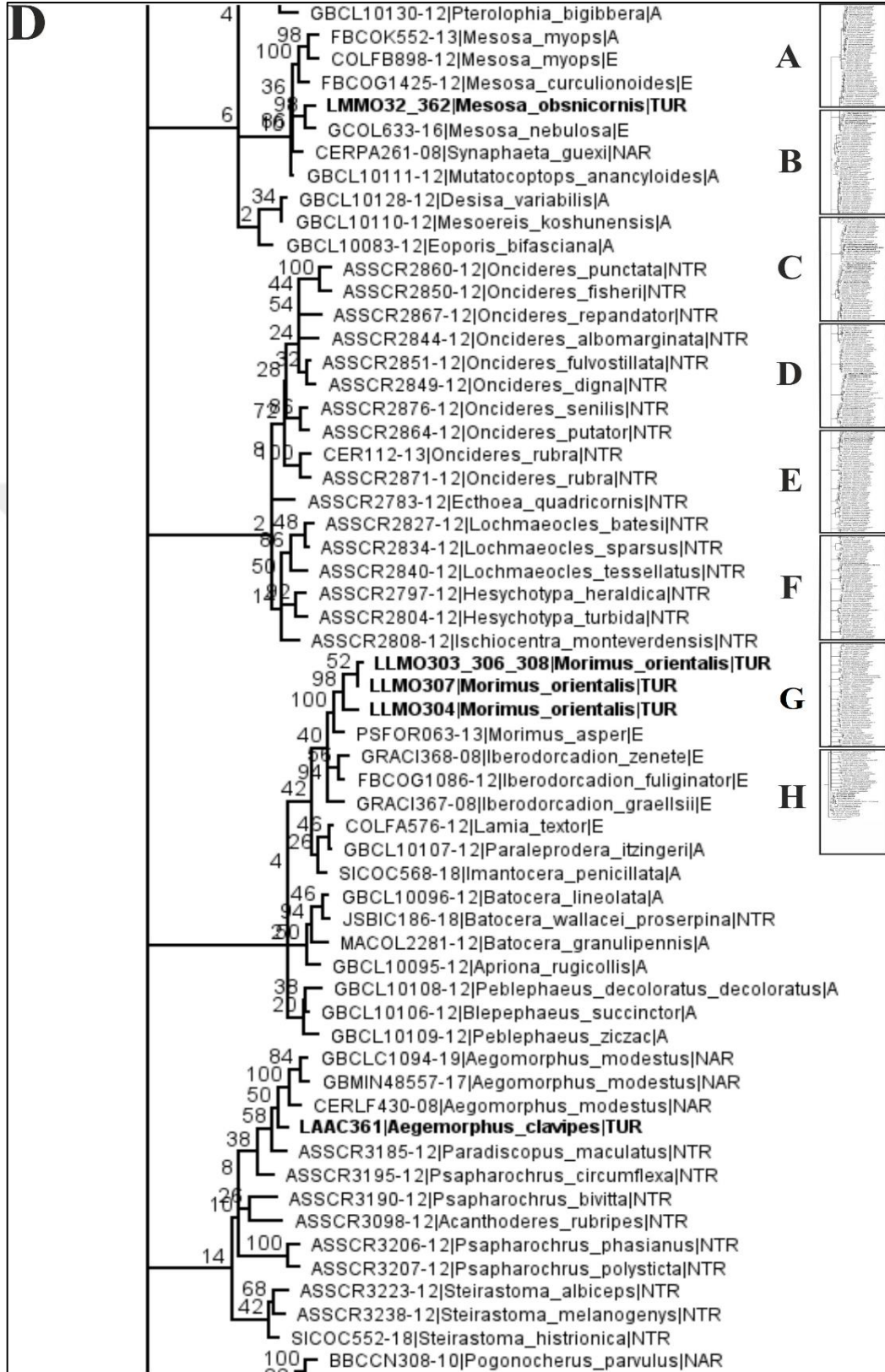
Şekil E.1. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



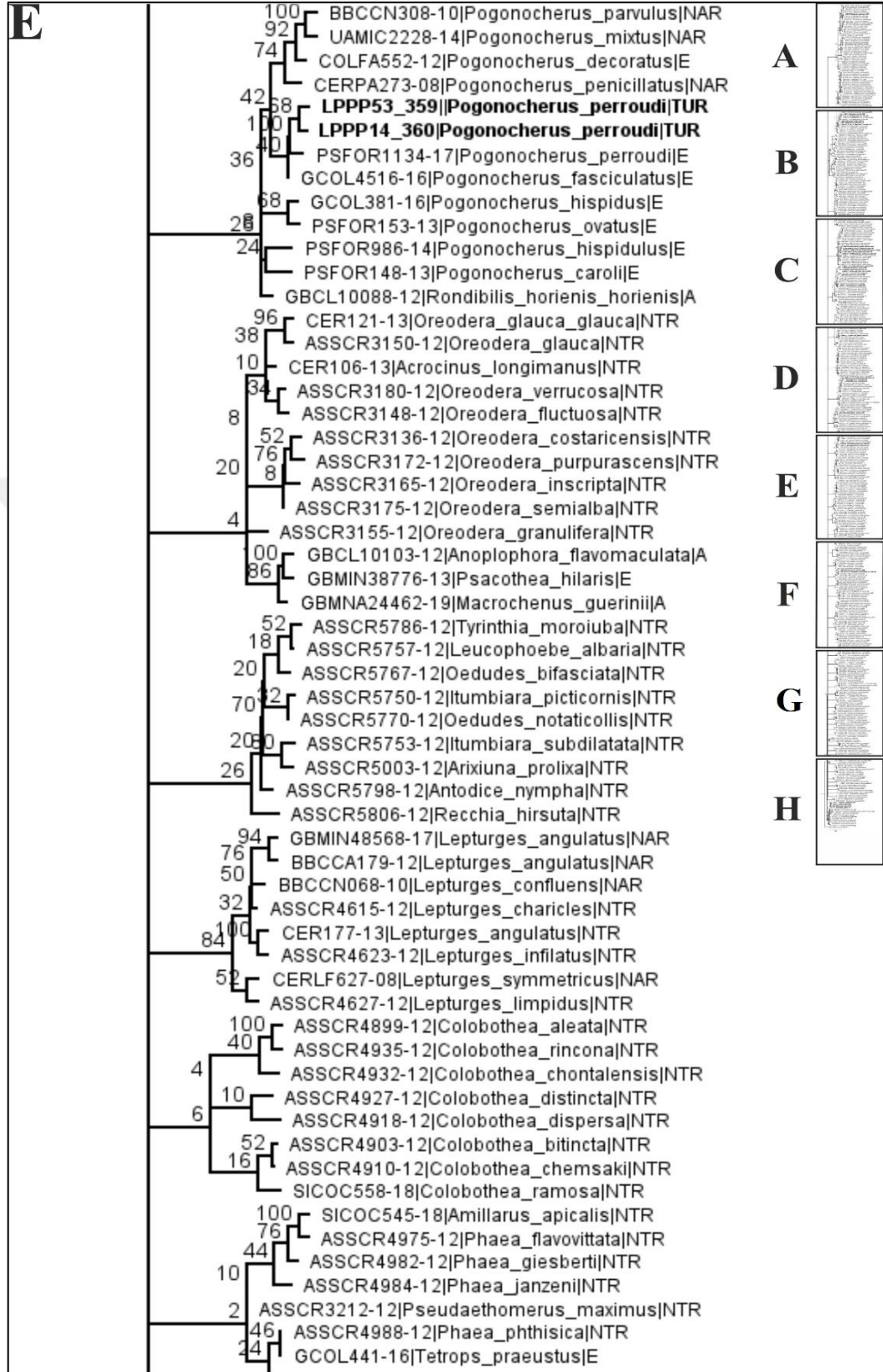
Şekil E.1. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



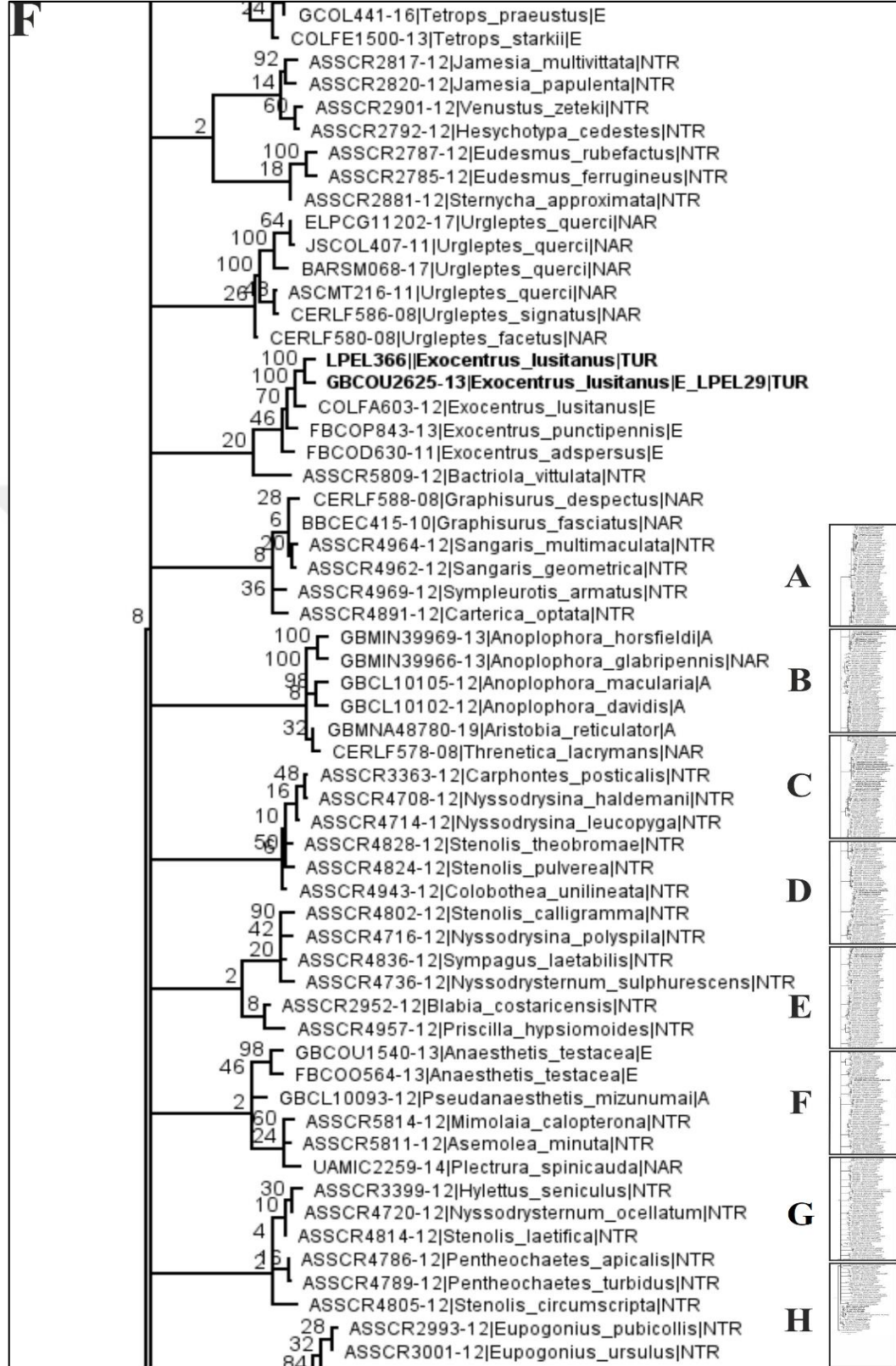
Şekil E.1. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Laminae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



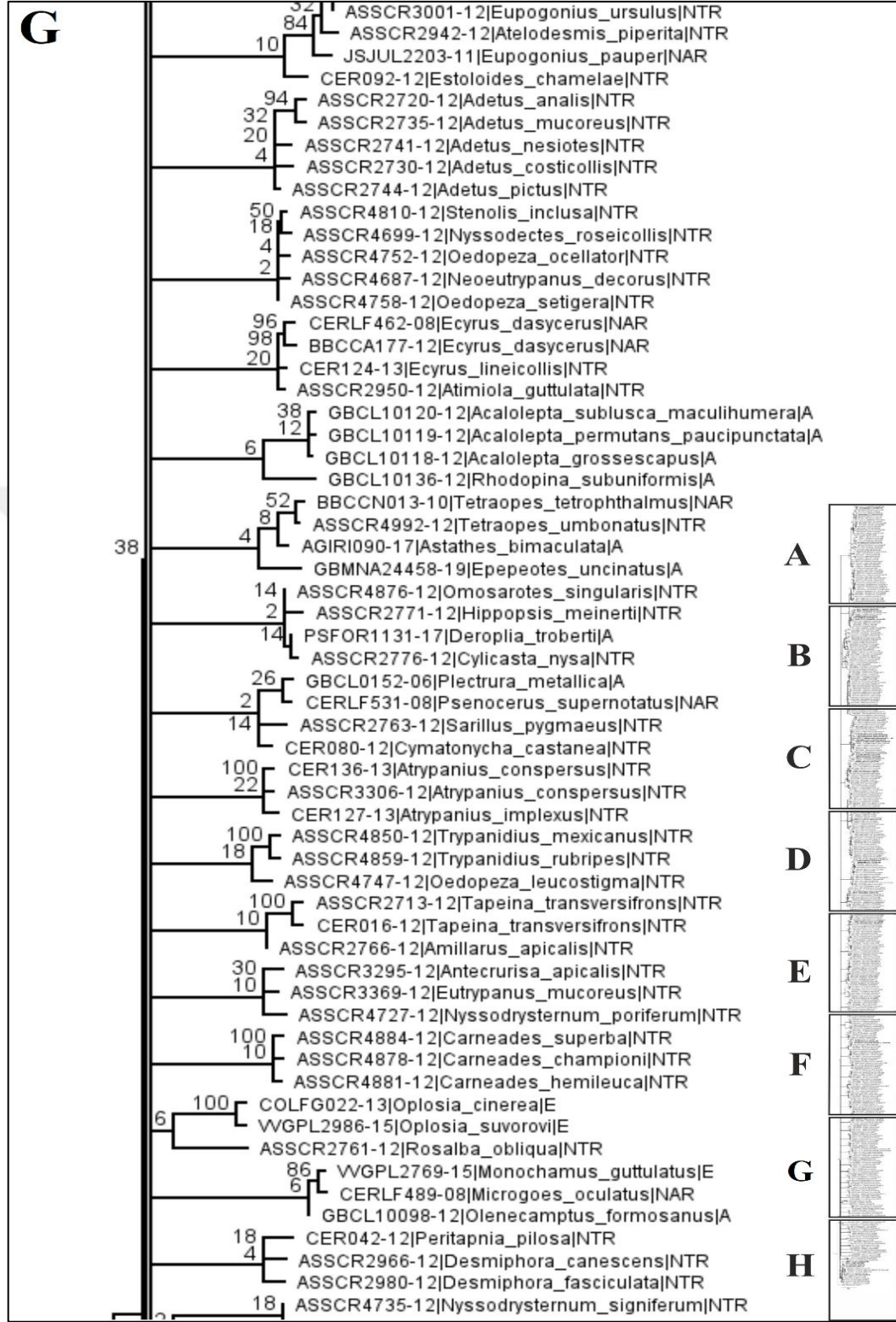
Şekil E.1. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



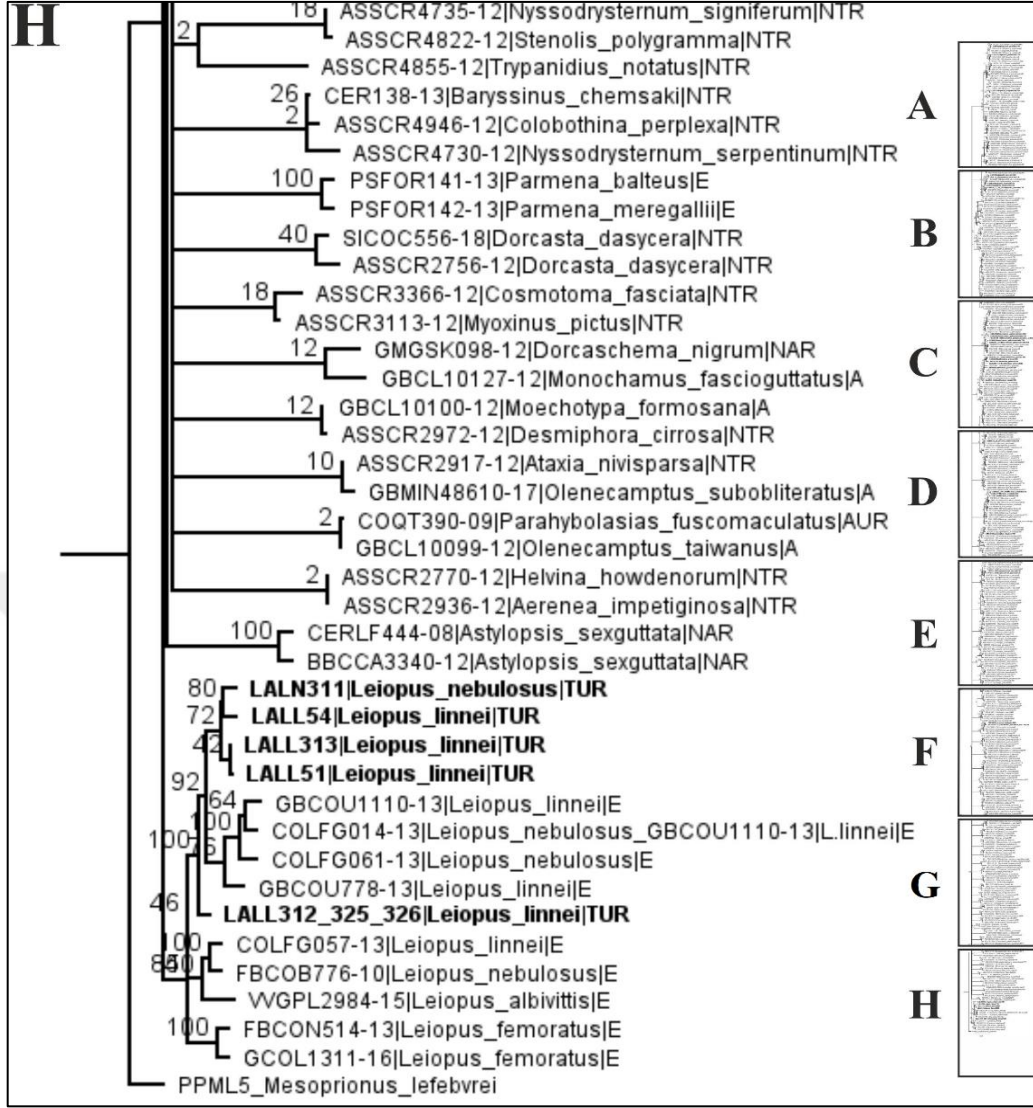
Şekil E.1. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



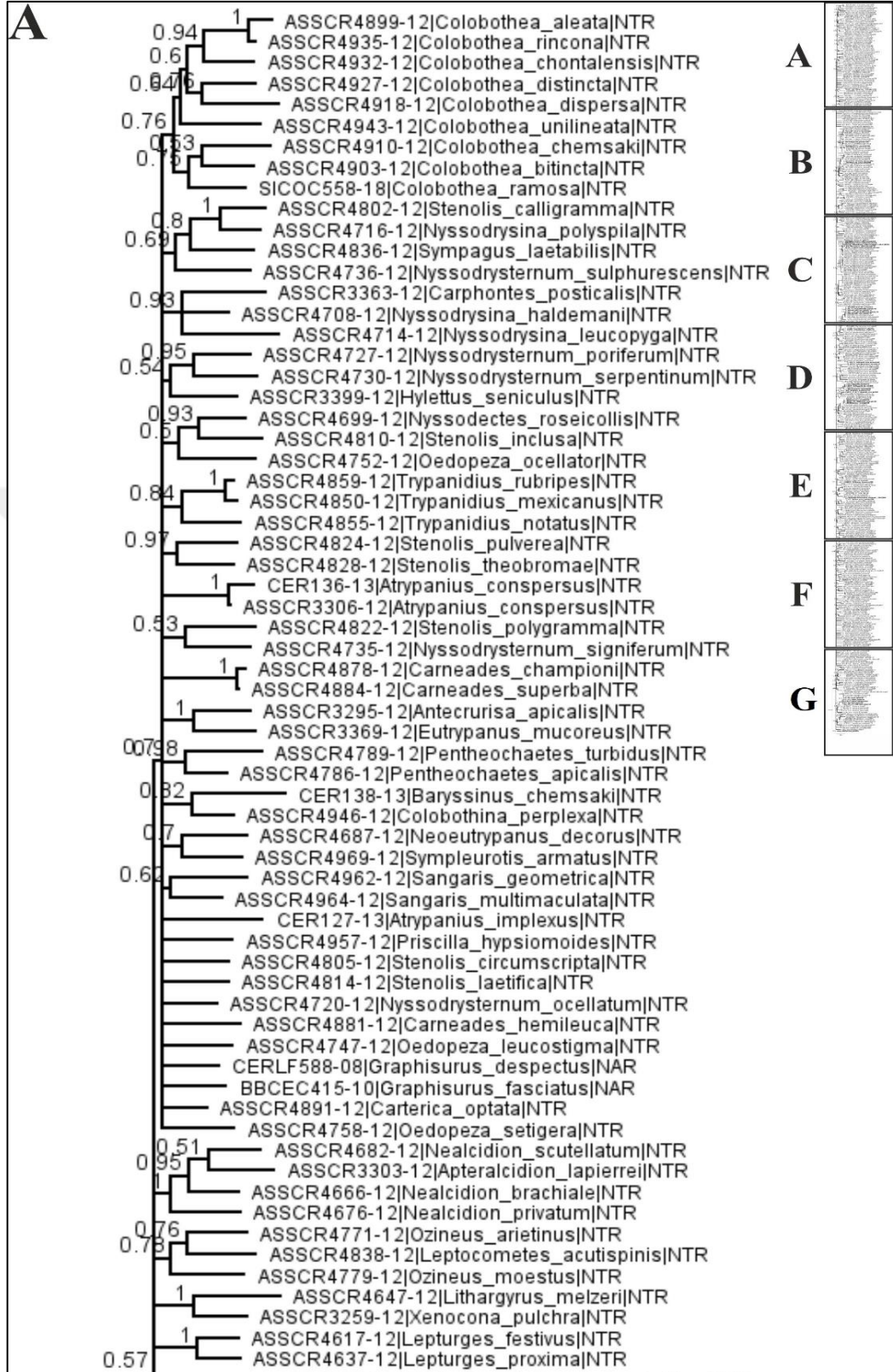
Şekil E.1. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



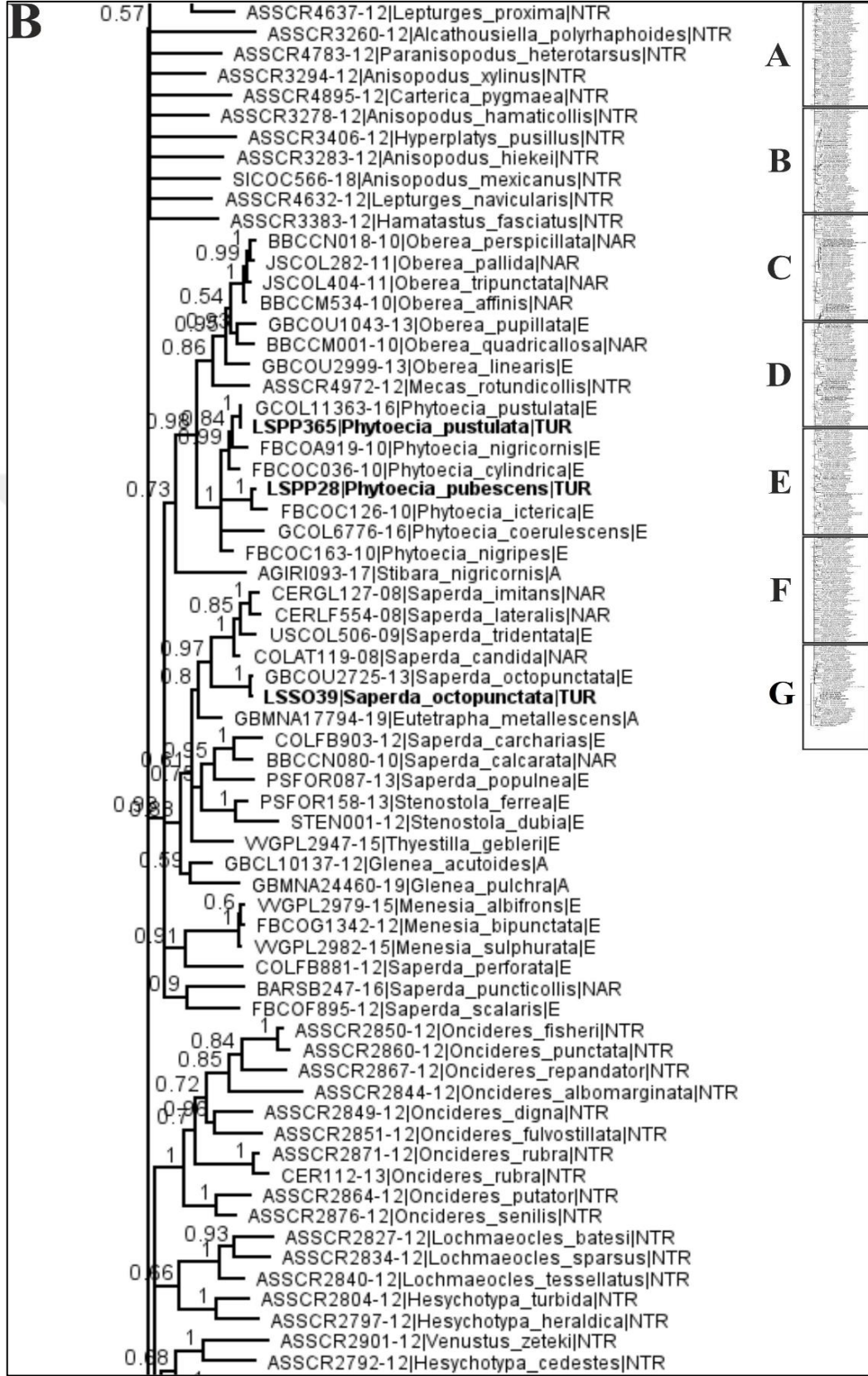
Şekil E.1. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



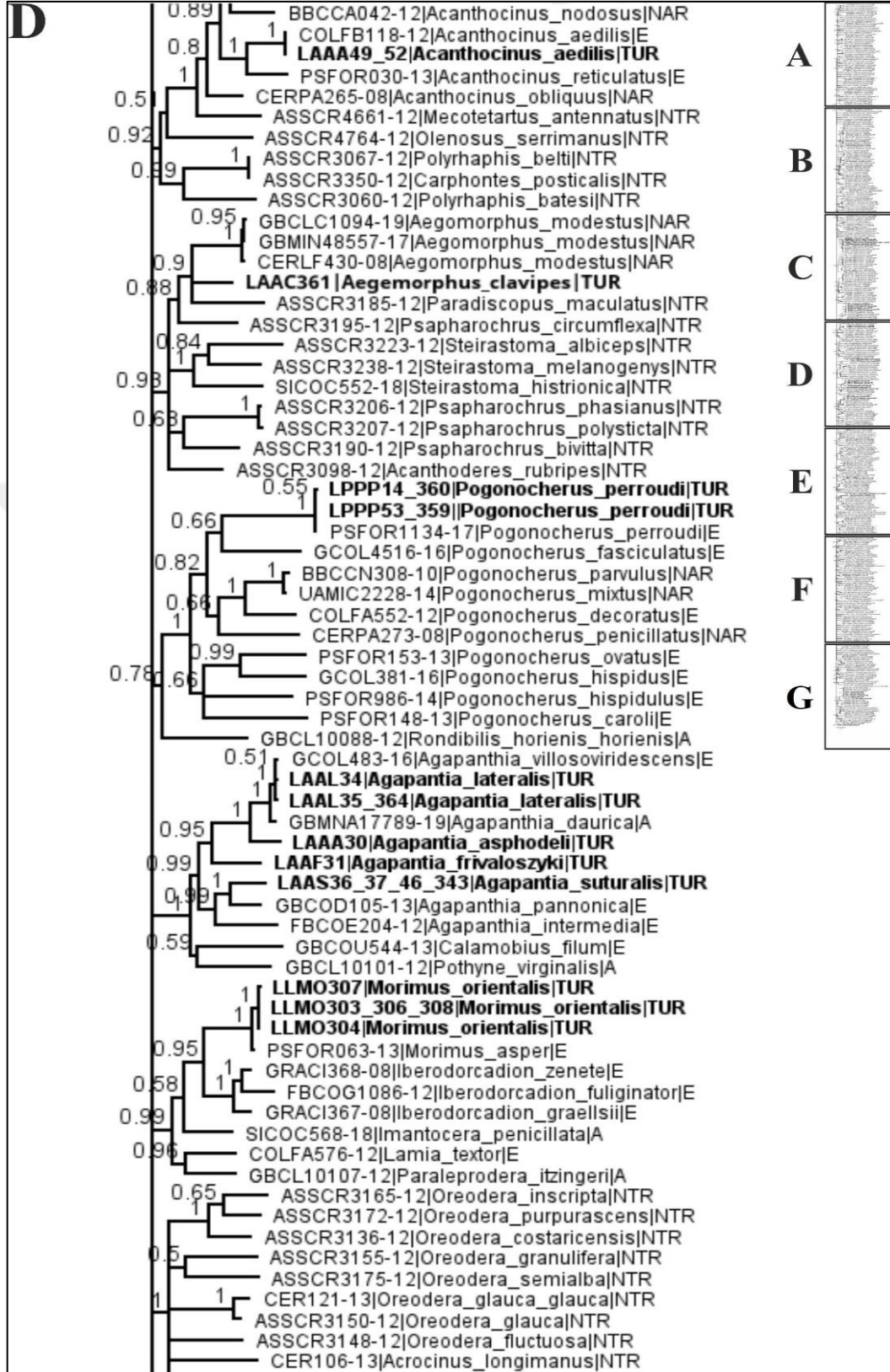
Şekil E.1. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



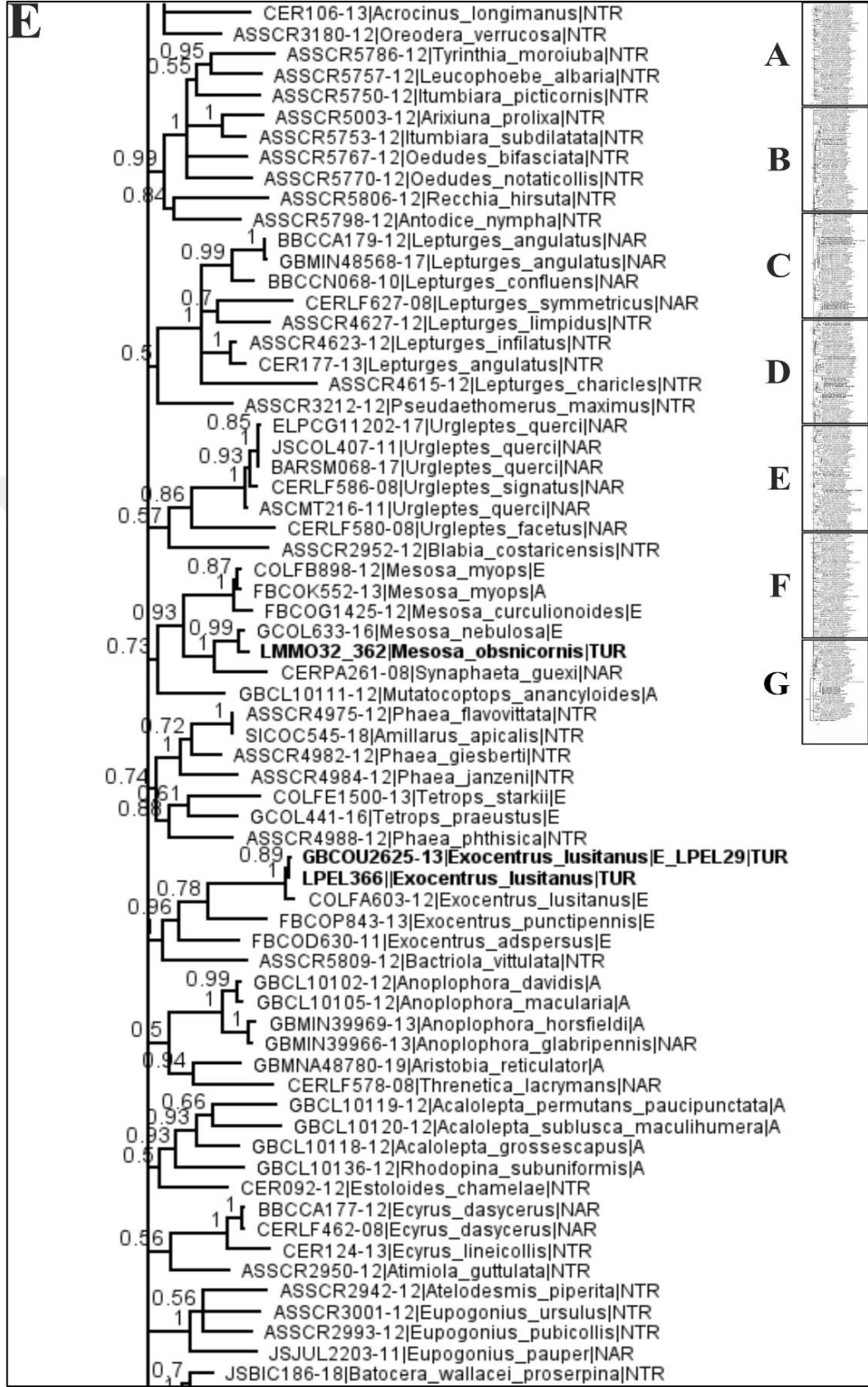
Şekil E.2. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



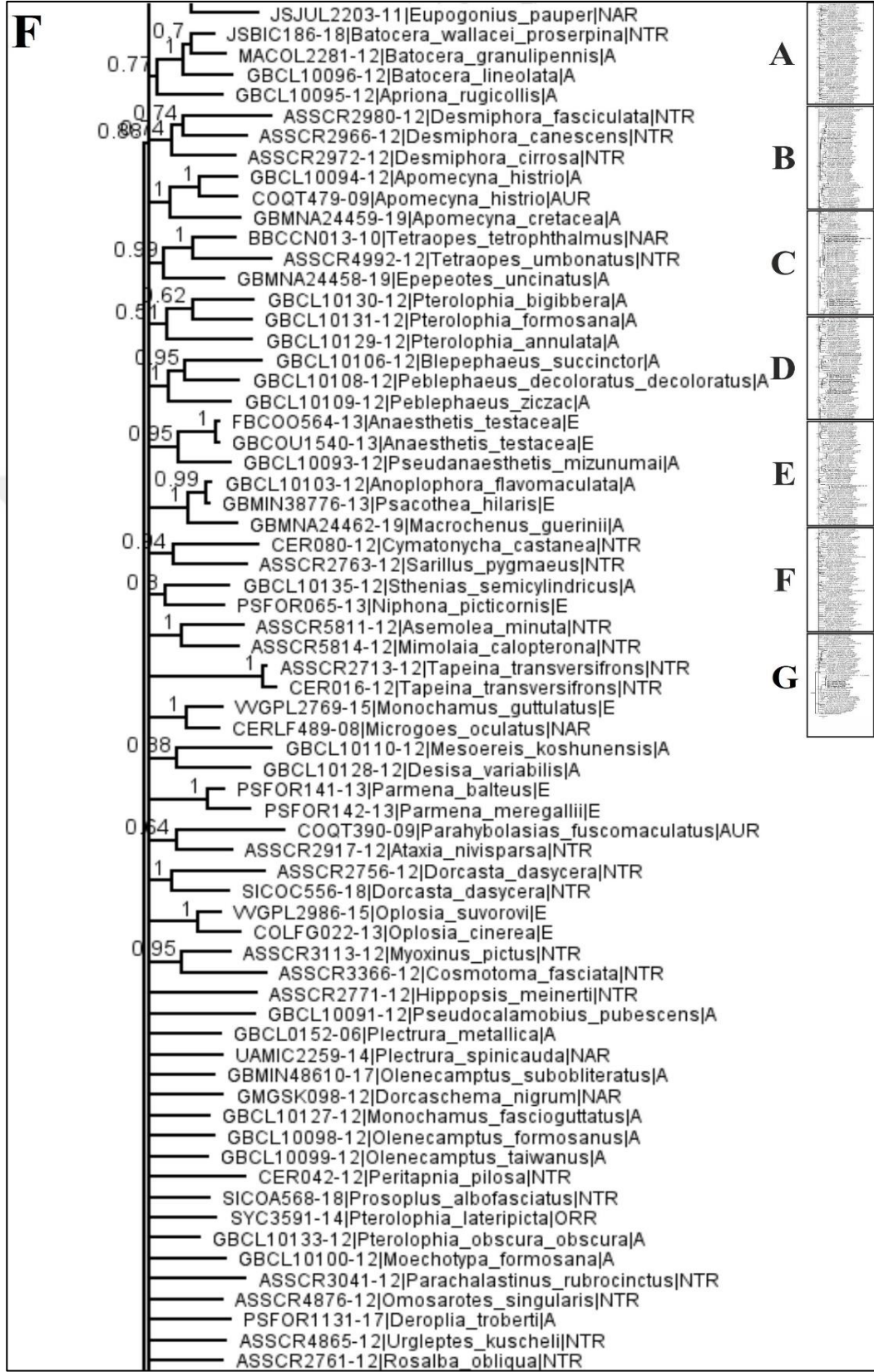
Şekil E.2. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



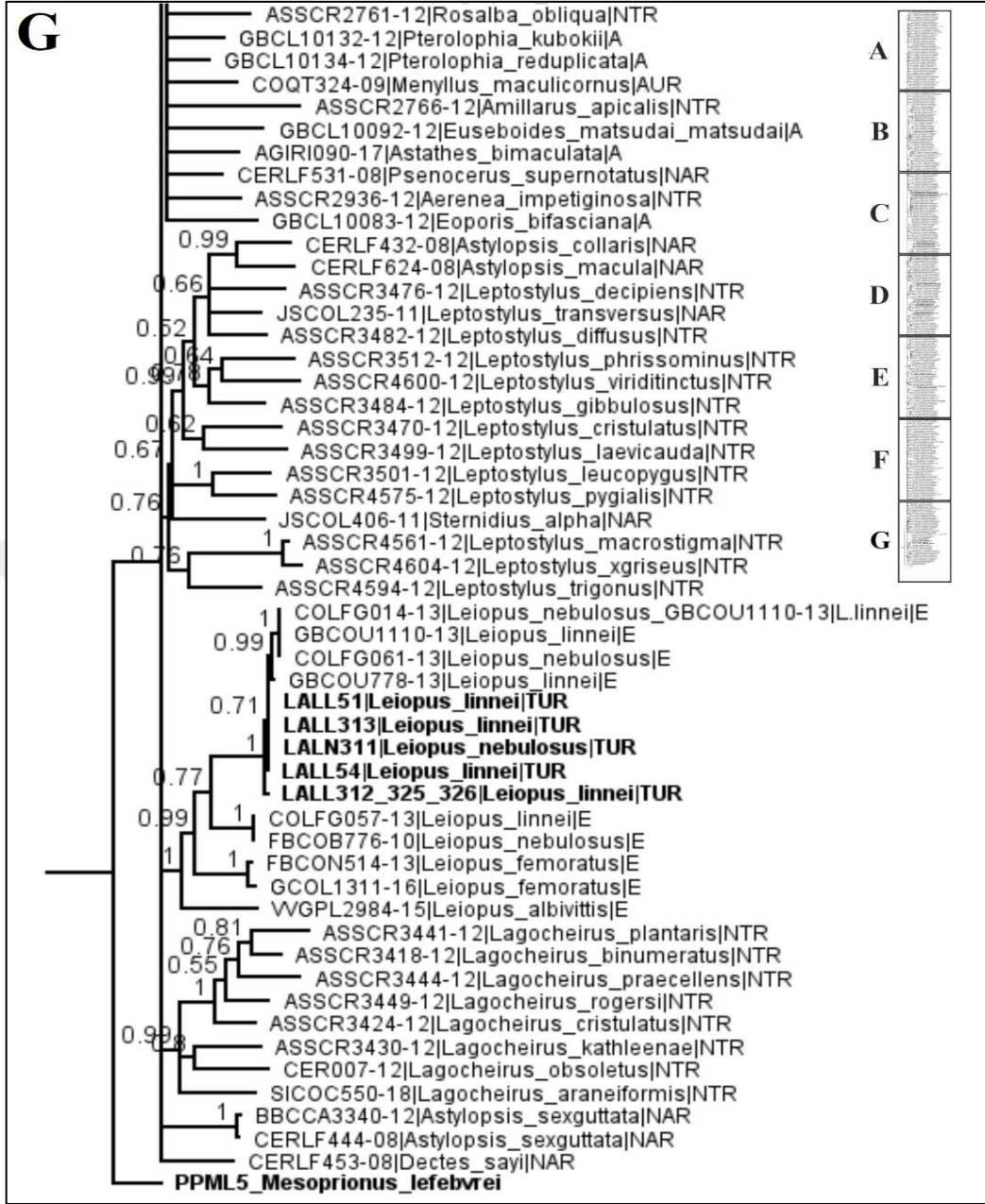
Şekil E.2. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



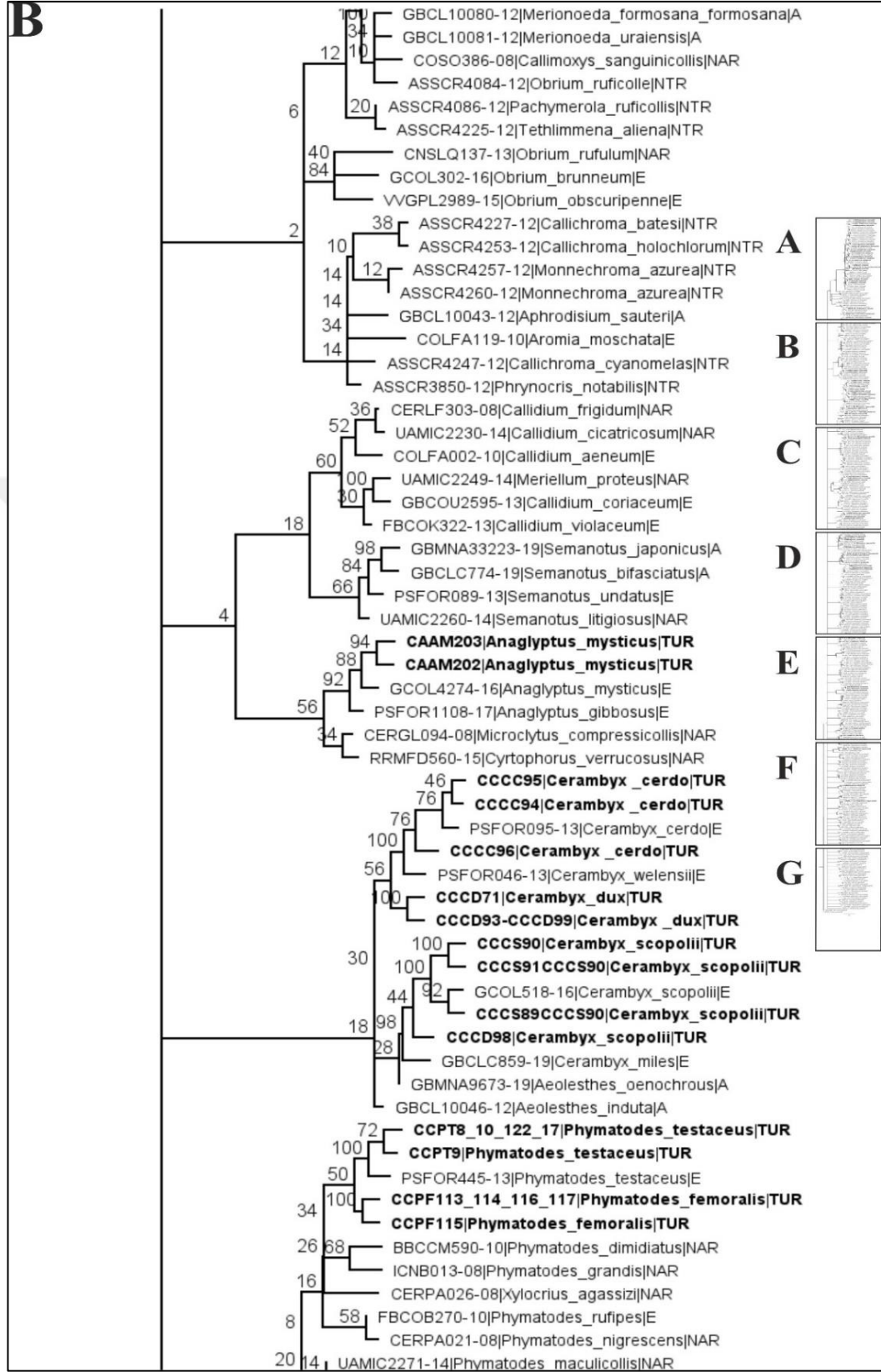
Şekil E.2. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



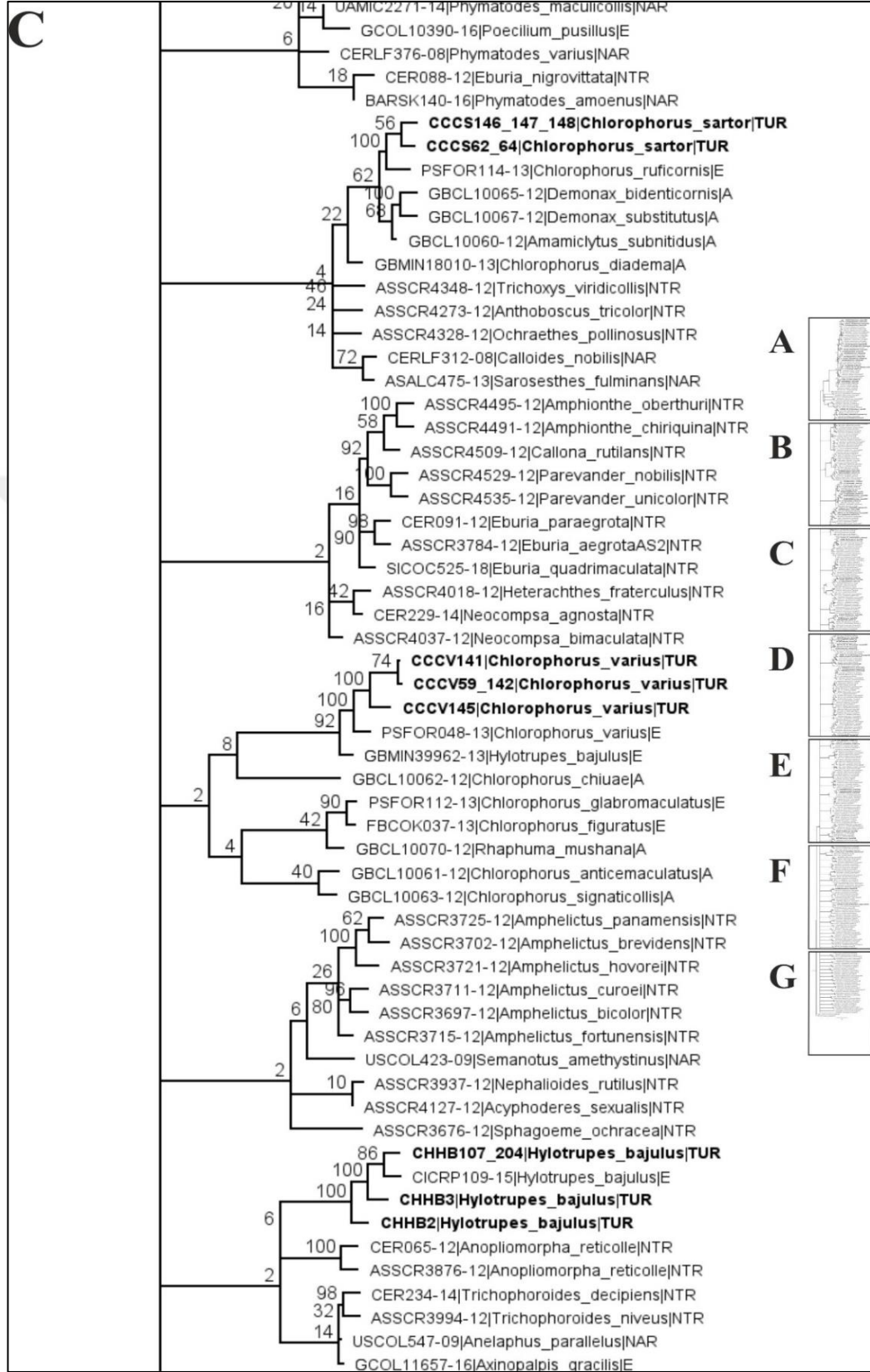
Şekil E.2. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



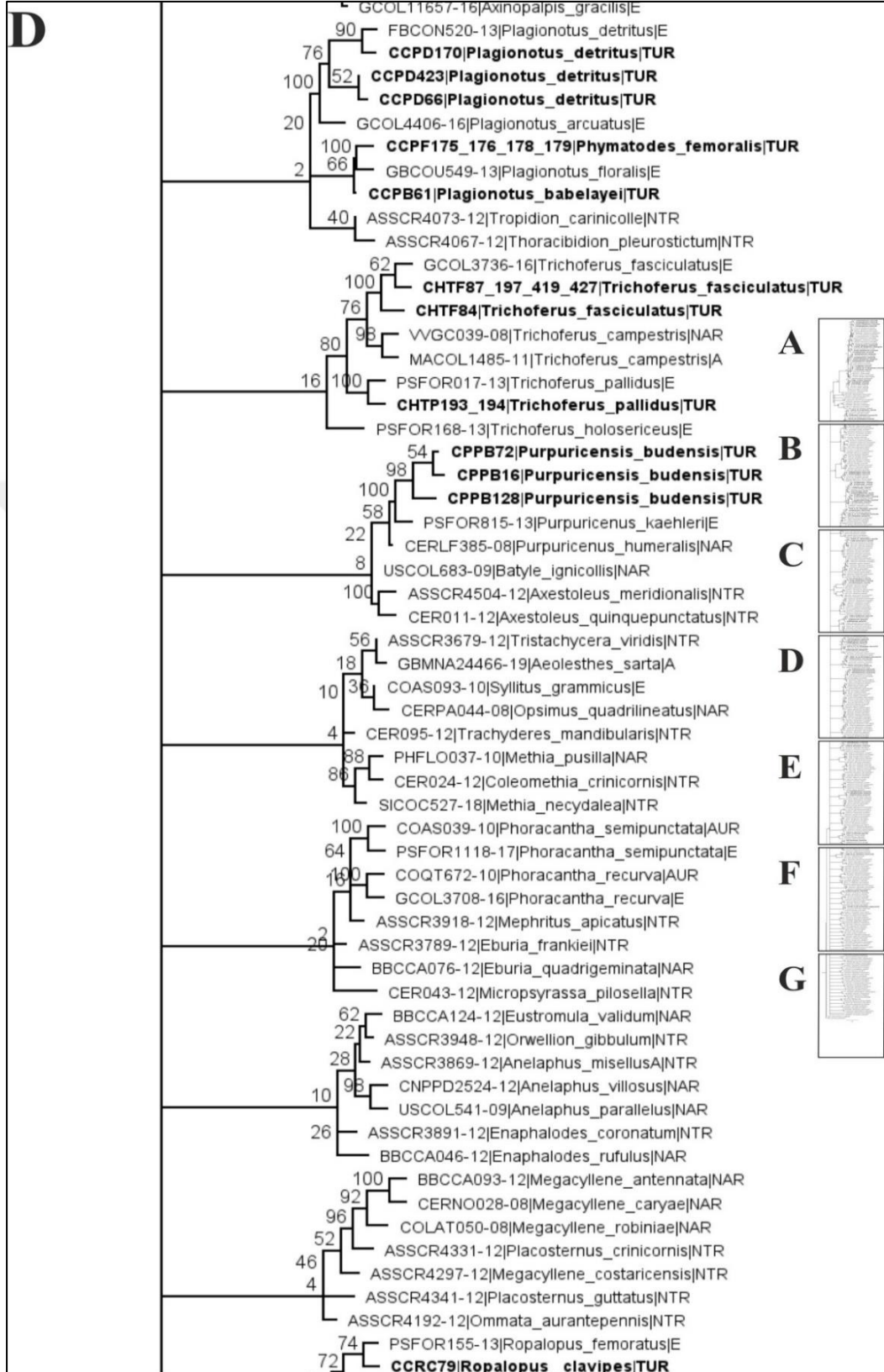
Şekil E.2. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lamiinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



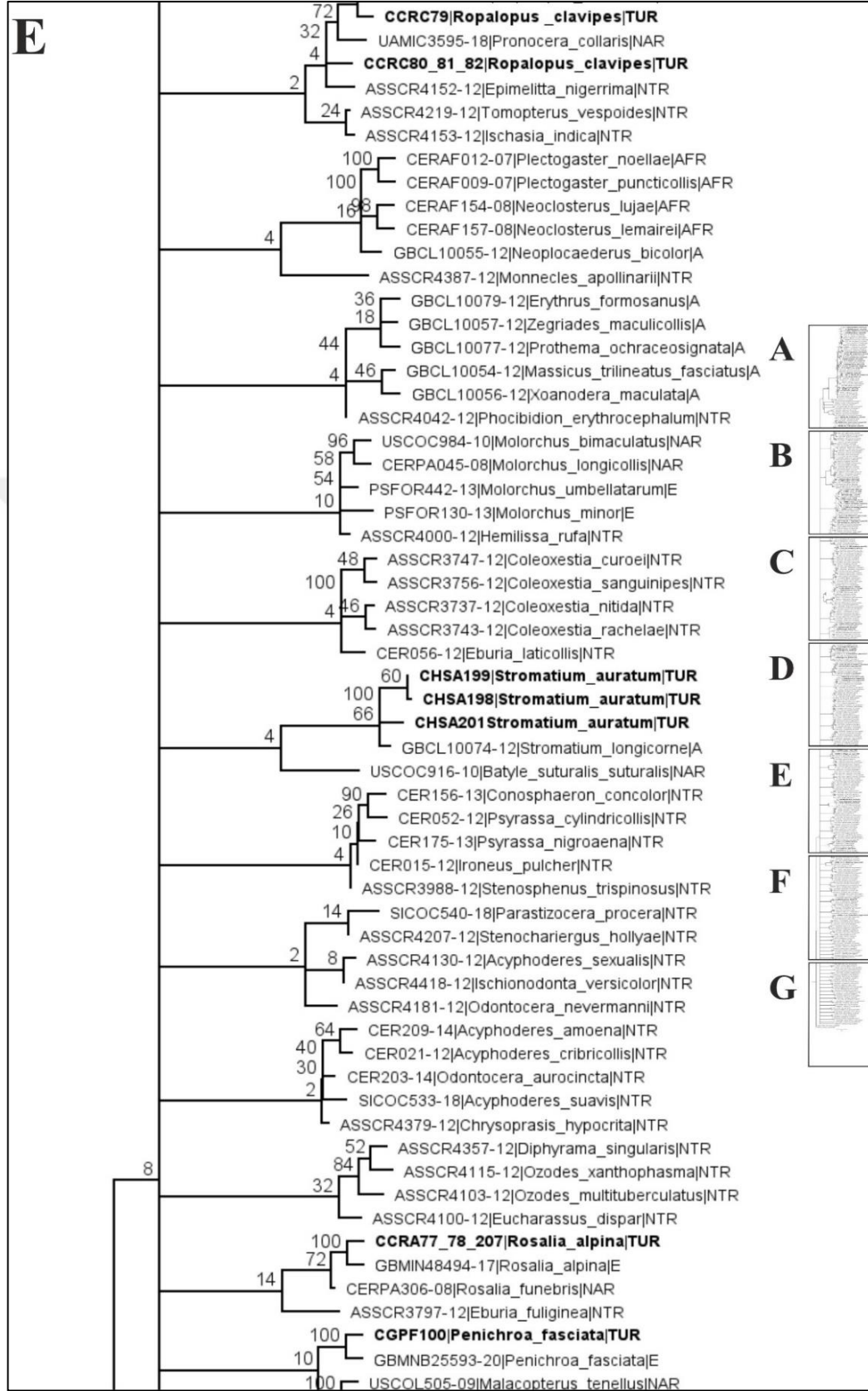
Şekil E.3. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



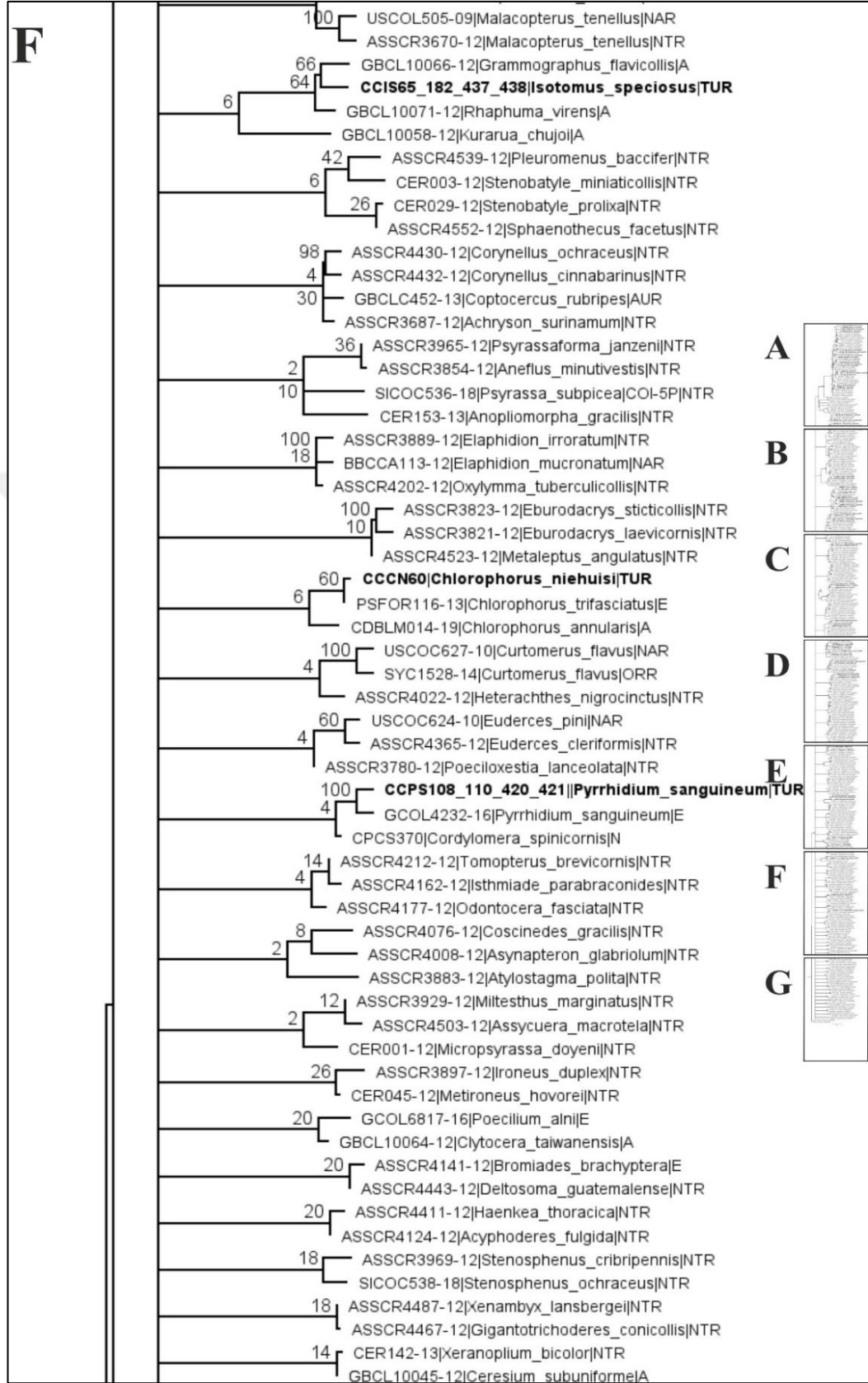
Şekil E.3. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



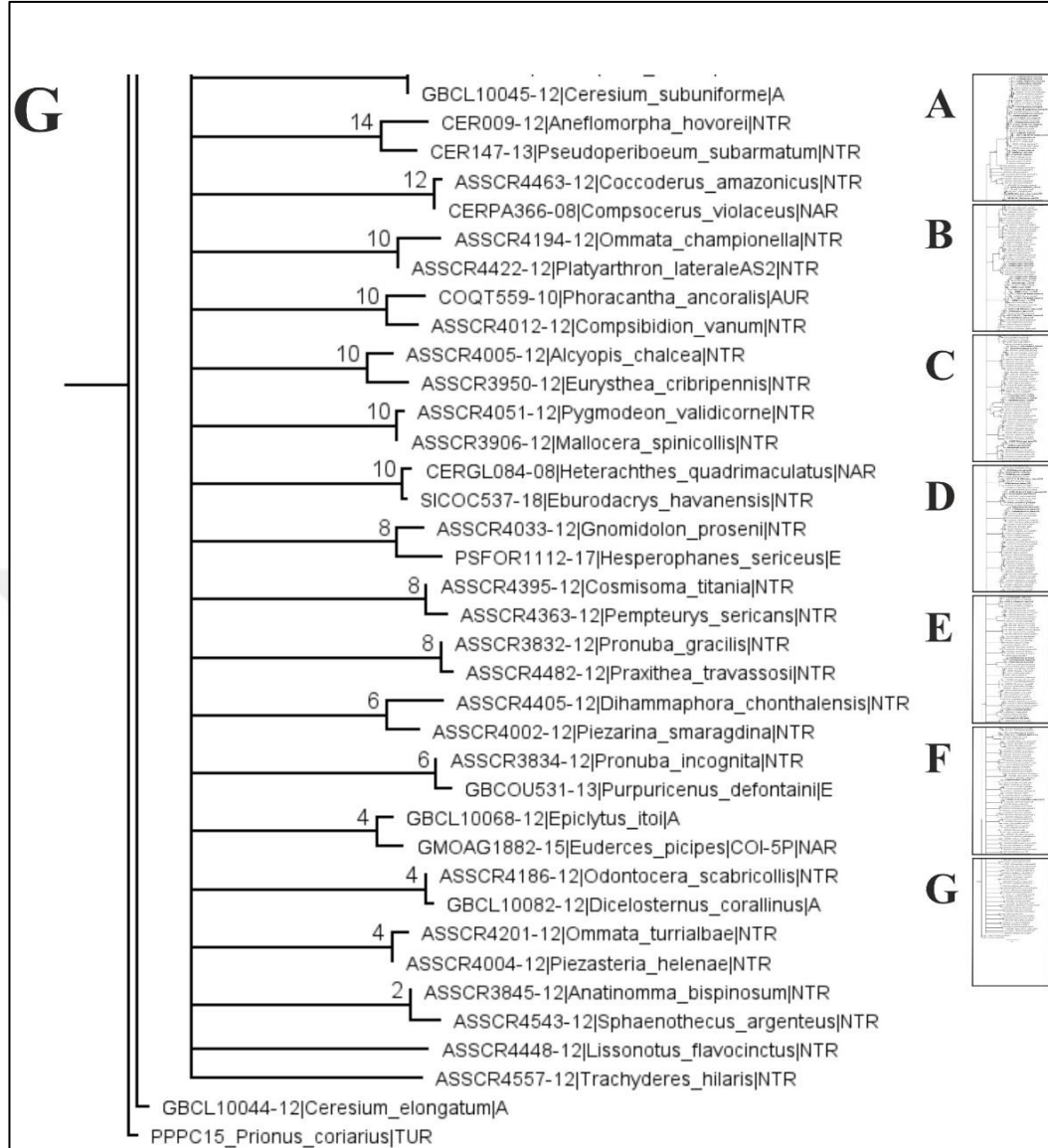
Şekil E.3. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



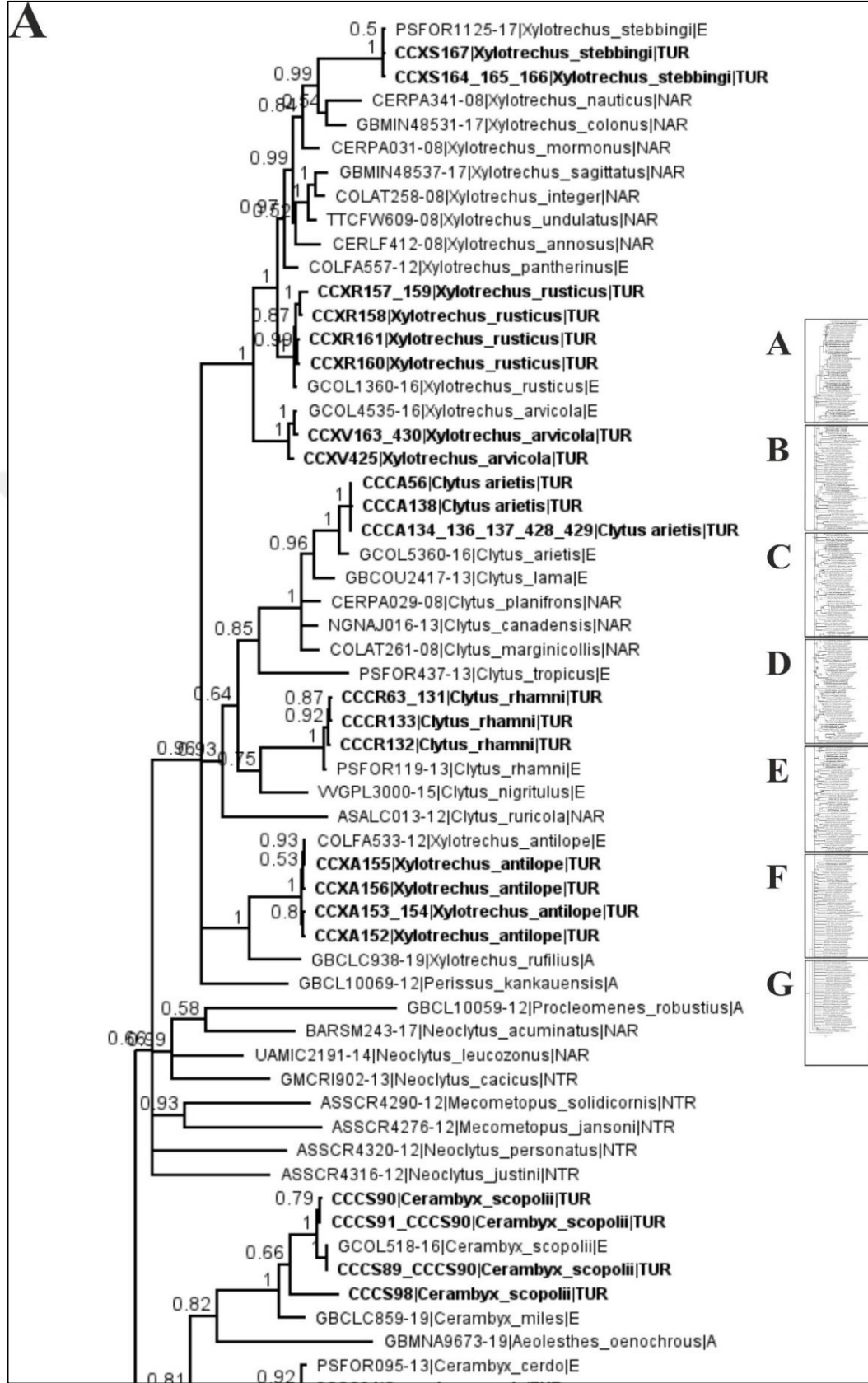
Şekil E.3. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



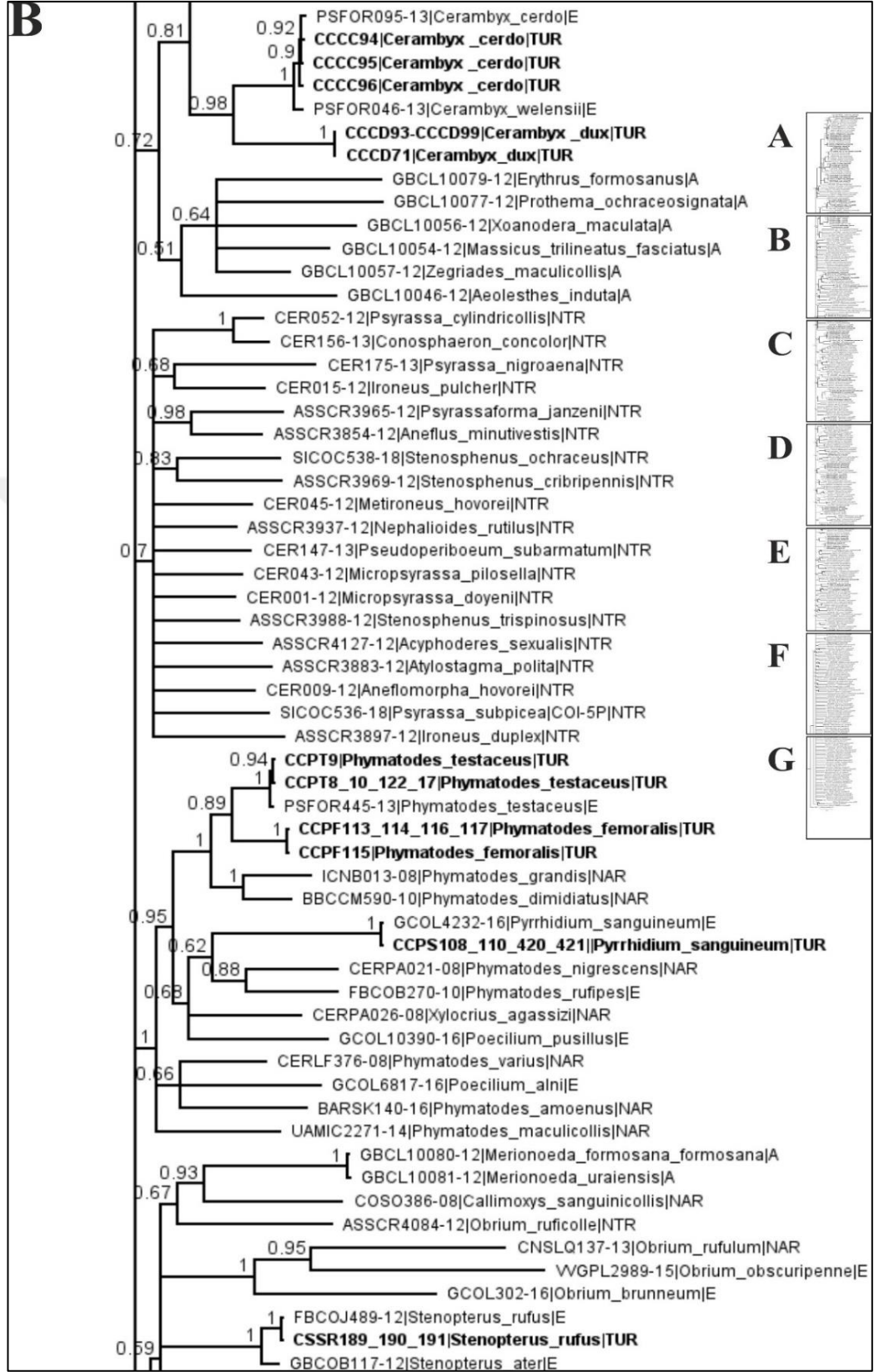
Şekil E.3. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



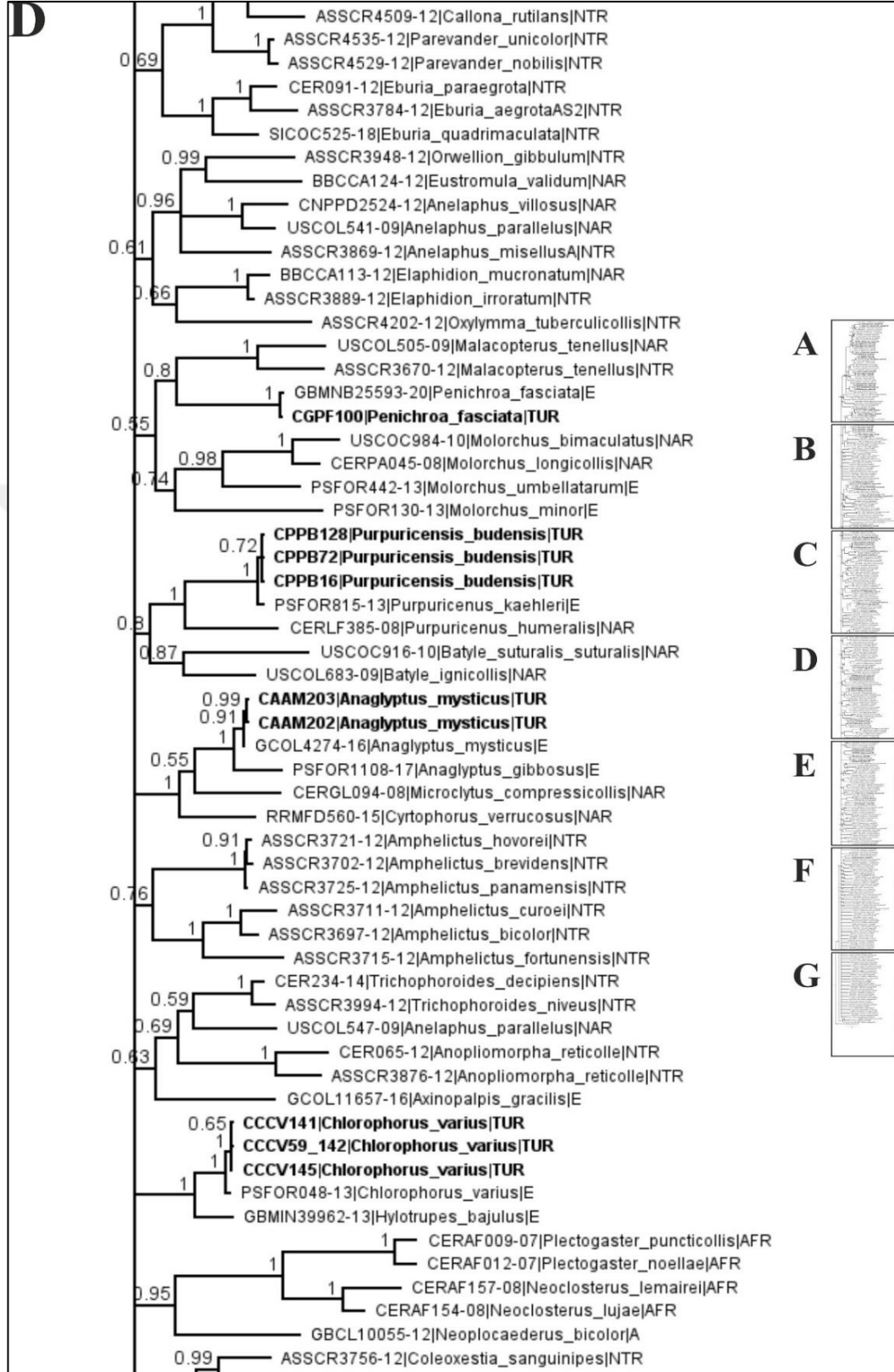
Şekil E.3. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



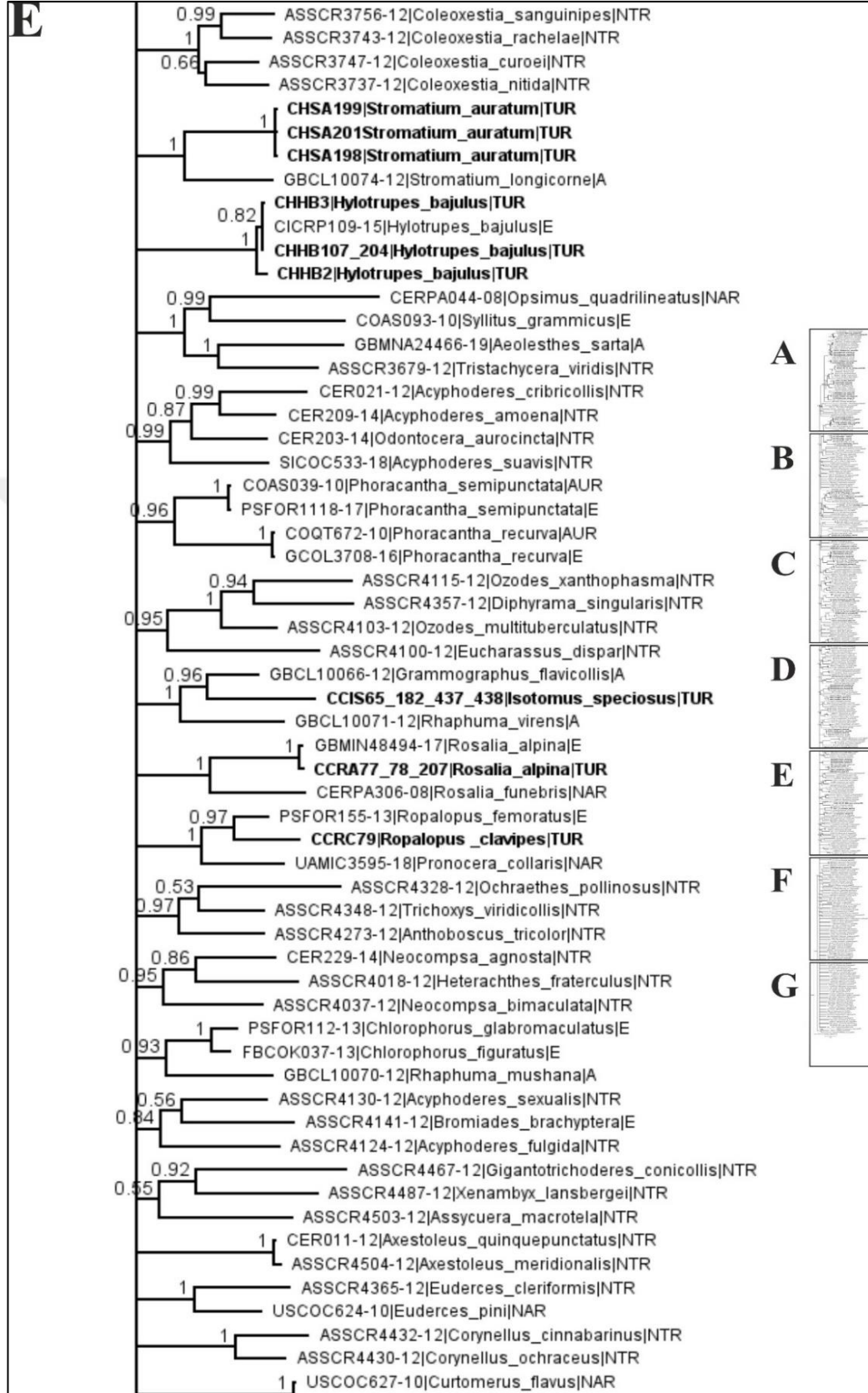
Şekil E.4. Kocaeli’nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



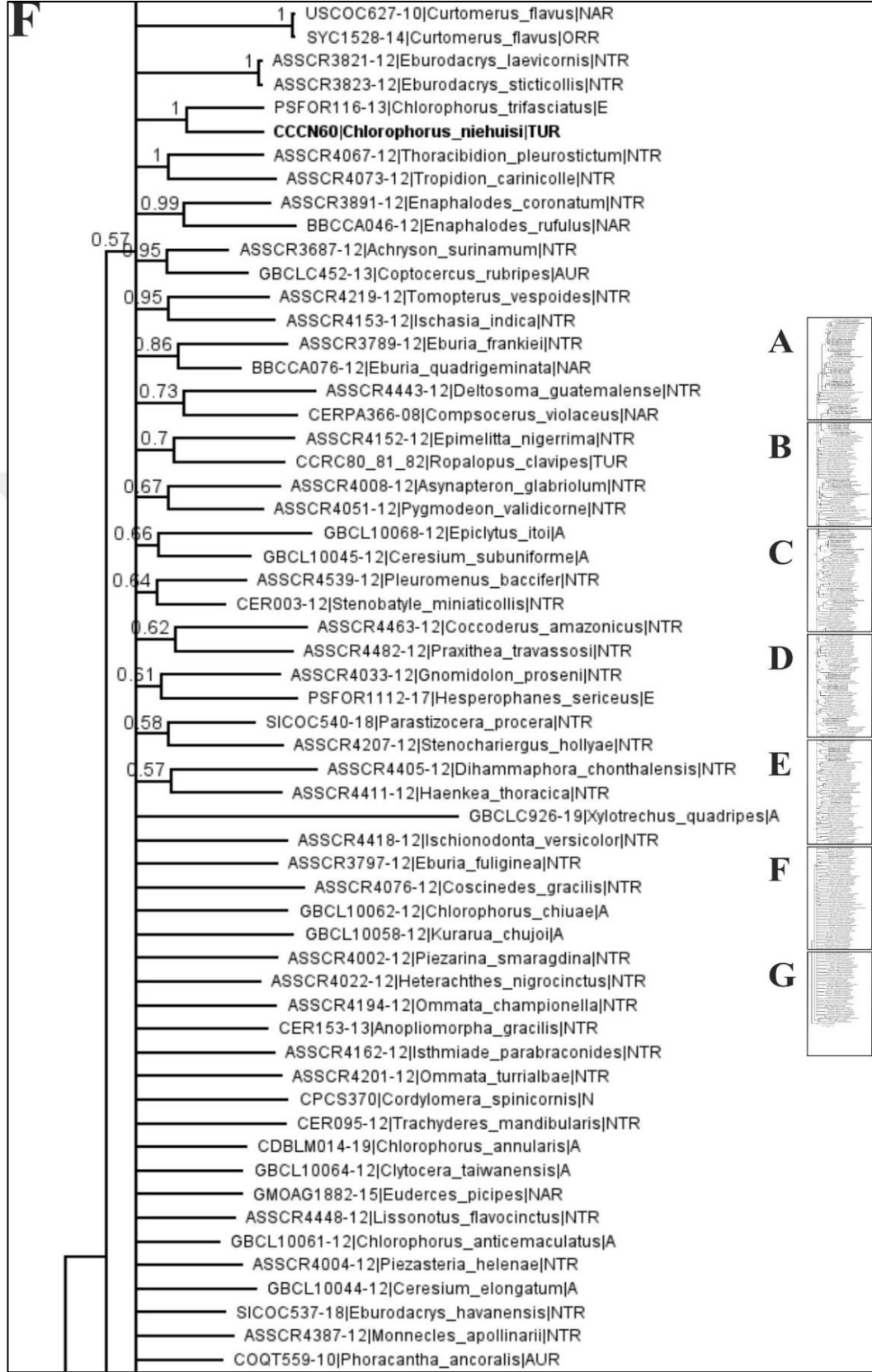
Şekil E.4. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



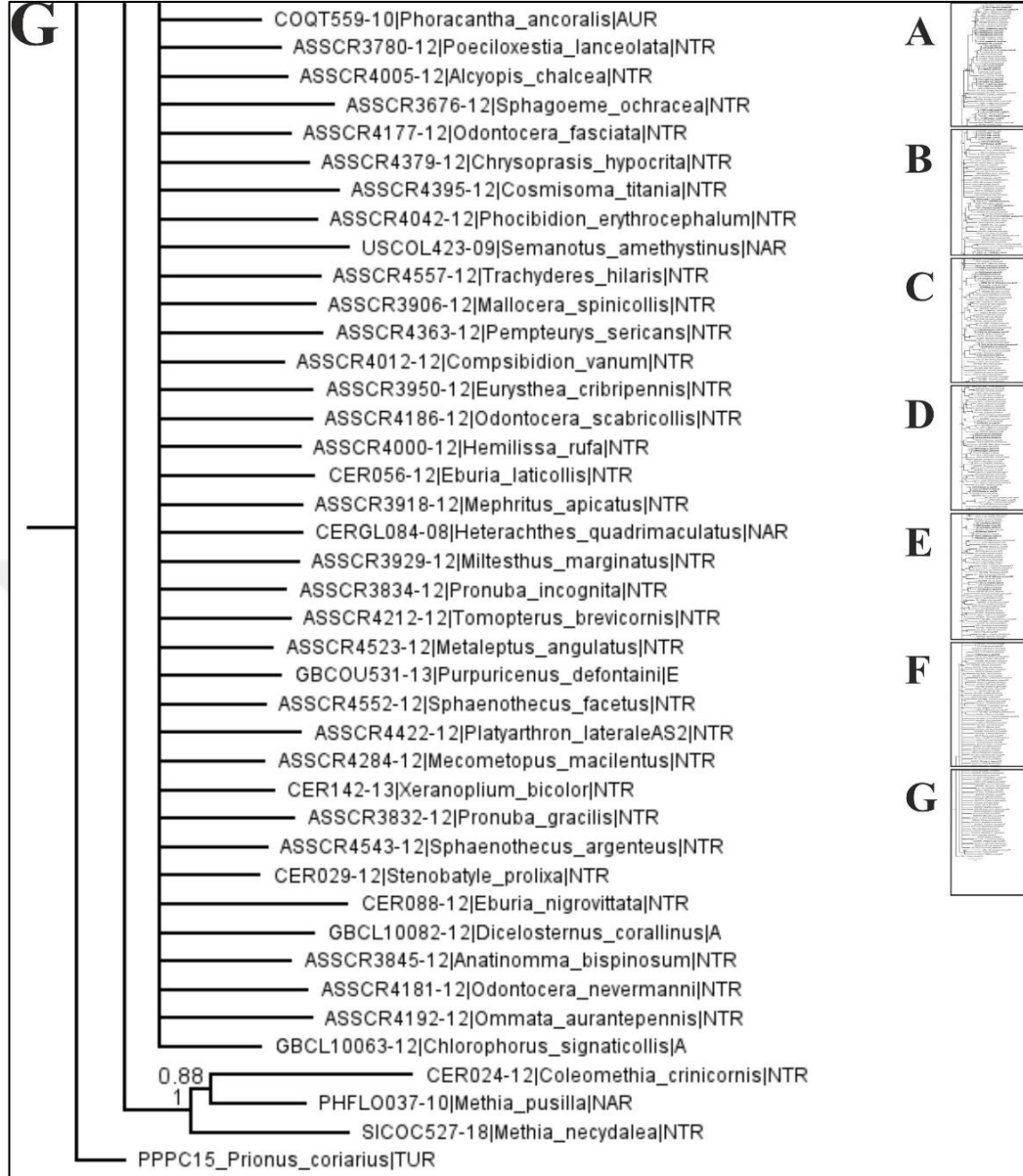
Şekil E.4. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



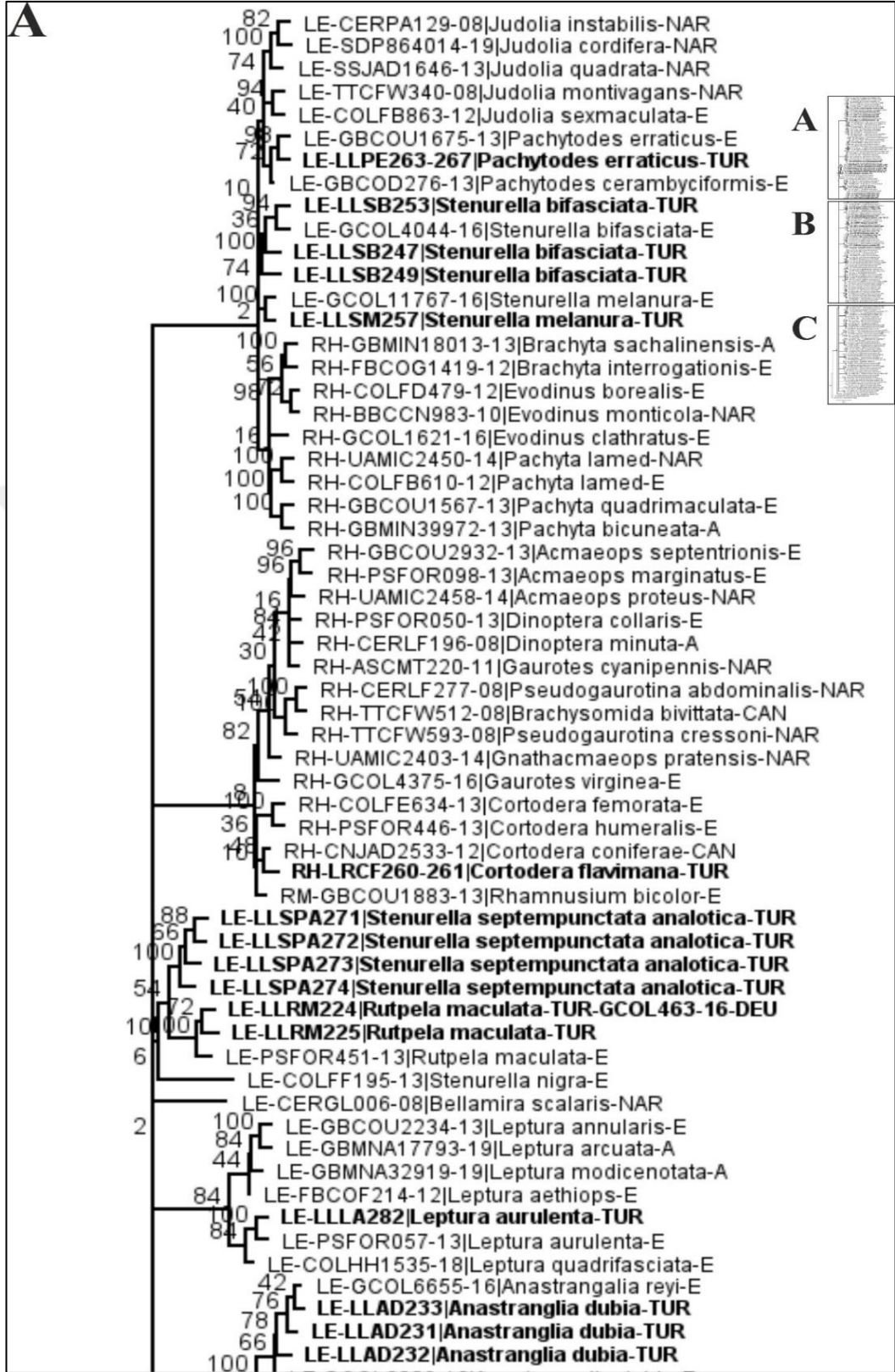
Şekil E.4. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



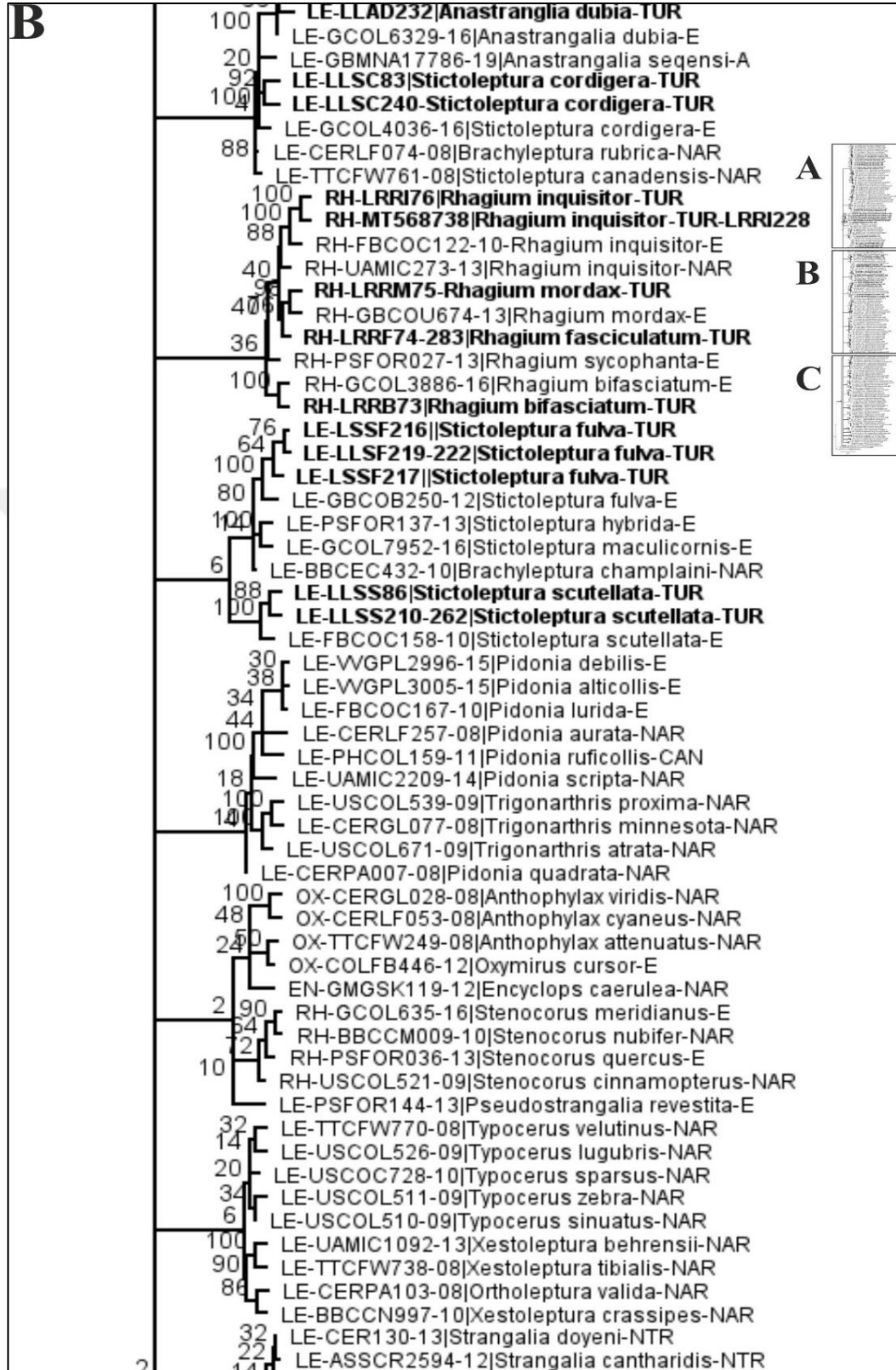
Şekil E.4. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



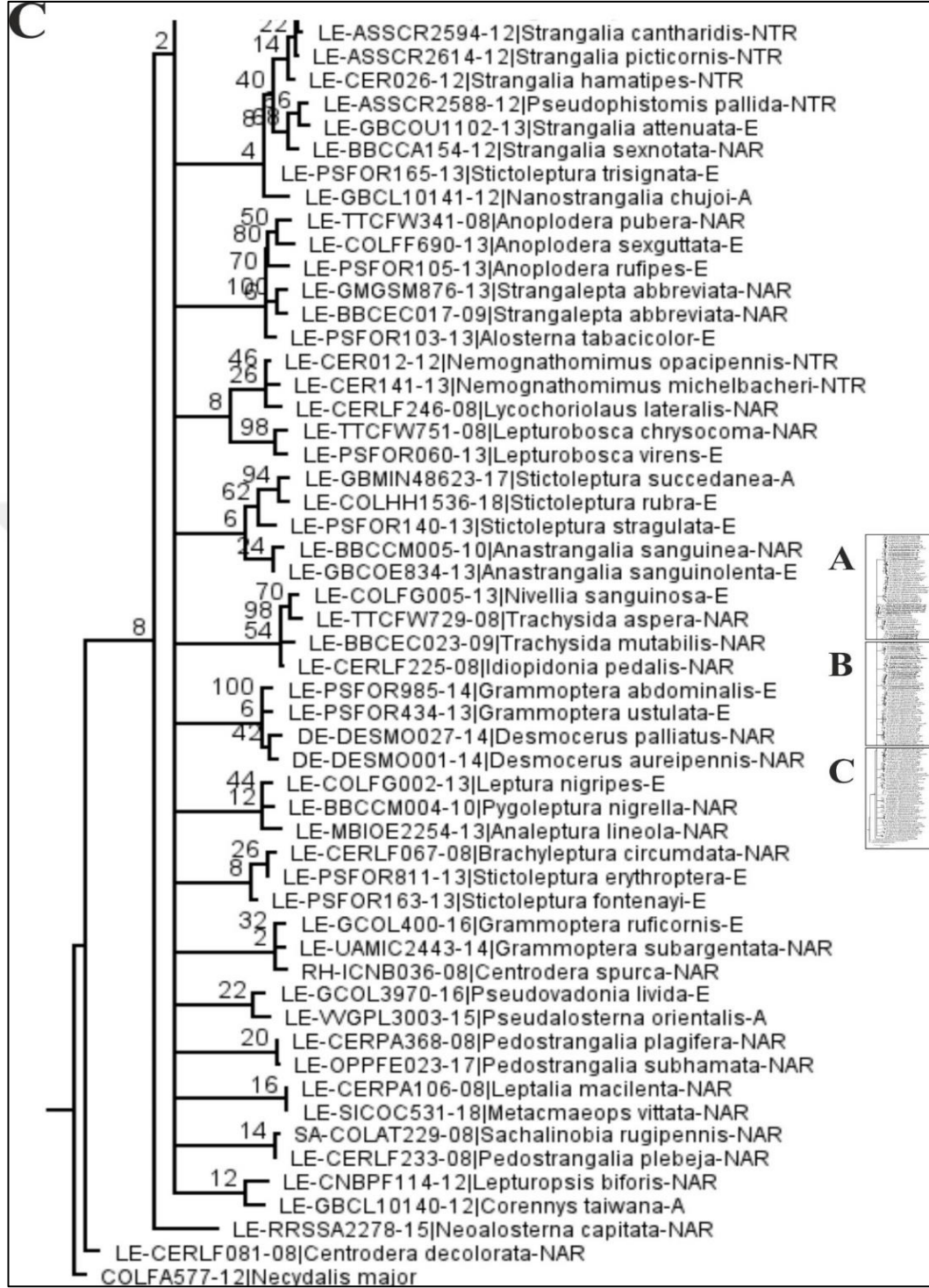
Şekil E.4. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Cerambycinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



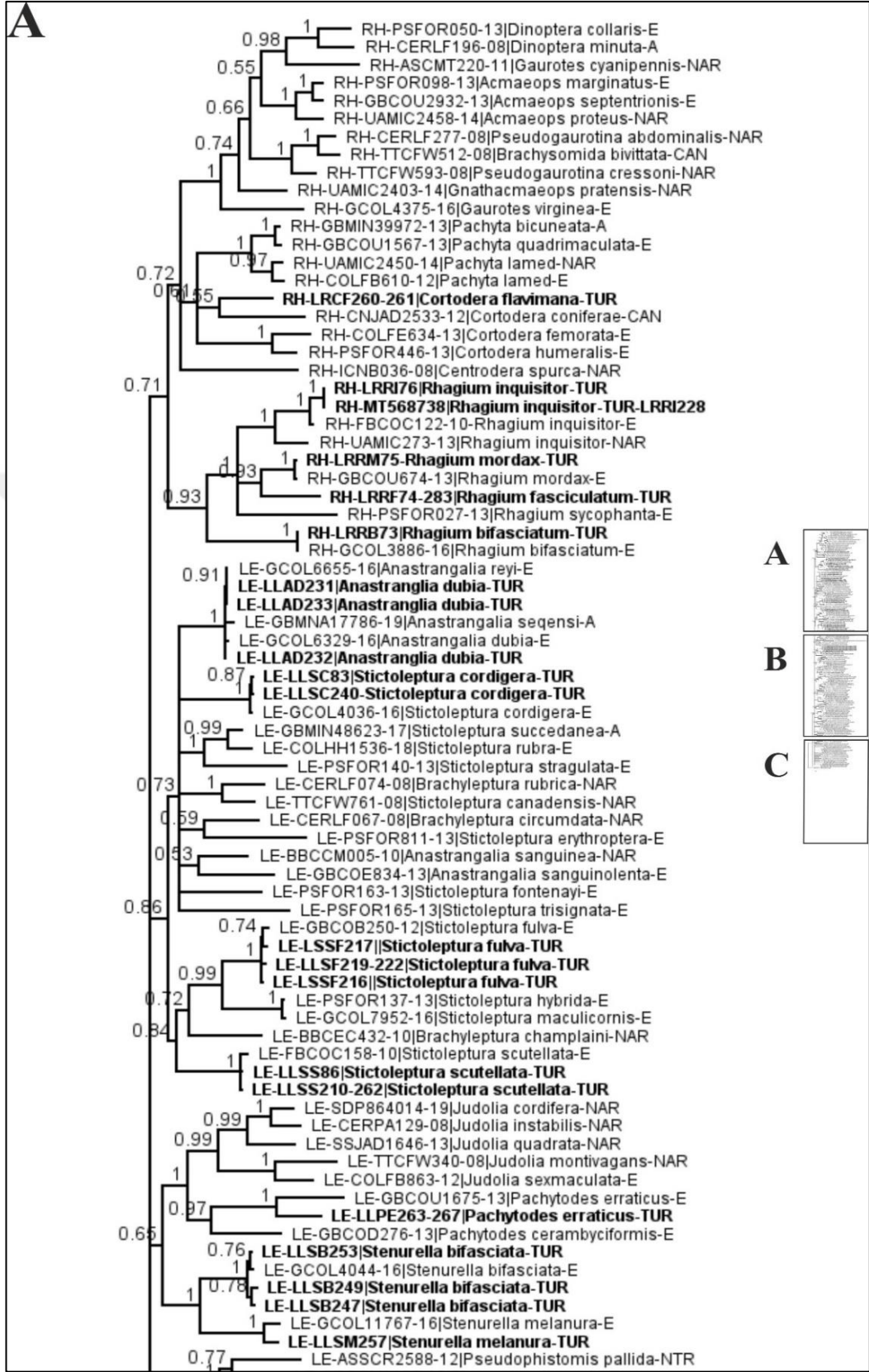
Şekil E.5. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



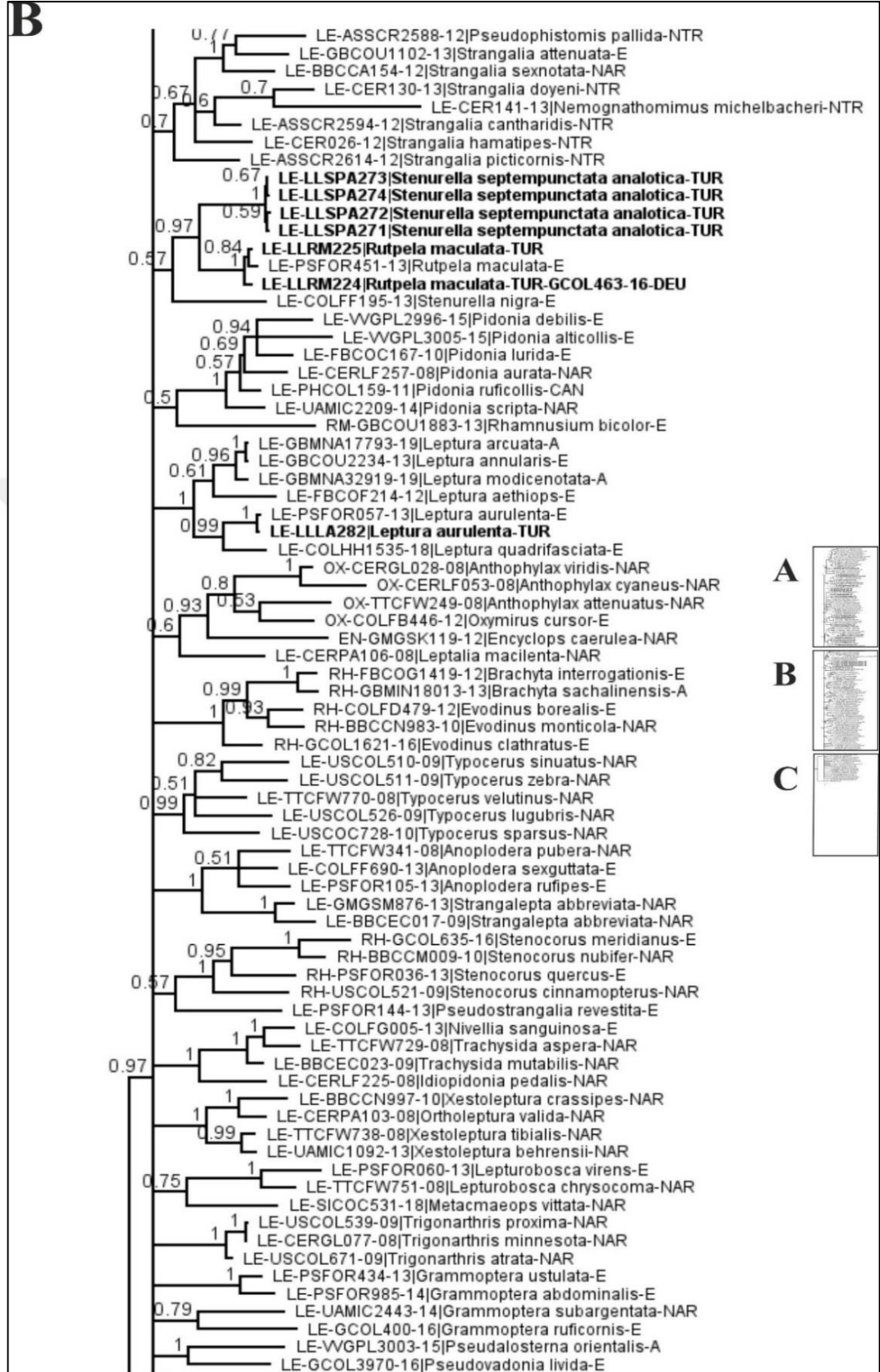
Şekil E.5. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



Şekil E.5. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



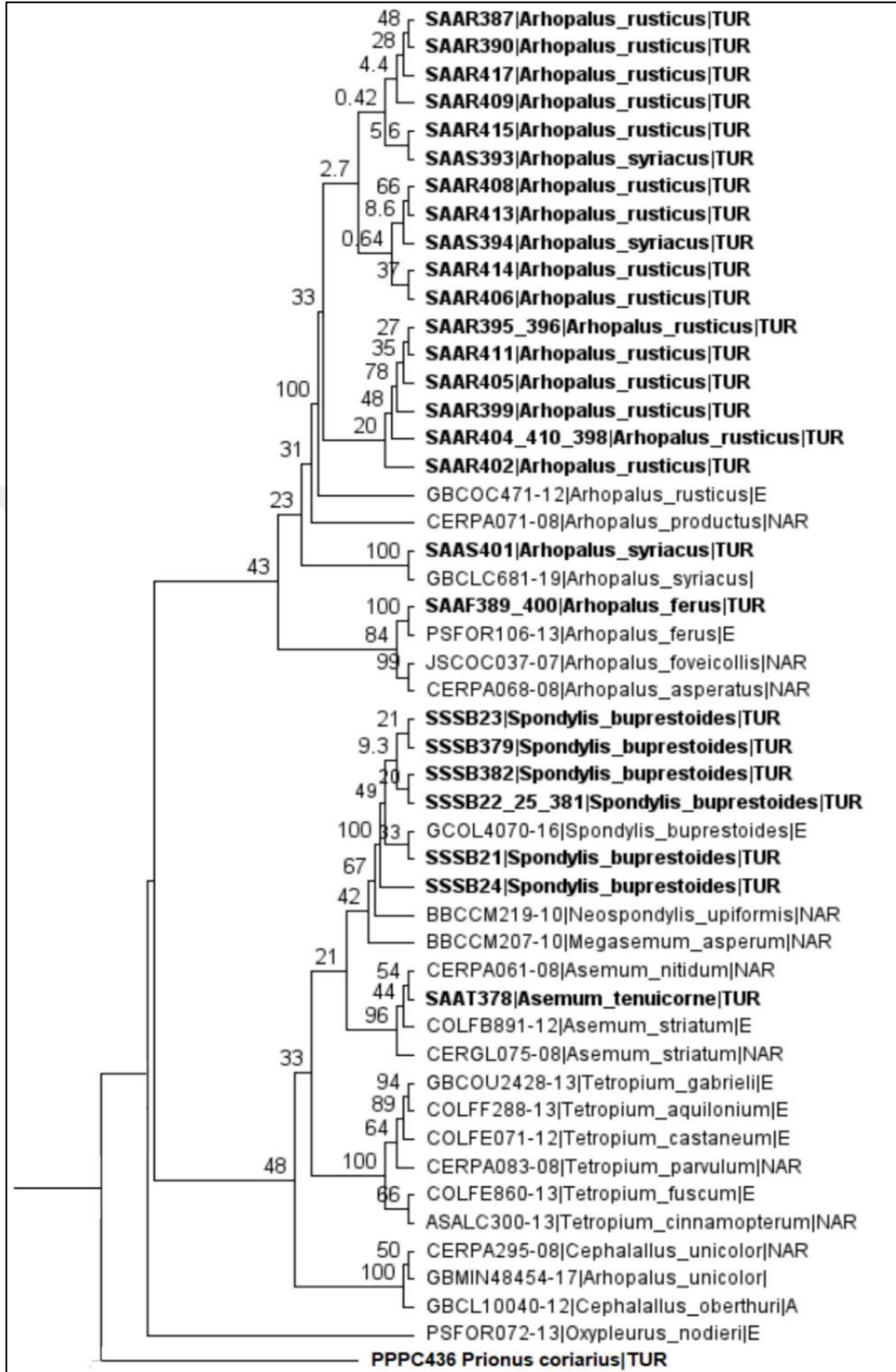
Şekil E.6. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



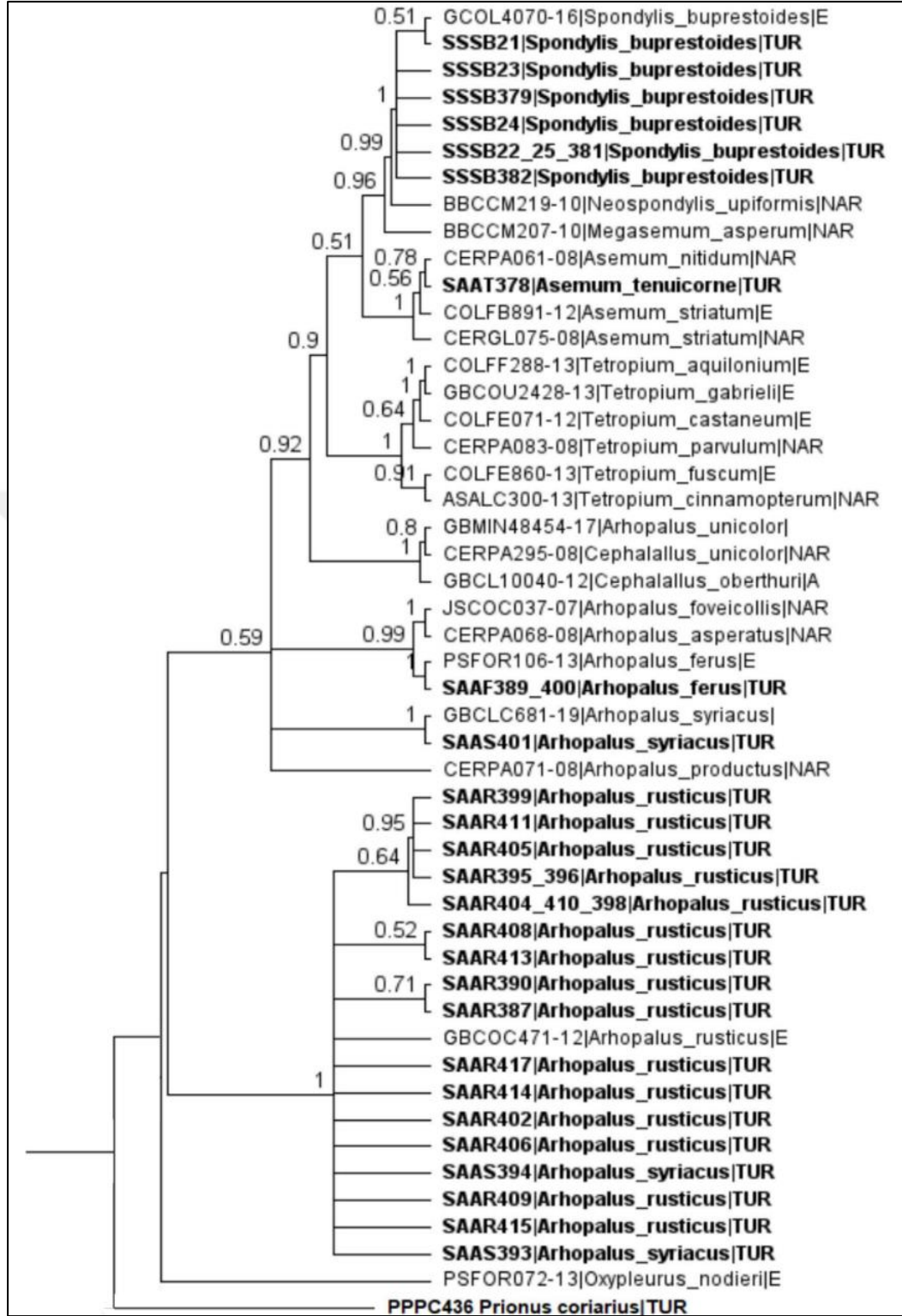
Şekil E.6. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



Şekil E.6. (Devam) Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Lepturinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı



Şekil E.7. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Spondylidinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş ML ağacı



Şekil E.8. Kocaeli'nden ve BOLD taksonomi arşivinden elde edilen Spondylidinae alt familyasından türlere ait COI gen bölgesi haplotipleri arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren, GTR+G+I modeli kullanılarak oluşturulmuş BI ağacı

KİŞİSEL YAYIN VE ESERLER

Çakmak Y. E., **Soydabaş-Ayoub H. K.**, Uçkan F., A preliminary phylogenetic analysis of ribbed-pine-borer (*Rhagium inquisitor*) based on mitochondrial COI sequences. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 2020, **23**(3), 804-815.

Çakmak Y. E., **Soydabaş H. K.**, Uçkan F., Native and Non-Native *Rhagium inquisitor* (Coleoptera: Cerambycidae) Haplotypes of Kocaeli based on COI, *the 4th International Symposium on EuroAsian Biodiversity*, Kiev, Ukrayna, 3-6 Temmuz 2018.

Çakmak Y. E., **Soydabaş-Ayoub H. K.**, Uçkan F., Size Divergence of *Rhagium inquisitor*: Sexual Similarity Versus Environmental Variability, *Fresenius Environmental Bulletin*, 2019, **28**(10), 7593-7602.

Nogaylar B., Uçkan F., **Soydabaş H. K.**, Phylogenetic Status of *Apanteles galleriae* W. (Braconidae: Microgasterinae) Based on Cytochrome Oxidase-I, *XI European Congress of Entomology*, Napoli, İtalya, 2-6 Temmuz 2018.

Nogaylar B., Uçkan F., **Soydabaş H. K.**, Phylogenetic Status of *Pimpla turionella* L. (Hymenoptera:Ichneumoninae) Based on Cytochrome Oxidase I, *XI European Congress of Entomology*, Napoli, İtalya. 2-6 Temmuz 2018.

Soydabaş H. K., Atak Ş., Uçkan F., Phylogenetic Status of Lamiinae (Cerambycidae: Coleoptera) Species from Kocaeli Province Based COI Gene Sequences, *XIII. Congress of Ecology and Environment with International Participation*, Edirne, Türkiye, 12-15 Eylül 2017.

Soydabaş H. K., Ergül H. A., Uçkan F., Tonay A., Parnikoza I., Phylogenetic Analysis of *Andreaea* moss Including *Andreaea regularis* from Galindez Island (Antarctic Peninsula) Based on rbcL Gene Sequences, *XIII. Congress of Ecology and Environment with International Participation*, Edirne, Türkiye, 12-15 Eylül 2017.

Soydabaş H. K., Uçkan F., Nogaylar B., Preliminary Phylogenetic Analysis of Lepidopteran Hosts of *Pimpla turionellae* Based on Cytochrome Oxidase I, *the 3rd International Symposium on EuroAsian Biodiversity*, Minsk, Belarus, 05-08 Temmuz 2017.

ÖZGEÇMİŞ

Havva Kübra Soydabaş Ayoub ilköğretimi ve liseyi İzmit'te tamamladı. Gazi Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü'nden 2009 yılında mezun oldu. Yüksek lisansını Kocaeli Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı'nda 2015 yılında tamamladı ve aynı yıl doktora programına başladı. 2009-2012 yılları arasında Kocaeli Büyükşehir Belediyesi "Sivrisinek Karasinek Larva ve Ergin Mücadelesi Hizmet İşİ" kapsamında kontrol mühendisi olarak, 2014-2021 yılları arasında Kocaeli Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı'nda araştırma görevlisi olarak çalıştı.

