

**İÇ ANADOLU'DA MARNLI BİR BOZKIR HABİTATINDA  
YETİŞEN DAR YAYILIŞLI VE YAYGIN BİTKİLERİN  
POLİNATÖR BÖCEK ÇEŞİTLİLİĞİ ÖRÜNTÜLERİ**

**PATTERNS OF INSECT POLLINATOR DIVERSITY IN  
RARE AND COMMON PLANTS GROWING IN A MARL  
STEPPE HABITAT IN CENTRAL ANATOLIA**

**GÜLSELİ KIRGIL**

**Prof. Dr. ÇAĞATAY TAVŞANOĞLU**  
**Tez Danışmanı**

**Prof. Dr. EMRE KESKİN**  
**Tez Eş Danışmanı**

Hacettepe Üniversitesi

Lisansüstü Eğitim – Öğretim ve Sınav Yönetmeliğinin

Biyoloji Anabilim Dalı için Öngördüğü

YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak hazırlanmıştır.

2025

*Anneme  
ve  
canım arkadaşım Bengisu'ya...*

## ÖZET

# İÇ ANADOLU'DA MARNLI BİR BOZKIR HABİTATINDA YETİŞEN DAR YAYILIŞLI VE YAYGIN BİTKİLERİN POLİNATÖR BÖCEK ÇEŞİTLİLİĞİ ÖRÜNTÜLERİ

**Gülsemi KIRGIL**

**Yüksek Lisans, Biyoloji**

**Danışman: Prof. Dr. Çağatay TAVŞANOĞLU**

**Eş Danışman: Prof. Dr. Emre KESKİN**

**Haziran 2025, xiii+ 133 sayfa**

Polinasyon, polenlerin bitkilerin anterinden stigma yapısına taşınması olarak nitelendirilir. Polinasyonda böceklerin önemli bir yeri bulunmaktadır, çiçek ziyaretçileri de polinasyona değişen oranlarda katkı sağlar. Ekolojideki ana odaklardan biri türlerin yayılış modellerini şekillendiren değişkenleri anlamaktır. Yetersiz veya düşük kalitedeki polen alımıyla açıklanan polen kısıtlaması, yeterli polinatör olmadığında veya ziyaretçilerin polinasyona etki gücü sınırlı olduğunda meydana gelmekte ve bitkilerde yayılışı etkilemektedir. Özelleşmiş veya genelci davranış, taksonların kaynakları kullanma kabiliyeti ve kapasitesiyle ilişkilidir. Sınırlı niş genişliği özelleşmenin göstergesiyken, daha fazla niş genişliğine sahip olan genelci türlerde farklı koşulları tolere etme kapasitesi daha yüksektir. Bitki yayılışıyla polinatör böcekler arasında türlerin özelleşmiş-genelci davranış farklılıkları da etkili olabilir ve türlerin etkileşimlerindeki davranışlarına dair çıkarımların çoğu, yalnızca etkileşim ağı yaklaşımıyla yanıtlanabilir. Polinatör böceklerin bitki yayılışına etkisi farklı açılardan araştırılmıştır fakat farklı yayılış grupları arasındaki polinatör böcek çeşitlilik örüntülerine daha önce odaklanılmamıştır. Tezin ana araştırma sorusunu, bitkilerin yayılış örüntüleriyle bu bitkileri ziyaret eden polinatör böceklerin takson zenginliği, çeşitliliği, ziyaret sıklığı ve takson kompozisyonu arasında bir ilişki olup olmadığı oluşturmaktadır. Söz konusu araştırma sorularının yanıtlanması için, Eskişehir, Sivrihisar'daki marnlı bozkır alanlarında bulunan dar yayılışlı ve endemik bitkiler, yaygın ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik olmayan bitki gruplarında yer alan üçer bitki türü üzerinde polinatör böcek gözlemleri yapılmış ve ilgili türlerin bireylerinden eDNA metabarkodlama için çiçek

örnekleri alınmıştır. Polinatör böcek gözlemleri her bitki türünün beş farklı bireyinde gerçekleştirilmiş ve ayrıca her tür için genel örnekleme yapılmıştır. Gözlem yoluyla elde edilen örnekler, polinatör böcekler ve diğer çiçek ziyaretçileri olarak sınıflandırılarak veri analizi polinatörler ve polinatörlerin dâhil olduğu tüm ziyaretçiler için ayrı ayrı gerçekleştirilmiştir. Takson zenginliği ve ziyaret sıklığı için Poisson dağılımını baz alan genelleştirilmiş doğrusal modelden, takson çeşitliliği için Shannon çeşitlilik indeksi ile genel doğrusal model ve tek yönlü varyans analizinden yararlanılmıştır. Takson kompozisyonu için metrik olmayan çok boyutlu ölçekleme ve parametrik olmayan çok değişkenli varyans analizi yapılmış, takson benzerliği analizleri için Jaccard benzerlik indeksi kullanılmış ve ayrıca etkileşim ağı analizleri gerçekleştirilmiştir. Sonuçlara göre, bitki yayılış grupları arasında polinatör böcek ve tüm ziyaretçi taksonlarının oluşturduğu komüniteler bakımından farklılık vardır. Dar yayılışlı bitkilerin polinatörler ve tüm ziyaretçiler için takson zenginliği, çeşitliliği ve ziyaret sıklığı açısından diğer gruplardan istatistiksel olarak anlamlı olacak derecede düşük değerlere sahip olduğu, yaygın ve endemik olmayan bitkilerin ise bu açılardan en yüksek değerlere sahip olduğu görülmüştür. Dar yayılışlı bitkilerde polinatör ziyaretinin düşüklüğü nedeniyle polen kısıtlamasının meydana gelmiş olabileceği düşünülmektedir. Buna karşın yayılış grupları arasında komünite kompozisyonlarında belirgin bir fark gözlenmemiştir, çalışma kapsamında örneklenen polinatör taksonlarının bitkiler arasında farklılaşacak şekilde dağılmış olmasının ve polinatörler ile tüm ziyaretçi verisinde geniş bir varyasyonun gözlenmesinin bu sonucu açıklayabileceği sonucuna varılmıştır. Tez çalışmasında veri eldesinde kullanılan eDNA metabarkodlama tekniği, gözlem ile tespit edilmesi zor bazı çiçek ziyaretçisi taksonları saptamış olsa da, bu teknikle polinatör böcekler açısından bir çıktı elde edilememiştir. Tez çalışması İç Anadolu marnlı bozkır ekosisteminde yayılış gösteren polinatör böcekleri ve bu ekosistemde farklı yayılış örüntülerine sahip bitkilerle bu polinatör böcekler arasındaki ilişkileri ortaya koymuştur. Çalışmanın bulguları, marnlı bozkır alanlarında, özellikle dar yayılışlı ve endemik türler için yürütülmesi planlanan koruma çalışmalarına, türlerin etkileşimleriyle birlikte değerlendirilerek planların veriminin artırılması açısından katkı sunabilir.

**Anahtar Kelimeler:** Polinasyon, polinatör böcekler, çiçek ziyaretçileri, endemizm, yayılış, polen kısıtlaması, marnlı bozkır, İç Anadolu Bozkır, eDNA metabarkodlama.

## **ABSTRACT**

### **PATTERNS OF INSECT POLLINATOR DIVERSITY IN RARE AND COMMON PLANTS GROWING IN A MARL STEPPE HABITAT IN CENTRAL ANATOLIA**

**Gülseli KIRGIL**

**Master of Science, Biology**  
**Supervisor: Prof. Dr. Çağatay TAVŞANOĞLU**  
**Co-Supervisor: Prof. Dr. Emre KESKİN**  
**June 2025, xiii+ 133 pages**

Pollination is the transfer of pollen from the anthers to the stigma of plants. Insects play a key role in pollination, and floral visitors contribute to process at varying levels. In ecology, understanding the factors shaping species distribution patterns is a central focus. Pollen limitation, defined by inadequate or poor-quality pollen receipt, can occur when pollinators are insufficient or ineffective, influencing plant distribution. Specialized and generalist behaviors relate to resource use capacity of taxa. Limited niche breadth indicates specialization, while broader niche breadth in generalists allows tolerance to diverse conditions. Differences in these behaviors between plants and pollinators may also affect plant distribution, and most insights into these interactions are achievable only through an interaction network approach. While pollinator effects on plant distribution have been examined from various angles, diversity patterns of pollinators across plant distribution groups remain understudied. This thesis investigates whether plant distribution patterns are associated with the taxon richness, diversity, visitation frequency, and taxonomic composition of insect pollinators. Fieldwork was conducted in marl steppe habitats in Sivrihisar, Eskişehir, on three species each from narrowly distributed endemic, widespread endemic, and widespread non-endemic plant groups. For each species, pollinator observations were carried out on five individuals, and additional general samples were taken. Flower samples were collected for eDNA metabarcoding. Observational samples were

categorized into pollinator insects and other floral visitors, with analyses conducted separately for pollinators and all-inclusive visitor groups. Taxon richness and visitation frequency were analyzed using generalized linear models based on Poisson distribution. Taxon diversity was assessed using the Shannon index, general linear models, and one-way ANOVA. For taxon composition, non-metric multidimensional scaling and non-parametric multivariate analysis of variance were performed, and Jaccard similarity index was used for taxon similarity. Interaction network analyses were also conducted. Results showed differences in the communities formed by pollinators and all visitors across plant distribution groups. Narrowly distributed plants had significantly lower taxon richness, diversity, and visitation frequency for both pollinators and all visitors, whereas widespread non-endemic plants had the highest values. This suggests that pollen limitation may be occurring in narrowly distributed plants due to reduced pollinator visitation. However, no distinct differences were found in community composition between groups. This may be explained by the distributional variability of pollinator taxa among plants and broad variation within the data. While eDNA metabarcoding enabled the detection of some hard-to-observe floral visitors, it failed to yield data specific to pollinator insects. This study identifies the pollinator insects present in Central Anatolia's marl steppe ecosystem and their interactions with plant species exhibiting different distribution patterns. Its findings provide valuable insights for improving conservation strategies, especially for narrowly distributed and endemic species, by incorporating species interactions into planning.

**Keywords:** Pollination, insect pollinators, flower visitors, endemism, distribution, pollen limitation, marl steppe, Central Anatolian Steppe, eDNA metabarcoding.

## TEŞEKKÜR

Sadece bir eğitim almadığımızı aslında bulunduğumuz yerlerde kişisel hikâyelerimizin parçalarını oluşturduğumuzu düşünüyorum. İnşili çıkışlı geçen eski bir serüvenin bitişinde, yepyeni serüvenleri başlatacak bir kapıyı araladım. Araladım ki o yeni serüvenleri başlatacak yepyeni yolları bulabileyim. Hiçbir şey kolay olmadı, içten içe biliyordum ki böylesi daha iyiydi, çünkü kolay kazanılmamış şeylerin daha kalıcı olduğuna inanırım. Bir serüvende ilerleyebilmeyi, bu açıdan yürümeyi en baştan öğrendiğim bu süreçte hayatımı derinden etkileyen bir durağa eriştim. Burada yüzeyde görünen ana serüvenime eşlik eden bir sürü minik serüven ekledim hikâyeme, hayran kalınası insanlar tanıdım, kendi ifadelerine göre çoğunun yaşamına dokundum. Burada katılığımın arınmayı, fikren esneyebilmeyi de öğrendim. Bu kapının aralanmasına yardımcı olan ve hem kök salmam gereken alandan emin olduğum hem de müthiş insanları yaşantıma katabildiğim bu serüvenin başlamasını beni laboratuvarına kabul ederek sağlayan danışmanıma minnettarım. Kendisinden akademiye, laboratuvar yöneticiliğine, bilime ve ekolojiye dair çok şey öğrendim, aynı fikirde olmadığım anlarda bile. Kendisi kadar düzgün ve iyi bir danışmanla çalışma mutluluğuna erişebildiğim yüksek lisans sürecimdeki yönlendiriciliği ve desteği için danışmanım Prof. Dr. Çağatay Tavşanoğlu'na teşekkür ederim. Umarım bir gün kendisi gibi bir bilim insanı olabilirim.

Eş danışmanım Prof. Dr. Emre Keskin'e, tezimi ürettiğim projeye katkılarından ötürü Prof. Dr. Ahmet Emre Yaprak'a, Dr. Öğr. Üyesi Fatih Dikmen'e, Arş. Gör. Dr. Çiğdem Özenirler'e, Pelin Taş'a ve Ece Kamalak'a;

Yüksek lisans sürecimde kendisinden ekolojiye, bilime ve akademiye dair çok şey öğrendiğim bir başka hocama, Doç. Dr. Kahraman İpekdal'a;

Çok genç bir yaşta, bir anda kaybettiğimiz canım arkadaşım Bengisu Diri başta olmak üzere bu süreçte tanıştığım arkadaşlarım Ceren Nur Topalşabanoğlu, Kader Araç, Cansu Baran, Merve Nur Turan, Şimal Naz Beşyıldız, Nurbahar Usta Baykal ve Cansu Ülgen'e teşekkür ederim.

Yüksek lisans sürecimin daha en başında tanıştığım, aynı laboratuvarı paylaşmaktan mutluluk duyduğum ve bu sürenin tamamında yaşantılarımızdaki iyi kötü her şeye karşılıklı olarak tanıklık ettiğimiz ekürim, can dostum ve minik kardeşim Bedirhan Avdancı'ya bu süre zarfında acıyı bal eylemedeki desteği, yeniden tüm tuşlara basmamdaki yüreklendirmesi, bana öğrettikleri ve ona öğretebildiğim şeyler için bana imkân tanınması nedeniyle çok teşekkür ederim. Ben bu süreçte hem bir minik kardeş, hem bir dost hem de bir "akademik yol arkadaşı" kazandım.

İki yıldır laboratuvar sorumluluğunu yürüttüğüm Hacettepe Üniversitesi Fonksiyonel Ekoloji Laboratuvarının geçmişten günümüze tüm bileşenlerine;

Genç yaşlarımızdan beri farklı alanlarda benzer kararlılık ve çabayla birlikte yürüdüğümüz, hemdemlik ettiğimiz dostlarımız Tuğçe Bigiş, Selena Demirli Doğan ve Ayşe Dalı'ya;

Bana eğitimin, hem de yaşam boyu eğitimin değerini, öğrenmenin hiç bitmediğini, çabalamanın, düştüğün yerden çalışarak, emek vererek çıkmanın kıymetini öğreten ve

yepyeni yollara çıkabilmem için fırsat sağlayarak beni destekleyen çekirdek aileme, özellikle de ablalarım Sevinç Kırgıl ve İlknur Kırgıl'a teşekkür ederim.

Kişinin kendi yaşamını kendi prensipleriyle ilmek ilmek örmesinin bir örneğiydi o. Bazen bir beş dakika bile bir köşede oturmadan çalışmayı, eğitimin ve eğiticinin önemini de, mizahı bir enstrüman olarak kullanıp sıkıntıları geride bırakabilmeyi de ve bazen çok yüksek sesle, bazense büyük bir sessizlikle sevgiyi anlatabilmeyi de ondan öğrendim. Makaraya doladığı bir kâğıttan kendine yaptığı sözlüğü pamuk tarlası sularken çevire çevire okuyan bir çocuğun kurduğu bir hayalin peşinden giderek İngilizce öğretmeni olmasının anılarıyla büyüdüm. O bana köyde büyümüş bir çocuğun, korkunç bir çabayla, tırnaklarıyla kazıya kazıya “olmaz” denileni oldurabileceğini, MEB görevlendirmeleriyle “öğretmenlerin öğretmeni” de olabileceğini öğretti. Bana ve bugünün yetişkinleri olmuş yüzlerce çocuğa öğrettiği milyonlarca şeyi bırakıp geride, 2019 yılının çok ama çok soğuk bir Şubat gününde gitti. Bu yazını, artık tek bir yerde değil, her yerde olan annem Suna Kırgıl'a ithaf ederim. Bana emeği nedeniyle en büyük teşekkürü elbette ki ona ediyorum.

“Marnlı Habitatlarda Yetişen Dar Yayılışlı ve Yaygın Bitkilerin Polinatör Böcek Çeşitliliğinin eDNA Metabarkodlama Tekniği Kullanılarak Karşılaştırılması” başlıklı TÜBİTAK 1002 projesi (Proje kodu: 124Z153) kapsamında tez çalışmamı destekleyen TÜBİTAK ARDEB'e ve

Varlığıyla, yetişmekte olan genç bilim insanı adayı öğrencilere bir güvence olmasının yanı sıra bir gurur kaynağı da olan TÜBİTAK BİDEB'e, “2210 – Yurt İçi Yüksek Lisans Burs Programları” kapsamında beni yüksek lisans sürecim boyunca destekledikleri için yürekten teşekkürü borç bilirim.

Dolu dolu geçen yüksek lisans sürecimin sonuna geldim. Heybemde, hikâyeme eklediğim yeni sayfalardan oluşan, serüvenimin birkaç ciltlik minik özeti... Buradan dönüp bakınca beni buraya getiren yollar eskisi kadar acı yüklü değil gibi geliyor. Fakat alışkanlık bu ya, yürünecek yeni yollar, yaşanacak yepyeni serüvenler bekliyor beni. David Hume'a ait olduğu söylenegelen “Eğer burada (bu noktada) durup daha ileri gitmeyeceksek, niçin bu noktaya kadar geldik?” sözünün yol göstericiliği ile üretmeye, yürümeye, yaşamaya devam etmek dileğiyle... Gerçekten de “aramakla bulunmaz ama ancak arayanlar bulabilir.”

Gülseli KIRGIL

Haziran 2025, Ankara

# İÇİNDEKİLER

ÖZET .....	i
ABSTRACT .....	iii
TEŞEKKÜR .....	v
İÇİNDEKİLER.....	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	xiii
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Böcek Aracılı Polinasyon .....	1
1.2. Yayılış Kavramı ve Polen Kısıtlaması.....	4
1.3. Polinasyonda Özelleşmiş-Genelci Davranış .....	6
1.4. İç Anadolu Bozkır.....	9
1.4.1. İç Anadolu Bozkırına Etki Eden Stres Faktörleri .....	12
1.4.1.1. Yoğun Tarım Faaliyeti.....	14
1.4.1.2. Aşırı Otlatma.....	17
1.4.1.3. Ağaçlandırma Baskısı .....	21
1.4.1.4. İklim Değişikliği .....	23
1.5. eDNA Metabarkodlama .....	27
1.6. Araştırma Soruları, Hipotezler ve Çalışmanın Önemi.....	29
2. YÖNTEM .....	31
2.1. Çalışma Alanı .....	31
2.2. Çalışma Kapsamındaki Bitki Türleri .....	33
2.3. Arazi Çalışmaları .....	36
2.3.1. Böceklere Odaklı Arazi Çalışmaları: Polinatör Böcek Gözlem ve Örneklemeleri .....	37
2.3.2. Bitkilere Odaklı Arazi Çalışmaları: Çiçek Örneklemesi .....	38
2.4. Laboratuvar Çalışmaları.....	39
2.4.1. Böceklerin İğnelenmesi ve Takson Teşhisleri .....	39
2.4.2. eDNA Metabarkodlama .....	40
2.4.2.1. DNA İzolasyonu .....	40
2.4.2.2. PCR ve Agaroz Jel Elektroforezi Uygulamaları.....	42
2.4.2.3. Kütüphane Hazırlığı ve Yeni Nesil Dizileme .....	45
2.4.2.4. Biyoinformatik Analizler .....	47
2.5. Veri Analizi.....	48
3. BULGULAR .....	50

3.1. Gözlem Yoluyla Elde Edilen Bulgular .....	50
3.1.1. Takson Analizleri Bulguları.....	51
3.1.2. Polinatör Etkileşim Ağı Analizi Bulguları.....	62
3.1.3. Yüksek Takson Analizleri Bulguları .....	66
3.1.3.1. Cins Analizleri Bulguları .....	66
3.1.3.2. Familya Analizleri Bulguları .....	69
3.2. eDNA Metabarkodlama Yoluyla Elde Edilen Bulgular .....	72
4. TARTIŞMA.....	76
4.1. Gözlem Bulgularındaki Genel Dinamikler .....	76
4.1.1. Takson ve Yüksek Takson Analizleri Işığında Genel Eğilimler .....	76
4.1.2. Polinatör Etkileşim Ağı Analizlerinde Genel Eğilimler .....	81
4.2. eDNA Metabarkodlama Bulgularında Genel Dinamikler .....	85
4.2.1. eDNA Metabarkodlama Sonuçları Işığında Genel Eğilimler .....	85
4.2.2. eDNA Metabarkodlama Çalışmalarından Polinatörlere İlişkin Veri Elde Edilememesinin Potansiyel Sebepleri.....	87
5. GELECEK ÇALIŞMALAR.....	90
6. SONUÇ.....	93
KAYNAKLAR.....	95
EKLER .....	115

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. İç Anadolu Bozkırının bitki çeşitliliği. ....	10
Şekil 1.2. İç Anadolu Bozkırında böcek çeşitliliği. ....	11
Şekil 1.3. Türkiye’de bulunan üç farklı biyoçeşitlilik sıcak noktası: Akdeniz Havzası (yeşil), İran-Anadolu (gri) ve Kafkasya (mavi) Biyoçeşitlilik Sıcak Noktaları (Mittermeier vd., 2011). ....	12
Şekil 1.4. İç Anadolu Bozkırına etki eden stres faktörleri. ....	13
Şekil 1.5. Türkiye’de pestisit (a) ve insektisit (b) kullanım miktarlarının (ton), yıllara göre değişimi. ....	17
Şekil 1.6. İç Anadolu Bozkırında otlama faaliyetinden dönen bir sürü (Fotoğraf: Bengisu Diri; Lalahan/Ankara). ....	18
Şekil 1.7. Tez çalışması kapsamında değerlendirilen marnlı bozkır alanlarında aşırı otlatma emareleri. ....	20
Şekil 1.8. Tarihin en sıcak yılı olarak açıklanan 2024 yılına ait Dünya geneli sıcaklıkların 1951-1980 yılları arasındaki sıcaklıkların ortalamasından ne kadar farklı olduğunu açıklayan grafik. ....	25
Şekil 1.9. Böceklerin azalış trendine etki eden faktörler. ....	26
Şekil 2.1. Tez çalışması kapsamında Eskişehir, Sivrihisar’da (Türkiye) çalışma yürütülen marnlı bozkır alanları. ....	32
Şekil 2.2. Çalışma alanının farklı kesimlerinden görüntüler. ....	33
Şekil 2.3. Tez çalışması kapsamında değerlendirilen bitki türleri. ....	35
Şekil 2.4. Etanol içerisinde bekletilen çiçeklerin Falcon tüplerinden çıkarılması (a) ve atılması (b), içerisinde sadece etanol kalan Falcon tüplerinin, santrifüj için aparatlara yerleştirilmesi (c ve d). ....	41
Şekil 2.5. Çalışmanın izolasyon aşamasının farklı noktalarından fotoğraflar. ....	41
Şekil 2.6. Konsantrasyon ölçümünde kullanılan Invitrogen™ Qubit 4 Fluorometer cihazı (a), amplikon kütüphane hazırlığında yer alan index PCR aşaması (b), amplikon kütüphane hazırlığı süreci (c) ve kütüphane hazırlığında kullanılan manyetik bead (d). ....	46
Şekil 2.7. Bioanalizer çipinin hazırlandığı istasyon ile Agilent 2100 Bioanalizer cihazı. ...	46
Şekil 3.1. Bitki gruplarını ziyaret eden polinatör böceklerin takson zenginliği (a), takson çeşitliliği (c) ve ziyaret sıklığı (e) ortalamaları ile tüm ziyaretçilerin takson zenginliği (b), takson çeşitliliği (d) ve ziyaret sıklığı (f) ortalamaları. ....	54

<b>Şekil 3.2.</b> Bitki gruplarını ziyaret eden polinatör böceklerin (a ve c) ve toplam ziyaretçilerin (b ve d) tür kompozisyonu; a ve b grafikleri var-yok verisi ile, c ve d grafikleri bolluk verisi ile çizilmiştir. ....	61
<b>Şekil 3.3.</b> Çalışma kapsamındaki bitkileri ziyaret eden polinatör böceklerin (a) ve tüm ziyaretçilerin (b) bitkiler arasındaki örtüşme oranları. ....	61
<b>Şekil 3.4.</b> Bitki türleri ve bitkileri ziyaret eden polinatör böcekler arasındaki etkileşim ağı. ....	65
<b>Şekil 3.5.</b> Bitki yayılış gruplarını ziyaret eden polinatör böceklerin cins zenginliği (a) ve cins çeşitliliği (c) ile tüm ziyaretçilerin cins zenginliği (b) ve cins çeşitliliği (d). ....	67
<b>Şekil 3.6.</b> Çalışma kapsamında teşhis edilebilmiş cinslerin bitki türlerindeki dağılımı. ....	68
<b>Şekil 3.7.</b> Çalışma kapsamında teşhis edilebilmiş polinatör cinslerinin bitki türlerindeki dağılımı. ....	69
<b>Şekil 3.8.</b> Bitki yayılış gruplarının familya zenginliği (a: polinatörler, b: tüm ziyaretçiler) ve familya çeşitliliği (c: polinatörler, d: tüm ziyaretçiler) analizleriyle elde edilen grafikler. ....	70
<b>Şekil 3.9.</b> Polinatör familyalarının (a ve c) ve tüm ziyaretçi familyalarının (b ve d) yayılış gruplarına göre kompozisyonu. ....	71
<b>Şekil 3.10.</b> Bitkiler arasında polinatörlerin (a) ve tüm ziyaretçilerin (b) benzerlik oranlarının tespit edilmesi için yapılan Jaccard analizi sonuçlarına dayalı ısı haritası grafikleri. ....	71
<b>Şekil 3.11.</b> Polinatör ve ziyaretçi familyalarının verisetindeki baskınlıklarını gösteren grafik. ....	72
<b>Şekil EK 1.1.</b> Deneme çalışmalarının örnekleri (a), havanda ezerek örnekleri homojen hale getirme (b), örnekler için tüp hazırlığı (c) ve tartım aşamalarına (d) ait görseller. ....	115
<b>Şekil EK 3.1.</b> Sadece ziyaretçi taksonlara odaklı analizler, takson zenginliği, takson çeşitliliği ve ziyaret sıklığı açısından yayılış grupları arasında fark olduğunu göstermiştir. ....	123
<b>Şekil EK 3.2.</b> Polinatör olmayan diğer ziyaretçilere odaklı takson kompozisyonu analizleri de, polinatör taksonların ve tüm ziyaretçilerin takson kompozisyonu analizlerine benzer bir şekilde sonuç vermiştir. ....	124
<b>Şekil EK 5.1.</b> Bitkilerin polinatör böceklerinin cins kompozisyonu (a: var/yok verisi, c: bolluk verisi) ve tüm ziyaretçilerinin cins kompozisyonu (b: var/yok verisi, d: bolluk verisi) analizleri sonucunda cins kompozisyonunda istatistiksel olarak anlamlı fark gözlenmemiştir. ....	128

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<b>Çizelge 2.1.</b> Çalışmada odaklanılan bitki türlerinin yayılış tipleri ve endemizm statülerine göre gruplandırılması. ....	34
<b>Çizelge 2.2.</b> Arazi çalışmaları kapsamında marnlı bozkır alanlarında çalışma yürütülen dört alanın koordinatları ve her bir alanda odaklanılan bitki türleri. ....	36
<b>Çizelge 2.3.</b> eDNA metabarkodlama için yapılan çiçek örneklemelerinin gerçekleştirildiği alan, gün ve gün içi periyot. ....	39
<b>Çizelge 2.4.</b> PCR aşamasında her bir örnek için hazırlanan 10 µL hacimdeki karışımda yer alan maddeler ve miktarları. ....	43
<b>Çizelge 2.5.</b> PCR işleminde sırasıyla meydana gelen aşamalar, bu aşamalara ait sıcaklık ve süre değerleri ile PCR'in denatürasyon, bağlanma ve sentez adımlarının ne kadar tekrarlandığını belirten döngü sayısı. ....	43
<b>Çizelge 2.6.</b> eDNA metabarkodlama çalışmaları kapsamında PCR uygulamaları sırasında kullanılan primerlere ait isim, dizi, baz çifti (bç), bağlanma sıcaklığı (T <sub>m</sub> ,°C) ve kaynak bilgileri. ....	44
<b>Çizelge 2.7.</b> Amplikonların, kütüphane hazırlığı öncesi ve sonrasına ait Qubit ölçümü sonuçları. ....	47
<b>Çizelge 3.1.</b> Arazi çalışması yürütülen marnlı bozkır alanlarından elde edilen farklı nitelikteki böceklerin takson zenginliği. ....	51
<b>Çizelge 3.2.</b> Bitkileri ziyaret eden polinatör böceklerin tür, cins, familya, takım bilgilerini, bitkiler için toplam ziyaret sayılarını ve bazı istatistik değerlerini içeren çizelge. ....	55
<b>Çizelge 3.3.</b> Bitkileri ziyaret eden polinatör harici ziyaretçilerin tür, cins, familya, takım bilgilerini ve diğer ziyaretçiler (polinatör dâhil değil) için bazı istatistik değerlerini ve ayrıca polinatörler dâhil tüm ziyaretçiler için toplam ziyaret sayısını ve bazı istatistik değerlerini içeren çizelge. ....	58
<b>Çizelge 3.4.</b> Bitki-polinatör böcek etkileşimleri için yapılan ağ analizlerinde öne çıkan metrikler ve çalışma kapsamındaki değerleri. ....	63
<b>Çizelge 3.5.</b> Hangi bitki üzerinden tespit edildikleri ve yer aldıkları familya ile takım bilgileriyle birlikte eDNA metabarkodlama çalışmaları sonucunda elde edilen taksonlar. ....	74
<b>Çizelge EK 1.1.</b> Deneme çalışmaları bağlamında PCR aşamasında kullanılan primerlere ait isim, dizi, baz çifti (bç), bağlanma sıcaklığı (T <sub>m</sub> ,°C) ve kaynak bilgileri. ....	116
<b>Çizelge EK 2.1.</b> Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından ilkinе ilişkin liste. İfade edilen örnekler, sadece “Ins16S_1_F” ve “Ins16S_1_R” primer çifti kullanılarak ve PCR uygulaması bir kez tekrarlanarak amplikon elde edilebilen örneklerdir. ....	120

<b>Çizelge EK 2.2.</b> Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından ikincisine ilişkin liste. İfade edilen örnekler, sadece “Ins16S_1_F” ve “Ins16S_1_R” primer çifti kullanılarak ve PCR uygulaması art arda iki kez tekrarlanarak amplikon elde edilebilen örneklerdir. ....	121
<b>Çizelge EK 2.3.</b> Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından üçüncüsüne (nested-PCR) ilişkin liste. İfade edilen örnekler, “Ins16S_1_F” ve “Ins16S_1_R” primer çifti kullanılarak üretilen PCR ürünlerinin, “Ins16S_1_F” ve 16S bölgesinde daha kısa bir bölgeyi hedefleyen “Ins16S_1_short_R” primerlerinin kullanılmasıyla amplikon elde edilebilen örneklerdir. ....	122
<b>Çizelge EK 2.4.</b> Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından dördüncüsüne ilişkin liste. İfade edilen örnekler, doğrudan “Ins16S_1_F” ve 16S bölgesinde daha kısa bir bölgeyi hedefleyen “Ins16S_1_short_R” primerlerinin kullanılmasıyla amplikon elde edilebilen örneklerdir. ....	122
<b>Çizelge EK 2.5.</b> Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından beşincisine ilişkin liste. İfade edilen örnekler, “Ins16S_1_F” ve 16S bölgesinde daha kısa bir bölgeyi hedefleyen “Ins16S_1_short_R” primerlerinin kullanılmasıyla elde edilen PCR ürünlerinin aynı akışla yeniden PCR uygulamasına tabi tutulmasıyla amplikon elde edilebilen örneklerdir. ....	122
<b>Çizelge EK 4.1.</b> Çalışmadaki bitkilerin polinatör böceklerinin örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri). ....	125
<b>Çizelge EK 4.2.</b> Çalışmadaki bitkilerin tüm ziyaretçi böceklerinin örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri). ....	125
<b>Çizelge EK 4.3.</b> Çalışmadaki bitkilerin polinatör böceklerinin yer aldığı cinslerdeki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri). ....	126
<b>Çizelge EK 4.4.</b> Çalışmadaki bitkilerin tüm ziyaretçilerinin yer aldığı cinslerdeki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri). ....	126
<b>Çizelge EK 4.5.</b> Çalışmadaki bitkilerin polinatör böceklerinin yer aldığı familyalardaki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri). ....	127
<b>Çizelge EK 4.6.</b> Çalışmadaki bitkilerin tüm ziyaretçilerinin yer aldığı familyalardaki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri). ....	127
<b>Çizelge EK 6.1.</b> Etkileşim ağının bitkiler açısından yapısını açıklamada önemli olan metrik değerleri. ....	129
<b>Çizelge EK 6.2.</b> Etkileşim ağının polinatör böcekler açısından yapısını açıklamada önemli olan metrik değerleri. ....	129
<b>Çizelge 7.1.</b> eDNA metabarkodlama kapsamında elde edilen türler ve türlerin temsil edildiği taksonlar. ....	131

## SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

eDNA	Çevresel DNA
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
°C	Santigrat Derece
RPM	Dakika Başına Devir
RCF	Göreceli Santrifüj Kuvveti
dH <sub>2</sub> O	Distile Su
µl	Mikrolitre
dk	Dakika
bç	Baz Çifti
V	Volt
ng	Nanogram
NMDS	Metrik Olmayan Çok Boyutlu Ölçekleme

# 1. GİRİŞ

## 1.1. Böcek Aracılı Polinasyon

Polinasyon, en genel tanımıyla, polenlerin bitkilerin anterinden stigma yapısına taşınmasıdır (King ve Brooks, 1947) ve sürecin tamamlanması için polenlerin stigmaya ulaşmalarının ardından burada tohum üretimini sağlayacak olan fertilizasyon sürecinin başlaması gerekir (Fægri ve van der Pijl, 1979a). Polen transferi rüzgâr (anemofili) ve su (hidrofil) gibi abiyotik ajanlar aracılığıyla gerçekleşebileceği gibi, biyotik faktörlerce de gerçekleştirilebilir. Abiyotik polinasyonda polen taşınımının herhangi bir hedefi olmadığından polenler şansa bağlı olarak dağılır ve polenlerin büyük bir kısmı potansiyel hedeflere ulaşamayıp sadece alana yayılır (Fægri ve van der Pijl, 1979b). Biyotik polinasyonda, sürece ikinci bir organizma dâhil olur ve bu tip polinasyonda polen taşıyıcısı canlı ile çiçek arasında belirli bir ilişki kurulur (Fægri ve van der Pijl, 1979c). Biyotik polinasyonda etkileşimin tarafları, sinyal gönderici konumundaki çiçekler ile sinyal alıcı olan polinatörlerdir (Trunschke vd., 2021). Bitkilerin yaklaşık %90'ı üreme için hayvanların aracılık ettiği polinasyona bağımlıdır (Ollerton vd., 2011), dolayısıyla, Angiospermlerin biyoçeşitliliğinin bu mutualist etkileşimlere dayandığı da ifade edilebilir (Bennett vd., 2020).

Hayvanların aracılık ettiği polinasyonda böcekler, kuşlar ve yarasa gibi memeli canlılar önemli bir yer tutar (Stiles, 1978; Fægri ve van der Pijl, 1979d; Fleming vd., 2008; Kunz vd., 2011). Çiçekli bitkilerde popülasyonun üreme başarısının, bitkilerin hayvan aracılı polinasyon ile üreme yetenekleriyle sıkı bir biçimde bağlı olduğu bilinmektedir (Fenster vd., 2004). Bununla birlikte polinasyonda böceklerin görece önemli bir yeri bulunmaktadır (Fægri ve van der Pijl, 1979d; Fleming vd., 2008). Böcekler, canlı grupları arasında en zengin çeşitliliğe (Stork, 1993) ve en yüksek bolluğa sahip olan gruptur (Rosenberg vd., 2023). Buna ek olarak, böceklerin tür içi ve türler arası etkileşimleri de büyük bir çeşitliliğe sahiptir (Samways, 1993). Polinatörlükten predatörlüğe kadar uzanan bu etkileşim çeşitliliği ile böcekler ekosistemlerde önemli biyotik bağlantı noktaları konumundadır (Forister vd., 2019), bu durum böcek taksonlarını karasal ekosistemlerin önemli bir bileşeni yapmaktadır (Steffan-Dewenter ve Tschardtke, 2002). Özcesi böcek taksonları, ekosistemlerin dinamik dengesinin korunması açısından kilit öneme sahiptir. Polinasyon sürecinde ise böcekler, çiçekleri ziyaret eder ve bitkilerin polenini ve/veya nektarını topladıkları sırada vücutlarına yapışan polenlerin bitkinin diğer bireylerine taşınmasına aracılık etmeleri ile önemli bir rol üstlenmişlerdir.

Bitki ve böcekler arasındaki en temel etkileşimlerden olan polinasyonda, diğer bitki-böcek etkileşimlerinde de baskın olarak gözlendiği gibi etkileşim ortakları, karşılıklı olarak birbirlerinin alandaki varlıklarına, çeşitliliklerine, devamlılıklarına ve evrimlerine (birlikte evrim, İng. *coevolution*) etki etmektedir. Örneğin ekosistemde bitki zenginliğinin yüksek olması, mekânsal ve zamansal olarak kaynak (polen/nektar) bulunabilirliğini artırabilir ve buna paralel olarak polinatör zenginliğinde de artış meydana gelebilir (Ebeling vd., 2008). Bitki tür zenginliğindeki azalışla birlikte, oligolektik arılarda polilektik türlerden daha yüksek düzeyde azalma görüldüğü bildirilmiştir (Biesmeijer vd., 2006). Bunun yanı sıra bitki çeşitliliğinde meydana gelen pozitif yönlü değişimler, böceklerde bolluk bakımından artış meydana getirebilir (Abbas vd., 2014). Benzer şekilde bitkilerin tür çeşitliliğinde meydana gelen artışın, polinatör komünitelerinde popülasyon yoğunluğunda meydana gelen zamana bağlı değişimleri azalttığı raporlanmıştır (Ghazoul, 2006), bu durum bitki çeşitliliği ile polinatör komünitelerindeki stabilizasyonun ilişkili olduğunu göstermektedir (Ebeling vd., 2008). Bitki-polinatör etkileşimleri içerisinde önemli bir yer tutan arılar ve böcek aracılı polinasyonun görüldüğü bitkilerde çeşitlilik açısından paralel düşüşler olduğu tespit edilmiştir (Biesmeijer vd. 2006). Bu durum polinasyon üzerinden etkileşim ortaklarının birbirlerinin çeşitliliklerine de etki edebildiğini göstermektedir. Mevcut bitki-polinatör etkileşimlerinde herhangi bir kayıp, taksonların aralarındaki güçlü etkileşim nedeniyle bitki türleri ve ilişkili oldukları polinatörlerinde ikincil bir azalmaya da yol açabilir (Biesmeijer vd., 2006). Benzer şekilde, taksonların etkileşimde oldukları ve hayatta kalma açısından bağlı oldukları taksonların yok oluşu, bağlantılı taksonların da yok olmasına neden olabilir (Krebs, 2024, s. 339). Darwin de 1862 tarihli “*On the Various Contrivances by Which British and Foreign Orchids are Fertilised by Insects, and on the Good Effects of Intercrossing*” başlıklı eserinde (s. 202), Madagaskar'da *Angraecum* cinsi bitkiler ile güveler arasındaki etkileşime dikkat çekmiş ve alanda “güveler yok olacaksa, *Angraecum*'un da yok olacağı kesindir” önermesinde bulunmuştur. Zincirleme yok oluşlar olarak bilinen bu etki, bitki ve böcek komünitelerinin etkileşimleri üzerinden birbirlerini şekillendirebildiklerinin de göstergesidir.

Evrimsel süreçte, çiçekli bitkilerin ortaya çıkışıyla birlikte böcekler için yeni nişlerin açıldığı ve böcekler üzerindeki bu etkinin bitkilerde türleşmeyi yönlendirmiş olabileceği düşünülmektedir, buna karşın bazı etkileşimler çeşitliliğe böylesi bir etki yapmamış da olabilir (Bascompte ve Jordano, 2007). Yine de, hayvanların aracılık ettiği polinasyon ile birlikte oluşan Angiosperm familyaları, abiyotik etmenler aracılı polinasyon ile oluşan

kardeş kladlarından daha çeşitlidir (Dodd vd., 1999). Dolayısıyla hayvan aracılı polinasyonun en önemli bileşeni olan böceklerin, etkileşimleri üzerinden bitkilerin çeşitlenmesinde büyük rol oynadığı söylenebilir. Ayrıca hayvanlar aracılığıyla polenlerini dağıtan bitkiler için çiçeklerinin evriminde hayvanlarla kurulan bu etkileşimin de önemi büyüktür (Trunschke vd., 2021). Çiçek yapılarının biçimi, boyutu ve rengi gibi özelliklerinin şekillenmesinin, evrimsel süreçte bitki-polinatör etkileşimlerin sonucu gerçekleştiği düşünülmektedir (Møller ve Eriksson, 1995).

Böcek aracılı polinasyon ile, bitkilerin polenleri abiyotik faktörlerce taşınabileceğinden daha uzaktaki bireylere kadar ulaştırılabilir. Bitkilerin çok yakınındaki bireylerle üremesinin önüne geçen böcek aracılı polinasyon, bu sayede bitki popülasyonlarında gen havuzunun daralmasını engelleyerek genetik çeşitliliğin kaybını önler (Peterson vd., 2008). Mirmekolog E.O. Wilson (1988) tarafından ortaya atılan “biyoçeşitlilik” terimi, tek başına tür çeşitliliğini değil, genetik çeşitliliği, tür çeşitliliğini ve ekosistem çeşitliliğini bir bütün olarak ifade etmektedir (Stork, 1993). Polinatör böceklerin, bitkilerin polenlerini daha etkili bir şekilde taşıyarak bitkilerin genetik çeşitliliklerini desteklediği bilgisiyle birleştirildiğinde böcek aracılı polinasyonun, etkileşimin taraflarına sadece tür çeşitliliği açısından değil, genel olarak biyoçeşitlilik açısından da etki ettiği görülmektedir.

Bascompte ve Jordano (2007) ise, canlılar arası etkileşimlerin doğada tekil etkileşimlerin çok ötesinde karmaşık ağlar olarak gözlendiklerini vurguladıkları yayınlarında, özellikle tohum dispersali ve polinasyon üzerinden bitki ve böcekler arası mutualist etkileşim ağının “biyoçeşitliliğin mimarisini” oluşturduğunu ve etkileşim ortağı olan taksonların biyoçeşitliliğin zenginleşmesinde kilit taşı unsurlar olduğunu savunmaktadır.

Bioçeşitliliğinin devamlılığını sağlamak ve biyoçeşitlilik kayıplarının potansiyel etkilerini öngörebilmek için canlılar arası etkileşimleri ve etkileşimlerin dinamiklerini incelemek önemlidir (Fründ vd., 2010). Etkileşimlerinin sonuçları nedeniyle bitki-polinatör böcek ilişkileri bu bağlamda öne çıkmaktadır. İfade edildiği gibi polinatörler, hem çeşitlilik hem de fonksiyonların sürdürülmesine yaptıkları önemli katkı nedeniyle ekosistem süreçlerinde kilit bir role sahiptir (Potts vd., 2003) ve buna ek olarak, çiçek ziyaretçilerinin de polinasyona, polinatör olarak nitelendirilen böcekler kadar güçlü olmasa da bir katkılarını bulunmaktadır, bu nedenle çok sayıda çalışmada çiçek ziyaretçileri belirli değişkenler (örneğin böcek fonksiyonel karakterleri) üzerinden gruplandırılmış ve bu grupların polinasyondaki güçleri ayrıca değerlendirilmiştir (Herrera, 1987; Gómez vd., 2010; Junker

ve Blüthgen, 2010). Bu durum, çiçekleri birbirlerinden farklı amaçlarla ziyaret etme potansiyeli olan çiçek ziyaretçilerini de ekosistemler için önemli bir fonksiyonel grup haline getirmektedir.

## 1.2. Yayılış Kavramı ve Polen Kısıtlaması

Ekoloji disiplini içerisindeki önemli konulardan biri, türlerin bolluğu ve yayılış modelleri ile bu kavramları şekillendiren değişkenleri anlamaktır (Eriksson ve Jakobsson, 1998). Yayılış, bir türe ait popülasyonun, coğrafi alanda kapladığı yeri tanımlamaktadır ve bu açıdan kavram, türlerin bulunabildiği alanlar ile bu alanlar içerisindeki mekânsal örüntülerini ifade etmektedir; popülasyonların bolluğundaki ve yayılışındaki değişim ise temel olarak doğum, ölüm, iç ve dış göçlerin dengesi üzerinden belirlenmektedir (Begon vd., 2006). Bitki yayılışı söz konusu olduğunda ise yayılışın, türlerin niş gereksinimlerinin ölçek büyüklüğü ve kaynak mevcudiyetiyle (Eriksson ve Jakobsson, 1998) ve ayrıca yerel ve bölgesel etkenlerin etkileşimli bir şekilde türlere etki etme derecesiyle (Holt vd., 1997) ilişkili olabileceği düşünülmektedir.

Bazı türler alanlarda yaygın bir şekilde gözlenirken bazılarının neden nadir olduklarını ve türlerin yayılış aralıklarındaki bu genişliğin nedenlerini anlamak türlerin ekolojilerine ilişkin yorum yapabilmek açısından oldukça önemlidir (MacArthur, 1972). Gaston ve Kunin (1997, s. 12–29), nadir ve yaygın türler arasında üreme sistemleri, dispersal kabiliyeti, rekabet yeteneği, genetik polimorfizm, trofik statü, birlikte yaşayan türlerin sayısı ve vücut boyutu gibi başlıklar açısından farklar olduğunu ifade etmektedir. Hutchinson, bir türün yayılışına biyotik ve abiyotik etmenlerin etki ettiğini ve bu etmenlerin sınırlayıcı bir etkisinin olduğunu, bu sınırlamaların temel ve gerçekleşen nişler<sup>1</sup> arasında bariz bir ayrım meydana getirdiğini ve yayılışla ilgili sınırların da ancak bu ayrım üzerinden anlaşılabileceğini belirtmiştir (Carscadden vd., 2020). Hutchinson tarafından da dikkat çekildiği üzere türlerin yayılışında abiyotik (Pearson ve Dawson, 2003) ve biyotik faktörlerin (Davis vd., 1998) önemli bir rolü vardır. Bitki yayılışını özellikle iklim ve toprak özellikleri gibi abiyotik faktörler güçlü bir şekilde etkilemektedir (Dubuis vd., 2013). Türlerin pozitif (kolaylaştırma (İng. *facilitation*) ve mutualizm gibi) ve negatif yönlü (rekabetçi dışlama gibi) çeşitli etkileşimleri de (Pellissier vd., 2013) bireylerin dağılımı ve taksonların mekânsal çeşitliliği

---

<sup>1</sup> Temel niş, bir türün büyüyüp gelişebileceği ve hayatta kalabileceği çevresel koşulların matrisi olarak değerlendirilebilir; gerçekleşen niş ise bir türün özellikle biyotik etkileşimler nedeniyle temel nişinden sapmasını anlatır (Carscadden vd., 2020). Temel niş teorik olarak bekleneni, gerçekleşen niş ise pratikte gözlenen durumu açıklamaktadır.

üzerinde etkilidir (Wisiz vd., 2013). Biyotik etmenler, kaynak ve tüketici arasındaki etkileşim, av-avcı ilişkisi, rekabet, mutualizm, kolaylaştırma, konak-parazit etkileşimleri gibi çeşitli olsa da (Araújo ve Luoto, 2007; Bascompte, 2009; Wisiz vd., 2013), yayılış ile biyotik etkileşimler arasındaki ilişki genel olarak rekabet üzerinden açıklanmaktadır (Connell, 1961; Pearson ve Dawson, 2003; Araújo ve Luoto, 2007). Bu durumda, türlerin birbirlerine karşı daha çok olumsuz etkileri olacağı perspektifinden yola çıkılarak araştırmaların rekabet ve benzeri etkileşimler üzerinde yoğunlaşmasının etkisi büyüktür. Aynı zamanda, biyotik etkileşimler de abiyotik çevreden etkilenmektedir, bu nedenle abiyotik ve biyotik etkilerin etkileşimli ve eş zamanlı bir şekilde türlerin yayılışına etki ettiği ifade edilebilir (Davis vd., 1998; Callaway vd., 2002; Wisiz vd., 2013).

Bitkiler ve polinatör böcekler arasındaki etkileşimler, polinasyon sendromu (Møller ve Eriksson, 1995; Fenster vd., 2004; Pélabon vd., 2013; Rosas-Guerrero vd., 2014), bitki stokiometrisi ile polinatör böcekler arasındaki ilişki (Abbas vd., 2014), bitkilerin tür zenginliği (Biesmeijer vd., 2006; Ebeling vd., 2008; Fründ vd., 2010), bitki bolluğu (Fort ve Mungan, 2015; Rivest, 2023) ve çeşitliliği (Biesmeijer vd. 2006; Ghazoul, 2006; Doublet vd., 2022) ile polinatörler arasındaki ilişki gibi konular üzerinden araştırılmıştır. Ne var ki, daha önceki çalışmalarda, farklı yayılış tiplerine sahip bitki grupları arasında polinatörlerin komünite yapılarının nasıl değiştiği konusuna sıklıkla odaklanılmamıştır. Bu konu genellikle polen alımında polinatör kaynaklı kısıtlanma üzerinden araştırılmaktadır.

Polen alımı, polinasyonda etkili olduğu bilinen abiyotik ve biyotik ajanlar aracılığıyla sağlanır (Bennett vd., 2018). Polen alımının bitki üremesi için yeterli olup olmadığı konusu polen kısıtlaması (İng. *pollen limitation*) başlığı üzerinden tartışılmaktadır. Buna göre polen alımının düzeyi, bitki üremesini sınırlandıran faktörlerden biridir (Bennett vd., 2020), yeterli olmayan miktardaki ve/veya düşük kalitedeki polenler, azalmış meyve ve tohum üretimi üzerinden bitkilerin üreme başarısı üzerinde olumsuz etkilere neden olabilir (Gómez vd., 2010; Bennett vd., 2018). Polen kısıtlaması genellikle, yeterli polinatör olmadığında veya mevcut ziyaretçilerin polinasyona etki gücü sınırlı olduğunda meydana gelmektedir (Herrera, 1987; Aizen ve Harder, 2007). Dolayısıyla polen kısıtlaması, polinatörlerin ve çiçek ziyaretçisi türlerin bolluğu, çeşitliliği ve ziyaretçi taksonların kimliği (polinatör/ diğer ziyaretçi) üzerinden de etki edebilir (Gómez vd., 2010). Polinatör çeşitliliğinin yüksek oluşu, çeşitli bitki türlerinde üreme başarısının da daha yüksek oluşuyla sonuçlanmıştır (Knight vd., 2005; Gómez vd., 2007; Gómez vd., 2010) ve hem genelci (González-Varo vd., 2009)

hem de özelleşmiş (Duan vd., 2007) davranış gösteren polinatörlerin bolluğu, polen kısıtlamasındaki etkili faktörlerden biridir. Bu etkinin sonucu olarak polinatörler, daha etkili polen taşınımı üzerinden bitkinin evrimsel uyum başarısını da artırabilir (Møller ve Eriksson, 1995).

Gómez vd. (2010) tarafından bir genelci bitki türünü (*Erysimum mediohispanicum*) merkeze alarak gerçekleştirilen bir çalışma, daha düşük ziyaretçi çeşitliliğine ve çok sayıda görece daha az güçlü polinatöre sahip olan popülasyonlarda daha güçlü bir polen kısıtlaması olduğunu göstermiştir. Çalışmaya göre polen kısıtlamasının en çok dölllenme ve tohum üretimi aşamalarında baskın bir etkisi gözlenmektedir. Küçük bitki popülasyonlarında polinatör ziyaretlerinin ve bitki içi polen ziyaretlerinin azalması, polen birikiminin yanı sıra taşınan polenlerden aynı türe ait olanların heterospesifik polenlere oranını da azaltabilmektedir (Knight vd., 2005). Polen kısıtlaması açısından bakıldığında, bitki popülasyonlarının alanlardaki devamlılığı, polinatörlerin hareketine de bağlı olabilir (Knight vd., 2005), bu durum özellikle parçalanmış habitatlarda yamalar (İng. *patches*) arasındaki hareket kabiliyeti ile de doğrudan ilişkilidir (Amarasekare, 2004).

Bitki üremesinde polen kısıtlamasının etkisi, bitkinin polinatörlere bağımlı olma derecesi, polinasyonda özelleşme derecesi, bitkilerin ve böceklerin evrimsel süreçlerini de yansıtan bazı fonksiyonel karakterleri gibi başlıklar üzerinden türler arasında değişiklik gösterebilir (Knight vd., 2005; Bennett vd., 2020), buna ek olarak arazi kullanım değişiklikleri ve iklim değişikliği gibi faktörler de polen kısıtlaması üzerinde etki edebilir (Bennett vd., 2018). Polinatör çeşitliliğindeki potansiyel azalmaların veya polinatör komünitelerindeki herhangi bir değişikliğin polen kısıtlaması etkisini derinleştireceği düşünülmektedir (Gómez vd., 2010).

### **1.3. Polinasyonda Özelleşmiş-Genelci Davranış**

Canlıların hem mekân hem de zaman boyunca yayılışını, bolluklarını ve kaynak kullanımını açıklamak için kullanılan ekolojik niş kavramı, kendi içerisinde pek çok alt başlık taşımaktadır: Niş ile ilişkili başat etmen, pozitif popülasyon büyüme oranlarını destekleyen faktörlerin genişliği (Carscadden vd., 2020) olarak nitelendirilen niş genişliğidir (İng. *niche breadth*) (Kassen, 2002). Aynı zamanda niş genişliği, türlerin abiyotik ve biyotik faktörler açısından ihtiyaçları ile tolerans sınırlarını da temsil etmektedir. Türlerin yayılışı ile türleşme gibi ekoloji ile evrimsel biyoloji disiplinlerinin kapsamındaki birçok temel süreçle de ilgili bir kavramdır (Carscadden vd., 2020).

Özelleşmiş veya genelci davranış, taksonların evrimsel süreçte kaynakları kullanma kabiliyeti ile her bir kaynağı kullanma kapasitesi arasındaki ilişkilerden doğan kavramlardır ve sınırlı niş genişliği, ekolojik özelleşmenin göstergesi konumundadır (Devictor vd., 2010). Mukabilinde genelci davranış da, daha geniş ölçekli bir niş genişliği ile açıklanmaktadır. Bitkiler ve polinatörler arasında genellikle genelci etkileşimler gözlenmekte ve fakat görece düşük oranda da olsa özelleşmiş davranış da bulunmaktadır (Fründ vd., 2010).

Niş genişliği fazla olan genelci türlerin bir alanı tolere etme veya bir komüniteye başarılı bir şekilde entegre olma olasılıkları, dar bir niş genişliğine sahip türlerden daha yüksek olabilir; örneğin çevresel koşullarda meydana gelen değişimler, daha dar bir niş genişliğine sahip türlerin alandaki varlığını desteklemeyebilir, bu durumda niş genişliği yüksek olan türler rekabet açısından avantajlı hale gelir (Carscadden vd., 2020). Çünkü farklı koşulları tolere etme kabiliyetleri daha yüksektir. MacArthur (1972), genelci türlerin niş genişliğine de işaret eden ‘Her İş Yapan, Hiçbir İşte Uzman Değildir’ Hipotezi (İng. *The ‘Jack-of-All-Trades is Master of None’ Hypothesis*) ile, genelci bir türün, çok çeşitli kaynakları kullanabileceğine, bu nedenle türün niş genişliğinin yüksek olacağına ve fakat türün kaynaklardan hiçbirine çok iyi uyum sağlayamayacağına işaret etmektedir (Futuyma & Moreno, 1988; Sudta vd., 2022).

Beslenme için çeşitli kaynaklardan besin arama (genelci davranış) türlere birçok açıdan avantaj sağlasa da daha fazla enerji ve zaman gerektirmektedir (Schoener vd., 1971; Stephens ve Krebs 1986). Dolayısıyla canlıların çevresinde bir kaynak daha bol gözleniyorsa, bu kaynakla beslenme potansiyeli olan diğer taksonların kaynak üzerinde özelleşmesi evrimsel olarak avantaj sağlayabilir; söz konusu evrimsel avantaj, kaynağa erişim için düşen enerji maliyetleriyle desteklenmektedir (Futuyma & Moreno, 1988; Devictor vd., 2010). Bu açıdan türler, alanda bol olarak gözlenen kaynaklara yönelip, bu kaynaklarla özelleşme kurabilir ve nişlerini daraltabilir. Ayrıca daha dar bir niş genişliğine sahip türler, niş genişliği yüksek olan türlerin kullanmadığı kaynakları kullanarak veya niş genişliği fazla olan türlerle ortaklaştıkları kaynaklardaki performanslarını artırarak, niş genişliği yüksek türlerle rekabetten avantajla çıkabilir (Carscadden vd., 2020).

Niş ile ilişkili bir başka kavram da genelci-özelleşmiş davranış açısından önemlidir: Niş farklılaşması (İng. *niche differentiation*), türlerin kaynak seçimindeki fonksiyonel farklılıklardan köken almaktadır (Stokes ve Archer, 2010) ve biyoçeşitliliği desteklemektedir (Blüthgen ve Klein, 2011). Bununla birlikte, türlerin nişleri farklılık

gösterdiğinde bir arada yaşamaları kolaylaşabilir (MacArthur, 1955; Levine ve Hille Ris Lam, 2009; Zuppinger-Dingley vd., 2014; D’Andrea ve Ostling, 2016). Çünkü bu sayede türlerin davranışları veya kaynak kullanımları açısından benzerliği ve dolayısıyla aralarındaki potansiyel rekabet<sup>2</sup> azalır. Niş farklılaşması, bir başka kavramı, niş tamamlayıcılığını destekleyerek de türlerin bir arada yaşamalarını kolaylaştırabilir (Tilman ve Snell-Rood, 2014). Niş tamamlayıcılığı, türlerin aynı kaynağı farklı şekillerde ya da farklı zamanlarda kullanmasıyla ilişkilidir. Ek olarak türlerin farklı fonksiyonlara sahip oluşu da ekosistem içerisinde tamamlayıcılık etkisi gösterir ve bu durum fonksiyonel çeşitlilik ile sonuçlanır (Elmqvist vd., 2003). Niş farklılaşması, niş tamamlayıcılığı ve fonksiyonel niş<sup>3</sup> kavramlarına atıfta bulunan fonksiyonel yedeklilik ise, aynı fonksiyonun çok sayıda tür tarafından gerçekleştirilebilmesini anlatır ve türlerin bir ekolojik fonksiyon üzerinden karşılıklı olarak ikame edilebilir olduklarını ifade eder (Lawton ve Brown, 1993; Rosenfeld, 2002).

Blüthgen ve Klein (2011), bitkiler ve polinatörler arasındaki ilişkiye niş genişliği ve niş farklılaşmaları açısından yaklaştıkları çalışmalarında, bitki-tozlayıcı etkileşimlerinde yüksek düzeyde tamamlayıcılık gözlemlendiğine dikkat çekmiştir. Buna bağlı olarak, türlerin genel bir yorumla özelleşmiş-genelci olarak nitelendirilmesine rağmen kaynaklarında belirli düzeyde özelleşme gösterdiklerini ve bu durumun söz konusu kaynak ve fonksiyon için bir yedeklenme ile sonuçlandığını ifade etmektedir. Buna göre, bir bitki türü çok sayıda polinatör tarafından tercih edilebilir, bu durumda kaynak genelci davranış göstermektedir fakat bitkiyi tercih eden polinatörlerin kaynaktaki özelleşme dereceleri birbirlerinden farklı olabilir. Bu durumda, bitki türünün alandaki devamlılığını etkileyecek herhangi bir stres faktörü veya ekolojik müdahaleden sonra toparlanma derecesi (direngenlik) türün polinasyonunda etkin türlerin farklı özelleşme dereceleri üzerinden oluşturdukları fonksiyonel yedeklilik ile sağlanabilir; aynı şekilde farklı özelleşme derecesindeki polinatörlerden birinin yok oluşuyla meydana gelen fonksiyonel “boşluk”, benzer özelleşme derecesindeki türlerin etkinliği ile veya daha yüksek özelleşme gösteren türlerin kaynaktaki etkinliğini artırmasıyla toparlanabilir (Blüthgen ve Klein, 2011). Özetle, özelleşmiş-genelci genellemenin dışında da türlerin bir kaynaktaki özelleşme derecesinin bitki

---

<sup>2</sup> Ayrıca niş farklılaşması, rekabete odaklı olmayan kapsamlarda da değerlendirilmektedir, örneğin biyoçeşitliliğin nötral teorisi, komünitedeki tüm türlerin eşit olduğu ve rekabete dayalı üstünlüğün gözlenmediği varsayımından hareket eder (Krebs, 2024, s. 381).

<sup>3</sup> Fonksiyonel niş kavramı, niş içerisinde öne çıkan biyotik süreçler ile ekosistem fonksiyonlarını temsil etmektedir (Blüthgen ve Klein, 2011).

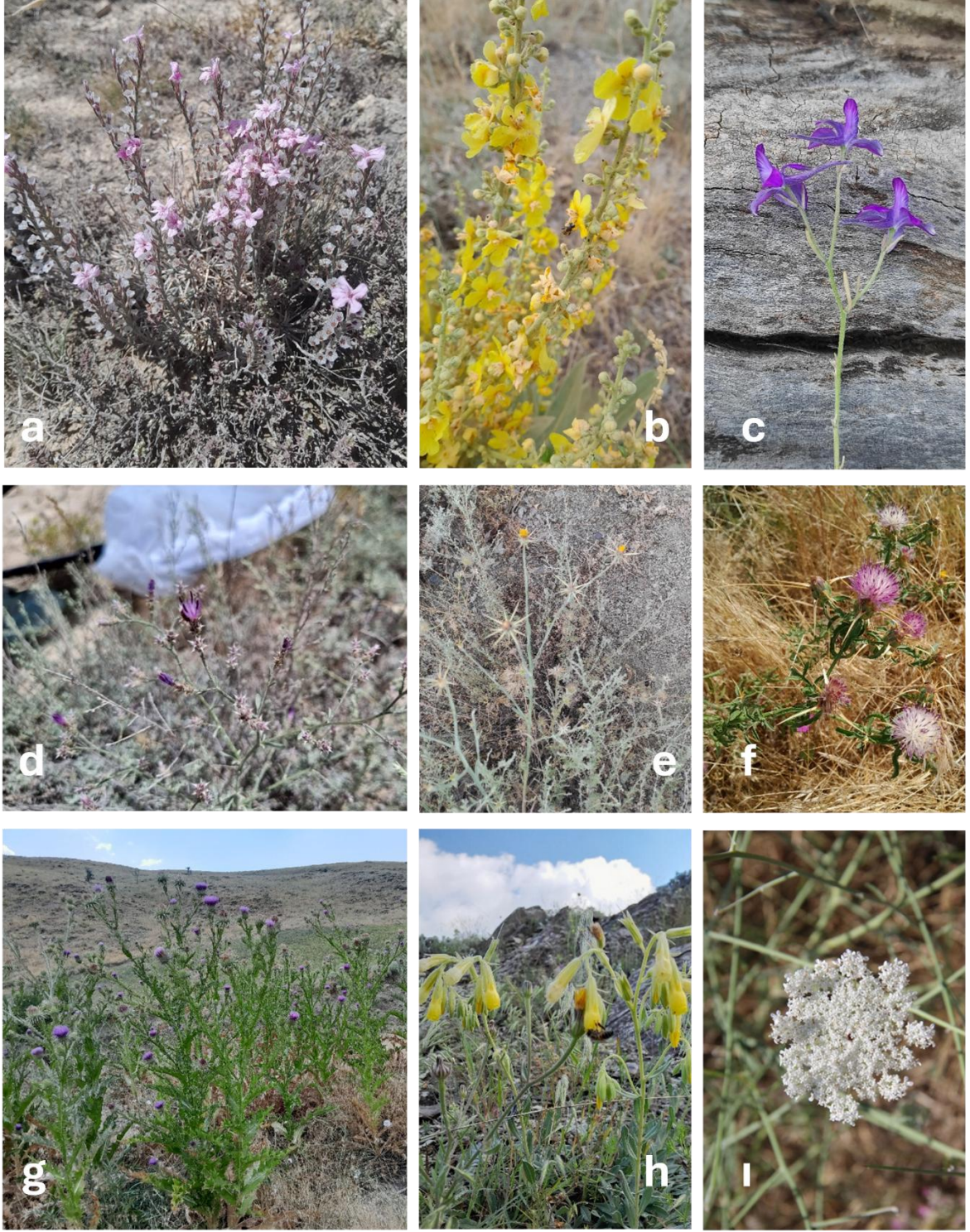
komünitelerinde polinasyon süreçlerinin çeşitliliğine ve sürekliliğine katkısı bulunmaktadır. Ayrıca yüksek düzeyde özelleşme gösteren (özelleşmiş) türler ve düşük özelleşme derecesine sahip türlerin (genelciler) bir arada bulunmasıyla meydana gelen yüksek biyoçeşitlilik ekosistem fonksiyonlarını desteklemekte, ekosistem içerisinde esneklik ve dayanıklılık meydana getirmektedir.

Nihayetinde, türlerin etkileşimlerindeki davranışlarının (genelci/özelleşmiş) saptanması, türlerin ekolojileriyle ilgili yorum yapabilmek açısından oldukça önemlidir. Türler arası etkileşimlere odaklı soruların bazıları ise, yalnızca etkileşim ağı yaklaşımı kullanılarak yanıtlanabilir (Bascompte vd., 2006; Bascompte ve Jordano, 2007; Blüthgen vd., 2008; Bascompte, 2009), türlerin etkileşimlerindeki davranışları ve davranışların içeriğindeki potansiyel özelleşmeler de bu kapsamda değerlendirilebilecek konu başlıklarından biridir.

#### **1.4. İç Anadolu Bozkır**

İç Anadolu Bozkır, kışın soğukların, yazın ise kuru ve sıcak koşulların gözleendiği karasal bir iklime sahip olan Anadolu'nun iç kesimlerinde yer almaktadır. İç Anadolu Bozkır vejetasyonunda, söz konusu iklim koşullarına uyarlanmış, kurak koşullarda aktif (İng. *arido-active*) ve kurak koşullarda aktif olmayan (İng. *arido-passive*) yarı çalı ve çok yıllık otsu türlerin, geofitlerin ve tek yıllık bitkilerin hâkimiyeti gözlenmektedir (Kürschner ve Parolly, 2012).

İran-Turan Fitocoğrafi Bölgesi kapsamında yer alan İç Anadolu Bozkır, yüksek bitki çeşitliliğine sahiptir. Bu bozkırlarda *Acantholimon*, *Astragalus*, *Centaurea*, *Cousinia*, *Verbascum* cinsleri alanlardaki hâkim bitki cinsleri olarak gözlenmekte ve bu çeşitliliğe, *Achillea*, *Aethionema*, *Alyssum*, *Consolida*, *Echinops*, *Nepeta*, *Onosma*, *Phlomis*, *Salvia*, *Silene* ve *Thymus* gibi bitki cinsleri içerisinde İran-Turan Fitocoğrafi Bölgesi için endemik olan çok sayıda tür de eşlik etmektedir (Kürschner ve Parolly, 2012; Şekil 1.1). İç Anadolu Bölgesi, yüzde 16,2'lik endemik bitki oranı ile bu açıdan Türkiye'deki yedi coğrafi bölge arasında üçüncü sıradadır (Şenkul ve Kaya, 2017); ayrıca Anadolu ekosistemleri, hatırı sayılır miktarda böcek çeşitliliğine de sahiptir (Sevgili, 2023; Şekil 1.2).



**Şekil 1.1.** İç Anadolu Bozkırının bitki çeşitliliği. **a:** *Acantholimon ulicinum*, **b:** *Verbascum* sp., **c:** *Consolida* sp., **d:** *Centaurea virgata*, **e:** *Centaurea solstitialis*, **f:** *Centaurea* sp., **g:** *Onopordum* sp., **h:** *Onosma* sp. (Fotoğraf: Gülseli Kırgıl); **i:** *Daucus* sp. (Fotoğraf: Bengisu Diri).



**Şekil 1.2.** İç Anadolu Bozkırında böcek çeşitliliği. **a:** *Verbascum* sp. taban yaprakları üzerinde bir Lepidoptera türü; **b:** *Astragalus* sp. üzerinde gezinen bir *Apis mellifera*; **c:** bir bozkır bitkisi üzerinde *Oxythyrea funesta*; **d:** *Ornithogalum* sp. üzerinde Coleoptera örneği; **e:** *Myosotis* sp. üzerinde bir örümcek tarafından yakalanmış Diptera bireyi; **f:** oldukça büyük boyutlu bir Orthoptera örneği; **g:** *Carabus gordius*; **h:** *Onopordum* sp. üzerinde *Bombus terrestris*; **i:** *Onopordum* sp. üzerinde Coleopter bireyleri, **i:** *Acantholimon ulicinum* üzerinden uçan bir Diptera bireyi (Fotoğraflar: Gülseli Kırgıl).

Buna ek olarak, birçok insan kaynaklı faktörün olumsuz yönde yoğun etkisi altında olan İç Anadolu Bozkır (Şekercioğlu vd., 2011; Ambarlı vd., 2016), İran-Anadolu Biyoçeşitlilik Sıcak Noktası içerisinde yer almaktadır. Tanım gereği bu durum, ilgili bölgenin, en az 1500 endemik damarlı bitki türünü barındırdığını (bu anlamdaki dünya geneli çeşitliliğin yüzde 0,5'inden fazlası) ve güncel durumda, alana özgü orijinal bitki örtüsünün (tarihsel vejetasyonun) en fazla yüzde 30'una sahip olduğunu göstermektedir (Mittermeier vd., 2011; Gür, 2017; Conservation International, 2025). Ayrıca terimin (biyoçeşitlilik sıcak noktası), bir evreden sonra, daha çok yüksek tür zenginliğine sahip alanların göstergesi konumunda olduğu (Reid, 1998) ve yine de yüksek endemizm oranlarına sahip coğrafi alanları da temsil ettiği (IPCC, 2022) düşünüldüğünde, İç Anadolu Bozkırının hem özgün hem de kendine özgü olmayan türler bakımından yüksek zenginliğe sahip olduğu görülmektedir. Özcesi, İç Anadolu Bozkır yüksek çeşitlilik oranlarıyla yekta, özgün doğal vejetasyonun çoğunu yitirmiş olmasıyla da korunması elzem bir ekosistem konumundadır.

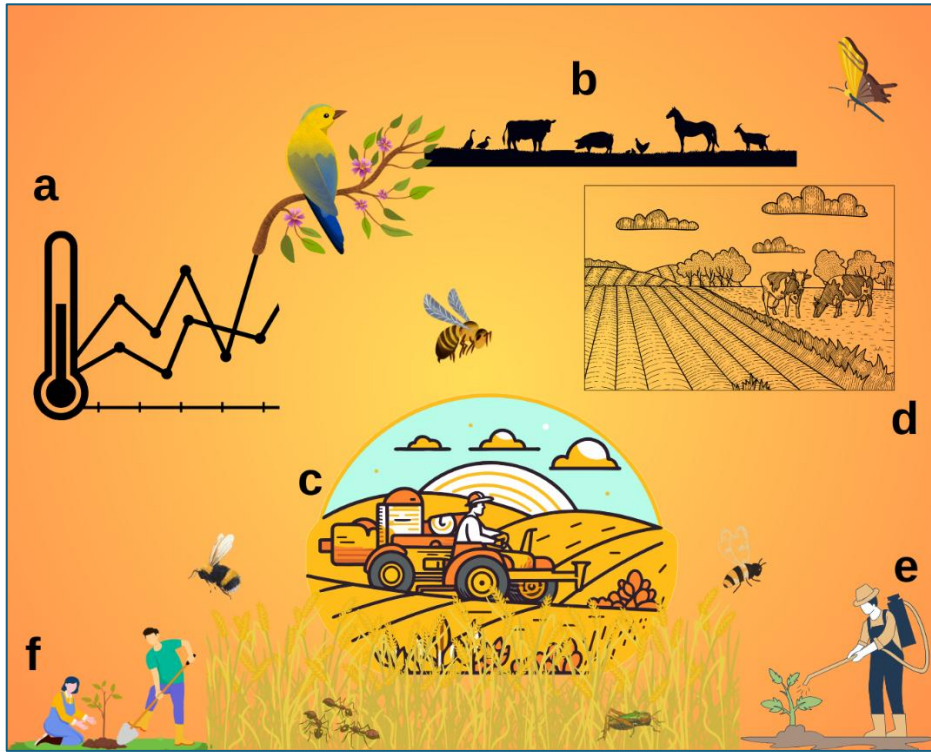


**Şekil 1.3.** Türkiye’de bulunan üç farklı biyoçeşitlilik sıcak noktası: Akdeniz Havzası (yeşil), İran-Anadolu (gri) ve Kafkasya (mavi) Biyoçeşitlilik Sıcak Noktaları (Mittermeier vd., 2011). Bu açıdan ülkemiz, dikkate değer bir alana özgü tür zenginliğine sahiptir ve bu endemik tür zenginliği pek çok stres faktörünün baskısı altındadır. Görsel, Conservation International’dan alınmıştır (Erişim tarihi: 05.03.2025).

#### **1.4.1. İç Anadolu Bozkırına Etki Eden Stres Faktörleri**

Anadolu’da bozkır ve ağaçlı bozkır vejetasyonun toplam alanının, eski yayılışının yaklaşık yarısını kaybettiği raporlanmıştır (Ambarlı vd., 2016). Söz konusu durumda, habitatta tahribata neden olan bir dizi faaliyetin etkisi bulunmaktadır. Bu etki henüz sınırlı sayıda çalışma olmasına karşın, -teorik olarak- çoğunlukla olumsuz yönde bir etki olduğundan stres

faktörü olarak nitelendirilebilmektedir. Bu anlamda öne çıkan faktörler, (1) yoğun tarım faaliyeti, (2) aşırı otlatma, (3) ağaçlandırma baskısı, (4) iklim değişikliğidir. Değişkenlerden ilk üçü, arazi kullanımını değişimi (İng. *land use change*) kapsamındadır. Tarım ve otlatma odaklı insan etkisi, İç Anadolu Bozkırına oldukça uzun bir zamandır en çok etki eden etmen olarak gözlenmektedir (Tavşanoğlu, 2017) ve genellikle tür kayıplarına veya alandaki biyoçeşitliliğin daha geniş ölçekteki kaybına neden olmaktadır (Kürschner ve Parolly, 2012). Bu faktörler, içerdikleri tüm alt etmenlerle birlikte, organizmalar üzerinde tekil olarak değil, eş zamanlı ve etkileşimli bir şekilde etki etmekte, bu yolla birbirlerinin etkilerini çoğunlukla pekiştirmektedirler. Ek olarak, habitat üzerinde negatif etkiler bırakan tüm etmenler, alandaki canlılar arası etkileşimleri de negatif yönlü olarak etkilemektedir.



**Şekil 1.4.** İç Anadolu Bozkırına etki eden stres faktörleri. (a) İklim değişikliği, kapsamındaki tüm alt stres faktörleriyle birlikte sadece İç Anadolu Bozkırında değil, tüm habitatlarda türler için en önemli stres faktörü konumundadır. (b) Otlatma, İç Anadolu Bozkırında türlerin uyarlanmış olduğu bir ekolojik etmen olsa da aşırı otlatma, türlerin alandaki varlığını tehdit etmektedir. (c) Tarım faaliyeti, oldukça uzun bir zamandır Anadolu Bozkırının temel insan faaliyeti konumundadır. Fakat tarım ve hayvancılık faaliyetleri (d), yeni tarım alanlarının açılmasıyla (bozkır alanlarının tarım alanına dönüştürülmesi, sulu tarım; habitat kaybı ve habitat parçalanması) yoğunluğunu, arazi kullanım oranlarını ve ekolojik etkisini artırmaktadır. Tarım faaliyetlerinin yoğunluğuna paralel olarak üretimde pestisit kullanımı da sürmektedir (e). Bu durum sadece hedef türleri değil, başta böcekler olmak üzere tüm organizmaları tehdit etmektedir. Son olarak bozkır alanları, ağaçlandırma baskısı altındadır (f), bu durum, bozkır alanları için habitat kaybını artırma potansiyeli taşımaktadır. (Görsel: Gülseli Kırgıl)

#### 1.4.1.1. Yoğun Tarım Faaliyeti

Tarım arazileri, yerküre ölçeğinde toplam karasal alanın yüzde 38'ini oluşturur ve küresel ölçekte net birincil üretiminin yaklaşık yüzde 30'u insanların tarımsal üretimine ayrılmış durumdadır (Zabel vd., 2019). Vitousek vd. (1986), karasal ekosistemlerdeki potansiyel net birincil üretimin yaklaşık yüzde 40'ının doğrudan insanlar tarafından kullanıldığına ve/veya insan faaliyetleri nedeniyle kaybedildiğine dikkat çekmektedir, tarım bu kapsamda değerlendirilen insan faaliyetlerinden biri olarak karşımıza çıkmaktadır.

Özekan ve Mumcu Akan'ın (2023), TÜİK'in 2022 yılına ait istatistiklerini derleyerek oluşturdukları verilere göre, Türkiye'nin 783.562 km<sup>2</sup>'lik yüzölçümünün 770.760 km<sup>2</sup>'lik bölümü toplam karasal alan olarak nitelendirilmekte ve bu karasal alanın 380.630 km<sup>2</sup>'lik kısmını tarım arazileri oluşturmaktadır<sup>4</sup>. Bu durum, Türkiye'de karasal alanın yüzde 49'unun tarım arazisi sınıfında değerlendirildiğini göstermektedir. Tarım ve Orman Bakanlığı Tarım Reformu Genel Müdürlüğü tarafından yayınlanan "Anadolu Bozkır Ekosistemleri İçin İklim Değişikliğine Ekosistem Tabanlı Uyum Stratejisi" raporuna göre, Anadolu Bozkır Ekosistemi içerisindeki alan yüzölçümünün yüzde 37,99'unu ekilen araziler kaplamaktadır (Aktuz vd., 2018). TÜİK, Coğrafi İstatistik Portalı üzerinden alınan 2024 yılı verisine göre (TÜİK, 2025), çalışma alanının bulunduğu Eskişehir, 5567 km<sup>2</sup>'lik tarım alanına sahiptir, bu alanın yaklaşık 1376 km<sup>2</sup>'lik kısmı tez çalışmasının ana çalışma alanı olan Sivrihisar'da yer almaktadır.

Tarım, İç Anadolu Bölgesi'nde de baskın insan faaliyeti konumunda olsa da, tarımın ekosistemlere doğrudan veya dolaylı etkileri bulunmaktadır. Tarımsal üretim, genellikle tek yıllık bitkilerle yapılmaktadır ve genellikle ekili alanlarda monokültürler gözlenmektedir. Vitousek vd. (1986), tarımsal üretimi yapılan bitkilerin genellikle tek yıllık olduğunu vurguladıkları çalışmalarında, tarım alanlarının net birincil üretiminin<sup>5</sup> doğal vejetasyonlardakinden düşük olduğu<sup>6</sup> değerlendirmesini yapmaktadır. Dolayısıyla, insan tüketimine odaklı tarımsal üretim, ekosistemlerde besin ilişkileriyle bitkilerden daha üst

---

<sup>4</sup> TÜİK üzerinden alınan verilerde, çayır ve mera alanları da tarım arazisi kapsamında değerlendirilmiştir (Özekan ve Mumcu Akan, 2023).

<sup>5</sup> Net birincil üretim, belirli bir dönemde bitki örtüsü tarafından özümlenen net karbon miktarıdır (Haberl vd., 2007).

<sup>6</sup> Buna karşın, tarım odaklı arazi kullanımı net birincil üretimi her noktada düşürebilir, sıklıkla sulanan alanlar ile üretimin çeşitli ve yoğun olarak yapıldığı tarım arazilerindeki net birincil üretim, alanın potansiyel vejetasyonunun net birincil üretiminden daha yüksek olabilir (Haberl vd., 2007).

trofik seviyelere aktarılan enerji miktarını azaltmakta, alandaki biyoçeşitliliği ve çeşitli ekosistem hizmetlerini etkilemektedir (Haberl vd., 2007).

Maxwell vd. (2016) tarafından yapılan, IUCN Tehlike Altındaki Türlerin Kırmızı Listesi'ndeki türleri tehdit eden faktörlere dair analiz<sup>7</sup>, tarımsal faaliyetlerin yoğunlaşması ve ekili alanların doğal vejetasyona doğru genişlemesinin, tehdide yakın veya tehdit altında olarak nitelendirilen 5407 türün (bu kapsamdaki türlerin yüzde 62'si) devamlılıklarını tehdit ettiğini göstermektedir. Bu anlamda tarım, karasal biyoçeşitlilik kaybının birincil itici gücü konumundadır (Kehoe vd., 2017; Zabel vd., 2019); tarımsal üretime odaklanmanın gelir getirisi nedeniyle teşvik edildiği (Zabel vd., 2019) de göz önünde bulundurulduğunda tarımın, bu niteliğini sürdüreceği düşünülmektedir (Haberl vd., 2007; Kehoe vd., 2017).

Tarım alanlarının, henüz ekilmemiş doğal alanlara doğru genişlemesi, arazi örtüsündeki (İng. *land-cover*) farklılaşma üzerinden ekosistemin enerji ve su döngüsünde değiştirici bir rol oynamakta ve bölgelerdeki hâkim iklimleri de etkilemektedir (Foley vd., 2005). Buna ek olarak tarım alanlarındaki genişleme, habitat parçalanması ve habitat kaybı yoluyla doğal alanlardaki biyoçeşitliliği tehdit etmektedir (Mauser vd., 2015). Tarım alanlarındaki genişlemeye, ekili alanlardaki tarımsal faaliyetlerin yoğunlaşması da eşlik etmektedir (Beckmann vd., 2019; Zabel vd., 2019) fakat tarımsal faaliyetlerdeki yoğunlaşma konusundaki araştırmaların görece daha sınırlı oluşu, iki durum arasında kıyaslama yapmayı güçleştirir (Kehoe vd., 2017; Beckmann vd., 2019). Yine de, hangi değişkenin (alansal genişleme ya da yoğunlaşma) etkisinin öne çıktığından bağımsız olarak, tarımın biyoçeşitliliğe olan etkisinin karmaşık bir yapıda olduğunu söylemek ve ekosistemlere etkisinin gelecekte şiddetlenerek artacağını öngörmek mümkündür.

İç Anadolu Bozkırına odaklanıldığında, yoğun tarım uygulamalarının başat etkisi, tam da bahsi geçen konu üzerinden gelmektedir. Bozkır alanları, genellikle “elverişsiz, kuru ve verimliliği düşük” habitatlar olarak değerlendirilmekte ve doğal bozkır alanlarında tarım teşvik edilmektedir. Bu anlamda bozkır habitatları üzerinde tarım alanlarına dönüştürülme baskısı hakimdir, bu durum doğal alanlara ayrı bir arazi kullanım vasfı yüklemekte, habitatların parçalanmasına ve yitirilmesine neden olmaktadır. Kürschner ve Parolly (2012),

---

<sup>7</sup> Bu analiz (Maxwell vd., 2016), Tehdite Yakın (NT; İng. *Near Threatened*) ve Tehdit Altında (TR; İng. *Threatened*) başlığı kapsamında değerlendirilen Kritik (CR; İng. *Critically Endangered*), Tehlikede (EN; İng. *Endangered*), Duyarlı (VU; İng. *Vulnerable*) olarak gruplandırılan türleri ve bu türleri tehdit ettiği IUCN'e (IUCN, 2025) bildirilen faktörleri kapsamaktadır. IUCN ölçütlerinin Türkçe çevirileri (IUCN, 2016) kaynağından alınmıştır.

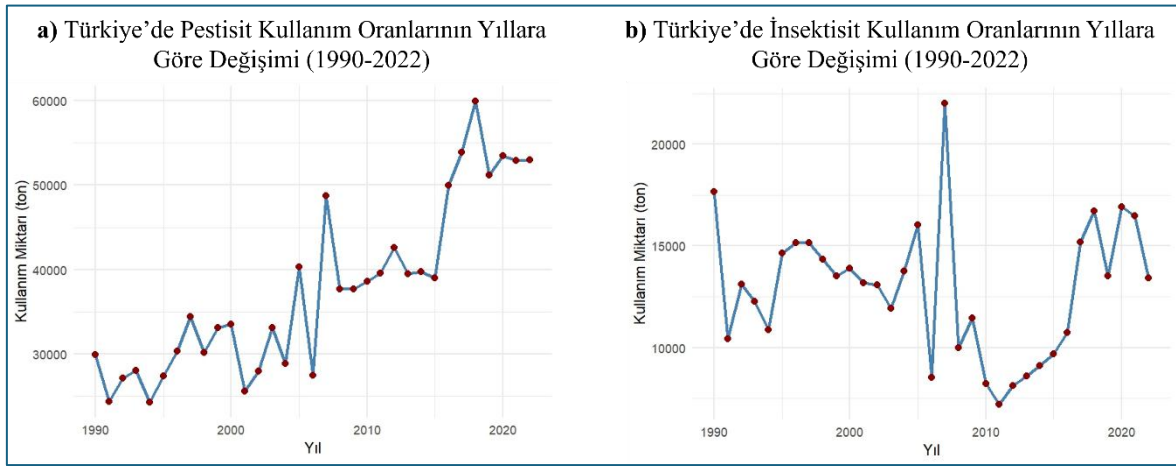
Türkiye'nin tahıl üretiminin yaklaşık üçte birinin daha önce bozkır habitatının gözlemlendiği alanda yoğunlaştığını raporlamıştır. Bu durumda bozkır alanları, genellikle monokültür tarım alanlarına dönüştürülmekte ve tür çeşitliliğini yitirmektedir. Söz konusu durum, İç Anadolu Bozkır ekosistemini, içerisinde yer alan bitkiler ve diğer canlı türleri ile birlikte bir bütün olarak tehdit etmektedir. Tarımsal faaliyetlerin alanın ekolojisine uygun olarak gerçekleştirilmemesi de bozkır habitatını tehlike altına atmaktadır. Bozkır alanlarında sulu tarım uygulamaları da yaygın olarak gerçekleştirilmektedir. Tarım ve Orman Bakanlığı, Tarım Reformu Genel Müdürlüğü tarafından yayınlanan "Anadolu Bozkır Ekosistemleri İçin İklim Değişikliğine Ekosistem Tabanlı Uyum Stratejisi" raporuna göre, Anadolu Bozkır ekosisteminde sulu tarıma ayrılan alan (yüzde 38), doğal bozkır olarak sınıflandırılan alandan (yüzde 36) daha fazladır (Aktuz vd., 2018).

Tarım kaynaklı olarak bitkilerin tür zenginliğindeki azalmayla paralel bir şekilde alandaki biyotik etkileşimler de risk altındadır. Günümüzde tarım faaliyetinin bir parçası olarak pestisit kullanımı artmaktadır (Zabel vd., 2019). FAO verilerine göre, 2022 yılında tarımda kullanılan toplam pestisit miktarı 3,7 milyon ton olarak kaydedilmiştir, bir önceki yıla göre yüzde 4, on yıl önceye göre ise yüzde 13 oranında artış gözlenmiştir (FAO, 2024). FAO, 2022 yılındaki toplam pestisit kullanımının 1990 yılındakinin iki katı olduğunu raporlamıştır; bu verilere göre, Avrupa'daki kullanım azalmaktayken, Amerika'daki kullanım dikkat çekici bir şekilde artmaktadır, Amerika'da pestisit kullanımı 2021-2022 yılları arasında yüzde 10 oranında artmıştır (FAO, 2024). Tarım ve Orman Bakanlığı Gıda ve Kontrol Genel Müdürlüğü tarafından yayınlanan "Resmi Tarımsal İlaç İstatistikleri"<sup>8</sup>, 2024 yılında Türkiye genelinde 53.515 ton bitki koruma ürünü kullanıldığını göstermektedir, bu miktarın 12.205 tonu böcekler için kullanılan ürünlerdir (insektisit) (Anonim, 2022). Aynı istatistiklere göre, Eskişehir'de 2024 yılında 550.019 KG-LT miktarda bitki koruma ürünü kullanılmıştır, bunun 78.850 KG-LT kadarı insektisit kullanımına aittir (Anonim, 2022). Yıllara göre bitki koruma ürünlerinin kullanımına ilişkin istatistikler, 2024 yılında kullanılan toplam miktarın 2023 yılındakinden daha az olduğunu ve illere göre ayrı ayrı

---

<sup>8</sup> Bitki koruma ürünü istatistikleri, insektisit, fungusit, herbisit, akarisit, rodentisit, mollussisit ve diğerleri (bitki aktivatörü, bitki gelişim düzenleyici, böcek cezbedici, fumigant, nematisit) başlıkları üzerinden açıklanmaktadır (Anonim, 2022).

verilen istatistikler, Eskişehir’de 2024 yılında kullanılan ürün miktarının önceki yıldan az olduğunu göstermektedir<sup>9</sup> (Anonim, 2022).



**Şekil 1.5.** Türkiye’de pestisit (a) ve insektisit (b) kullanım miktarlarının (ton), yıllara göre değişimi. Grafiklerin çizilmesi için gerekli verisetleri, Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü’nün (FAO) ‘FAOSTAT’ isimli veritabanının ‘Pestisit Kullanımı’ başlığı altından (FAO, 2022) indirilmiştir. Grafikler ‘R version 4.4.3’ altında, ‘ggplot2’ paketi (Wickham, 2016) kullanılarak çizilmiştir.

Pestisitler, hedef türler dışında kalan organizmalara da etki etmektedir (Desneux vd., 2007; Geiger vd., 2010; Goulson, 2013). Pestisit kullanılan tarım arazileri uçuş menzilleri içerisinde kalan polinatör böceklerin, bu tarım uygulamasından doğrudan ve dolaylı olarak negatif yönlü etkilendikleri raporlanmıştır (Stuligross ve Williams, 2021). Bu noktada pestisitlerin etkisi polinatör böcekler ile sınırlı kalmayacak, bu olumsuz etki biyotik etkileşimler içinde de dağılacaktır. Dolayısıyla alandaki türler pestisitlerin etkisine doğrudan maruz kaldıkları gibi, ekolojik ilişkileri yoluyla da (dolaylı) etkiye maruz kalacaktır.

#### 1.4.1.2. Aşırı Otlatma

İç Anadolu Bozkırında, yoğun tarımsal faaliyetiyle birlikte hayvancılık da yüksek yoğunlukla gözlenmektedir. Bu bağlamda bozkır alanları, tarım alanlarına dönüştürülmeden önce de arazi kullanımı kapsamında değerlendirilmekte, alanlarda otlatma hâkim kullanım olarak gözlenmektedir.

<sup>9</sup> Bu azalmanın, çiftçi sayısı veya tarım arazilerindeki azalmadan mı yoksa genel kullanımı azaltıcı politikalarından mı kaynaklandığına ilişkin bir bilgiye veya bu anlamda neden-sonuç ilişkisi kurulmasını sağlayacak herhangi bir veriye rastlanmamıştır.

Otlatma, baskın olduğu ekosistemlerde biyoçeşitlilik ve ekosistem fonksiyonları için önemli bir itici güç konumundadır (Milchunas ve Lauenroth, 1993; Wang vd., 2019; Filazzola vd., 2020; Zhang vd., 2023). Otlatma, uzun zamandır bozkır alanlarında gözlenmekte, vejetasyonun yapı ve bileşimini şekillendirerek ekosisteme etki etmektedir (Tavşanoğlu, 2017). Bununla birlikte otlatma, yalnızca İç Anadolu Bozkırına etki eden bir faktör değil, aslında bozkır ekosisteminin baskın ekolojik müdahalesidir<sup>10,11</sup>. Nitekim otlatma sadece İç Anadolu Bozkırını için değil, çoğu çayır (İng. *grassland*) ekosistemi için temel ekolojik müdahaledir ve çayır ekosistemleri milyonlarca yıldır doğal herbivor baskısı altında evrimleşmektedir (Mack ve Thompson, 1982).



**Şekil 1.6.** İç Anadolu Bozkırında otlama faaliyetinden dönen bir sürü (Fotoğraf: Bengisu Diri; Lalahan/Ankara).

Otlatmanın simüle edildiği ve düşük yoğunluklu etkisinin araştırıldığı bir çalışma (Özüdoğru vd., 2021), küçük ölçekli müdahalelere karşı İç Anadolu Bozkırında yüksek düzeyde dirençlilik olduğuna dikkat çekmiş, düşük yoğunluklu müdahalelere (biçme) verilen yenilenme tepkisinin yüksek yoğunluklu müdahalelere (çapalama) göre daha hızlı ve başarılı

<sup>10</sup> Ekolojik müdahale (İng. *disturbance*), ekolojik bir bileşende veya sistemde strese neden olan abiyotik veya biyotik bir ajan veya süreçtir; bir durumun ekolojik müdahale olup olmadığı, belirli bir duruma, sisteme ve özelliklere göre belirlenmektedir (Rykiel Jr., 1985). Ekolojik müdahale, hâkim anlamıyla olumsuz bir süreci anlatıyor gibi görünse de, ekosistem bileşenleri evrimsel tarih boyunca, alana hâkim müdahale rejimine uyum sağlamıştır. Ekosistemleri tehdit eden, türlerin hâlihazırda uyarlanmış oldukları ekolojik müdahale değil, müdahale rejimindeki beklenmedik değişikliklerdir. Dolayısıyla, insan etkisi gözlenmeden, doğal olarak alanlarda hâkim olan faktörler “doğal müdahaleler”, insanların doğrudan veya dolaylı etkisiyle gözlenen müdahaleler ise “insan kaynaklı müdahaleler” olarak nitelendirilmektedir (Tavşanoğlu, 2017).

<sup>11</sup> Anadolu bozkırlarında gözlenen bir diğer ekolojik müdahale yangındır. Fakat yangın yangın-ayrıştırıcılar-herbivorlar arasındaki denge (Pausas ve Bond, 2020), bozkır alanlarında herbivorlardan yana gözlenmekte, alandaki yanıcı madde birikiminin baskın “tüketici” gücü herbivor canlılar olmaktadır. Bu nedenle yangınlar tez kapsamında İç Anadolu bozkırını tehdit eden faktörler kapsamında ele alınmamıştır.

bir biçimde gerçekleştiğini göstermiştir. Otlatmanın ekosistemler üzerinde orta dereceli bir baskı oluşturmamasının ise, çayır ekosistemlerinde biyoçeşitliliğin devamlılığını olumlu olarak etkilediği raporlanmıştır (Hobbs ve Huenneke, 1992; Hart, 2001; Filazzola vd., 2020). Bu durum, orta dereceli müdahale hipotezini<sup>12</sup> (İng. *The Intermediate Disturbance Hypothesis*; Connell, 1978) de destekler niteliktedir.

Buna karşın otlatmanın, vejetasyonun kendini yenileme eşiğinin aşılmasına neden olacak boyuta ulaşmasıyla (aşırı otlatma) birlikte, bitki örtüsünün yapı ve bileşimi ile bitkilerin alandaki varlıkları, özetle bozkır habitatlarındaki bitki çeşitliliği, olumsuz olarak etkilenmektedir (Munkhzul vd., 2021; Bahar ve Tavşanoğlu, 2024). Otlatma yoğunluğunun artışıyla birlikte alanlarda, özellikle de yaz sonuna doğru, 2-4 cm'den uzun bitki örtüsü gözlenmemektedir ve kurak ile yarı kurak bölgelerde aşırı otlatmanın yapıldığı alanlardaki bitki örtüsü, çalılıklara dönüşme eğilimi içindedir (Şekercioğlu vd., 2011). Dahası, vejetasyon üzerinde otlatma baskısının artmasıyla alanlarda, otlatmaya karşı daha dirençli bitkilerin baskın olduğu dikenli (veya zehirli) ve yastık formundaki bitkilerden oluşan bir kompozisyon gözlenmektedir (Tavşanoğlu, 2017). Örneğin, aşırı otlatma sonrasında bozkır alanlarında *Astragalus* sp., *Verbascum* sp., *Euphorbia* sp. gibi hayvanlar tarafından tüketilmeyen bitki cinslerinin hakimiyeti gözlenmektedir (Şekil 10), dolayısıyla otlatma yoğunluğu, bozkırlarda bitki örtüsünün tür kompozisyonunun değişimine doğrudan etki etmektedir. Ayrıca aşırı otlatma, sadece vejetasyon yapısını etkilememekte, toprak erozyonuna da şiddetli bir katkı yapmaktadır (Koç, 2000). Otlatma yoğunluğunun yanı sıra otlatmanın süresinin de ekosistemler üzerinde etki ettiği ve alanda hâkim abiyotik değişkenler de hesaba katıldığında uzun vadeli otlatmanın, özellikle çok kurak habitatlar için otlatma süresiyle birlikte kademeli olarak arttığı da ortaya konulmuştur (Zhang vd., 2023).

---

<sup>12</sup> Connell (1978), yerel çeşitliliğin nasıl üretildiği ve/veya korunduğu konusundaki hipotezleri, “komünitelerin tür bileşimlerinin nadiren denge durumunda olduğuna” ve “yüksek çeşitliliğin yalnızca komünitelerin tür bileşimlerini sürekli değiştirdiğinde korunduğuna” odaklı hipotezler üzerinden iki başlığa ayırmış ve orta dereceli müdahale hipotezine bu kapsamda değinmiştir. Hipoteze göre, herhangi bir ekolojik müdahale, sıklık ve yoğunluk açısından orta düzeyde olduğunda, müdahalenin etkin olduğu alan yenilendikten sonraki alandaki çeşitlilik daha yüksek olmaktadır (Connell, 1978). Hipotez, en yüksek çeşitliliğin orta dereceli müdahale ölçeklerinde korunduğunu (Connell, 1978), ekosistemlerin en yüksek çeşitliliği ve kararlılığı orta dereceli müdahalelerle birlikte deneyimlediğini ve yüksek veya düşük dereceli müdahalelerin tür zenginliğini, tür eşitliğini (İng. *species evenness*) kaynağından yararlanmıştı; terim, ilgili kaynaktan “bir komünite ya da topluluktaki türlerin göreceli bollukları” olarak açıklanmaktadır) ve besin zincirini olumsuz etkileyebileceğini öne sürmektedir (Thorp, 2009).



**Şekil 1.7.** Tez çalışması kapsamında değerlendirilen marnlı bozkır alanlarında aşırı otlatma emareleri (**a:** Alanda sadece *Euphorbia* sp. öbekleri gözlenmesi, **b:** *Euphorbia* sp. ve *Verbascum* sp. baskınlığı, **c:** Otlayan canlılara ait dışkıların alanda yoğun olarak gözlenmesi, **d:** Alanda dikenli bitki toplulukları ve *Verbascum* sp. dışında başka bir bitki grubunun gözlenmemesi) (Tez kapsamında bu alanlarda arazi çalışması yürütülmemiştir; Fotoğraflar: Gülseli Kırgıl).

Özcesi aşırı otlatma, alandaki hâkim bitki türlerinin değişimine sebebiyet veren, bitki topluluklarındaki değişimle birlikte polinatör böcekler üzerinde de olumsuz etkiler bırakan bir uygulamadır (Lázaro vd., 2016; Filazzola vd., 2020). Şekercioğlu vd. (2011) yayınında dikkat çekildiği üzere, *Agrodietus* cinsi kelebeklerin yayılış potansiyeli olan alanların yarısına yakını aşırı otlatma nedeniyle tahrip olmuş ve bu kelebeklerin besin bitkisi olarak bilenen türler potansiyel alanlarında gözlenmemiştir. Fillazzola vd. (2020), çalışmalarında, hayvancılığın etkisinin çıkarılmasıyla omurgasız polinatörlerin ve omurgasız herbivorların bolluğunun ve çeşitliliğinin de önemli ölçüde arttığını tespit etmiştir.

Koç (2000), Türkiye’de otlatılan alanların neredeyse tamamı için orta veya yüksek şiddetli ıslah yöntemlerine ihtiyaç olduğunu, bazı alanların aşırı otlatma baskısının ortadan kaldırılmasıyla toparlanabileceğini ve fakat diğer alanlarda bitki örtüsünün yeniden oluşturulması gerektiğini ifade etmektedir. Öte yandan, bozkır alanlarda otlatma baskısının

azalmasıyla, vejetasyonun yenilendiği ve ağaç formundaki bitkilerin alanlarda gözlenmeye başlayacağını düşünülmektedir; bu durumun bir sonucu olarak, alandaki hâkim ekolojik müdahalenin değişme, alanda yangınların hâkim olma durumu söz konusu olacaktır (Tavşanoğlu, 2017). Bu nedenle ekosisteme yönelik yönetim planları, otlatmanın İç Anadolu Bozkır ekosistemi içerisinde önemli bir ekolojik ve evrimsel faktör olduğu unutulmadan hazırlanmalıdır. Netice itibarıyla etkili bir şekilde yönetilmesi ve denetlenmesi yoluyla otlatma, bitki türleri için nişler oluşturarak biyoçeşitliliğin korunmasına katkı sağlayabilir ve çeşitliliği ile direngenliği<sup>13</sup> (İng. *resilience*) yüksek bir ekosistem yapısını teşvik edebilir (Bahar ve Tavşanoğlu, 2024).

#### **1.4.1.3. Ağaçlandırma Baskısı**

Ağaçlandırma baskısı, İç Anadolu Bozkırına etki eden önemli tehditlerden bir diğeridir (Ambarlı vd., 2016). Yaygın bir kanı olarak, orman hâkimiyetinin olmadığı her alana ekolojik olarak önemsiz, bozulmuş alanlar olarak bakılmakta, bozkır alanları da yer yer bu şekilde yanlış değerlendirmelere maruz kalmaktadır. Ek olarak belirtmek gerekir ki İç Anadolu Bozkır alanlarının, birincil bitki örtüsünün ormanlardan oluştuğu, bozkırın, ormanların kaybindan kaynaklanan sekonder bitki örtüsünü olduğuna yönelik tartışmalı algı (Tavşanoğlu, 2017; Tavşanoğlu ve Bernardi, 2024), bozkır alanlarının “yeniden ormanlaştırılması gerektiği” konusunda bir yanlış çıktıya neden olabilmektedir. Oysaki, bozkır alanlarında ağaçlandırma yapılması, bozkır alanlarının tarım alanlarına dönüştürülmesine benzer bir etkiyle vejetasyonun monokültür haline gelmesine neden olmaktadır (Şekercioğlu vd., 2011; Vural ve Adıgüzel, 2006). İlâveten, alanların doğal toprak yapısı ve kimyasına uygun olmayan ağaçlandırma çalışmaları, erozyona, toprak organik maddesinin kaybına ve toprak yapısı ile kimyasında bozulmalara neden olmaktadır (Ambarlı vd., 2016).

Tarım alanlarının genişletilmesinin sonuçlarına benzer bir etki ile ağaçlandırma da habitat kaybı ve habitat parçalanması yoluyla alanlardaki türler üzerinde risk oluşturmaktadır. Habitat kaybı ve habitat parçalanması yoluyla türün bireyleri arasındaki gen akışının kesilmesi, gen havuzunu daraltma ve türlerin genetik darboğaza girme ihtimallerini

---

<sup>13</sup>Direngenlik terimi (İng. *resilience*), belirli bir alanda gerçekleşen doğal veya insan kaynaklı bir müdahaleden sonra, söz konusu alanın kendisini ne kadar kısa bir süre içinde ve ne kadar başarılı bir şekilde yenileyebildiğini ifade etmektedir (Tavşanoğlu, 2017).

artırmaktadır (Templeton vd., 1990; Young vd., 1996). Bu durum genetik çeşitlilik üzerinden türlerin biyoçeşitliliğini azaltma potansiyeli taşımaktadır.

Ayrıca, bozkır alanlarının bitki örtüsündeki ağaçlandırma kaynaklı potansiyel değişiklikler, yanıcı madde birikimini artırma potansiyeli nedeniyle gelecekte öngörülemez yangınların yaşanmasına neden olabilir. Bununla birlikte, İç Anadolu bozkır bitki örtüsündeki türlerin yangına uyarlanımlarının, yangına uyarlanmış ekosistemlerdeki vejetasyondakinden daha sınırlı olduğu söylenebilir (Tavşanoğlu, 2017). Özellikle, İç Anadolu bozkırındaki birçok türde yangın sonrası çimlenmenin Akdeniz vejetasyonundaki türlere göre daha düşük sıcaklık şoklarında gerçekleşiyor olması (Tavşanoğlu vd., 2015) ve İç Anadolu vejetasyonundaki bitkilerin birçoğunun da düşük şiddetli yangınlar sonrasında kendini yenileyebilecek toprak altı rejenerasyon organlarına sahip olması olması (Ülgen ve Tavşanoğlu, 2024), bu ekosistemdeki bitkilerin örtü yangınlarına uyarlanmış olabileceğini göstermektedir. Bu durum, otlama yoğunluğundan dolayı bozkır alanları için binyıllardır temel bir ekolojik müdahale olmayan yangının, daha şiddetli ve türlerin uyarlanmış olmadığı tipte (örneğin tepe yangını) gerçekleşmesi durumunda bozkır türlerinin bundan olumsuz yönde etkilenebileceğini akla getirmektedir.

Pérez-Gómez vd. (2025), ağaçlandırma yoğunluğu ile polinatörler arasındaki ilişkiyi araştırdıkları çalışmalarında, tepe açıklığı (İng. *canopy openness*) ile bitki çeşitliliği ve bolluk arasında oldukça güçlü bir pozitif ilişki olduğunu ve ağaç örtüsü (İng. *tree cover*) arttıkça, bitki çeşitliliğinin azaldığını raporlamıştır; bitki çeşitliliğindeki azalmaya paralel olarak bitki-polinatör etkileşim ağında istikrarlı kayıplar kaydedilmiştir. Bu konudaki bir başka çalışma (Pérez-Gómez, 2024), ağaç içermeyen bir alanın ağaçlandırılmasının, çiçeklenme deseni (İng. *flowering pattern*) ve bitkilerle ilişkili polinatör böcek toplulukları ile bitkilerin ve polinatörlerin çeşitliliği, bolluğu ve taksonomik kompozisyonu üzerinde olumsuz bir etkisi olduğunu ortaya koymaktadır. Söz konusu çalışmaların sonuçlarına paralel olarak, yarı doğal çayırın ağaçlandırılmasının, polinasyon, doğal zararlı kontrolü, toprağın kimyasal içeriği gibi pek çok etmen üzerinde negatif etkilerinin olduğu ve tür zenginliği ile ekosistem fonksiyonları arasındaki pozitif korelasyon üzerinden ağaçlandırmanın ekosistem fonksiyonlarında azalmaya neden olduğu da kaydedilmiştir (Prangel vd., 2023).

Tarım ve Orman Bakanlığı, Orman Genel Müdürlüğünün resmi ormancılık istatistiklerine göre, 2023 yılında Türkiye genelinde toplam 15488 hektar alana ağaçlandırma yapılmış, bunun 591 hektarı çalışma alanının yer aldığı Eskişehir’de gerçekleştirilmiştir<sup>14</sup> (Anonim, 2023). Yıl bazındaki istatistikler ağaçlandırma oranının azalmakta olduğunu göstermektedir, ancak istatistiklere endüstriyel orman alanları da dâhil edildiğinden, azalmanın hangi başlık için geçerli olduğu saptanamamıştır.

Tarım ve Orman Bakanlığı, Tarım Reformu Genel Müdürlüğü tarafından yayınlanan “Anadolu Bozkır Ekosistemleri İçin İklim Değişikliğine Ekosistem Tabanlı Uyum Stratejisi” raporuna göre, yeni orman alanlarının açılması sürecinde de “bozkır ekosisteminin doğal yapısının ve zengin biyoçeşitliliğinin bozulmamasına özen gösterilmelidir. Orman örtüsünün olmadığı her alana; boş ve ekolojik olarak değersiz gözüyle bakılmamalıdır. Yanlış planlanan ağaçlandırma çalışmaları, doğal bitki örtüsüne ve endemizme ciddi zarar vermektedir. Ekosistem yenileme çalışmalarında öncelik, alanın ekolojik özelliklerine uygun doğal bitki örtüsünün ıslahı olmalıdır” (Aktuz vd., 2018). Raporda dikkat çekildiği gibi Anadolu bozkırları zengin bir çeşitliliğe sahiptir; bu çeşitliliğin gelecekte de korunabilmesi adına, bölgenin ağaçlandırılması yerine kendine özgü türlerle birlikte varlığının güvence altına alınması, böylece ekosistemin bir bütün olarak iklim değişikliğine daha direngen olması sağlanmalıdır (Tavşanoğlu ve Bernardi, 2024).

#### **1.4.1.4. İklim Değişikliği**

İklim değişikliği, kendi içerisinde eşzamanlı ve etkileşimli olarak etki eden pek çok alt faktörle birlikte tüm ekosistemlerde tahribata neden olan, şiddetlenerek etki etme potansiyeli barındıran bir faktörler bütünüdür. İklim değişikliği kapsamında değerlendirilebilecek alt başlıklar, sıcaklık artışları, kuraklık, yağış ve yangın rejimlerindeki değişiklikler (doğa olaylarındaki artış), fenolojik değişiklikler gibi sıralanabilir. Çalışma alanının da dâhil olduğu Anadolu Bozkırları da iklim değişikliğinin baskısı altındadır (Şekercioğlu vd., 2011; Ambarlı, 2016; Aktuz vd., 2018; FAO-TOB. 2021). Tez çalışması kapsamında bitki ve özellikle de polinatör böcek taksonlarına odaklanıldığından, iklim değişikliği başlığı bu organizmalar açısından ve sıcaklık artışları, kuraklık ve fenolojik değişiklikler üzerinden açıklanacaktır.

---

<sup>14</sup> İlgili istatistiklerde, verilere endüstriyel plantasyon verilerinin de dâhil edildiği belirtilmektedir (Anonim, 2023).

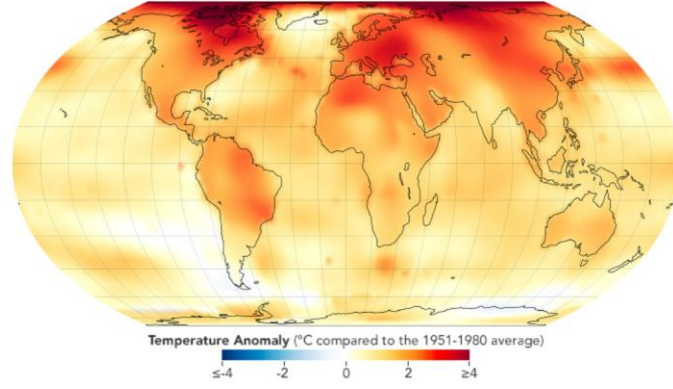
İklim deęişiklięi, böceklerin çeşitlilik, bolluk ve biyokütle açısından azalış trendinde olmasının ana nedenlerinden biri olarak gösterilmektedir (Wagner, 2021). Hallmann vd. (2017) tarafından koruma altında olan alanlarda uzun süreli gözlem içeren bir çalışma, 1989-2016 yılları arasında kanatlı böceklerin (Pterygota) biyokütlesinde yüzde 76 oranında düşüş olduğunu, bu düşüşün yaz dönemi ortaları için yüzde 82'ye yükseldiğini göstermiştir. Söz konusu çalışma (Hallmann vd., 2017), insan etkisinin görece az olduğu koruma alanlarında bile yıllık olarak ortalama yüzde 2,8 oranında biyokütle kaybı yaşandığını ve bu düşüşün yaklaşık 30 yıllık boyunca, habitatlardan bağımsız olarak da istikrarlı bir biçimde sürdüğünü göstermesi açısından çarpıcıdır.

Sánchez-Bayo ve Wyckhuys (2019) tarafından yapılan meta-analiz çalışmasında 40 yıllık süreçte gerçekleştirilen böceklere odaklı tüm uzun vadeli araştırmalar derlenmiş, polinatör böceklerde azalma çarpıcı bir şekilde ortaya konmuş, iklim deęişiklięi, böceklerdeki azalış trendini açıklayan etmenler kategorisinde dördüncü sırada yer almıştır<sup>15</sup>. Çalışmaya göre biyoçeşitlilik ve bolluk açısından etkilenen türler yalnızca, belirli özellikteki alanlarda var olabilen özelleşmiş (İng. *specialist*) türler değildir, geneli (İng. *generalist*) türler de etkilenmiştir (Sánchez-Bayo ve Wyckhuys, 2019). Bu durum, iklimdeki ve alan içerisindeki deęişikliklerin, farklı karakteristik özelliklerdeki alanlarda var olabilen ve bu anlamda daha geniş bir nişe sahip olan geneli türlerin bile dramatik bir biçimde etkilenebileceęi derecede olduğunu göstermektedir.

İklim deęişikliğinin etkisine dair ilk ve en önemli başlık küresel ölçekteki sıcaklık artışlarından gelmektedir. Isınma, Yerkürede mekânsal ve zamansal olarak eşit olmayan bir biçimde gerçekleşmektedir (Şekil 1.9) ve görece daha yüksek enlemlerdeki iklim kuşakları (ılıman, kutup), daha düşük enlemlerdeki iklim kuşaklarından (subtropikal ve tropikal) çok daha hızlı ısınmaktadır; ayrıca kış ayları boyunca daha yüksek sıcaklıklar gözlenmekte ve geceler de daha sıcak hale gelmektedir (Harvey vd., 2022). Buna baęlı olarak büyüme-üreme mevsimi uzamakta, söz konusu durum bir üreme dönemi boyunca üretilen jenerasyon sayısının (voltinizm) artmasıyla sonuçlanmaktadır; voltinizmin yükselmesi bolluęu artıran bir durum gibi görünse de, yüksek voltinizm daha küçük ve üreme verimlilięi düşük bireylerin üretilmesine neden olabilir (Forrest, 2016).

---

<sup>15</sup> Çalışmaya göre böceklerdeki azalış trendini en çok açıklayan faktörler, sırasıyla habitat kaybı ve bozulması, kirlilik ve iklim deęişikliğidir (Sánchez-Bayo ve Wyckhuys, 2019).

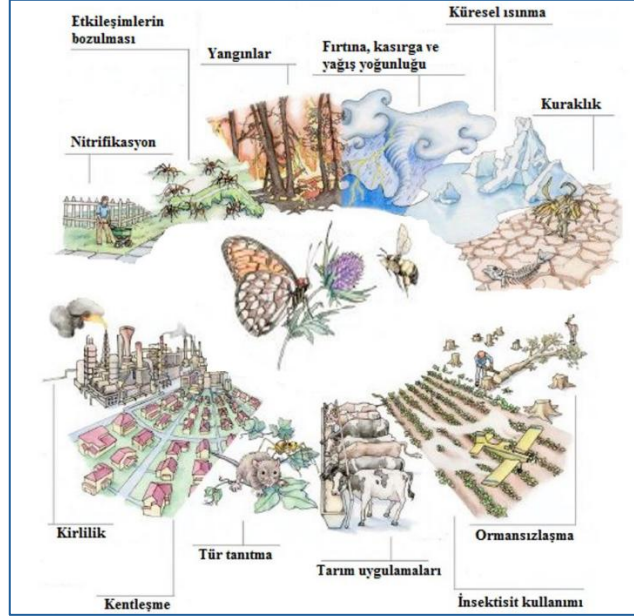


**Şekil 1.8.** Tarihin en sıcak yılı olarak açıklanan 2024 yılına ait Dünya geneli sıcaklıkların 1951-1980 yılları arasındaki sıcaklıkların ortalamasından ne kadar farklı olduğunu açıklayan grafik. Görsel, NASA Earth Observatory'den (2024) alınmıştır.

Böcekler, ektoterm ve hatta poikloterm (değişkensıcaklı) canlılar olduklarından, sıcaklık değişimlerine karşı hassaslardır. Bu nedenle buldukları alanlardaki sıcaklık artışları, metabolik hızlarında artışa neden olmakta ve bu durum böceklerde artan fizyolojik maliyetlere yol açmaktadır (Verberk vd, 2021). Ektotermelerde, sıcaklığa maruz kalma süresi arttıkça, organizmaların tolere edebilecekleri maksimum sıcaklık (kritik sıcaklık) seviyesi düşmektedir (Peralta-Maraver ve Rezende, 2020). Sıcaklık artışlarıyla birlikte ektotermelerde vücut büyüklüğü, istisnaları olmakla birlikte, küçülme eğiliminde olduğu raporlanmıştır (Verberk vd, 2021). Ayrıca birçok böcek için önemli bir yaşamsal strateji olan ve fotoperiyottaki azalma ile soğuğa dair sinyallerin peşi sıra gelen kışlamanın ve/veya diyapozun dönemi ile süresi sıcaklık artışlarından etkilenir. Çevreden soğuğa dair bir sinyal alınmazsa diyapozdan çıkış gecikebilir veya diyapoz sinyal alınana kadar sonlanmayabilir (Forrest, 2016).

Sıcaklık artışlarına paralel olarak kuraklığın etki ettiği süre ve yoğunluk da artmaktadır. Böcekler üzerinde doğrudan olumsuz yönlü fizyolojik etkilere neden olabileceği gibi kuraklık, böceklerin yüksek düzeyde etkileşimde oldukları bitki gruplarına etki ederek böcekleri dolaylı yoldan negatif etkileyebilir. Kuraklığın çiçekli bitkiler üzerindeki potansiyel negatif etkileri de hesaba katıldığında polinatör böceklerin ve çiçek ziyaretçisi taksonların kuraklıktan şiddetli bir biçimde etkilenme olasılığı yüksektir (Burkle ve Runyon, 2016). Aynı zamanda kuraklığın bitkilerdeki nektar miktarını düşürücü etkisinin polinatör böcekler üzerinde de potansiyel negatif etkileri olabilir (Phillips vd., 2018). Kısa süreli, tek bir şiddetli kuraklığın bile bitki-böcek popülasyonlarının kompozisyonunu değiştirebileceği

kaydedilmiştir. Bu çalışmada 1995 yılında Birleşik Krallık'ta yaşanan şiddetli kuraklığın ardından *Aphantopus hyperantus* türü kelebeklerin popülasyonlarının büyük oranda azaldığı raporlanmıştır (Oliver vd., 2012).



**Şekil 1.9.** Böceklerin azalış trendine etki eden faktörler. İklim değişikliği, küresel ısınma, fırtına, kasırga ve yağış yoğunluğundaki değişimler, yangınlardaki artışlar, etkileşimlerin bozulması ve nitrifikasyon başlıklarından sorumludur. Görselin alt kısmında bulunan değişkenler ise insan etkisini göstermektedir, iklim değişikliği üzerinde de antropojen etkilerin olduğu bilinmektedir. Görsel, Wagner vd. (2021) yayınından değiştirilerek ve Türkçeleştirilerek alınmıştır.

Böceklerin yayılışı ve fenolojisindeki değişikliklerin önemli bir sonucu, etkileşen türler arasında mekânsal ve zamansal uyumsuzlukların ortaya çıkmasıdır (Harvey vd., 2022). Bitki-polinatör böcek türleri arasındaki etkileşimlerinin mevsimsel koordinasyonundaki fenolojik kaymalar genellikle her iki taraf için de olumsuz sonuçlara neden olmaktadır. Warren vd. (2018), 3,2°C'lik bir sıcaklık artışı ile böcek türlerinin yüzde 49'unun, 2°C'lik bir artışta böceklerin yüzde 18'inin, 1,5°C'lik artışta ise böceklerin yüzde 6'sının yayılış alanının yüzde 50 oranında daralacağını raporlamıştır. Böceklerle yüksek düzeyde etkileşimde olan bitkilerin yayılışlarındaki değişim de böceklerinki açısından önemlidir; bu çalışmaya göre, 3,2°C'lik ısınmada bitkilerin yüzde 44'ü, 2°C'lik ısınmada yüzde 16'sı 1,5°C'lik artışta bitkilerin yüzde 8'i yayılış alanlarının en az yüzde 50'sini kaybedebilir (Warren vd., 2018).

### 1.5. eDNA Metabarkodlama

Çevresel DNA (eDNA, İng. *environmental DNA*), toprak, hava, su gibi çevresel örneklerde yer alan ve bu çevresel örneklerle etkileşime girmiş taksonlara ait genetik materyali tanımlamaktadır (Barnes ve Turner, 2016). Bu açıdan eDNA, canlıların çevreleriyle de etkileşim içerisinde olduğunun ve buldukları alana genetik materyallerini bıraktıklarının da bir göstergesidir. eDNA çevresel örnekler vasıtasıyla elde edilebilir, ekstrakte edilebilir ve çoğaltılabilir, dizilenip taksonomik olarak kategorize edilebilir (Deiner vd., 2015). eDNA metabarkodlama, doğrudan hedef organizmaya odaklanmadan, bu organizmanın çevresinden alınan örneklerle organizmaya dair taksonomik çıkarımlar yapılabilmesini sağlamaktadır. Klasik örnekleme metotlarına kıyasla görece daha yeni bir teknik olan eDNA metabarkodlama, özellikle biyoçeşitliliğin tespiti ve biyoizleme çalışmaları açısından kayda değer bir potansiyele sahip olan ve invaziv olmayan bir tekniktir (Barnes ve Turner, 2016; Ruppert vd., 2019).

eDNA teriminin ilk kez, deniz sedimentlerinden mikrobiyal komünitelerin tespit edilmesi için yapılan bir çalışmada kullanılmıştır (Ogram vd., 1987) ve daha çok hidrobiyoloji ile ilişkili çalışmalar için optimize edilmiştir. Buna karşın teknik günümüzde ekolojinin farklı alanlarında kullanılmaktadır (Taberlet vd., 2012). Konvansiyonel metotlar, uzun süredir kullanılan ve bu süre zarfından optimize hale getirilmiş metotlardır, bu nedenle genellikle alanların hâkim teknikleri araştırmalarda kullanılmaktadır. Geleneksel metotlar ile veri eldesinde sınırlayıcı faktörler genellikle taksonomik tanımlamada yetersizlik (Ruppert vd., 2019) ve türleri teşhis eden uzmanlara bağılıktır (Thomsen ve Sigsgaard, 2019). Bu faktörler teşhis edilemeyen taksonların sayısını artırabilir ve araştırmalar bu durumdan negatif yönlü olarak etkilenebilir. Özellikle tür sayısı bakımından çok geniş gruplara odaklı çalışmalarda takson teşhisleri için çok sayıda uzmanın bir arada çalışması gerekebilir, çoğu durumda böylesi bir uzman ekibini bir araya getirmek zor ve zaman isteyen bir durumdur. Buna karşın eDNA metabarkodlama ile farklı türler eş zamanlı olarak hedeflenebilir (Taberlet vd., 2012), dolayısıyla tekniğin araştırmalara hız kazandıran bir yönü bulunmaktadır. Bunun yanı sıra eDNA metabarkodlama, taksonomik çözünürlüğü artırarak konvansiyonel metotlarla elde edilen veriye tamamlayıcı bir etki yapabilir (Goldberg vd., 2016; Deiner vd., 2017). Aynı zamanda bu teknik ile nadir türler tespit edilebilir, istilacı türlerin yayılışlarına ilişkin veri bu teknik aracılığıyla elde edilebilir ve konvansiyonel metotlarla elde edilmesi zor olan organizmalar tespit edilebilir (Ruppert vd., 2019).

eDNA çalışmalarındaki sınırlılıklardan bir diğeri, elde edilen genetik materyalin kaynağının kesin olarak tespit edilememesidir, bu genetik materyal farklı araçlarla da çevresel örneğe taşınmış olabilir (Deiner vd., 2017). Bu noktada biyoinformatik analizlerde değerlendirilen filtreler ve taksonların alanda var olup olamayacağı konusunda deneyim aktarımında bulunacak uzmanların çalışmalarda yer alması önem kazanmaktadır.

Bitki-böcek etkileşimleri söz konusu olduğunda ise araştırmalarda ekolojik entomolojinin geleneksel arazi tekniklerinden (doğrudan gözlem, kamera kaydı alınması vb.) sıklıkla yararlanılmaktadır. Aynı zamanda bitkiler ve böcekler arasındaki etkileşimlerde etkileşim ortaklarının belirlenmesinde giderek artan bir sıklıkta eDNA metabarkodlama tekniği de kullanılmaktadır ve bitki-böcek etkileşimlerinin tespiti konusunda eDNA metabarkodlamanın etkin bir yöntem olduğu belirtilmektedir (Evans vd., 2016; Pornon vd., 2016; Pornon vd., 2017; Lucas vd., 2018; Thomsen ve Sigsgaard, 2019; Evans ve Kitson, 2020; Lowe vd., 2022; Swenson vd., 2022).

Bitki-böcek etkileşimleri açısından eDNA metabarkodlama, bitkiyi ziyaret eden böceklerin tespiti (Thomsen ve Sigsgaard, 2019; Harper vd., 2023), böceklerin ziyaret ettikleri bitkilerin tespiti (Bell vd., 2017), bitkiler ile etkileşime giren herbivor böceklerin tespiti (García-Robledo vd., 2013; Thomsen ve Sigsgaard, 2019; Pitteloud vd., 2021; Zhang vd., 2021), çalışılan alanın polinatör ağının çıkarılması (Lucas vd., 2018; Encinas-Viso vd., 2023), fitofag böceklerin besin tercihlerinin belirlenmesi (Kajtoch ve Mazur, 2015; Masonick vd., 2019), böceklerin göç yollarının tespiti (Suchan vd., 2019) ve melissopalinooloji (Richardson vd., 2015) ile ilişkili çalışmalarda kullanılmaktadır.

Thomsen ve Sigsgaard (2019), eDNA metabarkodlama kullanımıyla polinatör böceklerin tespit edilebileceğine ilişkin ilk çalışmayı yapmıştır. Doğrudan polinatörlere odaklanmadıkları çalışmaları sonucunda polinatörlerin de ziyaret ettikleri çiçekler üzerinde DNA bıraktıklarını tespit etmişlerdir. Bu durum çiçek materyallerini, polinatör böceklerin buldukları ve genetik materyal bıraktıkları bir ortam ve polinatör böceklerin çevresinin önemli bir parçası haline getirmektedir. Çalışmaya göre böcekler, çiçekler üzerine dökülen hücreleri ve dışkıları aracılığıyla çiçekler üzerinde DNA izi bırakabilir.

eDNA metabarkodlamanın, gözlem üzerine tespit edilemeyecek çiçek ziyaretçilerinin saptanmasında da etkinliği yüksektir. Buna karşın araştırmalarda tek başına eDNA metabarkodlama kullanımının çiçeklerde az zaman geçiren, görece büyük boyutlu polinatör

böcekleri tespit etmekte yetersiz kalabileceği ve fakat toplam çeşitliliğin belirlenmesinde geleneksel yöntemlere kıyasla efektif olduğu bildirilmiştir (Johnson vd., 2023). Bu nedenle, polinatörlerin total çeşitliliğinin saptanmasına yönelik çalışmalarda yenilikçi metotlar ile geleneksel metotların birlikte kullanılması önem taşımaktadır.

### **1.6. Araştırma Soruları, Hipotezler ve Çalışmanın Önemi**

Tez çalışmasının araştırma soruları bitki-böcek etkileşimlerinin en önemlilerinden birisi olan ve ekosistem içerisindeki kıymeti nedeniyle bir ekosistem hizmeti olarak da değerlendirilen polinasyon etrafında şekillenmektedir.

Polinatör böceklerin takson zenginliği, çeşitliliği ve polinatör ziyaret sıklığı ile bitkilerin yayılış tipleri arasında bir ilişki olup olmadığı çalışmanın ana odağındaki araştırma sorusudur. Dolayısıyla çalışmanın ana hipotezini, dar yayılışlı endemik, yaygın endemik ve yaygın endemik olmayan bitki türlerinde polinatör böcek zenginliği ile çeşitliliği ve ziyaret sıklığı bakımından bir fark olup olmadığı sorusu oluşturmaktadır. Aynı zamanda tez çalışmasında, yayılış tipleri ve endemizm statüleri farklı olan bitki türlerinin çiçeklerini ziyaret eden polinatör böceklerin takson kompozisyonları arasında fark olup olmadığı da araştırılan bir sorudur.

Polinasyon sürecinin bitkilerin büyüme ve gelişme süreçlerine, genetik havuzlarına ve hatta alanlardaki varlıklarına etki ettiği göz önünde bulundurulduğunda, polinatör böceklerin zenginliği ve çeşitliliğinin bitkilerin yayılışını açıklayan faktörlerden biri olup olmadığı önemli bir soru konumundadır. Fakat bu tez çalışması, bitki yayılışını etkileme potansiyeli olan diğer değişkenleri odağına almamaktadır. Bu nedenle çalışma kapsamında değerlendirilen bitkilerin çiçeklerini ziyaret eden polinatör böceklerin bitki yayılışını ne kadar iyi açıklayabildiği sorusu tez çalışmasının kapsamında değildir. Bu çalışma, bitki yayılışı-polinatör böcek takson zenginliği ve çeşitliliği arasındaki doğru orantılı olabileceği düşünülen ilişkiye dair ilk sinyali elde etmeyi amaçlamaktadır. Buna ek olarak endemik bitkilerin, endemik olmayan bitki taksonlarıyla benzer bir polinatör böcek ziyaret eğilimine sahip olup olmadığı çalışmada değerlendirilen sorulardan bir diğeridir. Ayrıca takson zenginliği, çeşitliliği ile ziyaret sıklığı ve takson kompozisyonunun, polinatör taksonlarının yanı sıra, polinatörlerin yüksek taksonları (cins ve familya) ve hem takson hem de yüksek takson düzeyinde tüm çiçek ziyaretçileri açısından nasıl bir eğilime sahip olduğu da ek bir araştırma sorusudur.

Çalışma başlangıcında, dar yayılışlı türlerin yayılışlarının sınırlı olmasındaki olası etkenlerden birinin polinatörlerin azlığı olabileceği dikkate alınarak, dar yayılışlı endemik türlerin polinatör çeşitliliğinin ve zenginliğinin, daha yaygın endemik ve endemik olmayan türlere göre daha düşük olacağı öngörülmüştür. Ek olarak, polinatör türlerin tür kompozisyonunun da çalışma kapsamındaki bitki grupları arasında farklılık göstereceği düşünülmüştür. Cins ve familyaya odaklı yüksek takson analizlerinin de benzer bir eğilimi izlemesi beklenmiştir.

Ek olarak çalışmada, moleküler metotların biyoçeşitliliğin tespitine yaptığı katkı gözetilerek klasik metotların yanı sıra eDNA metabarkodlama yöntemi de veri toplamada bir araç olarak değerlendirilmiştir. Bu kapsamda söz konusu teknik, bitki-böcek etkileşimlerinin anlaşılmasında eDNA metabarkodlama kullanımının daha az temsil edildiği bir biçimde, polinatör böceklerin çevresini oluşturan bir ortam görevi de gören çiçeklerden yola çıkılarak uygulanmıştır. Tez çalışması, tekniğin bu bağlamda ve böceklerin çevresine odaklı olarak kullanılması açısından, ülkemizde bir ilk konumundadır. Daha önceki çalışmalar genellikle tekniği bu bağlamda optimize etmeye dayanmaktadır ve ekolojik entomolojiye odaklı hipotezleri test etme açısından nadiren kullanılmıştır. Tez çalışmasının araştırma soruları ve kullanılan tekniklerin kapsamı düşünüldüğünde tez çalışması, özgün bir niteliğe sahiptir.

Çalışmanın yan çıktıları da önemli bir noktada durma potansiyeli taşımaktadır. Bitki çeşitliliği açısından oldukça değerli olan marnlı bozkır alanları daha önce polinatör böcekler açısından sistemli bir şekilde araştırılmamıştır, dolayısıyla tez çalışması, marnlı bozkır habitatındaki yayılış gösteren polinatör böcek komünitesi konusundaki ilk verileri sağlayacağı gibi, alandaki bitki-böcek etkileşimleri hakkındaki ve spesifik olarak polinasyon konusundaki ilk verileri de sağlayacaktır. Marnlı bozkır habitatlarında yaşayan dar yayılışlı ve endemik bitki türlerinin böceklerle olan etkileşimleri hakkındaki ilk veriler de çalışma aracılığıyla ortaya konmaktadır. Tez çalışması kapsamında üretilen veriler, marnlı bozkır alanlarında yürütülmesi planlanan koruma çalışmalarına, türlerin etkileşimleriyle birlikte korunmasının koruma verimini artırması perspektifinden, özellikle dar yayılışlı ve endemik türler için etki değeri yüksek bir katkı sağlama potansiyeli de taşımaktadır.

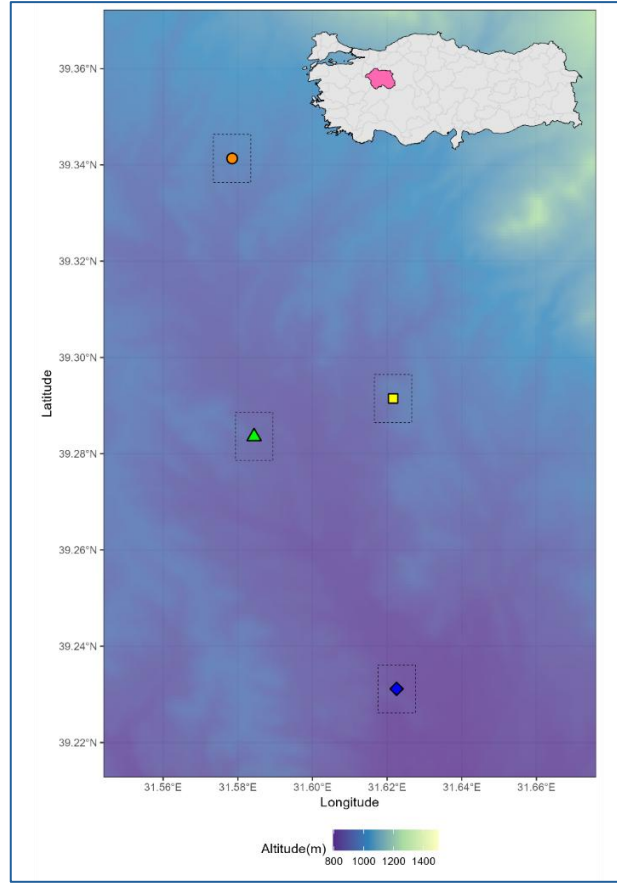
## 2. YÖNTEM

### 2.1. Çalışma Alanı

Çalışma, Eskişehir'in Sivrihisar ilçesinin Aşağı Kepen bölgesindeki marnlı bozkır alanlarında (Şekil 2.1) gerçekleştirilmiştir. Çalışma alanı, Eskişehir il merkezinden yaklaşık 100 km uzaklıkta yer alan, kırsal yerleşim alanlarının, tarım alanlarının ve farklı karakteristik özellikler gösteren bozkır alanlarının mozağının gözlendiği bir alandır. Sivrihisar'da kış ayları soğuk, yaz ayları ise sıcak ve yağışsız geçmektedir; iklimsel açıdan çalışma alanı, Anadolu bozkırlarının genel iklim karakteristiğine (yıllık 300-350 mm yağış; Kürschner & Parolly, 2012) uygun, kurak bir iklimsel yapıya sahiptir. Ayrıca çalışma alanı, fitocoğrafi olarak İran-Turan Flora Bölgesinde bulunmakta ve İran-Anadolu Biyoçeşitlilik Sıcak Noktası içerisinde kalmaktadır.

Ulusal Bozkır Koruma Strateji ve Eylem Planı kapsamında sunulan istatistiklerde, çalışma alanının yer aldığı Sivrihisar'ın, potansiyel bozkır bölgesiyle kesişiminin yüzde 100, içerdiği bozkır alanının 120.011 hektar, tescilli mera alanının 41.648 hektar (2020 verisi), büyükbaş hayvan sayısının 11.484 (2018 verisi), küçükbaş hayvan sayısının 198.917 (2018 verisi) ve nüfusunun 20.746 olduğu raporlanmıştır (FAO-TOB, 2021).

Sivrihisar, marnlı, kalkerli ve tuzcul bozkır habitatlarını içerisinde barındırmaktadır (Arslantürk, 2007). Tez çalışmasının odak noktası ise marnlı bozkır alanlarıdır. Marnlı bozkır habitatının en karakteristik özelliği kil içeriği yüksek, marnlı toprak kimyasına sahip oluşudur. Söz konusu marnlı bozkır, çok sayıda nadir endemik bitkiyi bünyesinde barındırmaktadır (Yıldırım, 2012; Bahadır ve Duman, 2021). Ayrıca çalışma alanı, Önemli Doğa Alanı olarak nitelendirilen Acıkır Bozkırları'nın (Eken vd., 2006) bir uzantısı şeklinde konumlanmıştır fakat henüz herhangi bir koruma statüsüne sahip değildir.



**Şekil 2.1.** Tez çalışması kapsamında Eskişehir, Sivrihisar’da (Türkiye) çalışma yürütülen marnlı bozkır alanları. Farklı renklerdeki şekiller, arazi çalışması yapılan farklı koordinatları, haritada boyalı alan Eskişehir’i ve boyalı alanda işaretli nokta Sivrihisar’ı temsil etmektedir.

Marnlı bozkır vejetasyonundaki türler, özellikle de marna özgü türler, Anadolu bozkırları üzerinde etkili olan aşırı otlatma, ağaçlandırma baskısı, tarımsal faaliyetlerin denetimsiz ve yoğun bir biçimde sürdürülmesi gibi faktörler nedeniyle risk altındadır. Ek olarak iklim değişikliği alandaki türleri doğrudan ve dolaylı olarak etkilemektedir. Proje sahası olarak belirlenen marnlı bozkır habitatu da tüm bu faktörlerin baskısı altındadır (Yaprak, Körüklü ve Tavşanoğlu, yayınlanmamış veri). Ayrıca, marnlı bozkır alanlarının da içerisinde yer aldığı Sivrihisar’da da tarım ve hayvancılık yoğun bir şekilde sürdürülmekte, bölgedeki çoğu alanda aşırı otlatma emareleri görülmektedir. Tarım ve hayvancılığın yanı sıra bölgede faaliyet sürdüren kum ve mermer ocaklarının çalışma alanlarının genişlemesi de alandaki komüniteler için tehdit oluşturmaktadır (Arslantürk, 2007). Tüm bu faktörlerin etkisiyle marnlı bozkır alanlarının, arazi kullanımı üzerinden de risk altında olduğu ifade edilebilir.



**Şekil 2.2.** Çalışma alanının farklı kesimlerinden görüntüler.

## **2.2. Çalışma Kapsamındaki Bitki Türleri**

Çalışmada odaklanılan bitki türleri marnlı bozkır habitatında yayılış göstermektedir, bitkilerin bir kısmı marna özgü nitelikteki endemik bitkilerdir (Yıldırım, 2012; Bahadır ve Duman, 2021). Çalışma kapsamında odaklanılan bitki türleri, 2022 yılında marnlı bozkır vejetasyonunun araştırıldığı başka bir çalışmadan (Yaprak, Körüklü ve Tavşanoğlu, yayınlanmamış veri) elde edilmiş olan, marnlı bozkır bitkilerinin yayılışları, bollukları ile çiçeklenme dönemlerini içeren bulgularından yararlanılarak ve proje ekibinin (Prof. Dr. Ahmet Emre Yaprak, Prof. Dr. Çağatay Tavşanoğlu) alanla ilgili daha önceki tecrübelerine dayanarak seçilmiştir.

Çalışmada değerlendirilen bitki türleri endemizm durumlarına (endemik/endemik değil) ve yayılış tiplerine (yaygın/dar yayılışlı) göre farklılaşmaktadır. Tez çalışması kapsamında üç bitki grubundan üçer bitki türüne odaklanılmıştır (Çizelge 2.1): (1) Marn habitatına endemik, dar yayılışlı bitkiler, (2) Marn habitatına endemik, yaygın bitkiler ve (3) Marn habitatına endemik olmayan, yaygın bitkiler. Tez çalışmasının ana odağını oluşturan dar yayılışlı ve

yaygın bitki gruplarının belirlenmesinde, türlerin marnlı bozkır alanlarındaki görelî bollukları dikkate alınmıştır (Yaprak, Körüklü ve Tavşanođlu, yayınlanmamış veri).

**Çizelge 2.1.** Çalışmada odaklanılan bitki türlerinin yayılış tipleri ve endemizm statülerine göre gruplandırılması.

<b>Dar yayılışlı ve endemik bitki türleri</b>	<b>Yaygın ve endemik bitki türleri</b>	<b>Yaygın ve endemik olmayan bitki türleri</b>
<i>Polygala guneri</i> Yıld. (Polygalaceae)	<i>Scutellaria yildirimlii</i> Çiçek & Yaprak (Lamiaceae)	<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)
<i>Acantholimon riyatguelii</i> Yıldırım (Plumbaginaceae)	<i>Scabiosa pseudograminifolia</i> Hub.-Mor. (Dipsacaceae)	<i>Scabiosa argentea</i> L. (Dipsacaceae)
<i>Verbascum gypsicola</i> Vural & Aydođdu (Scrophulariaceae)	<i>Hedysarum hasanyildirimii</i> Yıld. (Fabaceae)	<i>Globularia orientalis</i> L. (Plantaginaceae)

Tez çalışması için seçilmiş olan bitki türleri, aynı dönemde çiçeklenip arazi çalışmasının yapıldığı döneme kadar çiçeklerini muhafaza edebilen türlerdir. Bu sayede, çiçeklenme fenolojileri bakımından benzer evrelerde olan bitki türleri seçilerek çiçeklenme fenolojisinin çalışmanın sonuçlarını etkileme potansiyelinin önüne geçilmiştir.

Çalışmada incelenen bitki türlerinin parlak renkli, gösterişli çiçeklere sahip olmak için enerji yatırımı yapmış oluşu, bu bitki türlerinin polinasyonunda böcek türlerinin diğer abiyotik faktörlerden (rüzgâr, su vb.) daha etkili olduğu konusunda bir gösterge olarak kabul edilmiştir.<sup>16</sup>

<sup>16</sup> Bir genel kabul olarak, bitki türlerinin parlak renkli ve gösterişli çiçeklere sahip oluşu, polinatör böcek türlerini kendilerine çekebilmelerini sağlayan, evrimsel süreç içerisinde kazandıkları bir uyarlanım olarak değerlendirilmektedir (Trunschke vd., 2021).



**Şekil 2.3.** Tez çalışması kapsamında değerlendirilen bitki türleri (1. Satır: Dar yayılışlı endemikler (sırasıyla: *Polygala guneri*, *Acantholimon riyatguelii*, *Verbascum gypsicola*), 2. Satır: Yaygın endemikler (sırasıyla: *Scutellaria yildirimlii*, *Scabiosa pseudograminifolia*, *Hedysarum hasanyildirimii*), 3. Satır: Yaygın endemik olmayanlar (sırasıyla: *Teucrium polium*, *Scabiosa argentea*, *Globularia orientalis*) (Fotoğraflar: Gülseli Kırgıl)).

### 2.3. Arazi Çalışmaları

Arazi çalışmaları, bölüm 2.1’de detaylıca açıklanan marnlı bozkır alanlarında, iki farklı kapsamda gerçekleştirilmiştir: (1) Böceklerle odaklı arazi çalışmaları, (2) Bitkilere odaklı arazi çalışmaları. Çalışma kapsamında marnlı bozkır alanlarında bitkilerin yayılış gösterdikleri dört alanda çalışma yürütülmüş, her bir alanda farklı bitki türlerine odaklanılmıştır.

**Çizelge 2.2.** Arazi çalışmaları kapsamında marnlı bozkır alanlarında çalışma yürütülen dört alanın koordinatları ve her bir alanda odaklanılan bitki türleri.

Alan adı	Koordinat	Bitki türleri
Marn_1	39.341341, 31.578492	<i>Polygala guneri</i> <i>Scabiosa argentea</i> <i>Scabiosa pseudograminifolia</i> <i>Hedysarum hasanyildirimii</i>
Marn_2	39.291468, 31.621618	<i>Acantholimon riyatguelii</i> <i>Globularia orientalis</i> <i>Teucrium polium*</i>
Marn_3	39.231142, 31.622532	<i>Scutellaria yildirimlii</i> <i>Teucrium polium*</i>
Marn_4	39.283571, 31.584368	<i>Verbascum gypsicola</i>

\* Böceklerle odaklı arazi çalışmalarındaki ikinci örnekleme döneminde, bu bitki türünün sağlıklı bireyelerine çevresel etki nedeniyle, ilk örneklenen alan olan Marn\_3’te rastlanmadığından ve fakat türün farklı alanlarda varlığını sürdürdüğü gözlemlendiğinden, bu tür için böcek örnekleme yine marnlı bozkır alanı olan farklı bir noktada sürdürülmüştür. eDNA metabarkodlama için iki farklı noktadan da örnek alınmıştır.

Araştırmada hedeflenen bitki türlerinin en bol bulunduğu, otlatma emarelerinin gözlenmediği ve tarım alanı yoğunluğunun az olduğu alanlarda arazi çalışmaları yapılmıştır. Bitkilerin çiçeklenme fenolojilerindeki olası değişikliklerin çalışmayı etkilememesi için Mayıs 2024 tarihinde ön arazi çalışmaları yapılmış ve çalışmada incelenen bitkilerin çiçeklenme durumları gözlemlenmiştir. Ana arazi çalışmalarının tarihi bu gözlemlere dayanarak planlanmıştır. Buna ek olarak, hem bitkilere odaklı hem de böceklerle odaklı arazi çalışmaları, çalışma alanının yoğun yağış almadığı bir dönemde gerçekleştirilmiştir. Bu sayede, yağış kaynaklı böcek hareketliliğindeki azalma sebebiyle gözlem yoluyla elde edilebilecek verideki olası sapmaların ve eDNA metabarkodlama çalışmalarında değerlendirilecek çiçek örnekleri üzerinde biriken polinatör böceklerle ait genetik materyalin yıkanıp gitme potansiyelinin önüne geçilmiştir.

### 2.3.1. Böceklere Odaklı Arazi Çalışmaları: Polinatör Böcek Gözlem ve Örneklemeleri

Polinatör böceklere odaklı arazi çalışmaları 12-16 Haziran 2024 ile 24-27 Haziran 2024 aralığında, tüm bitki türleri için ikişer dönem gözlem yapılacak şekilde gerçekleştirilmiştir. Bu arazi çalışmaları sırasında polinatör böcek gözlemi yapılmış ve polinatör böcekler gözlem sonrasında hemen yakalanmıştır. Polinatör böcek gözlemleri ve peşi sıra yapılan örneklemeler, iki farklı gözlemci tarafından gerçekleştirilmiştir.

Polinatör böcek gözlemleri, polinatör böcek aktif saatleri olan 09.00-11.00 (sabah) ile 14.00-16.00 (öğleden sonra) arasında gerçekleştirilmiştir. Gece polinatörleri çalışmanın kapsamı dışında bırakılmıştır, gözlemler sadece gün ışığı varlığında aktif olan polinatör böcekleri kapsamaktadır. Polinatör böcek gözlemi ve örnekleme, her bir bitki türünün aynı parselde bulunan, birbirlerine en az 5 m mesafede yer alan ve en sağlıklı görünen (parçalanmamış, kuruma eğilimi olmayan, böcek zararı oluşmamış) beş bireyine odaklanılarak yapılmıştır. Alandaki polinatör böceklerin aktif saatlerindeki olası farklılık ve bitki türlerinin gün içerisindeki çiçek açıklığı/kapalılığı (açılıp kapanma) açısından olası değişkenlik nedeniyle bir bitki türüne ait polinatör böcek gözlemleri, sabah ve öğleden sonra periyotlarına paylaştırılmıştır. Bu durum tüm bitki türleri için tekrarlanmıştır. Bu sayede, ifade edilen durumların polinatör böceklere ve çiçek ziyaretçilerine dair veriyi saptırma ihtimalinin önüne geçilmiştir.

Arazi çalışmaları sırasında her bir bitki türünden beşer birey, 10'ar dakika boyunca, bitkinin en az 1 m uzağında bekleyen bir gözlemci tarafından izlenmiş, bitkiyi ziyaret eden böcekler ziyaret sonrasında tül atrap ile yakalanmıştır. Beş bireye yayılan 10'ar dakikalık gözlem, polinatör böceklere dair çıkarımların yapılması için uygun temsil edilebilirliği sağlamakta ve bu anlamda yeterli örnek büyüklüğünü oluşturmaktadır. Bunun yanı sıra, her bir bitki türü için, beş bireyde gözlem yapılan alanda bitki türleri için ve ayrıca arazi çalışması yapılan her bir alan için 10'ar dakikalık genel örnekleme de yapılmıştır.

Bazı böcek gruplarının (ör: Coleoptera takımına ait türler) yakalanmasında atrap efektif bir yöntem olmadığından, bu gruplara ait türler için pens yardımıyla doğrudan yakalama yöntemi kullanılmıştır. Bu sırada yakalanamayan fakat uzman gözlemci tarafından taksonu saptanabilen böcekler arazi formuna ayrıca not edilmiştir. Toplanan böcekler, her biri ayrı Falcon tüplerinde olacak şekilde muhafaza edilmiş, Falcon tüplerine böceğin hangi bitki türü üzerinden alındığı, çalışma alanının kodu, arazi çalışmasının tarihi ve böceğin yakalandığı saatin verileri etiket olarak kaydedilmiştir. Etiketlenmiş Falcon tüplerine alınan böcek

örnekleri, arazi çalışmasından laboratuvara getirilene kadar içerisinde buz kalıpları bulunan seyyar buzdolabı içerisinde bekletilmiştir. Laboratuvara getirilen polinatör böcek örnekleri, iğneleme ve böcek koleksiyon hazırlığı yapılanaya kadar -20°C’de saklanmıştır.

### 2.3.2. Bitkilere Odaklı Arazi Çalışmaları: Çiçek Örnekleme

Bitkilere odaklı arazi çalışmaları, eDNA metabarkodlama işlemi için her bir bitki türünden çiçek örneklerinin alınmasını kapsamaktadır. Bitkilere odaklı arazi çalışmaları sırasında, her bir bitki türünün aynı alanda bulunan ve fakat birbirlerine en az 5 m mesafede yer alan beş bireyinden çiçek örnekleri alınmıştır. Örnekleme, bireyler üzerinde yer alan çiçeklerden en sağlıklı görünen (parçalanmamış, kuruma eğilimi olmayan, böcek zararı oluşmamış) üçer çiçeğinin alınması ile gerçekleştirilmiştir. Her bir bireyden alınan üç çiçek örneği, ilgili bireyin tür kodu ile etiketlenmiş olan tek bir Falcon tüpüne konulmuştur. Çiçek örneklerinin Falcon tüplerine konulmasının ardından Falcon tüplerine moleküler çalışmalarda kullanılan *absolute* etil alkol (yüzde 96-99, EMSURE®) eklenmiştir. Genetik materyalin uzun süreli korunumu hedeflendiğinden, çiçek örneklerinin saklanmasında, genetik materyali fikse ederek uzun süreli saklamaya olanak sağlayan etil alkolden yararlanılmıştır. Etil alkol eklenen örnekler, arazi çalışması boyunca sıcaklıktan etkilenmemeleri için, içerisinde buz kalıpları bulunan seyyar buzdolabında (~4°C) saklanmıştır.

Tez çalışması kapsamında değerlendirilen *Verbascum gypsicola*, arazi çalışmasının yapıldığı dönemdeki yüksek sıcaklıkların etkisiyle türün çiçeklenme dönemi bitişinin beklenen zamandan önce gerçekleşeceğine ilişkin fenolojik gözlem üzerine diğer bitki türlerinden önce toplanmıştır (Çizelge 2.3). Arazi çalışmaları sırasında, metabarkodlama çalışması için alınan ana örneklere ek olarak yedek örnekler de alınmıştır. Bu örnekler de, ana örnekler için uygulanan koruyucu adımlar izlenerek saklanmıştır.

Çiçek örnekleri metabarkodlama çalışmasında kullanılacağından, bitkilere odaklı arazi çalışmaları boyunca sterilizasyona oldukça dikkat edilmiştir: Bir türe ait bir bitki bireyinin örneklenmesinin ardından örnekleme sırasında kullanılan tek kullanımlık steril nitril eldivenler değiştirilmiş ve örnekleme sırasında çiçek materyallerine temas eden penset, bahçe makası gibi malzemeler yüzde 70’lik etil alkol ile sterilize edilmiştir. Arazi çalışmasının tamamlanmasının ardından örnekler moleküler analize başlanana kadar, Ankara Üniversitesi Teknokent – Gıda, Tarım ve Hayvancılık Merkezi içerisinde yer alan Agrigenomics Hub (AgriGx) Hayvan ve Bitki Genomik Araştırmaları İnovasyon Merkezi’nde, -20°C’de muhafaza edilmiştir.

**Çizelge 2.3.** eDNA metabarkodlama için yapılan çiçek örneklemelerinin gerçekleştirildiği alan, gün ve gün içi periyot. Her bir tür için yapılan örneklemeler ayrı ayrı gösterilmiştir.

Tür	Alan	Örnekleme Tarihi	Gün içi periyot
<i>Polygala guneri</i>	Marn_1	21.06.2024	Öğle
<i>Acantholimon riyatguelii</i>	Marn_2	21.06.2024	Öğle
<i>Verbascum gypsicola</i>	Marn_4	16.06.2024	Öğle
<i>Scutellaria yildirimlii</i>	Marn_3	27.06.2024	Sabah
<i>Scabiosa pseudograminifolia</i>	Marn_1	27.06.2024	Öğle
<i>Hedysarum hasanyildirimii</i>	Marn_1	21.06.2024	Öğle
<i>Scabiosa argentea</i>	Marn_1	27.06.2024	Öğle
<i>Globularia orientalis</i>	Marn_2	26.06.2024	Öğle
<i>Teucrium polium</i>	Marn_3	27.06.2024	Sabah
<i>Teucrium polium</i>	Marn_2	27.06.2024	Sabah

## 2.4. Laboratuvar Çalışmaları

Laboratuvar çalışmaları, arazi çalışmalarında toplanan böcek örneklerinin iğnelenerek çalışmanın polinatör böcek koleksiyonlarının oluşturulmasını, böceklerin farklı takson seviyelerinde teşhislerini ve çiçek örneklerinin eDNA metabarkodlama tekniği kullanılarak analiz edilmesini kapsamaktadır.

### 2.4.1. Böceklerin İğnelenmesi ve Takson Teşhisleri

Arazi çalışmalarında toplanan böcek örnekleri, laboratuvar ortamında her bir örnek için uygun boyuttaki çelik iğne kullanılarak ve her bir örnek için gerekli koleksiyona alma yöntemi izlenerek iğnelenmiştir.

İğnelenmelerinin ardından her bir böcek örneği, üzerinde hangi bitkiden toplandıklarının, arazi çalışmasının tarihinin, böceğin yakalanma saatinin, alan kodunun yer aldığı etiketler ile etiketlenmiştir. Bu işlemten sonra teşhis aşamasına geçilmiş, polinatör böcek örnekleri önce takımlarına göre (taksonomik olarak), ardından morfortürlerine göre gruplandırılmıştır. Arı örneklerinin teşhisleri, Dr. Öğr. Üyesi Fatih Dikmen (İstanbul Üniversitesi, Biyoloji Bölümü) tarafından, diğer polinatör böcek teşhisleri ise Gülseli Kırgıl tarafından tamamlanmıştır, Diptera örnekleri morfortür düzeyinde bırakılmıştır. Polinatör böceklerin teşhisleri Borror vd. (1989)'e göre yapılmıştır.

### 2.4.2. eDNA Metabarkodlama

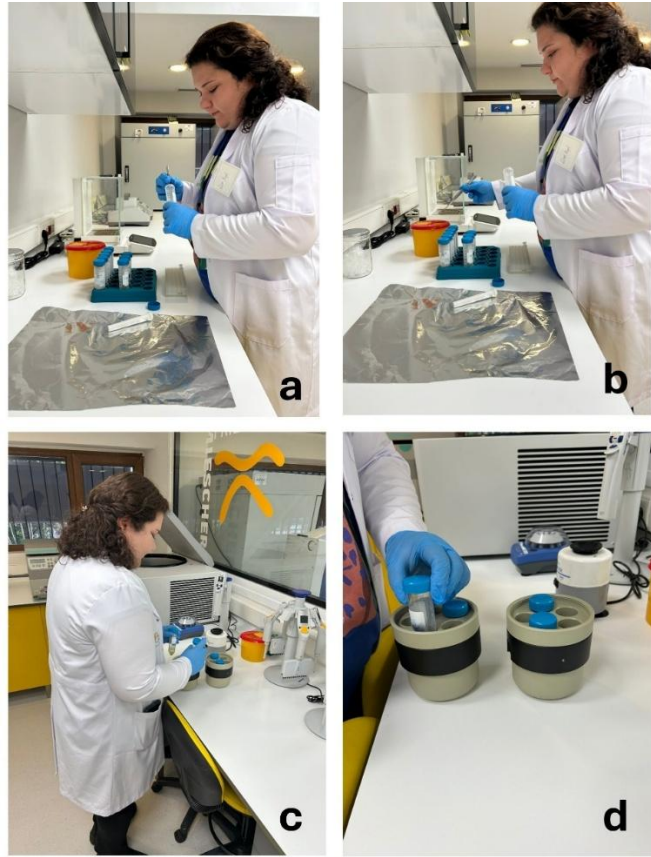
Tez çalışmasının eDNA metabarkodlama safhası, (1) DNA izolasyonu, (2) PCR uygulamaları, (3) Kütüphane Hazırlığı ve Yeni Nesil Dizileme adımlarını içermektedir. Çalışmaların tamamı, Prof. Dr. Emre Keskin'in danışmanlığı ve Doktor Adayı Pelin Taş'ın mentorluğunda, Agrigenomics Hub (AgriGx) Hayvan ve Bitki Genomik Araştırmaları İnovasyon Merkezi'nde gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyonu aşamasında çalışmanın ana izolasyon planının oluşturulması için EK 1'de özetlenen farklı perspektifler denenmiş, hangi yöntemden ilerleneceği saptanmış ve ardından optimizasyon çalışmaları yürütülmüştür.

Çalışma kapsamında çiçek örneklerinin saklandığı etanolün ana materyal olarak değerlendirilmesi için öncelikle örnekler, -20°C'den 4°C'ye alınmış ve Falcon tüpleri içerisindeki çiçek materyalleri Falcon tüplerinden çıkarılmıştır. Akabinde Falcon tüpleri içerisindeki etanolün çöktürülmesi için örnekler 4500 RPM'de (*revolutions per minute*), 1 saat süreyle santrifüj edilmiştir. İşlemin ardından Falcon tüplerindeki supernatant, atık konumundadır, dolayısıyla supernatant dikkatli bir biçimde Falcon tüplerinden alınmış ve atılmıştır. Bu aşamada peletin dağıtılmamasına da özen gösterilmiştir. Bu işlemin ardından pelet üzerine 400 µl distile su (dH<sub>2</sub>O) eklenmiş ve karışım hale getirilene kadar pipetaj yoluyla süspansiyon edilmiştir. Bu aşamayla birlikte DNA izolasyonu öncesi ön işlem adımları tamamlanmış ve DNA izolasyonu evresine geçiş yapılmıştır.

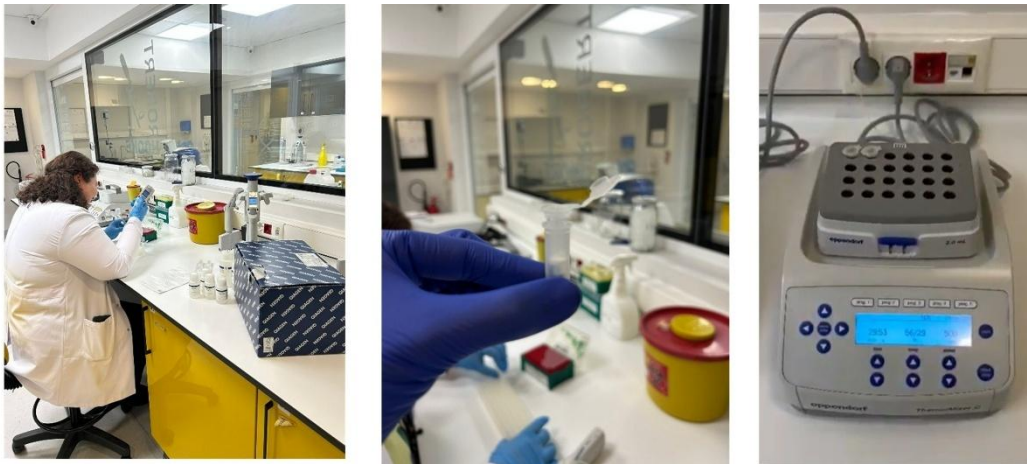
#### 2.4.2.1. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu için kit değişikliği yapılmamış, ana moleküler çalışmalarda da DNeasy® Blood & Tissue Kit (Qiagen, Almanya) kullanılmıştır. Kit akışı genel olarak takip edilmiş ancak kit içeriğindeki kimyasalların hacimleri çalışmayla ilişkili literatürden de faydalanarak değiştirilmiştir. Bu kapsamda ilk olarak, süspansiyon edilmiş peletin üzerine her bir örnek için 180 µl ATL *lysis buffer* ve 260 µl Proteinaz K eklenmiştir. Akabinde örnekler, 56°C ve 500 rpm'e ayarlı inkübatörde (Eppendorf® Thermomixer C) 3 saat süreyle bekletilmiştir. İnkübasyonun sona ermesinin ardından örnekler, her bir örnek için 200 µl AL *buffer* ile 200 µl etanol (*absolute* (yüzde 96-99); soğuk) eklenmiştir. Oluşan karışım, 1 dakika süreyle, 8000 × g kuvvette santrifüj edilmiştir. Ardından supernatant, spin-kolonlara alınmıştır. Bu aşamada deneme çalışmalarından farklı olarak, supernatant yeni tüplere alınıp santrifüj adımı tekrar edilmeden doğrudan spin-kolonlara alınmıştır, çünkü deneme çalışmalarında parçalanmış çiçek materyalleriyle çalışılmıştır ve parçaların spin-kolonu tıkama potansiyeli bulunmaktadır, etanolden izolasyonda ise spin-kolonun tıkanma riski

daha düşüktür. Bu aşamayı takiben spin-kolonlar 1 dakika süreyle,  $10000 \times g$  kuvvette santrifüj edilmiştir.



**Şekil 2.4.** Etanol içerisinde bekletilen çiçeklerin Falcon tüplerinden çıkarılması (a) ve atılması (b), içerisinde sadece etanol kalan Falcon tüplerinin, santrifüj için aparatlara yerleştirilmesi (c ve d).



**Şekil 2.5.** Çalışmanın izolasyon aşamasının farklı noktalarından fotoğraflar.

Yıkama (İng. *wash*) prosedürlerinde de kit protokolündeki adımlar izlenmiş, ilk olarak spin-kolon içeren örnek tüplerine 500 µl AW1 eklenmiş ve 1 dakika süreyle, 10000 × g kuvvette santrifüj edilmiştir. Ardından spin-kolonlar yeni tüplere aktarılmış, 500 µl AW2 her bir örnek tüpüne eklenmiş ve 3 dakika süreyle, 20000 × g kuvvette santrifüj edilmiştir. Yıkama adımlarının ardından genetik materyalin tutunduğu spin-kolondan ayrıştırılması için her bir spin-kolona 200 µl AE *buffer* eklenmiş ve spin-kolonlar 1 dakika süreyle, 6000 × g kuvvette santrifüj edilmiştir.

DNA konsantrasyonlarının belirlenmesi için spektrofotometrik ölçüm yapılmıştır. Ölçüm sonucu elde edilen sonuçlar, izolasyon ürünlerinden bazılarının çok düşük DNA konsantrasyonuna ve alkol, fenolik bileşikler ve sekonder metabolitler açısından çok yüksek kirliliğe sahip olduğunu göstermiştir. Sonuçlarda DNA konsantrasyonunun düşük oluşu, çalışmanın bir çevresel DNA (eDNA) araştırması olmasıyla açıklanabilir değerlerdir. Kirliliğin yüksek oluşu da etanol ile çalışılması ve yine çevresel DNA hedefli bir çalışma yapılmasıyla açıklanabilecek düzeydedir. Bu nedenle örnekler herhangi bir dilüsyon adımı uygulanmadan, çalışmaya PCR uygulamaları adımıyla devam edilmiştir. Bu noktada dilüsyon, örnekler içerisindeki inhibitörleri ve kirliliği azaltacak olsa da, aynı zamanda hâlihazırda çok düşük olan DNA konsantrasyonlarını daha da düşürecektir. Bu durum nedeniyle örnekler dilüe edilmemiştir.

#### **2.4.2.2. PCR ve Agaroz Jel Elektroforezi Uygulamaları**

Ana çalışma akışı içerisindeki PCR aşamasında yapılan deneme çalışmaları, PCR uygulamalarının farklı örnekler için farklı şekilde yapılmasına yol açmıştır (EK 2). Bu anlamda hangi örneğin hangi yöntemsel akışla sonuç verdiğini (agaroz jel elektroforezi sonucu bant gözlenmesi) tespit edebilmek için yoğun optimizasyon çalışmaları gerçekleştirilmiştir. Optimizasyon öncesi deneme çalışmaları, PCR için hazırlanan kimyasal karışımın (İng. *PCR mix*) da optimize edilmesini sağlamıştır. Bu kapsamda PCR reaksiyon dizisi için katalizör görevi gören MgCl<sub>2</sub> hacmi 1,5 µl'den 2 µl'ye, döngü sayısı 30'dan 35'e çıkarılmıştır. Çalışma kapsamında her bir örnek için 1 µl DNA içerecek PCR karışımında 2 µl *buffer*, 2 µl MgCl<sub>2</sub>, 0,8 µl dNTP, 0,05 µl polimeraz, 0,5 µl primer-F (İng. *forward*) ve 0,5 µl primer-R (İng. *reverse*) ile 3,15 dH<sub>2</sub>O kullanılarak karışım 10 µl'lik hacme tamamlanmıştır (Çizelge 2.5). PCR cihazı, her bir PCR işlemi için 94°C, 2 dakika (ön denatürasyon sıcaklığı); 94°C, 1 dakika (denatürasyon sıcaklığı); x°C, 1 dakika (primer bağlanma sıcaklığı – sıcaklık, primerlere göre değişkenlik göstermektedir, çalışma

kapsamında kullanılan primerlerin optimal çalışma sıcaklıkları Çizelge 2.7’de ifade edilmektedir), 72°C, 1 dakika (sentez sıcaklığı) ve 72°C, 5 dakika (son sentez sıcaklığı); 4°C, ∞ (bekleme) sıcaklık-süre kombinasyonları birbiri ardına gelecek ve bu akış ilk ve son sıcaklık-süre kombinasyonu hariç 35 döngü boyunca sürecek şekilde ayarlanmıştır (Çizelge 2.6).

**Çizelge 2.4.** PCR aşamasında her bir örnek için hazırlanan 10 µL hacimdeki karışımda (İng. *PCR mix*) yer alan maddeler ve miktarları.

<b>Madde</b>	<b>10 µL hacim için (1 örnek; 1x)</b>
5X <i>Buffer</i>	2 µL
MgCl <sub>2</sub> (25 mM)	2 µL
dNTP (10 mM)	0,8 µL
Primer - F	0,5 µL
Primer - R	0,5 µL
Polimeraz (5u/uL)	0,05 µL
Su (dH <sub>2</sub> O)	3,15 µL
DNA	1 µL

**Çizelge 2.5.** PCR işleminde sırasıyla meydana gelen aşamalar, bu aşamalara ait sıcaklık ve süre değerleri ile PCR’in denatürasyon, bağlanma ve sentez adımlarının ne kadar tekrarlandığını belirten döngü sayısı.

<b>Promega GoTaq Flexi Polymerase Protokolü</b>	<b>Sıcaklık</b>	<b>Süre</b>	<b>Döngü</b>
Ön Denatürasyon	94 °C	2 dk	-
Denatürasyon	94 °C	1 dk	35 döngü
Primer Bağlanması	X°C	1 dk	
Sentez	72 °C	1 dk/kb	
Son Sentez	72 °C	5 dk	-
Bekleme	4°C	∞	-

**Çizelge 2.6.** eDNA metabarkodlama çalışmaları kapsamında PCR uygulamaları sırasında kullanılan primerlere ait isim, dizi, baz çifti (bç), bağlanma sıcaklığı (T<sub>m</sub>, °C) ve kaynak bilgileri.

Primer	Dizi	bç	T <sub>m</sub> (°C)	Kaynak
Ins16S_1_F	TRRGACGAGAAGACCCTATA	~216	50	Clarke vd., 2014
Ins16S_1_R	TCTTAATCCAACATCGAGGTC	~216	50	Clarke vd., 2014
Ins16S_1_short_R	ACGCTGTTATCCCTAAGGTA	~190	60	Clarke vd., 2014

Çalışmanın ana PCR uygulamaları öncesinde yapılan deneme çalışmalarında örneklerin farklı PCR akışları ile sonuç verdiği anlaşılmıştır. Örnekler, “Ins16S\_1” primer seti ve aynı primerin, aynı bölgenin (16S) daha kısa bir dizisini (~190 bç) hedefleyen farklı bir reverse kullanılmasıyla uygulanan versiyonu ile bu primerlerin kombinasyonları yapılarak çalışılmıştır (EK 2).

PCR uygulamalarının ardından yüzde 2 konsantrasyonda agaroz jel kullanılarak jel elektroforezi (120 V, 40 dk) yürütülmüştür. PCR ürünüyle yapılan tüm agaroz jel elektroforezlerinde, PCR için hazırlanan ve DNA içermeyen karışım (İng. *PCR mix*) negatif kontrol örneği olarak, daha önceki bir çalışmadan elde edilen ve kara sineğe (*Musca domestica* L. (Diptera: Muscidae)) ait olduğu bilinen PCR ürünü pozitif kontrol olarak kullanılmıştır. Ayrıca bu aşamada 50 kb boyutlu *ladder* kullanılarak elde edilen belirgin bantların boyutları da teyit edilmiştir. Elektroforezin tamamlanmasının ardından jel görüntüleme işlemi, Vilber Fusion Solo UV cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. EK 2’de belirtilen tüm primer kombinasyonları için PCR ürünleri ile yapılan agaroz jel elektroforezi çıktılarında belirgin bantlar gözlenmiştir. Tez çalışmasının DNA izolasyonu ve PCR uygulamaları açısından optimizasyon çalışmalarının tamamlanmasının ardından, dizileme aşamasında örneklerin birbirinden ayrılabilmesi ve bu anlamda örneklerin kimliklendirilebilmeleri için EK 2’de açıklanan PCR uygulama adımları, belirtilen örneklerin DNA materyalleri için, belirtilen primerlerin *taq* içeren versiyonları kullanılarak tekrarlanmıştır. Bu noktada *taq*, primerlerin önüne eklenen ve her biri ayrı bir nükleotid akışını içeren birbirinden farklı kısa dizilerdir. Dizileme sonuçlarında örneklere dair ayırım, bahsi geçen *taq* kısımlarına ilişkin eşleşmeler üzerinden yapılmaktadır. *Taq* içeren primerlerle yapılan PCR uygulamaları sonrası elde edilen ürünler, bu adımda gerekli önışlemin ardından, yeni nesil kütüphane hazırlığı aşamasından geçirilmiştir.

### 2.4.2.3. Kütüphane Hazırlığı ve Yeni Nesil Dizileme

*Taq*'li PCR sonrası elde edilen ürünlerin her birinden 2'şer  $\mu\text{L}$  alınarak örnekler ayrı bir tüpte birleştirilmiştir, bu birleştirmede PCR uygulaması, görece daha uzun bir bölgeyi hedefleyen PCR uygulamalarıyla (EK 2, Çizelge 1-3) sonlanan örneklerin bir tüpte, görece kısa bölgeyi hedefleyen PCR uygulamalarıyla (EK 2, Çizelge 4-5) sonlanan örneklerin ayrı bir tüpte birleştirilmesine dikkat edilmiştir. Bu adım, örneklerin PCR uygulamalarından bağımsız bir şekilde birleştirilmesiyle birlikte görece daha uzun olan dizilerin, dizileme işlemi sırasında görece daha kısa olan dizileri baskılama ve kısa dizilerin dizileme sırasında okunmamlarına neden olma durumunun önüne geçmek için elzemdir. Bu ön işlemin ardından iki ayrı tüpte elde edilen ürünlerin kütüphane hazırlığı öncesindeki konsantrasyonları, amplicon konsantrasyonunun hassas bir şekilde belirlenebilmesini sağlayan Invitrogen<sup>TM</sup> Qubit 4 Fluorometer cihazı ile ölçülmüştür (Qubit sonuçları için Çizelge 2.8).

Akabinde, “NEBNext<sup>®</sup> Ultra<sup>TM</sup> II DNA Library Prep Kit for Illumina<sup>®</sup> (New England Biolabs, Amerika)” isimli kit kullanılarak ve kit protokol akışı izlenerek amplicon kütüphane hazırlığı gerçekleştirilmiştir. İlk olarak ampliconlar, temizleme (İng. *clean up*) işlemine tabi tutulmuş ve PCR aşamasından gelen ürün harici maddelerin (enzim,  $\text{dH}_2\text{O}$ , dNTP kalıntıları vb.) ortamdaki uzaklaştırılması sağlanmıştır. Bu aşamada ampliconların dışında kalan maddelerin temizlenmesi için manyetik *bead* kullanılmıştır. Bu aşamanın ardından ampliconlara, ampliconların yeni nesil dizileme cihazına bağlanmasını sağlayacak adaptörler eklenmiştir. Buna ek olarak ampliconlar, cihaz içerisindeki tüm okumaların ardından elde edilen verilerin ayrıştırılmasında kullanılmak üzere “indeksleme” olarak nitelendirilen işleme tabi tutulmuştur. Bu aşamada yeniden PCR uygulaması yapıldığından kütüphane hazırlığının son aşaması olarak temizleme (İng. *clean up*) adımı yinelenmiştir.



**Şekil 2.6.** Konsantrasyon ölçümünde kullanılan Invitrogen™ Qubit 4 Fluorometer cihazı (a), amplicon kütüphane hazırlığında yer alan *index* PCR aşaması (b), amplicon kütüphane hazırlığı süreci (c) ve kütüphane hazırlığında kullanılan manyetik *beat* (d).

Bu aşamanın elde edilen amplicon kütüphanelerinin son konsantrasyonlarının ölçülmesi için yeniden Invitrogen™ Qubit 4 Fluorometer cihazından yararlanılmıştır (Qubit sonuçları için Çizelge 2.8). Amplicon kütüphanelerinin Yeni Nesil Dizileme kapsamında değerlendirilip değerlendirilmeyeceğinin anlaşılmasında Qubit ölçümünün ardından Bioanalyzer ölçümlerinden yararlanır. Örneklerin kalite durumunun kontrolü için ölçümler, Agilent 2100 Bioanalyzer cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.



**Şekil 2.7.** Bioanalyzer çipinin hazırlandığı istasyon ile Agilent 2100 Bioanalyzer cihazı.

**Çizelge 2.7.** Amplikonların, kütüphane hazırlığı öncesi ve sonrasına ait Qubit ölçümü sonuçları.

Örnek adı	Kütüphane hazırlığı öncesi konsantrasyon (ng/µl)	Kütüphane hazırlığı sonrası konsantrasyon (ng/µl)
PCR uygulaması, uzun bölgeyi hedefleyen primerlerin kullanıldığı reaksiyon dizisiyle sonlanan örneklerden oluşan karışım	8,48	22,9
PCR uygulaması, kısa bölgeyi hedefleyen primerlerin kullanıldığı reaksiyon dizisiyle sonlanan örneklerden oluşan karışım	3,14	1,59

Bu aşamada öncelikle *gel-dye mix* 30 dk süreyle oda sıcaklığında bekletilmiş ve ardından cihaza özel çiplerden yeni bir tanesi kullanılarak jel hazırlığına başlanmıştır. Akabinde, jel hazırlığı için belirtilen kuyuya 9 µL *gel-dye mix* eklenmiş, jel hazırlığı yapılan istasyon kapatılmış ve piston, klips tarafından kapatılana kadar basınç uygulanmıştır. 1 dakikalık bekleme süresinin ardından piston eski konumuna tekrar çekilmiş ve jel hazırlığı yapılan istasyon yeniden açılarak ilgili kuyucuğa 9 µL *gel-dye mix* eklenmiştir. Tüm kuyucuklara 5 µl *marker* eklenmiş, ardından *ladder* kuyucuğuna 1 µL *ladder* ve örnekler için ayrılan kuyucuklara da amplikon kütüphaneleri yüklenmiştir. Bioanalyzer çipi, cihaza yerleştirilmeden önce, 2400 rpm’de, 1 dakika süreyle vortekslenmesinin ardından Agilent 2100 Bioanalyzer cihazına yüklenerek ölçüm gerçekleştirilmiştir. Ölçüm sonuçları ve Qubit sonuçları birlikte değerlendirilerek örneklerin yeni nesil dizileme için değerlendirilebileceği sonucuna ulaşılmıştır. Yeni nesil dizileme için örneklerin cihaza yerleştirilmesinden önce, her bir kütüphanenin cihaz içerisindeki eşit derecedeki temsiliyeti için amplikon kütüphanelerinin konsantrasyonları ayarlanmış, örnekler gerekli oranlarda dilüe edilmiştir. Ardından örnekler Illumina NovaSeq™ 6000 platformunda dizilenmek üzere akış hücresine yüklenmiştir.

#### 2.4.2.4. Biyoinformatik Analizler

eDNA metabarkodlama kapsamında yeni nesil dizileme sonucunda elde edilen verinin biyoinformatik analizleri için OBITools programı kullanılmış ve bu bağlamda aşağıdaki iş akışı takip edilmiştir: Yeni nesil dizileme sonrasında cihazdan “.fastq” formatında çıkan

dizilerin kalite skorları ve dizilerle ilişkili temel istatistikler FastQC programı ile kontrol edilmiştir. Aynı DNA fragmanına karşılık gelen ileri ile geri okumalar, birleşme kalitesini (phred score >30) dikkate alan “IlluminaPairEnd” kodu uygulanarak hizalanmış ve birleştirilmiştir. İleri ve geri okumalara ilişkin diziler birleştirildikten sonra birleştirilemeyen diziler obigrep ile filtrelenmiştir. Birleştirilen diziler içerisinde belirsiz baz okumalarına sahip olanlar (N) veya beklenen PCR amplikon uzunluğundan farklı uzunluğa sahip olanlar çeşitli tagcleaner Perl betikleri kullanılarak temizlenmiştir. Tagcleaner programı ile tagli primer dizileri, maksimum üç yanlış eşleşmeye izin verilerek temizlenmiştir. Daha sonra “obiuniq” kodu kullanılarak tekrarlı diziler kaldırılacak ve tekrarı olan dizilerin başlık satırına eklenmiştir. Tekrar sayıları (okuma sayıları) belirlendikten sonra en az iki okumaya sahip olan OTU’lar belirlenerek NCBI GenBank veri tabanında blastn komutu ile türler ile eşleştirilmiştir. Elde edilen çıktı dosyalarına 50’nin altındaki baz eşleşmelerinin analizden çıkarılması için L50 filtresi uygulanmıştır ve ardından veri uygun formata getirilerek takson listeleri elde edilmiştir.

## 2.5. Veri Analizi

Çalışma kapsamında iki dönemlik gözlem yoluyla elde edilen veri birleştirilerek analize dâhil edilmiştir. Buna ek olarak, çalışma kapsamındaki bitkilerin çoğunda gözlem ile sonuç alınabilen yeterli tekrar olmadığından, her bir bitki türü için gözlemler birleştirilmiş, veri analizleri sadece bitki grupları (dar yayılışlı, endemik; yaygın, endemik; yaygın ve endemik değil) ile yapılmıştır ve bitki türleri birbirleri ile ayrıca kıyaslanmamıştır. Gözlem yoluyla elde edilen böcek örnekleri, polinatörler ve polinatör davranış göstermeyen ziyaretçi türleri kapsamaktadır, bu sebeple veri analizleri, polinatörler ve polinatörlerin de dâhil olduğu tüm ziyaretçiler için ayrı ayrı yapılmıştır.

Polinatörlere ve tüm ziyaretçilere odaklı takson zenginliği ve ziyaret sıklığı analizleri, Poisson dağılımını baz alan genelleştirilmiş doğrusal model kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Model, takson zenginliği (sayısı) bağımlı değişken, yayılış grubu (dar yayılışlı ve endemik, yaygın ve endemik, yaygın ve endemik olmayan) sabit faktör olarak, ziyaret sıklığı için modelde toplam ziyaretçi zenginliği bağımlı değişken, yayılış grubu ise sabit faktör olacak şekilde kurgulanmıştır. Analizler sonucu elde edilen  $p$  değerlerine ek olarak açıklanan sapma oranları (İng. *explained deviance*) da yayılış gruplarının karşılaştırılmasında gözetilen önemli bir istatistik değeri olarak değerlendirilmiştir. Yayılış grupları arası farklılıkların test edilmesi için *post-hoc* analizler Tukey testi ile gerçekleştirilmiştir. Ayrıca yayılış gruplarının

polinatör ve tüm ziyaretçileri açısından çeşitliliğini değerlendirmek amacıyla, her bir bitki türü için yayılış grubu seviyesinde Shannon çeşitlilik indeksi (H') hesaplanmıştır. Hesaplanan Shannon çeşitlilik değerleri, yayılış grupları arasında karşılaştırılmış ve istatistiksel anlamlılığı test etmek amacıyla genel doğrusal model analizi gerçekleştirilmiştir. Modelde, çeşitlilik değerleri bağımlı değişken olarak, yayılış grubu ise bağımsız değişken olarak alınmıştır. Modelin anlamlılığı tek yönlü varyans analizi (ANOVA) ile test edilmiş, gruplar arası fark ise *post-hoc* testlerle (Tukey testi) değerlendirilmiştir. Aynı analiz akışı, cins çeşitliliği verisi için de tekrarlanmıştır.

Yayılış gruplarının polinatör ve ziyaretçi takson bileşimleri ve ayrıca cins kompozisyonları arasında fark olup olmadığının incelenmesinde, metrik olmayan çok boyutlu ölçekleme (İng. *Non-metric Multidimensional Scaling; NMDS*) yöntemi ve parametrik olmayan çok değişkenli varyans analizi (İng. *Permutational Multivariate Analysis of Variance; permANOVA*) kullanılmıştır.

Bitki türlerinin polinatör ve tüm ziyaretçileri bakımından benzerliklerinin değerlendirilmesi amacıyla, öncelikle her bir bitki türü için gözlemlenen ziyaretçi türlerine dayalı var-yok verisini içeren bir etkileşim matrisi oluşturulmuştur ve ardından Jaccard benzerlik indeksi kullanılarak bu açılardan bitki türleri arasındaki benzerlik düzeyleri hesaplanmıştır. Aynı akış cins benzerliklerinin saptanmasında da kullanılmıştır. Elde edilen benzerlik matrisi kullanılarak, ısı haritası çizilmiştir. Ayrıca, bitki-polinatör ilişkilerinin genel yapısını ve etkileşimdeki iki yönlü baskınlıkları ortaya koymak amacıyla iki modüllü etkileşim ağı (*network* analizi) görselleştirmeleri yapılmıştır. Bu analizde her bir bitki türü ve onunla etkileşimde bulunan ziyaretçi türleri arasındaki bağlantılar gösterilmiş, bu sayede belirli bitkilerle özelleşmiş ya da geneli ziyaretçilerin örüntüleri belirlenmeye çalışılmıştır. Ek olarak ağ yapısı üzerinden bazı ağ metrikleri (örneğin bağlantı yoğunluğu, tür dereceleri) de değerlendirilmiştir.

Çalışmada gerçekleştirilen tüm analizler R ortamında (R Core Team, 2021) gerçekleştirilmiştir. Genelleştirilmiş doğrusal model analizleri “lme4” paketi (Bates vd., 2015), çeşitlilik analizleri için tüm hesaplamalar ve istatistiksel testler “vegan” (Oksanen vd., 2018), “stats” ve “emmeans” (Lenth, 2022) paketleri, NMDS ve permANOVA analizleri “vegan” paketi (Oksanen vd., 2018), benzerlik analizleri “vegan” (Oksanen vd., 2018), “igraph” (Csardi & Nepusz, 2006), “ggraph” (Pedersen, 2024) ve “pheatmap” (Kolde, 2025) paketleri kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

### 3. BULGULAR

#### 3.1. Gözlem Yoluyla Elde Edilen Bulgular

Çalışmada elde edilen örnekler polinatörler ve polinatör olmayan diğer ziyaretçilerden oluşmaktadır. Bu nedenle tez kapsamında elde edilen bulgular “polinatör böcekler” ve polinatör böceklerin de dâhil olduğu “tüm ziyaretçiler” (veya “tüm çiçek ziyaretçileri”) başlıkları için ayrı ayrı açıklanmıştır. Çizilen grafiklerde bitki türleri için cins adının ilk harfi ile tür epitetinin ilk iki harfini içerecek şekilde kısaltmalar kullanılmıştır: PGU (*Polygala guneri*), ARI (*Acantholimon riyatguelii*), VGY (*Verbascum gypsicola*), SYI (*Scutellaria yildirimlii*), SPS (*Scabiosa pseudograminifolia*), HHA (*Hedysarum hasanyildirimii*), SAR (*Scabiosa argentea*), GOR (*Globularia orientalis*), TPO (*Teucrium polium*). Ayrıca, tez çalışması kapsamında polinatörler ve tüm ziyaretçiler açısından her bir bitkiden elde edilmiş olan bolluk verileri, taksonların bitkiler için ziyaret sıklığını temsilen alınmış ve ziyaret sıklığı analizlerinde değerlendirilmiştir. NMDS analizlerinde var-yok verisiyle yapılan analize ek olarak gerçekleştirilen bolluğa odaklı kompozisyon analizlerinde değerlendirilen bolluk verisi, burada işaret edilen ziyaret sıklığı verisi ile aynı verisetini temsil etmektedir.

Arazi çalışması yürütülen marnlı bozkır alanlarında, dört farklı takıma yayılan, tespit edilebilen 17 familya içerisinde, teşhis edilebilen 37 farklı cinsten toplam 68 adet polinatör böcek taksonu tespit edilmiştir. Ayrıca, beş farklı takım içerisinde, teşhis edilebilen 19 familyadan olmak üzere 37 adet polinatör olmayan çiçek ziyaretçisi takson örneklenmiştir. Bu anlamda çalışma kapsamında alandan elde edilen tüm ziyaretçi taksonu sayısı 105'tir. Çalışma alanlarında hedeflenen bitkiler üzerinden ise, 52 polinatör böcek taksonu ve 31 polinatör olmayan çiçek ziyaretçisi taksonu elde edilmiş, çalışma kapsamındaki bitkilerin tüm çiçek ziyaretçileri 83 takson olarak tespit edilmiştir.

Çalışma yürütülen dört farklı marnlı bozkır alanından Marn\_2, görece daha yüksek polinatör ve diğer ziyaretçi zenginliğine sahiptir (Çizelge 3.1). Bitkilerin, gözlemlendikleri çalışma alanından elde edilen polinatör taksonların yüzde kaçını tarafından ziyaret edildiğine bakıldığında, *Teucrium polium* %64 oranıyla en üst sırada yer almaktadır. *T. polium*, iki farklı alanda örneklendiğinden bu oranın tespitinde Marn\_3 alanındaki ilk dönem gözleminden elde edilen toplam polinatör takson zenginliği ve Marn\_2 alanından ikinci dönem gözleminden elde edilen toplam polinatör takson zenginliği toplanarak *T. polium*'un gözlemlendiği alanlar için ayrı bir toplam takson zenginliği değeri elde edilmiştir ve

belirtilen oran bu değer üzerinden hesaplanmıştır<sup>17</sup>. Bitkilerin gözlemlendikleri alanlardaki polinatör böceklerin yüzde kaçından ziyaret aldıkları açısından *T. polium*'un ardından gözlenen sıra şöyledir: *Scabiosa pseudograminifolia* (%41), *Scabiosa argentea* (%37), *Scutellaria yildirimlii* (%29), *Globularia orientalis* (%20), *Verbascum gypsicola* (%20), *Hedysarum hasanyildirimii* (%19), *Acantholimon riyatguelii* (%14), *Polygala guneri* (%3). Tüm ziyaretçilerin çeşitliliği açısından bakıldığında ise bitki türleri, buldukları alanda tespit edilen çeşitliliğin yüzde kaçından ziyaret aldıklarına göre şu şekilde sıralanmaktadır: *T. polium* (%66), *S. argentea* (%43), *S. pseudograminifolia* (%34), *S. yildirimlii* (%31), *V. gypsicola* (%29), *H. hasanyildirimii* (%21), *G. orientalis* (%19), *A. riyatguelii* (%10), *P. guneri* (%4).

**Çizelge 3.1.** Arazi çalışması yürütülen marnlı bozkır alanlarından elde edilen farklı nitelikteki böceklerin takson zenginliği.

Çalışma alanı	Polinatör böcekler	Diğer ziyaretçi	Toplam çiçek ziyaretçisi
Marn 1	32	15	47
Marn 2	35	17	52
Marn 3	17	9	26
Marn 4	5	2	7

### 3.1.1. Takson Analizleri Bulguları

Bitki yayılış grupları için yapılan istatistiksel analizler, polinatör böcek takson zenginliği konusunda yayılış grupları arasında istatistiksel olarak anlamlı fark olduğunu ( $p < 0,001$ ; %61 açıklanan sapma) göstermektedir. Yaygın ve endemik olmayan bitkiler, kendilerini ziyaret eden polinatör böcek türleri açısından diğer yayılış gruplarına göre daha yüksek bir zenginliğe sahiptir (Şekil 3.1a). Bu bulguya *T. polium* (N = 21) ve *S. argentea* (N = 12) bitkileri yüksek bir katkı yapmaktadır. Tüm çiçek ziyaretçileri açısından da, bitki yayılış grupları arasında benzer bir eğilim gözlenmiştir; yayılış grupları arasında çiçekleri ziyaret eden böceklerin takson zenginliği açısından da istatistiksel olarak anlamlı bir fark tespit edilmiştir ( $p < 0,001$ ; %72 açıklanan sapma). Benzer şekilde, yaygın ve endemik olmayan bitkiler, diğer iki bitki yayılış grubundan daha yüksek toplam çiçek ziyaretçisi sayısına (takson zenginliğine) sahiptir (Şekil 3.1b). *Post-hoc* analizler, polinatörlerin takson zenginliği konusunda dar yayılışlı ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik olan bitkiler

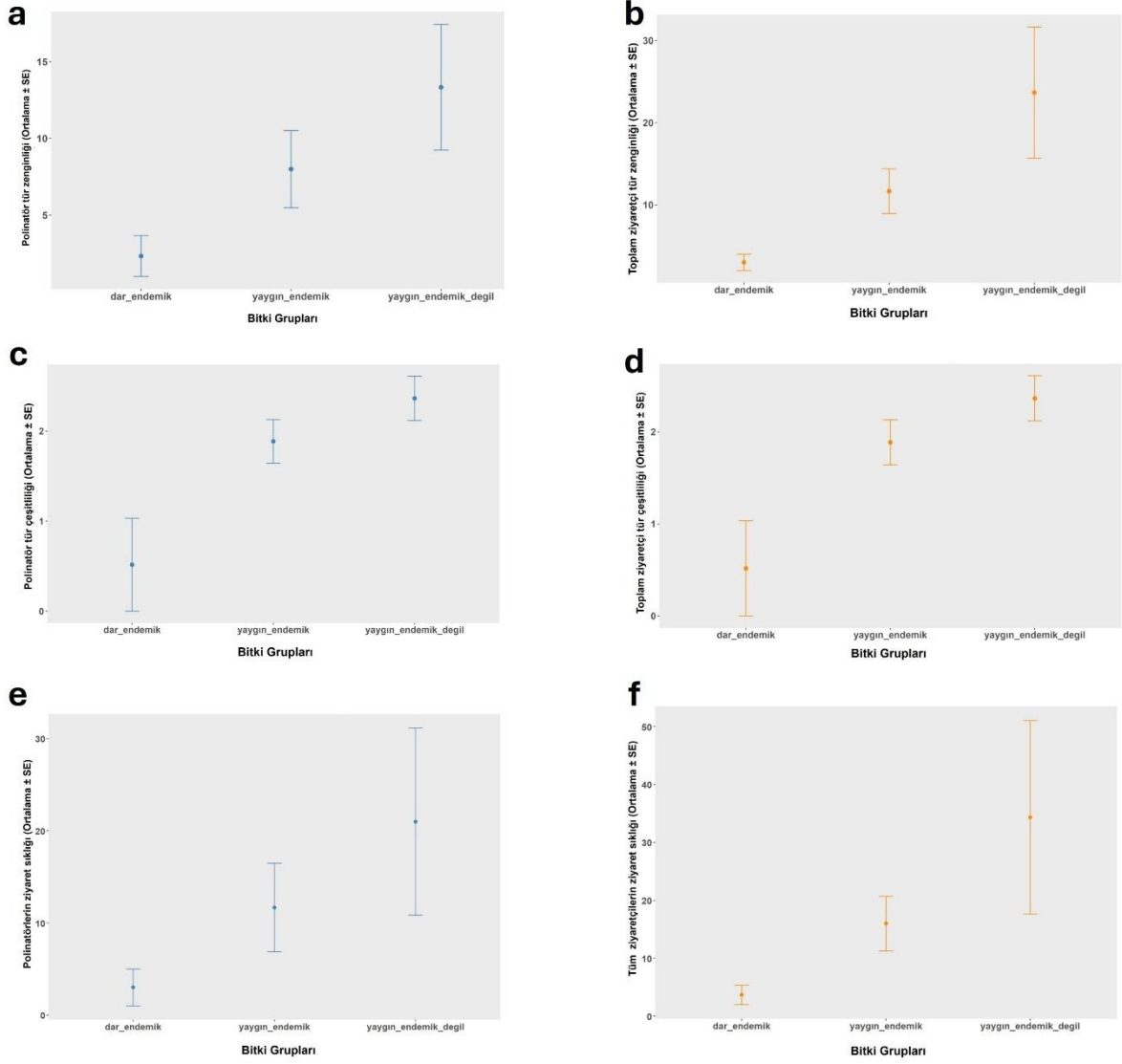
<sup>17</sup> *T. polium* için tüm ziyaretçiler açısından da bitkinin gözlemlendiği alanlar için benzer bir hesap yapılmış ve oranlama için bu değer kullanılmıştır. Bu kapsamda, söz konusu bitkinin gözlemlendiği alanların polinatör zenginliği 33, tüm ziyaretçi zenginliği ise 57 olarak tespit edilmiştir.

arasında ( $p = 0,0115$ ) ve dar yayılışlı ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik olmayan bitkiler arasında ( $p = 0,0001$ ) fark olduğunu göstermektedir. Buna ek olarak tüm ziyaretçiler verisine odaklanıldığında fark, tüm yayılış grupları arasında gözlenmektedir (dar yayılışlı, endemik – yaygın, endemik [ $p = 0,0008$ ]; dar yayılışlı, endemik – yaygın, endemik değil [ $p < 0,0001$ ]; yaygın, endemik – yaygın, endemik değil [ $p = 0,0018$ ]). Çalışmada yer alan ayrı bitki türlerine odaklanıldığında, en yüksek polinatör zenginliği *T. polium*'da ( $N = 21$ ), en düşük zenginlik ise dar yayılışlı ve endemik bitkiler olan *V. gypsicola* ve *P. guneri*'de ( $N = 1$ ) gözlenmiştir (Çizelge 3.2). Tüm ziyaretçiler açısından da bulgular aynı şekilde elde edilmiştir; *T. polium* ( $N = 38$ ), *V. gypsicola* ve *P. guneri* ( $N = 2$ ) (Çizelge 3.3).

Bitkilerin çiçeklerini ziyaret eden polinatör böceklerin takson çeşitliliği (Shannon indeksi) açısından bitki grupları arasında istatistiksel olarak anlamlı fark bulunmaktadır ( $F = 7,14$ ;  $p = 0,026$ ). *Post-hoc* analizler, polinatör böcek takson çeşitliliği açısından fark oluşturan etkinin dar yayılışlı ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik olmayan bitkiler arasındaki farktan ( $p = 0,025$ ) kaynaklandığını göstermektedir; diğer bitki yayılış grubu eşleşmeleri arasında ise fark yoktur (Şekil 3.1c). Bitki grupları arasında toplam ziyaretçi takson çeşitliliği açısından da fark saptanmıştır ( $F = 12,82$ ;  $p = 0,007$ ; Şekil 3.1d). *Post-hoc* analizler, toplam çiçek ziyaretçileri verisi hesaba katıldığında arasında fark olan bitki gruplarının arttığını göstermiştir. Bu açıdan dar yayılışlı ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik bitkiler arasında ( $p = 0,033$ ) ve dar yayılışlı ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik olmayan bitkiler arasında ( $p = 0,0062$ ) istatistiksel olarak anlamlı fark bulunmuştur. Hem polinatörler hem de tüm ziyaretçiler açısından en yüksek değerler yaygın ve endemik olmayan yayılış grubunda gözlenmiştir (Şekil 3.1b-c). Bitki türlerinde ise yaygın ve endemik olmayan bitkilerden *T. polium* en yüksek Shannon indeks değerlerine (polinatörler için  $H' = 2,7$ ; tüm ziyaretçi için  $H' = 33,9$ ) sahipken, en düşük Shannon değerleri dar yayılışlı endemiklerden *V. gypsicola* ve *P. guneri*'de (polinatörler için  $H' = 0$ ; polinatörler için  $H' = 0,7$ ) elde edilmiştir (Çizelge 3.2; Çizelge 3.3).

Ziyaret sıklığı açısından da bitki gruplarının polinatör böcekleri ( $p < 0,001$ ; %49 açıklanan sapma) ve tüm ziyaretçileri ( $p < 0,001$ ; %59 açıklanan sapma) açısından istatistiksel olarak anlamlı fark tespit edilmiştir. *Post-hoc* analizler, tüm bitki yayılış grupları arasında fark olduğunu ortaya koymaktadır, en yüksek ziyaret sıklığına sahip yayılış grubu yaygın ve endemik olmayan bitkilerdir (Şekil 3.1e-f). Bu sonuca en büyük katkıyı *T. polium* (polinatörler için  $N = 41$ ; tüm ziyaretçiler için  $N = 67$ ; Çizelge 3.2; Çizelge 3.3) yapmaktadır.

Her bir polinatör ve diđer ziyaretçi için, taksonların bitkilerin kaç tanesinde bulunduđu görelî sıklık (%) olarak gösterilmiştir (Çizelge 3.2; Çizelge 3.3). Buna göre, polinatörlerin %73'ü sadece bir bitkiyi, %23'ü iki bitkiyi, %2'si dört bitkiyi, %2'si ise beş bitkiyi ziyaret etmiştir. Bitkilerin tamamını ziyaret eden polinatör böcek taksonu bulunmamaktadır. Hymenoptera içerisindeki polinatörlerin %74'ünü oluşturan 23 takson sadece bir bitki türünü ziyaret etmiş, ardından en yüksek tekil ziyaret Diptera içerisinde gelmiştir, Diptera içerisindeki polinatör böcek taksonlarının 10 tanesi (%71) yalnızca bir bitki türünün çiçeklerinde gözlenmiştir. Fakat bu anlamdaki en yüksek yüzde Coleoptera'ya aittir, bu takım içerisindeki polinatör taksonların %75'i (3 tane) yalnızca tek bir bitkiyi ziyaret etmiştir. En çok sayıda bitki türü için ziyaret kaydı bulunan takson, çalışma kapsamındaki dokuz bitki türünün beş tanesini ziyaret etmiş olan *Villa* sp.'dir (Diptera: Bombyliidae).



**Şekil 3.1.** Bitki gruplarını ziyaret eden polinatör böceklerin takson zenginliği (a), takson çeşitliliği (c) ve ziyaret sıklığı (e) ortalamaları ile tüm ziyaretçilerin takson zenginliği (b), takson çeşitliliği (d) ve ziyaret sıklığı (f) ortalamaları. Tüm grafiklerdeki karşılaştırmalarda, yaygın ve endemik olmayan bitki türleri dar yayılışlı endemik bitkilerden yüksek değerlere sahiptir ( $p < 0,05$ ).

**Çizelge 3.2.** Bitkileri ziyaret eden polinatör böceklerin tür, cins, familya, takım bilgilerini, bitkiler için toplam ziyaret sayılarını ve bazı istatistik değerlerini içeren Çizelge (Cins ve familya zenginliğine morfofütür düzeyinde teşhis edilen taksonlar dâhil edilmemiştir).

Takım/Familya	Cins	Takson	Nadir, endemik			Yaygın, endemik			Yaygın, endemik değil			Sıklık (%)
			PGU	ARI	VGY	SYI	SPS	HHA	SAR	GOR	TPO	
<b>Coleoptera</b>												
Cleridae	<i>Trichodes</i>	<i>Trichodes apiarius</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
Glaphyridae	<i>Eulasia</i>	<i>Eulasia</i> sp. 1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	11,1
Meloidae	<i>Mylabris</i>	<i>Mylabris</i> sp.	0	0	0	1	0	0	0	1	0	22,2
Scarabaeidae	<i>Oxythyrea</i>	<i>Oxythyrea cinctella</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	11,1
<b>Diptera</b>												
Bombyliidae	<i>Anthrax</i>	<i>Anthrax</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Bombyliidae	-	Bombyliidae_1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
Bombyliidae	-	Bombyliidae_2	0	1	0	0	0	0	1	0	0	22,2
Bombyliidae	-	Bombyliidae_3	0	1	0	0	1	0	0	0	0	22,2
Bombyliidae	-	Bombyliidae_4	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Bombyliidae	-	Bombyliidae_5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	11,1
Bombyliidae	-	Bombyliidae_7	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Bombyliidae	<i>Phthiria</i>	<i>Phthiria</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Bombyliidae	<i>Thyridanthrax</i>	<i>Thyridanthrax</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Bombyliidae	<i>Villa</i>	<i>Villa</i> sp. 1	0	0	1	1	1	0	1	0	1	55,5
Syrphidae	<i>Sphaerophoria</i>	<i>Sphaerophoria</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Syrphidae	<i>Sphaerophoria</i>	<i>Sphaerophoria</i> sp. 2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Tachinidae	<i>Siphona</i>	<i>Siphona</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	22,2
Tachinidae	<i>Winthemia</i>	<i>Winthemia</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1

Takım/Familya	Cins	Takson	Nadir, endemik			Yaygın, endemik			Yaygın, endemik değil			Sıklık (%)
			PGU	ARI	VGY	SYI	SPS	HHA	SAR	GOR	TPO	
<b>Hymenoptera</b>												
Andrenidae	<i>Andrena</i>	<i>Andrena</i> sp. 5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Andrenidae	<i>Andrena</i>	<i>Andrena</i> sp. 7	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Andrenidae	<i>Andrena</i>	<i>Andrena</i> sp. 8	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Andrenidae	<i>Andrena</i>	<i>Andrena</i> sp. 9	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Andrenidae	<i>Andrena</i>	<i>Andrena</i> sp. 10	0	0	0	0	0	0	1	0	1	22,2
Apidae	<i>Anthophora</i>	<i>Anthophora</i> sp. 4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,1
Apidae	<i>Anthophora</i>	<i>Anthophora</i> sp. 6	0	0	0	1	0	0	0	0	0	11,1
Apidae	<i>Anthophora</i>	<i>Anthophora</i> sp. 7	0	0	0	1	0	0	0	0	0	11,1
Apidae	<i>Anthophora</i>	<i>Anthophora</i> sp. 9	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Apidae	<i>Anthophora</i>	<i>Anthophora</i> sp. 10	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,1
Apidae	<i>Apis</i>	<i>Apis mellifera</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Apidae	<i>Ceratina</i>	<i>Ceratina</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
Apidae	<i>Habropoda</i>	<i>Habropoda</i> sp. 1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,1
Apidae	<i>Habropoda</i>	<i>Habropoda</i> sp. 2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,1
Colletidae	<i>Hylaeus</i>	<i>Hylaeus</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Colletidae	<i>Hylaeus</i>	<i>Hylaeus</i> sp. 2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	11,1
Halictidae	<i>Halictus</i>	<i>Halictus compressus</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	11,1
Halictidae	<i>Halictus</i>	<i>Halictus patellatus</i>	0	0	0	0	0	0	1	1	0	22,2
Halictidae	<i>Lasioglossum</i>	<i>Lasioglossum malachurum</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	11,1
Halictidae	<i>Lasioglossum</i>	<i>Lasioglossum minutissimum</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	11,1
Halictidae	<i>Lasioglossum</i>	<i>Lasioglossum morio</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	1	22,2
Halictidae	<i>Lasioglossum</i>	<i>Lasioglossum politum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Halictidae	<i>Lasioglossum</i>	<i>Lasioglossum</i> sp. 2	0	1	0	0	0	0	0	0	0	11,1
Halictidae	<i>Lasioglossum</i>	<i>Lasioglossum tricinctus</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	11,1

Takım/Familya	Cins	Takson	Nadir, endemik			Yaygın, endemik			Yaygın, endemik değil			Sıklık (%)
			PGU	ARI	VGY	SYI	SPS	HHA	SAR	GOR	TPO	
Halictidae	<i>Nomioides</i>	<i>Nomioides minutissimus</i>	1	0	0	0	0	1	0	1	1	44,4
Halictidae	<i>Systropha</i>	<i>Systropha planidens</i>	0	0	0	0	1	0	0	1	0	22,2
Megachilidae	<i>Megachile</i>	<i>Megachile</i> sp. 4	0	0	0	0	1	0	1	0	0	22,2
Megachilidae	<i>Megachile</i>	<i>Megachile</i> sp. 6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
Megachilidae	<i>Osmia</i>	<i>Osmia</i> sp. 4	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,1
Melittidae	<i>Dasypoda</i>	<i>Dasypoda</i> sp. 1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	22,2
Melittidae	<i>Dasypoda</i>	<i>Dasypoda</i> sp. 2	0	0	0	0	1	0	1	0	0	22,2
<b>Lepidoptera</b>												
Nymphalidae	<i>Chazara</i>	<i>Chazara briseis</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	11,1
Nymphalidae	<i>Pseudochazara</i>	<i>Pseudochazara anthelea</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	11,1
Hesperiidae	<i>Pyrgus</i>	<i>Pyrgus</i> sp.	0	1	0	0	0	0	1	0	0	22,2
<b>Takson Zenginliği</b>			1	5	1	5	13	6	12	7	21	
<b>Cins Zenginliği</b>			1	2	1	3	11	4	8	6	13	
<b>Familya Zenginliği</b>			1	3	1	3	8	3	8	3	7	
<b>Takson Çeşitliliği (H')</b>			0	1,5	0	1,6	2,4	1,7	2,4	1,9	2,7	
<b>Cins Çeşitliliği (H')</b>			0	0,7	0	1,0	2,01	1,2	2,0	1,8	2,2	
<b>Familya Çeşitliliği (H')</b>			0	1,1	0	1	1,8	0,7	1,9	0,7	1,7	
<b>Toplam Ziyaret Sayısı</b>			1	7	1	5	21	9	14	8	41	
<b>Ziyaret Sayısı / Takson Zenginliği</b>			1	1,4	1	1	1,6	1,5	1,2	1,1	1,9	

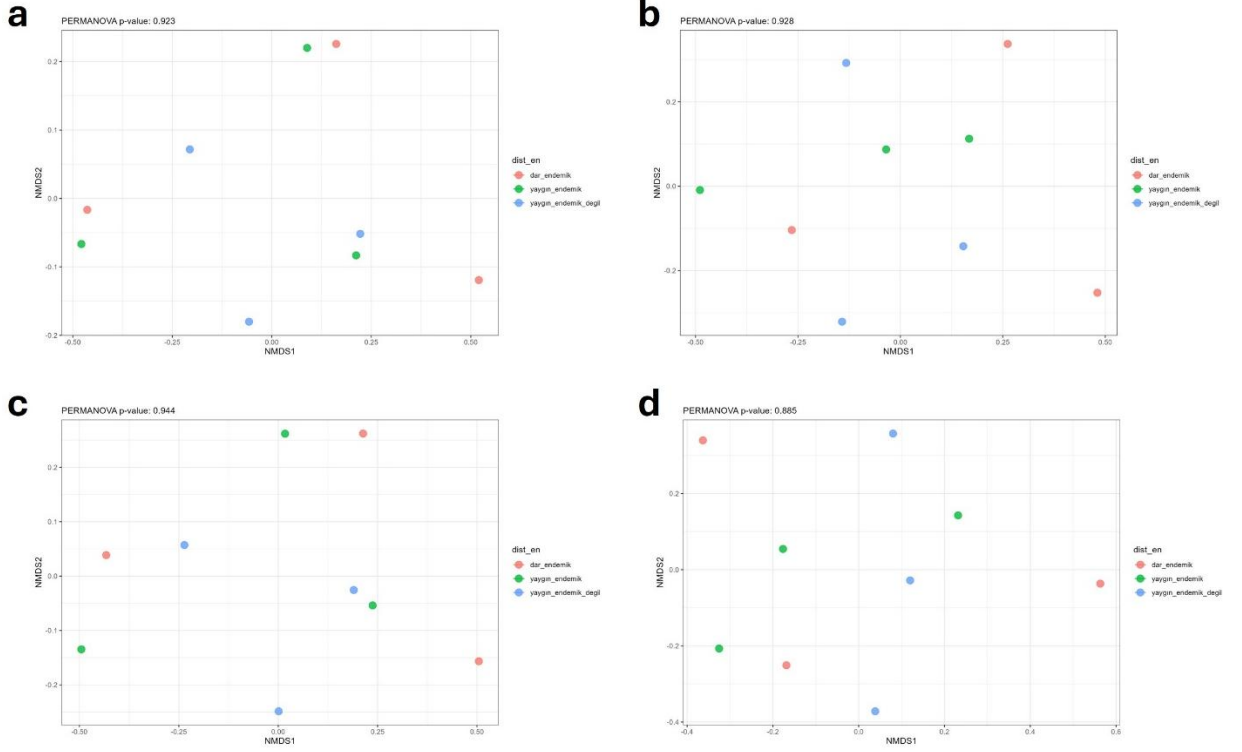
**Çizelge 3.3.** Bitkileri ziyaret eden polinatör harici ziyaretçilerin tür, cins, familya, takım bilgilerini ve diğer ziyaretçiler (polinatör dâhil değil) için bazı istatistik değerlerini ve ayrıca polinatörler dâhil tüm ziyaretçiler için toplam ziyaret sayısını ve bazı istatistik değerlerini içeren Çizelge.

Takım/Familya	Takson	Nadir, endemik			Yaygın, endemik			Yaygın, endemik değil			Sıklık (%)
		PGU	ARI	VGY	SYI	SPS	HHA	SAR	GOR	TPO	
<b>Coleoptera</b>											
Coccinellidae	Coccinellidae_1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
<b>Diptera</b>											
Asilidae	<i>Asilus</i> sp. 2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Asilidae	<i>Asilus</i> sp. 3	0	0	0	0	1	0	0	0	0	11,1
Asilidae	Asilidae_2	0	0	0	0	0	0	1	1	0	22,2
Asilidae	Asilidae_3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
Muscidae	Muscidae_1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
<b>Hemiptera</b>											
-	Hemiptera_2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
-	Hemiptera_3	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
<b>Hymenoptera</b>											
Apidae	<i>Thyreus</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
Bembycidae	<i>Bembyx</i> sp. 1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	11,1
Crabronidae	Crabronidae_1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Crabronidae	Crabronidae_2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,
Crabronidae	Crabronidae_4	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Crabronidae	<i>Philanthus</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Formicidae	Formicidae_1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	66,6
Formicidae	Formicidae_2	0	0	1	1	0	0	0	0	1	33,3
Halictidae	<i>Sphecodes</i> sp. 2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,1
Halictidae	<i>Sphecodes</i> sp. 3	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1

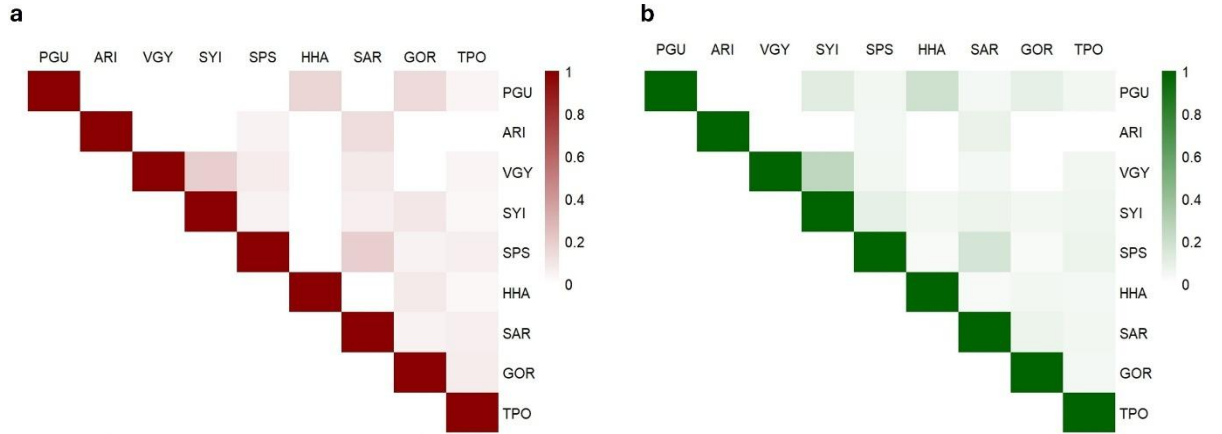
Takım/Familya	Takson	Nadir, endemik			Yaygın, endemik			Yaygın, endemik değil			Sıklık (%)
		PGU	ARI	VGY	SYI	SPS	HHA	SAR	GOR	TPO	
Philanthidae	<i>Cerceris</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Philanthidae	<i>Cerceris</i> sp. 2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Philanthidae	<i>Cerceris</i> sp. 3	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Scoliidae	Scoliidae_1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Scoliidae	Scoliidae_2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Scoliidae	Scoliidae_3	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Sphecidae	<i>Prionyx</i> sp. 1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Sphecidae	Sphecidae_3	0	0	0	0	0	1	0	0	0	11,1
Tiphiidae	<i>Meria</i> sp. 2	0	0	0	0	0	0	0	0	1	11,1
Tiphiidae	<i>Meria</i> sp. 3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	11,1
Vespidae	Vespidae_1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	11,1
Vespidae	Vespidae_2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	11,1
<b>Neuroptera</b>											
Chrysopidae	Chrysopidae 1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	11,1
	Diğer Ziyaretçi Zenginliği	1	0	1	3	3	4	8	3	17	
	Diğer Ziyaretçi Toplam Ziyaret Sayısı	1	0	1	4	4	5	10	4	26	
	Ziyaret Sayısı / Diğer Ziyaretçi Zenginliği	1	-	1	1,3	1,3	1,2	1,2	1,3	1,5	
	<b>Tüm Ziyaretçi Zenginliği</b>	2	5	2	8	16	10	20	10	38	
	<b>Tüm Ziyaretçi Cins Zenginliği</b>	1	2	1	4	13	5	10	6	19	
	<b>Tüm Ziyaretçi Familya Zenginliği</b>	2	3	2	5	11	7	15	6	15	
	<b>Tüm Ziyaretçi Çeşitliliği (H')</b>	0,7	1,6	0,7	2,0	2,6	2,2	2,95	2,3	3,4	
	<b>Tüm Ziyaretçi Cins Çeşitliliği (H')</b>	0	0,7	0	1,3	2,3	1,4	2,2	1,7	2,6	
	<b>Tüm Ziyaretçi Familya Çeşitliliği (H')</b>	0	1,8	0,7	1,5	2,1	1,6	2,6	1,5	2,4	
	<b>Tüm Ziyaretçi Ziyaret Sayısı</b>	2	7	2	9	25	14	24	12	67	
	<b>Tüm Ziyaretçi Ziyaret Sayısı / Tüm Ziyaretçi Zenginliği</b>	1	1,4	1	1,1	1,6	1,4	1,2	1,2	1,8	

Bitki yayılış gruplarını ziyaret eden polinatör böceklerin var-yok verisi ve bolluk verisi ile ayrı ayrı yapılan tür kompozisyonu analizleri, bu açıdan bitki grupları arasında fark olmadığını göstermiştir (Şekil 3.2). Aynı şekilde tüm ziyaretçilerin var-yok verisi ve bolluk verisi ile de bitki grupları arasında fark tespit edilememiştir.

Jaccard analizi, bitkilerin polinatörleri ve tüm ziyaretçileri için bitki gruplarının kendi içlerinde görece düşük takson örtüşme oranları olduğunu göstermiştir (Şekil 3.3, EK 4). Bitkiler arası takson örtüşme oranları ve örtüşen takson sayıları polinatörler için *T. polium* %4-8 arasında değişen yedi tane, *S. argentea* %6-19 arasında altı tane, *S. pseudograminifolia* %5-19 arasında değişen altı tane, *G. orientalis* %5-14 arasında altı tane, *S. yildirimlii* %4-20 arasında değişen beş tane, *V. gypsicola* %5-20 arasında değişen dört tane, *H. hasanyildirimii* %6-19 arasında üç tane, *P. guneri* %5-17 aralığında üç tane ve *A. riyatguelii* %6-13 aralığında iki tane örtüşmeye sahiptir. Ziyaretçiler için ise takson örtüşme oranları ve örtüşen takson sayısı konusunda şu sıra gözlenmektedir: *S. pseudograminifolia* (%4-16; 8 tane), *S. argentea* (%3-16, 8 tane), *S. yildirimlii* (%6-25, 7 tane), *T. polium* (%4-8, 7 tane), *P. guneri* (%5-20, 6 tane), *H. hasanyildirimii* (%3-20, 6 tane), *G. orientalis* (%4-9, 6 tane), *V. gypsicola* (%5-25, 4 tane) ve *A. riyatguelii* (%5-9, 2 tane). Maksimum örtüşme oranı yaygın ve endemik *Scutellaria yildirimlii* ile dar yayılışlı ve endemik *Verbascum gypsicola* bitkileri arasında gözlenmiştir (polinatörler için: %20; tüm ziyaretçiler için: %25). Hem polinatörler hem de tüm ziyaretçiler için örtüşen takson sayısı daha çok, yaygın ve endemik olmayan yayılış grubundadır; ayrıca, benzerlik oranları arasında ters orantı gözlenmektedir, bitki yayılış azaldıkça benzerlik oranları artmaktadır. Örtüşen takson sayısında ise doğru orantı gözlenmektedir, bitki yayılış azaldıkça örtüşen takson sayısı da azalmaktadır.



**Şekil 3.2.** Bitki gruplarını ziyaret eden polinator böceklerin (a ve c) ve toplam ziyaretçilerin (b ve d) tür kompozisyonu; a ve b grafikleri var-yok verisi ile, c ve d grafikleri bolluk verisi ile çizilmiştir. Grafiklerin hiçbiri için analizde yayılış gruplarının tür kompozisyonları arasında fark tespit edilememiştir ( $p > 0,05$ ).



**Şekil 3.3.** Çalışma kapsamındaki bitkileri ziyaret eden polinator böceklerin (a) ve tüm ziyaretçilerin (b) bitkiler arasındaki örtüşme oranları. Grafiklerin çizimi için kullanılan Jaccard analizi sonuçları EK-4'te yer almaktadır.

### 3.1.2. Polinatör Etkileşim Ağı Analizi Bulguları

Etkileşim ağı (İng. *network*) analizleri, karmaşık yapıdaki ekolojik ağların kavranmasını sağlayan kompleks analizlerdir. Ağın kompleks yapısının anlaşılması için öne çıkan bazı metrikler vardır. Bu metriklerden bağlantılılık (İng. *connectance*), ağ içerisindeki etkileşimlerin, mümkün olan tüm etkileşimlere oranını ifade eder ve 0-1 aralığında değer alır. Çalışma kapsamındaki etkileşim ağı analizinde bağlantılılık değeri %15 olarak tespit edilmiştir. Ağ asimetrisi (İng. *web asymmetry*), ağdaki iki farklı nitelikteki takson grubu (bitkiler ve böcekler gibi) arasında herhangi bir sayısal dengesizlik olup olmadığının ölçütüdür ve sonuç değeri +1 ile -1 arasında değişir. Çalışma kapsamında elde edilen ağ asimetrisi değeri 0,7'dir ve bu değer böcek taksonlarının bitkilere göre daha belirgin olarak daha yüksek sayıda olduğunu ve etkileşim ağında asimetric bir yapının olduğunu göstermektedir. Yuvalanma ağ metriği (İng. *nestedness*), mutualistik ağların yapısal düzenini ortaya koyan önemli bir metriktir, etkileşim düzeninin ne derece iç içe geçtiğini göstermektedir. Metriğin olası sonucu 0 ile 100 arasında değişmektedir ve çalışma kapsamında yuvalanma metrik değeri 19,77 olarak tespit edilmiştir. Değer, etkileşim ağında düşük-orta düzeyde yuvalanma olduğu anlamına gelmektedir, bu sonuç ağ içerisinde belirgin bir özelleşmenin gözlenmediğine ifade etmektedir.

Bağlantı yoğunluğu metriği (İng. *linkage density*), tür başına düşen ortalama bağlantı sayısını ifade eder, çalışma kapsamında bağlantı yoğunluğu 6,41 olarak tespit edilmiştir, bu durum bitki türlerinin ortalama 6 farklı taksonla etkileşimde olduğunu göstermektedir. Shannon çeşitliliği metriği (İng. *Shannon diversity*), ağdaki etkileşim çeşitliliğini ölçmektedir. Bu kapsamda ağın genel çeşitliliği için Shannon çeşitlilik değeri 4,06 olarak hesaplanmıştır. Etkileşim eşitliği metriği (İng. *interaction evenness*), etkileşimlerin türler arasında ne oranda dengeli dağıldığının ölçütüdür ve 0-1 aralığında değer almaktadır. Çalışma kapsamındaki etkileşim eşitliği değeri, 0,66 olarak elde edilmiştir. Ağ özelleşmesi metriği ( $H_2'$ ), etkileşim ağı içerisindeki özelleşme derecesini genel olarak gösteren bir metriktir, 0 (tamamen genelci) – 1 (tamamen özelleşmiş) arasında değer alır. Çalışma kapsamında elde edilen ağ özelleşmesi metrik değeri 0,57'dir. Böceklerin Genelci Olma Derecesi (İng. *generality.HL*), ziyaretçi türlerin ortalama olarak kaç bitki türüyle etkileşim kurduklarını ifade eden bir ölçüttür. Çalışma kapsamında bu metriğin değeri 1,74 olarak hesaplanmıştır. Bitkilerin Ziyaretçi Çeşitliliği metriği ise (İng. *vulnerability.LL*), bitkilerin ortalama kaç farklı böcek türü tarafından ziyaret edildiğini açıklamaktadır ve çalışmadaki etkileşim ağı için bu değer 11,08 olarak hesaplanmıştır.

**Çizelge 3.4.** Bitki-polinatör böcek etkileşimleri için yapılan ağ analizlerinde öne çıkan metrikler ve çalışma kapsamındaki değerleri.

<b>Etkileşim metriği</b>	<b>Değer</b>
Bağlantılılık	0,15
Ağ asimetrisi	0,70
Yuvalanma	19,77
Bağlantı yoğunluğu	6,41
Shannon çeşitliliği	4,06
Etkileşim eşitliği	0,66
Ağ özelleşmesi	0,57
Böceklerin genelci olma derecesi	1,74
Bitkilerin ziyaretçi çeşitliliği	11,08

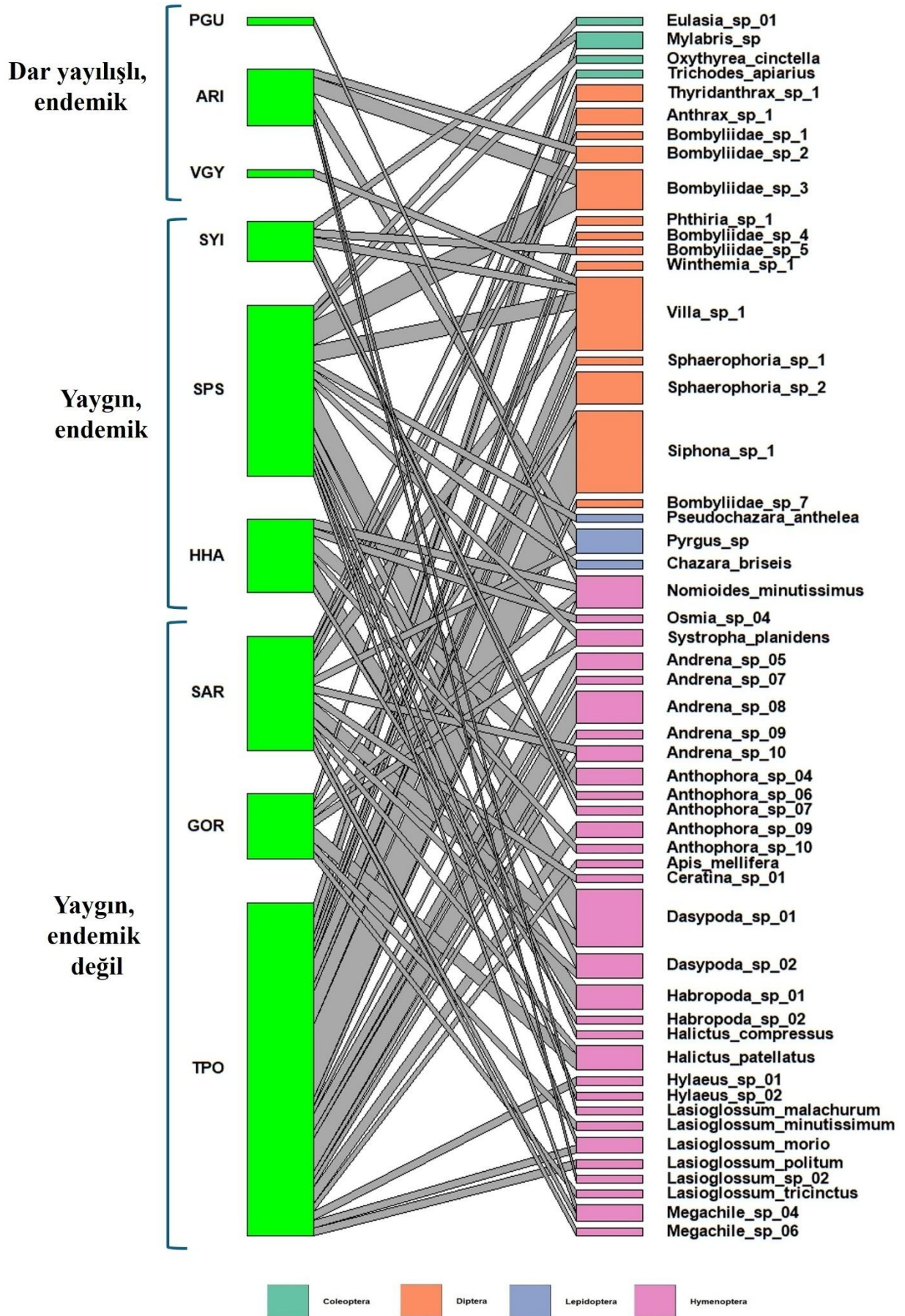
Etkileşim ağının genel metrikleri haricinde etkileşim ortakları için ayrı ayrı göstergeler sunan takson düzeyinde metrikler de bulunmaktadır. Bunlar taksonların kaç türle etkileşime girdiğini gösteren bağlantı sayısı (İng. *degree*), etkileşimlerde ne kadar güçlü bağ kurulduğunu açıklayan takson gücü (İng. *species strength*), etkileşimlerde özelleşme derecesinin göstergesi olan özelleşme indeksi (*d*), etkileşim kurulan taksonların çeşitliliğinin ölçütü olan etkileşim ortağı çeşitliliği (Shannon çeşitlilik; İng. *partner diversity*) ve çeşitlilik ile etkileşim gücüne dayalı olarak hesaplanan etkili etkileşim ortağı sayısı indeksidir (İng. *effective partners*).

Çalışma kapsamında bitkiler ve böcekler için elde edilen takson düzeyi metrikleri EK-6'da verilmiştir. Bitkiler için en yüksek bağlantı sayısı *Teucrium polium*'da ( $N = 21$ ), en düşük bağlantı sayısı *Polygala guneri* ve *Verbascum gypsicola* ( $N = 1$ ) türlerinde gözlenmektedir. Takson gücü konusunda *Teucrium polium* en yüksek değere (18,48) sahiptir. *Scabiosa pseudograminifolia* (9,70) ve *Scabiosa argentea* (7,00) da bu açıdan yüksek değerlere sahiptir. Buna karşın *Verbascum gypsicola* (0,11), bu açıdan en düşük değere sahiptir. Özelleşme indeksi değerleri 0 (tamamen genelci) ile 1 (tamamen özelleşmiş) arasında değişmektedir (Blüthgen vd., 2006). *Verbascum gypsicola* (0,05) en düşük ve genel olarak da oldukça düşük bir *d* değerine sahiptir. *Hedysarum hasanyildirimii* (0,90) ve *Teucrium polium* (0,74) gibi türlerin *d* değeri ise çalışma kapsamındaki en yüksek değerlerdir. Etkileşim ortağı çeşitliliği ise *Teucrium*

*polium*, *Scabiosa argentea*, *Scabiosa pseudograminifolia* gibi türlerde yüksek değerler almıştır (> 2,3), *Polygala guneri* ve *Verbascum gypsicola*'nın değeri ise 0 olarak tespit edilmiştir. Etkili etkileşim ortağı sayısı için *Teucrium polium* (15,56) ve *Scabiosa argentea* (11,48) yüksek değerler almıştır. *Polygala guneri*, *Verbascum gypsicola* ise sadece 1 etkili ortağa sahiptir.

Polinatör böceklerin takson düzeyi metriklerine odaklanıldığında bitkilerde olduğu gibi böceklerde de bazı taksonların öne çıktığı görülür. Bağlantı sayısı açısından en yüksek değere *Villa* sp. 1 (Diptera: Bombyliidae) (N = 5) ve ardından *Nomioides minutissimus* (Hymenoptera: Halictidae) (N = 4) sahiptir, en düşük değerler ise 38 farklı taksonda gözlenmektedir (N = 1): *Andrena* sp. 5, *Andrena* sp. 7, *Andrena* sp. 8, *Andrena* sp. 9, *Anthophora* sp. 4, *Anthophora* sp. 6, *Anthophora* sp. 7, *Anthophora* sp. 9, *Anthophora* sp. 10, *Anthrax* sp. 1, *Apis mellifera*, *Bombyliidae* 1, *Bombyliidae* 4, *Bombyliidae* 5, *Bombyliidae* 7, *Ceratina* sp. 1, *Chazara briseis*, *Eulasia* sp. 1, *Habropoda* sp. 1, *Habropoda* sp. 2, *Halictus compressus*, *Hylaeus* sp. 1, *Hylaeus* sp. 2, *Lasioglossum malachurum*, *Lasioglossum minutissimum*, *Lasioglossum politum*, *Lasioglossum* sp. 2, *Lasioglossum tricinctus*, *Megachile* sp. 6, *Osmia* sp. 4, *Oxythyrea cinctella*, *Phthiria* sp. 1, *Pseudochazara anthelea*, *Sphaerophoria* sp. 1, *Sphaerophoria* sp. 2, *Thyridanthrax* sp. 1, *Trichodes apiarius*, *Winthemia* sp. 1. Ek olarak belirtmek gerekir ki, bu taksonlardan 16 tanesi yalnızca *T. polium* bitkisini ziyaret eden taksonlardandır.

Takson gücü konusunda öne çıkan taksonlar da yine *Villa* sp. 1 (1,51) ve *Nomioides minutissimus* (1,26) taksonlarıdır. *Andrena* sp. 7, *Andrena* sp. 9, *Apis mellifera*, *Bombyliidae* 4, *Bombyliidae* 7, *Hylaeus* sp. 1, *Lasioglossum politum*, *Phthiria* sp. 1, *Sphaerophoria* sp. 1, *Winthemia* sp. 1 taksonları en düşük takson gücü değerine sahiptir (0, 024). En yüksek özelleşme indeksi değerleri, *Habropoda* sp. 1'de (0,65) ve ardından *Anthophora* sp. 6, *Anthophora* sp. 7, *Bombyliidae* sp. 5 (0,57) taksonlarında gözlenmektedir. *Andrena* sp. 7, *Andrena* sp. 9, *Apis mellifera*, *Bombyliidae* 4, *Bombyliidae* 7, *Hylaeus* sp. 1, *Lasioglossum mori*, *Lasioglossum politum*, *Phthiria* sp. 1, *Sphaerophoria* sp. 1, *Winthemia* sp. 1 (0) taksonları ise en düşük özelleşme indeksi değerine sahiptir. *Villa* sp. 1 (1,5) ve *Nomioides minutissimus* (1,4) en yüksek etkileşim ortağı çeşitliliğine sahiptir, buna karşın en düşük bağlantı sayısına sahip olan ve yukarıda ifade edilen 38 takson tek bir ziyarete sahip olduğundan etkileşim ortağı çeşitliliği açısından en düşük Shannon değerine (0) sahiptir. Etkili etkileşim ortağı sayısı açısından *Villa* sp. 1 (4,0) ve *Nomioides minutissimus* (4,6) öne çıkmaktadır. Bu açıdan en düşük değerler ise yine yukarıda ifade edilen 38 taksonda gözlenmiştir.



Şekil 3.4. Bitki türleri ve bitkileri ziyaret eden polinatör böcekler arasındaki etkileşim ağı.

### 3.1.3. Yüksek Takson Analizleri Bulguları

Çalışma kapsamında örneklenen polinatör ve tüm ziyaretçi böceklerin cinslerine ve familyalarına odaklı ayrı analizler gerçekleştirilmiştir. Bu kapsamda kullanılan veri seti, cins düzeyinde tespit edilebilmiş veriler kullanılarak oluşturulmuştur, daha yüksek taksonlarda teşhis edilebilmiş örnekler cins analizleri için veri setinin dışında bırakılmıştır. Familya analizlerinde iki ziyaretçi takson (Hemiptera 1 ve 2) dışında tüm örneklerin familya verileri bulunduğundan, söz konusu ziyaretçi takson çıkarılmış ve veriseti familyalara odaklı olacak şekilde düzenlenmiştir.

Polinatörler için en yüksek takson zenginliği *Lasioglossum* (6 takson, Hymenoptera: Halictidae) ve ardından *Andrena* (5 takson, Hymenoptera: Andrenidae) ile *Anthophora* (5 takson, Hymenoptera: Apidae) cinslerinde gözlenmiştir. Polinatör harici ziyaretçiler içerisinde en yüksek takson zenginliği ise *Cerceris* (3 takson, Hymenoptera: Philanthidae) ve ardından *Asilus* (2 takson, Diptera: Asilidae), *Sphecodes* (2 takson, Hymenoptera: Halictidae) ile *Meria* (2 takson, Hymenoptera: Tiphidae) cinslerinde gözlenmektedir.

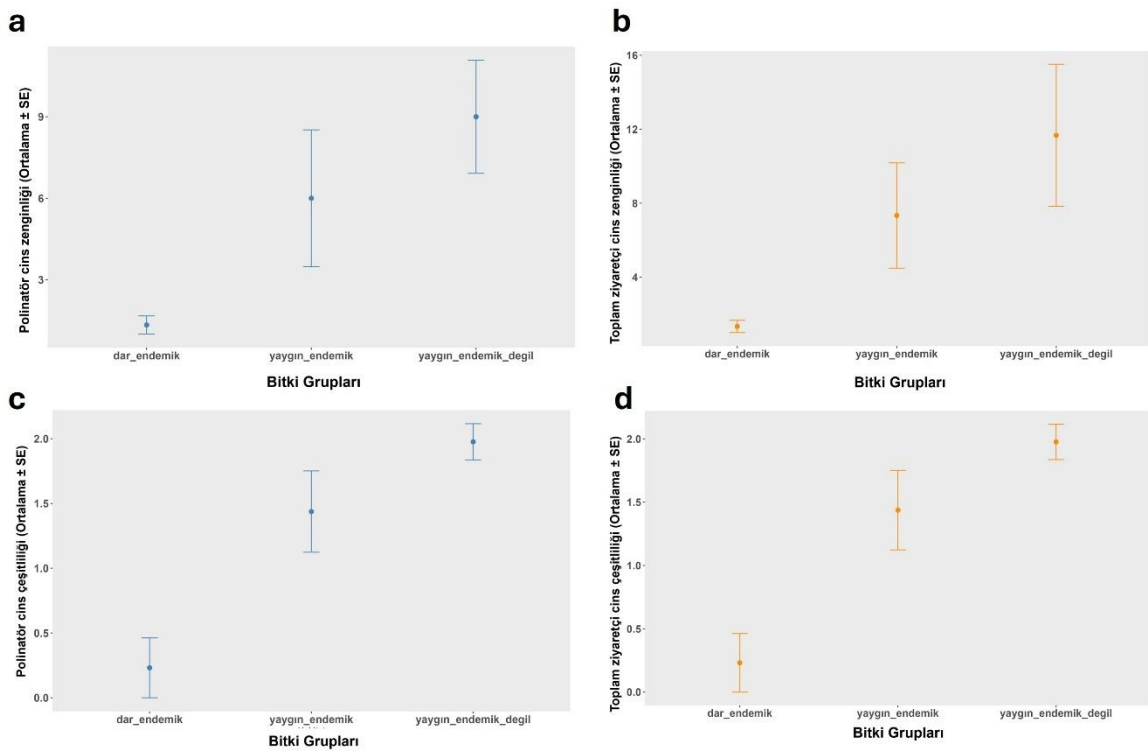
#### 3.1.3.1. Cins Analizleri Bulguları

Cins zenginliği analizleri, hem polinatör böcekler ( $p < 0,001$ ; %68 açıklanan sapma) hem de tüm ziyaretçiler ( $p < 0,001$ ; %67 açıklanan sapma) için yayılış grupları arasında istatistiksel olarak anlamlı fark olduğunu göstermiştir. Yaygın ve endemik olmayan bitkiler, polinatör böcekler ve tüm ziyaretçiler açısından daha yüksek zenginliğe sahiptir (Şekil 3.5a-b). En yüksek cins zenginliği polinatörler için *Teucrium polium* (polinatörler için  $N = 13$ , tüm ziyaretçiler için  $N = 19$ )’da gözlenmiştir, en düşük zenginlik ise dar yayılışlı ve endemik bitkiler olan *V. gypsicola* ve *P. guneri*’de (her ikisi için de  $N = 1$ ) saptanmıştır (Çizelge 3.2; Çizelge 3.3). Post-hoc analizler sonucunda cins zenginliği açısından dar yayılışlı, endemik bitkiler ile yaygın, endemikler (polinatörler için  $p = 0,017$ ; tüm ziyaretçiler için  $p = 0,004$ ) ve yaygın, endemik olmayan bitkiler (polinatörler için  $p = 0,001$ ; tüm ziyaretçiler için  $p = 0,0001$ ) arasında fark saptanmıştır.

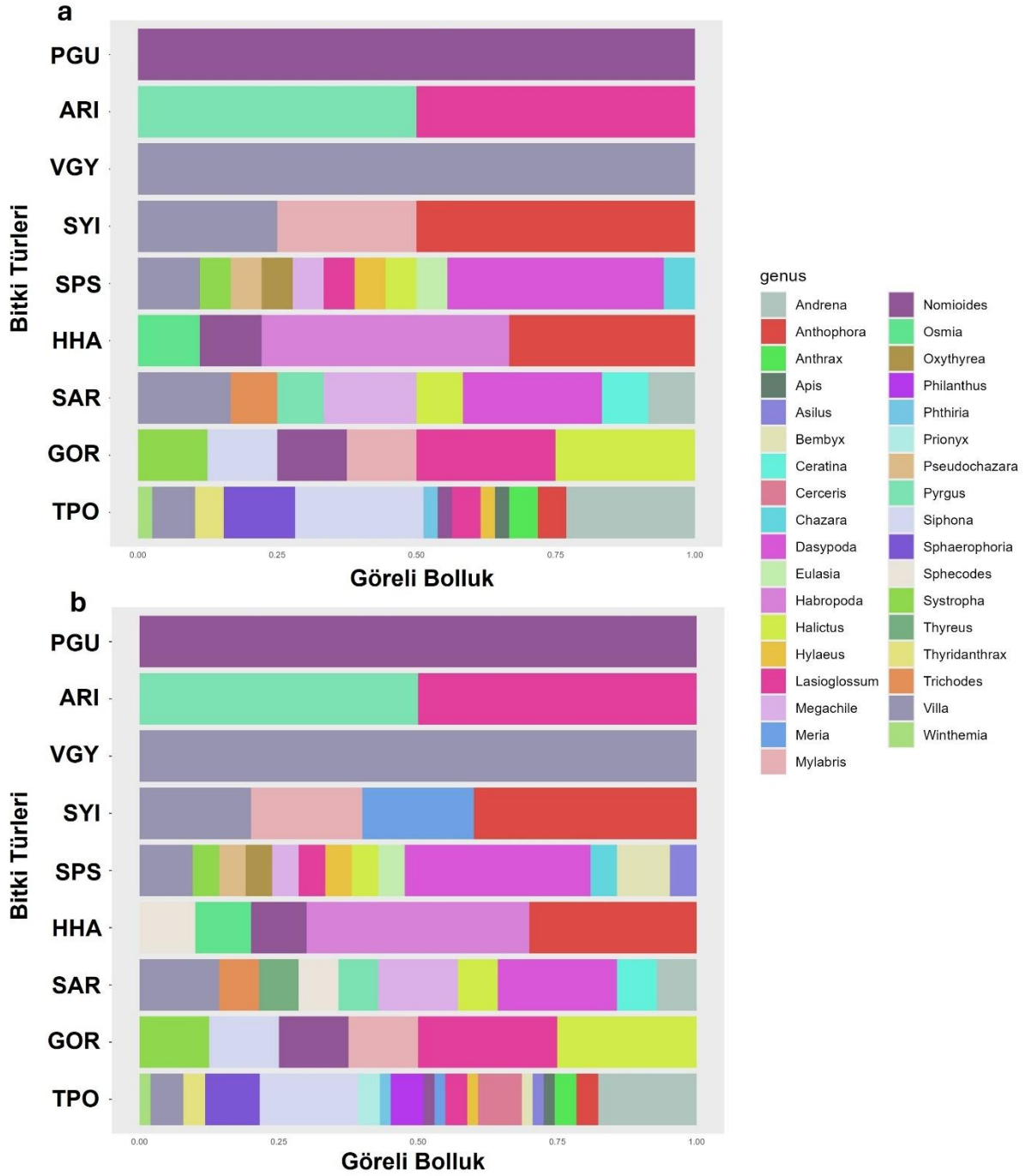
Cins çeşitliliği analizleri sonucunda polinatörler için olduğu gibi, tüm ziyaretçiler için de bitki yayılış grupları arasında fark tespit edilmiştir (polinatörler için  $F = 14,0$ ;  $p = 0,005$ ; tüm ziyaretçiler için  $F = 14,8$ ,  $p = 0,004$ ). Post-hoc analizler, polinatör ve tüm ziyaretçi cins çeşitliliği konusunda benzer bir eğilimi işaret etmiş ve dar yayılışlı endemikler ile yaygın, endemik (polinatörler için  $p = 0,027$ ; tüm ziyaretçiler için  $p = 0,019$ ) ve yaygın, endemik

olmayan bitkiler (polinatörler için  $p = 0,005$ ; tüm ziyaretçiler için  $p = 0,004$ ) arasında fark tespit edilmiştir. Hem polinatörler hem de tüm ziyaretçiler açısından yaygın ve endemik olmayan yayılış grubu en yüksek cins çeşitliliği değerlerine sahip olarak bulunmuş (Şekil 3.1b-c), bu yayılış grubu içerisinde yer alan *T. polium*'un ise en yüksek cins çeşitliliği (Shannon çeşitlilik) değerlerine sahip olduğu görülmüştür (polinatörler için  $H' = 22,2$ ; tüm ziyaretçi için  $H' = 26,2$ ).

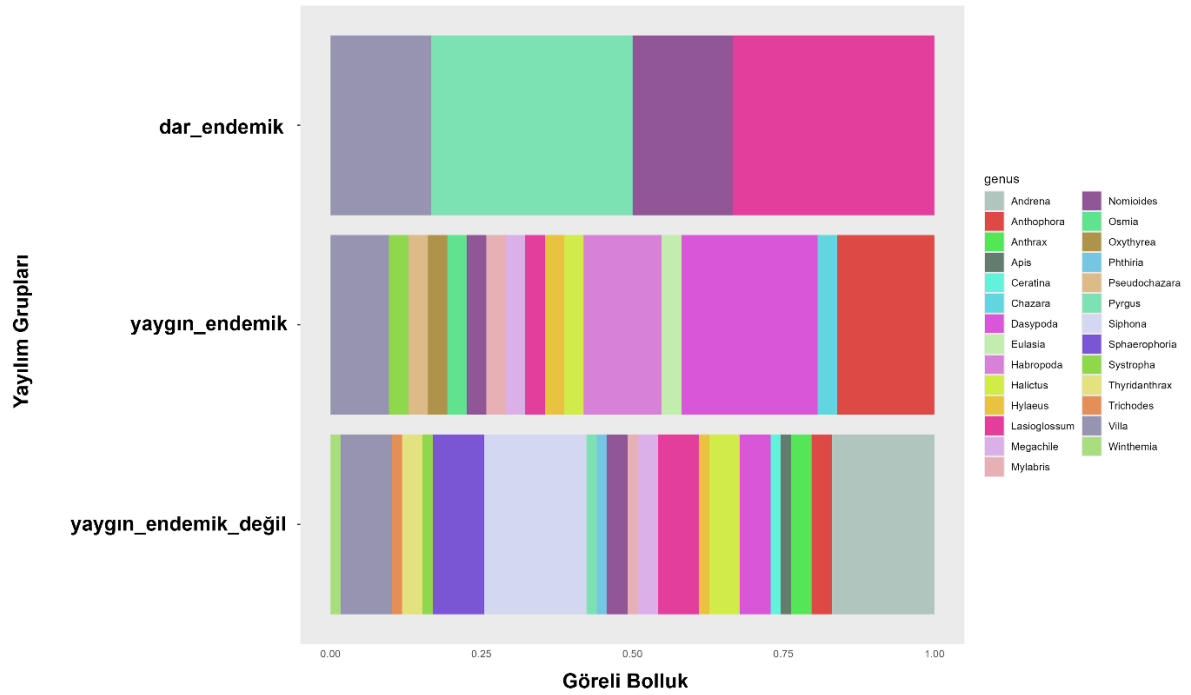
Takson analizlerinde olduğu gibi, cins analizlerinde de polinatörler ve tüm ziyaretçiler açısından hem var-yok verisi hem bolluk verisi ile yapılan cins kompozisyonu analizleri yayılış grupları arasında fark olmadığını göstermiştir ( $p > 0,05$ ; EK-4). Bitkilerin polinatör ve tüm ziyaretçi cinsleri için yapılan Jaccard analizi, taksonlar için yapılan Jaccard analizinden elde edilen benzerlik değerlerinden daha yüksek değerlerle sonuçlanmıştır (EK 3). Bu anlamda en yüksek örtüşme değeri oranı, takson benzerlikleri için yapılan analize benzer bir şekilde sonuç vermiş, yaygın ve endemik *Scutellaria yildirimlii* ile dar yayılışlı ve endemik *Verbascum gypsicola* arasında tespit edilmiştir (polinatörler için: %33, tüm ziyaretçiler için %25).



**Şekil 3.5.** Bitki yayılış gruplarını ziyaret eden polinatör böceklerin cins zenginliği (a) ve cins çeşitliliği (c) ile tüm ziyaretçilerin cins zenginliği (b) ve cins çeşitliliği (d). Tüm grafiklerdeki karşılaştırmalarda, yaygın ve endemik olmayan bitki türleri dar yayılışlı endemik bitkilerden yüksek cins zenginliği ve çeşitliliği değerlerine sahiptir ( $p < 0,01$ ).



**Şekil 3.6.** Çalışma kapsamında teşhis edilebilmiş cinslerin bitki türlerindeki dağılımı. Polinatörler (a) ve tüm ziyaretçiler (b) için grafikler, her bir tür içindeki görelı bolluğa dayanarak çizilmiştir.

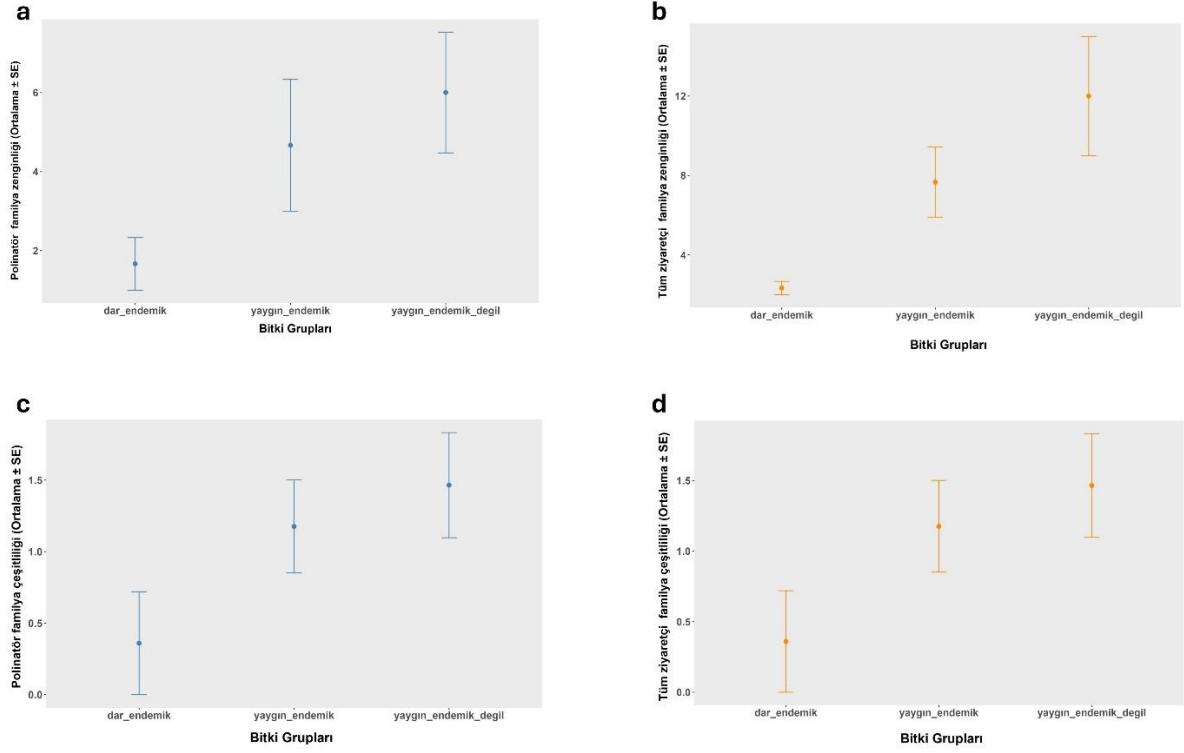


**Şekil 3.7.** Çalışma kapsamında teşhis edilebilmiş polinatör cinslerinin bitki türlerindeki dağılımı. Grafik, her bir bitki yayılış grubu içindeki görelî bolluğa dayanarak çizilmiştir.

### 3.1.3.2. Familya Analizleri Bulguları

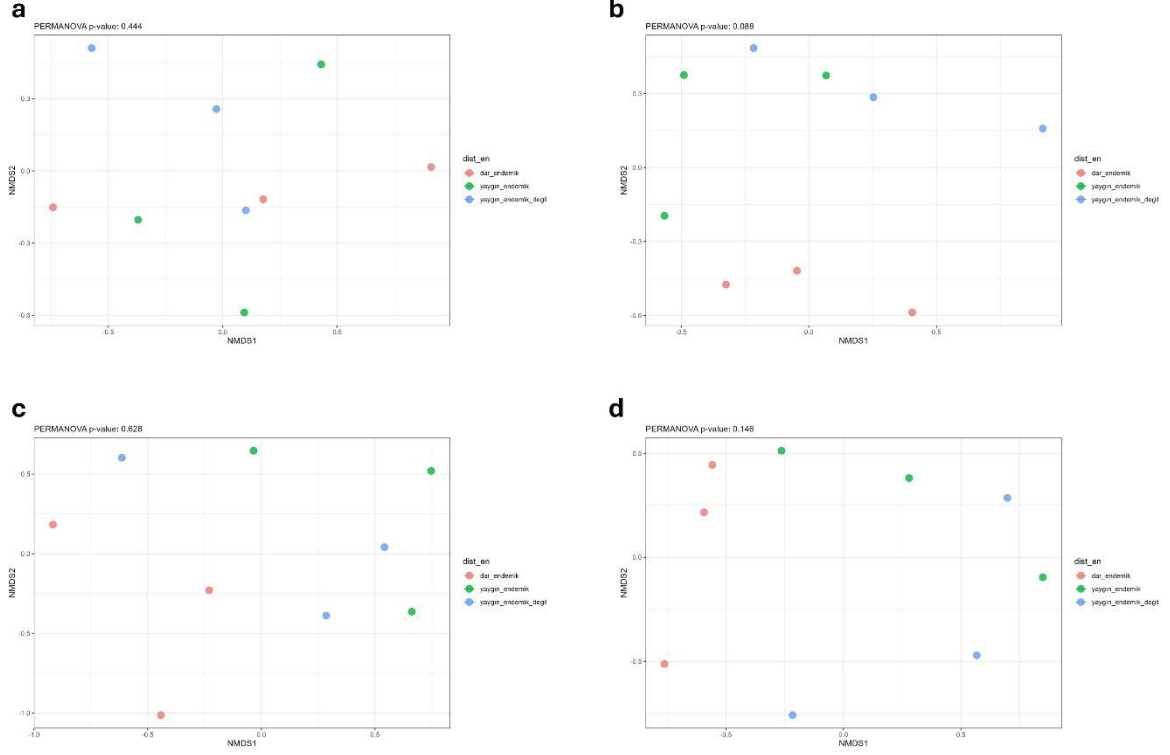
Familya zenginliği analizleri sonucunda, polinatör taksonları için yayılış grupları arasında istatistiksel olarak anlamlı fark tespit edilmiştir ( $p = 0,017$ , %52 açıklanan sapma). *Post-hoc* analizler, bu farkı sağlayan katkının dar yayılışlı endemikler ile yaygın ve endemik olmayan bitkiler grubu arası farktan ( $p = 0.03$ ) geldiğini göstermektedir. Buna karşın, tüm ziyaretçileri kapsayan familya verisi hesaba katıldığında fark derinleşmekte ( $p < 0,001$ ; %73 açıklanan sapma) ve aralarında fark olan grup sayısı artmaktadır. Yaygın bitki grupları, dar yayılışlı ve endemik bitkilerin grubundan istatistiksel olarak anlamlı olacak derecede yüksek değerlere sahiptir (dar yayılışlı, endemik – yaygın, endemik karşılaştırması için  $p = 0,016$ ; dar yayılışlı, endemik – yaygın, endemik olmayan karşılaştırması için  $p = 0,0002$ ). En yüksek değerler, yaygın ve endemik olmayan yayılış grubunda gözlenmektedir. Familya çeşitliliği analizleri, polinatörler için takson ve cins çeşitliliği analizlerinden farklı sonuçlar vermiştir. yayılış grupları arasında, polinatör böceklerin yer aldıkları familyaların çeşitliliği açısından fark yoktur ( $F = 2,6645$ ,  $p > 0,05$ ). Bununla birlikte, tüm ziyaretçiler için familya verisine odaklanıldığında, yayılışın familya çeşitliliği anlamında fark meydana getirdiği gözlenmektedir ( $F = 8,2273$ ;  $p = 0,019$ ). *Post-hoc* analizlerle birlikte, yayılış grupları arasındaki temel farkın dar yayılışlı ve endemik bitkiler grubu ile yaygın ve endemik

olmayan bitkiler grubu arasında olduğu görülmektedir ( $p = 0,017$ ). Ziyaret sıklığı açısından familya verisetinde yer alan değerler toplamı ile takson ziyaret sıklığı verileri arasındaki tek fark, sadece diğerlerinden çok daha yüksek ziyaret almış *T. polium*'u ziyaret etmiş ve yalnızca toplam iki ziyaret kaydı ile temsil edilen Hemiptera 1 ve Hemiptera 2 taksonlarıdır. Bu nedenle familyalar açısından yayılış gruplarının ziyaret sıklığı analizleri ayrıca gerçekleştirilmemiştir.

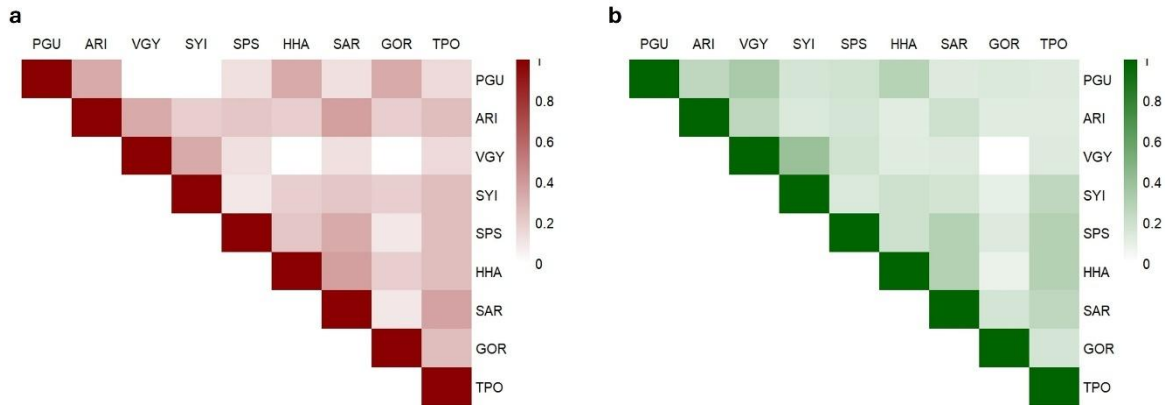


**Şekil 3.8.** Bitki yayılış gruplarının familya zenginliği (a: polinatörler, b: tüm ziyaretçiler) ve familya çeşitliliği (c: polinatörler, d: tüm ziyaretçiler) analizleriyle elde edilen grafikler. Tüm grafiklerde en yüksek değerler yaygın ve endemik olmayan bitki grubunda gözlenmiştir (c grafiğinin analiz sonucu hariç tümü için  $p < 0,05$ ; c’de yayılış grupları arasında fark yoktur).

Familyalara odaklı NMDS analizleri, polinatörler ve tüm ziyaretçiler için hem var-yok verisi hem de bolluk verisi ile önceki NMDS analizlerine benzer sonuçlar vermiştir. Familya kompozisyonu açısından familyalar arasında fark yoktur ( $p > 0,05$ ). Fakat bu analizler, önceki NMDS analizlerinden yüksek stres değerleri üretmiştir (var-yok verisi | polinatörler: %10,5, tüm ziyaretçiler: %12,6; bolluk verisi | polinatörler: %12,5, tüm ziyaretçiler: %13,7). Familyalara odaklı Jaccard analizi, takson ve cins için yapılan aynı analize göre yükselen familya benzerlik oranları, en benzer bitki türleri açısından değişim ve artan örtüşen takson sayısı ile sonuçlanmıştır.

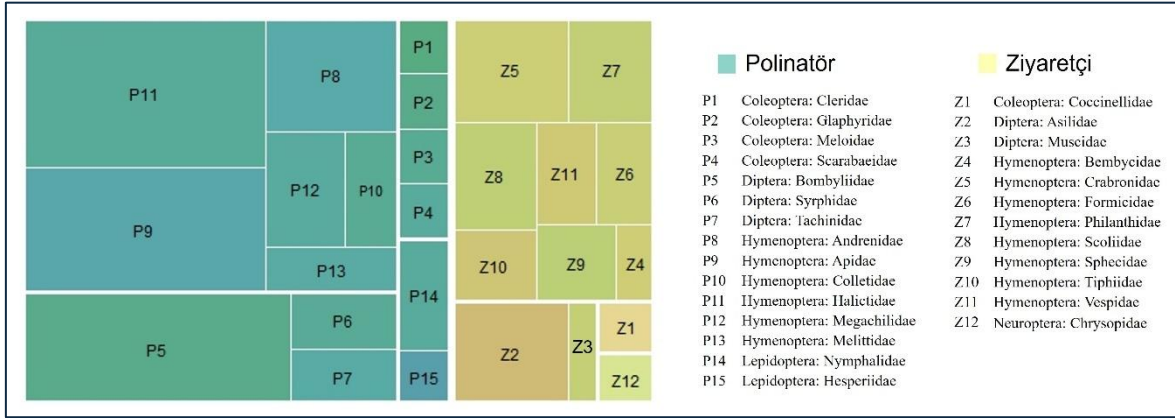


**Şekil 3.9.** Polinatör familyalarının (a ve c) ve tüm ziyaretçi familyalarının (b ve d) yayılış gruplarına göre kompozisyonu. a ve b grafikleri var-yok verisiyle, c ve d grafikleri bolluk verisiyle çizilmiştir. Tüm analizler için yayılış grupları arasında fark yoktur ( $p > 0,05$ ).



**Şekil 3.10.** Bitkiler arasında polinatörlerin (a) ve tüm ziyaretçilerin (b) benzerlik oranlarının tespit edilmesi için yapılan Jaccard analizi sonuçlarına dayalı ısı haritası grafikleri. Jaccard değerleri EK 4'te (Çizelge 5 ve Çizelge 6) yer almaktadır.

Çalışma kapsamında 15 farklı familyadan polinatör böcek örneklenmiş olsa da, bu böceklerin çoğu Hymenoptera (Halictidae: 10 takson, Apidae: 9 takson) ve Diptera (Bombyliidae: 10 takson) takımlarının içerisinde yer alan aynı familyalarda yoğunlaşmaktadır. Polinatör harici ziyaretçi familyalarında (N = 14) da, benzer şekilde Hymenoptera (Crabronidae: 4 takson, Philanthidae: 3 takson, Scoliididae: 3 takson) ve Diptera (Asilidae: 4 takson) takımlarından familyaların takson sayısı bakımından baskınlığı gözlenmektedir (Şekil 3.11).



Şekil 3.11. Polinatör ve ziyaretçi familyalarının verisetindeki baskınlıklarını gösteren grafik.

### 3.2. eDNA Metabarkodlama Yoluyla Elde Edilen Bulgular

eDNA metabarkodlama sonucunda elde edilen takson listesi baz alınarak cinslere odaklı bir takson listesi oluşturulmuş ve çalışmada bu teknik aracılığıyla elde edilen veri takson listesi üzerinden değerlendirilmiştir. eDNA çalışmalarında, diziler veritabanlarında tarandığında en yüksekten en düşük benzerliğe göre bir eşleşme listesi elde edilir. Ancak veritabanında hedef türün referans dizisi bulunmadığı durumlarda, sistem en yüksek benzerliği gösteren yakın türleri eşleştirme eğilimindedir. Bu da genellikle aynı cinse ait farklı türlere yönelimle sonuçlanır. Bu nedenle, tür düzeyindeki eşleşmeler dikkatli bir şekilde değerlendirilmiş ve veriler cins düzeyine genellenerek yorumlanmıştır. Cins düzeyindeki taksonların karşılık geldiği takson listesi EK-7’de sunulmuştur.

eDNA metabarkodlama, dört farklı böcek takımına yayılmış 44 takson için veri sağlamıştır (Çizelge 3.5). Taksonların çoğu Hemiptera ve Thysanoptera takımlarındandır, ayrıca düşük oranda da olsa Coleoptera ve Diptera içerisinden de takson verisi elde edilmiştir. eDNA metabarkodlama aracılığıyla elde edilen taksonların çoğu bitkileri bitki özsuyu ile beslenmek için ziyaret eden taksonlardır, dolayısıyla bu taksonların polinasyona katkı oranları oldukça düşüktür. Buna ek olarak polinasyona düşük oranda da olsa katkı sunma

potansiyeli olan Diptera'dan iki takson (Tephritidae: *Bactrocera* sp. ve Tachinidae: *Exorista* sp.) dışında polinatör böceklerle ilgili bir çıktıya eDNA metabarkodlama yöntemi ile ulaşamamıştır. Ayrıca bu teknik ile saptanan taksonlar, polinatör gözlemleri ile elde edilen çiçek ziyaretçisi taksonları ile de örtüşme göstermemektedir. Bitki özsuyu ile beslenen taksonların yoğunlaştığı bazı türlerde (*Scabiosa pseudograminifolia*, *Scabiosa argentea*, *Acantholimon riyatguelii*), bu taksonlarla beslenme potansiyeli olan Coccinellidae ve Chrysomelidae (Coeloptera) familyalarından taksonlar da tespit edilmiştir.

Tez çalışması polinatörlere ve polinasyonla ilişki olabilecek çiçek ziyaretçilerine odaklandığından, eDNA metabarkodlama sonucunda elde edilen veri istatistiksel analizlere dâhil edilmemiştir. Bu moleküler tekniğin sağladığı veriye tanımlayıcı bir istatistiksel yaklaşımla bakıldığında, öne çıkan bitki türlerinin gözlem verileriyle elde edilen sonuçlardan farklı bir eğilim izlediği görülmektedir. Bu taksonlarca en çok ziyaret edilen türler sırasıyla yaygın ve endemik bir bitki olan *Scabiosa pseudograminifolia* ile dar yayılışlı ve endemik olan *Verbascum gypsicola* ve *Acantholimon riyatguelii* türleridir. Gözlem verilerinde en yüksek ziyarete sahip olan *Teucrium polium*, eDNA metabarkodlama verilerine göre en çok ziyaret edilen dördüncü tür olmuştur.

**Çizelge 3.5.** Hangi bitki üzerinden tespit edildikleri ve yer aldıkları familya ile takım bilgileriyle birlikte eDNA metabarkodlama çalışmaları sonucunda elde edilen taksonlar. Elde edilen tür listesi, cinslere odaklı takson listesi olarak değerlendirilmiş, tür listesi ve karşılık geldiği taksonlara ilişkin Çizelge ise EK-7’de yer almaktadır.

Takım/ Familya	Takson	Nadir, endemik			Yaygın, endemik			Yaygın, endemik değil		
		PGU	ARI	VGY	SYI	SPS	HHA	SAR	GOR	TPO
<b>Coleoptera</b>										
Coccinellidae	<i>Hippodamia</i> sp.	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Chrysomelidae	<i>Spermophagus</i> sp. 1	0	1	0	0	0	0	1	0	0
Chrysomelidae	<i>Spermophagus</i> sp. 2	0	1	0	0	1	0	1	0	0
<b>Diptera</b>										
Tephritidae	<i>Bactrocera</i> sp.	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Tachinidae	<i>Exorista</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	0	0
<b>Hemiptera</b>										
Aphididae	<i>Acyrtosiphon</i> sp.	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Aphididae	<i>Aphis</i> sp. 1	1	0	1	0	1	1	0	0	1
Aphididae	<i>Aphis</i> sp. 2	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Aphididae	<i>Aphis</i> sp. 3	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Aphididae	<i>Aphis</i> sp. 4	0	1	1	0	0	0	1	1	1
Aphididae	<i>Aphis</i> sp. 5	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Aphididae	<i>Aphis</i> sp. 6	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Aphididae	<i>Brevicoryne</i> sp.	0	0	1	0	0	0	0	0	1
Aphididae	<i>Ceratovacuna</i> sp.	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Aphididae	<i>Macrosiphoniella</i> sp.	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Aphididae	<i>Macrosiphum</i> sp.	0	0	0	0	0	1	0	0	0
Aphididae	<i>Megoura</i> sp. 1	0	1	0	0	0	1	0	0	1
Aphididae	<i>Megoura</i> sp. 2	0	0	0	0	0	0	0	0	1

Takım/ Familya	Takson	Nadir, endemik			Yaygın, endemik			Yaygın, endemik değil		
		PGU	ARI	VGY	SYI	SPS	HHA	SAR	GOR	TPO
Aphididae	<i>Paracolopha</i> sp.	0	1	0	0	0	1	0	0	1
Aphididae	<i>Sitobion</i> sp.	0	1	1	0	0	0	0	0	0
Aphididae	<i>Uroleucon</i> sp.	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Anthocoridae	<i>Orius</i> sp. 1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Anthocoridae	<i>Orius</i> sp. 2	0	0	0	0	1	1	0	0	1
Anthocoridae	<i>Orius</i> sp. 3	0	1	1	0	1	0	1	0	0
Cicadellidae	<i>Osbornellus</i> sp.	0	0	0	0	0	0	0	1	0
Lygaeidae	<i>Nysius</i> sp.	0	1	1	0	1	0	0	0	0
Miridae	<i>Diomocoris</i> sp.	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Miridae	<i>Leptopterna</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Miridae	<i>Naranjakotta</i> sp.	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Miridae	<i>Zophocnemis</i> sp.	0	1	1	1	1	1	0	0	1
Nabidae	<i>Gorpis</i> sp. 1	0	0	0	0	1	0	0	1	1
Nabidae	<i>Gorpis</i> sp. 2	0	0	0	0	1	0	0	0	1
Pentatomidae	<i>Anthemina</i> sp.	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<b>Thysanoptera</b>										
Thripidae	<i>Aeolothrips</i> sp.	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Thripidae	<i>Frankliniella</i> sp. 2	0	1	1	0	1	1	0	0	1
Thripidae	<i>Frankliniella</i> sp. 1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Thripidae	<i>Megalurothrips</i> sp.	0	0	1	0	1	1	0	0	1
Thripidae	<i>Stenchaetothrips</i> sp.	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Thripidae	<i>Thrips</i> sp. 1	0	1	1	1	1	0	0	1	1
Thripidae	<i>Thrips</i> sp. 2	0	0	1	0	1	1	0	0	0
Phlaeothripidae	<i>Haplothrips</i> sp.	0	1	0	0	1	1	1	0	0
Phlaeothripidae	<i>Kladothrips</i> sp.	0	0	0	0	0	1	0	0	0
<b>Toplam ziyaretçi zenginliği</b>		1	16	17	2	18	13	8	4	14

## 4. TARTIŞMA

Polinatörler, hem biyoçeşitliliğin hem de ekosistem fonksiyonlarının sürdürülmesine yaptıkları belirgin katkı nedeniyle ekosistemler için önemli bir fonksiyonel grubu temsil etmektedir (Potts vd., 2003; Ebeling vd., 2008; Peterson vd., 2008). Çiçek ziyaretçileri de polinasyona, düşük seviyede bir katkı yapabilme potansiyeli taşıyan ve fakat çiçeği farklı amaçlarla ziyaret eden canlılardır. Böcekler ve özellikle de polinatör böcekler için raporlanan düşüş trendi (Sánchez-Bayo ve Wyckhuys, 2019; Wagner vd., 2021) nedeniyle, polinatörler ve polinasyon sürecinin dinamiklerine ilişkin bilgi birikimini artıracak ve koruma çalışmalarında türlerin etkileşimleriyle birlikte korunması üzerinden planların verimini potansiyel olarak artıracak (Tylianakis vd., 2010) araştırmalara ihtiyaç vardır (Fründ vd., 2010). Daha önceki çalışmalar, polinatörler ve diğer ziyaretçiler ile bitkiler arasındaki ilişkilere farklı açılardan değinmiştir (Møller ve Eriksson, 1995; Fenster vd., 2004; Biesmeijer vd., 2006; Abbas vd., 2014; Rivest, 2023). Fakat farklı yayılış tiplerine sahip bitki grupları arasında polinatörlerin komünite yapılarının nasıl değiştiği konusuna sıklıkla odaklanılmamıştır. Tez çalışmasının bulguları, bu kapsamda çarpıcı ilkin bulgulara sahiptir.

### 4.1. Gözlem Bulgularındaki Genel Dinamikler

#### 4.1.1. Takson ve Yüksek Takson Analizleri Işığında Genel Eğilimler

Gözlemlerden elde edilen veriler, marnlı bozkır alanlarında farklı takımlara ayrılan ancak, majör önemde olan bir ekosistem hizmeti üzerinden bir fonksiyonel grupta (polinatör böcekler) birleşen görece yüksek böcek takson zenginliğine işaret etmektedir: Çalışma kapsamında 15 familyadan 52 polinatör böcek taksonu ve 14 familyadan 31 polinatör olmayan ziyaretçi taksonu olmak üzere 83 böcek taksonu tespit edilmiştir. Çalışmada, ilgili literatürde (Larson vd., 2001; Van Eck vd., 2020) de işaret edildiği gibi, en çok Hymenoptera takımından ve ardından Diptera takımından polinatör böcek tespit edilmiştir.

Çalışmanın bulgularında, polinatör ve tüm ziyaretçiler için yayılış grupları arasında takson zenginliği ve takson çeşitliliği açısından fark tespit edilmiştir. Yaygın ve endemik olmayan bitki grubu tüm bu açılardan, istatistiksel olarak da anlamlı olarak, en yüksek değerlere sahiptir. Aynı zamanda ziyaret sıklığı açısından da yayılış grupları arasında fark gözlenmiştir, hayvan aracılı polinasyonda sürecin başarısına polinatörlerin ziyaret sıklığının önemli bir katkı yaptığı bilinmektedir (Chen ve Zuo, 2018), dolayısıyla daha çok polinatör

tarafından çok sayıda ziyaret alan türlerin polenlerinin dağılımında avantaja sahip olduğu söylenebilir. Çalışmamız kapsamında en yüksek ziyaret, takson zenginliği ve çeşitliliği konusunda da öne çıkan yaygın ve endemik olmayan bitkilerde, bu grup içerisinde ise *Teucrium polium*'da gözlenmiştir. Böylece bu tez çalışmasının, yaygın ve endemik olmayan bitkilerin, dar yayılışlı ve endemik olan bitkilerden polinatör böceklerin takson zenginliği, çeşitliliği ve ziyaret sıklığı açısından fark olduğuna dair ana hipotezi ile yaygın ve endemik olmayan bitkilerin bu açılardan daha yüksek ziyaret alabileceğine dair öngörüsü, araştırma kapsamında elde edilen verilerle birlikte desteklenmiştir.

Yayıllık farkına sahip bitkiler arasında özellikle polinatör böcek çeşitliliği açısından fark gözlenmesi, polinatörlerin ve çiçek ziyaretçilerinin polinasyonda bir kısıtlılık meydana getirerek (Herrera, 1987; Gómez vd., 2010; Bennett vd., 2018) yayılışa etki etmesinin bir sonucu olabilir. Çiçek ziyaretçileri açısından daha az çeşitliliğe sahip popülasyonlar, daha güçlü bir polen kısıtlaması göstermektedir, aynı zamanda polen kısıtlamasının yoğunluğu, çiçek ziyaretçisi bolluğuyla negatif bir ilişkiye sahiptir (Gómez vd., 2010). Bu durum, tez çalışması kapsamında polinatörlerce ve çiçek ziyaretçileri açısından daha az çeşitliliğe sahip olan bitki türlerinin daha güçlü bir polen kısıtlaması etkisi altında olabileceğini göstermektedir. Çalışma kapsamında dar yayılışlı ve endemik bitkilerin oluşturduğu yayılış grubu diğer gruplardan oldukça düşük polinatör ve çiçek ziyaretçisi çeşitliliğine sahip olarak tespit edilmiştir, aynı zamanda çalışmada ziyaret sıklığı ile ilişkilendirilen bolluk değerleri de dar yayılışlı ve endemik bitkilerde daha düşük olarak gözlenmiştir. Bu değerler açısından en yüksek ve istatistiksel olarak anlamlı fark en dar (dar yayılışlı, endemik) ve en geniş yayılışlı (yaygın ve endemik olmayan) bitki grupları arasında gözlenmiştir, dolayısıyla takson zenginliği, çeşitliliği ve ziyaret sıklığı açısından fark dar ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik olmayan bitki grupları arasında derinleşmektedir. Yüksek ziyaret oranları nedeniyle potansiyel olarak daha az polen kısıtlamasına maruz kalma durumu, yaygın bitkilerde daha yüksek meyve ve tohum tutulumuyla sonuçlanmış olabilir. Dolayısıyla, çalışmanın bulguları bitki yayılışında polinatörlerin genişletici bir etkiye sahip olabileceği de göstermektedir. Dolayısıyla literatürde işaret edilen polen kısıtlamasının yoğunluğu ile polinatör ve çiçek ziyaretçileri arasındaki ters orantılı durumun, çalışma kapsamındaki türler üzerinde de benzer bir etkiye sahip olabileceği düşünülmüştür.

Polen kısıtlamasının özellikle meyve üretimi aşamasında etki ederek, tek çiçekli türlerde çok çiçekli türlere kıyasla bitki üremesinde dezavantaj sağladığı da raporlanmıştır (Sun vd.,

2018). Bu bilgiler ışığında *T. polium* gibi çiçek durumu gözlenen ve çiçek sayısının diğer türlerden oldukça yüksek olduğu türlerde yayılışın geniş ölçekli olması beklenen bir durumdur. Ayrıca polinatörlerin, polinasyon sürecini gerçekleştirebilmeleri için aynı türden bitkileri en az iki kez ziyaret etmeleri gerekir; yani öncelikle polen toplanmalı ve ardından dağıtılmalıdır (Proctor ve Harder, 1995). Tek çiçekli türlerin çok çiçekli türlere göre ziyaretin ardından yeniden ziyaret edilmeme oranlarının yüksek olduğuna da işaret edilmiştir (Sun vd., 2018). Bu durum, çok çiçekli bir tür olan *T. polium*'da görece daha az polen kısıtlaması olduğuna dair polinatörler ve çiçek ziyaretçilerinden yola çıkılarak yapılan tahmini güçlendirmektedir.

Taksonlara ve yüksek taksonlara odaklı kompozisyon analizleri sonucunda yayılış grupları arasında fark gözlenmemiştir. Bu durum, çalışmanın diğer hipotezini yanlışlamaktadır. Jaccard analizi ise, düşük değerlerde benzerlik oranları ile sonuçlanmıştır, buna ek olarak bitkilerin yayılış derecesi arttıkça benzerlik oranları azalmakta ve fakat örtüşen takson sayısı artmaktadır. Cinslere odaklı Jaccard analizi sonuçları, taksonlar için yapılan analizin sonuçlarından daha yüksek değerlerde fakat benzer bir örüntü göstermektedir. Ek olarak polinatör taksonları ve polinatör olmayan ziyaretçiler için görece sıklık sonuçları, polinatörlerin %73'ünün sadece bir bitkiyi ziyaret ettiğini göstermektedir. En çok sayıda bitki türünü ziyaret eden takson *Villa* sp. 1'dir (Diptera: Bombyliidae). Tüm bu bulgular birlikte değerlendirildiğinde, bitki grupları arasında polinatör böceklerin ve tüm ziyaretçilerin takson ve cins kompozisyonu açısından fark gözlenmemesinin sebebinin, bitki grupları içi polinatör ve tüm ziyaretçi taksonlarında görülen geniş varyasyon olabileceği sonucuna varılmıştır.

Cinslere ve familyalara odaklı yüksek takson analizlerinde hem polinatörler hem de çiçek ziyaretçileri için, zenginlik bakımından yayılış grupları arasında fark varken, familyalara odaklı çeşitlilik analizi sonucunda takson ve cins çeşitliliği analizlerinde gözlenen istatistiksel fark yitirilmiştir. Familya zenginliği konusunda yalnızca tüm ziyaretçiler için fark tespit edilebilmiştir, bu farka dar yayılışlı ve endemik bitkiler ile yaygın ve endemik olmayan bitkiler arasındaki fark ( $p = 0.017$ ) katkı yapmaktadır. Dolayısıyla çalışmanın ana hipotezini oluşturan konu, yüksek taksonlar için bir dereceye kadar (polinatör familya zenginliği hariç) geçerlidir. Familya çeşitliliğinin belirlenmesi için veri setinin hazırlanması sırasında her bir bitki türü için aynı familyada yer alan taksonların bolluk değerleri toplanmış ve veri setine familyaların bolluğunu temsilen eklenmiştir. Shannon çeşitlilik indeksi hem tür sayısını hem

de bolluk deęerlerini hesaba katarak alıřtıęından, bir veya birkaç familyadaki bolluk aısından baskınlık veri erevesini etkilemiř olabilir. Bu durum, takson ve cins veri seti ile alıřıldıęında eřitlilik aısından alınan istatistiksel olarak anlamlı farka iřaret eden sonucun daha yksek bir takson olan familyaya odaklanıldıęında perdelenebileceęini gstermektedir. Aynı zamanda bu bulgu, alıřmada elde edilen polinatr bceklerin, her bir bitki tr iin ayrı ayrı olmak zere, familya bazında ortaklařma oranlarının yksek olabileceęine de iřaret etmektedir. Familyalara odaklı Jaccard analizi sonuları da bu savı destekler niteliktedir, takson ve cins iin yapılan aynı analize kıyasla familyaların benzerlik oranları artmıř, bu anlamda en benzer bitkiler deęiřmiř ve rtřen takson sayısı ykselmiřtir. Bu durum, bitki trleri arasında ortaklařan familyaların ok ve fakat taksonların grece az olduęunu gsterir. alıřma kapsamında elde edilen polinatr ve tm ziyareti taksonlarının aynı takımlardaki farklı familyalarda yoęunlařması ve familyalar iinde yksek takson sayılarıyla temsil edilmesi, alıřma alanının polinatr bcekler ve tm iek ziyaretileri aısından grece dar bir yksek takson zenginlięine sahip olduęunu gsterebilir.

Her iki bcek grubu iin takson zenginlięi ve familya zenginlięinin karřılařtırılması da benzer bir ıktıyı iřaret etmektedir. rneęin, en yksek takson eřitlilięi, zenginlięi ve ziyaret sıklıęı deęerlerine sahip olan *T. polium*'da, polinatr takson zenginlięi, aynı grubun familya zenginlięinin  katıdır ve tm ziyareti takson zenginlięi, familya zenginlięinin iki katından fazladır. Aynı eęilim, zellikle de yaygın bitkilerde de bariz bir Őekilde gzlenmektedir. NMDS analizinde de yayılıř grupları ii noktaların birbirlerine nceki NMDS analizlerindeki konumlarından daha yakın oluřları, NMDS analizleri aısından nceki aynı analizlere kıyasla dřen ve fakat hl istatistiksel olarak anlamlı olmayan *p* deęerleri, polinatr taksonları iin yapılan eřitlilik analizlerinde fark tespit edilmesine raęmen polinatr familyaları iin eřitlilik analizlerinde yayılıř grupları arasında fark bulunmaması ve tm bunlara eklenen arpıcı Jaccard sonuları, marnlı bozkır alanlarından tez alıřmasının hipotezleri etrafında rneklenen polinatr ve tm ziyareti taksonlarının oęunun aynı familyayı paylařtıkları ve grece dar bir yksek takson erevesine sahip olduklarını iřaret etmektedir. Buradan hareketle, marnlı bozkır alanlarının ekolojik olarak belirli polinatr familyaları (rneęin, Hymenoptera: Halictidae, Hymenoptera: Apidae, Diptera: Bombyliidae) ile ziyareti familyalarını (Hymenoptera: Crabronidae, Hymenoptera: Philanthidae, Hymenoptera: Scoliidae, Diptera: Asilidae) grece daha ok destekledięi sylenebilir.

Çalışmada, yayılış gruplarının polinatör böcekleri arasındaki farka ve en geniş ölçekli yayılışa sahip bitki grubunun daha çok ve çeşitli polinatörce daha çok ziyaret edildiğini ortaya konmuş olsa da bu sonuca yalnızca daha az polinatörce daha az sıklıkta ziyaretin etki ettiğini ve bu nedenle polen kısıtlamasının dar yayılışı açıklayabileceğini söylemek güçtür, bu kapsamda daha geniş ölçekli çalışmalara ihtiyaç vardır. Buna karşın tez çalışmasında marnlı bozkır habitatındaki bitkilerin yayılışında polinatör böceklerin zenginliği, çeşitliliği ve ziyaret sıklığının polen kısıtlaması meydana getirerek etki edebileceği konusundaki ilk sinyal ortaya konmaktadır.

Polinasyon sürecinde bitkilerin çiçekleri ile polinatör böcekler arasında ilişki kurulduğundan, sürecin dinamizmi çiçeklerin ve böceklerin taşıdığı bazı fonksiyonel karakterlere bağlı olarak şekillenmektedir. Bu noktada çiçek rengi, çiçek şekli, açık çiçek sayısı, anterin konumu gibi çiçek fonksiyonel karakterleri öne çıkmaktayken, böcekler söz konusu olduğunda böceklerin vücut büyüklüğü ve ağız parçalarının uzunluğu gibi fonksiyonel karakterler öne çıkmaktadır. Çalışma kapsamındaki bitkiler çiçek fonksiyonel karakterleri bakımından farklı niteliklere sahiptir. *T. polium* küçük boyutlu, çok sayıda açık çiçeğin bir arada bulunduğu ve çiçek durumunun gözlendiği bir bitki iken, *V. gypsicola* tek çiçek yapısının görüldüğü, büyük ve görece az çiçeğe sahip olan ve fakat parlak sarı renkte olan bir bitkidir. *Acantholimon riyatguelii* tübüler yapıda, tek çiçekli bir formun görüldüğü bir bitki iken *Scutellaria yildirimlii* ve *Hedysarum hasanyildirimii* parlak sarı renkte, büyük ve tek çiçek yapısına sahiptir. *Polygala guneri* ve *Globularia orientalis* mor renkte ve çiçek durumunun gözlendiği türlerdir. *Scabiosa* türlerinde ise, çiçek durumu gözlenmektedir, iki tür arasında öne çıkan fark çiçek rengidir. Bitki türlerinde çiçek fonksiyonel karakterleri bakımından varyasyon gözlenirse de bir karakterin niteliği, diğer bir fonksiyonel karakter tarafından dengeleniyor gibi görünmektedir. Ayrıca bitki türlerinin çiçekleri aynı floral simetri özelliklerine (zigomorf simetri) sahiptir, bu nedenle floral simetri bu çalışma için bitkilerin ziyaretçileri arasındaki varyasyonu açıklamada önemli bir değişken değildir.

Bitkilerde türler arasında polinasyona etki eden fonksiyonel karakterler bakımından varyasyon olmasına rağmen yayılım grupları arasında polinatör böcekler ve tüm ziyaretçilerin takson zenginliği, çeşitliliği, ziyaret sıklığı açısından fark gözlenmiştir. Buna ek olarak, bitki gruplarında dar yayılıştan en yaygına doğru giden yayılış skalası gözlenmektedir. Bitki gruplarında yer alan bitki türlerinin marnlı bozkır alanlarında bulunan

ve benzer yayılış statüsüne sahip farklı bitkilerle değiştirilmesi, elde edilen çarpıcı sonucu değiştirmeyeceği düşünülmektedir.

Çalışma çerçevesince odaklanılan bitki grupları arasındaki temel fark yayılıştır fakat bitkilerin endemizm statüleri açısından da ayrıca analizler yapılmıştır. Takson zenginliği konusunda polinatörler açısından ve takson çeşitliliği için hem polinatörler hem de tüm ziyaretçiler açısından yaygın fakat endemizm statüleri farklı olan bitki grupları arasında fark gözlenmemesi çalışma kapsamında endemizmin bu bağlamlarda önemli bir değişken olmadığını göstermektedir. Aynı şekilde, cins ve familya zenginliği ile çeşitliliği konusunda da benzer bir eğilim gözlenmektedir. Buna karşın endemizm bakımından farklı özellikte olan yaygın bitki grupları arasında tüm ziyaretçi takson zenginliği, polinatör ve tüm ziyaretçi ziyaret sıklığı konusunda fark vardır, bu analiz başlıkları için endemizm önemli bir değişken olabilir.

#### **4.1.2. Polinatör Etkileşim Ağı Analizlerinde Genel Eğilimler**

Türler arası etkileşimlere odaklı soruların bazıları, yalnızca etkileşim ağı yaklaşımı kullanılarak yanıtlanabilir (Bascompte ve Jordano, 2007), bu nedenle polinasyon çerçevesindeki verilerin etkileşim ağı yaklaşımı kullanılarak değerlendirilmesi önemlidir. Etkileşim ağı analizleri, etkileşimlerin içeriğinin anlaşılmasını ve etkileşim ağı içerisinde öne çıkan dinamiklerin tespit edilebilmesini sağlar (Blüthgen vd., 2008; Bascompte, 2009). Ayrıca ağ analizleri, türlerin ekosistem içerisindeki fonksiyonlarının derecesi ve direngenlikleri konusunda yorum yapabilmek adına da önemli bir noktada durmaktadır (Blüthgen ve Klein, 2011). Çalışma kapsamında yapılan etkileşim ağı analizinde bağlantılılık değerinin %15 olarak tespit edilmesi, etkileşim ağındaki türlerin %15'i arasında etkileşim gerçekleştiğini işaret etmektedir. Bu çıktı, orta seviyede bağlantılılığın göstergesidir ve ağın ne çok dağınık ne de aşırı yoğun olduğunu ifade etmektedir. Bu sonuca binaen ağ içerisinde orta dereceli ve dengeli bir etkileşim bütününe gözlendiği söylenebilir. Bağlantı yoğunluğu metriği, bitkilerin ortalama olarak altı farklı taksonla etkileşimde olduğunu göstermektedir. Bu metrik, ağın genel yapısına odaklanmaktadır; çalışma kapsamında elde edilen kayıtlar, bitki türleri ile polinatörler arasındaki bağlantının bazı türlerde bu değerden çok düşük bazı türlerde bu değerden çok yüksek olduğunu göstermektedir. Bağlantı yoğunluğu sonucu, etkileşim ağının zengin ve yoğun bağlantılara sahip olduğuna ve dolayısıyla çalışma verilerinin, bu verilerle kurulan etkileşim ağının ve bu kapsamda yapılan etkileşim analizlerinin anlamlı sonuçlar verme potansiyeli taşıdığına işaret etmektedir.

Çalışma kapsamında elde edilen ağ asimetrisi değeri (0,70), ağ içerisinde böcek taksonlarının bitkilere göre daha fazla sayıda olduğunu göstermektedir. Çalışmada alandaki genel bitki taksonları ve polinatörler arası ilişkilere odaklanılmadığından ve farklı hipotezler altında sınırlı sayıda bitki çalışma kapsamında değerlendirildiğinden, etkileşim ağında asimetrik bir yapının görülmesi beklenen bir durumdur. Esasen, polinasyona odaklı etkileşim ağları asimetrik, heterojen ve iç içe geçmiş bir yapıya sahiptir (Bascompte ve Jordano, 2007). Dolayısıyla tez çalışması kapsamında üretilen etkileşim ağı, polinasyon çerçevesindeki etkileşim ağ analizlerinin doğasına uygun bir çıktıyla sonuçlanmıştır.

Yuvalanma metrik değeri (19,77), ağın düşük-orta derecede iç içe geçmiş yapıya sahip olduğunu, ağda kesin bir özelleşmiş-genelci ayrımının bulunmadığına işaret edebilir. Buna karşın söz konusu metrik değerinin düşüklüğü, genelci türlerin daha fazla etkileşim kurduğu bir ağ yapısına işaret etmektedir. Nitekim bitki-polinatör etkileşimlerinde genelci davranış genellikle baskın bir şekilde gözlenmekte, buna karşın nispeten özelleşmiş ilişkiler de etkileşim ağlarında kendini göstermektedir (Fründ vd., 2010). Buna paralel olarak düşük yuvalanma değerleri, ağdaki taksonlar arası etkileşimlerin rastlantısal (stokastik) bir nitelik taşıdığını da işaret ediyor olabilir; bu noktada özellikle ziyaretçi türler, belirli etkileşim örüntüleri izlemek yerine karşılıklarına çıkan fırsatlara göre etkileşimlerini genişletiyor olabilir. Rastlantıya bağlı olarak ziyaretçi olma durumu, alanda fazlaca bulunan kaynaklara yönelme (Devictor vd., 2010) ile sonuçlanmış olabilir.

Etkileşim ağının Shannon çeşitlilik değeri (4,06), çeşitlilik açısından ağın heterojen bir yapıya sahip olduğunu göstermektedir; bu bulgu etkileşim ortaklarını temsil eden düğümler başına bağlantı sayısı açısından büyük bir varyasyon gözlenmesi sebebi ile etkileşim ağlarının çoğunun karmaşık ve heterojen olması olgusu ile uyumludur (Bascompte ve Jordano, 2007). Ağın Shannon çeşitlilik değeri ve etkileşim eşitliği metriği sonucu birlikte değerlendirildiğinde, ağdaki etkileşimlerin farklı türler arasında görece dengeli dağıldığını ve fakat bazı türlerin daha baskın olduğunu da gözlenmektedir. Çalışmanın etkileşim ağında tespit edilen ağ özelleşmesi metrik değeri (0,57), etkileşim ağı içerisinde orta seviyede özelleşmeye işaret etmektedir. Ağ içerisindeki türler, tamamen genelci etkileşimlere yönelmemekte ve fakat ağda genel olarak baskın bir özelleşme de gözlenmemektedir. Bu durumda türler, belirli etkileşim ortaklarıyla daha sıkı ve görece özgül bağlantılara sahip olabilir ancak bu durum ağ genelinde özelleşmiş davranışın baskınlığı ile sonuçlanacak boyutta değildir. Ağın böceklerin genelci olma derecesi metrik değeri (1,74), böceklerin

ziyaretinin ortalama olarak sınırlı sayıda bitkide gerçekleştiğini ve polinatör taksonlarının ziyaretlerinin bitki türleri arasında dağıldığını göstermektedir. Çalışmadaki etkileşim ağı için bitkilerin ziyaretçi çeşitliliği metrik değeri (11,08) ise bitkilerin yüksek çeşitlilikte ziyaretçi tür tarafından ziyaret edildiğini ve daha baskın olarak genelci yapının gözlendiğini göstermektedir.

Bitkiler açısından takson düzeyi metriklerinde *T. polium* bağlantı sayısı, takson gücü, etkileşim ortağı çeşitliliği ve etkili etkileşim ortağı sayısı konusunda en yüksek değerlere sahiptir, özelleşme indeksi konusunda ise *Hedysarum hasanyildirimii*'den sonra ikinci sırada gelmektedir. Dolayısıyla, *T. polium* çalışma çerçevesindeki etkileşim ağında merkezi role sahiptir. *T. polium*'un merkezde yer alması türü, ekosistem açısından önemli bir tür haline getirmektedir. Ayrıca tüm bu sonuçlar, *T. polium*'un yüksek niş genişliğine ve genelci davranışına işaret ediyor olabilir. Takson ve yüksek takson analizlerinden elde edilen bulgular bu savı desteklemektedir. *T. polium*, polinatörler ve tüm ziyaretçiler açısından yüksek zenginlik, çeşitlilik ve oldukça yüksek ziyaret oranlarına sahip tür olarak gözlenmiştir. Buna ek olarak *T. polium*, en çok tekil taksona sahip bitki türüdür. Polinatör taksonlarından 16 tanesi ve polinatör olmayan ziyaretçi taksonlarından 14 tanesi yalnızca *T. polium*'da gözlenmiştir. Hymenoptera'dan Philanthidae ve Scoliidae takımları ile Diptera'dan Syrphidae familyalarından taksonlar sadece *T. polium* üzerinde saptanmıştır. Ayrıca marnlı bozkırda yayılış gösterdiği tespit edilen polinatör ve tüm ziyaretçi taksonlarının çalışma kapsamındaki bitkilerden *T. polium*'u en yüksek yüzde ile (%64-66) ziyaret ettiği tespit edilmiştir. Tüm bunlar nedeniyle *T. polium*, polinasyon açısından daha geniş bir niş genişliğine sahip genelci bir tür olarak değerlendirilebilir. Buna karşın böceklere odaklı analiz sonuçlarında bağlantı sayısı, etkileşim ortağı çeşitliliği, etkili etkileşim ortağı sayısı açısından en düşük değerlere (yalnızca bir etkileşim) sahip olan 38 taksondan 16 tanesi sadece *T. polium* bitkisini ziyaret eden taksonlardandır. Polinatörler, ziyaretlerini alanda daha çok karşılaştıkları, yani alanda daha bol olarak gözlenen bitkilere kaydırıp, bu durumdaki bitkilere özelleşme sergileyebilirler; bu durum, besin aramadaki enerji maliyetlerini düşürmektedir (Futuyma & Moreno, 1988; Devictor vd., 2010). Dolayısıyla, özelleşmelerin saptanması için daha geniş ölçekli çalışmalara ihtiyaç olsa da, polinatörlerin besin aramada genelci davranış göstererek çok sayıda bitkinin çiçeklerini ziyaret etmek yerine, besin arama faaliyetleri için enerji yatırımlarını daha az maliyetli olan, alanda çok daha bol, daha çok gözlenen bitki türlerine kaydırarak, bu türlerle özelleşme göstermesinin bir sonucu olarak *T. polium*, çalışma kapsamındaki bazı polinatör

taksonlarının ziyaretlerinin merkezi olmuş olabilir. *T. polium*'un merkezde yer alması da türün, ekosistem açısından önemli bir tür olduğuna işaret etmektedir. Buna ek olarak türler davranışlarına göre özelleşmiş-genelci olarak nitelendirilse de her tür bir kaynakta belirli bir derecede özelleşmektedir, bu durum ekosistem içerisinde söz konusu fonksiyon açısından bir yedeklilik meydana getirmektedir (Blüthgen ve Klein, 2011). Özellikle kaynak konumundaki genelci türler için avantajlardan biri de budur, bu avantajın *T. polium* açısından geçerli olduğu düşünülebilir.

*T. polium*'un hem gözlem bulguları hem de etkileşim ağı açısından öne çıkan bitki türü olması, türün alandaki bolluğu ve bulunduğu familya (Lamiaceae) gereği nektar içeriğinin daha zengin olma potansiyeli gibi başlıklar üzerinden açıklanabilir, buna karşın bu özellikler, alandaki polinatörlerin ve diğer ziyaretçilerin *T. polium*'a çekilmesine yol açmış olabilir. *Teucrium polium*, sahip olduğu özelliklerin etkisiyle alandaki polinasyon odaklı diğer potansiyel etkileşimlerin daralmasına neden oluyor olabilir. Buna karşın aynı özellikler ve farklı bitki türlerinin bir arada bulunmasının polinatörlerin alansal dağılımına katkı yapma potansiyeli üzerinden *T. polium*, alana farklı polinatörlerin ve diğer ziyaretçilerin çekilmesini sağlayıp ekosistem içerisinde farklı bitki-ziyaretçi böcek etkileşimlerini sağlıyor olabilir. Sahip olduğu özellikler ve diğer potansiyel fonksiyonları nedeniyle *T. polium*, ekosisteme odaklı koruma çalışmalarında göz ardı edilmemeli veya tam tersine, öncelenen bir tür olmamalıdır.

Bitkilerin ağ metriklerinde bağlantı sayısı, özelleşme indeksi, etkileşim ortağı çeşitliliği ve etkili etkileşim ortağı sayısı açısından *Polygala guneri* ve *Verbascum gypsicola*, takson gücü konusunda ise sadece *V. gypsicola* en düşük değerlere sahiptir. Bu durum, söz konusu türlerin dar kapsamlı etkileşim stratejisine veya etkileşim ağı içerisindeki özelleşmelerine işaret ediyor gibi görünse de, tez çalışmasının örneklem gücü bu konularda keskin yorumlar yapılabilecek kadar yüksek değildir.

Böceklere odaklı takson düzeyi metriklerinde bağlantı sayısı, takson gücü, etkileşim ortağı çeşitliliği ve etkili etkileşim ortağı sayısı açısından öne çıkan taksonlar *Villa* sp. 1 ve *Nomioides minutissimus* 'tur. En yüksek özelleşme indeksi değerleri ise *Habropoda* sp. 1'de gözlenmektedir. *Villa* sp. 1, çalışma kapsamında en fazla bitki türüyle etkileşim kuran ve en güçlü etkileşimlere sahip taksondur, bu durum *Villa* sp. 1'i etkileşim ağının merkezine yakın genelci bir tür yapmaktadır. *Villa* sp. 1'in merkezi durumu, taksonu ekosistem açısından

önemli bir takson haline getirmektedir. Özellikle *Villa* sp. 1 ve *Nomioides minutissimus* taksonları ağın yapısal kararlılığı için daha kritik bir öneme sahiptir.

En düşük bağlantı sayısı, etkileşim ortağı çeşitliliği ve etkili etkileşim ortağı sayısı bakımından en düşük değerler 38 farklı taksonda aynı olacak şekilde sonuçlanmıştır. En düşük takson gücü ve özelleşme indeksi değerleri ise *Andrena* sp. 7, *Andrena* sp. 9, *Apis mellifera*, Bombyliidae 4, Bombyliidae 7, *Hylaeus* sp. 1, *Lasioglossum politum*, *Phthiria* sp. 1, *Sphaerophoria* sp. 1, *Winthemia* sp. 1 taksonlarındadır. Bu türler etkileşimleri sınırlı olan ve potansiyel özelleşmeleri olabilecek türlerdir. Ağ metrikleri, tür başına göreceli gözlem sayılarından güçlü bir biçimde etkilenmektedir (Blüthgen vd., 2008; Fründ vd., 2010), örnekleme sırasında az gözlemlenmiş olan taksonlarda bu değerler teknik olarak da düşük çıkabilmektedir, bu nedenle özelleşmeleri değerlendirirken dikkatli olmak gerekir. Örneğin çalışma kapsamında saptanmış iki Syrphidae (Diptera) taksonu (*Sphaerophoria* sp. 1 ve *Sphaerophoria* sp. 2) da sadece *T. polium* üzerinde gözlenmiş olsa da, Syrphidae familyasından taksonların polinasyonda genellikle genelci davranış gösterdikleri raporlanmıştır (Branquart ve Hemptinne, 2000). Dolayısıyla sadece *T. polium* ile kurulan etkileşimin özelleşme olduğu düşünülmemelidir. Bir başka örnek olarak, *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae) çalışma kapsamında sadece *T. polium* üzerinde gözlenmiştir. Bu durum, alanda *A. mellifera* bolluğunun azlığını, gözlemler sırasında taksona denk gelmeyi önleyen başkaca faktörleri işaret edebilir ve fakat bu takson ile söz konusu bitki türü arasında herhangi bir özelleşmeye işaret etmemektedir; *A. mellifera* genelci davranış gösteren bir türdür (Hung vd., 2018). Dolayısıyla tez çalışması kapsamındaki örnekleme özelleşmeler hakkında keskin çıkarımlar yapabilmek için yeterli değildir. Ayrıca polinatör özelleşmesini saptayabilmek için sadece ağ metriklerine bakmak da yeterli değildir, aynı zamanda özelleşmedeki diğer etkileşim ortağının çiçeklerinde zamana veya mekâna bağlı bir değişiklik olup olmadığının da saptanması gerekir (Fründ vd., 2010). Çalışma kapsamında özelleşme sinyali gözlenen tüm bitki-polinatör böcek etkileşimleri için daha geniş ölçekli ve merkezine bu konuyu alan çalışmalara ihtiyaç vardır.

## **4.2. eDNA Metabarkodlama Bulgularında Genel Dinamikler**

### **4.2.1. eDNA Metabarkodlama Sonuçları Işığında Genel Eğilimler**

eDNA metabarkodlama ile dört farklı böcek takımı içerisinde 44 farklı takson verisi elde edilmesine karşın, söz konusu taksonlar polinasyona düşük oranda da olsa etki etme

potansiyelleri çok düşük organizmalardır ve bitki türlerini bitki özsuğu ile beslenme için ziyaret etme potansiyeli olan taksonlar listede yoğunluklu olarak bulunmaktadır. Bu durum, beslenme için bitkinin çiçek materyallerini ziyaret etmeyen ve fakat bitkinin farklı materyallerinde bulunabilen taksonların bitki üzerinde gezinmeleri sırasında çiçek materyali üzerinde de DNA bırakabildiklerini göstermektedir. Buna karşın, örnekleme sırasında çiçekler üzerinde gözlenen taksonlar temizlenmiş ve Falcon tüpüne alınmamış olsa bile, çiçeğin içinde kalan ve görülmeyen taksonlar Falcon tüpüne alınmış ve daha yüksek DNA konsantrasyonlarıyla temsil edilmiş olabilirler (Thomsen ve Sigsgaard, 2019). Bu şekilde tespit edilen taksonların eDNA metabarkodlama ile tespit edildiğini ifade etmek doğru olmaz, çünkü çevresel örnek doğrudan hedef taksonun kendisini içermektedir. Fakat, hangi taksonun veriseti içerisinde bu şekilde temsil edildiğini tespit edebilmek, en azından tez çalışmasının bağlamı içerisinde, mümkün görünmemektedir.

eDNA metabarkodlama aracılığıyla tespit edilmiş bulunan taksonlar, gözle görünmesi ve gözlem ile saptanabilmesi zor olan taksonlardır. Bu durum, eDNA metabarkodlamanın gözlem ile tespit edilmesi daha zor olan organizma grupları hakkında veri sağlamada efektif bir yöntem olduğunu bir kez daha göstermektedir (Deiner vd., 2017). Ayrıca, bitki özsuğu ile beslenen taksonların yoğunlaştığı bazı bitkilerde (*Scabiosa pseudograminifolia*, *Scabiosa argentea*, *Acantholimon riyatguelii*), bu taksonlarla beslenme potansiyeli olan Coccinellidae ve Chrysomelidae (Coeloptera) familyalarından taksonlar da tespit edilmiştir. Bitki özsuğu ile beslenen bu taksonlar gözlem ile tespit edilmesi güç olan taksonlardır. Dolayısıyla eDNA metabarkodlama, gözlem ile tespiti güç farklı ekolojik ilişkilerin saptanmasında değerlendirebilecek bir tekniktir.

İlgili literatür (Thomsen ve Sigsgaard, 2019), polinatör böceklerin ziyaret ettikleri çiçeklerde DNA bırakabildiklerini ve çiçek materyallerini polinatörlerin çevrelerinin bir parçası olarak görerek eDNA metabarkodlama çalışmaları yürütülebileceğini işaret ediyor olsa da tez çalışması kapsamında eDNA metabarkodlama ile polinatör böcekler konusunda veri elde edilememiştir. Bu çıktının olası nedenleri, “4.2.2. DNA Metabarkodlama Çalışmalarından Polinatörlere İlişkin Veri Elde Edilememesinin Potansiyel Sebepleri” başlığı altında tartışılmıştır.

Gözlem verileri ile birlikte değerlendirildiğinde, *Teucrium polium*, *Scabiosa argentea* ve *Scabiosa pseudograminifolia*'nın marnlı bozkırda polinasyonla ilişkili veya değil çok sayıda taksonun aktivitelerinin merkezi konumunda olduğu söylenebilir. Bu türlerin hepsi yaygın

bitkiler olduğundan (*Scabiosa pseudograminifolia* yaygın endemik, diğerleri yaygın ve endemik değil), yayılışın farklı canlı grupları ile farklı etkileşimler etrafında şekillenen ekolojik ilişkilerden etkilendiği veya bu ilişkilerin bir sonucu olduğu ifade edilebilir.

#### **4.2.2. eDNA Metabarkodlama Çalışmalarından Polinatörlere İlişkin Veri Elde Edilememesinin Potansiyel Sebepleri**

eDNA metabarkodlama çalışmaları böcekler için sınırlı bir veri sunmuş ve bu çalışmalar kapsamında polinatör böcekler açısından veri elde edilememiştir. Bu kapsamda yapılan araştırmalar (Thomsen ve Sigsgaard, 2019; Johnson vd., 2023) polinatör böceklerin de çiçekler üzerinde genetik materyal bıraktığını göstermiştir, fakat yine aynı literatürde ifade edildiği gibi polinatörler ziyaret ettikleri çiçekler üzerinde kesin olarak genetik materyal bırakmazlar. Dolayısıyla tez çalışması kapsamında bu moleküler teknik ile polinatörlerin tespit edilememesinde çiçeklerdeki polinatör böcek DNA'sı birikiminin düşüklüğü etkili olmuş olabilir. Buna ek olarak, araştırma kapsamındaki bitki türlerinin çiçekleri aynı floral simetri özelliklerine sahiptir, zigomorf simetri durumu çiçeklerdeki DNA birikim potansiyeline etki etmiş olabilir.

Bir başka etmen çalışma alanındaki abiyotik faktörler olabilir. Çalışma sahasındaki abiyotik faktör kompozisyonu, marnlı bozkır alanlarından toplanan örneklerden eDNA metabarkodlama yoluyla polinatör böceklere ilişkin veri eldesini doğrudan etkilemiş olabilir. Marnlı bozkır alanlarındaki beyaz toprak yüzeyi, güneşten gelen ışınları yansıtmakta ve alandaki sıcaklığı yükseltmektedir. eDNA çalışmaları için önde gelen sınırlayıcı faktör, çevreden elde edilen genetik materyalin özellikle alanda etkin sıcaklıklar gibi abiyotik faktörlerden etkilenecek degrade olmasıdır (Ruppert vd., 2019). Görece yüksek sıcaklıklarla birlikte, bozkır alanlarında hâkim olan rüzgâr rejimi, yağış miktarındaki düzensizlik gibi durumlar, metabarkodlama aşamasında kullanılan (çiçekler) ve hedeflenen (polinatör böcekler) veri kaynaklarını doğrudan etkilemiş, çiçek üzerinde polinatör böceklere ait DNA birikiminin önüne geçmiş olabilir. Ayrıca sıcaklık, ışığa maruziyet gibi faktörlerin yanı sıra eDNA örnekleri çevresel örneğin içeriği veya hedef taksonların etkisiyle de degrade olabilir. Bu nedenle örnekler, örnek alımının hemen ardından uygun saklama koşulları altına alınmalıdır (Strickler vd., 2015; Barnes ve Turner, 2016). Arazi çalışması sırasında örneklerin özellikle marnlı bozkır alanlarında etkili olan yüksek sıcaklıklardan etkilenmemesi için örnekler buz akülerinin yer aldığı seyyar buzdolabı içerisinde muhafaza edilmiş olsa da genetik materyal ortam sıcaklığından etkilenmiş olabilir.

Projenin ana araştırma sorularının ve hipotezlerinin araştırılması için eDNA metabarkodlama yöntemi efektif bir metot olmayabilir. Daha önceki çalışmalar (Thomsen ve Sigsgaard, 2019; Johnson vd., 2023) eDNA metabarkodlama yoluyla çiçekler üzerinden polinatör böcek eldesini mümkün olduğunu göstermiş olsa da, tez çalışması kapsamında farklı yayılış ve endemizm özellikleri gösteren bitki gruplarına odaklanılmış ve gözlem yoluyla elde edilen ampirik veriler bu bitki gruplarının farklı ziyaret sıklıklarına sahip olduğunu göstermiştir, dolayısıyla ziyaret sıklığı DNA birikim potansiyeli etkilemiş olabilir. Bu durum, eDNA metabarkodlama sonuçlarına doğrudan etki etmiş olabilir. Fakat bu noktada en azından yüksek ziyaret almış türler için (örneğin *T. polium*) eDNA metabarkodlama sonucunda polinatör böceklere dair veri elde edilmesi beklenirdi. Dolayısıyla çalışma kapsamındaki elde edilen toplam ziyaretin eDNA metabarkodlamanın tespiti için düşük olabileceği hâlâ geçerli olsa da, bu savın desteklenmesi için odağına ziyaret sıklığı ile polinatör böcek tespit oranı arasındaki ilişkiyi alan geniş ölçekli çalışmalara ihtiyaç vardır.

Çevresel örneklerin saklanması etkili yöntemler olarak -20 °C'de, %100 etanolde veya hücre lizis tamponunda saklama önerilmektedir (Goldberg vd., 2016; Ruppert vd., 2019). eDNA metabarkodlama kullanımı ile polinatör böceklerin tespit edilebileceğini bildiren ilk yayının (Thomsen ve Sigsgaard, 2019) laboratuvar çalışmaları akışında örnekler hücre lizis tamponunda saklanmıştır. Tez çalışması kapsamında etanol ana saklama yöntemi olarak seçilmiş ve buna ek olarak örnekler çalışma başlayana kadar 20 °C'de saklanmıştır. Çiçek örneklerinin koruyuculuğunu artırmak hedefiyle etanol içerisinde ve uzun süre muhafaza edilmesi, çalışmanın gidişatını etkilemiş olabilir. Çiçek üzerindeki böceklere ait DNA'nın etanole geçmesi çalışmanın prosedürünü doğrudan etkilemiş, etanol çöktürmesiyle böcek DNA'sı eldesi yeterince başarılı bir şekilde gerçekleştirilememiş olabilir. Bu kapsamdaki potansiyel veri kaybının kaynağı örnek muhafazası için tercih edilen yöntem olabilir.

Örnekleme aşamasında çiçek üzerinde görülen böcek ve diğer omurgasız örnekleri temizlenmiş olsa da gözle görülmeyen örnekler kalmış ve bu durumda eDNA metabarkodlama verilerinde çokça temsil edilen Hemiptera ve Tysanoptera örnekleri etanole geçmiş olabilir. Bu nedenle söz konusu taksonların DNA'sı daha baskın bir biçimde izole edilebilirken, görece daha düşük temsiliyeti olan polinatör DNA'sı izole edilememiş olabilir.

eDNA metabarkodlama çalışmaları kapsamında kullanılan kit ve primerler, literatürden yararlanılarak (Thomsen ve Sigsgaard, 2019) seçilmiş olmasına rağmen spesifik gruplar için

(örneğin polinatör böcekler) efektif olarak çalışmamış olabilir. Bu konuda değerlendirme yapmak için ek çalışmalar planabilir ve izole edilen DNA örnekleri bazı polinatör böcek taksonları için efektif olduğu gösterilmiş başka evrensel primerlerle çoğaltılarak örneklerde polinatör böceklere ilişkin DNA materyali olup olmadığı tespit edilebilir.

Son olarak, çalışmanın biyoinformatik akışı, bu akışta kullanılan biyoinformatik araç (OBITools) ve kullanılan veritabanı (NCBI) da sonuçlara etki etmiş olabilir. Dolayısıyla, fazla katı bir yaklaşımla uygulanan filtreler veri kaybına yol açmış olabilir.

Yukarıda ifade edilen gerekçeler, çalışmanın gidişatını etkileyerek, DNA tespit oranlarını oldukça düşürmüş olabilir. Bu tez çalışması aksine işaret etse de, eDNA metabarkodlamının böcek ekolojisinin araştırma sorularına yanıt vermede kullanılamayacak bir teknik olduğunu iddia etmek güçtür. Ekolojinin sorularıyla biyoteknolojinin tekniklerinin harmanlanması, veri eldesinde kullanılabilir metotların ekoloji alanı içerisindeki güncel sınırlarını görebilmemizi ve veri sağlayan araçları, tekniğe odaklı optimizasyon çalışmalarıyla geliştirebilmemizi sağlayacaktır. Bu noktada tez çalışması, içerdiği araştırma sorularına eDNA metabarkodlama yoluyla sunulabilecek yanıtlara etki etme potansiyeli olan konu başlıklarına dikkat çekmekte, tekniğin böcek ekolojisi için (böceklerin çevresini de örnekleyerek örülen çalışmalar bağlamında da) önemli bir araç olması yolunda metoda katkı yapmaktadır.

## 5. GELECEK ÇALIŞMALAR

Polinasyon açısından neyin, neden ve nasıl olduğu/olmadığı konusu çok sayıda farklı değişkenden oluşan kompleks bir ağın, ağ içerisindeki tüm değişkenlerin ve değişkenlerin birbirleriyle kurdukları etkileşimlerin anlaşılmasını gerekli kılar. Bu anlamda polinatör takson çeşitliliği, zenginliği, tür kompozisyonları ve ziyaret edilen bitki türlerinin tespit edilmesi, kendi başına da değeri çok yüksek olmakla birlikte, bir tür öncül, bir tür ilk aşama görevi görür. Doğadaki polinasyon dinamiklerinin, polinasyon sürecine etki eden biyotik ve abiyotik faktörlerin, bitkilerin ve/veya böceklerin sahip olduğu fonksiyonel karakterlerin ve alanlara etki eden ekolojik süreçlerin anlaşılması, ekosistemler hakkında daha kapsamlı analizler ve bütüncül yorumlar yapabilmemizi sağlayacaktır. Bu bağlamda, bu tez çalışmasında elde edilen bulguların bir sonraki adımının, marnlı bozkırlarda polinasyon süreçlerini etkileyen faktörlerin tespit edilmesi ve alanda etkin polinasyon dinamiklerinin anlaşılması olduğu düşünülmektedir.

Tez çalışması, marnlı bozkır alanlarında yayılış gösteren polinatör böcekleri ve farklı yayılış gruplarında polinatör ve çiçek ziyaretçisi taksonların bazı komünite yapısı metrikleri açısından nasıl bir eğilime sahip olduklarını göstermiştir. Buna karşın, taksonların ekosistem içerisinde varlık göstermesini sağlayan faktörler de ekolojik olarak önemlidir ve araştırılması gerekir. Çalışmanın sonuçları, bu anlamda yeni başka sorular ortaya çıkarmıştır.

Yayılış farkına sahip bitkilerin özellikle polinatör böcekler taksonları için fark gözlenmesi, polinatörlerin ve çiçek ziyaretçilerinin polinasyonda bir kısıtlılık meydana getirerek yayılışta etkisi olabileceğini göstermektedir (Herrera, 1987; Gómez vd., 2010; Bennett vd., 2018) veya yayılış kısıtlı olan bitki taksonlarının alanda daha az gözlenmesinin besin aramanın gerektirdiği yüksek enerji maliyeti nedeniyle polinatörlerce daha az tercih edilmiş olabilesiyle (Futuyma & Moreno, 1988; Devictor vd., 2010) açıklanabilir. Bu iki olası durum, bazı türlerin daha sınırlı bir yayılışa sahip olmasıyla sonuçlanmış olabilir. Marnlı bozkır alanlarında yayılış gösteren bitkilerde yayılış kısıtında polinatörlerle ilişkili olarak hangi durumun öne çıktığının anlaşılması için daha kapsamlı çalışmalara ihtiyaç vardır.

Bitki türlerinin yayılışında polinatörlerin rolünü anlamamanın en etkili yollarından biri, bitkinin polinatörlerinin yokluğunda da hayatta kalıp kalmayacağını anlamaktır (Pauw ve Bond, 2011). Bu kapsamda üç önemli durum öne çıkmaktadır (Bond, 1994), (1) bitkilerin genelci olup olmadığı, (2) bitkilerin tohumlarının üretiminde polinatörlere bağımlı olup

olmamaları, (3) bitki demografisini etkileyen farklı ekolojik etmenlerin olup olmadığı. Bu bağlamdaki en önemli başlık, tohum üretiminde polinatörlerin etkisini anlamaya yönelik olmalıdır. Ek olarak arazi kullanım değişiklikleri ile iklim değişikliği gibi faktörler de polen kısıtlaması üzerinde etki gösterebilir (Bennett vd., 2018). Bu durumda, polen kısıtlamasını oluşturan ana etmen, polenler değil, bitkilerin buldukları ortamda meydana gelen değişimler de olabilir. Bu nedenle uzun süreli izleme çalışmaları ile bu konular etrafında şekillendirilen simülasyon deneyleri de yapılmalıdır.

*Teucrium polium*'un çalışmadaki etkileşim ağının merkezinde olması ve çalışma kapsamındaki komünite yapısı metrikleri açısından en yüksek değerlere sahip olması türün genelci bir tür olduğuna dair çıkarımı güçlendirmektedir. Fakat, *T. polium*'un genelci bir bitki türü oluşu, çiçeklerini ziyaret eden her bir taksonu da genelci yapmamaktadır. Türler, etkileşimleri içerisinde belirli özelleşme derecelerine sahip olabilmektedir (Blüthgen ve Klein, 2011), dolayısıyla, çalışma kapsamında sadece *T. polium*'u ziyaret eden polinatörlerin sayısının yüksek oluşu, *T. polium*'u ziyaret eden polinatörlerin türe farklı ölçeklerde özelleşme göstermesinin bir sonucu da olabilir. Bu doğrultuda, *T. polium*'u merkeze alan çalışmalar yapılarak bir genelci türün ziyaretçileri açısından özelleşme dereceleri tespit edilebilir. Benzer bir şekilde, *Polygala guneri* ve *Verbascum gypsicola*'nın çok az sayıda ziyaret alması, özelleşmelere işaret ediyor gibi görünse de, tez çalışmasının örneklem gücü bu konularda keskin yorumlar yapılabilecek kadar yüksek değildir. Bu nedenle ana araştırma soruları ve etrafında şekillenen hipotezlerin genelci-özelleşmiş davranış olduğu geniş kapsamlı çalışmalara ihtiyaç vardır.

Türlerin özelleşmiş-genelci davranış göstermelerine ek olarak, özelleşmelerin derecelerinin tespit edilmesi, marnlı bozkır ekosistemini tehdit eden faktörlerin alandaki bitki ve polinatör ile çiçek ziyaretçisi türlerin bu tehditlerin ardından toparlanma durumları (direngelik) hakkında öngörülerde bulunmak için de önemlidir. Bu nedenle çalışma kapsamındaki bitki türleri ile özellikle polinatör böcekleri arasındaki etkileşimlerde özelleşme durumu, potansiyel niş tamamlayıcılık ve fonksiyonel yedeklilik ayrıca araştırılmalıdır.

Bitki türleri ile özellikle polinatör böcekler arasındaki etkileşimlerin dinamikleri de ayrı bir araştırma konusu olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu kapsamda, bitki-polinatör böcek etkileşimlerini etkileme potansiyeli olan bitki ve özellikle çiçek fonksiyonel karakterleri ile böceklerin polinasyonla ilişkili fonksiyonel karakterleri araştırılarak, türlerin polinasyon

sürecine etki eden morfoloji, davranış, ekolojik özellik gibi fonksiyonel durumları hakkında veri üretilebilir.

eDNA metabarkodlama, klasik metotlarla elde edilenden daha geniş ölçekli veri sunma potansiyeli bakımından önemli bir yerde duran ve biyoçeşitlilik ile türler arası etkileşimlerin anlaşılmasındaki önemi daha önce defalarca işaret edilmiş olan bir teknik olsa da tez çalışması kapsamında eDNA metabarkodlamadan yalnızca çiçek ziyaretçilerine dair veri elde edilebilmiştir. Tekniğin polinatör böcekler konusunda da veri sağladığı önceki çalışmalarla gösterilmiş olduğundan, eDNA metabarkodlamanın tez çalışması kapsamında polinatörlerle ilgili neden veri sağlamadığını saptamak tekniğin optimizasyonu açısından önemli bir yerde durmaktadır. Bu kapsamda yeni ve geniş ölçekli çalışmalara ihtiyaç vardır. Gelecekte, bu noktayı merkezine alan, biyoteknoloji ve ekolojinin kesişiminde kalan yeni çalışmaların yapılması önerilmekte, bu anlamdaki interdisipliner çalışmaların böcek ekolojisine veri kaynağı sağlama açısından büyük katkılar yapacağı öngörülmektedir.

## 6. SONUÇ

Çalışmada bitki türleri ve polinatör böcekler ile tüm ziyaretçi taksonlarının komünite dinamiklerine odaklanılmış ve polinatör böcek ve tüm ziyaretçi taksonlarının oluşturduğu komünitelerin yayılış grupları arasında değişiklik gösterdiği tespit edilmiştir. Yaygın ve endemik olmayan bitki gruplarındaki polinatör ve ziyaretçi taksonların zenginliği, çeşitliliği ve ziyaret sıklığı açısından diğer yayılış gruplarından yüksek değerlere sahip olduğu ve önemli bir ekosistem hizmeti olan polinasyon açısından ekosistem içerisinde öne çıktıkları gözlenmiştir. Bu sonuca en büyük katkıyı *Teucrium polium* bitkisi yapmıştır. Dar yayılışlı bitkiler takson zenginliği, takson çeşitliliği ve ziyaret sıklığı açısından düşük değerlere sahiptir ve yaygın ve endemik olmayan bitkilerle aralarında bu açılardan istatistiksel olarak fark bulunmaktadır. Bu durum, dar yayılışlı bitkilerde polinatör ziyaretinin düşüklüğü nedeniyle polen kısıtlamasının meydana gelmiş olabileceğini düşündürmektedir. Buna karşın yayılış grupları arasında komünite kompozisyonlarında fark gözlenmemiştir. Bu sonucun, çalışma kapsamında örneklenen polinatör taksonlarının bitkiler arasında farklılaşacak şekilde dağılmış olmasına ve polinatör ile tüm ziyaretçi verisinde geniş bir varyasyonun görülmesine bağlı olduğu sonucuna varılmıştır.

Etkileşim ağı analizinden elde edilen bulgular, *T. polium*'un ve polinatör böcek türlerinden *Villa* sp. 1'in genelci davranışa ve dolayısıyla daha geniş ölçekli bir niş genişliğine sahip olduklarına işaret etmektedir. Benzer şekilde *Verbascum gypsicola* ve *Polygala guneri* gibi düşük ziyaret alan türlerde ise özelleşmeler söz konusu olabileceği anlaşılmıştır. Çalışma kapsamında örneklenmiş olan böcek taksonlarının çoğu tekil etkileşimler kurmaktadır, dolayısıyla bu durum da taksonların özelleşmiş davranışını ifade ediyor olabilir. Bununla birlikte, bu tez çalışmasında daha kapsamlı bir örnekleme yapılmış olsaydı, tekil etkileşimlerin sayısının daha az olabileceğinin de not edilmesi gereklidir. Bu konu hakkında daha net çıkarımların yapılması için türlerin özelleşmiş-genelci davranışlarını merkeze alan daha geniş ölçekli çalışmalara ihtiyaç vardır.

Tez çalışmasında veri eldesinde kullanılan diğer bir teknik eDNA metabarkodlama gözlem ile tespit edilmesi zor bazı çiçek ziyaretçisi taksonları açısından sonuç vermiş olsa da, bu teknik polinatör böcekler açısından çıktı elde edilememiştir. Bu durum tekniğin, bazı çiçek ziyaretçisi taksonlar için efektif olabileceğine, buna karşın polinatör böceklerin tespit edilebilmesi için tekniğe odaklı optimizasyon çalışmalarına ihtiyaç olduğunu göstermektedir.

Sonu olarak bu tez alıřması, İ Anadolu marnlı bozkır ekosisteminde yayılıř gsteren polinatr bcekleri ve marnlı bozkırda farklı yayılıř rntlerine sahip bitkilerle bu polinatr bcekler arasındaki iliřkileri ortaya koymaktadır. Tez alıřması sonucunda elde edilen polinatr bcek takson listesi, yoęun tarım faaliyeti, ařırđ otlatma, aęalandırma baskısı ve iklim deęiřiklięi gibi faktrler nedeniyle tehdit altında olan İ Anadolu marnlı bozkır ekosistemlerine ynelik olarak planlanabilecek koruma alıřmalarına katkı sunabilecektir; bu baęlamda alıřma kapsamında retilen veri, trlerin sahip oldukları tr etkileřimleriyle birlikte korunarak daha etkin bir koruma planlaması yapılmasına olanak saęlayabilecek olması aısından da kıymetli bir yerde durmaktadır.

## KAYNAKLAR

- Abbas, M., Klein, A.-M., Ebeling, A., Oelmann, Y., Ptacnik, R., Weisser, W. W., Hillebrand, H. Plant diversity effects on pollinating and herbivorous insects can be linked to plant stoichiometry. *Basic and Applied Ecology*, 15(2), 169–176. **2014.**
- Aizen, M. A. ve Harder, L. D. Expanding the limits of the pollen-limitation concept: effects of pollen quantity and quality. *Ecology*, 88:271–81. **2007.**
- Aktuz, N. C., Avcıođlu-Çokçalışkan, B., Acar, R., Aksoy, E., Bauer, F., Bushi, E., Camilli, B., Çil, A., Dudu, D., Keskin, S., Malkoç, E., Martin, J., Maruniak, E., Mencet-Yelbođa, M. N., Moody, R. S., Semenova, T., Sharp, N., Siposs, V., Tekin, E., Türker, S. N., Öztürk, Y. Bozdemir, F. Anadolu Bozkır Ekosistemleri İçin İklim Deđişikliğine Ekosistem Tabanlı Uyum Stratejisi. Bozkır Ekosistemlerinde İklim Deđişikliğine Ekosistem Tabanlı Uyum için Tarımsal Uygulamalar, DOGER/AIEBA/TR2012/0740.14-2/ GRA/024, GCP/TUR/063-EC, Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü Orta Asya Alt Bölge Ofisi (FAO-SEC), Ankara. **2018.**
- Amarasekare P. Spatial dynamics of mutualistic interactions. *Journal of Animal Ecology*, 73:128–42. **2004.**
- Ambarlı, D., Zeydanlı, U. S., Balkız, Ö. vd. An overview of biodiversity and conservation status of steppes of the Anatolian Biogeographical Region. *Biodiversity and Conservation*, 25: 2491–2519. **2016.**
- Anonim. Resmi Tarımsal İlaç İstatistikleri. T.C. Tarım ve Orman Bakanlığı, Ankara. <https://www.tarimorman.gov.tr/GKGM/Menu/115/Resmi-Tarimsal-Ilac-Istatistikleri>. **2022.**
- Anonim. Ađaçlandırma İstatistikleri, OGM Resmi İstatistikler, <https://www.ogm.gov.tr/tr/e-kutuphane/resmi-istatistikler>, **2023.**
- Araújo, M. B. ve Luoto, M. The importance of biotic interactions for modelling species distributions under climate change. *Global Ecology and Biogeography*, 16: 743–753. **2007.**

- Arslantürk, N. Sivrihisar Dağlarının (Eskişehir) Bitki Ekolojisi ve Bitki Sosyolojisi Yönünden Araştırılması. Doktora Tezi, Ankara Üniversitesi, **2007**.
- Bahadır, Y. N. ve Duman, H. Aşağı Kepen-Ertuğrul-Kurtşeyh-Buzluca (Sivrihisar-Eskişehir, Türkiye) Köyleri Arasının Florası. *Bağbahçe Bilim Dergisi*, 8(1), 239-258. **2021**.
- Bahar, A. & Tavşanoğlu, Ç. The effect of grazing on Central Anatolian Steppe vegetation: A modeling approach using functional traits. *Ecology and Evolution*, 14(11): e70499. **2024**.
- Barnes, M. A., Turner, C. R. The ecology of environmental DNA and implications for conservation genetics. *Conservation Genetics*, 17:1-17. **2016**.
- Bascompte, J. Disentangling the Web of Life. *Science*, 325(5939): 416–419. **2009**.
- Bascompte, J., Jordano, P. Plant-animal mutualistic networks: The architecture of biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 38:567–593. **2007**.
- Bascompte, J., Jordano, P., Olesen, J. M. Asymmetric coevolutionary networks facilitate biodiversity maintenance. *Science*, 312(5772):431-433. **2006**.
- Bates D., Maechler M., Bolker B., Walker S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software*, 67:1–48. **2015**.
- Beckmann M, Gerstner K, Akin- Fajiye M, Ceauşu, S. Kambach, S., Kinlock, N. L., Phillips, H. R. P., Verhagen, W., Gurevitch, J., Klotz, S., Newbold, T., Verburg, P. H., Winter, M., Seppelt, R. Conventional land-use intensification reduces species richness and increases production: A global meta- analysis. *Global Change Biology*, 25(6):1–16. **2019**.
- Begon, M., Townsend, C. R., Harper, J. L. *Ecology: From Individuals to Ecosystems* (4. baskı). Oxford: Wiley-Blackwell, 759 s. **2006**.
- Bennett, J. M., Steets, J. A., Burns, J. H., Burkle, L. A., Vamosi, J. C., Wolowski, M., Arceo-Gómez, G., Burd, M., Durka, W., Ellis, A. G., Freitas, L., Li, J., Rodger, J. G., Ştefan, V., Xia, J., Knight, T. M., Ashman, T-L. Land use and pollinator dependency drives

global patterns of pollen limitation in the Anthropocene. *Nature Communications*, 11: 3999. **2020.**

Bennett, J. M., Steets, J. A., Burns, J. H., Durka, W., Vamosi, J. C., Arceo-Gómez, G., Burd, M., Burkle, L. A., Ellis, A. G., Freitas, L., Li, J., Rodger, J. G., Wolowski, M., Xia, J., Ashman, T-L., Knight, T. M. GloPL, a global data base on pollen limitation of plant reproduction. *Scientific Data*, 5: 180249. **2018.**

Biesmeijer, J. C., Roberts, S. P. M., Reemer, M., Ohlemüller, R., Edwards, M., Peeters, T., Schaffers, A. P., Potts, S. G., Kleukers, R., Thomas, C. D., Settele, J., Kunin, W. E. Parallel declines in pollinators and insect-pollinated plants in Britain and the Netherlands. *Science*, 313: 351–354. **2006.**

Blüthgen, N., Fründ, J., Vázquez, D. P., Menzel, F. What Do Interaction Network Metrics Tell Us About Specialization And Biological Traits. *Ecology*, 89(12), 3387–3399. **2008.**

Blüthgen, N., ve Klein, A. M. Functional complementarity and specialisation: The role of biodiversity in plant–pollinator interactions. *Basic and Applied Ecology*, 12(4): 282–291. **2011.**

Bond, W. J. Do mutualisms matter: assessing the impact of pollinator and disperser disruption on plant extinction. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 344: 83 – 90. **1994.**

Borror, D. J., Triplehorn, C. A., Johnson, N. F. *An Introduction to the Study of Insects* (6th Edition). USA: Brooks/Cole Thomson Learning. **1989.**

Branquart, E. ve Hemptinne, J. L. Selectivity in the exploitation of floral resources by hoverflies (Diptera: Syrphinae). *Ecography*, 23: 732–742. **2000.**

Burkle, L. A. ve Runyon, J. B. Drought and leaf herbivory influence floral volatiles and pollinator visitation. *Global Change Biology*, 22(5): 1644–1654. **2016.**

Callaway, R. M., Brooker, R. W., Choler, P., Kikvidze, Z., Lortie, C. J., Michalet, R., Paolini, L., Pugnaire, F. I., Newingham, B., Aschehoug, E. T., Armas, C., Kikodze,

- D. & Cook, B. J. Positive interactions among alpine plants increase with stress. *Nature*, 417: 844–848. **2002**.
- Carscadden, K. A., Emery, N. C., Arnillas, C. A., Cadotte, M. W., Afkhami, M. E., Gravel, D., Livingstone, S. W., Wiens, J. J. Niche breadth: Causes and consequences for ecology, evolution, and conservation. *The Quarterly Review of Biology*, 95(3). **2020**.
- Chen, M. ve Zuo, X-A. Pollen limitation and resource limitation affect the reproductive success of *Medicago sativa* L. *BMC Ecology*, 18: 28. **2018**.
- Connell, J. H. Diversity in tropical rain forests and coral reefs. *Science*, 199:1302-1310. **1978**.
- Connell, J. H. The influence of interspecific competition and other factors on the distribution of the barnacle *Chthamalus stellatus*. *Ecology*, 42(4): 710–723. **1961**.
- Conservation International. Biodiversity Hotspots. <https://www.conservation.org/priorities/biodiversity-hotspots>, (Erişim tarihi: 05.03.2025), **2025**.
- Csardi G, Nepusz T. The igraph software package for complex network research. *InterJournal, Complex Systems*, 1695. <https://igraph.org>. **2006**.
- D'Andrea, R., ve Ostling, A. Challenges in linking trait patterns to niche differentiation. *Oikos*, 125(10): 1369–1385. **2016**.
- Darwin C. On the Various Contrivances by Which British and Foreign Orchids are Fertilised by Insects, and on the Good Effects of Intercrossing. London: Murray. **1862**.
- Davis, A.J., Jenkinson, L.S., Lawton, J.L., Shorrocks, B. & Wood, S. Making mistakes when predicting shifts in species range in response to global warming. *Nature*, 391:783–786. **1998**.
- Deiner, K., Walser, J., Mächler, E., Altermatt, F. Choice of capture and extraction methods affect detection of freshwater biodiversity from environmental DNA. *Biological Conservation*, 183:53-63. **2015**.

- Deiner, K., Bik, H. M., Mächler, E., Seymour, M., Lacoursière-Roussel, A., Altermatt, F. vd. Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology*, 26(21): 5872–5895. **2017**.
- Desneux, N., Decourtye, A., Delpuech, J. M. The sublethal effects of pesticides on beneficial arthropods. *Annual Review of Entomology*, 52:81-106. **2007**.
- Devictor, V., Clavel, J., Julliard, R., Lavergne, S., Mouillot, D., Thuiller, W., Venail, P., Villéger, S., & Mouquet, N. Defining and measuring ecological specialization. *Journal of Applied Ecology*, 47(1): 15–25. **2010**.
- Dodd, M., Silvertown, J., Chase, M. Phylogenetic analysis of trait evolution and species diversity variation among angiosperm families. *Evolution*, 53:732–44. **1999**.
- Doublet, V., Doyle, T., Refoy, I., Hedges, S., Carvell, C., Brown, M. J. F., Wilfert, L. Increasing flower species richness in agricultural landscapes alters insect pollinator networks: Implications for bee health and competition. *Ecology and Evolution*, 12(10): e9442. **2022**.
- Duan, Y.W., Zhang, T.F., Liu, J.Q. Interannual fluctuations in floral longevity, pollinator visitation and pollination limitation of an alpine plant (*Gentiana straminea* Maxim., Gentianaceae) at two altitudes in the Qinghai-Tibetan Plateau. *Plant Systematics and Evolution*, 267: 255–265. **2007**.
- Dubuis, A., Rossier, L., Pottier, J., Pellissier, L., Vittoz, P., Guisan, A. Predicting current and future spatial community patterns of plant functional traits. *Ecography*, 36, 1158–1168. **2013**.
- Ebeling, A., Klein, A.-M., Schumacher, J., Weisser, W. W., & Tschardtke, T. How does plant richness affect pollinator richness and temporal stability of flower visits? *Oikos*, 117(12): 1808–1815. **2008**.
- Eken, G., Bozdoğan, M., Isfendiyaroğlu, S., Kılıç, D. T., Lise, Y. (eds.). *Türkiye'nin Önemli Doğa Alanları*. Ankara: Doğa Derneği. **2006**.

- Elmqvist, T., Folke, C., Nyström, M., Peterson, G., Bengtsson, J., Walker, B., Norberg, J. Response diversity, ecosystem change, and resilience. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 1(9): 488-494. **2003**.
- Encinas-Viso, F., Bovill, J., Albrecht, D. E., Florez-Fernandez, J., Lessard, B., Lumbers, J., Rodriguez, J., Schmidt-Lebuhn, A., Zwick, A., Milla, L. Pollen DNA metabarcoding reveals cryptic diversity and high spatial turnover in alpine plant–pollinator networks, *Molecular Ecology*, 32(23):6377-6393. **2023**.
- Eriksson, O ve Jakobsson, A. Abundance, distribution and life histories of grassland plants: a comparative study of 81 species. *Journal of Ecology*, 86(6): 922-933. **1998**.
- Fægri, K. ve van der Pijl, L. Pollination in angiosperms. *Principles of Pollination Ecology*, Elsevier B.V. (3. baskı), 13–33. **1979a**.
- Fægri, K. ve van der Pijl, L. Abiotic pollination. *Principles of Pollination Ecology*, Elsevier B.V. (3. baskı), 34-41. **1979b**.
- Fægri, K. ve van der Pijl, L. Biotic pollination. *Principles, Principles of Pollination Ecology*, Elsevier B.V. (3. baskı), 42-54. **1979c**.
- Fægri, K. ve van der Pijl, L. Animals as pollinators. *Principles of Pollination Ecology*, Elsevier B.V. (3. baskı), 96–133. **1979d**.
- FAO-TOB. Ulusal Bozkır Koruma Strateji ve Eylem Planı. Türkiye'nin Bozkır Ekosistemlerinin Korunması ve Sürdürülebilir Yönetimi Projesi Yayını. Ankara, Türkiye. Doğa Koruma Merkezi, 167 s. **2021**.
- Fenster, C. B., W. S. Armbruster, P. Wilson, M. R. Dudash, J. D. Thomson. Pollination syndromes and floral specialization. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 35: 375–403. **2004**.
- Filazzola, A., Brown, C., Dettlaff, M. A., Batbaatar, A., Grenke, J., Bao, T., Heida, I. P., Cahill Jr., J. F. The effects of livestock grazing on biodiversity are multitrophic: a meta-analysis. *Ecology Letters*, 23:1298–1309. **2020**.

- Fleming, T. H. ve Muchhala, N. Nectar-feeding bird and bat niches in two worlds: pantropical comparisons of vertebrate pollination systems. *Journal of Biogeography*, 35(5): 764-780. **2008**.
- Foley, J. A., DeFries, R., Asner, G. P., Barford, C., Bonan, G., Carpenter, S. R., Chapin, S. Coe, M. T., Daily, G. C., Gibbs, H. K., Helkowski, J. H., Holloway, T., Howard, E. A., Kucharik, C. J., Monfreda, C., Patz, J. A., Prentice, C., Ramankutty, N., Snyder, P. K. Global consequences of land use. *Science*, 309:570-574. **2005**.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAOSTAT (database), Pesticides Use, <https://www.fao.org/faostat/en/#data/RP>. **2022**.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations, Pesticides use and trade (1990–2022). <https://www.fao.org/statistics/highlights-archive/highlights-detail/pesticides-use-and-trade-1990-2022/en>. **2024**.
- Forister, M. L., Pelton, E. M., Black, S. H. Declines in insect abundance and diversity: We know enough to act now. *Conservation Science and Practice*, 1(8): e80. **2019**.
- Forrest, J. R. K. Complex responses of insect phenology to climate change. *Current Opinion in Insect Science*, 17: 49-54. **2016**.
- Fort, H., ve Mungan, M. Predicting abundances of plants and pollinators using a simple compartmental mutualistic model. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 282(1808), 20150592. **2015**.
- Fründ, J., Linsenmair, K. E., & Blüthgen, N. Pollinator diversity and specialization in relation to flower diversity. *Oikos*, 119(10): 1581–1590. **2010**.
- Futuyma D. J., Moreno G. The evolution of ecological specialization. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 19:207–233. **1988**.
- García-Robledo, C., Erickson, D. L., Staines, C. L., Erwin, T. L., Kress, W. J. Tropical plant–herbivore networks: Reconstructing species interactions using DNA barcodes. *PLoS ONE*, 8(1):e52967. **2013**.

- Gaston, K.J. ve Kunin, W.E. *The Biology of Rarity: Causes and Consequences of Rare–Common Differences* (eds W. E. Kunin & K. J. Gaston), Chapman & Hall, London. **1997.**
- Geiger, F., Bengtsson, J., Berendse, F. vd. Persistent negative effects of pesticides on biodiversity and biological control potential on European farmland. *Basic and Applied Ecology*, 11(2): 97-105. **2010.**
- Ghazoul, J. Floral diversity and the facilitation of pollination. *Journal of Ecology*, 94: 295–304. **2006.**
- Goldberg, C.S., Turner, C.R., Deiner, K., Klymus, K.E., Thomsen, P.F., Murphy, M.A., Spear, S.F., McKee, A., Oyler-McCance, S.J., Cornman, R.S., Laramie, M.B., Mahon, A.R., Lance, R.F., Pilliod, D.S., Strickler, K.M., Waits, L.P., Fremier, A.K., Takahara, T., Herder, J.E., Taberlet, P., Critical considerations for the application of environmental DNA methods to detect aquatic species. *Methods in Ecology and Evolution*, 7:1299e1307. **2016.**
- Gómez, J. M., Bosch, J., Perfectti, F., Fernández, J. D. ve Abdelaziz, M. Pollinator diversity effects plant reproduction and recruitment: the tradeoffs of generalization. *Oecologia*, 153: 597–605. **2007.**
- Gómez, J.M., Abdelaziz, M., Lorite, J., Munõz-Pajares, A.J., Perfectti, F. Changes in pollinator fauna cause spatial variation in pollen limitation. *Journal of Ecology*, 98:1243–52. **2010.**
- González-Varo, J. P., Arroyo, J. ve Aparicio, A. Effects of fragmentation on pollinator assemblage, pollen limitation and seed production of Mediterranean myrtle (*Myrtus communis*). *Biological Conservation*, 142:1058–1065. **2009.**
- Goulson, D. An overview of the environmental risks posed by neonicotinoid insecticides. *Journal of Applied Ecology*, 50(4): 977-987. **2013.**
- Gür, H. Anadolu Diyagonalı: Bir biyocoğrafı sınırın anatomisi. *Kebikeç*, 43:177-188. **2017.**
- Haberl, H., Erb, K. H., Krausmann, F., Gaube, V., Bondeau, A., Plutzer, C., Gingrich, S., Lucht, W., Fischer-Kowalski, M. Quantifying and mapping the human appropriation

of net primary production in earth's terrestrial ecosystems. *PNAS*, 104:12942–12947. **2007.**

Hallmann, C. A., Sorg, M., Jongejans, E., Siepel, H., Hofland, N., Schwan, H., Stenmans, W., Müller, A., Sumser, H., Hörren, T., Goulson, D., Kroon, H. More than 75 percent decline over 27 years in total flying insect biomass in protected areas. *PLOS ONE*, 12(10): e0185809. **2017.**

Harper, L. R., Niemiller, M. L., Benito, J. B., Paddock, L. E., Knittle, E., Molano-Flores, B., Davis, M. A. BeeDNA: Microfluidic environmental DNA metabarcoding as a tool for connecting plant and pollinator communities. *Environmental DNA*, 5(1): 191-211. **2023.**

Hart, R. H. Plant biodiversity on shortgrass steppe after 55 years of zero, light, moderate, or heavy cattle grazing. *Plant Ecology*, 155:111–118. **2001.**

Harvey, J. A. vd. Scientists' warning on climate change and insects. *Ecological Monographs (ESA)*, e1553. **2022.**

Herrera C. Components of pollinator quality: comparative analysis of a diverse insect assemblage. *Oikos*. 50:79–90. **1987.**

Hobbs, R.J. & Huenneke, L.F. Disturbance, diversity, and invasion: Implications for conservation. *Conservation Biology*, 6:324–337. **1992.**

Holt, R. D., Lawton, J. H., Gaston, K. J. On the relationship between range size and local abundance: back to basics. *Oikos*, 78, 183 – 190. **1997.**

Hung, K-L. J., Kingston, J. M., Albrecht, M., Holway, D. A., Kohn, J. R. The worldwide importance of honey bees as pollinators in natural habitats. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 285: 20172140. **2018.**

Intergovernmental Panel on Climate Change (IPCC). Cross-Chapter Paper 1: Mountains. In H.-O. Pörtner, D.C. Roberts, M. Tignor, E.S. Poloczanska, K. Mintenbeck, A. Alegría, M. Craig, S. Langsdorf, S. Löschke, V. Möller, A. Okem, B. Rama (Eds.), *Climate Change 2022: Impacts, Adaptation and Vulnerability. Contribution of Working Group II to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on*

- Climate Change (pp. 2043–2087). Cambridge University Press.  
<https://www.ipcc.ch/report/ar6/wg2/chapter/ccp1/>, **2022**.
- IUCN. IUCN Kırmızı Liste Sınıfları ve Ölçütleri – Türkçe Çeviri (Sürüm 3.1).  
<https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/RL-2001-001-2nd-Tr.pdf>, **2016**.
- IUCN. Tehdit Altındaki Türlerin IUCN Kırmızı Listesi. Sürüm 2025-1.  
<https://www.iucnredlist.org>. **2025**.
- Johnson, M. D., Katz, A. D., Davis, M. A., Tetzlaff, S., Edlund, D., Tomczyk, S., Molano-Flores, B., Wilder, T., Sperry, J. H. Environmental DNA metabarcoding from flowers reveals arthropod pollinators, plant pests, parasites, and potential predator–prey interactions while revealing more arthropod diversity than camera traps. *Environmental DNA*, 5(3):551-569. **2023**.
- Junker, R. R., ve Blüthgen, N. Floral scents repel facultative flower visitors, but attract obligate ones. *Annals of Botany*, 105(5):777–782. **2010**.
- Kajtoch, Ł., Mazur, M. A. The impact of environmental conditions on efficiency of host plant DNA barcoding for polyphagous beetles. *Environmental Entomology*, 44(2):325–329. **2015**.
- Kassen, R. The experimental evolution of specialists, generalists, and the maintenance of diversity. *Journal of Evolutionary Biology*, 15(2):173–190. **2002**.
- Kehoe, L., Romero-Muñoz, A., Polaina, E., Estes, L., Kreft, H., Kueemmerle, T. Biodiversity at risk under future cropland expansion and intensification. *Nature Ecology & Evolution*, 1:1129–1135. **2017**.
- Kestel, J. H., Bateman, P. W., Field, D. L., White, N. E., Lines, R., & Nevill, P. eDNA metabarcoding of avocado flowers: ‘Hass’ it got potential to survey arthropods in food production systems? *Molecular Ecology Resources*, 23, 1540–1555. **2023**.
- King, J. R. ve Brooks, R. M. The terminology of pollination. *Science*, 105(2728): 379–380. **1947**.

- Knight, T. M., Steets, J. A., Vamosi, J. C., Mazer, S. J., Burd, M., Campbell, D. R., Dudash, M. R., Johnston, M. O., Mitchell, R. J., Ash, T-L. Pollen limitation of plant reproduction: Pattern and process. *Annual Reviews of Ecology and Evolution Systematics*, 36:467-97. **2005**.
- Koç, A., Turkish rangelands and shrub culture. *Rangelands*, 22: 25–26. **2000**.
- Kolde, R. pheatmap: Pretty Heatmaps. R package version 1.0.13, <https://github.com/raivokolde/pheatmap>. **2025**.
- Krebs, C. J. *Ekoloji: Yayılım ve Bolluğun Deneysel Analizi* (Ö. E. Kasap, Çev. Ed.). Nobel Akademik Yayıncılık. **2024**.
- Kunz, T. H., Braun de Torrez, E., Bauer, D., Lobova, T., Fleming, T. H. Ecosystem services provided by bats. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1223(1): 1-38. **2011**.
- Kürschner, H., Parolly, G. The central Anatolian steppe. In: Werger MJA, van Staalduinen MA (eds) *Eurasian steppes. Ecological problems and livelihoods in a changing world*. Springer: Dodrecht, s. 149–171. **2012**.
- Larson, B.M.H., Kevan, P.G. and Inouye, D.W. Flies and flowers: taxonomic diversity of anthophiles and pollinators. *The Canadian Entomologist* 133: 439-465. **2001**.
- Lawton, J. H. ve Brown, V. K. Redundancy in ecosystems. Editörler: Schulze, E. D. ve Mooney, H. A., *Biodiversity and ecosystem function*. Springer, s. 255–270. **1993**.
- Lázaro, A., Tscheulin, T., Devalez, J., Nakas, G., Petanidou, T. Effects of grazing intensity on pollinator abundance and diversity, and on pollination services. *Ecological Entomology*, 41(4), 400-412. **2016**.
- Lenth R. emmeans: Estimated Marginal Means, aka Least-Squares Means. R package version 1.11.1-00001, <https://rvlenth.github.io/emmeans/>. **2025**.
- Levine, J. M., ve Hille Ris Lambers, J. The importance of niches for the maintenance of species diversity. *Nature*, 461: 254–257. **2009**.

- Lucas, A., Bodger, O., Brosi, B. J., Ford, C. R., Forman, D. W., Greig, C., Hegarty, M., Neyland, P. J., de Vere, N. Generalisation and specialisation in hoverfly (Syrphidae) grassland pollen transport networks revealed by DNA metabarcoding. *Journal of Animal Ecology*, 87(4):1008–1021. **2018.**
- MacArthur, R. H. Fluctuation of animal populations and a measure of community stability. *Ecology*, 36, 533–536. **1955.**
- MacArthur, R. H. *Geographical Ecology*. Harper & Row, New York. **1972.**
- Mack, R. N. ve Thompson, J. N. Evolution in steppe with few large, hooved mammals. *The American Naturalist*, 119:757–773. **1982.**
- MacLean, H. J., Penick, C. A., Dunn, R. R., Diamond, S. E. Experimental winter warming modifies thermal performance and primes acorn ants for warm weather. *Journal of Insect Physiology*, 100:77–81. **2017.**
- Masonick, P., Hernandez, M., Weirauch, C. No guts, no glory: Gut content metabarcoding unveils the diet of a flower-associated coastal sage scrub predator. *Ecosphere*, 10(5):e02712. **2019.**
- Mausser, W., Klepper, G., Zabel, F., Delzeit, R., Hank, T., Putzenlechner, B., Calzadilla, A. Global biomass production potentials exceed expected future demand without the need for cropland expansion. *Nature Communications*, 6: 8946. **2015.**
- Maxwell, S., Fuller, R., Brooks, T., Watson, J. E. M. 2016. Biodiversity: The ravages of guns, nets and bulldozers. *Nature*, 536:143–145. **2016.**
- Milchunas, D.G. ve Lauenroth, W.K. Quantitative effects of grazing on vegetation and soils over a global range of environments. *Ecological Monographs*, 63:327–366. **1993.**
- Mittermeier R.A., Turner, W.R., Larsen, F.W., Brooks, T.M., Gascon, C. Global biodiversity conservation: the critical role of hotspots. In: Zachos FE, Habel JC (eds) *Biodiversity hotspots - distribution and protection of conservation priority areas*. Springer: Berlin, pp 3–22. **2011.**
- Møller, A. P. ve Eriksson, M. Pollinator preference for symmetrical flowers and sexual selection in plants. *Oikos*, 73: 15-22. **1995.**

- Munkhzul, O., Khurelpurev, O., Narantuya, N., Tuvshintogtokh, I., Oyuntsetseg, B., Wesche, K., Jäschke, J. Grazing effects on Mongolian steppe vegetation - A systematic review of local literature. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9: 703220. **2021.**
- Ogram, A., Sayler, G.S., Barkay, T. The extraction and purification of microbial DNA from sediments. *Journal of Microbiological Methods*, 7:57–66. **1987.**
- Oksanen, J., Blanchet, F. G., Friendly, M., Kindt, R., Legendre, P. vd. 2018. “vegan: community ecology package. R package version 2.4-6.” <https://CRAN.R-project.org/package=vegan>. **2018.**
- Oliver, T. H., Brereton, T., Roy, D. B. Population resilience to an extreme drought is influenced by habitat area and fragmentation in the local landscape. *Ecography*, 35(6):509–518. **2012.**
- Ollerton, J., Winfree, R., Tarrant, S. How many flowering plants are pollinated by animals? *Oikos*, 120: 321–326. **2011.**
- Özekan, D. ve Mumcu Akan, H. D. Türkiye'nin tarımsal ürün deseninin Batı ve Orta Anadolu özelinde analizi. *Uluslararası Ekonomi ve Yenilik Dergisi*, 9(2):251-272. **2023.**
- Özüdoğru, Ö., Özüdoğru, B., Tavşanoğlu, Ç. Recovery of a plant community in the Central Anatolian Steppe after small-scale disturbances. *Folia Geobotanica*, 56: 241–254. **2021.**
- Pausas, J. & Bond, W. J. On the three major recycling pathways in terrestrial ecosystems. *Trends in Ecology & Evolution*, 35(9):767-775. **2020.**
- Pauw, A., ve Bond, W. J. Mutualisms matter: pollination rate limits the distribution of oil-secreting orchids. *Oikos*, 120(10): 1531–1538. **2011.**
- Pearson, R. G. ve Dawson, T. P. Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? *Global Ecology and Biogeography*, 12(5): 361-371. **2003.**

- Pedersen, T. *ggraph: An Implementation of Grammar of Graphics for Graphs and Networks*. R package version 2.2.1.9000, <https://github.com/thomasp85/ggraph>, <https://ggraph.data-imaginist.com>. **2024**.
- Pélabon, C., Osler, N. C., Diekmann, M., Graae, B. J. Decoupled phenotypic variation between floral and vegetative traits: Distinguishing between developmental and environmental correlations. *Annals of Botany*, 111(5): 935-944. **2013**.
- Pellissier, L., Pinto-Figueroa, E., Niculita-Hirzel, H., Moora, M., Villard, L., Goudet, J., Guex, N., Pagni, M., Xenarios, I., Sanders, I., Guisan, A. Plant species distributions along environmental gradients: Do belowground interactions with fungi matter? *Frontiers in Plant Science*, 4: 500. **2013**.
- Peralta-Maraver, I. ve Rezende, E. L. Heat tolerance in ectotherms scales predictably with body size. *Nature Climate Change*, 11:58–63. **2020**.
- Pérez-Gómez, A., Godoy, O., Ojeda, F. Beware of trees: Pine afforestation of a naturally treeless habitat reduces flower and pollinator diversity. *Global Ecology and Conservation*, 50: e02808. **2024**.
- Pérez-Gómez, A., Godoy, O., Ojeda, F., Repeto-Deudero, I., Kaiser-Bunbury, C., Simmons, B. I. Dense afforestation reduces plant–pollinator network diversity and persistence. *Functional Ecology*, 39(2): 531-541. **2025**.
- Peterson, A., Bartish, I. V., Peterson, J. Effects of population size on genetic diversity, fitness and pollinator community composition in fragmented populations of *Anthericum liliago* L. *Plant Ecology*, 198: 101–110. **2008**.
- Phillips, B. B., Shaw, R. F., Holland, M. J., Fry, E. L., Bardgett, R. D., Bullock, J. M., Osborne, J. L. Drought reduces floral resources for pollinators. *Global Change Biology*, 24(7): 3226-3235. **2018**.
- Pitteloud, C., Walser, J. C., Descombes, P., Santana, C. N., Rasmann, S., Pellissier, L. The structure of plant–herbivore interaction networks varies along elevational gradients in the European Alps. *Journal of Biogeography*, 48(2):465-476. **2021**.

- Pottier, J., Dubuis, A., Pellissier, L., Maiorano, L., Rossier, L., Randin, C. F., Vittoz, P., Guisan, A. The accuracy of plant assemblage prediction from species distribution models varies along environmental gradients. *Global Ecology and Biogeography*, 22: 52–63. **2013**.
- Potts, S. G., Vulliamy, B., Dafni, A., Ne'eman, G., & Willmer, P. Linking bees and flowers: How do floral communities structure pollinator communities? *Ecology*, 84(10): 2628–2642. **2003**.
- Prangel, E., Kasari-Toussaint, L., Neuenkamp, L., Noreika, N., Karise, R., Marja, R., Ingerpuu, N., Kupper, T., Keerberg, L., Oja, E., Meriste, M., Tiitsaar, A., Ivask, M., & Helm, A. Afforestation and abandonment of semi-natural grasslands lead to biodiversity loss and a decline in ecosystem services and functions. *Journal of Applied Ecology*, 60:825–836. **2023**.
- Proctor, H. C. & Harder, L. D. Effect of pollination success on floral longevity in the orchid *Calypso bulbosa* (Orchidaceae). *American Journal of Botany*, 82: 1131–1136. **1995**.
- Reid, W. V. Biodiversity hotspots. *Trends in Ecology & Evolution*, 13(7), 275–280. **1998**.
- R Core Team. R: A language and environment for statistical computing, R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org>. **2021**.
- Richardson, R. T., Lin, C., Sponsler, D. B., Quijia, J. O., Goodell, K., Johnson, R. M. Application of ITS2 metabarcoding to determine the provenance of pollen collected by honey bees in an agroecosystem. *Applications in Plant Sciences*, 3(1):1400066. **2015**.
- Rivest, S. Interspecific variation in plant abundance can contribute to the diversity and evolutionary assembly of floral communities. *Oikos*, 2023(7): e09532. **2023**.
- Rosas-Guerrero, V., Aguilar, R., Martén-Rodríguez, S., Ashworth, L., Lopezaraiza-Mikel, M., Bastida, J. M., Quesada, M. A quantitative review of pollination syndromes: do floral traits predict effective pollinators? *Ecology Letters*, 17(3): 388-400. **2014**.
- Rosenberg, Y., Fromm, A., Ostikar, M., Shoshany, A., Giz, O., Milo, R. The global biomass and number of terrestrial arthropods. *Science Advances*, 9(5): eabq4049. **2023**.

- Rosenfeld, J. S. Functional redundancy in ecology and conservation. *Oikos*, 98: 156–162. **2002.**
- Ruppert, K. M., Kline, R. J., Rahman, M. S. Past, present, and future perspectives of environmental DNA (eDNA) metabarcoding: A systematic review in methods, monitoring, and applications of global eDNA. *Global Ecology and Conservation*, 17: e00547. **2019.**
- Rykiel Jr., E. J. Towards a definition of ecological disturbance. *Australian Journal of Ecology*, 10(3):361-365. **1985.**
- Samways, M. J. Insects in biodiversity conservation: some perspectives and directives. *Biodiversity and Conservation*, 2: 258-282. **1993.**
- Sánchez-Bayo, F. ve Wyckhuys K. A. G. Worldwide decline of the entomofauna: A review of its drivers. *Biological Conservation*, 232:8-27. **2019.**
- Schoener, T. W. Theory of feeding strategies. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 2:369-404. **1971.**
- Sevgili, H. Insect biodiversity of Turkey: Perspectives and future directions. *Perspectives on Global Biodiversity Scenarios and Environmental Services in the 21st Century*. Editörler: Chourasia, N. ve Chahal, K., IGI Global. s. 79-159. **2023.**
- Steffan-Dewenter, I. ve Tschardtke, T. Insect communities and biotic interactions on fragmented calcareous grasslands - a mini review. *Biological Conservation*, 104(3), 275-284. **2002.**
- Stephens, D. W. ve Krebs, J. R. *Foraging Theory*. Princeton, NJ: Princeton Univ. Press. **1987.**
- Stiles, F. G. Ecological and evolutionary implications of bird pollination. *American Zoologist*, 18(4): 715–727. **1978.**
- Stokes, C. J. ve Archer, S. R. Niche differentiation and neutral theory: an integrated perspective on shrub assemblages in a parkland savanna. *Ecology*, 91(4): 1152-1162. **2010.**

- Stork, N. E. How many species are there? *Biodiversity and Conservation*, 2:215–232. **1993**.
- Strickler, K. M., Fremier, A. K., Goldberg, C. S. Quantifying effects of UV-B, temperature, and pH on eDNA degradation in aquatic microcosms. *Biological Conservation*, 183: 85-92. **2015**.
- Stuligross, C. ve Williams, N. M. Past insecticide exposure reduces bee reproduction and population growth rate. *PNAS*, 118 (48): e2109909118. **2021**.
- Suchan, T., Talavera, G., Sáez, L., Ronikier, M., Vila, R. Pollen metabarcoding as a tool for tracking long-distance insect migrations. *Molecular Ecology Resources*, 19(1):149-162. **2019**.
- Sudta, C., Salcido, D. M., Forister, M. L., Walla, T. R., Villamarín-Cortez, S., & Dyer, L. A. Jack-of-all-trades paradigm meets long-term data: Generalist herbivores are more widespread and locally less abundant. *Ecology Letters*, 25(4): 948–957. **2022**.
- Sun, H-Q., Huang, B-Q., Yu, X-H., Tian, C-B., Peng, Q-X., An, D-J. Pollen limitation, reproductive success and flowering frequency in single-flowered plants. *Journal of Ecology*, 106(1): 19-30. **2018**.
- Şekercioğlu, Ç. H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö. E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Yokeş, M. B., Soyumert, A., İpekdal, K., Sağlam, İ. K., Yücel, M., Dalfes, H. N. Turkey's globally important biodiversity in crisis. *Biological Conservation*, 144(12), 2752-2769. **2011**.
- Şenkul, Ç. & Kaya, S. Türkiye endemik bitkilerinin coğrafi dağılışı, *Türk Coğrafya Dergisi*, 69:109-120. **2017**.
- Taberlet, P., Coissac, E., Hajibabaei, M., Rieseberg, L. H. Environmental DNA. *Molecular Ecology*, 21(8):1789–1793. **2012**.
- Tavşanoğlu, Ç. Anadolu bozkır ekosistemleri Üzerinde İşleyen Müdahale Rejimleri. *Kebikeç*, 43, 259-288. **2017**.
- Tavşanoğlu, Ç., Bernardi, R. Old-growth grasslands of Central Anatolia (Türkiye) require better conservation and management. *Environmental Conservation*, 51(4):242-244. **2024**.

- Tavşanoğlu, Ç., Çatav, Ş.S., Özüdoğru, B. Fire-related germination and early seedling growth in 21 herbaceous species in Central Anatolian steppe. *Journal of Arid Environments*, 122: 109-116. **2015**.
- Templeton, A. R., Shaw, K., Routman, E., Davis, S. K. The genetic consequences of habitat fragmentation. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 77(1):13–27. **1990**.
- Thomsen, P. F. ve Sigsgaard, E. E. Environmental DNA metabarcoding of wild flowers reveals diverse communities of terrestrial arthropods. *Ecology and Evolution*, 9(4):1665-1679. **2019**.
- Thorp, J.H. Models of Ecological Processes in Riverine Ecosystems, Editor(s): Gene E. Likens, *Encyclopedia of Inland Waters*, Academic Press, 448-455. **2009**.
- Tilman, D. ve Snell-Rood, E. C. Diversity breeds complementarity. *Nature*, 515: 44–45. **2014**.
- Trunschke, J., Lunau, K., Pyke, G. H., Ren, Z., Wang, H. Flower Color Evolution and the Evidence of Pollinator-Mediated Selection. *Frontiers in Plant Science*, 12, 617851. **2021**.
- TÜİK, Coğrafi İstatistik Portalı, Tarım Alanı İstatistikleri, <https://cip.tuik.gov.tr/>, Erişim: 05.03.2025. **2025**.
- Tylianakis, J. M., Laliberté, E., Nielsen, A., Bascompte, J. Conservation of species interaction networks. *Biological Conservation*, 143:2270–2279. **2010**.
- Ülgen, C., Tavşanoğlu, Ç. A taxonomic snapshot of belowground organs in plants of Anatolian steppes. *Folia Geobotanica*, 58:231-243. **2024**.
- Van Eck, A. P. W., Van Den Broek, R., Özden, Ö. Hoverflies (Diptera, Syrphidae), robber flies (Diptera, Asilidae) and soldier flies (Diptera, Stratiomyidae) along the Kyrenia Mountains of Cyprus. *Dipterists Digest*, 27:101-115. **2020**.
- Verberk, W. C., Atkinson, D., Hoefnagel, K. N., Hirst, A. G., Horne, C. R., Sipel, H. Shrinking body sizes in response to warming: explanations for the temperature–size rule with special emphasis on the role of oxygen. *Biological Reviews*, 96(1): 247-268. **2020**.

- Vitousek, P. M., Ehrlich, P. R., Ehrlich, A. H., & Matson, P. A. Human appropriation of the products of photosynthesis. *BioScience*, 36(6), 368–373. **1986.**
- Vural, M. ve Adıgüzel, N. Bozkırlar. Türkiye'nin Önemli Doğa Alanları. Editörler: Eken, G., Bozdoğan, M., İsfendiyaroğlu, S., Kılıç, D. T., Lise, Y. Ankara: Doğa Derneği. **2006.**
- Wagner, D. L., Grames, E. M., Forister, M. L., Berenbaum, M. R., Stopak, D. Insect decline in the Anthropocene: Death by a thousand cuts. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(2), e2023989118. **2021.**
- Wang, L., Delgado-Baquerizo, M., Wang, D., Isbell, F., Liu, J., Feng, C., Liu, J., Zhong, Z., Zhu, H., Yuan, X., Chang, Q. Liu, C. Diversifying livestock promotes multidiversity and multifunctionality in managed grasslands. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(13):6187-6192. **2019.**
- Warren, R., Price, J., Graham, E., Forstenhaeusler, N., Vanderwal, J. The projected effect on insects, vertebrates, and plants of limiting global warming to 1.5°C rather than 2°C. *Science*, 360-6390:791-795. **2018.**
- Wickham, H. *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York. ISBN 978-3-319-24277-4, <https://ggplot2.tidyverse.org>. **2016.**
- Wilson, E.O. The current state of biological diversity. In *Biodiversity* (E.O. Wilson and F.M. Peters, eds) ss. 3-18. Washington, DC: National Academy Press. **1988.**
- Wisz, M. S., Pottier, J., Kisslig, W. D., Pellissier, L., Lenoir, J., Damgaard, C. F., vd. The role of biotic interactions in shaping distributions and realised assemblages of species: implications for species distribution modelling. *Biological Reviews*, 88: 15–30. **2013.**
- Yıldırım, Ş. The heaven of gypsophilous phytodiversity of Türkiye: Kepen, Sivrihisar, Eskişehir, Türkiye, 13 taxa as new. *OT Sistemik Botanik Dergisi*, 19(2), 1-51. **2012.**
- Young, A., Boyle, T., Brown, T. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends in Ecology and Evolution*, 11(10): 413-418. **1996.**

- Zabel, F., Delzeit, R., Schneider, J., Seppelt, R., Mauser, W., Václavík, T. Global impacts of future cropland expansion and intensification on agricultural markets and biodiversity. *Nature Communications*, 10:2844. **2019.**
- Zhang, M., M. Delgado-Baquerizo, G. Li, Isbell, F., Wang, Y., Hautier, Y., Wang, Y., Xiao, Y., Cai, J., Pan, X., Wang, L. Experimental impacts of grazing on grassland biodiversity and function are explained by aridity. *Nature Communications*, 14: 5040. **2023.**
- Zhang, X. M., Shi, Z. Y., Zhang, S. Q., Zhang, P., Wilson, J. J., Shih, C., Li, J., Li, X. D., Yu, G. Y., Zhang, A. B. Plant–herbivorous insect networks: who is eating what revealed by long barcodes using high-throughput sequencing and Trinity assembly. *Insect Science*, 28(1):127-143. **2021.**
- Zuppinge-Dingley, D., Schmid, B., Petermann, J. S., Yadav, V., De Deyn, G. B., Flynn, D. F. B. Selection for niche differentiation in plant communities increases biodiversity effects. *Nature*, 515: 108–111. **2014.**

## EKLER

**EK 1.** eDNA metabarkodlama çalışmaları kapsamında ana laboratuvar çalışmaları öncesinde yapılan deneme çalışmalarının iş akışı.

### **Deneme Çalışmaları: Çiçek Homojenatlarından Böcek DNA'sı Eldesi**

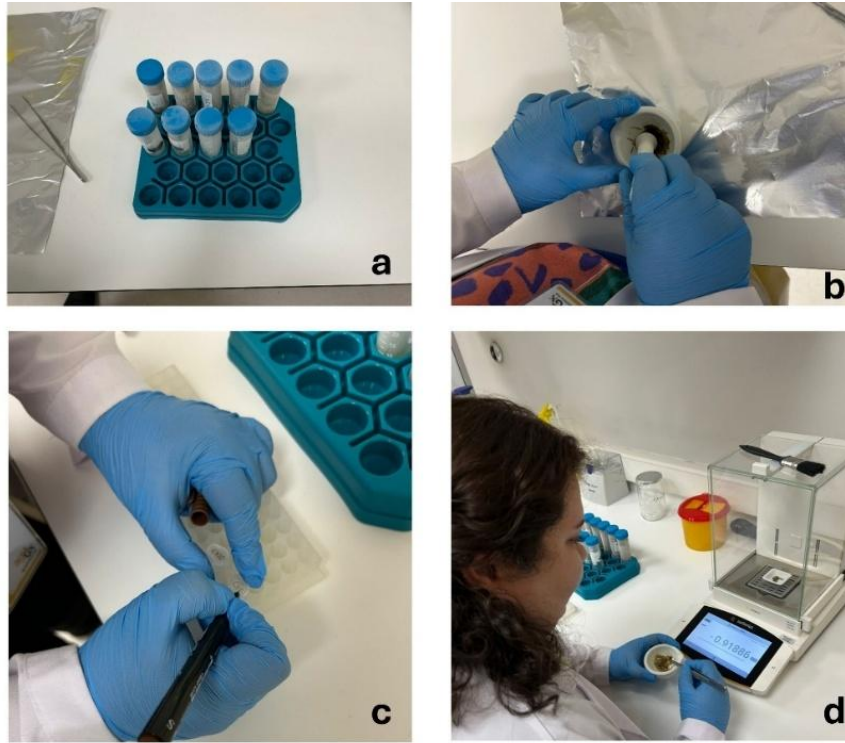
Deneme çalışmaları, arazi çalışmaları sırasında alınan yedek örnekler içerisinde rastgele seçilen iki örnek (*Onopordum sp.* ve *Centaurea virgata*) ile yürütülmüştür. İlk olarak, etanol içerisinde bekletilen çiçek örneklerinin ana materyal olarak değerlendirilmesine karar verilmiştir.

### **DNA İzolasyonu**

Çalışma öncesinde -20°C'den 4°C'ye çıkarılan örnekler, ilk olarak DNA izolasyonu öncesi önışlem olarak etanolden arındırılmış ve saf su ile yıkanmıştır. Takiben çiçek materyalleri, *Onopordum sp.* için steril havan (Kestel vd., 2023) kullanılarak, *Centaurea virgata* için ise tek kullanımlık steril bisturi yardımıyla homojen hale getirilmiştir. Homojenizasyon işleminin ardından örnekler hassas tartı yardımıyla tartılmış, *Onopordum sp.* için 156 mg, *Centaurea virgata* için ise 159 mg homojenat alınarak DNA izolasyonu adımına geçilmiştir.

DNA izolasyonu için, ilgili literatürde de böceklere ait DNA materyalinin eldesinde efektif olduğuna dikkat çekilen (Thomsen & Sigsgaard, 2019) DNeasy® Blood & Tissue Kit (Qiagen, Almanya) kullanılmıştır. Bu doğrultuda kit protokolünün akışı takip edilmiş ve fakat kit içeriğindeki maddelerin hacimleri, ilgili literatürden de yararlanarak güncellenmiştir. Bu kapsamda ilk olarak her bir örnek için homojenatlara 540 µl ATL lysis buffer ve 60 µl Proteinaz K eklenmiştir. Akabinde örnekler, 56°C ve 500 rpm'e ayarlı inkübatörde (Eppendorf® Thermomixer C) 3 saat süreyle bekletilmiştir. İnkübasyonun ardından örnekler, her bir örnek için 200 µl AL buffer ile 200 µl etanol (*absolute* (% 96-99); soğuk) eklenmiştir ve örnekler 1 dakika süreyle, 6000 × g (RCF; *the relative centrifugal force*) kuvvete ayarlanmış santrifüj cihazı ile işleme tabi tutulmuştur. Örnekler bu aşamada, farklı kaynaklara ait DNA'ları ve ayrıca ekstraksiyon işleminden kalan bazı atıkları içeren supernatant (santrifüjün ardından üstte kalan sıvı; üst faz) ile kalan tüm atık maddeleri içeren

ve tüplerin dibine çöken pelet (topaklaşan, çöken materyal) olarak görünmektedir. Supernatant, peleti dağıtmadan dikkatli bir biçimde yeni tüplere alınmış ve bir önceki santrifüj adımı yinelenmiştir (1 dakika süreyle,  $6000 \times g$  kuvvet). Bu noktadaki temel amaç, örneklerin, bir önceki aşamada dibe çökmemiş atıklardan arındırılması ve nihayetinde atıkların spin-kolonları tıkaşmasının önüne geçmektir. Bu aşamayı takiben örneklerin supernatant kısımları, önce dikkatli bir biçimde spin-kolonlara aktarılmış, ardından 1 dakika süreyle,  $6000 \times g$  kuvvette santrifüj edilmiştir.



**Şekil EK 1.1.** Deneme çalışmalarının örnekleri (a), havanda ezerek örnekleri homojen hale getirme (b), örnekler için tüp hazırlığı (c) ve tartım aşamalarına (d) ait görseller.

İfade edilen adımları izleyen süreçte, yıkama prosedürlerine geçilmiştir ve bu kapsamda AW1 ve AW2 maddeleri kullanılmıştır. Öncelikle her bir örnek için, spin-kolon içeren örnek tüplerine  $500 \mu\text{l}$  AW1 eklenmiş ve 1 dakika süreyle,  $10000 \times g$  kuvvette santrifüj edilmiştir. Ardından spin-kolonlar yeni tüplere aktarılmış,  $500 \mu\text{l}$  AW2 her bir örnek tüpüne eklenmiş ve 3 dakika süreyle,  $20000 \times g$  kuvvette santrifüj edilmiştir. Yıkama adımlarının tamamlanmasıyla birlikte adımları açıklanan izolasyon işlemiyle elde edilecek tüm DNA materyali spin-kolona tutunmuş haldedir, bu nedenle genetik materyalin spin-kolondan ayrıştırılması gerekir. Yıkama sonrası adım olarak her bir örnek için  $200 \mu\text{l}$  AE *buffer* kullanılmış, spin-kolonlar 1 dakika süreyle,  $6000 \times g$  kuvvette santrifüj edilerek ilgili genetik materyaller kolondan ayrıştırılmıştır.

İzolasyonunun ardından, DNA konsantrasyonlarının belirlenmesi için spektrofotometrik ölçüm yapılmıştır. Ölçüm sonucu elde edilen sonuçlar, izolasyon ürünlerinin alkol, fenolik bileşikler ve sekonder metabolitler açısından çok yüksek oranda kirliliğe sahip olduğunu göstermiştir. Mevcut sonuçlar etil alkol içerisinde bekletilen örneklerden izolasyon aşamasına taşınan etanolün, izolasyon sürecinde meydana getirdiği alkol kirliliğinin aşılamadığını göstermektedir. Daha da önemlisi, sekonder metabolitler ile ilişkili sonuçların yüksekliği, izolasyonun daha çok bitki materyali için gerçekleştiğinin ilkin sinyallerini taşımaktadır.

DNA izolasyonunun başarılı olup olmadığının değerlendirilmesinde bir diğer önemli sonuç elektroforez görüntülerinden gelmektedir. İzolasyonun başarısının tespit edilmesi için, spektrofotometrik ölçüme ek olarak yüzde 1 konsantrasyonda agaroz jel elektroforezi yapılmıştır (120 V, 30 dk). Elektroforezin tamamlanmasının ardından jel, Vilber Fusion Solo UV görüntüleme cihazı ile görüntülenmiştir. Jel elektroforezi sonucunda belirgin ve bitki materyallerine ait pozitif kontrol örneği ile uyumlu (benzer bç boyutları) DNA bantlaşması gözlenmiştir, DNA'nın kaynağının tespit edilebilmesi ve jel görüntüsünde gözlenememiş olmasına rağmen böceklere odaklı DNA izolasyonu başarılı olarak sonuçlanmışsa böceklere ait DNA'nın çoğaltılabilmesi için PCR uygulamalarına geçilmiştir.

### PCR ve Agaroz Jel Elektroforezi Uygulamaları

Çalışma kapsamında, PCR reaksiyon dizisinde önemli etmenlerden olan polimeraz için Q5 *Hot Start High-Fidelity Dna Polymerase* enzimi, primer olarak evrensel böcek primeri olan “Ins16S\_1” primer seti ile evrensel omurgasız primeri olan ve Mitokondriyal Sitokrom C Oksidaz I (Mitokondriyal COI) genini hedefleyen “Uni-Minibar” primer seti kullanılarak PCR uygulaması yapılmıştır (Çizelge 2.4).

**Çizelge EK 1.1.** Deneme çalışmaları bağlamında PCR aşamasında kullanılan primerlere ait isim, dizi, baz çifti (bç), bağlanma sıcaklığı (T<sub>m</sub>, °C) ve kaynak bilgileri.

Primer	Dizi	bç	T <sub>m</sub> (°C)	Kaynak
Ins16S_1_F	TRRGACGAGAAGACCCTATA	~216	50	Clarke vd., 2014
Ins16S_1_R	TCTTAATCCAACATCGAGGTC	~216	50	Clarke vd., 2014
UniMinibar_F	TCCACTAATCACAARGATATTGGTAC	130	63	Meusnier vd., 2008
UniMinibar_R	GAAAATCATAATGAAGGCATGAGC	130	63	Meusnier vd., 2008

Ardından PCR ürünleriyle agaroz (%2 konsantrasyonda) jel elektroforezi (120 V, 40 dk) yapılmıştır. Bu aşamada PCR ürünüyle yapılan agaroz jel elektroforezlerinde, PCR için hazırlanan ve DNA içermeyen karışım negatif kontrol örneği olarak, daha önceki bir çalışmadan elde edilen ve kara sineğe (*Musca domestica* L. (Diptera: Muscidae)) ait olduğu bilinen PCR ürünü pozitif kontrol olarak kullanılmıştır. Ayrıca bu aşamada 50 kb boyutlu *ladder* kullanılarak elde edilen belirgin bantların boyutları da teyit edilmiştir. Elektroforezin tamamlanmasının ardından görüntüleme işlemi, Vilber Fusion Solo UV cihazı kullanılarak yapılmıştır. Jel elektroforezi sonucunda, hiçbir örnek-primer eşleşmesi için bant elde edilememiştir. Bu durum, ayrıca analiz edilmesi gereken pek çok sonuca işaret etmektedir:

- 1) Seçili polimeraz enzimi reaksiyon için uygun olmayabilir, reaksiyon farklı bir polimeraz ile tekrarlanabilir.
- 2) Primerler için uygun sıcaklıklarla çalışılıp çalışılmadığının kontrol edilmesi amacıyla gradiyent PCR kurulması, primerlerin optimal çalışma sıcaklığının literatürde işaret edilenden farklı olup olmadığının tespit edilmesi ve ardından PCR reaksiyonunun tekrarlanması.
- 3) İlgili literatür tarafından, mevcut primerlerin çalışma için ideal primerler olduğu işaret edilse bile, primer değişikliği yapılarak PCR reaksiyonunun tekrar edilmesi.
- 4) İzolasyonunun başarılı olup olmadığına dair daha derin analizlerin yapılması. Örneğin qPCR uygulamasıyla örneklerin böceklerle ait DNA materyali içerip içermediğinin tespit edilmesi. İzolasyon başarısız ise, DNA izolasyonu adımına geri dönülmesi.

Çalışma kapsamında yukarıda ifade edilen ek analizlerin hepsi gerçekleştirilmiş ve ilgili başlıklar için aşağıdaki sonuçlar elde edilmiştir:

- 1) Polimeraz enzimi değiştirilmiş, Promega *GoTaq® DNA Polymerase* enzimi ile çalışılmıştır. Reaksiyon sonucu agaroz (%2 konsantrasyonda) jel elektroforezinde (120 V, 40 dk) bant elde edilememiştir.
- 2-3) Primerlerin optimal sıcaklığının belirlenmesi ile yeni primerlerin denenmesi adımları birleştirilmiş, 5 farklı primerin optimal sıcaklıklarının belirlenmesi için *gradient* PCR uygulaması yapılmıştır. Proje örnekleriyle, elde edilen sıcaklık değerlerinin bağlanma sıcaklığı olarak ayarlandığı ayrı bir PCR reaksiyonu dizisinin

gerçekleştirilmesinin ardından agaroz jel elektroforezi (%2 konsantrasyonda; 120 V, 40 dk) sonucunda bant gözlenmemiştir.

- 4) DNA için yapılan jel elektroforezinden bant elde edilmiş olmasına rağmen böcekler odaklı PCR reaksiyon dizisi sonucunda bant gözlenmemesi ve ek analizlerden de sonuç alınamaması izolasyonun bitki materyali açısından başarılı olduğunu ve fakat böcekler açısından başarılı olmadığını göstermektedir. Bu kanının test edilebilmesi için iki farklı yol izlenmiştir: (1) DNA örnekleri, bitkilere ait gen bölgelerini hedefleyen primerler (ITS ve TnrL; 56°C) kullanılarak PCR uygulamasına tabi tutulmuştur. (2) Buna ek olarak, qPCR ile inhibisyon testi yapılmıştır. Test kapsamında DNA örnekleri öncelikle seri dilüsyona tabi tutulmuş, örnekler 1:10, 1:100, 1:1000 olacak şekilde dilüe edilmiştir. Ardından örnekler, böcek primerleri kullanılarak qPCR uygulamasına alınmıştır. Her iki testin sonuçları da birbirini doğrular niteliktedir: (1) Örnek DNA'ları ve bitki primerleri kullanılarak yapılan PCR sonucu elde edilen ürünler ile agaroz jel elektroforezi (120 V, 40 dk) sonucunda oldukça parlak bantlar elde edilmiştir. (2) qPCR inhibisyon testi, örneklerin böcek DNA'sı içermediğini göstermektedir. Sonuçlar, izolasyonun bitki materyalleri açısından oldukça başarılı olduğuna, buna karşın böcek DNA'sının izole edilemediğine işaret etmektedir.

İzolasyonun başarısı ile ilgili sonuca ulaşılması, izolasyon sürecinin gözden geçirilmesini sağlamıştır. İzolasyonun böcekler için neden başarıya ulaşmadığı konusunda şu kanılara ulaşılmıştır:

- 1) Çiçek örneklerinin etanolden arındırılmaları için saf su ile yıkanmaları adımı, çiçek üzerinde biriken böcek DNA'sının yıkanıp gitmesine neden olmuş olabilir. Fakat spektrofotometre sonuçları yıkama işlemine rağmen etanol kirliliğinin yüksek olduğunu göstermektedir. Dolayısıyla çiçek materyalleri saf su ile yıkanmadan, direkt etanolden çıkarıldıkları halleriyle işlenemez.
- 2) Örneklerin çalışma başlayana kadar etanolde bekletilirken çiçek üzerinde biriken böcek DNA'sı etanole geçmiş olabilir. Etanolün geride bırakılması ve sadece çiçek materyallerine odaklanılması olası genetik materyal kaybının kaynağı olabilir.
- 3) Çiçekleri çalışmanın merkezine almak, çiçeklere göre görece çok çok daha az bir konsantrasyonla temsil edilen böcek DNA'sının izolasyon sırasındaki adımlarda

yitirilmesine neden olabilir. İzolasyondaki bitki materyali baskınlığı optimize edilmelidir.

Sonuçların bir arada değerlendirilmesi, çalışmaların yönünün çiçeklerden, çiçeklerin içinde beklediği etanole çevrilmesini sağlamıştır.

**EK 2.** eDNA metabarkodlama kapsamında yapılan ana laboratuvar çalışmalarının PCR uygulamaları kapsamında kullanılan farklı yöntemlerle hangi örneklerin jel elektroforezi sonucunda bant verdiğini açıklayan Çizelgeler.

**Çizelge EK 2.1.** Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından ilkinе ilişkin liste. İfade edilen örnekler, sadece “Ins16S\_1\_F” ve “Ins16S\_1\_R” primer çifti kullanılarak ve PCR uygulaması bir kez tekrarlanarak amplicon elde edilebilen örneklerdir.

<b>Bitki Türü</b>	<b>Birey Numarası</b>	<b>Alan</b>
<i>Acantholimon riyatguelii</i> Yıldırım (Plumbaginaceae)	4	Marn_2
<i>Acantholimon riyatguelii</i> Yıldırım (Plumbaginaceae)	3	Marn_2
<i>Globularia orientalis</i> L. (Plantaginaceae)	4	Marn_2
<i>Globularia orientalis</i> L. (Plantaginaceae)	7	Marn_2
<i>Hedysarum hasanyildirimii</i> Yıldırım (Fabaceae)	9	Marn_1
<i>Scabiosa argentea</i> L. (Dipsacaceae)	9	Marn_1
<i>Scabiosa argentea</i> L. (Dipsacaceae)	3	Marn_1
<i>Scabiosa argentea</i> L. (Dipsacaceae)	10	Marn_1
<i>Scabiosa argentea</i> L. (Dipsacaceae)	7	Marn_1
<i>Scabiosa pseudograminifolia</i> Hub.-Mor. (Dipsacaceae)	10	Marn_1
<i>Scabiosa pseudograminifolia</i> Hub.-Mor. (Dipsacaceae)	2	Marn_1
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	1	Marn_3
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	2	Marn_3
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	5	Marn_3
<i>Verbascum gypsicola</i> Vural & Aydoğdu (Scrophulariaceae)	3	Marn_4
<i>Verbascum gypsicola</i> Vural & Aydoğdu (Scrophulariaceae)	1	Marn_4
<i>Verbascum gypsicola</i> Vural & Aydoğdu (Scrophulariaceae)	4	Marn_4

**Çizelge EK 2.2.** Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından ikincisine ilişkin liste. İfade edilen örnekler, sadece “Ins16S\_1\_F” ve “Ins16S\_1\_R” primer çifti kullanılarak ve PCR uygulaması art arda iki kez tekrarlanarak (PCR ürünleriyle yeniden PCR yapılarak, İng. *PCR re-amplification*) amplikon elde edilebilen örneklerdir.

<b>Bitki Türü</b>	<b>Birey Numarası</b>	<b>Alan</b>
<i>Hedysarum hasanyildirimii</i> Yıldırım (Fabaceae)	1	Marn_1
<i>Polygala guneri</i> Yıldırım (Polygalaceae)	8	Marn_1
<i>Acantholimon riyatguelii</i> Yıldırım (Plumbaginaceae)	8	Marn_2
<i>Acantholimon riyatguelii</i> Yıldırım (Plumbaginaceae)	2	Marn_2
<i>Scutellaria yildirimlii</i> Çiçek & Yaprak (Lamiaceae)	8	Marn_3
<i>Globularia orientalis</i> L. (Plantaginaceae)	1	Marn_2
<i>Globularia orientalis</i> L. (Plantaginaceae)	2	Marn_2
<i>Globularia orientalis</i> L. (Plantaginaceae)	3	Marn_2
<i>Scabiosa pseudograminifolia</i> Hub.-Mor. (Dipsacaceae)	8	Marn_1
<i>Scabiosa pseudograminifolia</i> Hub.-Mor. (Dipsacaceae)	9	Marn_1
<i>Scabiosa pseudograminifolia</i> Hub.-Mor. (Dipsacaceae)	3	Marn_1
<i>Verbascum gypsicola</i> Vural & Aydoğdu (Scrophulariaceae)	5	Marn_4
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	3	Marn_3
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	4	Marn_3
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	8	Marn_2
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	6	Marn_2
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	4	Marn_2
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	3	Marn_2
<i>Verbascum gypsicola</i> Vural & Aydoğdu (Scrophulariaceae)	2	Marn_4

**Çizelge EK 2.3.** Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından üçüncüsüne (*nested-PCR*) ilişkin liste. İfade edilen örnekler, “Ins16S\_1\_F” ve “Ins16S\_1\_R” primer çifti kullanılarak üretilen PCR ürünlerinin, “Ins16S\_1\_F” ve 16S bölgesinde daha kısa bir bölgeyi hedefleyen “Ins16S\_1\_short\_R” primerlerinin kullanılmasıyla ampikon elde edilebilen örneklerdir.

<b>Bitki Türü</b>	<b>Birey Numarası</b>	<b>Alan</b>
<i>Polygala guneri</i> Yıldırım (Polygalaceae)	5	Marn_1
<i>Polygala guneri</i> Yıldırım (Polygalaceae)	3	Marn_1
<i>Acantholimon riyatguelii</i> Yıldırım (Plumbaginaceae)	7	Marn_2
<i>Scutellaria yildirimlii</i> Çiçek & Yaprak (Lamiaceae)	9	Marn_3

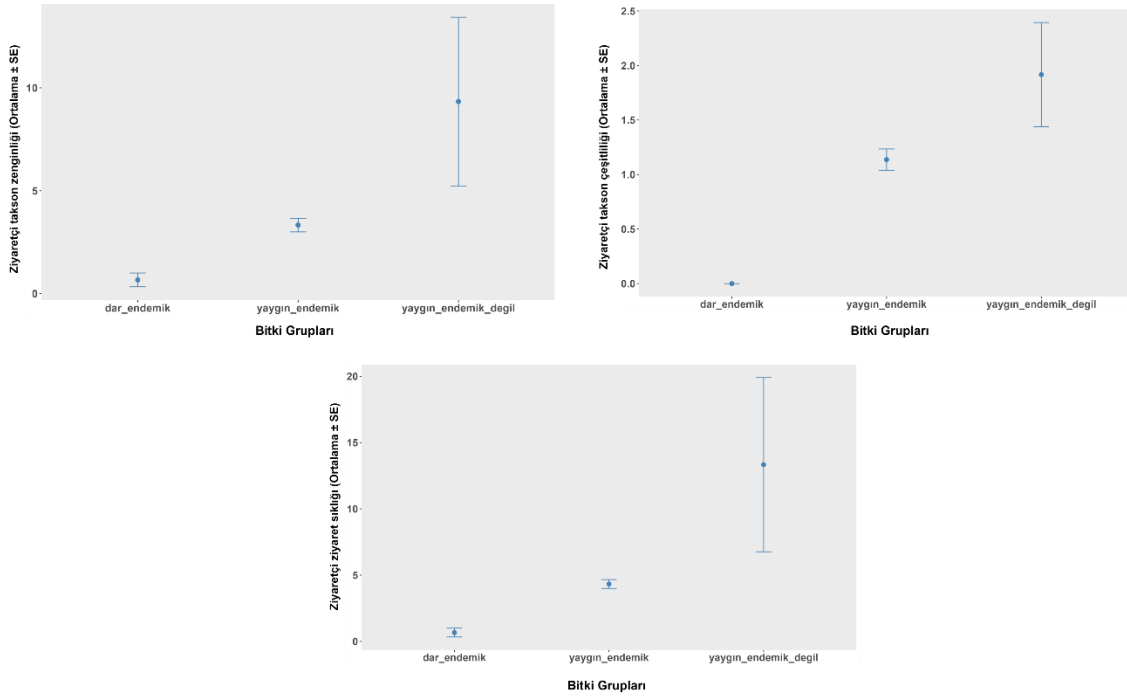
**Çizelge EK 2.4.** Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından dördüncüsüne ilişkin liste. İfade edilen örnekler, doğrudan “Ins16S\_1\_F” ve 16S bölgesinde daha kısa bir bölgeyi hedefleyen “Ins16S\_1\_short\_R” primerlerinin kullanılmasıyla ampikon elde edilebilen örneklerdir.

<b>Bitki Türü</b>	<b>Birey Numarası</b>	<b>Alan</b>
<i>Hedysarum hasanyildirimii</i> Yıldırım (Fabaceae)	2	Marn_1
<i>Polygala guneri</i> Yıldırım (Polygalaceae)	6	Marn_1
<i>Scutellaria yildirimlii</i> Çiçek & Yaprak (Lamiaceae)	2	Marn_3
<i>Scutellaria yildirimlii</i> Çiçek & Yaprak (Lamiaceae)	3	Marn_3
<i>Scabiosa argentea</i> L. (Dipsacaceae)	8	Marn_1
<i>Teucrium polium</i> L. (Lamiaceae)	10	Marn_2

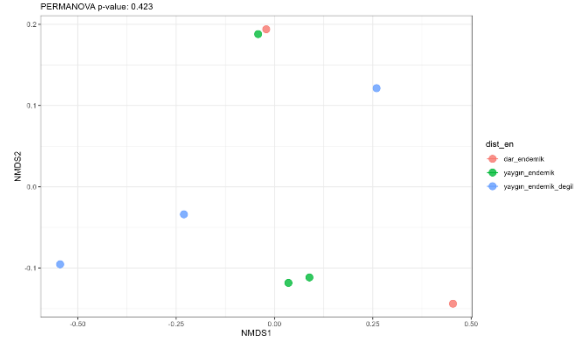
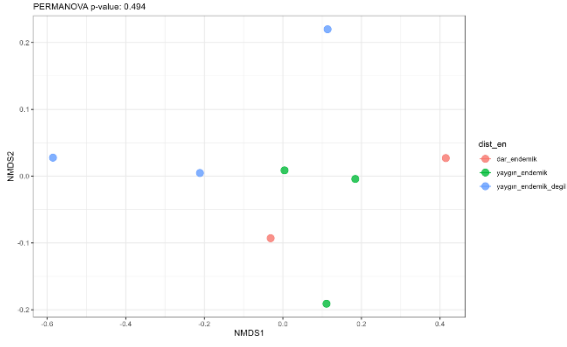
**Çizelge EK 2.5.** Ana çalışmalarda kullanılan PCR uygulaması kombinasyonlarından beşincisine ilişkin liste. İfade edilen örnekler, “Ins16S\_1\_F” ve 16S bölgesinde daha kısa bir bölgeyi hedefleyen “Ins16S\_1\_short\_R” primerlerinin kullanılmasıyla elde edilen PCR ürünlerinin aynı akışla yeniden PCR uygulamasına tabi tutulmasıyla ampikon (re-amplifikasyon) elde edilebilen örneklerdir.

<b>Bitki Türü</b>	<b>Birey Numarası</b>	<b>Alan</b>
<i>Hedysarum hasanyildirimii</i> Yıldırım (Fabaceae)	4	Marn_1
<i>Hedysarum hasanyildirimii</i> Yıldırım (Fabaceae)	6	Marn_1
<i>Polygala guneri</i> Yıldırım (Polygalaceae)	10	Marn_1
<i>Scutellaria yildirimlii</i> Çiçek & Yaprak (Lamiaceae)	1	Marn_3

**EK 3.** Polinatörler haricindeki ziyaretçiler için takson zenginliği, çeşitliliği, ziyaret sıklığı ve takson kompozisyonu analizleri.



**Şekil EK 3.1.** Sadece ziyaretçi taksonlara odaklı analizler, takson zenginliği ( $p < 0,001$ ; %69 açıklanan sapma), takson çeşitliliği ( $F = 11,7$ ;  $p < 0,008$ ) ve ziyaret sıklığı ( $p < 0,001$ ; %68 açıklanan sapma) açısından yayılış grupları arasında fark olduğunu göstermiştir. Yaygın ve endemik olmayan bitkiler, takson zenginliği açısından dar yayılışlı ve endemik bitkiler ( $p = 0,0009$ ) ile yaygın ve endemik bitkilerden ( $p = 0,014$ ) istatistiksel olarak anlamlı olacak derecede yüksek değerlere sahiptir. Takson çeşitliliği açısından fark yalnızca dar yayılışlı endemikler ile yaygın ve endemik olmayan bitkiler arasında gözlenmektedir. Ziyaret sıklığı açısından tüm bitki grupları arasında fark vardır ( $p < 0,05$ ). Tüm analizler için en yüksek değerler yaygın ve endemik olmayan yayılış grubunda gözlenmiştir.



**Şekil EK 3.2.** Polinatör olmayan diğer ziyaretçilere odaklı takson kompozisyonu analizleri de, polinatör taksonların ve tüm ziyaretçilerin takson kompozisyonu analizlerine benzer bir şekilde sonuç vermiştir. Taksonlar arasında istatistiksel olarak anlamlı fark bulunmamaktadır ( $p > 0,05$ ). Grafiklerden ilki var-yok verisiyle, diğeri ziyaret sıklığını temsil eden bolluk verisiyle çizilmiştir. Dar yayılışlı ve endemik bitki grubunda yer alan türlerden bir tanesi (*Acantholimon riyatguelii*) polinatör olmayan ziyaretçi taksonlarından hiç ziyaret almadığı için dar yayılışlı ve endemik bitki taksonları grafiklerde yalnızca iki nokta ile temsil edilmektedir.

**EK 4.** Çalışma kapsamındaki bitkilerin polinatör böcekleri ve tüm ziyaretçilerindeki örtüşme oranlarını tespit etmek için yapılan Jaccard analiziyle elde edilen değerler.

**Çizelge EK 4.1.** Çalışmadaki bitkilerin polinatör böceklerinin örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri).

	<b>PGU</b>	<b>ARI</b>	<b>VGY</b>	<b>SYI</b>	<b>SPS</b>	<b>HHA</b>	<b>SAR</b>	<b>GOR</b>	<b>TPO</b>
<b>PGU</b>	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,17	0,00	0,14	0,05
<b>ARI</b>		1,00	0,00	0,00	0,06	0,00	0,13	0,00	0,00
<b>VGY</b>			1,00	0,20	0,08	0,00	0,08	0,00	0,05
<b>SYI</b>				1,00	0,06	0,00	0,06	0,09	0,04
<b>SPS</b>					1,00	0,00	0,19	0,05	0,06
<b>HHA</b>						1,00	0,00	0,08	0,04
<b>SAR</b>							1,00	0,06	0,06
<b>GOR</b>								1,00	0,08
<b>TPO</b>									1,00

**Çizelge EK 4.2.** Çalışmadaki bitkilerin tüm ziyaretçi böceklerinin örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri).

	<b>PGU</b>	<b>ARI</b>	<b>VGY</b>	<b>SYI</b>	<b>SPS</b>	<b>HHA</b>	<b>SAR</b>	<b>GOR</b>	<b>TPO</b>
<b>PGU</b>	1,00	0,00	0,00	0,11	0,06	0,20	0,05	0,09	0,05
<b>ARI</b>		1,00	0,00	0,00	0,05	0,00	0,09	0,00	0,00
<b>VGY</b>			1,00	0,25	0,06	0,00	0,05	0,00	0,05
<b>SYI</b>				1,00	0,09	0,06	0,08	0,06	0,07
<b>SPS</b>					1,00	0,04	0,16	0,04	0,08
<b>HHA</b>						1,00	0,03	0,05	0,04
<b>SAR</b>							1,00	0,07	0,05
<b>GOR</b>								1,00	0,04
<b>TPO</b>									1,00

**Çizelge EK 4.3.** Çalışmadaki bitkilerin polinatör böceklerinin yer aldığı cinslerdeki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri).

	<b>PGU</b>	<b>ARI</b>	<b>VGY</b>	<b>SYI</b>	<b>SPS</b>	<b>HHA</b>	<b>SAR</b>	<b>GOR</b>	<b>TPO</b>
<b>PGU</b>	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,25	0,00	0,17	0,08
<b>ARI</b>		1,00	0,00	0,00	0,08	0,00	0,11	0,14	0,07
<b>VGY</b>			1,00	0,33	0,09	0,00	0,13	0,00	0,08
<b>SYI</b>				1,00	0,08	0,17	0,10	0,13	0,14
<b>SPS</b>					1,00	0,00	0,27	0,21	0,14
<b>HHA</b>						1,00	0,00	0,11	0,13
<b>SAR</b>							1,00	0,08	0,11
<b>GOR</b>								1,00	0,19
<b>TPO</b>									1,00

**Çizelge EK 4.4.** Çalışmadaki bitkilerin tüm ziyaretçilerinin yer aldığı cinslerdeki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri).

	<b>PGU</b>	<b>ARI</b>	<b>VGY</b>	<b>SYI</b>	<b>SPS</b>	<b>HHA</b>	<b>SAR</b>	<b>GOR</b>	<b>TPO</b>
<b>PGU</b>	1,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,20	0,00	0,17	0,05
<b>ARI</b>		1,00	0,00	0,00	0,07	0,00	0,09	0,14	0,05
<b>VGY</b>			1,00	0,25	0,08	0,00	0,10	0,00	0,05
<b>SYI</b>				1,00	0,06	0,13	0,08	0,11	0,15
<b>SPS</b>					1,00	0,00	0,21	0,19	0,19
<b>HHA</b>						1,00	0,07	0,10	0,09
<b>SAR</b>							1,00	0,07	0,07
<b>GOR</b>								1,00	0,14
<b>TPO</b>									1,00

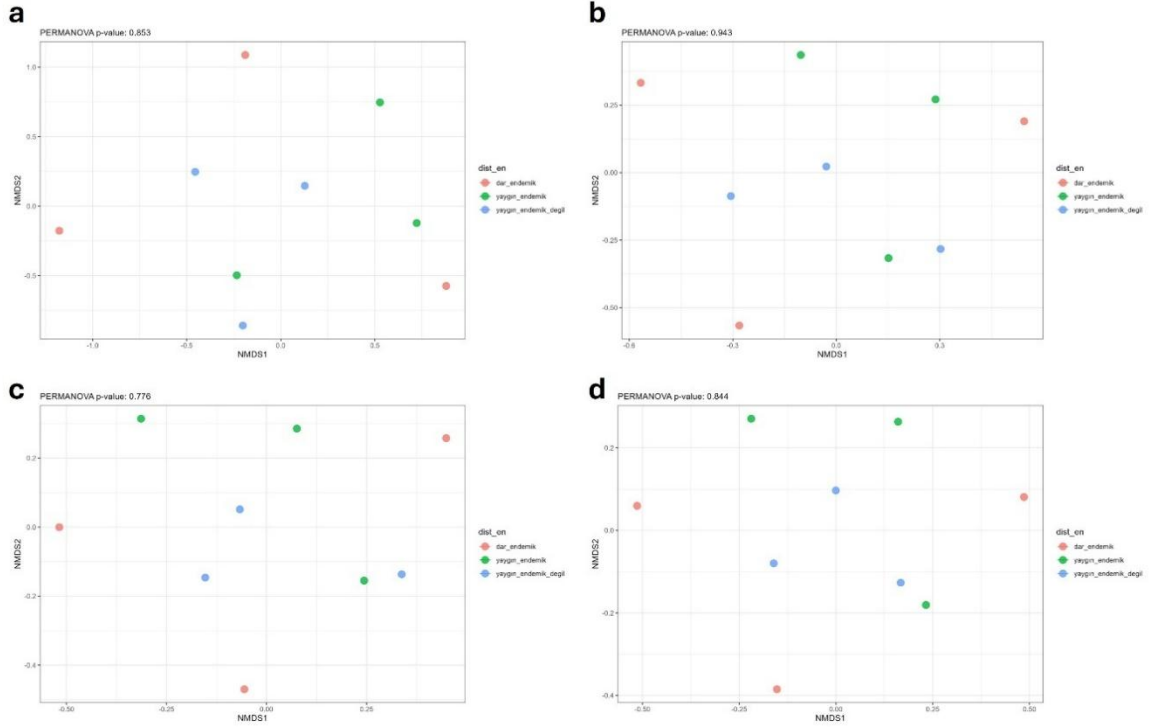
**Çizelge EK 4.5.** Çalışmadaki bitkilerin polinatör böceklerinin yer aldığı familyalardaki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri).

	<b>PGU</b>	<b>ARI</b>	<b>VGY</b>	<b>SYI</b>	<b>SPS</b>	<b>HHA</b>	<b>SAR</b>	<b>GOR</b>	<b>TPO</b>
<b>PGU</b>	1,0	0,3	0,0	0,0	0,1	0,3	0,1	0,3	0,1
<b>ARI</b>		1,0	0,3	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,3
<b>VGY</b>			1,0	0,3	0,1	0,0	0,1	0,0	0,1
<b>SYI</b>				1,0	0,1	0,2	0,2	0,2	0,3
<b>SPS</b>					1,0	0,2	0,3	0,1	0,3
<b>HHA</b>						1,0	0,4	0,2	0,3
<b>SAR</b>							1,0	0,1	0,4
<b>GOR</b>								1,0	0,3
<b>TPO</b>									1,0

**Çizelge EK 4.6.** Çalışmadaki bitkilerin tüm ziyaretçilerinin yer aldığı familyalardaki örtüşme oranları (Jaccard indeks değerleri).

	<b>PGU</b>	<b>ARI</b>	<b>VGY</b>	<b>SYI</b>	<b>SPS</b>	<b>HHA</b>	<b>SAR</b>	<b>GOR</b>	<b>TPO</b>
<b>PGU</b>	1,0	0,3	0,3	0,2	0,2	0,3	0,1	0,1	0,1
<b>ARI</b>		1,0	0,3	0,1	0,2	0,1	0,2	0,1	0,1
<b>VGY</b>			1,0	0,4	0,2	0,1	0,1	0,0	0,1
<b>SYI</b>				1,0	0,1	0,2	0,2	0,1	0,3
<b>SPS</b>					1,0	0,2	0,3	0,1	0,3
<b>HHA</b>						1,0	0,3	0,1	0,3
<b>SAR</b>							1,0	0,2	0,3
<b>GOR</b>								1,0	0,2
<b>TPO</b>									1,0

**EK 5.** Çalışma kapsamındaki bitkilerin polinatör böceklerinin ve tüm ziyaretçilerinin cins kompozisyonu.



**Şekil EK 5.1.** Bitkilerin polinatör böceklerinin cins kompozisyonu (a: var/yok verisi, c: bolluk verisi) ve tüm ziyaretçilerinin cins kompozisyonu (b: var/yok verisi, d: bolluk verisi) analizleri sonucunda cins kompozisyonunda istatistiksel olarak anlamlı fark gözlenmemiştir ( $p > 0,05$ ).

**EK 6.** Etkileşim ağ analizleri sonucunda elde edilen ağ metriği değerleri.

**Çizelge EK 6.1.** Etkileşim ağının bitkiler açısından yapısını açıklamada önemli olan metrik değerleri.

Bitki türü	Bağlantı sayısı	Takson gücü	Özelleşme indeksi	Etkileşim ortağı çeşitliliği	Etkili etkileşim ortağı sayısı
<i>P. guneri</i>	1	0,25	0,40	0,00	1,00
<i>A. riyatguelii</i>	5	3,57	0,73	1,55	4,71
<i>V. gypsicola</i>	1	0,11	0,05	0,00	1,00
<i>S. yildirimlii</i>	5	3,61	0,69	1,61	5,00
<i>S. pseudograminifolia</i>	13	9,70	0,62	2,37	10,72
<i>H. hasanyildirimii</i>	6	5,25	0,90	1,68	5,35
<i>S. argentea</i>	12	7,01	0,43	2,44	11,48
<i>G. orientalis</i>	7	4,02	0,56	1,91	6,73
<i>T. polium</i>	21	18,48	0,74	2,75	15,57

**Çizelge EK 6.2.** Etkileşim ağının polinatör böcekler açısından yapısını açıklamada önemli olan metrik değerleri.

Takson	Bağlantı sayısı	Takson gücü	Özelleşme indeksi	Etkileşim ortağı çeşitliliği	Etkili etkileşim ortağı sayısı
<i>Eulasia</i> sp. 1	1	0,05	0,18	0	1
<i>Andrena</i> sp. 10	2	0,1	0,06	0,69	2
<i>Andrena</i> sp. 5	1	0,05	0,11	0	1
<i>Andrena</i> sp. 7	1	0,02	0	0	1
<i>Andrena</i> sp. 8	1	0,1	0,21	0	1
<i>Andrena</i> sp. 9	1	0,02	0	0	1
<i>Anthophora</i> sp. 10	1	0,11	0,41	0	1
<i>Anthophora</i> sp. 4	1	0,22	0,55	0	1
<i>Anthophora</i> sp. 6	1	0,2	0,57	0	1
<i>Anthophora</i> sp. 7	1	0,2	0,57	0	1
<i>Anthophora</i> sp. 9	1	0,05	0,11	0	1
<i>Anthrax</i> sp. 1	1	0,05	0,11	0	1
<i>Apis mellifera</i>	1	0,02	0	0	1
Bombyliidae 1	1	0,07	0,29	0	1
Bombyliidae 2	2	0,21	0,32	0,69	2
Bombyliidae 3	2	0,43	0,4	0,67	1,96
Bombyliidae 4	1	0,02	0	0	1
Bombyliidae 5	1	0,2	0,57	0	1
Bombyliidae 7	1	0,02	0	0	1
<i>Ceratina</i> sp. 1	1	0,07	0,29	0	1
<i>Chazara briseis</i>	1	0,05	0,18	0	1

Takson	Bağlantı sayısı	Takson gücü	Özelleşme indeksi	Etkileşim ortağı çeşitliliği	Etkili etkileşim ortağı sayısı
<i>Dasygaster sp. 1</i>	2	0,38	0,38	0,6	1,82
<i>Dasygaster sp. 2</i>	2	0,17	0,22	0,64	1,89
<i>Habropoda sp. 1</i>	1	0,33	0,65	0	1
<i>Habropoda sp. 2</i>	1	0,11	0,41	0	1
<i>Halictus compressus</i>	1	0,05	0,18	0	1
<i>Halictus patellatus</i>	2	0,32	0,42	0,64	1,89
<i>Hylaeus sp. 1</i>	1	0,02	0	0	1
<i>Hylaeus sp. 2</i>	1	0,05	0,18	0	1
<i>Lasioglossum malachurum</i>	1	0,14	0,48	0	1
<i>Lasioglossum minutissimum</i>	1	0,13	0,44	0	1
<i>Lasioglossum morio</i>	2	0,07	0	0,69	2
<i>Lasioglossum politum</i>	1	0,02	0	0	1
<i>Lasioglossum sp. 2</i>	1	0,14	0,48	0	1
<i>Lasioglossum tricinctus</i>	1	0,13	0,44	0	1
<i>Megachile sp. 4</i>	2	0,12	0,16	0,69	2
<i>Megachile sp. 6</i>	1	0,07	0,29	0	1
<i>Mylabris sp.</i>	2	0,33	0,45	0,69	2
<i>Nomioides minutissimus</i>	4	1,26	0,32	1,39	4
<i>Osmia sp. 4</i>	1	0,11	0,41	0	1
<i>Oxythyrea cinctella</i>	1	0,05	0,18	0	1
<i>Phthiria sp. 1</i>	1	0,02	0	0	1
<i>Pseudochazara anthelea</i>	1	0,05	0,18	0	1
<i>Pyrgus sp.</i>	2	0,36	0,45	0,64	1,89
<i>Siphona sp. 1</i>	2	0,34	0,32	0,33	1,38
<i>Sphaerophoria sp. 1</i>	1	0,02	0	0	1
<i>Sphaerophoria sp. 2</i>	1	0,1	0,21	0	1
<i>Systropha planidens</i>	2	0,17	0,24	0,69	2
<i>Thyridanthrax sp. 1</i>	1	0,05	0,11	0	1
<i>Trichodes apiarius</i>	1	0,07	0,29	0	1
<i>Villa sp. 1</i>	5	1,51	0,16	1,52	4,59
<i>Winthemia sp. 1</i>	1	0,02	0	0	1

**EK 7.** eDNA metabarkodlama çalışmaları sonucunda elde edilen türleri ve türlerin temsil edildiği taksonların listesi.

**Çizelge 7.1.** eDNA metabarkodlama kapsamında elde edilen türler ve türlerin temsil edildiği taksonlar.

eDNA metabarkodlama taksonları	Cins düzeyi taksonlar
<i>Hippodamia variegata</i>	<i>Hippodamia</i> sp.
<i>Spermophagus calystegiae</i>	<i>Spermophagus</i> sp. 1
<i>Spermophagus sericeus</i>	<i>Spermophagus</i> sp. 2
<i>Bactrocera dorsalis</i>	<i>Bactrocera</i> sp.
<i>Exorista sabahensis</i>	<i>Exorista</i> sp.
<i>Acyrtosiphon caraganae</i>	<i>Acyrtosiphon</i> sp.
<i>Aphis craccivora</i>	<i>Aphis</i> sp. 1
<i>Aphis fabae</i>	<i>Aphis</i> sp. 2
<i>Aphis glycines</i>	<i>Aphis</i> sp. 3
<i>Aphis gossypii</i>	<i>Aphis</i> sp. 4
<i>Aphis sanguisorbicola</i>	<i>Aphis</i> sp. 5
<i>Aphis solanella</i>	<i>Aphis</i> sp. 6
<i>Brevicoryne brassicae</i>	<i>Brevicoryne</i> sp.
<i>Ceratovacuna japonica</i>	<i>Ceratovacuna</i> sp.
<i>Macrosiphoniella kuwayamai</i>	<i>Macrosiphoniella</i> sp.
<i>Macrosiphum hellebori</i>	<i>Macrosiphum</i> sp.
<i>Megoura brevipilosa</i>	<i>Megoura</i> sp. 1
<i>Megoura lespedezae</i>	<i>Megoura</i> sp. 2
<i>Paracolopha morrisoni</i>	<i>Paracolopha</i> sp.
<i>Sitobion avenae</i>	<i>Sitobion</i> sp.
<i>Uroleucon sonchi</i>	<i>Uroleucon</i> sp.
<i>Orius atratus</i>	<i>Orius</i> sp. 1
<i>Orius laevigatus</i>	<i>Orius</i> sp. 2
<i>Orius niger</i>	<i>Orius</i> sp. 3
<i>Osbornellus</i> sp.	<i>Osbornellus</i> sp.
<i>Nysius</i> sp.	<i>Nysius</i> sp.
<i>Diomocoris ostiolum</i>	<i>Diomocoris</i> sp.
<i>Leptopterna dolabrata</i>	<i>Leptopterna</i> sp.
<i>Naranjakotta hakeaphila</i>	<i>Naranjakotta</i> sp.
<i>Zophocnemis bicolor</i>	<i>Zophocnemis</i> sp.
<i>Gorpis brevilineatus</i>	<i>Gorpis</i> sp. 1
<i>Gorpis humeralis</i>	<i>Gorpis</i> sp. 2
<i>Anthemina lunulata</i>	<i>Anthemina</i> sp.
<i>Aeolothrips intermedius</i>	<i>Aeolothrips</i> sp.
<i>Frankliniella occidentalis</i>	<i>Frankliniella</i> sp. 2

<b>Tür</b>	<b>Takson</b>
<i>Frankliniella</i> sp.	<i>Frankliniella</i> sp. 1
<i>Haplothrips aculeatus</i>	<i>Haplothrips</i> sp.
<i>Kladothrips tepperi</i>	<i>Kladothrips</i> sp.
<i>Megalurothrips</i> sp.	<i>Megalurothrips</i> sp.
<i>Stenchaetothrips biformis</i>	<i>Stenchaetothrips</i> sp.
<i>Thrips hawaiiensis</i>	<i>Thrips</i> sp. 1
<i>Thrips tabaci</i>	<i>Thrips</i> sp. 2
<i>Aceria</i> sp.	<i>Aceria</i> sp.
<i>Leipothrix</i> sp.	<i>Leipothrix</i> sp.