

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Adnan TUSUN

**DOĞU AKDENİZ BÖLGESİ YAYLA VE OVA KESİMİNDEKİ
Ceratitis capitata WIEDEMANN (DIPTERA: TEPHRITIDAE)
POPÜLASYONLARININ MİTOKONDRIYAL DNA
BÖLGELERİNDEKİ (COI-COII) VARYASYONLARIN
ARAŞTIRILMASI**

BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

ADANA-2016

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**DOĞU AKDENİZ BÖLGESİ YAYLA VE OVA KESİMİNDEKİ
Ceratitis capitata WIEDEMAN (DIPTERA: TEPHRITIDAE)
POPÜLASYONLARININ MİTOKONDRİYAL DNA
BÖLGELERİNDEKİ (COI-COII) VARYASYONLARIN
ARAŞTIRILMASI**

Adnan TUSUN

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

Bu Tez 11/10/2016 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından Oybirliği ile Kabul Edilmiştir.

Prof. Dr. Serdar SATAR
DANIŞMAN

Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
ÜYE

Yrd. Doç. Dr. Cengiz İKTEN
ÜYE

Bu Tez Enstitümüz Bitki Koruma Anabilim Dalı'nda hazırlanmıştır.

Kod No:

**Prof. Dr. Mustafa GÖK
Enstitü Müdürü**

**Bu Çalışma Ç. Ü. Araştırma Projeleri Birimi Tarafından Desteklenmiştir.
Proje No: FYL-2016-5504**

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖZ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

DOĞU AKDENİZ BÖLGESİ YAYLA VE OVA BÖLGESİNDEKİ *Ceratitis capitata* WIEDEMAN (DIPTERA: TEPHRITIDAE) POPÜLASYONLARININ MİTOKONDRIYAL DNA BÖLGELERİNDEKİ (COI-COII) VARYASYONLARIN ARAŞTIRILMASI

Adnan TUSUN

**ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİTKİ KORUMA ANA BİLİM DALI**

Danışman : Prof. Dr. Serdar SATAR
Yıl: 2016, Sayfa 77
Jüri : Prof. Dr. Serdar SATAR
: Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
: Yrd. Doç. Dr. Cengiz İKTEN

Bu çalışmada, Doğu Akdeniz Bölgesi'nde Adana, Mersin ve Hatay illerinin yayla ve ova kesimindeki 27 farklı meyve bahçesinden toplanan vuruklu meyvelerden elde edilen *Ceratitis capitata* Wied. (Diptera: Tephritidae) türünün moleküler sistematik analizi yapılmıştır. Filogenetik analiz için nükleotit dizileri DNA'nın mitokondriyal sitokrom oksidaz (CO) geninin iki bölgesi'nden 914 bp'lik bölge (COI-COII) elde edilmiştir. İzole edilen genomik DNA örnekleri C1-J-2792 (George) ve TK-N-3772 (Eva) primer çiftleri kullanılarak PCR ile çoğaltılmıştır. Sekanslamaya 72 örnek gönderilmiş bunların 67 tanesinde güzel okuma olup bu örnekleri Mega 6.0 ve DnaSP 5 software programı yardımıyla yapılan analizlerde 7 haplotip elde edilmiştir. Arlequin programı yardımıyla gen akımı (Nm) ve ikili genetik uzaklık (F_{st}) değerleri hesaplanmıştır. Adana, Mersin ve Hatay illerinin yayla ve ova kesimindeki popülasyonların genetik farklılıkları bölge bazında karşılaştırıldığında popülasyonlar arasındaki ikili genetik uzaklık (F_{st}) değeri en yüksek -0.00486 olarak Hatay ile Mersin arasında bulunurken en düşük -0.01604 olarak Hatay ile Adana illeri arasında olduğu görülmüştür. Popülasyonlar arası hesaplamalarda Adana ve Mersin illeri arasında sonsuz bir gen akımı görülürken Hatay ile Mersin arasında 604.84 olarak elde edilmiştir. Bu durum bize Adana ve Mersin illeri arasındaki popülasyonların birbirine karıştığı yani gen akımının olduğu, Hatay ile Mersin arasında ise gen akımının daha az olduğunu göstermektedir. Yayla kesiminden elde edilen haplotipler her üç il içinde ayrı ayrı olmuştur. Yüksek kesimdeki popülasyonlarda genetik çeşitliliğin (Hd) ova kesimindeki popülasyonlara göre daha fazla olduğu saptanmıştır. NCBI web sitesinden alınan *C. capitata*'nın COI-COII bölgesine ait referans genlerin (Çin, ABD, Avustralya, Yunanistan) mevcut örnekler ile çizilen filogenetik ağaç üzerinde karşılaştırıldığında Türkiye'deki popülasyonların diğer ülkelerdeki popülasyonlar ile birbirine karışmadığı saptanırken Türkiye'nin yayla kesimi popülasyonunda Türkiye'nin diğer popülasyonları içinde ayrı bir dal oluşturduğu görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: *Ceratitis capitata*, mtDNA, Filogenetik analiz, Nm, F_{st}

ABSTRACT

MSc. THESIS

**EASTERN MEDITERRANEAN REGION HIGHLAND AND PLAIN
AREA *Ceratitis capitata* WIEDEMANN (DIPTERA: TEPHRITIDAE) IN
MITOCHONDRIAL DNA REGION OF POPULATION (COI-COII)
INVESTIGATION OF VARIATION**

Adnan TUSUN

**ÇUKUROVA UNIVERSITY
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES
DEPARTMENT OF PLANT PROTECTION**

Supervisor : Prof. Dr. Serdar SATAR
Year: 2016, Page: 77
Jury : Prof. Dr. Serdar SATAR
: Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR
: Assist. Prof. Dr. Cengiz İKTEN

In this study, highland and lowland regions of Adana, Mersin and Hatay provinces of the Eastern Mediterranean Region were surveyed to collect infected fruit with *Ceratitis capitata* Wied. (Diptera: Tephritidae). As a result, *C. capitata* individuals were obtained from 27 different orchards and they were used in molecular systematics analysis. Mitochondrial DNA cytochrome oxidase (CO) gene were used for phylogenetic analysis. The isolated genomic DNA samples were amplified by using PCR, totaly 914 bp nucleotide sequences of COI-COII region were obtained via C1-J-2792 (George) and TK-N-3772 (EVA) primer pairs. 72 samples were sent for sequencing. Out of 67 samples were give good reading and after that allignment and correction of sequences by Mega6.0. Sequences were analyzed to obtain number of haplotypes by using DnaSP 5 which is calculated seven haplotypes. Arlequin program were used in calculation of gene flow (Nm) and binary genetic distance (F_{st}) values. Genetic differences between populations in lowland and highland parts of Adana, Mersin and Hatay provinces were assed and 0.00486 value obtained as highest F_{st} values between Hatay and Mersin Provinces, and lowest one observed as -0.01604 between Hatay and Adana. Nm value was observed as limitless (∞) between Adana and Mersin provinces but 604.84 was seen between Hatay and Mersin. These values clearly show us that; the population of Adana and Mersin provinces has mixed population of *C. capitata* compare to between Hatay and Mersin provinces. Haplotypes of highland population of three provinces is become differeent each other. Moreover, genetical diversity (Hd) in populations of higher elevations is greater than the populations in lowland areas. Phylogenetic tree drawn by existing examples with reference gene of COI-COII region which are obtained from NCBI website and they are the populations of China, USA, Australia, Greece show that Turkey's poulation has different branch than other countries, and furthermore highland population has aslo different branch in Turkey populations.

Key Words: *Ceratitis capitata*, mtDNA, phylogenetic analysis, Nm, F_{st} .

GENİŞLETİLMİŞ ÖZET

Ceratitis capitata Wied. (Diptera: Tephritidae) ülkemizde özellikle Doğu Akdeniz Bölgesi'nde son yıllarda daha önce görülmediği veya nadiren görüldüğü değişik noktalarda görülmeye başlamıştır. Bu noktalardan bir tanesi de yayla kesimi dediğimiz deniz seviyesinden 1200 m'nin üstündeki alanlardır. *C. capitata* ülkemizde özellikle de Doğu Akdeniz Bölgesi'nde epidemik düzeyinde bir popülasyon yoğunluğuna ulaştığı görülmektedir. Ülkemizde *C. capitata* üzerinde moleküler sistematik analiz çalışmaları mevcut değildir. Zararlıının farklı coğrafik özellikteki bölgeler arasındaki filogenetik ilişkiler hala yeterli bir şekilde aydınlatılmamıştır. Bu çalışmada Doğu Akdeniz Bölgesi'ndeki farklı coğrafik özellikteki bölgelerden örneklemeler yapılırken 3 hedef belirlenmiştir: 1) Doğu Akdeniz Bölgesi'nde *C. capitata* popülasyonlarının mtDNA bölgelerinde görülen genetik varyasyonlarının ortaya çıkarılması 2) Ova ve yayla kesiminin farklı yüksekliklerdeki *C. capitata* popülasyonlarının genetik yönden karşılaştırılması 3) Gen bankasında kayıtlı, aynı bölge çalışılmış dizilimler ile bölgemizden elde edilen mtDNA dizilimlerin karşılaştırılması yapılarak bölgemizde görülen popülasyonların diğer ülkelerdeki popülasyonlar ile ilişkileri ortaya konulmasıdır. Doğu Akdeniz Bölgesi'nde Adana, Mersin ve Hatay illerinin yayla ve ova kesiminden 27 farklı meyve bahçesinden toplanan vuruklu meyvelerden elde edilen *C. capitata* türünün moleküler sistematik analizi yapılmıştır.

Doğu Akdeniz bölgesi ova ve yayla kesiminden toplanan *C. capitata* bireylerinin DNA izolasyonu için Dneasy Tissue Kiti (Qiagen) kullanılmıştır. PCR çalışması 5 µl Green Buffer, 0.5 µl Dream Taq, 1 µl dNTP, 5 µl Primer, (C1-J-2792 (George) 5'-ATACCTCGACGTTATTTCAGA, TK-N-3772 (Eva) 5'-GAGACCATTACTTGCTTTCAGTCATCT-3), saf su ile sulandırılmış 5 µl DNA içeren 50 µl'lik final hacimlerde yapılmıştır. Elde edilen PCR ürünü % 1'lik Agarose/TAE jelde yürütülmüş ve görüntüleme aletinde görüntülenmiştir. Gen dizileme sonucunda elde edilen nükleotid dizileri NCBI'nin Blast analiz programına

girilerek gen bankasındaki genlerle karşılaştırılmış gen bölgeleri doğrulanmış ve referans genler belirlenmiştir. Bu nükleotit dizilimleri Fasta formatına çevrildikten sonra örnekler Mega 6.0 programı ile dizilenip bazlar FinchTV v1.4 programı yardımıyla kontrol edilmiştir. Örnekler içerisinde farklı baz dizilimine sahip haplotipler tespit edilmiştir. Nükleotid dizileri arasındaki farklılıkları göstermek için homoloji gölgelemesinde GeneDoc programı kullanılmıştır. Neighbor-joining metodu kullanılarak Mega 6.0 programında filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Popülasyon genetiği analizleri için elde edilen veri matrisi bireyler arasında genetik benzerlik ve mesafe oranı, polimorfizm oranı, heterozigotluk değerleri gibi istatistikler de DnaSP 5 software ve Arlequin 3.5 programı yardımıyla hesaplanmıştır. NCBI web sitesinden alınan *C. capitata*'nın COI-COII bölgesine ait genlerin mevcut örnekler ile karşılaştırıldığında gen dizilemesi yapılan toplam 72 örnekten 7 Haplotip elde edilmiş ve en yaygın Haplotip % 83.58 ile Haplotip 1 (56 örnek) olduğu bunu %5.97 ile Haplotip 2 takip ettiği belirlenmiştir. İl bazında popülasyonlara baktığımızda Mersin ve Hatay illerinin Adana'ya göre daha saf olduğu ama her üç ilin popülasyonları birbirine karıştığı gen akımının olduğu görülmüştür. Adana'nın Mersin ve Hatay'a göre daha yüksek oranda karışık popülasyon içermesi Adana'nın her iki il arasında kaldığı ve bir köprü görevi görmesi olarak düşünülmüştür. Yayla kesiminde ise bu durum farklı olmuş, keza çizilen filogenetik ağaçta yayla kesimi ile ova kesiminin birbirinden ayrıldığı görülmüştür. Mersin'in yayla kesimi ile Hatay'ın yayla kesiminden farklı haplotipler elde edilmiştir. Bu da bize yayla kesiminin ova'ya göre daha farklı popülasyonlar içerdiğini göstermektedir.

TEŞEKKÜR

Lisans öğrenimimin ikinci sınıfından itibaren gerek çalışmalarında gerekse özel yaşamımda ihtiyacım olduğu her anda bütün imkânlarını sunarak benden desteğini esirgemeyen değerli danışman hocam Prof. Dr. Serdar SATAR'a, sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Resmiyette danışmanım olmasa da bana çalışmaların birçok aşamasında danışmanlık yapan ve her türlü bilgisini ve laboratuvar imkânlarını esirgmeden paylaşan değerli hocam Dr. Gül SATAR'a,

Yüksek Lisans Tez jüri üyelerinden değerli hocalarım Prof. Dr. Yıldız AKA KAÇAR ve Yrd. Doç. Dr. Cengiz İKTEN'e tezimdeki ekleme, düzeltme ve diğer katkılarından dolayı sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Biyolojik Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdür yardımcısı Dr. Mehmet KARACAOĞLU ve Bayer Cropscience Ar-Ge Adana Bölgesi Teknik Müdürü Yüksek Ziraat Mühendisi Mustafa PORTAKALDALI'na

İhtiyacım olduğunda yardımlarını esirgemeyen çalışma arkadaşım Yük. Ziraat Müh. Serkan KIZILYAMAÇ'a ve diğer turuncgil zararlıları laboratuvarı çalışanları olan Ziraat Müh. Emine KÜÇÜKTAŞ, Yük. Zir. Müh. Miraç YAYLA, Yağmur AKAT, Meryem LAFÇI'ya

Ayrıca tezimi maddi olarak destekleyen Ç.Ü. Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne ve bugünlere kadar gelirken her koşulda yanımda olan ve desteklerini her zaman hissettiren başta dedem ve nenem olmak üzere canım annem ve babam Sadiye ve Cemal TOSUN'a amcalarıma kardeşlerime ve yeğenim Yağmur Sadiye TOSUN'a çok teşekkür ederim. İyi ki varsınız.

İÇİNDEKİLER	SAYFA
ÖZ.....	I
ABSTRACT	II
TEŞEKKÜR	V
İÇİNDEKİLER.....	VI
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	VIII
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	X
SİMGELER VE KISALTMALAR	XIV
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	5
3. MATERYAL VE METOT	13
3.1. Materyal.....	13
3.2. Metot	13
3.2.1. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla kesiminden <i>Ceratitıs capitata</i> Bireylerinin Toplanması.....	13
3.2.2. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden toplanan <i>Ceratitıs</i> <i>capitata</i> Bireylerinin DNA İzolasyonu ve PCR Çalışmaları	18
3.2.2.1. DNA İzolasyonu	18
3.2.2.2. PRC Çalışmalarında Kullanılan Primerler.....	20
3.2.2.3. PCR Amplifikasyonu ve Optimizasyonu.....	21
3.2.2.4. Örneklerin Agaroz Jel’de Koşurulması ve Görüntülenmesi...22	
3.2.2.5. DNA Dizileme	23
3.2.3. Filogenetik ve Popülasyon Genetiği Analizleri.....	23
4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA.....	29
4.1. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden Toplanan <i>Ceratitıs</i> <i>capitata</i> Popülasyonları.....	29

4.2. Dođu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden Toplanan <i>Ceratitis capitata</i> Popülasyonlarının Mitokondriyal DNA(COI-COII) Bölgesinin Jel Görüntüleri	32
4.3. Dođu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden Toplanan <i>Ceratitis capitata</i> Popülasyonlarının Gen Dizilemesi ve Veri Analizi	38
4.4. Dođu Akdeniz Bölgesi'nden Toplanan <i>Ceratitis capitata</i> Bireylerinin Popülasyon Genetiđi Analizleri.....	54
4.4.1. <i>Ceratitis capitata</i> 'nın Toplandığı İl'lere Göre Popülasyon Genetiđi Analizleri	54
4.4.2. Dođu Akdeniz Bölgesi'nde Yayla ve Ova Kesiminden Toplanan <i>C. capitata</i> Bireylerinin Popülasyon Genetiđi Analizi	59
5. SONUÇLAR	63
KAYNAKLAR.....	65
ÖZGEÇMİŞ.....	73
EKLER	74

ÇİZELGELER DİZİNİ

SAYFA

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan PCR primerleri (MtDNA'de COI-COII gen bölgeleri için) ve baz dizilimleri (Bogdanowicz ve ark., 1993).....	21
Çizelge 3.2. PCR reaksiyonunda kullanılan kimyasallar ve konsantrasyonları ...	21
Çizelge 3.3. PCR sıcaklık ve döngü koşulları	21
Çizelge 3.4. Popülasyon genetiği çalışmalarında NCBI sitesinden elde edilmiş değerlendirmeye alınan <i>Ceratitis capitata</i> popülasyonlarına ait ülke ve referans genlerin kod numaraları	24
Çizelge 4.1. <i>Ceratitis capitata</i> ile bulaşık meyvelerin toplandığı bölgeler	31
Çizelge 4.2. Gen dizilemesi yapılan örneklerin toplandığı yerler ve çizelge üzerindeki örnek kodu numaraları jel görüntüsü üstündeki numaraları ifade etmektedir.....	33
Çizelge 4.3. <i>Ceratitis capitata</i> 'ya ait haplotip, haplotiplere ait popülasyon ve haplotipin % oranı	55
Çizelge 4.4. <i>Ceratitis capitata</i> popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre çeşitlilik ve nötral değişim indeksleri.....	57
Çizelge 4.5. <i>Ceratitis capitata</i> popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre popülasyon genetik göstergeleri.....	57
Çizelge 4.6. <i>Ceratitis capitata</i> 'nin farklı popülasyonlarının mitokondriyal COI-COII geninden elde edilen nükleotid dizilerine göre hesaplanan ikili genetik uzaklık (F_{st}) (alt kısım) ve gen akımı (Nm) (üst kısım) değerleri.....	58
Çizelge 4.7. <i>Ceratitis capitata</i> popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre çeşitlilik ve nötral değişim indeksleri.....	61

Çizelge 4. 8. *Ceratitis capitata* popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre popülasyon genetik göstergeleri.....61



ŞEKİLLER DİZİNİ

SAYFA

Şekil 3.1. Mersin ilinde ova ve yayla kesiminde sörvey yapılan meyve bahçelerinin Google Earth üzerinde nokta olarak gösterilmesi.	14
Şekil 3.2. Adana ilinde sörvey yapılan meyve bahçelerinin Google Earth üzerinde nokta olarak gösterilmesi.	15
Şekil 3.3. Hatay ilinde ova ve yayla kesiminde sörvey yapılan meyve bahçelerinin Google Earth üzerinde nokta olarak gösterilmesi.	16
Şekil 3.4. Çalışma için kültüre alınan vuruklu meyveler; a) Perlit+vermikulit karşımına meyvelerin yerleştirilmesi, b) etiket bilgilerinin yazılması, c) meyvelerin üzeri ince tülle kapatılması, d-e) pupaların petriye toplanması f-g) pupaların kültüre alınması ve son hali.....	17
Şekil 3.5. Kültüre alınan vuruklu meyvelerden elde edilen ergin bireyler	18
Şekil 3.6. <i>Ceratitis capitata</i> ergin bireylerinden elde edilen DNA'lar.....	19
Şekil 3.7. Böcek mitokondriyal DNA'sının şematik gösterimi.....	20
Şekil 3.8. Denemelerde kullanılan elektroforez sistemi.....	22
Şekil 3.9. Mega 6.0 programı ile hizalama (Alignment).....	25
Şekil 3.10. FincTV programında nükleotit dizilimlerinin vermiş olduğu hatalı pikler.....	26
Şekil 3.11. FincTV programında nükleotit dizilimlerinin vermiş olduğu hatasız pikler	27

- Şekil 4.1. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M:Markır, 11: Gülnar-Kuskan köyü / Mersin, 12: Anamur-Meriç / Mersin, 16: Samandağ-Fıdanlı köyü / Hatay, 13: Erzin / Hatay, 6: Arslanköy / Mersin, 3: Borcakaylası / Mersin..... 35
- Şekil 4.2. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 3: Borcakaylası / Mersin, 1: Hamzabeyli / Mersin, 19: Yumurtalık / Adana, 17: Karataş / Adana, 27: Yenice / Mersin, 15: Belen / Hatay, 21: Ceyhan / Adana..... 35
- Şekil 4.3. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 21: Ceyhan / Adana, 22: Seyhan / Adana, 20: Misis / Adana, 10: Mut / Mersin, 7: Tarsus / Mersin, 18: Kozan / Adana. 36
- Şekil 4.4. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 2: Hacediği / Mersin, 4: Hangediği / Mersin, 5: Kurudere / Mersin, 7/2: Tarsus / Mersin, 8: Erdemli / Mersin, 9: Silifke / Mersin. 36
- Şekil 4.5. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 17/2: Karataş / Adana, 27: Yenice / Mersin, 14: Dört Yol / Hatay, 23: Çukurova / Adana, 24: Karşıyaka / Adana, 25: Yüreğir / Adana..... 37
- Şekil 4.6. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 24/2: Karşıyaka / Adana 14/2: Dört Yol / Hatay, 4/2: Hangediği / Mersin, 7/3: Tarsus / Mersin, 13: Erzin / Dört Yol, 27/2: Yenice / Mersin, 25/2: Yüreğir / Adana. 37

Şekil 4.7. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 25/2: Yüreğir / Adana, 9: Silifke / Mersin, 17/3: Karataş / Adana.	38
Şekil 4.8. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 4/3: Hangediği / Mersin, 17/4: Karataş / Adana, 27/3: Yenice / Mersin, 14/3: Dört Yol / Hatay, 23/2: Çukurova / Adana, 25/3: Yüreğir / Adana.	38
Şekil 4.9. Mega ve FincTV programında 6, 26, 39 ve 47 nolu örneklerden oluşan Haplotip 2'nin nükleotit dizilimindeki baz değişikliği görüntüsü	40
Şekil 4.10. Mega ve FincTV programında 7 ve 10 nolu örneklerden oluşan Haplotip 3'ün nükleotit dizilimindeki baz değişikliği görüntüsü	41
Şekil 4.11. Mega ve FincTV programında 14 nolu örnekte oluşan Haplotip 4'ün nükleotit dizilimindeki baz değişikliği görüntüsü	42
Şekil 4.12. Mega ve FincTV programında 29 nolu örnekte oluşan Haplotip 5'in nükleotit dizilimindeki baz değişikliği görüntü	43

Şekil 4.16. *Ceratitis capitata* türünün mitokondriyal DNA'larındaki COI-COII bölgesinin nükleotid dizilimlerine göre Haplotip 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 ile referans genler, ABD, Yunanistan, Avustralya ve Çin'e ait farklı haplotipler ile Dış grup *Drosophila machilla* ve *Drosophila inca* 'nin filogenetik ilişkileri Neighbour-Joining metodunu kullanarak çizilmiş filogenetik ağaç (Bootstrap 2000, orginal tree). (Parantez içerisinde verilen sayılar Çizelge 4.2' de ki sıra numaralarını göstermektedir). 54

SİMGELER VE KISALTMALAR

Alignent	: Her bir baz çiftinin alt alta getirilerek hizalanması
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
PCR	: Polimerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
RAPD	: Randomly Amplified Polymorphic DNA
AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
DNA	: Deoxyribonucleic Acid
RNA	: Ribonucleic Acid
SSR	: Simple Sequence Repeat
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
rDNA	: Nükleer Ribozomal DNA
gDNA	: Genomik DNA
bp	: Base Pair (Baz Çifti)
rRNA	: Ribozomal RNA
CO I	: Cytochrome Oxidase I
CO II	: Cytochrome Oxidase II
cDNA	: Complementary Deoxyribonucleic Acid
dH ₂ O	: Distile Su
dNTP	: Deoksiribonükleosid trifosfat
EDTA	: Etilendiamintetraasetikasit
EtBr	: Etidyumbromid
Taq	: Thermus aquaticus
°C	: Santigrat derece
n	: Tekerrür sayısı
NCBI	: National Center for Biotechnology formation
rpm	: Revolutions per minute (Dakikada dönme sayısı)



1. GİRİŞ

Akdeniz Meyve Sineği, *Ceratitis capitata* Wied. (Diptera: Tephritidae), sert ve yumuşak çekirdekli meyveler, turunçgiller başta olmak üzere 300'den fazla değişik konukçusu olan kozmopolit bir zararlıdır (Demirdere, 1961; Chirstenson, Foote 1960; Liquido ve ark. 1991; Tiring, 2015; Kızılyamaç, 2016). Bu zararlı son yıllarda meyvecilikte: kayısı, şeftali, nektarin, armut, hurma özellikle de ekonomimizde önemli yer tutan turunçgillerin, üretim ve yayılış alanlarında giderek artmaktadır. Anavatanının Afrika'nın doğusu ve tropikal bölgeleri olduğu kabul edilen bu zararlının turunçgillerden başka önemli konukçuları arasında elma, Trabzon hurması, şeftali, nektarin, nar, avokado, incir, kayısı ve armut gibi önemli ticari meyve türleri ve çeşitleri yer almaktadır (Demirdere, 1961; De Meyer ve ark., 2004). İhracata giden ürünlerden tek bir meyvenin dahi bu zararlı ile bulaşık olması tüm ürünün geri çevrilmesine sebep olmakta ve bu durum döviz kaybına yol açarak üreticiyi ve tüccarı zarara uğratmaktadır. Bu yüzden zararın önlenmesi, daha fazla ihracat yapılmasını sağlayarak milli ekonomiye büyük katkılarda bulunacaktır (Zümreoğlu ve ark., 1988). Bu sebepten dolayı zararlının doğada ilk olarak ne zaman ortaya çıktığı, mevsim içinde hangi konukçularda ne kadar süreyle bulunduğu, değişik konukçular üzerindeki gelişme durumu ve doğada çıkışlarının ne zaman sona erdiğinin iyi bilinmesi zorunludur.

Ceratitis capitata, iklim koşullarına göre farklı meyveler üzerinde gelişim süreleri değişmektedir. Giderek daha fazla alana ve farklı konukçulara sahip olan bu zararlı kışı toprağın 2-3 cm derinliğinde pupa olarak, yumuşak çekirdekli meyvelerde (elma) veya turunçgillerden altıntop (grapefruit) meyvesi içerisinde ise ikinci larva döneminde kışı geçirdiği saptanmıştır (Tiring, 2015; Kızılyamaç, 2016). Zararlının biyoloji üzerinde Tiring, (2015) yaptığı çalışmada 24 °C'de okitsu meyvesi üzerinde yumurta-larva gelişim süresi 12 gün, pupa gelişim süresini 10 gün ve toplam gelişim süresini 22 gün, Trabzon hurması üzerinde yumurta-larva gelişim süresi 12 gün, pupa gelişim süresi 9 gün ve toplam gelişim

süresini 21 gün, Galaxy gala elma çeşitinde ise yumurta-larva gelişim süresi 14 gün, pupa gelişim süresini 12 gün ve toplam gelişim süresini 26 gün olarak saptamıştır. Buna benzer diğer bir çalışma ise Kızılyamaç, 2016 ülkemizde yaş meyve ihracatında özellikle Doğu Akdeniz Bölgesi'ndeki yayla kesimi için önemli bir gelir kaynağı olan şeftali meyvesi üzerinde çalışmıştır. Çalışmada 26 °C'de *C. capitata*'nın şeftali meyvesi üzerinde yumurta-larva gelişim süresi 11 gün, pupa gelişim süresi 10 gün, toplam gelişim süresini ise 21 gün olarak elde etmiştir.

Ceratitis capitata ülkemizde ilk defa 1904 yılında yapılan bir çalışma ile kayıt altına alınmıştır (Fimiani, 1989). Son yıllarda yapılan detaylı çalışmalarda daha önce görülmediği veya nadiren görüldüğü değişik noktalarda görülmeye başlamıştır (Tiring, 2015; Kızılyamaç, 2016). Bu noktalardan bir tanesi de yayla kesimi dediğimiz deniz seviyesinden 1200 m'nin üstündeki alanlardır. *C. capitata* ülkemizde özellikle de Doğu Akdeniz Bölgesi'nde epidemik düzeyinde bir popülasyon yoğunluğuna ulaştığı görülmektedir (Kızılyamaç, 2016). Epidemik yaptığı noktalarda kimyasal mücadelesi meyve almak için bir zorunluluk haline gelmiştir. Zararlıının yayılma alanında görülen bu değişim sadece ülkemizde değil Florida, Avustralya, Hawaii, Latin Amerika ülkeleri (Brezilya Arjantin vb.), İspanya gibi geniş bir coğrafyadaki başka ülkelerde de görülmüştür (Fimiani, 1989; Carey, 1996a; Simberloff, 1997; Myers, ve ark 2000 Malacrida ve ark 2007; De Meyer ve ark 2008). Bu yayılma alanında görülen artışın nedenleri üzerine yapılan çalışmalardan bir tanesi de *C. capitata*'nın DNA'sında görülen değişiklikler olduğu düşünülmüş ve pek çok ülkede microstallite bölgeler ve mtDNA üzerinde araştırmalar yürütülmüştür (Villablanca, ve ark, 1998; Davies, ve ark, 1999a,b; Elfekih ve ark., 2010a, 2010b).

Mitokondriyal DNA (mtDNA), böceklerde genetik varyasyon çalışmaları için tercih edilen bir belirteçtir (Behura, 2006). Mitokondriyal gen bölgeleri filogenetik ve popülasyon genetiği çalışmalarında akraba böcek türlerinin tarih içindeki evrimini belirlemek için kullanılmaktadır. MtDNA yakın zamanda birbirinden ayrılan türlerin tarih içinde fenotipik değişimi ve farklılaşmasının

genetik temellerinin iyi bir şekilde anlaşılmasını sağlamıştır. Hayvanlarda mitokondriyal DNA genellikle 36 ya da 37 gen içermektedir. Bazı bölgeler hızla değişirken, bazı bölgeler oldukça fazla korunmuştur. İşte bu farklı değişme hızına sahip bölgeler farklı taksonomik kategorilerin çalışılmasına imkân vermektedir (Simon ve ark., 1994). Böceklerde mitokondriyal DNA çalışmalarında en fazla sekansı çıkarılmış genler sitokrom oksidaz I (COI), sitokrom oksidaz II (COII), 12S ve 16S genleridir (Elven ve ark., 2010; Clark ve ark., 2001; Barker ve ark., 2007). Mitokondriyal DNA belirteçlerinin çalışmalarda daha çok tercih edilmesinin çeşitli nedenleri vardır (Behura, 2006). Bunlar; her bir hücredeki mtDNA sayısı çok fazla olup ve dolayısıyla da elde edilmesi çok kolay olması, uygun olmayan koşullarda saklanmış örneklerle dahi mtDNA'nın çoğaltılabilmesi, mtDNA genleri anne tarafından değişmeden aktarılması gibi nedenlerden dolayı en çok kullanılan gen bölgelerinden biridir.

Tür içerisinde, farklı coğrafi bölgelere veya farklı konukçulara zamanla özelleşen ırk veya ekotip diye adlandırdığımız bireylerin popülasyonlarının diğer popülasyonlardan farklılıklarını ortaya koymak için morfolojik karakterlerden daha çok son yıllarda moleküler teknikler kullanılmaktadır (Ikawa ve ark., 2006). Bu da bize böcek taksonomisi ve popülasyon biyo-ekolojisini anlamada yeni bir boyut kazandırmıştır (Behura ve ark., 2010). Ülkemizde *C. capitata* üzerinde moleküler sistematik analiz çalışmaları mevcut değildir. Zararlıının farklı coğrafik özellikteki bölgeler arasındaki filogenetik ilişkiler hala yeterli bir şekilde aydınlatılmamıştır.

Bu çalışmada Doğu Akdeniz Bölgesi'ndeki farklı coğrafik özellikteki bölgelerden örneklemeler yapılırken 3 hedef belirlenmiştir: 1) Doğu Akdeniz Bölgesi'nde *C. capitata* popülasyonlarının mtDNA bölgelerinde görülen genetik varyasyonlarının ortaya çıkarılması 2) Ova ve yayla kesiminde farklı yükseklerdeki *C. capitata* popülasyonlarının genetik yönden karşılaştırılması 3) Gen bankasında kayıtlı, aynı gen bölgesi çalışılmış dizilimler ile bölgemizden elde edilen mtDNA dizilimlerin karşılaştırılması yapılarak bölgemizde görülen popülasyonların diğer ülkelerdeki popülasyonlar ile ilişkileri ortaya konulmasıdır.



2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Malacrida ve ark. (1998), *Ceratitis capitata*'nın dünya genelinde kolonizasyonunu genetik yönden analiz etmek için multilokus enzim elektroforezi verileri olan 26 polimorfik lokus kullanmışlardır. Örnekler Afrika, Akdeniz adaları (Madeira ve Gran Canaria), Akdeniz Bölgesi, Latin Amerika (Guatemala), Pasifik (Hawaii) ve Avustralya olmak üzere 17 popülasyondan toplanmış ve 82 örnek üzerinden çalışmayı yürütmüşlerdir. Elde edilen genetik verilerden *C. capitata*'nın Doğu ve Güney Afrika'daki atalarının popülasyonları yakın geçmişte birkaç popülasyonun ortaya çıkmasına neden olduğunu saptamışlardır. Afrika-Akdeniz bölgesinde mesafeye göre izolasyon hiyerarşik bir göç yapısı ile uyumlu olduğunu öte yandan, Latin Amerika ve Pasifik'te ise popülasyon yapısı daha sonraki genişlemelere takiben birkaç coğrafi olarak ayrılmış kolonizasyondan oluştuğunu öne sürmüşlerdir. Bu iki kolonizasyon süreçlerini (eski ve yeni) farklı zamanlarda olduğunu insan hareketlilik kapasiteleri ile insan ticareti faaliyetlerinin geçmişi ile ilişkilendirmişlerdir.

Bonizzoni ve ark. (2000), *Ceratitis capitata* Wied. (Diptera: Tephritidae) türün nükleotit diziliminde toplam 43 basit dizi tekrarı (SSR-microsatellite) tespit etmişler. Kırk üç mikrosatellit lokusu içinden 30 tanesi dinükleotid (TG)_n/(CA)_n en yaygın desen olarak görülmüştür. *C. capitata*'nın bölgede yoğun olarak görüldüğü yerlerden toplanan 6 popülasyondan 112 örnek araştırılmış ve türler arasında multilokus mikrosatellit markır ile allelik çeşitliliğin çok yüksek bir seviyede olduğu tespit etmişlerdir.

Bonizzoni ve ark. (2001), *Ceratitis capitata*'nin California'da son 30 yıldır farklı bölgelerde görülmeye başlaması üzerine, zararlının bu alanlarda yayılma nedenini araştırmışlardır. Hawaii, Guatemala, El Salvador, Ecuador, Brazil, Argentina ve Peru'dan toplam 109 örnek toplamışlardır. Örnekler 10 microsatellite bölgesi üzerinde çalışılmış, AMOVA ve IMMANC ile genetiksel analizi

yapmışlardır. Sonuç olarak farklı bölgelerden toplanan örneklerin analizine göre epideminin kaynağının Guatemala bölgesi olduğunu tespit etmişlerdir.

Bohonak ve ark. (2001), *Ceratitis capitata*'nin Meksika'dan Peru'ya kadar olan alanlarda popülasyonlar arasındaki genetik akrabalığı belirlemek için genetik farklılık (F_{st}), EPIC (exon-primed, intron-crossing) loci değerlerini karşılaştırarak bu verilerin Latin Amerika'da diğer bölgelerden daha yüksek olduğunu saptamışlardır. Latin Amerika kıtasının diğer bölgelerden daha fazla haplotipe sahip olduğunu kaydetmişlerdir. Populasyon genetiği analizlerinin biyolojik istilaların altında yatan süreçleri keşfetmek için kullanılabileceğini vurgulamışlardır.

Kakouli-Duarte ve ark. (2001), AFLP tekniğini kullanarak *Ceratitis capitata* ve *Ceratitis rosa* (Diptera: Tephritidae) arasındaki genetiksel yakınlık ve uzaklığı araştırmışlardır. Amaç bu tekniğin aynı familyaya ait bireylerin farklı türlerinde çalışıp çalışmadığını araştırmışlardır. Bu yöntemin *C. capitata* ve *C. rosa* için araştırılmasına rağmen, önerilen bu yöntemin herhangi bir organizma grubuna da uygulanabileceğini göstermişlerdir.

Gomulski ve ark. (2001), *Ceratitis capitata*'dan beyaz göz (W1) renkli geni genomik DNA kodlayan bir 14-kb'lik bölgeden klonlanmış ve moleküler düzeyde karakterize etmişlerdir. Bu lokusun intron-ekson organizasyonu karşılaştırılmasıyla Diptera takımındaki birkaç böcek arasında filogenetik analiz yapmışlardır. Daha sonra intron ekson bölgelerinde iki fenotipik nötr alel form tespit etmişlerdir. Muhtemelen bu nötr alel formları lokustaki ilk büyük intronda bir ekleme (insertion) veya silme (deletion) olayının sonucunda ortaya çıktığını saptamışlardır.

Gasperi ve ark. (2002), İtalya'da *Ceratitis capitata*'nın doğal popülasyonların genetik yapısı biyokimyasal ve moleküler markırlar kullanarak analiz etmişlerdir. Yaptıkları analizlerde zararlının Afrika kökenli olup, Avrupa'ya ve son zamanlarda Latin Amerika, Hawaii ve Avustralya'ya kadar yayılan bu zararlının çok farklı genetik varyasyonlar gösterdiğini ortaya koymuşlardır.

Gözlenen bu varyasyonların nedenleri olarak; genetik sürüklenme, darboğaz etkileri (Çevresel veya insanoğlu eliyle böcek popülasyonlarının ani bir şekilde azalması veya yok olma derecesine gelme, daha sonra bu popülasyonlardan tekrardan yeni artan popülasyonların oluşması) ile birbirinden ayrılan, gen akışı, seleksiyon olmak üzere farklı coğrafi bölgelerde farklı faktörlerin olabileceği göstermişlerdir.

Baliraine ve ark. (2003), Amerika'da PCR temelli mikrosatellit markırlar ile *Ceratitis capitata* gibi türdeş türler olan *Ceratitis rosa* (Diptera: Tephritidae), *Ceratitis fusciventris* (Diptera: Tephritidae) ve *Ceratitis cosyra* (Diptera: Tephritidae) türlerini analiz etmişlerdir. Basit dizi tekrar tabanlı PCR kullanarak bu dört türü ayırt edilebildiği göstermişlerdir. Bu zararlı türlerin istilacı potansiyellerinin değerlendirilmesi ve coğrafi kökenlerinin izlenmesinin mikro belirteçler kullanarak sağlanabileceğini vurgulamışlardır.

Janisete ve ark. (2003), 1997 ve 1998 yıllarında yaptıkları çalışmada Florida'da *Ceratitis capitata* istilaları üzerine mikrosatellit ve mitokondriyal DNA (mtDNA)'ları üzerinde araştırmalar yaparak bu iki bölgedeki varyasyonları incelemişlerdir. Tuzaklardan ve vuruklu meyvelerden 132 örnek elde edilerek bunların üç polimorfik mtDNA bölgesi ve iki mikrosatellit locusunu incelemişlerdir. 1997 yılında mitokondriyal AAB haplotipli meyve sineğinin Florida'da ilk kez görüldüğünü kayıt etmişlerdir. 1998 yılında tekrar incelenen meyve sineklerinde farklı mtDNA tespit edilmiş ve AAC haplotipli olduğu görülmüştür. Böylece mikrosatellitlerin allel dağılımı üzerinde anlamlı farklılıklar yarattığını göstermişlerdir.

Bonizzoni ve ark. (2004), *Ceratitis capitata* Avustralya'da ilk kez Perth yakınında 1895 yılında görülmüş olup 1940 yıllarında ortadan kaybolmuştur. 1946 yıllarında ise zararlının daha önce hiç görülmediği yerlerde görülmesi üzerine son salgınlara kökenini öğrenmek için 10 basit dizi tekrarı lokusların allel sıklığı üzerinden genetik analizi yapıldıktan sonra Avusturalya'nın güneyi ve doğusu

arasında yer alan Perth bölgesinin zararlının yayılma kaynağını oluşturduğunu saptamışlardır.

Reyes ve ark. (2004), İspanya'nın güneyi, doğusu ve merkezinden toplanan *Ceratitis capitata* örneklerinin mitokondriyal DNA'sındaki varyasyonları ortaya koymak için RFLP yöntemiyle 22 endonükleaz enzimini kullanarak 9 farklı haplotip saptamışlardır. Afrika orjinli olan Haplotip yedinin Cebelitarık boğazından geçerek Kuzey ve Doğu Akdeniz'e ve Iber yarımadasına geçtiğini ispatlamışlardır. Böylece Amerika ve Avrupa için kolonizasyon süreçleri arasında da herhangi bir ilişki olabileceğini öne sürmüşlerdir.

Malacrida ve ark. (2007), Tephritidae familyası içerisinde *Ceratitis capitata*'nin neden hızlı bir şekilde farklı bölgelerde önemli bir zararlı haline geldiğini araştırmışlardır. Zararlının farklı alanlara adaptasyonu altında yatan özelliklerin anlaşılmasının istila biyolojisini açıklayan aynı ana faktör olduğunu söylemişlerdir. Adaptasyon faktörü ise türler arası rekabet, besin ve yer değiştirme olduğunu düşünmüşlerdir. Bu faktörlerin genetik çeşitliliğin temelini attığını göstermişlerdir.

Meats ve Smallridge (2007), *Ceratitis capitata*'nın uçuşu hakkında yaptıkları araştırmada zararlının % 90'ı bulunduğu yerden 400-700 m arasında yer değiştirdiğini en fazla ise 9.5 km ilerleyebileceğini saptamışlardır. İşaretle izleme ve yakalama denemelerinde en kısa mesafenin (10-160 m) en uzun mesafe ise (500-9500m) olduğunu belirlemişlerdir. Avustralya'da yapılan bu çalışmada biyolojik mücadelenin bir formu olan SIT (Sterile Insect Technique) tekniğinin kullanımında ve farklı bölgelerdeki zararlı popülasyonlarının birbirine karışmasını izlemede bizlere destek sağlayacağını vurgulamışlardır.

Barr (2009), Amerika'nın pensilvanya üniversitesinde *Ceratitis capitata* popülasyonlarını moleküler yönden PCR-RLFP tekniğini kullanarak mitokondriyal DNA'daki ND5-tRNA-ND4 gen bölgelerini analiz etmiştir. Sub-Sahran orjinli bu zararlının yüksek derecede gen çeşitliliğine sahip olduğunu saptamışlardır.

Beroiz ve ark. (2012), İspanya’da meyve bahçelerinden toplanan *Ceratitıs capitata* örneklerini RAPD ve ISSR markırları bir arada kullanılarak bu türün genetiksel değışikliđi ile son yıllarda kazandıđı direnç yönetimini çalışmışlardır. Akdeniz Bölgesi’nden (Gerona, Amposta, Tortosa, Castellon, Valencia ve Malaga) elde edilmiş popülasyonların verileri dendrogram temelli tabloda karşılaştırıldığında Gerona popülasyonu ile diđer popülasyonlar arasında genetiksel olarak uzaklıklar olduđunu tespit etmişlerdir.

Karsten ve ark. (2013), *Ceratitıs capitata*’nın Güney Afrika’daki tarım alanlarında istilacı olmasının nedenini ve göç uçuşunu anlamak için popülasyon genetiđi üzerinde araştırma yapmışlardır. Mitokondriyal DNA’nın COI gen bölgesi üzerinde çalışarak 11 polimorfik mikrosatellit lokusu genotiplemişlerdir. Güney Afraki’daki *C.Capitata* popülasyonları arasında yüksek seviyede genetik çeşitliliđi ve gen akışı olduđunu saptamışlardır. Zararlıının bulunduđu alandan doğal olarak nadiren 10 km’den fazla gittiđini popülasyonaların birbirine karışma nedenini insan aracılıđıyla olması veya çok uzun bir dönemde zararlıının uzak mesafeler atlaması ihtimalini olabileceđini saptamışlardır.

Anna ve ark. (2014) *Ceratitıs capitata*’nın Dünyanın ekonomik olarak önemli zararlılardan bir tanesi olduđu uygun çevre koşullar altında popülasyon dinamiđinin değıştiđi yıl içinde çođu yerde aynı olmadığını saptamışlardır. Kapsamlı bir literatür araştırması yaparak küresel zararlıının tarihsel ve güncel oluşumu üzerinde en kapsamlı veriler elde etmek için araştırma yapmışlardır. *C.capitata*’nın cođrafi konumunu belirlemek için zararlıının belirleme sitelerinde 43 ülkenin yaklaşık 500 farklı bölgelerinden 2328 veri tabanı elde etmişlerdir. Bu verilerde zararlıının yaşam evresi, konukçusu ve yakalanma tekniđi hakkında bilgiler saptamışlardır. Maximum Entropy Algorithm (MaxEnt) programını mevsimsel olarak değışen çevresel değışkenlerin küresel boyutta zararlıının temel niş’ini tahmin etmek için kullanmışlardır.

Rajabiyan ve ark. (2015), *Ceratitıs capitata* İran’ın kuzeyindeki (Mazandaran) turunçgil bahçeleri dahil olmak üzere birçok meyve bahçesinde

ekonomik olarak ciddi zararlara yol açtığı için İran'daki *C.capitata* popülasyonlarının genetik çeşitliliğini ve diğer ülkeler ile karşılaştırmasını yapmışlardır. Popülasyonların genetik çeşitliliği araştırmak için mitokondriyal DNA'nın Sitokrom C oksidaz I (COI), NAHD dehidrogenaz ND4 ve ND5 gen bölgelerinden elde edilen Haplotiplerin diğer ülkeler ile karşılaştırmışlardır. İranın kuzeyindeki popülasyonlarda genetik çeşitliliği (zararlının farklı popülasyonlar arasında COI, ND4 ve ND5 için sırasıyla 4, 4 ve 3) düşük olduğunu belirlemişlerdir. İran kuzeyindeki popülasyonlar arasında genetik benzerlik ve çok düşük seviyede genetik çeşitliliğin nispeten zararlının kolonizasyonundan kaynaklandığını öne sürmüşlerdir. İran'ın Mazandaran bölgesinden elde edilen haplotipler ile yine buradan diğer ülkelere yayılan bu zararlının haplotiplerinin benzer olduğunu saptamışlardır.

Parubrub ve ark. (2015), *Ceratitıs capitata* gibi istalıcı türlerin popülasyonlarını ekonomik zarar eşiğinin altına düşürmek için biyolojik mücadele formu olan SIT tekniğini kullanmışlardır. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) ile mitokondriyal DNA'nın ND4 gen bölgesini analiz ederek SIT tekniğinde kullanılacak olan erkekleri diğer farklı suşlardan ayırt etmişlerdir. *C.capitata* 'nın vahşi ırklarını içeren. Avustralya'nın batısı, Guatemala ve Hawaii gibi ülkelerde bu teknik ile belirlenen Vienna 7 ve Vienna 8 suşlarını kullanmışlardır.

Tiring (2015), 2013-2015 yılları arasında Adana (Balcalı)'da *Ceratitıs capitata*'nın farklı meyve bahçelerinde popülasyon takibini yapmış ve zararlının konukçu listesini güncellemiştir. Çalışmasını portakal, mandarin, altıntop, nar, avokado, Trabzon hurması, elma, şeftali, incir ve nektarin bahçelerinde yürütmüştür. Farklı konukçular (Trabzon hurması, mandarin, elma) üzerinde zararlının gelişim sürelerini laboratuvar koşullarında farklı sıcaklıklarda incelemiştir.

Kızılyamaç (2016), 2014-2016 yıllarında farklı yükseltilerde, *Ceratitıs capitata* popülasyonlarının yüksek yayla kesiminde kışlaması, feromon tuzaklar ile popülasyon takibi ve laboratuvar koşullarında farklı sıcaklıklarda zararlının gelişim

süreleri üzerine arařtırmalar yapmıřtır. Doęa alıřmalarında zararlının kıřlaması ve popölasyon takibi için 6 farklı yükseltide deneme kurmuřtur. Kontrol noktası olan 200 m rakımlı Hamzabeyli beldesinden 1500 m rakımlı Arslanköy beldesine kadar kıřlaması üzerine yaptıęı alıřmada zararlının 900 metreye kadar kışı geirebildięi tespit etmiřtir.

Weldon ve ark. (2016), Sun-Saharan orjinli *Ceratitis capitata* Wied. (Diptera: Tephritidae), *Ceratitis cosyra* Walker (Diptera: Tephritidae) ve *Ceratitis rosa* Karsch (Diptera: Tephritidae) her 3 türün farklı sıcaklıkta ve nemde ergin su dengesi özellikleri, beslenme vücut kompozisyonu ve su stresine toleransları üzerinde alıřmıřlardır. *C capitata*'nın dehidrasyon direnci *C. rosa*'dan daha yüksek olduęu *C cosyra*'dan ise daha düşük olduęunu saptamıřlar. Sıcak ve kuru kořullarda her üç zararlıda önemli ölçüde su kaybının yařandığı ve su stresi esnasında yüksek lipid rezervleri veya dięer metabolik olaylardan elde edilen suyun strese etki etmedięini saptamıřlardır. Sonuç olarak her üç zararlı üzerinde yapılan denemelerde *C capitata*'nın su stresine daha toleransla olduęunu saptamıřlardır.

Cheng ve ark. (2016), İstilacı türlerin başarısının altında biyolojik faktörlerin önemli bir rol oynadıęını vurgulamıřlardır. Nükleer microsatellit ve mt DNA dizileri kullanarak egzotik böcek popölasyonlarının yayılıřı ve genetik eřitlilięi üzerinde bir meta-analiz yapısı oluřturmuřlardır. Allel sayısı (NA), beklenen heterozigot (He), gözlenen heterozigot (Ho) ve nükleotid eřitlilięi (Nd) gibi deęerlerin egzotik türlerde sıfır olmadığı ve genetik eřitlilięin dięer türler üzerinde etkisi olduęunu saptamıřlardır. Farklı takımlarda (örneğin, Lepidoptera, Hemiptera) yaptıkları analiz sonucunda Hemiptera içinde He etkisinin olduęu ancak, Lepidoptera takımında ise NA, Ho ve Nd deęerlerini direk sıfır bulmuřlardır. Sonuç olarak egzotik böcek popölasyonlarının yayılımında genetik eřitlilikte bir asimetric azalma olup başarılı istilalar altında birçok mekanizma rol oynadıęını saptamıřlardır



3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Çalışmanın ana materyalini *C. capitata* ile bulaşık meyve bahçeleri, iklim odaları, üretim kafesleri, stereoskopik binoküler mikroskop, petri kapları, plastik küvetler, pamuklu tül kumaşlar, laboratuvar malzemeleri, Steiner hunisi, emgi tüpü, mandarin (Okitsu), şeftali, armut, trabzon hurması, incir ve nar meyveleri ayrıca DNA İzolasyon kiti (Qiagen), DreamTaq Green PCR Master Mix (2X) (Thermo), Proteinase K enzimleri ile Bench Top, 100bp DNA Ladder Markır, MgCl₂ ve dNTP's setleri ve benzeri materyaller oluşturmaktadır.

3.2. Metot

3.2.1. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla kesiminden *Ceratitıs capitata* Bireylerinin Toplanması

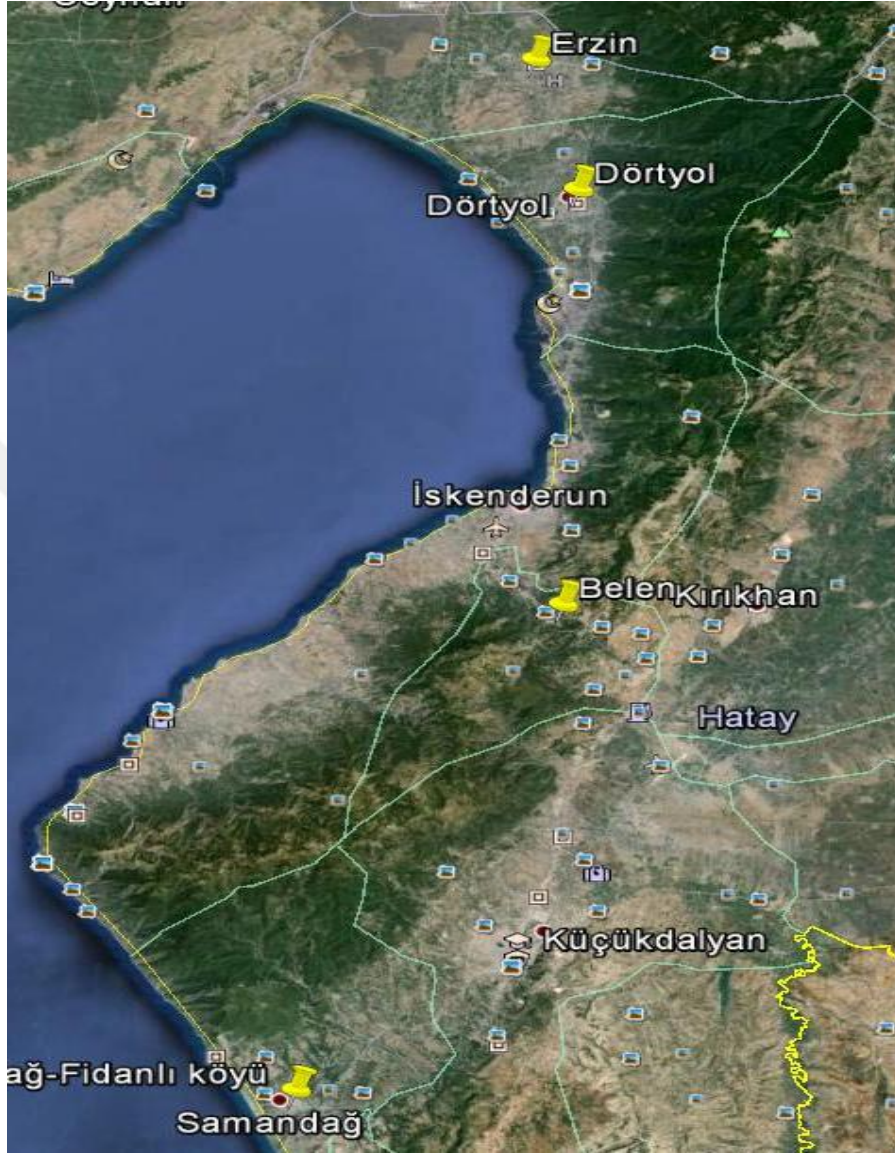
Ceratitıs capitata popülasyonları Doğu Akdeniz Bölgesi'nde; Adana'nın 10, Mersin'nin 13, Hatay'ın ise 4 farklı noktasından yayla ve ova kesimindeki meyve bahçelerinden toplanan vuruklu meyvelerden elde edilmiştir (Şekil 3.1, 3.2 ve 3.3). Meyve bahçelerinden toplanan vuruklu meyveler laboratuvara getirilerek 1/1 oranında nemlendirilmiş vermikülit+perlit karışımı içerisinde konularak vuruklu meyvelerden pupa elde edilmiştir. Elde edilen pupalar etiket bilgileri yazılarak sadece perlit içeren petriyer içerisinde konulmuştur. Petriyer günlük kontrol edilerek pupaların nem ihtiyacına göre piset yardımıyla nemlendirilmiştir. Günlük kontroller sırasında pupalardan çıkış yapan erginler emgi tüpüyle (Ağız aspiratoru) çekildikten sonra fırça yardımıyla 5'erli gruplar halinde ependorf tüplerinin içerisinde etiket bilgileri yazılarak aktarılmıştır. Daha sonra örnekler DNA izolasyonu yapılana kadar -20 °C'de saklanmıştır (Şekil 3.4 ve 3.5).



Şekil 3.1. Mersin ilinde ova ve yayla kesiminde sörvey yapılan meyve bahçelerinin Google Earth üzerinde nokta olarak gösterilmesi.



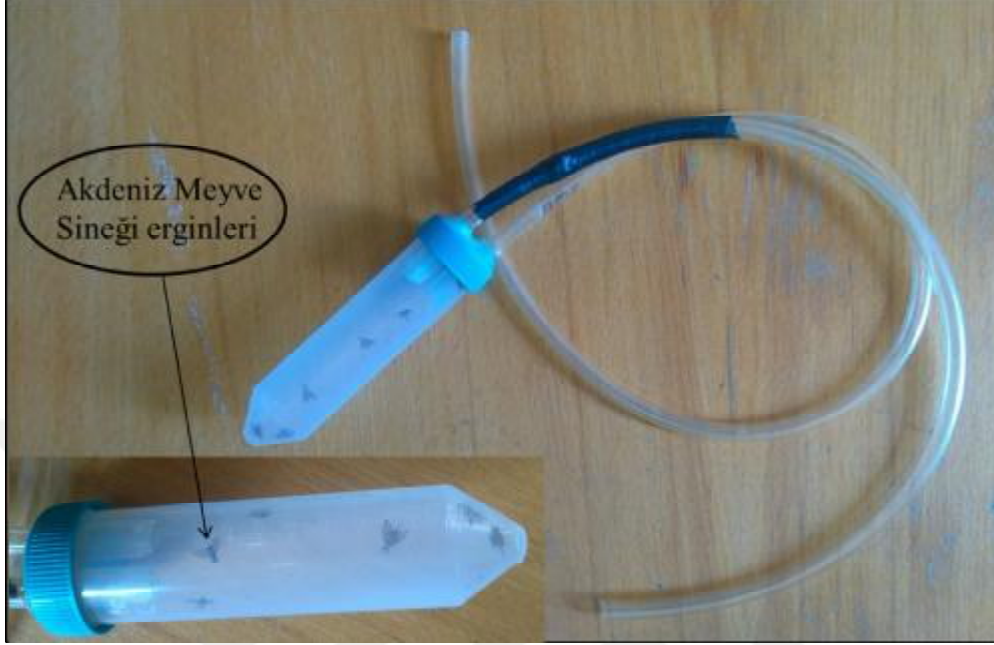
Şekil 3.2. Adana ilinde sörvey yapılan meyve bahçelerinin Google Earth üzerinde nokta olarak gösterilmesi.



Şekil 3.3. Hatay ilinde ova ve yayla kesiminde sörvey yapılan meyve bahçelerinin Google Earth üzerinde nokta olarak gösterilmesi.



Şekil 3.4. Çalışma için kültüre alınan vuruklu meyveler; a) Perlit+vermikulit karşımına meyvelerin yerleştirilmesi, b) etiket bilgilerinin yazılması, c) meyvelerin üzeri ince tülle kapatılması, d-e) pupaların petriye toplanması f-g) pupaların kültüre alınması ve son hali



Şekil 3.5. Kültüre alınan vuruklu meyvelerden elde edilen ergin bireyler

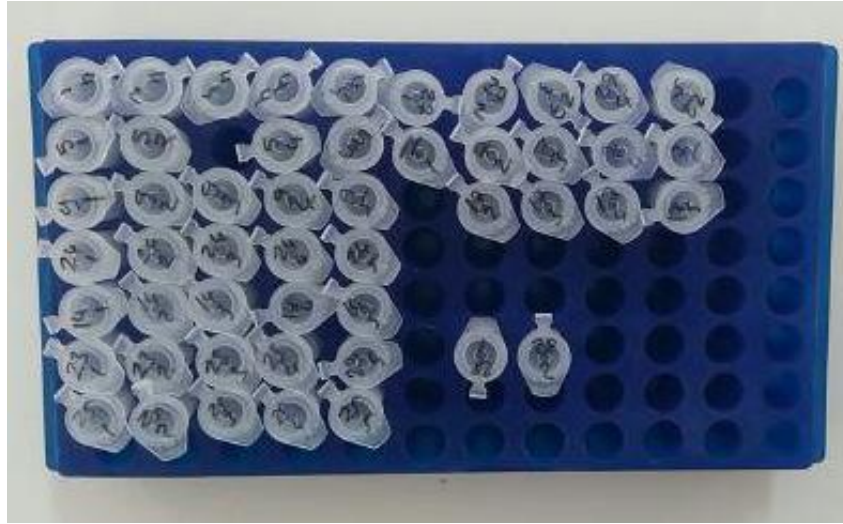
3.2.2. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden toplanan *Ceratitis capitata* Bireylerinin DNA İzolasyonu ve PCR Çalışmaları

3.2.2.1. DNA İzolasyonu

Ceratitis capitata türünün moleküler çalışmaları için öncelikle DNA izolasyonu yapılmıştır. DNA izolasyonu için ergin bireyler Tissue Lyser II ile ezildikten sonra, DNA ekstraksiyon kiti (QIAGEN Dneasy Blood & Tissue Kit, Qiagen) kullanılmıştır. (QIAGEN Kit Protokolünde çalışmaya uygun değişiklikler yapılmıştır. Her popülasyondan ayrı ayrı alınan 5 örnek ile DNA izolasyonu yapılmıştır. İzolasyonda izlenen prosedür aşağıdaki gibidir.

- Tüpün içindeki ezilmiş örneklerin üzerine 100 µL ATL buffer eklenmiştir.
- Ependorf tüplerindeki ezilmiş örneklerin her birine 20 µl Proteinaz K eklenip, vorteks yapılmıştır.
- Lysis işlemi tamamlanana kadar 1 saat 56°C'de de inkübe edilmiştir.

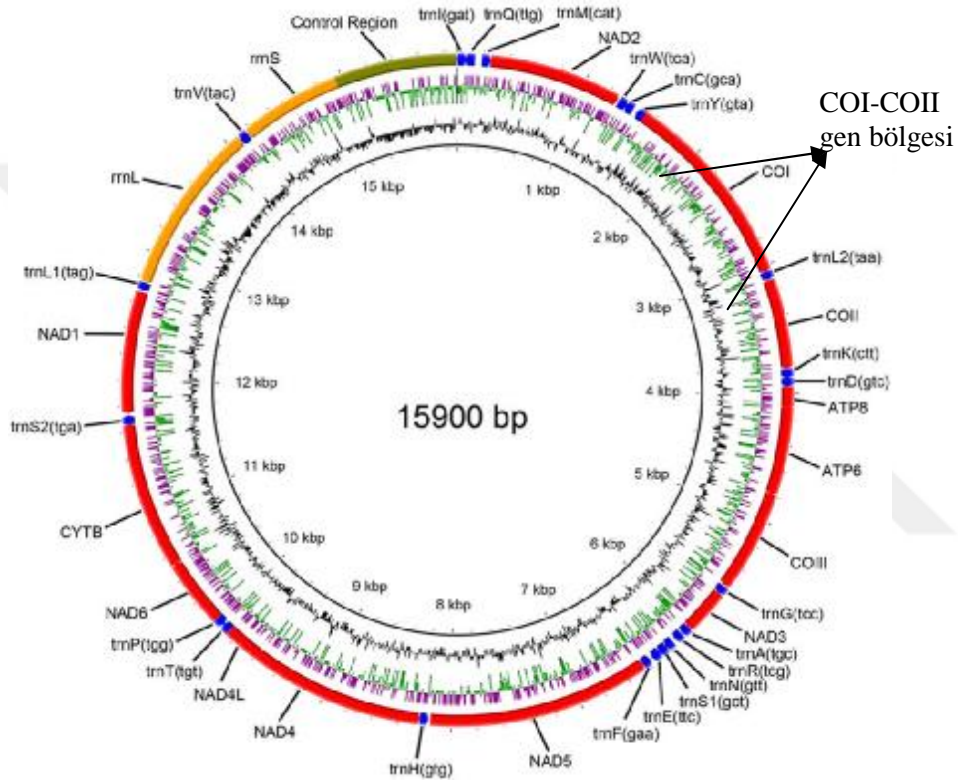
- İnkübasyon sonunda 15 sn vorteks yapıp üzerine 100 µL AL tamponu ve 100 µL etanol eklenerek tekrar vorteks yapılmıştır.
- Bu karışım 2 mL'lik santrifüj tüplerinin içindeki DNeasy Mini spin column içine yerleştirilip, ardından 8000 rpm'de 1 dk santrifüj yapılmıştır.
- DNeasy Mini spin column'un alttaki tüp kısmı atılarak, 2 mL'lik santrifüj tüpüne koyulduktan sonra içerisine 300 µL AW1 tamponu eklenip 1 dk 8000 rpm'de santrifüj yapılmıştır.
- DNeasy Mini spin column tekrar 2 mL'lik yeni bir santrifüj tüpüne yerleştirilip 300 µL AW2 tamponu eklendikten sonra 14000 rpm'de 3 dk santrifüj yapılmıştır.
- Kolonu yeni tüpe aldıktan sonra 100 µL AE buffer eklenip, oda sıcaklığında 2-3 dakika bekletilmiş ve sonra 8000 rpm'de 2 dakika santrifüj edilmiştir.
- DNA kısa süreli olarak saklanacaksa 4°C, uzun süreli olarak saklanacaksa -20°C 'de muhafaza edilmiştir (Şekil 3.7)



Şekil 3.6. *Ceratitıs capitata* ergin bireylerinden elde edilen DNA'lar

3.2.2.2. PCR Çalışmalarında Kullanılan Primerler

Böceklerde mitokondriyal DNA çalışmalarında en fazla sekansı çıkarılmış genler sitokrom oksidaz I (COI), sitokrom oksidaz II (COII), 12S ve 16S genleridir (Şekil 3.7). (Clark ve ark 2001; Barker ve ark 2007; Elven ve ark 2010)



Şekil 3.7. Böcek mitokondriyal DNA'sının şematik gösterimi

Bu çalışmada *C. capitata* popülasyonlarının mtDNA'daki COI-COII gen bölgelerinden elde edilen ve Bogdanowicz ve ark., (1993) tarafından kullanılan primer çifti kullanılmıştır. Bu primer çiftlerine ait nükleotid dizileri Çizelge 3.1'te verilmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan PCR primerleri (MtDNA'de COI-COII gen bölgeleri için) ve baz dizilimleri (Bogdanowicz ve ark., 1993).

Primer Adı	Baz Dizilimi (5'-3')
C1-J-2792(George)	5'-ATACCT CGACGT TAT TCAGA-3
TK-N-3772 (Eva)	5'-GAGACCATTACT TGC TTT CAG TCATCT-3

3.2.2.3. PCR Amplifikasyonu ve Optimizasyonu

PCR koşullarının standardize edilmesi için reaksiyon bileşenlerinin miktarları ve reaksiyon koşulları yapılan ön denemelerle optimize edilmiştir. PCR reaksiyon karışımı toplamda 50 µl olacak şekilde Çizelge 3.2'te verilmiştir.

Çizelge 3.2. PCR reaksiyonunda kullanılan kimyasallar ve konsantrasyonları

PCR Bileşenleri	Konsantrasyon
Green Buffer	5 µl
DNA	5 µl
Primer(F)	1.5 µl
Primer(R)	1.5 µl
Dream Taq	0.5 µl
dNTP	1 µl
Su	35.5 µl
Toplam	50 µl

PCR reaksiyon karışımı hazırlandıktan sonra PCR reaksiyonları Applied Biosystems marka gradiyent thermocycler kullanılarak Çizelge 3.3'te verilen programa göre uygulanmıştır.

Çizelge 3. .3. PCR sıcaklık ve döngü koşulları

İşlem	Sıcaklık °C	Süre (sn)	Döngü sayısı
Ön denatürasyon	94	180	1 Döngü
Denatürasyon	95	45	
Bağlanma (Annealing)	52	75	35 Döngü
Uzatma (Extension)	72	60	
Son uzama Safhası	72	600	1 Döngü

3.2.2.4. Örneklerin Agaroz Jel'de Koşturulması ve Görüntülenmesi

PCR ürünün görüntülenmesi için % 1'lik agaroz jel hazırlanmıştır. Bir erlen içerisinde 1.5 g agaroz ve üzerine 150 ml 1xTAE (Trisma Base, Glacial Asetik Asid, EDTA) çözeltisi eklenerek karıştırılmıştır. Karışım mikrodalgada agaroz tamamen çözünene kadar ısıtılmıştır. Sonra üzerine 10mg/ml'lik Ethidium Bromide çözeltisinden 8 µl eklenip ve karıştırılmıştır. Taraklar elektroforez tankı içerisine yerleştirilip ve karışım tanka dökülmüştür. Bu sırada solüsyon içerisinde hava kabarcığı kalmamasına dikkat edilmiş, yaklaşık 20 dakika sonra taraklar çıkartılıp ve tank içerisine elektroforez tamponu eklenmiştir.

Elde edilen PCR ürünleri jelde açılan kuyucuklara yüklendikten sonra jele 100 volt doğrusal akım verilerek örneklerin jel üzerinde, elektriksel alanda 80 dakika yürümesi sağlanmıştır (Şekil 3.8).



Şekil 3.8. Denemelerde kullanılan elektroforez sistemi

Elektroforez tankından çıkarılan jel, jel görüntüleme cihazına yerleştirilmiş ve UV ışını altında görüntülenerek fotoğrafı çekilmiştir. Fotoğrafi çekilen jel görüntüleri görsel olarak değerlendirilmiş ve tüm bantlar değerlendirmeye alınmıştır. Bantlarının büyüklüğünü belirlemek amacıyla 100–1000 baz çifti arasındaki bantları içeren DNA standardı (Generuler™ 1000 bç DNA Ladder, MBI Fermentas) kullanılmıştır. Çalışılan örneklerde bantlar var olma ve olmama durumuna göre değerlendirilmiştir.

3.2.2.5. DNA Dizileme

Jel görüntülemesinden pozitif sonuç veren örnekler DNA dizilemesi için RefGen'e (Gen Araştırmaları ve Biyoteknoloji Merkezi, Ankara) gönderilmiştir. Bu amaçla C1-J-2792(George) ve TK-N-3772 (Eva) primerleri kullanılmıştır.

3.2.3. Filogenetik ve Popülasyon Genetiği Analizleri

Gen dizileme sonucunda elde edilen nükleotid dizileri NCBI'ın Blast (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) analiz programına girilerek gen bankasındaki genlerle karşılaştırılmış, gen bölgeleri doğrulanmış ve referans genler belirlenmiştir. Referans gen olarak kullanılan diğer ülkelere ait bilgiler Çizelge 3.4'de verilmiştir. Gen dizileri Mega 6.0 (Şekil 3.9) programına aktarılmış, bir örneğin Forward (F) ve Reverse (R) alt alta getirilmiş daha sonra Reverse (R) örneği Reverse Complement yapıldıktan sonra hizalanmıştır. Böylece aynı örneğe ait baz dizilimlerinin alt alta getirilmesi sağlanmıştır. Her iki yönlü baz dilimlerini tek tek FinchTV v1.4 (Geospiza, Seattle, WA) yardımıyla karşılaştırılarak kontrol edilmiştir. Böylece gen dizilemesi kötü yapılan örnekler ayıklanmış, haplotipleri oluşturan baz farklılıkları her iki yönde yapılan gen dizilerinde karşılaştırılarak doğrulanmıştır (Şekil 3.10, Şekil 3.11). Örnekler içerisinde farklı baz dizilimine sahip Haplotipler tespit edilmiştir. Nükleotid dizileri arasındaki farklılıkları göstermek için dizilimlerin Fasta formatında aktarıldığı GeneDoc programı (Nicholas ve ark 1997) kullanılmıştır. Neighbor-joining metodu

kullanılarak Mega 6 programında filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Filogenetik analizde dış grup olarak *Drosophila machilla* (KF632607.1) ve *Drosophila inca* (KF632606.1) genleri kullanılmıştır. Popülasyon genetiği analizleri için elde edilen veri matrisi bireyler arasında genetik benzerlik ve mesafe oranı, polimorfizm oranı, heterozigotluk değerleri gibi istatistikler de DnaSP 5 software (Sharma ve ark., 2013) ve Arlequin 3.5 (Excoffier & Lischer 2010) programı yardımıyla hesaplanmıştır.

Çizelge 3.4. Popülasyon genetiği çalışmalarında NCBI sitesinden elde edilmiş değerlendirmeye alınan *Ceratitis capitata* popülasyonlarına ait ülke ve referans genlerin kod numaraları

Ülke	Referans Gen
ÇİN	DQ456862
ABD	U53270
ABD	AY805309
ABD	AY805308
YUNANİSTAN	DQ011889
AVUSTRALYA	JQ671151

M6: Alignment Explorer (analizler ülkeler ve türkiye.mas)

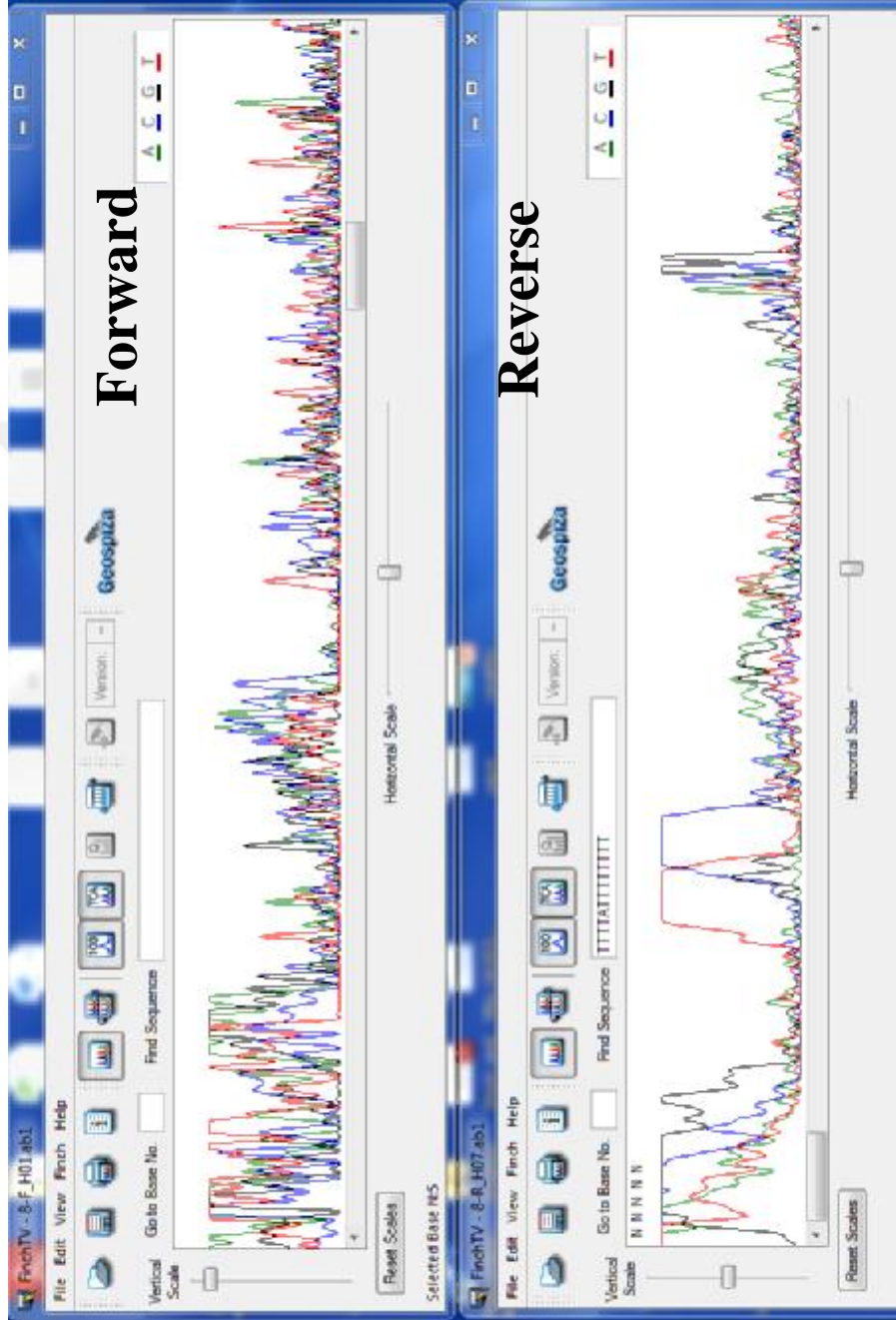
Data Edit Search Alignment Web Sequencer Display Help

DNA Sequences

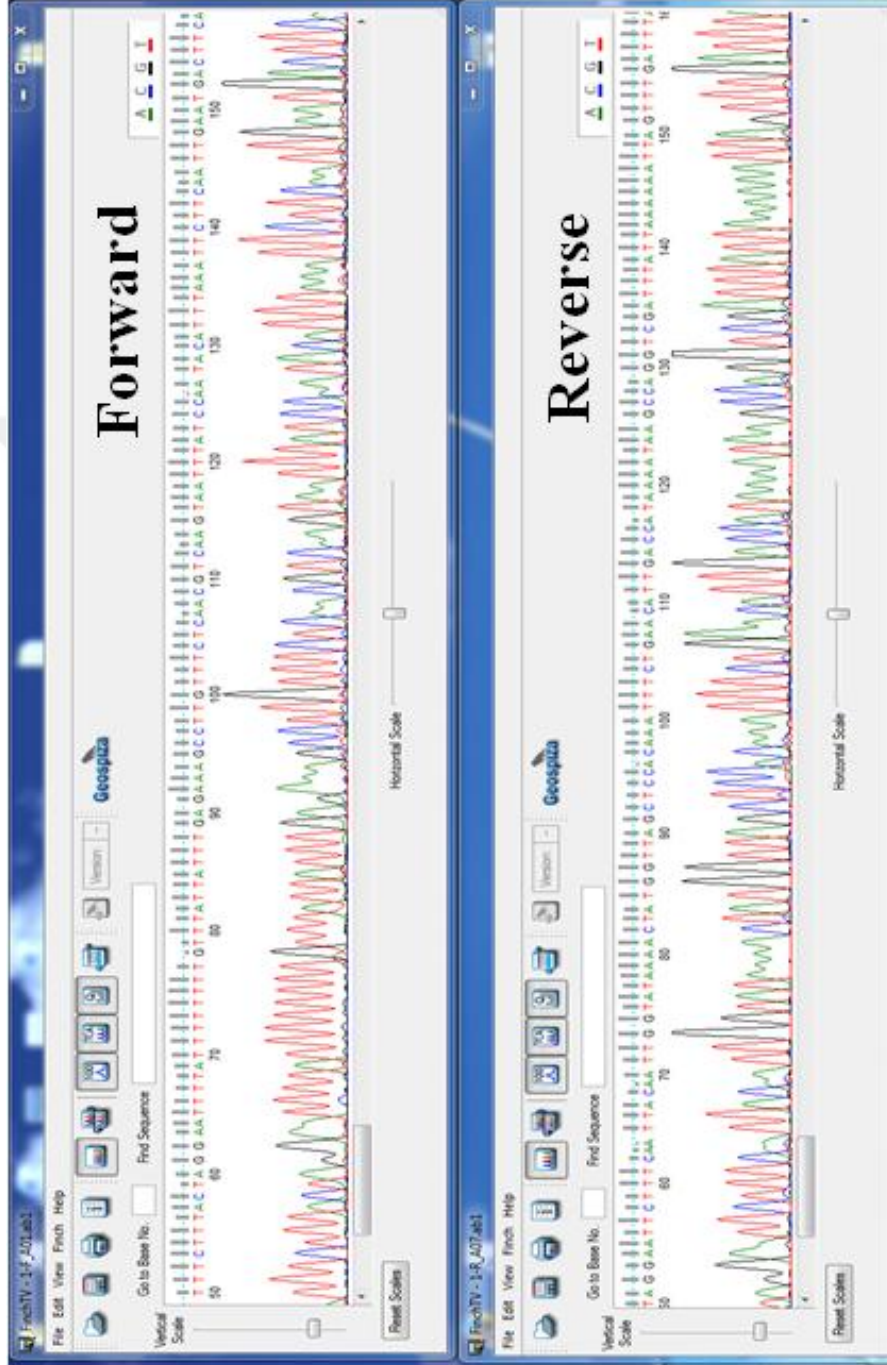
Species/Abb	Group	Name
1.	CIN	(DQ45)
2.	USA	(U532)
3.	USA	(AY80)
4.	USA	(AY80)
5.	GREECE	(D)
6.	Australi	
7.	KENYA	(JQ)
8.	6	
9.	7	
10.	10	
11.	14	
12.	22	
13.	29	
14.	39	
15.	41	
16.	43	
17.	46	
18.	47	

Site # 80 with w/o Gaps

Şekil 3.9. Mega 6.0 programı ile hizalama (Alignment)



Şekil 3.10. FinchTV programında nükleotit dizilimlerinin vermiş olduğu hatalı pikler



Şekil 3.11. FinchTV programında nükleotit dizilimlerinin vermiş olduğu hatasız pikler



4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden Toplanan *Ceratitis capitata* Popülasyonları

Doğu Akdeniz Bölgesi'nde; Adana'nın 10, Mersin'nin 13, Hatay'ın ise 4 farklı noktadan toplam 27 noktadan 72 örnek üzerinde bu çalışma yürütülmüştür (Çizelge 4.1). Örneklerin araziden alınması ve laboratuvarında ergin elde edilme şekli materyal ve metod bölümünün 3.2.1 başlığında detaylı bir şekilde verilmiştir. Adana, Mersin ve Hatay illerinden şeftali, mandarin, hurma, incir, kiraz, armut, elma ve erik gibi toplam 340 vuruksu meyve (*C. capitata*'nın yumurtasını meyve kabuğunun altına bırakması) kültüre alınmıştır. Kültüre alınan vuruksu meyvelerden toplam 943 pupa elde edilmiş bunların 816 tanesinden ergin çıkışı olup 127 tanesi ise açılmayıp ölmüştür. Bu oranlara meyve başında bakacak olursak 133 vuruksu şeftali meyvesinden 375 tane pupa elde edilmiş, bunlardan toplam 310 tane ergin birey elde edilmiş ve 65 tane pupadan çıkış olmamıştır. Şeftali meyvesinden ortalama 2.3 ergin birey elde edilmiştir. Hurma meyvesinde ise toplam 83 meyve kültüre alınıp 187 pupa ve 168 ergin elde edilmiştir. Hurma başına ortalama 2.02 ergin birey elde edilmiştir. Şeftali ve Hurma meyveleri *C. capitata* zararlısı için iyi bir konukçu olmasına rağmen laboratuvarında meyve başına alınan ergin sayısının az olmasının başlıca nedeni araziden toplanan vuruksu meyveler laboratuvara getirene kadar meyvelerin yolda çabuk fermente olması ve larvalar için besin değerinin kaybetmesinden dolayı yaygın larva ölümleri görülmüştür. Okitsu meyvesinden 33 meyve kültüre alınarak 129 pupa elde edilmiş toplamda 111 ergin birey çıkışı olmuştur. Meyve başına ortalama 3.63 ergin birey elde edilmiştir. Nar meyvesinde ise 54 vuruksu meyve kültüre alınmış 146 pupa ve 128 ergin birey elde edilmiştir. Meyve başına ortalama 2.37 ergin birey elde edilmiştir. İncir meyvesinde ise 37 meyve kültüre alınıp 106 pupa ve 99 ergin elde edilmiştir. Meyve başına ortalama 2.67 ergin birey elde edilmiştir (Çizelge 4.1). Meyve başına düşen ergin sayılarına baktığımızda mandarin (okitsu) meyvesinde

kltre alınan meyve sayısının az olmasına rađmen meyve başına dŐen ergin sayısının en fazla olması dikkat çekmektedir. Bu durum trabzon hurması iin ise diđer meyvelere gre en az olarak bulunmuŐtur. Bu da bize zararlının dođada farklı konukular zerinde veya bir konukudan diđerine geerken zararlı ile mcadelede karŐımıza ıkacak konuku listesi ortaya konulmuŐtur.



Çizelge 4.1. *Ceratitis capitata* ile bulaşık meyvelerin toplandığı bölgeler

Örneğin Alındığı Nokta	Rakım (m)	Konukçu	Toplanma Tarihi	Kültüre Alınan Meyve	Elde Edilen Pupa	Elde Edilen Ergin	Koordinatlar	
							Kuzey	Doğu
Hamzabeyli	200	Şeftali	28.07.2015	36	114	92	36°51'33.4296" N	34°33'07.0308" E
Hac gediği	600	Şeftali	03.08.2015	22	51	42	36°48'43.5744" N	34°38'29.3316" E
Borcak Yaylası	900	Şeftali	03.08.2015	25	63	54	36°48'43.5744" N	34°38'29.3316" E
Hangediği	1200	Şeftali	10.08.2015	12	26	22	37°03'11.0016" N	34°29'31.3944" E
Kurudere	1064	Şeftali	10.08.2015	11	16	9	37°01'09.1128" N	34°25'04.2492" E
Arslanköy	1500	Şeftali	17.08.2015	38	125	92	37°01'04.0053" N	34°17'22.6392" E
Arslanköy	1500	Kiraz	07.07.2015	16	33	32	37°14.53" N	34°17'22.6392" E
Tarsus	23	okitsu	21.09.2015	16	52	44	36°54'59.6196"N	34°53'42.0756" E
Erdemli	10	Hurma	21.09.2015	13	31	27	36°36'20.9484" N	34°18'36.6012" E
Silifke	30	İncir	03.10.2015	21	49	44	36°22'34.788" N	33°55'31.1196" E
Mut	340	Nar	03.10.2015	5	14	12	36°38'43.3716" N	33°26'13.0056" E
Gülнар/ Kuskan	850	İncir	15.09.2016	30	61	52	36°29'12.282" N	33°16'02.8528" E
Gülнар / Kuskan	850	Armut	03.10.2015	25	94	91	36°29'12.282" N	33°16'02.8528" E
Anamur / Meriç	15	İncir	27.09.2015	9	41	41	36°4'20.892" N	32°50'14.1288" E
Erzin	165	Nar	28.09.2015	16	25	25	36°57'34.686" N	36°08'12.0822" E
Dörtıyol	4	Nar	28.09.2015	9	31	27	36°50'22.4376"N	36°14'12.2748" E
Belen	900	İncir	28.09.2015	3	10	10	36°29'25.1088" N	36°11'40.9452" E
Samandağ	4	Hurma	01.10.2015	22	39	37	36°8'57.336"N	36°01'28.0542' E
Karataş mah.	10	İncir	02.10.2015	4	6	4	36°33'58.1148" N	35°23' 001167" E
Kozan	120	Hurma	03.10.2015	16	13	10	37°27'7.6392" N	35°49'09.3828" E
Yumurtalık	20	Nar	03.10.2015	14	36	33	36°46'42.4596"N	35°47'35.0376" E
Misis	150	Okitsu	03.10.2015	7	26	20	37°7'7.6008" N	35°48'33.0552" E
Ceyhan	25	Nar	04.10.2015	10	40	31	37°0'47.5236" N	35°11'17.9916" E
Seyhan	23	Hurma	04.10.2015	6	18	15	37°1'19.2108" N	35°10'30.9504" E
Çukurova	23	Okitsu	001.10.2015	10	51	47	36°54'3.4132" N	35°17'33.9036" E
Karşıyaka	21	Hurma	01.10.2015	9	28	27	36°58'6.078" N	35°22'48.3096" E
Yüreğir	20	Hurma	01.10.2015	5	17	14	37°3'3.5568" N	35°21'08.3016" E
Balcalı	21	Hurma	01.10.2015	8	22	20	36°59'3.2316" N	35°02'08.0106" E
Yenice	23	Hurma	04.10.2015	4	19	18	36°51'33.4296" N	34°33'07.0308" E
Alpu/pozantı	1050	Elma	06.10.2015	4	4	3	37°47'11.092" N	34°86'02.7684" E
Tekir/Pozantı	1300	Elma	06.10.2015	3	7	4	37°19'52.5792"N	34°47'39.2208"E

4.2. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden Toplanan *Ceratitis capitata* Popülasyonlarının Mitokondriyal DNA (COI-COII) Bölgesinin Jel Görüntüleri

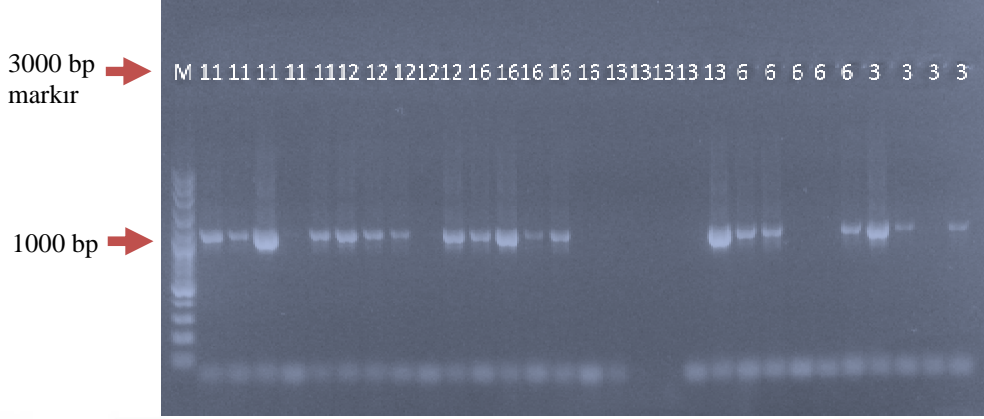
Bu çalışmada Adana, Mersin ve Hatay illerindeki toplam 27 noktadan 72 örnek için PCR çalışmaları yapılmıştır (Çizelge 4.2). PCR çalışmalarından önce DNA'nın kalitesini spektrofotometre cihazıyla ölçtüktan sonra çalışmalara devam edilmiştir (Ek-1). Her bir noktadan elde edilen bireylerden rastgele seçilen 5 adet dişi birey ile PCR çalışmaları yürütülmüştür. Çalışmalar en az 2 veya 3 bant elde edilene kadar PCR çalışmaları devam edilmiştir. Bant veren örneklerden 2 veya 3 tanesi seçilerek sekanslamaya gönderilmiştir. Örneğin Çizelge 4.2'de olduğu gibi 17 nolu popülasyondan 5 örnek alınıp ayrı ayrı DNA izolasyonu yapıldıktan sonra PCR çalışmaları yürütülmüştür. Jelde görüntüsünde zayıf bant veya bant vermeyen 17 nolu popülasyonun tekrar PCR çalışmaları yürütülmüştür. Tekrar yapılan PCR çalışmalarında 17 nolu popülasyondan bant elde edilememiştir (Çizelge 4.5 ve Çizelge 4.7). Bu işlem 17 nolu popülasyondan en az 2 veya 3 bant alana kadar devam etmiştir (Çizelge 4.8). Bu işlem diğer tüm popülasyonlar için yürütülmüştür. Elde edilen agaroz jel elektroforez görüntüleri Şekil 4.1-4.8'de verilmiştir. Elektroforez çalışmalarında 3000 bp markır kullanılmış olup tüm örnekler beklendiği gibi yaklaşık 1000 bp'de bant vermiştir. Bazı örneklerde ilk PCR çalışmalarında görüntü elde edilememiş ve PCR protokolünde bazı optimizasyonlar (PCR'da kullanılan DNA miktarının 5 µl'den 1.5 µl'ye çekilmesi gibi) yapıldıktan sonra elde edilemeyen örneklerden sonuç alınmıştır.

Çizelge 4.2. Gen dizilemesi yapılan örneklerin toplandığı yerler ve çizelge üzerindeki örnek kodu numaraları jel görüntüsü üstündeki numaraları ifade etmektedir.

Örnek Kodu	Sıra No	Örneğin Alındığı Bölge	İl	Ortalama Rakım(m)	Toplanma Tarihi
1	1	Hamzabeyli-1	Mersin	200	28.07.2015
	2	Hamzabeyli-2	Mersin	200	29.07.2015
2	3	Hacgediği	Mersin	600	03.08.2015
	4	Hacgediği	Mersin	600	04.08.2015
3	5	Borcak Yaylası	Mersin	900	03.08.2015
	6	Borcak Yaylası	Mersin	900	04.08.2015
	7	Borcak Yaylası	Mersin	900	05.08.2015
5	10	Kurudere	Mersin	1064	10.08.2015
	11	Kurudere	Mersin	1064	10.08.2015
	12	Kurudere	Mersin	1064	10.08.2015
6	13	Arslanköy	Mersin	1500	17.08.2015
	14	Arslanköy	Mersin	1500	17.08.2015
	15	Arslanköy	Mersin	1500	17.08.2015
7	16	Tarsus	Mersin	23	21.09.2015
	17	Tarsus	Mersin	23	21.09.2015
8	18	Erdemli	Mersin	10	21.09.2015
	19	Erdemli	Mersin	10	21.09.2015
9	20	Silifke	Mersin	30	03.10.2015
	21	Silifke	Mersin	30	03.10.2015
10	22	Mut	Mersin	340	03.10.2015
	23	Mut	Mersin	340	03.10.2015
	24	Mut	Mersin	340	03.10.2015
	25	Mut	Mersin	340	03.10.2015
11	26	Gülnar/Kuskanköyü	Mersin	850	03.10.2015
	27	Gülnar/Kuskanköyü	Mersin	850	03.10.2015
	28	Gülnar/Kuskanköyü	Mersin	850	03.10.2015
12	29	Anamur/Meriç	Mersin	15	03.10.2015
	30	Anamur/Meriç	Mersin	15	03.10.2015
	31	Anamur/Meriç	Mersin	15	03.10.2015
13	33	Erzin	Hatay	165	28.09.2015
	34	Erzin	Hatay	165	28.09.2015

Çizelge 4.2. Devamı

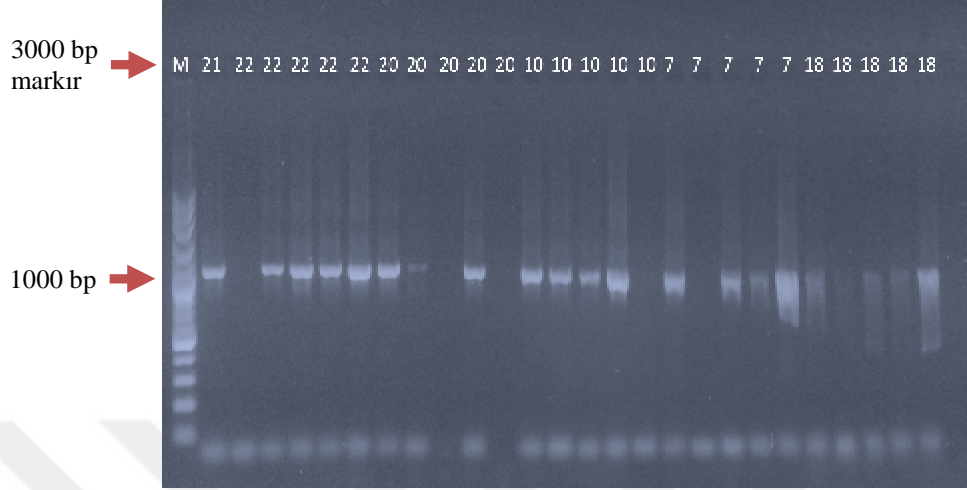
	35	Erzin	Hatay	165	28.09.2015
14	36	Dörtyol	Hatay	4	28.09.2015
	37	Dörtyol	Hatay	4	28.09.2015
	38	Dörtyol	Hatay	4	28.09.2015
15	39	Belen	Hatay	624	28.09.2015
	40	Belen	Hatay	624	28.09.2015
	41	Belen	Hatay	624	28.09.2015
16	42	Samandağ	Hatay	4	28.09.2015
	43	Samandağ	Hatay	4	28.09.2015
	44	Samandağ	Hatay	4	28.09.2015
17	45	Karataş	Adana	10	01.10.2015
18	46	Kozan	Adana	120	02.10.2015
	47	Kozan	Adana	120	02.10.2015
	48	Kozan	Adana	120	02.10.2015
	49	Kozan	Adana	120	02.10.2015
19	50	Yumurtalık	Adana	20	03.10.2015
	51	Yumurtalık	Adana	20	03.10.2015
	52	Yumurtalık	Adana	20	03.10.2015
20	53	Misis	Adana	150	03.10.2015
	54	Misis	Adana	150	03.10.2015
21	55	Ceyhan	Adana	25	03.10.2015
	56	Ceyhan	Adana	25	03.10.2015
22	57	Seyhan	Adana	23	04.10.2015
	58	Seyhan	Adana	23	04.10.2015
23	59	Çukurova	Adana	23	04.10.2015
	60	Çukurova	Adana	23	04.10.2015
	61	Çukurova	Adana	23	04.10.2015
24	62	Karşıyaka	Adana	21	01.10.2015
	63	Karşıyaka	Adana	21	01.10.2015
25	64	Yüreğir	Adana	20	01.10.2015
	65	Yüreğir	Adana	20	01.10.2015
	66	Yüreğir	Adana	20	01.10.2015
26	67	Balcalı	Adana	21	01.10.2015
	68	Balcalı	Adana	21	01.10.2015
27	69	Yenice	Mersin	23	04.10.2015
	70	Yenice	Mersin	23	04.10.2015



Şekil 4.1. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M:Markır, 11: Gülnar-Kuskan köyü / Mersin, 12: Anamur-Meriç / Mersin, 16: Samandağ-Fidanlı köyü / Hatay, 13: Erzin / Hatay, 6: Arslanköy / Mersin, 3: Borcakaylası / Mersin.



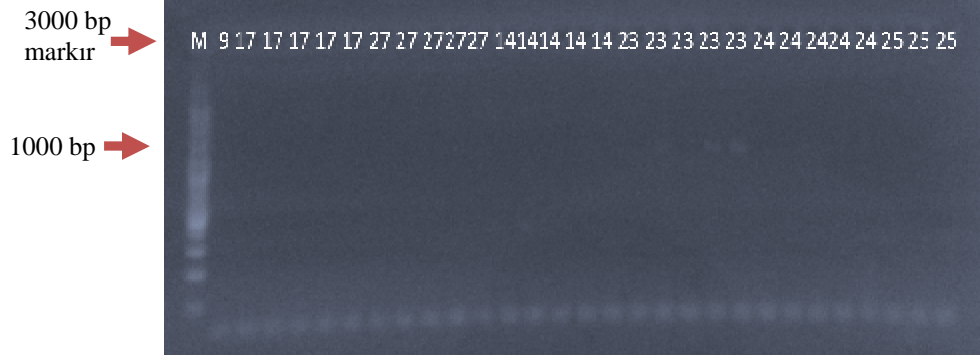
Şekil 4.2. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 3: Borcakaylası / Mersin, 1: Hamzabeyli / Mersin, 19: Yumurtalık / Adana, 17: Karataş / Adana, 27: Yenice / Mersin, 15: Belen / Hatay, 21: Ceyhan / Adana.



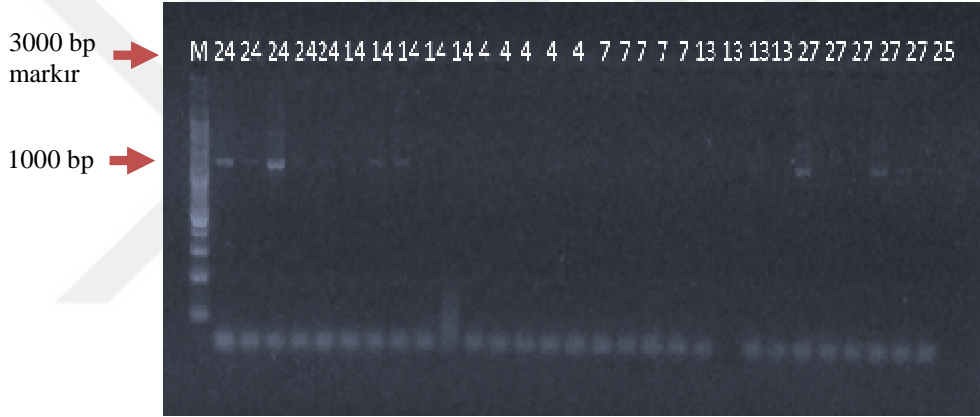
Şekil 4.3. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 21: Ceyhan / Adana, 22: Seyhan / Adana, 20: Misis / Adana, 10: Mut / Mersin, 7: Tarsus / Mersin, 18: Kozan / Adana.



Şekil 4.4. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 2: Hacgediği / Mersin, 4: Hangediği / Mersin, 5: Kurudere / Mersin, 7/2: Tarsus / Mersin, 8: Erdemli / Mersin, 9: Silifke / Mersin.



Şekil 4.5. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 17/2: Karataş / Adana, 27: Yenice / Mersin, 14: Dörtıyol / Hatay, 23: Çukurova / Adana, 24: Karşıyaka / Adana, 25: Yüreğir / Adana.



Şekil 4.6. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 24/2: Karşıyaka / Adana 14/2: Dörtıyol / Hatay, 4/2: Hangediği / Mersin, 7/3: Tarsus / Mersin, 13: Erzin / Dörtıyol, 27/2: Yenice / Mersin, 25/2: Yüreğir / Adana.



Şekil 4.7. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 25/2: Yüreğir / Adana, 9/9: Silifke / Mersin, 17/3: Karataş / Adana.



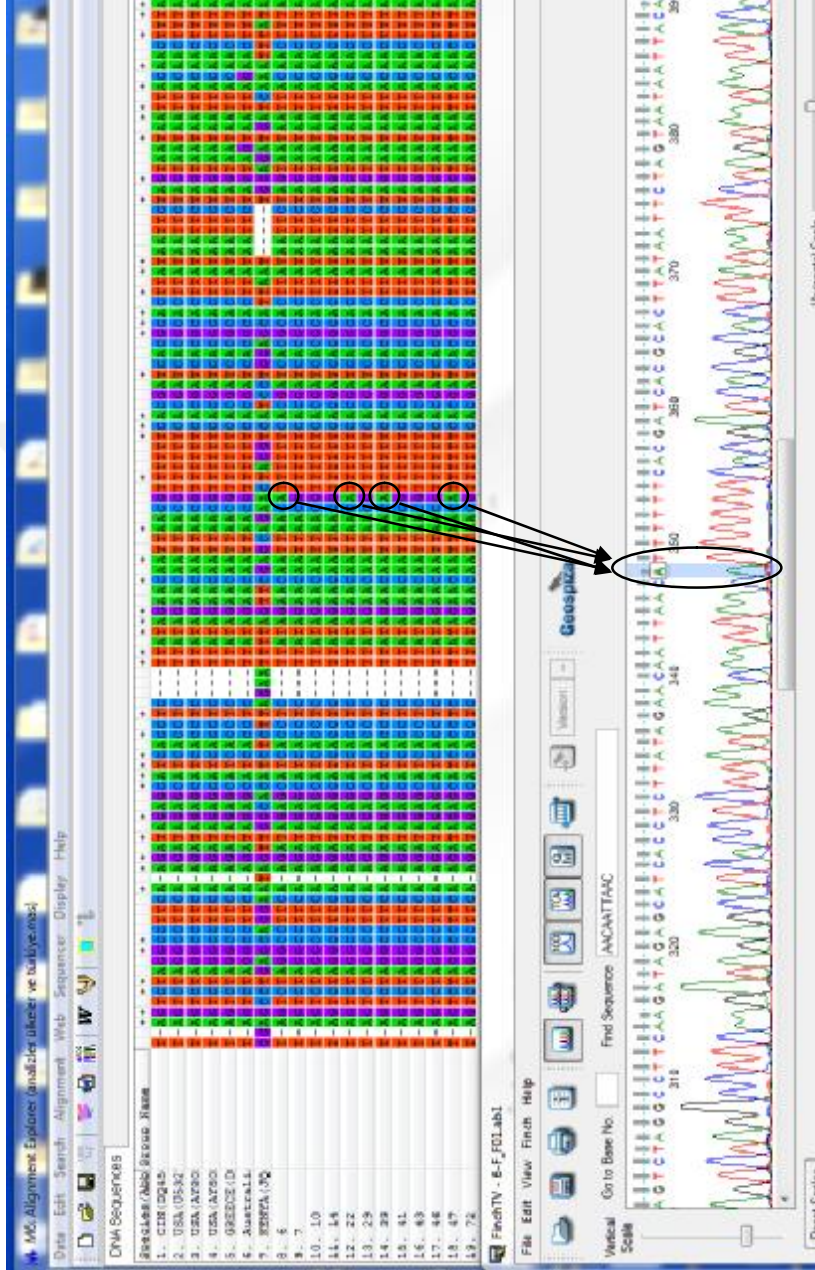
Şekil 4.8. Amplifikasyon sonucu elde edilen bant profilleri M: Markır, 4/3: Hangediği / Mersin, 17/4: Karataş / Adana, 27/3: Yenice / Mersin, 14/3: Dört Yol / Hatay, 23/2: Çukurova / Adana, 25/3: Yüreğir / Adana.

4.3. Doğu Akdeniz Bölgesi Ova ve Yayla Kesiminden Toplanan *Ceratitis capitata* Popülasyonlarının Gen Dizilemesi ve Veri Analizi

PCR çalışmaları sonucu pozitif sonuç elde edilen 72 örneğin gen dizilemesi ilgili firmada yaptırılmış 5 örneğin sekanslaması kötü olduğu için çalışmadan çıkarılmıştır. Çalışma 67 örnek üzerinden yürütülmüştür. Gen dizilemesi sonucu Finch TV ve Mega 6'da yapılan dizileme ve temizleme çalışmalarından sonra 914

bp'lik bir bölge elde edilmiştir. Çalışmada 7 haplotip belirlenmiş olup en fazla belirlenen Haplotip 1 (56 örnek) olmuştur (Çizelge 4.3). Tüm bireylerden elde edilen haplotip 1 şeftali, hurma, nar, mandarin (okitsu), armut ve incir meyveleri üzerinden, Kozan, Borcak Yaylası, Belen ve Gülnar noktalarından elde edilen haplotip 2 şeftali üzerinden, Borcak Yaylası ve Kurudere noktalarından elde edilen haplotip 3 ise armut, incir ve hurma'dan, Arslanköy beldesinden elde edilen haplotip 4 şeftali üzerinden, Belen ve Samandağ noktalarından elde edilen haplotip 5 incir ve hurma üzerinden, Kozan'dan elde edilen haplotip 6 hurma üzerinden ve Anamur'dan elde edilen haplotip 7 ise incir meyvesinde saptanmıştır. Haplotipleri karşılaştırdığımızda Doğu Akdeniz Bölgesi'nden alınan 67 örnekten 56'si aynı haplotip (1) olduğu ve haplotip 1'in tüm illerde ve yükseltilerde olduğu saptanmıştır. Bu durum zararlının göç kabiliyeti, geniş konukçu spektrumu ve biyo-ekolojisinden kaynaklandığı düşünülmüştür. Malacrida ve ark (2007) italya'da *C. capitata* üzerine yaptıkları çalışmada zararlının farklı alanlara adaptasyonu altında yatan özelliklerin anlaşılmasının istila biyolojisini açıklayan ana faktör olduğunu belirtmişlerdir.

Hizalanmış dizilerin GeneDoc programına aktarılmasıyla elde edilen Şekil 4.15'te referans genlerin ve Doğu Akdeniz bölgesi'nden toplanan örnekler arasındaki baz farklılıkları görülmektedir. Örneklerden elde edilen Haplotiplerdeki baz değişikliğine baktığımızda Haplotip 2'nin 312. bazı Guanin-Adenin'en (Şekil 4.9); Haplotip 3'ün 676. bazı Timin-Guanin'e (Şekil 4.10); Haplotip 4'ün 364. bazı Timin-Guanin'e (Şekil 4.11); Haplotip 5'in 29.bazı Timin-Adenine (Şekil 4.12); Haplotip 6'nın 712. baz Guanin-Adenin'e (Şekil 4.13); Haplotip 7'de ise 661.baz Timin-Sitozin'e dönüşmüştür (Şekil 4.14).



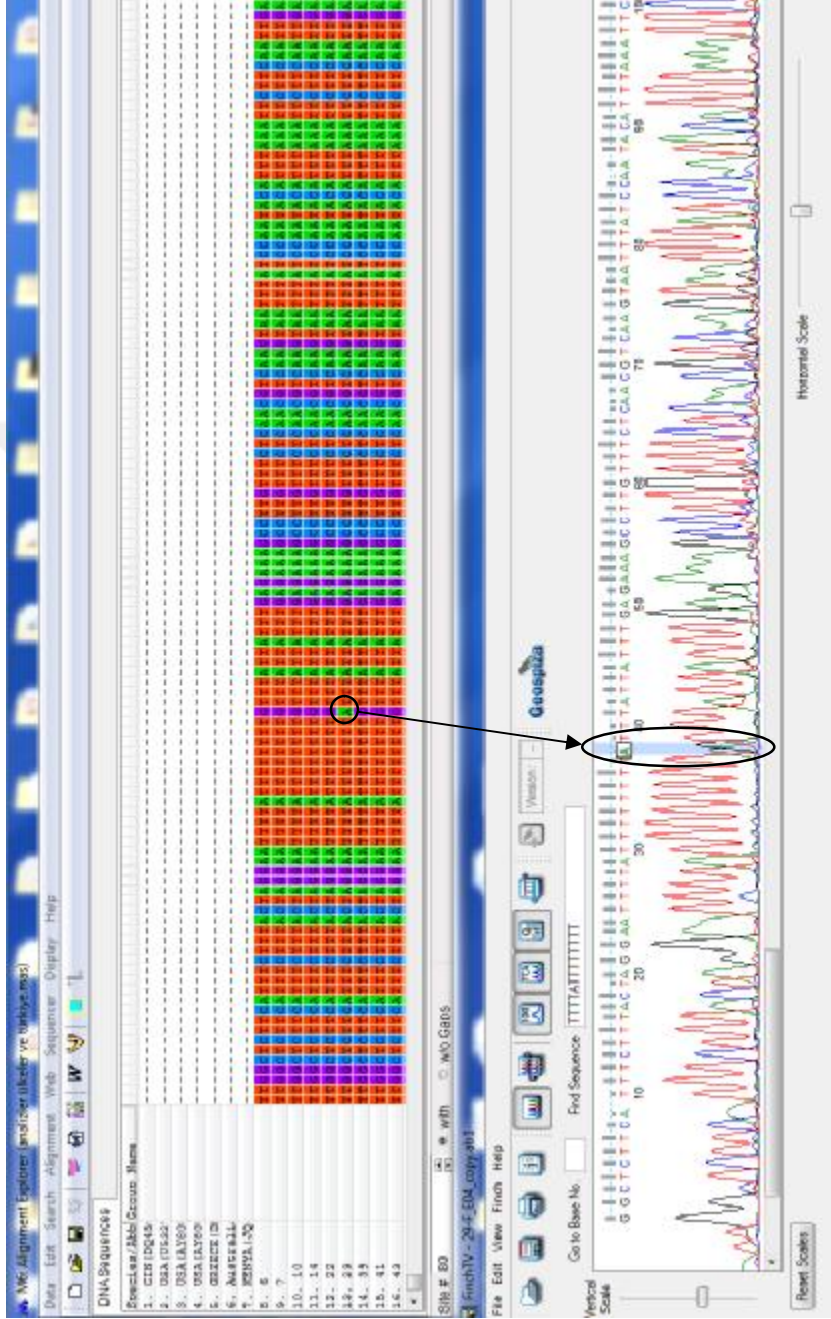
Şekil 4.9. Mega ve FinchTV programında 6, 26, 39 ve 47 nolu örneklerden oluşan Haplotype 2'nin nükleotit dizilimlerindeki baz değişikliği görüntüsü



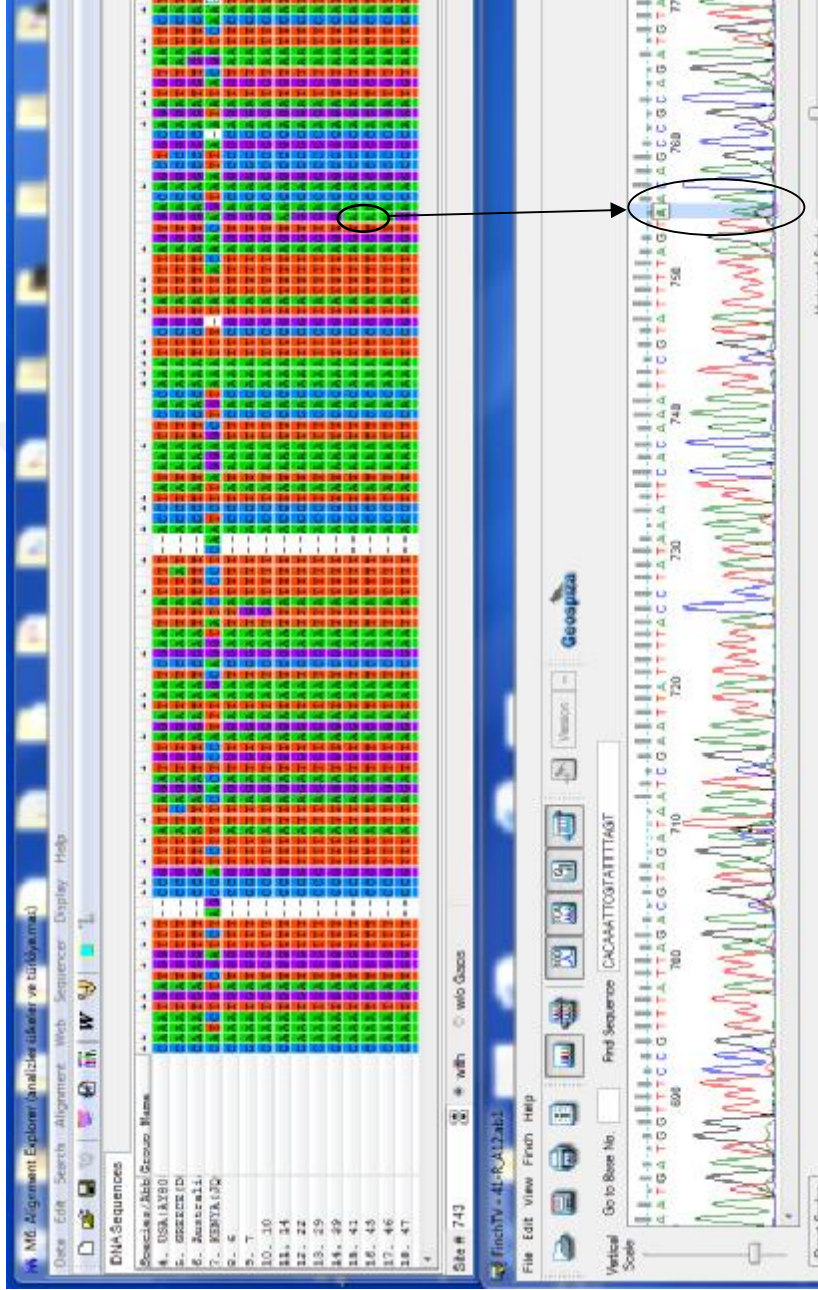
Şekil 4.100. Mega ve FinchTV programında 7 ve 10 nolu örneklerden oluşan Haplotip 3'ün nükleotit dizilimindeki baz değişikliği görüntüsü



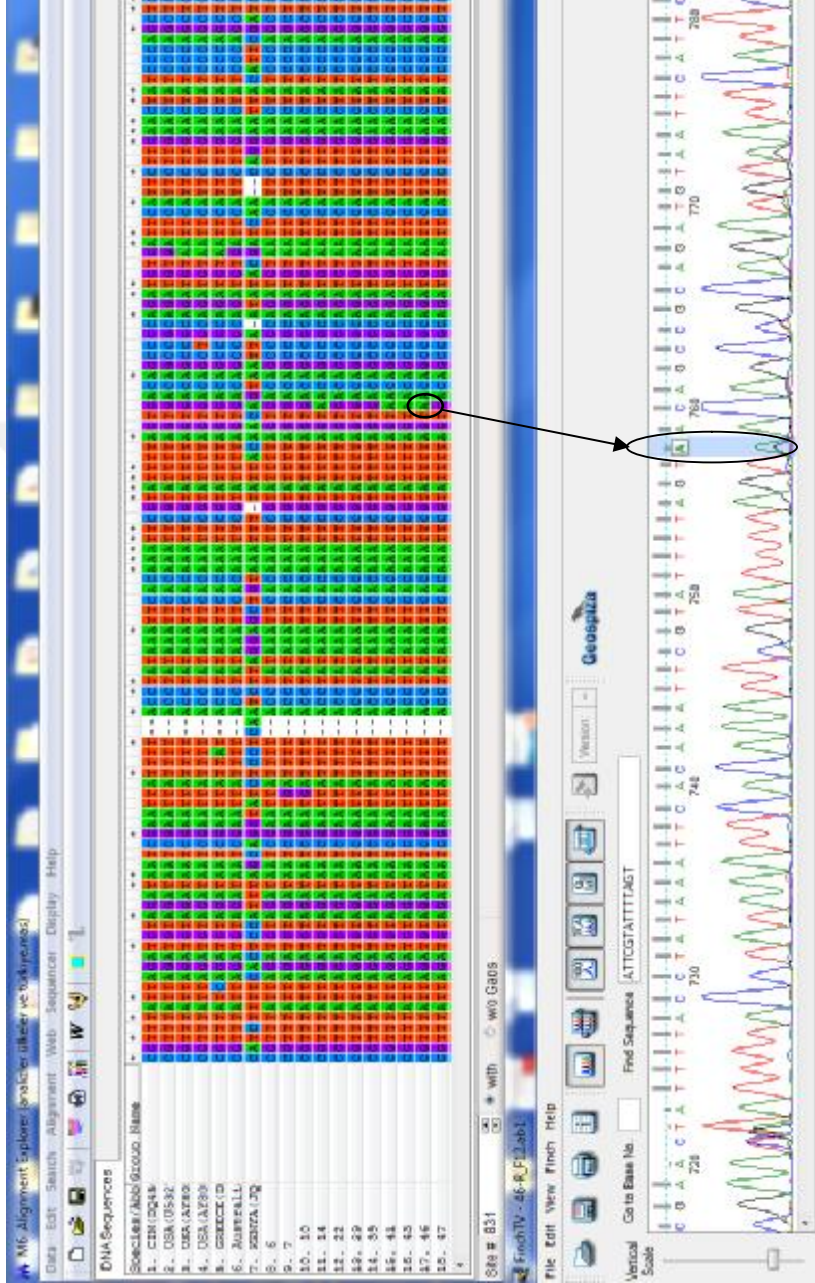
Şekil 4.111. Mega ve FinchTV programında 14 nolu örnekte oluşan Haplotip 4'ün nükleotit dizimindeki baz değişikliği görüntüsü



Şekil 4.112. Mega ve FinchTV programında 29 nolu örnekten oluşan Haplotip 5'in nükleotid dizilimindeki baz değişikliği görüntü



Şekil 4.13. Mega ve FinchTV programında 41 ve 43 nolu örneklerden oluşan Haplotip 6'nın nükleotid dizilimindeki baz değişikliği görüntüsü



Şekil 4.14. Mega ve FinchTV programında 46 nolu örnekten oluşan Haplotip 7'nin nükleotid dizilimindeki baz değişikliği görüntüsü

Haplotip1(15)	: TTGGCTCTTCATTTCTTTACTAGGAATTTTATTTT	: 35
Haplotip2(6)	: TTGGCTCTTCATTTCTTTACTAGGAATTTTATTTT	: 35
Haplotip3(7)	: TTGGCTCTTCATTTCTTTACTAGGAATTTTATTTT	: 35
Haplotip4(14)	: TTGGCTCTTCATTTCTTTACTAGGAATTTTATTTT	: 35
Haplotip5(41)	: TTGGCTCTTCATTTCTTTACTAGGAATTTTATTTT	: 35
Haplotip6(46)	: TTGGCTCTTCATTTCTTTACTAGGAATTTTATTTT	: 35
Haplotip7(29)	: TTGGCTCTTCATTTCTTTACTAGGAATTTTATTTT	: 35
ABD1	: -----	: -
ABD2	: -----	: -
ABD3	: -----	: -
Yunanistan	: -----	: -
CIN	: -----	: -
Avustralya	: -----	: -
Haplotip1(15)	: TTTTGTTTATTATTTGAGAAAGCCTTGTTTCTCAA	: 70
Haplotip2(6)	: TTTTGTTTATTATTTGAGAAAGCCTTGTTTCTCAA	: 70
Haplotip3(7)	: TTTTGTTTATTATTTGAGAAAGCCTTGTTTCTCAA	: 70
Haplotip4(14)	: TTTTGTTTATTATTTGAGAAAGCCTTGTTTCTCAA	: 70
Haplotip5(41)	: TTTTGTTTATTATTTGAGAAAGCCTTGTTTCTCAA	: 70
Haplotip6(46)	: TTTTGTTTATTATTTGAGAAAGCCTTGTTTCTCAA	: 70
Haplotip7(29)	: TTTTGTTTATTATTTGAGAAAGCCTTGTTTCTCAA	: 70
ABD1	: -----	: -
ABD2	: -----	: -
ABD3	: -----	: -
Yunanistan	: -----	: -
CIN(DQ4568)	: -----	: -
Avustralya	: -----	: -
Haplotip1(15)	: CGTCAAGTAATTTATCCAATACATTTAAATTCCTC	: 105
Haplotip2(6)	: CGTCAAGTAATTTATCCAATACATTTAAATTCCTC	: 105
Haplotip3(7)	: CGTCAAGTAATTTATCCAATACATTTAAATTCCTC	: 105
Haplotip4(14)	: CGTCAAGTAATTTATCCAATACATTTAAATTCCTC	: 105
Haplotip5(41)	: CGTCAAGTAATTTATCCAATACATTTAAATTCCTC	: 105
Haplotip6(46)	: CGTCAAGTAATTTATCCAATACATTTAAATTCCTC	: 105
Haplotip7(29)	: CGTCAAGTAATTTATCCAATACATTTAAATTCCTC	: 105
ABD1	: -----	: -
ABD2	: -----	: -
ABD3	: -----	: -
Yunanistan	: -----	: -
CIN	: -----	: -
Avustralya	: -----	: -
Haplotip1(15)	: AATTGAATGACTTCAAATACTCCACCAGCTGAAC	: 140
Haplotip2(6)	: AATTGAATGACTTCAAATACTCCACCAGCTGAAC	: 140
Haplotip3(7)	: AATTGAATGACTTCAAATACTCCACCAGCTGAAC	: 140
Haplotip4(14)	: AATTGAATGACTTCAAATACTCCACCAGCTGAAC	: 140
Haplotip5(41)	: AATTGAATGACTTCAAATACTCCACCAGCTGAAC	: 140
Haplotip6(46)	: AATTGAATGACTTCAAATACTCCACCAGCTGAAC	: 140
Haplotip7(29)	: AATTGAATGACTTCAAATACTCCACCAGCTGAAC	: 140
ABD1	: -----	: -
ABD2	: -----	: -

4. ARAŞTIRMA VE BULGULAR

Adnan TUSUN

ABD3	:	-----	:	-
Yunanistan	:	-----	:	-
CIN	:	-----	:	-
Avustralya	:	-----	:	-
Haplotip1(15)	:	ATAGTTATTCTGAATTACCACTTTTAACTAATTAA	:	175
Haplotip2(6)	:	ATAGTTATTCTGAATTACCACTTTTAACTAATTAA	:	175
Haplotip3(7)	:	ATAGTTATTCTGAATTACCACTTTTAACTAATTAA	:	175
Haplotip4(14)	:	ATAGTTATTCTGAATTACCACTTTTAACTAATTAA	:	175
Haplotip5(41)	:	ATAGTTATTCTGAATTACCACTTTTAACTAATTAA	:	175
Haplotip6(46)	:	ATAGTTATTCTGAATTACCACTTTTAACTAATTAA	:	175
Haplotip7(29)	:	ATAGTTATTCTGAATTACCACTTTTAACTAATTAA	:	175
ABD1	:	-----	:	-
ABD2	:	-----	:	-
ABD3	:	-----	:	-
Yunanistan	:	-----	:	-
CIN	:	-----	:	-
Avustralya	:	-----	:	-
Haplotip1(15)	:	TTTATTCTAATATGGCAGATTAGTGCAATGGATT	:	210
Haplotip2(6)	:	TTTATTCTAATATGGCAGATTAGTGCAATGGATT	:	210
Haplotip3(7)	:	TTTATTCTAATATGGCAGATTAGTGCAATGGATT	:	210
Haplotip4(14)	:	TTTATTCTAATATGGCAGATTAGTGCAATGGATT	:	210
Haplotip5(41)	:	TTTATTCTAATATGGCAGATTAGTGCAATGGATT	:	210
Haplotip6(46)	:	TTTATTCTAATATGGCAGATTAGTGCAATGGATT	:	210
Haplotip7(29)	:	TTTATTCTAATATGGCAGATTAGTGCAATGGATT	:	210
ABD1	:	-----	:	-
ABD2	:	-----	:	-
ABD3	:	-----	:	-
Yunanistan	:	-----	:	-
CIN	:	-----GAATGGATT	:	10
Avustralya	:	-----	:	-
Haplotip1(15)	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	245
Haplotip2(6)	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	245
Haplotip3(7)	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	245
Haplotip4(14)	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	245
Haplotip5(41)	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	245
Haplotip6(46)	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	245
Haplotip7(29)	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	245
ABD1	:	-----	:	-
ABD2	:	-----	:	-
ABD3	:	-----	:	-
Yunanistan	:	-----	:	-
CIN	:	AAGCTCCATATATAAAGTATTTTACTTTTATTAGA	:	45
Avustralya	:	-----	:	-
Haplotip1(15)	:	AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	:	280
Haplotip2(6)	:	AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	:	280
Haplotip3(7)	:	AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	:	280
Haplotip4(14)	:	AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	:	280
Haplotip5(41)	:	AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	:	280
Haplotip6(46)	:	AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	:	280

4. ARAŞTIRMA VE BULGULAR

Adnan TUSUN

Haplotip7(29)	: AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	: 280
ABD1	: -----ATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	: 30
ABD2	: -----ATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	: 30
ABD3	: -----ATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	: 30
Yunanistan	: -----ATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	: 30
CIN	: AATTAATGACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	: 80
Avustralya	: -----GACAACATGAGCTAGTCTAGGCCTTCAA	: 28
Haplotip1(15)	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 315
Haplotip2(6)	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 315
Haplotip3(7)	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 315
Haplotip4(14)	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 315
Haplotip5(41)	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 315
Haplotip6(46)	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 315
Haplotip7(29)	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 315
ABD1	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 65
ABD2	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 65
ABD3	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 65
Yunanistan	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 65
CIN	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 115
Avustralya	: GATAGAGCATCACCTCTTATAGAACAATTAACGTT	: 63
Haplotip1(15)	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 350
Haplotip2(6)	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 350
Haplotip3(7)	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 350
Haplotip4(14)	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 350
Haplotip5(41)	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 350
Haplotip6(46)	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 350
Haplotip7(29)	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 350
ABD1	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 100
ABD2	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 100
ABD3	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 100
Yunanistan	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 100
CIN	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 150
Avustralya	: TTTTCACGATCACGCACTTATAATTCTAGTAATAA	: 98
Haplotip1(15)	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 385
Haplotip2(6)	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 385
Haplotip3(7)	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 385
Haplotip4(14)	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 385
Haplotip5(41)	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 385
Haplotip6(46)	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 385
Haplotip7(29)	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 385
ABD1	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 135
ABD2	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 135
ABD3	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 135
Yunanistan	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 135
CIN	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 185
Avustralya	: TTACAACCTTTAGTTGGATATTTAATATTTATATTA	: 133
Haplotip1(15)	: TTTTTTAATTTCTTACACAAATCGAAATTTATTACA	: 420
Haplotip2(6)	: TTTTTTAATTTCTTACACAAATCGAAATTTATTACA	: 420
Haplotip3(7)	: TTTTTTAATTTCTTACACAAATCGAAATTTATTACA	: 420

Haplotip4(14) : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 420
 Haplotip5(41) : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 420
 Haplotip6(46) : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 420
 Haplotip7(29) : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 420
 ABD1 : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 170
 ABD2 : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 170
 ABD3 : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 170
 Yunanistan : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 170
 CIN : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 220
 Avustralya : TTTTAAATTCCTTACACAAATCGAAATTTATTACA : 168

Haplotip1(15) : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 455
 Haplotip2(6) : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 455
 Haplotip3(7) : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 455
 Haplotip4(14) : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 455
 Haplotip5(41) : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 455
 Haplotip6(46) : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 455
 Haplotip7(29) : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 455
 ABD1 : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 205
 ABD2 : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 205
 ABD3 : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 205
 Yunanistan : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 205
 CIN : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 255
 Avustralya : TGGACAAACTATTGAAATAATTTGAACTATTTTAC : 203

Haplotip1(15) : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 490
 Haplotip2(6) : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 490
 Haplotip3(7) : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 490
 Haplotip4(14) : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 490
 Haplotip5(41) : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 490
 Haplotip6(46) : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 490
 Haplotip7(29) : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 490
 ABD1 : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 240
 ABD2 : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 240
 ABD3 : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 240
 Yunanistan : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 240
 CIN : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 290
 Avustralya : CAGCTATTGTTTTATTATTTATTGCTTTTCCTTCT : 238

Haplotip1(15) : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 525
 Haplotip2(6) : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 525
 Haplotip3(7) : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 525
 Haplotip4(14) : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 525
 Haplotip5(41) : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 525
 Haplotip6(46) : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 525
 Haplotip7(29) : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 525
 ABD1 : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 275
 ABD2 : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 275
 ABD3 : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 275
 Yunanistan : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 275
 CIN : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 325
 Avustralya : CTTCGGTTATTATATTTATTAGATGAAATTAATGA : 273

Haplotip1(15) : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 560
 Haplotip2(6) : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 560
 Haplotip3(7) : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 560
 Haplotip4(14) : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 560
 Haplotip5(41) : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 560
 Haplotip6(46) : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 560
 Haplotip7(29) : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 560
 ABD1 : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 310
 ABD2 : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 310
 ABD3 : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 310
 Yunanistan : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 310
 CIN : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 360
 Avustralya : ACCTTCTATCACTTTAAAAGCTATTGGTCATCAAT : 308

Haplotip1(15) : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 595
 Haplotip2(6) : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 595
 Haplotip3(7) : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 595
 Haplotip4(14) : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 595
 Haplotip5(41) : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 595
 Haplotip6(46) : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 595
 Haplotip7(29) : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 595
 ABD1 : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 345
 ABD2 : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 345
 ABD3 : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 345
 Yunanistan : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 345
 CIN : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 395
 Avustralya : GATACTGAAGCTACGAATATTCAGATTTTATAAAC : 343

Haplotip1(15) : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 630
 Haplotip2(6) : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 630
 Haplotip3(7) : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 630
 Haplotip4(14) : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 630
 Haplotip5(41) : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 630
 Haplotip6(46) : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 630
 Haplotip7(29) : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 630
 ABD1 : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 380
 ABD2 : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 380
 ABD3 : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 380
 Yunanistan : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 380
 CIN : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 430
 Avustralya : GTAGAATTTGATTCTTATATAATCCCAACAAATGA : 378

Haplotip1(15) : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 665
 Haplotip2(6) : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 665
 Haplotip3(7) : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 665
 Haplotip4(14) : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 665
 Haplotip5(41) : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 665
 Haplotip6(46) : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 665
 Haplotip7(29) : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 665
 ABD1 : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 415
 ABD2 : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 415
 ABD3 : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 415
 Yunanistan : ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG : 415

4. ARAŞTIRMA VE BULGULAR

Adnan TUSUN

CIN	: ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG	: 465
Avustralya	: ATTATCAAATGATGGTTTCCGTTTATTAGATGTAG	: 413
Haplotip1(15)	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 700
Haplotip2(6)	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 700
Haplotip3(7)	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 700
Haplotip4(14)	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 700
Haplotip5(41)	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 700
Haplotip6(46)	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 700
Haplotip7(29)	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 700
ABD1	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 450
ABD2	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 450
ABD3	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 450
Yunanistan	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 450
CIN	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 500
Avustralya	: ATAATCGAATTATTTTACCTATAAAATTCACAAATT	: 448
Haplotip1(15)	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 735
Haplotip2(6)	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 735
Haplotip3(7)	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 735
Haplotip4(14)	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 735
Haplotip5(41)	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 735
Haplotip6(46)	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 735
Haplotip7(29)	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 735
ABD1	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 485
ABD2	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 485
ABD3	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 485
Yunanistan	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 485
CIN	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 535
Avustralya	: CGTATTTTAGTGACAGCCGCAGATGTAATTCATTC	: 483
Haplotip1(15)	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 770
Haplotip2(6)	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 770
Haplotip3(7)	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 770
Haplotip4(14)	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 770
Haplotip5(41)	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 770
Haplotip6(46)	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 770
Haplotip7(29)	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 770
ABD1	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 520
ABD2	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 520
ABD3	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 520
Yunanistan	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 520
CIN	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 570
Avustralya	: TTGAACTATCCCAGCTCTAGGAGTAAAAGTTGATG	: 518
Haplotip1(15)	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 805
Haplotip2(6)	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 805
Haplotip3(7)	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 805
Haplotip4(14)	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 805
Haplotip5(41)	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 805
Haplotip6(46)	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 805
Haplotip7(29)	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 805
ABD1	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAAC TAATTTTTTA	: 555

4. ARAŞTIRMA VE BULGULAR

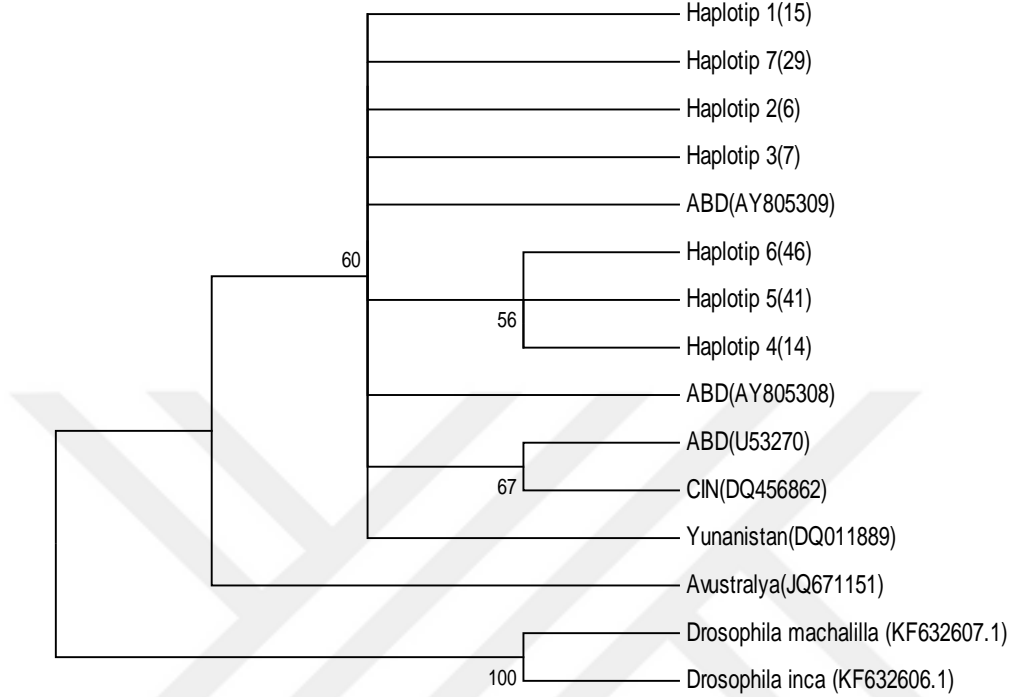
Adnan TUSUN

ABD2	: GAACTCCTGGGACGTCCTAAATCAAACCTAATTTTTTTA	: 555
ABD3	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAACCTAATTTTTTTA	: 555
Yunanistan	: GAACTCCTGGGCGTCGAAATCAAACCTAATTTTTTTA	: 555
CIN	: GAACTCCTGGGCGTCTAAATCAAACCTAATTTTTTTA	: 605
Avustralya	: GAACTCCTGGGACGTTTAAATCAAACCTAATTTTTTTA	: 553
Haplotip1(15)	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 840
Haplotip2(6)	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 840
Haplotip3(7)	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 840
Haplotip4(14)	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 840
Haplotip5(41)	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 840
Haplotip6(46)	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 840
Haplotip7(29)	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 840
ABD1	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 590
ABD2	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 590
ABD3	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 590
Yunanistan	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 590
CIN	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 640
Avustralya	: ATAAATCGACCTGGCTTATTTTATGGTCAATGTTC	: 588
Haplotip1(15)	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 875
Haplotip2(6)	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 875
Haplotip3(7)	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 875
Haplotip4(14)	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 875
Haplotip5(41)	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 875
Haplotip6(46)	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 875
Haplotip7(29)	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 875
ABD1	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 625
ABD2	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 625
ABD3	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 625
Yunanistan	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 625
CIN	: AGAAATTTGTGGAGCTAACCATAGTTTTATACCAA	: 675
Avustralya	: AGAAATTTAGTGGAGCTAACCATAGTTATATACCAA	: 623
Haplotip1(15)	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 910
Haplotip2(6)	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 910
Haplotip3(7)	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 910
Haplotip4(14)	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 910
Haplotip5(41)	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 910
Haplotip6(46)	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 910
Haplotip7(29)	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 910
ABD1	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 660
ABD2	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 660
ABD3	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 660
Yunanistan	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 660
CIN	: TTGTAATTGAAAGAATTCCTACAAATTATTTTATT	: 710
Avustralya	: TTGTAATTGAAAG-----	: 636
Haplotip1(15)	: AAAT-----	: 914
Haplotip2(6)	: AAAT-----	: 914
Haplotip3(7)	: AAAT-----	: 914
Haplotip4(14)	: AAAT-----	: 914
Haplotip5(41)	: AAAT-----	: 914

Haplotip6(46)	: AAAT-----	: 914
Haplotip7(29)	: AAAT-----	: 914
ABD1	: AAAT-----	: 664
ABD2	: AAAT-----	: 664
ABD3	: AAAT-----	: 664
Yunanistan	: AAAT-----	: 664
CIN	: AAAT-----	: 714
Avustralya	: -----	: -

Şekil 4.15. *Ceratitis capitata*'nın COI-COII geninin farklı haplotiplere ve referans genlere ait gen dizileri (Parantez içerisindeki sayılar Çizelge 4.2' de ki sıra noları göstermektedir.) (Mut (15)-Haplotip 1; Borçak (6)-Haplotip 2; Borçak (7)-Haplotip 3; Arslanköy (14)-Haplotip 4, Anamur (29)-Haplotip 5 Belen (41)-Haplotip 6, Kozan (46)-Haplotip 7).(Avustralya (JQ671151), ABD1 (U53270), ABD2 (AY805309), ABD3 (AY805308), Yunanistan (DQO11889), Çin (DQ456862).

Neighbor joining metoduna göre yapılan filogenetik ağaçta örnekler iki ana dala ayrılmıştır. Dış grup olarak kullanılan *Drosophila machilla* (KF632607.1) ve *Drosophila inca* (KF632606.1) % 100 bootstrap değeriyle outgrubu oluşturmaktadır. Çalışılan *C. capitata* bireyleri içinde Avustralya (JQ671151) bireyi %60'lık bootstrap değeriyle diğer tüm bireylerden ayrılarak tek başına bir dala sahip olmuştur. Ova kesiminden elde edilen haplotip 1(29), haplotip 2(6), haplotip 3(37) ve haplotip 7(29) ise ABD (AY805309), ABD (AY805308) ve Yunanistan (DQO11889) referans genleri ile aynı dallanma göstermiştir. Yayla kesiminden elde edilelen haplotiplerden haplotip 4(14), haplotip 5(41) ve haplotip 6(46) ise kendi aralarında bir grup oluşturmuş ve ayrı bir grup olarak %56'lık bootstrap değeriyle ayrı bir dallanma göstermiştir. ABD (U53270) ve CIN (DQ456862) referans genleri bir grup oluşturarak %67'lık en yüksek bootstrap değeriyle ayrı dallanmıştır (Şekil 4.16).



Şekil 4.136. *Ceratitis capitata* türünün mitokondriyal DNA'larındaki COI-COII bölgesinin nükleotid dizilimlerine göre Haplotip 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 ile referans genler, ABD, Yunanistan, Avustralya ve Çin'e ait farklı haplotipler ile Dış grup *Drosophila machilla* ve *Drosophila inca* 'nin filogenetik ilişkileri Neighbour-Joining metodunu kullanarak çizilmiş filogenetik ağaç (Bootstrap 2000, orginal tree). (Parantez içerisinde verilen sayılar Çizelge 4.2' de ki sıra numaralarını göstermektedir).

4.4. Doğu Akdeniz Bölgesi'nden Toplanan *Ceratitis capitata* Bireylerinin Popülasyon Genetiği Analizleri

4.4.1. *Ceratitis capitata*'nın Toplandığı İllere Göre Popülasyon Genetiği Analizleri

Adana, Mersin ve Hatay illerinden toplanan *C. capitata* bireylerinin popülasyon genetiği analizi yapılmıştır. NCBI web sitesinden alınan *C. capitata*'nın COI-COII bölgesine ait genlerin mevcut örnekler ile karşılaştırıldığında gen dizilemesi yapılan toplam 72 popülasyonundan 7 Haplotip

elde edilmiş ve en yaygın Haplotip % 83.58 ile Haplotip 1 olduğu bunu %5.97 ile Haplotip 2 takip ettiği belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Tüm illerden ve popülasyonlardan oluşan Haplotip 1 (56 örnek), Haplotip 2; Borçak Yaylası, Gülnar, Belen ve Kozan, Haplotip 3; Samandağ ve Belen, Haplotip 4; Arslanköy, Haplotip 5; Anamur, Haplotip 6; Borçak Yaylası ve Kurudere, Haplotip 7; Kozan.

Çizelge 4. 3. *Ceratitis capitata*'ya ait haplotip, haplotiplere ait popülasyon ve haplotipin % oranı

Haplotip Tip	Adet	Popülasyonlar	Toplam Haplotipler içerisinde oran (%)
Hap_1	56	1, 2, 3, 4, 5, 11, 12, 13, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 27, 28, 30, 31, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 40, 42, 44, 45, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 69, 70	83.58
Hap_2	4	6, 26, 39, 47	5.97
Hap_3	2	7, 10	2.98
Hap_4	1	14	1.49
Hap_5	1	29	1.49
Hap_6	2	41, 43	2.98
Hap_7	1	46	1.49
TOPLAM	67		100

Adana, Mersin ve Hatay illerinden toplanan *C.capitata* bireylerinin popülasyon genetiği analizinin sonucuna baktığımızda en fazla Mersin'de elde edilirken Adana ve Hatay'dan ise 3'er haplotip elde edilmiştir. Hatay-Samandağ'ın Fıdanlı köyünden ve Hatay-Belen'den alınan örnek farklı bir haplotip oluşturmuştur. Bu iki noktadan alınan örnek sayısının az olmasına rağmen (Hatay ili için 67 örnekten 12 örnek) Hatay ilinde daha fazla çeşitlilik elde edilmesinin nedeni bölgenin uluslararası limana sahip olmasının yanısıra coğrafik olarak stratejik konumuyla iklim alanlarının olması da sürekli dışardan göç alışverişine bölgeyi açık hale getirmektedir. İllere göre çalışılan örnek sayısı ile haplotip çeşitliliği (Hd) doğrusal olarak belirlenmiştir. Hatay ili en az örnek sayısına sahip olmasına rağmen haplotip sayısı oransal olarak diğer illerden fazla

olmuştur. Nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı (K) en fazla Hatay ilinde görülmüştür. Nötrale göstergeleri Tajima (D) ve Fu'nun (Fs) testlerine göre Adana hariç diğer iller de popülasyonlar için elde edilen değerler istatistiki olarak önemsiz olarak saptanmıştır (Çizelge 4.4). Değerler sahip olduğu negatif rakamlar popülasyonlarda heterozigotluğun çok az olduğu ve çalışılan bölge içinde ender allellerin olduğu anlamına gelmektedir (Sharma ve ark. 2013). Çalışılan örnek sayısının artırılması halinde popülasyonlar arasındaki heterozigotluk değerler hakkında daha kesin bir şey söylenebilir. Ancak çalışan örnek sayısının az olmasına rağmen popülasyonlar arasında heterozigotluk görülmüştür.

Doğu Akdeniz Bölgesinde toplam¹ değerlere bakıldığında ise çalışmanın yürütüldüğü alanda 7 haplotip olduğu saptanmış ve bu toplam¹ değer Nötrale göstergeleri olan Tajima (D) ve Fu'nun (Fs) testlerine göre negatif olarak belirlenmiştir. Bu negatiflik popülasyonlar arasında bir farkın olmadığı pozitif değerlerin ise bir farkla işaret ettiği kabul edilecek olunursa Doğu Akdeniz Bölgesi popülasyonları birarada değerlendirildiğinde bu popülasyonlar içerisindeki farkın istatistiki olarak önemsiz bulunduğu ortaya konulmuştur. Doğu Akdeniz Bölgesi'nden elde edilen popülasyonlar diğer ülkelerden elde edilen popülasyonlar (Çin, ABD, Avustralya, Yunanistan) ile bir arada değerlendirildiğinde ise Fu'nun Fs testine göre toplam² sahip olduğu -5.637 değeri istatistiki olarak %2'ye göre istatistiki olarak önemli bulunmuştur. Diğer ülkelerden (Çin, ABD, Avustralya, Yunanistan) alınan 6 örnekten 5 haplotip elde edilmiş ve ülkeler kendi içerisinde değerlendirilmesi yapılmıştır (Çizelge 4.4).

Çizelge 4. 4. *Ceratitits capitata* popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre çeşitlilik ve nötral değişim indeksleri

Coğrafik Orijin	n	S	K	H	Hd±S.H.	π	D	Fu'nun Fs
Adana	24	3	0.250	3	0.163±0.099	0.00027	-1.73253	-1.355*
Mersin	31	5	0.443	5	0.351±0.107	0.00049	-1.74781	-2.813
Hatay	12	2	0.470	3	0.439±0.158	0.00051	-0.84971	-0.725
TOPLAM¹	67	6	0.376	7	0.300±0.072	0.00041	-1.68602	-5.534
Diğer ülkeler	6	23	8.133	5	0.933±0.122	0.01301	-1.20952	0.475
TOPLAM	73	28	1.028	12	0.389±0.073	0.00162	-2.57847	-5.637**

***Tajima's D testine göre istatistiki fark P<0.001

*Fu ve Li's F testine göre istatistiki fark P<0.05,** istatistiki fark P<0.02

¹**Toplam:** Adana, Mersin, Hatay, ²**Toplam:** Adana, Mersin, Hatay ve Diğer Ülkeler (Çin, ABD, Avustralya, Yunanistan)

Adana, Mersin ve Hatay illerinin kendi aralarında ve diğer ülkelerden elde edilmiş olan veriler karşılaştırılmış ve popülasyon genetik göstergeleri elde edilmiştir. Doğu Akdeniz Bölgesin'deki popülasyonlar ile diğer ülkelerin popülasyonlarının karşılaştırması tek çizelge halinde verilmiştir (Çizelge 4.5). Çizelgenin birinci kısmına bakacak olursak; Adana, Mersin ve Hatay illerine ait popülasyonların karşılaştırılmasıyla ortaya konan nükleotid farklılığının ortalama sayısı (Kxy) ve popülasyonlar arası bölge başına nükleotid değişimi (Dxy) en fazla Hatay-Mersin arasında olurken, en düşük Adana-Mersin arasında hesaplanmıştır.

Çizelge 4. 5. *Ceratitits capitata* popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre popülasyon genetik göstergeleri

Popülasyon 1	Popülasyon 2	Kxy	Dxy	Da	Gst
Adana	Hatay	0.35417	0.00039	-0.00001	0.01679
Adana	Mersin	0.34274	0.00037	-	0.00262
Hatay	Mersin	0.45430	0.00050	-	0.00009
Popülasyon 1	Popülasyon 2	Kxy	Dxy	Da	Gst
Mersin	Adana	0.31048	0.00049	-0.00001	-0.00263
Mersin	Hatay	0.42204	0.00066	-	0.00265
Mersin	Diğer ülkeler	4.52688	0.00712	0.00043	0.22131
Adana	Hatay	0.35417	0.00056	-0.00001	0.01679
Adana	Diğer ülkeler	4.45833	0.00701	0.00042	0.32189
Hatay	Diğer ülkeler	4.58333	0.00721	0.00044	0.19206

Kxy: Popülasyonlar arasında nükleotid farklılığının ortalama oranı, Dxy: Popülasyonlar arası bölge başına ortalama nükleotid farklılaşmasının ortalama sayısı, Da: Popülasyonlar arası bölge başına net nükleotid farklılaşması, GST: Haplotip sıklığına göre genetik farklılaşma

Popülasyonlar arası bölge başına net nükleotid değişimi (Da) ise sadece Adana-Hatay arasında negatif olarak saptanmış diğer karşılaştırmalarda değer elde edilememiştir. Gst değerleri de tüm popülasyonlar arasında pozitif saptanmış ve bu değerlerin sayısal olarak azalması çeşitliliğin arttığını ifade etmektedir. (Çizelge 4.5). Çizelgenin İkinci kısmına baktığımızda Doğu Akdeniz'deki popülasyonlar hem kendi içinde hem de diğer ülkeler ile karşılaştırıldığında; İki bölgeye ait popülasyonların karşılaştırılmasıyla ortaya konan nükleotid farklılığının ortalama sayısı (Kxy) ve popülasyonlar arası bölge başına nükleotid değişimi (Dxy) en fazla Hatay-diğer ülkeler arasında olurken, en düşük Mersin-Adana illeri arasında hesaplanmıştır. Popülasyonlar arası bölge başına net nükleotid değişimi (Da) ise sadece Adana-Hatay ve Mersin-Adana arasında negatif olarak saptanmış, Mersin-Hatay arasında değer elde edilmemiştir. Gst değerleri Mersin-Adana karşılaştırılması hariç diğer tüm popülasyonlar arasında pozitif saptanmış ve bu değerlerin sayısal olarak azalması çeşitliliğin arttığını ifade etmektedir.

Çizelge 4. 6. *Ceratitıs capitata*'nin farklı popülasyonlarının mitokondriyal COI-COII geninden elde edilen nükleotid dizilerine göre hesaplanan ikili genetik uzaklık (F_{st}) (alt kısım) ve gen akımı (Nm) (üst kısım) değerleri

	Adana	Mersin	Hatay	Diğer Ülkeler
Adana		∞	∞	0.01820
Mersin	-0.01212		604.84	0.01490
Hatay	-0.01604	-0.00486		0.03189
Diğer Ülkeler	0.05981	0.05986	0.06149	

Popülasyonların ikili karşılaştırılması sonucu elde edilen ikili genetik uzaklık (F_{st}) değerlerinin 0 ile 1 arasında değişmektedir. Bu değerlerin 0 ile 0.05 arasında düşük bir farklılaşma olduğunu, 0.05 ile 0.15 arasında orta derecede olup, 0.15 ile 0.25 arasında ise yüksek sayıldığı eğer bu değer 0.25'in yukarısında ise çok yüksek olduğu, 0.5'in üzerinde ise muhtemelen diğer türlerden biyolojik olarak ayrıldığını ifade etmektedir (Spencer, 2000). İkili genetik uzaklık (F_{st}) değerinin Adana, Hatay ve Mersin illeri arasında negatif olduğu, diğer ülkeler de ise bu

değerler pozitif saptanmıştır. Gen akım (Nm) değerleri Adana-Mersin ve Adana-Hatay arasında sonsuz iken Mersin-Hatay arasında ve diğer ülkelerde bu değerler pozitif elde edilmiştir. Bu da bize Mersin ve Hatay popülasyonları arasında gen akımının az olduğunu göstermektedir. Coğrafik konum olarak Mersin ve Hatay arasında bulunan Adana ilinden elde edilen popülasyonların F_{st} ve Nm değerlerinin birlikte değerlendirildiğinde Adana'nın her iki ile ait popülasyonlar içerdiği görülmüştür. Adana'nın hem Mersin hem de Hatay arasında bir geçiş bölgesi görevi gördüğünü göstermektedir. Hatay'ın Adana ve Mersin'e göre daha yüksek bir gen akımı değerine sahip olması coğrafik konumundan dolayı pazarlara veya ticaretlere açık olduğu düşünülebilir. Diğer ülkelerin ikili genetik uzaklık (F_{st}) ve gen akımı (Nm) değerlerini Adana, Mersin ve Hatay illerinin değerleri ile karşılaştırdığımızda hem F_{st} değerinin hem de Nm değerinin sadece Hatay ili için en yüksek olduğu saptanmıştır. Bu da bize Adana, Mersin illerinden ve diğer ülkelerden elde edilen haplotiplerin, Hatay ilinden elde edilen haplotipten oldukça farklı olduğunu göstermektedir (Çizelge 4.6).

4.4.2. Doğu Akdeniz Bölgesi'nde Yayla ve Ova Kesiminden Toplanan *C. capitata* Bireylerinin Popülasyon Genetiği Analizi

Doğu Akdeniz Bölgesi'nde deniz seviyesinden 1200 m yüksekliğe kadar olan yerlerde *C. capitata* popülasyonları birbirine karışmıştır. Yayla diye adlandırdığımız 1200 m'den yüksek yerlerde ise bu durum ova'ya göre değişmektedir. Yayla kesimindeki popülasyonlar arasında gen akışı veya popülasyonların birbirine karışması ova'ya göre daha az olduğu görülmüştür. Örneğin Mersin ilinin yayla kesiminde bulunan Borcak Yaylası ve Kurudere bir haplotip oluştururken aynı yaylada bulunan ve bu her iki noktadan daha yüksek rakıma sahip Arslanköy beldesi ise ayrı bir haplotip oluşturmaktadır. *C. capitata*'nın yayla kesiminde kışlaması üzerine araştırma yapan Kızılyamaç, (2016) vuruklu meyveler içerisindeki larvaların 2. dönem larva olarak 1500 m'ye kadar kışı geçirdiklerini ama sadece 900 m'ye yüksekliğe kadar olan noktalarda

ilkbaharda larvaların pupaya geçişi olup ergin çıkışını saptamıştır. Mersin'nin Gülnar ilçesine bağlı Kuskan köyünden alınan örnekler Arslanköy ve Kurudere'den farklı bir haplotipe sahip olduğu görülmüştür. Bu da bize Mersin'in yayla kesiminin farklı haplotiplere sahip olduğunu ve ovoidan dışarıya yayla kesimine doğru bir göç uçuşu veya taşınımın olmadığını ya da yayladaki popülasyonlar oraya zamanla yerleşerek farklı bir haplotip oluşturduğunu düşündürmektedir. Hatay'ın yayla kesimindeki Belen noktasından alınan örnek ise Adana ve Mersin'nin yayla kesiminden farklı bir haplotip oluşturduğu saptanmıştır. Çalışmada toplanan örnek sayısının az olmasına karşın farklı illerden ve yükseltilerden toplanan örnekler ile elde edilen haplotiplerin kesinliği için yine aynı bölgelerden örnekleme sayısının artırılmasıyla farklı iller ve yükseltiler arasındaki popülasyonlarda genetik çeşitlilik hakkında daha net bilgiye ulaşılabileceği öngörülmüştür.

Ova ve yayla kesimindeki popülasyonların rakım yüksekliğine (Yüksek rakım \geq 1200 Düşük rakım \leq 1200) göre karşılaştırılması sonucuna baktığımızda nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı (K) en fazla yüksek rakım olan bölgelerdedir. Haplotip çeşitliği düşük rakımlı bölgelerde yüksek rakımlı bölgelere göre daha düşük saptanmıştır. Nötrale göstergeleri Tajima (D) ve Fu'nun (Fs) testlerine göre tüm popülasyonlar için değerler negatif olarak saptanmıştır. Bu negatiflik hiçbir bölge için istatistiki olarak önemli olmamıştır. Nötrale göstergeleri Tajima (D) ve Fu'nun (Fs) testlerine göre negatif olarak belirlenmiş ve bu negatiflik Türkiye popülasyonu içerisinde istatistiki olarak önemli bulunmuştur (Çizelge 4.7).

Çizelge 4. 7. *Ceratitıs capitata* popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre çeşitlilik ve nötral değişim indeksleri

Coğrafik Orijin	n	S	K	H	Hd±S.H.	π	D	Fu'nun Fs
Yüksek rakım	12	4	0.803	4	0.561±0.154	0.00088	1.38479	-1.088
Düşük rakım	55	4	0.283	5	0.238±0.075	0.00031	1.50373	-3.599
TOPLAM	67	6	0.376	7	0.300±0.072	0.00041	1.68602	-5.534

n: çalışılan gen dizisi sayısı; S: Polimorfik bölgelerin sayısı; K: nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı; H: Haplotip sayısı; Hd: Haplotip çeşitliliği; π : nükleotid çeşitliliği; D: Tajima'nın D test istatistiği

İki bölgeye ait popülasyonların karşılaştırılmasıyla ortaya konan nükleotid farklılığının ortalama sayısı (Kxy) yüksek rakım ile düşük rakım arasında pozitif ve yüksek bir değerde çıkması farklı yükseltilerdeki rakımlar arasında genetiksel olarak farklılığın olduğunu göstermektedir. Aynı şekilde Popülasyonlar arası bölge başına nükleotid değişimi (Dxy) değerinin de pozitif olması Kxy değerimizi desteklemektedir ve rakımlar arasında çeşitliliğin olduğunu vurgulamaktadır.

Çizelge 4. 8. *Ceratitıs capitata* popülasyonlarının mitokondriyal DNA'da COI-COII gen bölgelerinden elde edilen nükleotid dizilerine göre popülasyon genetik göstergeleri

Popülasyon 1	Popülasyon 2	Kxy	Dxy	Da	Gst	F _{st}
Yüksek rakım	Düşük rakım	0.54394	0.00186	-	0.02426	0.00186

Kxy: Popülasyonlar arasında nükleotid farklılığının ortalama oranı, Dxy: Popülasyonlar arası bölge başına ortalama nükleotid farklılaşmasının ortalama sayısı, Da: Popülasyonlar arası bölge başına net nükleotid farklılaşması, GST: Haplotip sıklığına göre genetik farklılaşma

Popülasyonlar arası bölge başına net nükleotid değişimi (Da) ise elde edilmemiştir. Bunun nedeni mevcut örnek sayısının az olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Yüksek rakım ve düşük rakım arasında değerler pozitif saptanmıştır. Gst değerleri tüm popülasyonlar arasında pozitif saptanmış olup bu değerlerin sayısal olarak azalması çeşitliliğin arttığını göstermiştir (Çizelge 4.8).



5. SONUÇLAR

- § Gen dizilemeye gönderilen 72 örnekten toplam 7 haplotip belirlenmiştir.
- § Nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı (K) en fazla Hatay ilinde görülmüştür. Haplotip çeşitliği Adana ilinde daha düşük saptanmıştır.
- § Tajima (D) ve Fu'nun (Fs) testlerine göre tüm popülasyonlar için değerler negatif olarak saptanmıştır. Bu negatiflik Adana hariç hiçbir bölge için istatistiki olarak önemli olmamıştır. Bu değerlerin negatif olması popülasyonlarda heterozigotluğun çok az olduğu ve popülasyonlarda ender allellerin olduğunu göstermektedir.
- § İki bölgeye ait popülasyonların karşılaştırılmasıyla ortaya konan nükleotid farklılığının ortalama sayısı (Kxy) Hatay-Mersin arasında en yüksek, en düşük ise Adana-Mersin arasında olmuştur.
- § Popülasyonlar arası bölge başına nükleotid değişimi (Dxy) Hatay-Mersin arasında en yüksek, en düşük ise Adana-Mersin popülasyonları arasında hesaplanmıştır.
- § Popülasyonlar arası bölge başına net nükleotid değişimi (Da) ise sadece Adana-Hatay arasında negatif olarak saptanmış diğer karşılaşmalarda değer elde edilememiştir.
- § Yüksek rakım ile düşük rakıma ait popülasyonların karşılaştırılmasıyla ortaya konan nükleotid farklılığının ortalama sayısı (Kxy) sadece yüksek rakımda yaşayan popülasyonlar arasında bu değer daha yüksek olduğu saptanmıştır.
- § Farklı popülasyonların mitokondriyal COI-COII geninden elde edilen nükleotid dizilerine göre hesaplanan ikili genetik uzaklık (F_{st}) ve gen akımı (Nm) değerlerine bakıldığında F_{st} değerlerinin negatif, Nm değerinin de sonsuz olması popülasyonlar arasında gen akışının olduğunu popülasyonların birbirine karıştığını ifade etmektedir.

- § İki bölge arasında Gst değerinin sayısal değer olarak azalması o iki bölge arasında genetik çeşitliliği daha fazla olduğunu göstermektedir. İstatiksel olarak Gst değerinin yalnız başına değerlendirilmesi doğru değildir. Ancak F_{st} ve Nm değerleri ile birlikte değerlendirildiğinde daha sağlıklı verilere ulaşabiliriz.
- § Adana-Mersin-Hatay bölgelerinin ova kesimindeki popülasyonlar arasında gen akımının yüksek olduğu, popülasyonların birbirine karıştığı görülmüştür.
- § Yüksek kesimdeki popülasyonlar ova kesimindeki popülasyonlara göre farklı olduğu görülmüştür.
- § Eldeki popülasyonlar diğer ülkeler (Çin, ABD, Avustralia, Yunanistan) ile karşılaştırıldığında tamamen farklı görüldüğü, bizim popülasyonlarımıza karışmadığı saptanmıştır.

Bu sonuçlar ışığında, çalışmanın yürütüldüğü Adana, Mersin ve Hatay illerindeki Akdeniz Meyve Sineği popülasyonlarının genetik farklılıklara sahip olduğu ama bu farklılıkların popülasyonlarının farklılaşması için yeterli olmadığı görülmüştür. Ancak bu çalışmada dizileme yapıp pozitif sonuç alınan 67 örnek bölgeyi temsil etmeyecek kadar az olduğu kabul edilirse, daha fazla örnekle *C.capitata*'nın sorun olduğu tüm alanlar içine alınarak çalışmanın genişletilmesinde fayda olduğu kanısına varılmıştır.

KAYNAKLAR

- Baliraine, F.N., Bonizzoni, M., Osir, E.O., Lux, S.A., Mula, F.J., Zheng, L., Gomulski, L.M., Gasperi, G., Malacrida, A.R., 2003. Comparative analysis of microsatellite loci in four fruit fly species of the genus *Ceratitis* (Diptera: Tephritidae) *Bulletin of Entomological Research*, 93:1-10.
- Barr, N. B., 2009. Pathway Analysis of *Ceratitis capitata* (Diptera: Tephritidae) using Mitochondrial DNA. *Molecular Entomology, J. Econ. Entomol.* 102(1): 401
- Barker, J.E., Holaschke, M., Fulton, A., Evans K.A., Powell, G., 2007. "Effects of Kaolin Particle Film on *Myzus Persicae* (Hemiptera: Aphididae) Behaviour and Performance", *Bulletin of Entomological Research*, 97/5, 455-460.
- Beroiz, B., Ortego, F., Callejas, C., Hernandez-Crespo, P., Castanera, P., Ochando, M. D., 2012. Genetic structure of Spanish populations of *Ceratitis capitata* revealed by RAPD and ISSR markers: implications for resistance management. *Spanish Journal of Agricultural Research*, 10(3): 815-825.
- Behura, S.K., 2006. "Molecular Marker Systems in Insects: Current Trends and Future Avenues", *Molecular Ecology*, 15/11, 3087-3113.
- Bohonak, A.J., Davies, N., Villablanca, F.X., Roderick, G.K., 2001. Invasion genetics of New World medflies: testing alternative colonization scenarios. *Biological Invasions* 3: 103-111.
- Bogdanowicz, S.M., Wallner, W.E., Bell, J., Odell, T.M., Harrison, R.G., 1993. Asian Gypsy Moths (Lepidoptera: Lymantriidae) in North America: Evidence from molecular data. *Ann. Entomol. Soc. Am.* 86: 710-715.
- Bonizzoni, M., Malacrida, A.R., Guglielmino, C.R., Gomulski, L.M., Gasperi, G., Zheng, L., 2000. Microsatellite polymorphism in the Mediterranean fruitfly, *Ceratitis capitata* *Insect Molecular Biology*. 9(3): 251-261.

- Bonizzoni, M., Zheng, L., Guglielmino, C.R., Haymer, D.S., Gasperi, G., Gomulski, L.M., Malacrida, A.R., 2001. Microsatellite analysis of medfly bioinfestations in California *Molecular Ecology*, 10: 2515-2524
- Bonizzoni, M., Guglielmino, C.R., Smallridge, C.J., Gomulski, M., Malacrida, A.R., Gasperi, G., 2004. On the origins of medfly invasion and expansion in Australia *Molecular Ecology*, 13:3845-3855.
- Carey, J.R., 1996a. The incipient Mediterranean fruit fly population in California: implications for invasion biology. *Ecology*, 77:1690-1697.
- Christenson, L.D., Foote, R.H., 1960. Biology of fruit fly Volume 5: 171-192.
- Cheng, D., Liang, G., Xu, Y., 2016. Meta-analysis reveals asymmetric reduction in the genetic diversity of introduced populations of exotic insects. *Biol Invasions*, 18:1163-1175
- Clark, T.L., Meinke, L.J. Foster, J.E., 2001. "Molecular Phylogeny of Diabrotica Beetles (Coleoptera: Chrysomelidae) Inferred from Analysis of Combined Mitochondrial and Nuclear DNA Sequences", *Insect Molecular Biology*, 10/4, 303-314.
- Davies, N., Villablanca, F.X., Roderick, G.K., 1999a. Bioinvasions of the medfly *Ceratitidis capitata*: source estimation using DNA sequence at multiple intron loci. *Genetics*, 153:351-360.
- Davies, N., Villablanca, F.X., Roderick, G.K., 1999b. Determining the source of individuals: multilocus genotyping in nonequilibrium population genetics. *Trends in Ecology and Evolution*, 14:17-21.
- De Meyer, M., Robertson, M.P., Peterson, A.T., Mansell, M.W., 2008. Ecological niches and potential distributions of Mediterranean fruit fly (*Ceratitidis capitata*) and Natal fruit fly (*Ceratitidis rosa*). *J. Biogeography* 35: 270-281.

- De Meyer, M., Copeland R.S., Wharton R.A., McPherson B.A., 2004. On the geographical origin of the medfly, *Ceratitidis capitata* (Wiedemann), pp. 45-53. In B. Barnes (ed.), Proceedings of the 6th International Symposium on Fruit Flies of Economic Importance. Isteg Scientific Publications, Irene, South Africa.
- Demirdere, A., 1961. Çukurova Bölgesi'nde Akdeniz Meyve Sineği (*Ceratitidis capitata* Wied.) nin Biyolojisi ve Mücadelesi Üzerinde Çalışmalar. Tarım Bakanlığı, Ziraî Mücadele ve Ziraî Karantina Umum Müdürlüğü, Ayyıldız Matbaası, Ankara 118s.
- Doğaç, E., Kandemir, İ., Taskin, V., 2013. The Genetic Polymorphisms and Colonization Process of Olive Fly Populations in Turkey, plos one 8(2): e56067.
- Elfekih, S., Haymer, D.S., Makni, M., 2010a. Detection of novel mitochondrial haplotype variants in populations of the Mediterraneanfruit fly, *Ceratitidis capitata*, from Tunisia, Israel and Morocco, J. Appl. Entomol. 134: 647-651.
- Elven, H., Bachmann, L., Gusarov, V.I., 2010 "Phylogeny of the Tribe Athetini (Coleoptera: Staphylinidae) Inferred from Mitochondrial and Nuclear Sequence Data", *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 57/1, 84-100.
- Erlich, H.A., Gelf, D.H., Sninsky, J.J., 1991. Recent advances in polymerase chain reaction. *Science*, 252:1643-1650.
- Excoffier, L., Lischer, H.E., 2010. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*. 10: 564-567.
- Fimiani, P., 1989. Mediterranean region. In: Fruit Flies: Their Biology, Natural Enemies and Control Vol. 3a (eds Robinson AS, Hooper GH), pp. 39-50. Elsevier Science, Amsterdam.

- Gasperi, G., Bonizzoni, M., Gomulski, L.M., Murelli, V., Torti, C., Malacrida, A.R., Guglielmino, C.R., 2002. Genetic differentiation, gene flow and the origin of infestations of the medfly, *Ceratitidis capitata*, *Genetica*, 116: 125-135.
- Hadidi, A., Levy, L., Podleskis, E.V., 1995. Polymerase chain reaction technology in plant pathology. In: *Molecular Methods in Plant Pathology*, pp.167-187. Eds. R. P. Singh, U. S. Singh. Boca Raton: CRS Press.
- Hwang, U., 1998. The Complete Nucleotide Sequence of Mitochondrial DNA of a Centipede *Lithobius Forficatus* and Its Application to Arthropod Phylogeny. , Published PhD Thesis, National University Seoul, Korea.
- Innis, M.A., Gelf, D.H., 1990. Optimization of PCRs In Innis, M.A, Gelfand, D.H., Sninsky, J.J.and White T.J (eds.). *PCR protocols A guide to methods and applications*. Academic Press. 3-12 pp.
- İleri, M., 1961, Türkiye’de Akdeniz Meyve Sineği (*Ceratitidis capitata* Wied.) Durumu ve Mücadelesi. Tarım Bakanlığı, Ankara Zirai Mücadele Enstitüsü Md. Yayını, Ankara 38s.
- Janisete, G.S., Marina, D.M., Bruce, A.M., Gary, J.S., Walter, S.S., 2003. Recent Mediterranean Fruit Fly (Diptera: Tephritidae) Infestations in Florida-A Genetic Perspective. *Journal of Economic Entomology*, 96(6): 1711-1718.
- Kakouli-Duarte, T., Casey, D.G., Burnell, A.M., 2001. Development of a Diagnostic DNA Probe for the Fruit Flies *Ceratitidis capitata* and *Ceratitidis rosa* (Diptera: Tephritidae) Using Amplified Fragment-Length Polymorphism *J. Econ. Entomol*, 94(4): 989-997.
- Karsten, M., van Vuuren B.J., Barnaud A., Terblanche J.S., 2013. Population Genetics of *Ceratitidis capitata* in South Africa: Implications for Dispersal and Pest Management. *PLoS ONE* 8(1): e54281

- Kızılyamaç, S., 2016. Farklı yükseltilerdeki Akdeniz Meyve Sineği, *ceratitis capitata* wiedemann (Diptera: tephritidae) popülasyonlarının biyo-ekolojisi üzerine arařtırmalar. Ç.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki koruma Anabilim Dalı (Yüksek Lisans Tezi), Adana, 70s.
- Liquido, N.J., Shinoda, L.A., Cunningham, R.T., 1991. Host plants of Mediterranean fruit fly: an annotated World review. Ann. Entomol. Soc. Am, 77: 1-52.
- Malacrida, A.R., Gomulski, L.M., Bonizzoni, M., Bertin, S., Gasperi, G., Guglielmino, C.R., 2007. Globalization and fruit fly invasion and expansion: the medfly paradigm Genetica, 131:1-9.
- Malacrida, A.R., Marinoni F., Torti C., Gomulski L.M., Sebastiani F., Bonvicini C., Gasperi G., Guglielmino C.R., 1998. Genetic aspects of the worldwide colonization process of *Ceratitidis capitata*, The Journal of Herdity, 1998:89(6).
- Meats, A., Smallridge C.J., 2007. Short-and long dispersal of medfly, *Ceratitidis capitata* (Diptera, Tephritidae), and its invasive potential. Journal Appl. Entomological 131(8).
- Mullis, K.B., 1990. The unusual origin of th polymerase chain reaction. Scientific American, April:56-61.
- Myers, J., Simberloff, D., Kuris, A.M., Carey, J.R., 2000. Eradication revisited: dealing with exotic species. Trends in Ecology and Evolution, 15:316-320.
- Nicholas, K.B., Nicholas J.R., Deerfield, H.B., D.W., 1997. GeneDoc: analysis and visualization of genetic variation. Embnew News, 4:14.
- Parubrub, A., Reyes R., Smallridge C.J., Woods B., Haymer D., 2015. Mitochondrial Single Nucleotide Polymorphisms in *Ceratitidis capitata* (Diptera: Tephritidae) Can Distinguish Sterile, Released Flies from Wild Flies in Various Regions of the World, J. Econ. Entomol. 1-6 2.

- Rajabiyani, M., Shayanmehr M., Mohammadi Sharif M., 2015. The Mediterranean fruit fly (*Ceratitidis capitata*) in Iran: genetic diversity and comparison with other countries, Journal of Entomological and Acarological Research, volume 47:4055
- Reyes, A., Ochando M.D., 2004. Mitochondrial DNA variation in Spanish populations of *Ceratitidis capitata* (Wiedemann) (Tephritidae) and the colonization process, Journal of Applied Entomology, 128: 358-364.
- ÖzAydın, S., 2004. Rapd (Rastgele Arttırılmış Polimorfik DNA) Belirleyicileri ve Bitki Sistematiği, Dumlupınar Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, Sayı:6, 113-130 .
- Saiki, R.K., Scharf, S., Faloona, F., Mullis, K.B., Horn, G.T., Erlich, H.A., Arnheim, N., 1985. Enzymatic amplification of B-globulin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia. Science, 230:1350-1354.
- Sharma, M., Sehgal, R., Fomda, B.A., Malhotra, A., Malla, N., 2013. Molecular Characterization of *Echinococcus granulosus* Cysts in North Indian Patients: Identification of G1, G3, G5 and G6 Genotypes. PLoS Negl Trop. Drosophila Inf Service 7: e2262.
- Sharma, M., Fomda, B.A., Mazta, S., Sehgal, R., Bagicha Singh, B., Malla, N., 2013. Genetic Diversity and Population Genetic Structure Analysis of *Echinococcus granulosus* sensu stricto Complex Based on Mitochondrial DNA Signature. PLoS ONE 8(12): e82904..
- Simberloff, D., 1997. Eradication. In: Strangers in Paradise: Impact and Management of Nonindigenous Species in Florida (eds Simberloff D ve ark), pp. 221-228. Island Press, Washington, DC.
- Simon, C., Frati, F., Beckenbach, A., Crespi, B., Liu, H., Flok, P., 1994. "Evolution, Weighting, and Phylogenetic Utility of Mitochondrial Gene Sequences and a Compilation of Conserved Polymerase Chain Reaction Primers", Annals of the Entomological Society of America, 87, 651-701.

- Smith, J.J., Bush, G.L., 1997. Phylogeny of the Genus *Rhagoletis* (Diptera: Tephritidae) Inferred from DNA Sequences of Mitochondrial Cytochrome Oxidase II. *Molecular Phylogenetics and Evolution* Vol. 7, No. 1:33-43.
- Szyniszewska, A.M., Tatem, A.J., 2014. Global Assessment of Seasonal Potential Distribution of Mediterranean Fruit Fly, *Ceratitis capitata* (Diptera :Tephritidae) *Plos one* 9(11):e111582.
- Tümay, S., 2011. Doğu ve Güneydoğu Anadolu'da bulunan *Staphylinidae* familyasına ait ocyopus cinsi üyelerinin moleküler sistematik analizi Balıkesir Üniversitesi Balıkesir Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Ana Bilim Dalı (Yüksek Lisans Tezi), Balıkesir.
- Tiring, G., 2015. *Ceratitis capitata* Wied. (Diptera: Tephritidae)'nın balcalı (Adana)'da farklı meyve bahçelerindeki popülasyon dalgalanması ve laboratuvar koşullarında sıcaklığın gelişme süresine etkisi. Ç.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki koruma Anabilim Dalı (Yüksek Lisans Tezi), Adana, 69s.
- Villablanca, F.X., Roderick, G.K., Palumbi, S.R., 1998. Invasion genetics of the Mediterranean fruit fly: variation in multiple nuclear introns. *Molecular Ecology*, 7:547-560.
- Yılmaz, S., Devran, Z., 2003. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) ve bitki biyoteknolojisinde yaygın uygulamaları, Narenciye ve seracılık araştırma enstitüsü, Antalya.
- Yong, H.S., Song, S.L., Lim, P.E., Chan, K.G., Chow, W.L., Eamsobhana, P., 2015. Complete mitochondrial genome of *Bactrocera arecae* (Insecta: Tephritidae) by next-generation sequencing and molecular phylogeny of Dacini tribe, *Scientific Reports*, 5:15155
- Zümreoğlu, A., Karsavuran, Y., Karsavuran, H., 1988. Yapay besi ortamının pH değerlerinin *Ceratitis capitata* Wied.(Diptera: Tephritidae)'nın bazı biyolojik özelliklerine etkileri üzerinde araştırmalar. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 12(3): 161-170.

Watson, J.D., Gilman, M., Witkowski, J., Zoller, M., 1992. The polymerase chain reaction In: Recombinant DNA. Second Edition. New York. 79-98.

Weldon, C. W., Boardman, L., Marlin, D., Terblanche, J.S., 2016. Physiological mechanisms of dehydration tolerance contribute to the invasion potential of *Ceratitis capitata* (Wiedemann) (Diptera: Tephritidae) relative to its less widely distributed congeners. Weldon et al. *Frontiers in Zoology* 13:15



ÖZGEÇMİŞ

1988 yılında Şanlıurfa'nın Ceylanpınar ilçesinde doğdum. İlk, orta ve lise öğrenimimi de burada tamamladıktan sonra 2008 yılında Ç.Ü. Ziraat Fakültesi Ziraat Mühendisliği bölümünde okumaya başladım. 2013 yılında Ziraat Mühendisliği bölümü Bitki Koruma alt programından mezun oldum. 2014 yılında aynı bölümde yüksek lisansa başlayıp 2016 yılında tezimi bitirmiş bulunmaktayım.





EKLER



Ek 1 Gen dizilemesi yapılmış örneklerin spektrofotometre ile DNA ölçümleri

Sıra no	Örnek no	DNA Konsantrasyon	260/280
1	1-1	80,1887	1,5554
2	1-5	15,7547	1,9021
3	2-1	45,3774	1,6936
4	2-2	31,5094	1,7082
5	3-1	69,3396	2,1875
6	3-2	36,3208	1,7014
7	3-4	18,8679	1,7529
8	4-2	37,8302	1,6811
9	4-4	26,6038	1,7200
10	5-3	28,5849	1,7817
11	5-4	30,5660	1,7654
12	5-5	34,4340	1,7216
13	6-1	168,3019	2,2650
14	6-2	97,7358	2,1327
15	6-5	17,9245	1,8323
16	7-1	28,8679	1,8479
17	7-3	57,7358	1,7899
18	8-1	16,1321	1,9000
19	8-4	25,1887	1,9890
20	9-3	18,9623	1,7939
21	9-4	45,1887	1,6353
22	10-1	124,2453	2,3034
23	10-2	82,2642	1,8704
24	10-3	144,0566	2,2749
25	10-4	140,6604	2,2370
26	11-1	117,0755	2,3235
27	11-2	126,4151	2,1322
28	11-3	102,2642	2,1016
29	12-1	123,7736	2,2298
30	12-2	80,6604	2,1789
31	12-3	11,6038	2,2988
32	12-4	140,1887	2,1400
33	13-1	86,7925	2,1106
34	13-2	88,8679	2,1082
35	13-4	35,2830	2,0130
36	14-1	12,7358	1,8992
37	14-2	27,7358	1,7824
38	14-3	14,1509	1,9127
39	15-1	220,0943	2,1078

40	15-3	179,9057	2,2913
41	15-5	12,9245	2,1308
42	16-1	19,7170	2,1127
43	16-3	88,9623	2,1768
44	16-4	205,8491	2,0133
45	17-3	12,0755	1,9043
46	18-1	189,3396	2,2401
47	18-3	103,6792	2,2772
48	18-4	11,4151	2,1735
49	18-5	156,1321	2,1975
50	19-1	18,3962	1,8050
51	19-5	67,0755	2,2430
52	20-1	71,3208	2,0784
53	20-4	113,1132	2,2452
54	21-2	90,4717	2,0812
55	21-5	44,4340	2,2165
56	22-4	134,5283	2,2422
57	22-5	185,8491	2,2316
58	23-2	18,0189	1,8618
59	23-4	12,8302	1,9000
60	24-1	11,4151	1,8362
61	24-3	33,3019	1,7558
62	25-3	6,5094	2,0119
63	25-4	18,6792	1,9605
64	25-5	14,3396	1,6258
65	26-1	69,6226	2,0640
66	27-1	14,9057	1,8832
67	27-4	35,7547	1,7355
