

T.C.  
AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI  
2019-YL-092

TÜRKİYE'DE *Aedes (Stegomyia)*  
*albopictus* (Scuse, 1894)'UN POPULASYON  
GENETİĞİ VE EKOLOJİK NİŞ MODELLEMESİ

Serpil TUNA TÜRKÖZAN

Tez Danışmanı:  
Prof. Dr. Fatih Mehmet ŞİMŞEK

AYDIN



**T.C.**  
**AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE**  
**AYDIN**

Biyoloji Anabilim Dalı Yüksek Lisans Programı öğrencisi Serpil TUNA TÜRKOZAN tarafından hazırlanan “Türkiye’de *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Scuse, 1894)’un Populasyon Genetiği ve Ekolojik Niş Modellemesi” başlıklı tez, 19.08.2019 tarihinde yapılan savunma sonucunda aşağıda isimleri bulunan jüri üyelerince kabul edilmiştir.

	Ünvanı, Adı Soyadı	Kurumu	İmzası
Başkan :	Prof. Dr. Fatih M. ŞİMŞEK	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi	
Üye :	Prof. Dr. H. Halil BIYIK	Aydın Adnan Menderes Üniversitesi	
Üye :	Prof. Dr. Serdar SAK	Balıkesir Üniversitesi	

Jüri üyeleri tarafından kabul edilen bu Yüksek Lisans tezi, Enstitü Yönetim Kurulunun .....Sayılı kararıyla ..... tarihinde onaylanmıştır.

Prof. Dr. Gönül AYDIN  
Enstitü Müdürü



**T.C.**  
**AYDIN ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ**  
**FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE**  
**AYDIN**

Bu tezde sunulan tüm bilgi ve sonuçların, bilimsel yöntemlerle yürütülen gerçek deney ve gözlemler çerçevesinde tarafımdan elde edildiğini, çalışmada bana ait olmayan tüm veri, düşünce, sonuç ve bilgilere bilimsel etik kuralların gereği olarak eksiksiz şekilde uygun atıf yaptığımı ve kaynak göstererek belirttiğimi beyan ederim.

.../.../2019

Serpil TUNA TÜRKÖZAN



## ÖZET

### TÜRKİYE'DE *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Scuse, 1894)'UN POPULASYON GENETİĞİ VE EKOLOJİK NİŞ MODELLEMESİ

Serpil TUNA TÜRKOZAN

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı  
Tez Danışmanı: Prof. Dr. Fatih Mehmet ŞİMŞEK  
2019, 53 sayfa

Bu araştırmada, *Aedes albopictus*'un Türkiye populasyonlarında genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve niş modellemesiyle türün olası dağılım alanlarının öngörülmesi amaçlanmıştır. Bu amaçlar doğrultusunda *Aedes albopictus* populasyonları için Trakya ve Karadeniz bölgelerinde örnekleme çalışmaları yapılmıştır. Tespit edilen her populasyondan elde edilen örnekler kullanılarak populasyon düzeyinde türün genetik çeşitliliği ve populasyonlar arasındaki farklılıklar analiz edilmiştir. Genetik çeşitliliğin ya da populasyonlar arası farklılıkların ortaya çıkarılmasında mitokondriyal DNA'ya ait *ND5* ve *COI* gen bölgelerinin dizi verilerinden yararlanılmıştır. mtDNA *ND5* gen bölgelerinin her biri için haplotip ve nükleotid çeşitliliği, bireyler arasındaki nükleotid farklılıklarının ortalaması, tüm populasyonlar için polimorfik bölge sayısı ile lokalite çiftleri arasındaki genetik farklılaşma düzeyinin göstergesi olan  $\gamma_{ST}$  değerleri DNAsp ver 6.00 kullanılarak hesaplanmıştır. mtDNA *COI* verileri MEGA 5.05 programı ile analiz edilmiş ve populasyonların filogenetik ilişkisi belirlenmiştir. *Aedes albopictus*'un Avrupa ve yakın bölgelerdeki populasyonlarına ait dağılım verileri ve biyoklimatik değişkenler MaxEnt programıyla mevcut 19 biyoklimatik değişkenle ilişkilendirilerek türün yayılışının hangi biyoklimatik değişkenler etkisi altında gerçekleştiği ortaya konmuştur.

**Anahtar Kelimeler:** *Aedes albopictus*, Populasyon Genetiği, *ND5*, *COI*, Dağılım, Niş Modellemesi, Türkiye.





## ABSTRACT

### POPULATION GENETICS AND NICHE MODELLING OF *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* (Scuse, 1894) in Turkey

Serpil TUNA TÜRKOZAN

M.Sc. Thesis, Department of Biology  
Supervisor: Prof. Dr. Fatih Mehmet ŞİMŞEK  
2019, 53 pages

The aim of this study was to determine the genetic diversity of *Aedes albopictus* populations in Turkey and to predict possible distribution areas of the species by niche modeling. For these purposes, sampling studies were carried out in Thrace and Black Sea regions for *Aedes albopictus* populations. Genetic diversity of the species at the population level and differences between populations were analyzed using samples from each identified population. Mitochondrial *ND5* and *COI* gene sequences data were used to reveal genetic diversity or differences between populations. The haplotype and nucleotide diversity for each of the mtDNA *ND5* gene regions, the average of nucleotide differences between individuals, and  $\gamma_{ST}$  values, which are indicative of the number of polymorphic regions and genetic differentiation between locality pairs for all populations, were calculated using DNAsp ver 6.00. mtDNA *COI* data were analyzed by MEGA 5.05 software, and the phylogenetic relationship of the populations was determined. Distribution data of *Aedes albopictus* populations in Europe and nearby regions and bioclimatic variables were associated with the 19 bioclimatic variables present with the MaxEnt software, and what bioclimatic variables influence the spread of the species was revealed.

**Key Words:** *Aedes albopictus*, Population Genetics, *ND5*, *COI*, Distribution, Niche Modelling, Turkey



## ÖNSÖZ

Yüksek lisans eğitimin ve tez çalışmalarım süresince destek ve önerileriyle yol gösterici olan danışman hocam Prof. Dr. Fatih Mehmet ŞİMŞEK'e,

Çalışmalarında kullandığım moleküler teknikler konusunda bilgileriyle beni aydınlatan ve karşılaştığım sorunların çözümüne katkılar sağlayan Prof. Dr. Celal ÜLGER ve Dr. Arş. Gör. Sare İlknur YAVAŞOĞLU'na teşekkür ederim.

Tez jürimde yer alıp fikir ve önerileriyle tez çalışmama katkılarda bulunan Prof. Dr. H. Halil BIYIK ve Prof. Dr. Serdar SAK'a, moleküler analiz sonuçlarımın analizlerimde yardımcı olan Doç. Dr. Can YILMAZ'a, Karadeniz Bölgesi populasyonlarının örneklenmesinde yardımcı olan Doç. Dr. M. Mustafa AKINER'e teşekkür ederim.

“Türkiye’de *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Scuse, 1984)’un populasyon genetiği ve niş modellemesi” başlıklı Yüksek Lisans Tez çalışmamızı, BAP-FEF-17028 nolu proje ile destekleyen Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Rektörlüğü Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne teşekkür ederim.

Özveri ve sabırla çalışmalarım için teşvik eden ve desteklerini esirgemeyen hayat arkadaşım Prof. Dr. Oğuz TÜRKOZAN'a teşekkür ederim.

Serpil TUNA TÜRKOZAN



## İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY SAYFASI.....	iii
BİLİMSEL ETİK BİLDİRİM SAYFASI .....	v
ÖZET.....	vii
ABSTRACT.....	ix
ÖNSÖZ .....	xi
KISALTMALAR VE SİMGELER DİZİNİ.....	xv
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xvii
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	xix
1. GİRİŞ .....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ .....	4
2.1. <i>Aedes albopictus</i> 'un Morfolojik Özellikleri.....	4
2.2. <i>Aedes albopictus</i> 'un Zoocoğrafik Dağılımı .....	6
2.3. <i>Aedes albopictus</i> 'un Biyolojisi, Davranış ve Vektörlük Özellikleri .....	8
2.4. <i>Aedes albopictus</i> 'un Populasyon Genetiği Araştırmaları.....	10
2.5. <i>Aedes albopictus</i> 'un Dağılım ve Niş Modellemeleri Araştırmaları .....	14
3. MATERYAL VE YÖNTEM .....	16
3.1. <i>Aedes albopictus</i> 'un Populasyon Örneklemeleri.....	16
3.2. <i>Aedes albopictus</i> Örneklerinden Total DNA İzolasyonu .....	18
3.3. Mitokondriyal <i>COI</i> ve <i>ND5</i> Gen Bölgeleri İçin Polimeraz Zincir Reaksiyonu .....	18
3.4. Agaroz Jel Elektroforezi ve Dizi Analizlerinin Elde Edilmesi .....	20
3.5. Moleküler Veri Analizleri .....	20
3.5.1. Mitokondriyal <i>COI</i> ve <i>ND5</i> Geni Dizilerinin Hizalanması.....	20
3.5.2. Mitokondriyal <i>ND5</i> Geni Haplotip ve Nükleotit Çeşitliliği .....	21

3.5.3. Haplotip Ağının Oluşturulması .....	21
3.5.4. Populasyonların Genetik Uzaklığa Bağlı UPGMA ve ML Ağaçlarının Oluşturulması.....	21
3.5.5. Populasyonların Genetik Yapısı ve Gen Akışının Hesaplanması.....	22
3.6. <i>Aedes albopictus</i> Populasyonlarının Niş Modellemesi .....	22
4. BULGULAR .....	24
4.1. Örnekleme Çalışmaları.....	24
4.2. DNA İzolasyonu ve mtDNA <i>COI</i> ve <i>ND5</i> Gen Bölgesi Dizileri .....	24
4.3. Mitokondriyal <i>ND5</i> Gen Bölgesi Haplotip Dağılımları, Frekansları ve Haplotip Ağı .....	25
4.4. Haplotip ( $H_d$ ), Nükleotit Çeşitliliği ( $\pi$ ) ve Nükleotit Farklılıklarının Ortalaması ( $K$ ) .....	26
4.5. Genetik Uzaklık ve UPGMA Ağacının Oluşturulması .....	28
4.6. Populasyonlar Arası Gen Akışı .....	30
4.7. Populasyonların Genetik Yapısı .....	31
4.8. Niş Modelleme Analizleri .....	32
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	34
6. KAYNAKLAR.....	39
ÖZGEÇMİŞ.....	53

## KISALTMALAR VE SİMGELER DİZİNİ

<b><math>\pi</math></b>	: Nükleotid çeşitliliği
<b><math>\mu\text{g}</math></b>	: Mikrogram
<b><math>\mu\text{L}</math></b>	: Mikrolitre
<b><math>\mu\text{M}</math></b>	: Mikro molar
<b><i>Ae.</i></b>	: <i>Aedes</i>
<b><i>An.</i></b>	: <i>Anopheles</i>
<b>Bç</b>	: Baz çifti
<b>CDC</b>	: Hastalık Kontrol Merkezi
<b>COI</b>	: Sitokrom Oksidaz I
<b>COII</b>	: Sitokrom Oksidaz II
<b>Cytb</b>	: Sitokrom b
<b>DNA</b>	: Deoksiribonükleik asit
<b>dNTP</b>	: Deoksinükleotid Trifosfat
<b>ECDC</b>	: Avrupa Hastalık Önleme ve Kontrol Merkezi
<b>GPS</b>	: Küresel Koordinat Sistemi
<b><math>H_d</math></b>	: Haplotip çeşitliliği
<b>ITS2</b>	: Second internal transcribed spacer
<b>K</b>	: Bireyler arasındaki nükleotit farklılıklarının ortalaması
<b>MgCl<sub>2</sub></b>	: Magnezyum Klorür
<b>mtDNA</b>	: mitokondrial DNA
<b>NADH</b>	: Nikotinamid adenin dinükleotid
<b>ND4</b>	: Nikotinamid adenin dinükleotid 4. alt ünitesine ait gen bölgesi
<b>ND5</b>	: Nikotinamid adenin dinükleotid 5. alt ünitesine ait gen bölgesi
<b>nDNA</b>	: Nuclear DNA

**°C** : Santigrat derece

**PZR** : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

**RFLP** : Restriksiyon Fragment Length Polimorfizm

**SSCP** : Single Strand Conformational Polymorphism

**TBE** : Tris-Borik Asit EDTA

**WHO** : Dünya Sağlık Örgütü

**$\gamma_{ST}$**  : Gamma<sub>ST</sub>



## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. <i>Aedes albopictus</i> dişi genel görünüm.....	4
Şekil 2.2. <i>Aedes albopictus</i> 'un scutum deseni .....	5
Şekil 2.3. <i>Aedes aegypti</i> dişi genel görünüm (a), scutum deseni (b).....	5
Şekil 2.4. <i>Aedes japonicus</i> dişi genel görünüm.....	5
Şekil 2.5. <i>Aedes cretinus</i> dişi genel görünüm .....	6
Şekil 2.6. <i>Aedes albopictus</i> 'un Avrupa dağılımı .....	8
Şekil 3.1. <i>Aedes albopictus</i> 'un larva örnekleme habitatları .....	17
Şekil 3.2. <i>Aedes albopictus</i> 'un ergin örnekleme çalışmaları.....	23
Şekil 3.3. <i>Aedes albopictus</i> 'un ergin niş modellemesinde kullanılan populasyonları .....	21
Şekil 4.1. Lokalitelere göre mtDNA <i>ND5</i> geni haplotiplerinin istatistiksel köksüz tutumlu ağı .....	27
Şekil 4.2. <i>Aedes albopictus</i> <i>COI</i> geni verilerine göre elde edilen ML ağacı... .....	29
Şekil 4.3. Örnekleme lokalitelerine göre mtDNA <i>ND5</i> geni haplotip frekanslarının GammaST ikili karşılaştırma değerlerine dayalı UPGMA uzaklık ağacı.....	30
Şekil 4.4. <i>Aedes albopictus</i> 'un biyoklimatik değişkenler kullanılarak öngörülen yayılış alanları .....	33



## ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. <i>COI</i> gen bölgesi için polimeraz zincir reaksiyonu karışımı .....	19
Çizelge 3.2. <i>ND5</i> gen bölgesi için polimeraz zincir reaksiyonu karışımı .....	19
Çizelge 4.1. <i>Aedes albopictus</i> popülasyon örneklenen larva ve ergin sayıları.....	24
Çizelge 4.2. Örnekleme lokalitelerine göre mtDNA <i>ND5</i> gen bölgesi haplotiplerinin dağılımı.....	25
Çizelge 4.3. <i>ND5</i> gen bölgesi dizilerinde polimorfik bölgeler.....	26
Çizelge 4.4. <i>ND5</i> gen bölgesi haplotiplerine ait frekans değerleri.....	26
Çizelge 4.5. <i>ND5</i> gen bölgesi için tespit edilen haplotip ( $H_d$ ) ve nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ), nükleotit farklılıklarının ortalaması ( $K$ ) değerleri .....	27
Çizelge 4.6. mtDNA <i>ND5</i> geni genetik uzaklık ( $\gamma_{ST}$ ) değerleri ile lokalitelerin ikişerli karşılaştırılmaları .....	28
Çizelge 4.7. Popülasyonlar arasında gen akışının $\gamma_{ST}$ değeri üzerinden hesaplanan Nm değerleri.....	31
Çizelge 4.8. Popülasyonlar arasında varyans analizi .....	32
Çizelge 4.9. <i>Aedes albopictus</i> 'un yayılışına etki eden değişkenler ve katkı oranları .....	32



## 1. GİRİŞ

Morfolojik ve moleküler düzeyde sürdürülen sivrisinek sistematigi kapsamındaki arařtırmalar, tespit edilen sivrisinek tür sayısının hızla artmasını sağlamaktadır. Son yapılan analizlerin sonuçlarına göre, 40'dan fazla cinse baęlı 3600 kadar türü kapsayan sivrisinekler, dünyanın hemen hemen tamamına yayılmışlardır (Beaty ve Marquart, 1996; Harbach ve Kitching, 2005; Wang vd., 2012; Wilkerson vd., 2015; Harbach, 2018). Sivrisinekler, insanlar ve hayvanlarda ciddi hastalıklara ve ölümlere neden olan çok sayıda patojen organizmanın vektörü olmalarıyla dünyamızda yaşayan vektör canlılarının da en önemlileridir. Kayıtlı türlerden 300 kadarının sıtma, Batı Nil humması, Sarıhumma, Japon Ensefaliti, Dengue humması ve filarya hastalıkları gibi oldukça yaygın ve tehlikeli insan hastalıklarının ve vektörlüğünü yaptığı saptanmıştır (Reinert, 2001; Alten vd., 2007; Reidenbach vd., 2009; Calistri vd., 2010; Beasley vd., 2013; Papa, A., 2019) Heryıl etkiledikleri insan sayısı ve neden oldukları ekonomik kayıplar değerlendirildiğinde, tıbbi ve ekonomik açıdan en önemli böcek familyalarından biri olarak kabul edilmektedir (Azari-Hamidiyan vd., 2019). Dünya Sağlık Örgütü (WHO)'nün verilerine göre yılda birkaç yüz milyon insan sivrisinek kaynaklı hastalıklarla enfekte olmakta, bunlardan birkaç milyonu ölmekte ve Dünya nüfusunun yarısından fazlası da bu hastalıkların tehdidi altında yaşamaktadır (WHO, 2014). WHO, 2016 yılında sıtma enfeksiyonlarına baęlı olarak 445.000 insanın öldüğü bildirmiştir (WHO, 2017). Dünya genelinde, Dengue hummasının hem daha önce görülmedięi ülkelerde ilk vakaları ortaya çıkmış hem de son 30 yılda, insidansı 30 kat artmıştır (WHO, 2017). İnsan toplulukları üzerinde etkinlikleri her geçen gün artan sivrisinekler ile ilgili olarak ortaya çıkan dięer önemli ve yeni bir dięer sorun da, istilacı/yayılmacı vektör sivrisinekler ile patojen organizmaların yayılışına baęlı olarak yeni riskli bölgeler ortaya çıkması olmuştur. *Anopheles stephensi* (sıtma vektörü), *Aedes albopictus* (Dengue, Sarı Humma, Zika, Chikungunya vektörü) ve *Aedes aegypti* (Dengue, Batı Nil Virüsü vektörü) gibi özellikle de vektör önemi olan sivrisinek türlerinin doğal yolların dışında, deniz, kara veya hava ulaşım araçları aracılığıyla pek çok ülkeye yayılış yaptığı belirlenmiştir (Calistri vd., 2010; Beasley vd., 2013; Oter vd., 2013; Akiner vd., 2016; Kamal vd., 2018; Severini vd., 2018). Sivrisineklerin toplumsal etki düzeyleri, vektör sivrisinek türlerinin insektisitlere, taşıdıkları patojen organizmaların da tedavi ilaçlarına direnç kazanmasıyla daha da artmıştır. Böylece

hem yürütülen sivrisineklerle mücadele çalışmalarının hem de tedavi uygulamalarının yetersiz kalmasıyla karşı karşıya kalınmış ve sivrisineklerin neden olduğu sorunların daha da artması ve yaygınlaşması sağlamıştır. Son yıllarda yapılan pek çok araştırma, vektör sivrisinek türlerinin insektisitlere, patojen organizmaların da tedavi ilaçlarına direnç kazandığını ortaya koymuştur (Marfurt vd., 2010; Namountougou vd., 2012; Yavaşoğlu vd., 2019).

Ülkemiz hem coğrafi konumu, iklimsel, hidrojeolojik ve ekolojik özellikleri hem de sosyolojik ve ekonomik yapısı nedeniyle sivrisinekler için uygun koşulları içermekte ve bunun doğal bir sonucu olarak da belirtilen sorun ve risklerin dışında kalamamaktadır. Özellikle kıtalararası coğrafik konumumuz nedeniyle ülkemize yeni vektör sivrisinek türlerinin ve patojen organizmaların girmesi olası görünmektedir. Bu durumun ilk işaretleri de yoğun olarak Asya, Avrupa ve Amerika'da tehdit oluşturan Batı Nil Virüsü vakalarının ülkemizde de tespit edilmesiyle ve *Ae. aegypti* ve *Ae. albopictus* türlerinin ülkemizde hızla yayılıyor olmasıyla ortaya çıkmıştır (Kalaycıoğlu vd., 2012, Oter vd., 2013; Akiner vd., 2016; 2019). Ayrıca, vektör türler ülkeler arası yayılış alanlarını genişletirken, insan topluluklarının sosyal, kültürel, jeopolitik, iklimsel, savaş gibi çeşitli nedenlerle hızlı ve etkin bir şekilde hareket ederek bölgeler arası yer değiştirebilmeleri de daha fazla insanın vektör sivrisinekler ile temas sıklığı da artmaktadır. Dolayısıyla, özellikle bu yüzyılda hızla ortaya çıkan bu yeni koşullarda da sivrisinekler gibi vektörlerin neden olduğu riskler birçok insan topluluğu için her geçen gün daha da önemli olmaktadır. Örneğin, çok önemli vektör sivrisineklerden biri olan *Ae. albopictus* türü, Avrupa'da geniş bir coğrafik alana yayılım yaptıktan sonra (Scholte vd., 2007; Schaffner, vd., 2013; Becker vd., 2013; Di Luca vd., 2017; ECDC, 2019) en son olarak Batı Avrupa'da Yunanistan'dan tespit edilmiştir (Patsoula vd., 2006). Avrupa kıtası yayılımından sonra ülkemizin Trakya bölgesinden de bildiri yapılmıştır (Oter vd., 2013). Ülkemizde yapılan son çalışmada ise hem *Ae. aegypti* türünün hem de *Ae. albopictus* türünün Kafkaslar üzerinden Doğu Karadeniz Bölgesinin birçok alanına girdiği ve yayılım yaparak yerleşik populasyonlar oluşturduğu gösterilmiştir (Akiner vd., 2016). Günümüzde sivrisineklerin her geçen gün artan önemleri nedeniyle, hem sivrisineklerle ilgili araştırmaların hem de sivrisineklere karşı etkili mücadele çalışmalarının yapılması hemen hemen her ülkede öncelikli konuma gelmiştir. Diğer ülkelerde olduğu gibi ülkemizde de genel olarak bir

değerlendirme yapıldığında, sivrisineklerin kontrolünde farklı düzeyde etki ve mekanizmalara sahip çok farklı yöntemler uygulanmış olmasına karşılık, temel yaklaşım olarak kimyasal insektisit kullanımı her zaman öncelikli yöntem olmuştur. Ancak, uygulanan bu yöntemler kısa vadede hızlı ve etkili olmakla birlikte, özellikle de ortaya çıkan insektisit direncine bağlı olarak uzun dönemde kalıcı başarılar sağlamaya yeterli olamamıştır. Bu nedenle, günümüzde birçok ülkenin öncelikle kendi bölgelerindeki sivrisinek kaynaklı sorunların üstesinden gelmek için epidemiyolojik ve sosyolojik yeni projeleri planladıklarını ve bu çalışmalardan elde edilen tüm verilerle olası sivrisinek kaynaklı tehlikelere karşı mücadele stratejileri geliştirdiğini görmekteyiz. Ancak, bu stratejilerin geliştirilebilmesi için öncelikli olarak hedef bölgede, hem sivrisinek türlerin tespit edilmesi, farklı populasyonların insektisit direnç düzeylerinin belirlenmesi hem de türlerin zoocoğrafik dağılım modellerine, popülasyon yoğunluklarına, frekanslarına ve populasyon genetiğine dair bilgilerin elde edilmesi gereklidir (Sedaghat vd., 2003, Patsoula vd., 2007).

Gerçekleştirilen bu Yüksek Lisans Tezi kapsamında, *Aedes albopictus* türünün Türkiye populasyonlarının tespiti ve genetik özelliklerinin belirlenmesine yönelik morfolojik ve moleküler çalışmalar yapılmıştır. Tespit edilen populasyonların iklimsel özellikleri ve habitat özellikleri kullanılarak da türün ülkemizdeki olası potansiyel dağılım alanları ekolojik niş modelleme analizleriyle belirlenmeye çalışılmıştır. Tespit edilen populasyonlardan larva ve ergin örnekleri toplanmış ve elde edilen örnekler hem morfolojik karakterler hem de moleküler belirteçler kullanarak analiz edilmiştir. Populasyonların birbirlerinden farklılık düzeyleri, genetik uzaklıkları, genetik çeşitlilikleri ve dağılım özellikleri, mtDNA *ND5*, *COI* gen bölgelerinden elde edilen veri setleri kullanılarak belirlenmiştir. Ekolojik niş modellemesi çalışmasında, *Ae. albopictus* türünün dağılım alanlarından özellikle ülkemize yakın lokalitelerden bazıları seçilerek bu bölgelerin iklimsel verileri elde edilmiş ve böylece hem ülkemizdeki populasyonlar için hem de diğer ülkelerdeki populasyonlar için elde edilen veriler kullanılarak niş modelleme çalışması gerçekleştirilmiştir. Bu çalışmalar sonucunda elde edilen veriler, ülkemize henüz yeni yerleşmeye başlayan *Ae. albopictus* türünün populasyonlarının tespiti, genetik populasyon özelliklerinin belirlenmesi ve türün ülkemizde olası potansiyel yayılım alanlarının ortaya çıkarılması ve mücadele çalışmaları açısından önemli bir veri setinin oluşturulmasına katkıları sağlayacaktır.

## 2. KAYNAK ÖZETLERİ

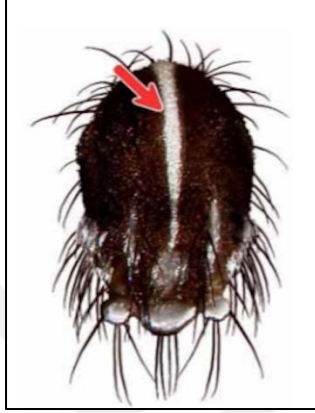
### 2.1. *Aedes albopictus*'un Morfolojik Özellikleri

*Aedes albopictus* erginleri diğer birçok sivrisineğe göre nisbeten daha küçük (2-10 mm) boyutludurlar. Bacaklarda ve vücudun diğer bölgelerinde siyah zemin üzerine beyaz/gümüşi renkteki pulların oluşturduğu desenlenme ile genel olarak siyah ve beyaz formda bir morfolojik görünüme sahiptir (Şekil 2.1). Siyah zeminli scutum'da başın dorsalinden başlayarak thoraks boyunca ilerleyen belirgin beyaz bir şerit vardır (Şekil 2.2). Bacaklar siyah zeminlidir ancak her tarsal segmentin basal kısmında beyaz pullardan oluşan birer halka mevcuttur (Schaffner vd., 2001; Becker vd., 2003). Bu özellikleriyle alansal örnekleme çalışmalarda bile tanımlanabilen bir sivrisinek türüdür. Bununla birlikte, erginlerin genel görünümleri itibarıyla, *Aedes aegypti* (Şekil 2.3), *Aedes japonicus* (Şekil 2.4) ve *Aedes cretinus* (Şekil 2.5) erginleriyle zaman zaman karıştırılabilmektedir. *Ae. aegypti* ve *Ae. cretinus* ülkemizde mevcut olduğundan morfolojik çalışmalarda tür tespiti yapılabilmek için dikkat edilmesi gerekmektedir. *Aedes albopictus*'un larva ve pupaları ise ancak mikroskop altında diğer türlerin larva ve pupalarından ayrılabilirler. *Aedes albopictus*'un anten kılı (1-A), anten kaidesinin ortasına yakın olarak konumlanmış olup basit ve küçüktür. Comp pulları tek bir sıra halinde ve genellikle 8-13 adettir. Pekten dış sayısı da 8-14 kadardır, her bir dış iki lateral küçük dişcik taşımaktadır ve eşit aralıklarla yerleşmişlerdir (Schaffner vd., 2001; Becker vd., 2003)

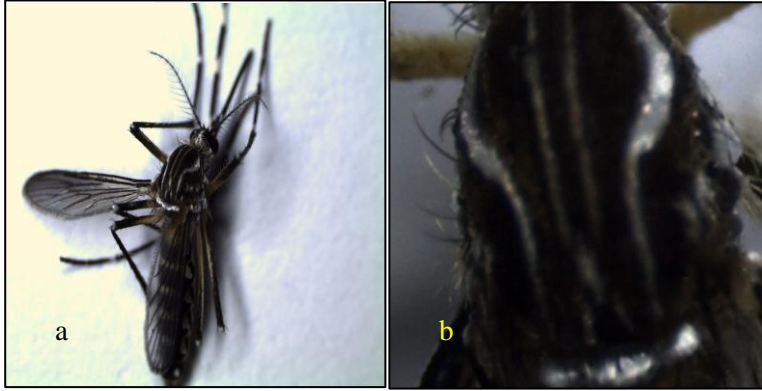


Şekil 2.1. *Aedes albopictus* dişi genel görünüm (Schaffner vd., 2013).





Şekil 2.2. *Aedes albopictus*'un scutum deseni (Reuda., 2004).



Şekil 2.3. *Aedes aegypti* dişi genel görünüm (a), scutum deseni (b).



Şekil 2.4. *Aedes japonicus* dişi genel görünüm (Schaffner vd., 2013).

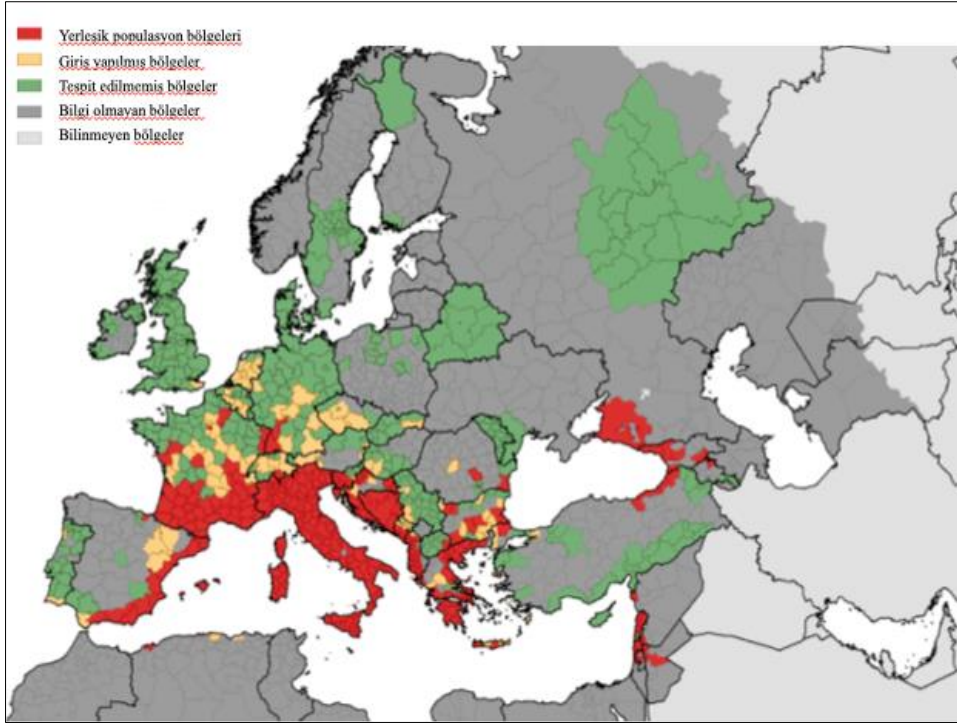


Şekil 2.5. *Aedes cretinus* dişi genel görünüm.

## 2.2. *Aedes albopictus*'un Zoocoğrafik Dağılımı

Asya Kaplamı olarak adlandırılmış olan *Aedes albopictus* sivrisinek türü, Dünya'da en çok istila/yayılış yapan türlerden biri olarak tanımlanmıştır (Lambrechts vd., 2010; Pech-May vd., 2016). Güneydoğu-Batı Asya, Hint Okyanusu ve Batı Pasifik adalarına özgü olan bu sivrisinek türü, 20. yüzyılın özellikle de ikinci yarısından sonra Dünya çapında yayılım yapmaya başlamış ve Amerika, Afrika ve Avrupa kıtalarında birçok bölgeye giriş yaparak yerleşik populasyonlar oluşturmuştur. Bugün Antarktika hariç diğer kıtaların tamamında tespit edilmiştir (Reiter ve Sprenger, 1987; Ponlawat ve Harriston, 2005; Benedict vd., 2007; Delatte vd; 2009; Bonizzoni vd, 2013; Kraemer vd., 2015a). Amerika kıtasında ilk yerleşik populasyonlar 1985-1991 yılları arasında bulunmuştur (Sprenger ve Wuithiranyagool 1986; Francy vd., 1990; Rai, 1991). Avrupa'da ilk olarak 1979 yılında Arnavutluk'da (Adhami ve Murati, 1987) tespit edilen tür daha sonra Almanya, Fransa, İtalya, Yunanistan, Bulgaristan, Bosna-Hersek, Romanya, San Amrino, Sırbistan, Macaristan, Slovenya, İsviçre ve İspanya ülkeleri başta olmak üzere birçok Avrupa bölgesinde yayılım yapmış ve yerleşik populasyonlar oluşturmuştur. Ayrıca, Rusya ve Gürcistan'da da populasyonlar yerleşmiştir (Mitchell vd., 1995; Gratz, 2004; Benedict vd., 2007; Scholte vd., 2007; Gatt vd., 2009; Schaffner ve Mathis, 2014). Afrika'da, Cezayir, Gabon, Nijerya, Kamerun, Madagaskar, Ortadoğu'da İsrail, Lübnan, Suriye ve Yemen'de *Ae. albopictus*'un yerleşik populasyonları bildirilmiştir (Benedict vd., 2007; Leshem vd., 2012; Kraemer vd., 2015a). *Aedes albopictus*'un Ocak 2019'da Avrupa Hastalık Önleme

ve Kontrol Merkezi (ECDC) tarafından hazırlanmış olan dağılım haritası (Şekil 2.6), ülkemize yakın bölgelerde bu önemli türün bir çok bölgeye yerleşmiş olduğunu ve her geçen gün yayılımını arttırdığını göstermektedir (ECDC, 2019). Türkiye’de *Ae. albopictus*’un ilk kaydı 2013 yılında, Trakya Bölgesi’nin Yunanistan sınır hattında verilmiştir ancak bu bölgede yerleşik bir populasyon tespit edilememiştir (Oter vd., 2013). Akıner vd., (2016), Doğu Karadeniz Bölgesi’nde yaptıkları çalışmalarda ise ilk kez *Ae. albopictus* türünün yerleşik populasyonlarını Artvin ve Trabzon illerinde tespit edilmiştir. Bu araştırmadan sonra *Ae. albopictus*’un Edirne İğneada, Artvin ve Trabzon populasyonlarının yerleşik, üreyebilen ve yayılım yapabilen populasyonlar oldukları tespit edilmiştir. Dolayısıyla *Ae. albopictus*’un Doğuda, Gürcistan hattından, Batıda da Yunanistan-Bulgaristan hattından ülkemize giriş yapmış olabileceği önemli bir olasılıktır. Ancak bu konuda moleküler bir çalışma ülkemiz populasyonlarıyla henüz yapılmamış olduğundan kesin bir yargıya varmak doğru olmayacaktır. Nitekim, elde edilen bulgular türün ülkemiz içerisinde zamana bağlı olarak hızla yayılacağını göstermektedir. Ayrıca, henüz bu türün varlığına dair birçok bölgemizde araştırmalar yapılmamış olduğu da düşünüldüğünde, ülkemizin başka bölgelerinde de türün yerleşik populasyonlarının bulunması olası görülmektedir.



Şekil 2.6. *Aedes albopictus*'un Avrupa dağılımı (ECDC).

### 2.3. *Aedes albopictus*'un Biyolojisi, Davranış ve Vektörlük Özellikleri

*Aedes albopictus* esas olarak orman sınır bölgelerinde yaşayan ve Hindistan cevizi kabuğu parçalarında, bambu gövdelerinde, ağaç kovuklarında biriken küçük sucul doğal habitatlarda üreyen bir türdür ve bu nedenle de daha önceleri kırsal vektör bir sivrisinek türü olarak kabul edilmiştir (Beaty ve Marquardt, 1996; Bonizzoni vd., 2013). Dünya çapında yayılımı sonucunda ise bugün kentsel yaşama, özellikle de banliyö bölgelerine çok iyi uyum sağlamış ve buralardaki içerisinde su birikebilen cam, pilastik veya teneke her çeşit kaplar, kullanılmış lastiklerde biriken sular, hayvan sulukları gibi doğal olmayan habitatları üreme alanı olarak kullanmaya başlamıştır. Tropikal veya subtropikal bölgelerdeki popülasyonları uygun iklimsel koşullar nedeniyle yıl boyunca aktiftirler ve hayat döngülerinde bir diapoz evresi bulunmaz (Becker vd., 2003; Lambrechts vd., 2010; Bonizzoni vd., 2013) Avrupa gibi ılıman bölgelerde yer alan popülasyonlar ise mevsimsel sıcaklık ve günuzunluğu değişimlerinden etkilenirler ve bu değişimlere karşı koyabilmek için de soğuk kış aylarına dayanabilen ve kışı diyapozlu olarak

geçiren yumurtalar üretirler. Bu yumurtalar kış başlamadan önce sonbahar aylarında üretilir ve tüm erginlerin ölmesiyle kış ayları yumurta evresinde geçirilir. İlkbaharla birlikte artan sıcaklık ve günuzunluğuna bağlı olarak yumurtalar açılır ve erginleşmeyle sonuçlanan gelişim döngüsü tamamlanır ve yeni ergin populasyonları kış yumurtalarından oluşur (Becker vd., 2003; ECDC). Yunanistan'da, yumurtlama nisan ayının ortasından başlayarak kış başına kadar devam etmektedir. Yılın sekiz ayı boyunca sürekli olarak aktif olan *Ae. albopictus* populasyonlarının yoğunlukları yaz ve sonbahara kadar devamlı artar ve en üst düzeylerine Ekim ayında ulaşır (Giatropoulos vd., 2012). *Ae. albopictus* genellikle dış alanlarda, açık alanlarda gündüz saatlerinde oldukça agresif olarak kan emme girişimleri gerçekleştirmektedir. Zoofilik davranışlı olarak çok çeşitli hayvandan (İnekler, keçiler, köpekler, kuşlar, sürüngenler ve iki yaşamlılar) ve insanlardan fırsatçılıkla kan emme çabası gösterir ancak güçlü antropofilik eğilime de sahiptirler (Ponlawat ve Harrington, 2005; Delatte vd., 2009; Kamgang vd., 2012). Bu davranış şekilleriyle yoğun olarak buldukları bölgelerde oldukça ciddi sokma rahatsızlığı oluştururlar ve bu nedenle de hemen insanlar tarafından fark edilirler. Fırsatçı zoofilik davranış vektörlüğünü yaptıkları patojen organizma skalasını ve doldurabilecekleri ekolojik nişleri genişletmektedir. Bu nedenle de, dünyanın en önemli vektör canlılarından biri olmaktadır. Yapılmış pek çok çalışma türün dış alanlarda beslendiğini ve kanın sindirilme dönemini de dış alanlarda geçirdiğini göstermiştir. Ancak İtalya'da yapılan son çalışmalarda gravid dişilerin kapalı alanlarda bulunmalarıyla türün davranışında da zoocoğrafik farklılaşmalar olduğunu ortaya koymuştur (Valerio vd., 2010). Böylece, bilinenden farklı olarak kan emme sonrasında dişilerin evleri terketmedikleri ve kanın sindirilme dönemini süresince kapalı alanlarda kaldıkları anlaşılmıştır.

Arbovirüsler, dünya nüfusunun neredeyse yarısını tehdit eden ve ölümcül enfeksiyon riski oluşturan bir virüs grubu olarak dünya genelinde her yıl milyonlarca insanı etkilemektedir. Bu arbovirüslerin küresel olarak ortaya çıkması ve yaygınlaşmasında patojen, vektör, konak ve çevresel etkileşimler çok önemlidir ve sivrisinekler bu etkileşimlerde önemli rol oynamaktadır. *Aedes albopictus*, özellikle de pek çok insan hastalığına neden olan çok çeşitli gruplardan arbovirüslerin başlıca sivrisinek vektörlerindedir. Bu özellikleriyle de, yayılımcı, istilacı ve aşırı rahatsızlık oluşturan bir sivrisinek türü olmasının yanı sıra dünyanın en önemli vektör organizmalarından biri olarak kabul edilmektedir

(Bonizzoni vd., 2013). Dünya çapında takibi yapılan ve mücadelesi konusunda yoğun çaba sarf edilen bir türdür. Birçok bölgede sivrisinek mücadele çalışmalarının en önemli hedef türüdür ve zoocoğrafik yayılım, sistematik, filogenetik, popülasyon genetiği, insektisit direnci, vektörlük kapasitesi gibi konular kapsamında pek çok araştırmanın konusu olmuştur. *Aedes albopictus*, Batı Nil, Sarı Humma, Japon Ensafilit, Rift Vadisi ateşi, Chikungunya, Dengue ve Zika virüslerine vektörlük yapabilmektedir ve bu virüslerin neden olduğu hastalıkların yayılmasında en etkili türdür (Mitchell vd., 1998; Gratz, 2004; Tilston vd., 2008; Paupy vd., 2010; Grard vd., 2014; Benelli, 2016; Kamal vd., 2018). Dünyada son zamanlarda bu hastalıkların bir dizi salgını yaşanmaktadır. Ülkemiz de ise türün ilk popülasyonları 2016 yılında tespit edildiği (Akıner vd., 2016) için henüz arbovirüs vektörlüğüne dair yeterli bilgi sağlayacak popülasyonlar düzeyinde çok fazla araştırma yapılmamıştır. Akıner vd. (2019)'nin Karadeniz Bölgesi popülasyonlarında yapmış oldukları çalışmada *Ae. albopictus* popülasyon örneklerinde Batı Nil virüsü tespit edilmiştir. *Aedes albopictus*'un filarial nematodlar *Dirofilaria immitis* ve *Dirofilaria repens*'in de vektörlüğünü yapabildiği ve bu patojen organizmaların köpeklerden insanlara geçişinde önemli rol oynadıkları gösterilmiştir (Pampiglione vd., 2001) Ülkemizde bu açıdan henüz bir araştırma yapılmamıştır.

#### **2.4. *Aedes albopictus*'un Popülasyon Genetiği Araştırmaları**

Günümüzde organizmalar arasında veya bir organizmanın farklı popülasyonları arasında çeşitli düzeyde karşılaştırmaları yapabilmeyi sağlayabilen moleküler teknikler ile çeşitli türlere ait önemli bilgiler elde edilebilmektedir. Popülasyonlar arasında genetik çeşitliliğin hesaplanmasıyla ve popülasyon genetiği modellerinin kullanılmasıyla organizmaların zoocoğrafik dağılımları, yayılışları ve farklılaşmaları gibi özelliklerine dair yorumlar yapılabilmektedir. Özellikle de, bilgisayar programlarının kullanımı ile moleküler düzeyde elde edilen verilerin kullanımı daha etkili ve güvenilir hale gelmiş ve biyolojik hiyerarşi hakkında önemli bilgilerin elde edilmesini sağlamıştır (Avise vd., 1994; Jarne vd., 1996; Schierwater vd., 1994). Organizmaların genomlarında DNA dizileri varyasyon gösterir ve bu genetik varyasyon, eşeyssel seçilim, üreme başarısı, göç, mutasyonlar, popülasyon büyüklüğü ve doğal seleksiyon gibi çeşitli faktörlerden etkilenmektedir. Popülasyon genetiği, bu demografik özellikler ve moleküler genetik varyantlarının dağılımı arasındaki ilişkiyi araştırır (Smith ve Wayne.,

1996; Burke, 1998). Populasyon genetiği arařtırmalarında kullanılabilir olan en uygun moleküler belirteci/belirteçleri seçmek arařtırmaların başarısı ve organizmaların biyolojisi kapsamında bilgilerin elde edilmesi açısından oldukça önemlidir. Populasyon biyolojisinin farklı basamaklarındaki bilgileri anlamada temel olarak 3 moleküler deęişim basamağı dikkate alınmaktadır. Bunlardan birincisi, çoklu mikrosatellit lokuslarıdır. Eşeyli organizmalarda bu diziler yeniden düzenlenme geçirirler ve bu nedenle de bireylerin tanımlanması, soy izleme, soy analizi ve bireylerin etkileşimlerinde kullanılmaktadırlar. Örneğin, SSCP (Single Strand Conformasional Polymorphism), RFLP (Restriksiyon Fragment Length Polimorfizm), mutant belirteç lokusları ve isoenzimlerle oluşturulmuş *Ae. aegypti* gen haritaları ile detaylı genetik çalışmalar yapılmıştır (Taylor vd., 1997; Marshall vd., 1998, Taberlet vd., 1999). İkinci deęişim basamağı, mutasyonlarla yeni allellerin oluşmasıdır. Böylece evrimsel ilişki tespit edilebilir ve uzun zamanlı filocoğrafya, türleşme ve daha uzak taksonomik statülerde filogenetik ilişki hakkında bilgi elde edilebilir (Severson vd., 1995). Üçüncü deęişim basamağı ise, mtDNA ve dięer tek lokus belirteçleridir. Bu belirteçler, türlerin coğrafik dağılımında ve bireylerin genlerinin frekanslarını deęerlendirmede kullanılmaktadır. Bu özellik, türlerde sınırlı genetik varyasyon gösterse de gen akışı ve populasyon öyküsünü arařtırmada etkili belirteçtir. Böcekler ile yapılan moleküler evrim çalışmalarında mtDNA belirteçleri çok yaygın olarak kullanılmaktadır (Tautz, 1989; Templeton vd., 1992; Kambhampati, 1995; Tang vd., 1996; Zane vd., 2002). Çünkü mtDNA, küçük genom yapısı, rekombinasyona uğramaması, yüksek kopya sayısı, hızlı evrimleşme özellięi ve anasal kalıtım göstermesi gibi nedenlerle kriptik tür gruplarında türlerin PZR'na dayalı tanımlamalarında, populasyon genetięi ve evrimsel analizlerde ve ana soy hatlarının dallanma zamanlarını hesaplamada oldukça yararlı olmaktadır (Krzywinski vd., 2001; Krzywinski ve Besansky, 2003; Goswami vd., 2006; Krzywinski vd., 2006; Dusfour vd., 2007; Loaiza vd., 2010; Moreno vd., 2010; Krzywinski vd., 2011). Mitokondriyal DNA içerisinde moleküler belirteç olarak kullanılan Sitokrom Oksidaz I (COI), Sitokrom Oksidaz II (COII), NADH Dehidrogenaz'ın 4. Alt ünitesine ait gen bölgesi (ND4), NADH dehidrogenaz'ın 5. alt ünitesine ait gen bölgesi (ND5) ve Sitokrom b (Cytb) başta olmak üzere birçok bölge vardır. Bu bölgelerin yaygın olarak kullanılmasının en önemli nedeni populasyon içerisinde varyasyon göstermeleri olmakla beraber, varyasyonun ve polimorfizmin derecesi türler arasında ve bu bölgeler arasında farklılık

göstermektedir. Moleküler tür teşhislerinde nDNA (nüklear DNA) ITS2 (second internal transcribed spacer) bölgesi ve mtDNA (mitokondriyal DNA) *COI* geni verilerinden yararlanılmaktadır. *Anopheles* taksonlarının filogenilerinin kurgulanmasında mtDNA *COI*, sık kullanılan bir mitokondriyal protein genidir (Sallum vd., 2000; 2002; Marshall vd., 2005; Mohanty vd., 2009).

Günay, (2015), Türkiye'nin 34 ilden topladığı 6.318 sivrisineği morfolojik olarak teşhis etmiş ve bu örneklerin 1.015 tanesinin *COI* gen bölgesi dizi analizlerini yapmıştır. Bu çalışma sonucunda Türkiye'de bulunan sivrisinek tür sayısı 62'ye yükselmiş ve Türkiye'den ilk kez *An. hyrcanus var. pseudopictus*'un varlığı bildirilmiştir. Patsoula vd., (2006), Yunanistan'da *Aedes cretinus* türünün sistematik durumunu incelemişler ve ITS2 ve *COI* ile yapılan moleküler çalışmaların sonuçlarıyla daha önce *Ae. cretinus* olduğunu düşündükleri bazı örneklerin aslında *Ae. albopictus* olduğunu bulmuşlardır. Paduan ve Ribolla, 2008'de *COI* ve *ND4* bölgeleriyle *Ae. aegypti* türünün Brezilya populasyonları arasındaki mtDNA polimorfizmini incelemişler ve *ND4* bölgesinin *COI*'e göre birkaç kat daha polimorfik olmasından dolayı *Ae. aegypti* populasyon genetiği çalışmalarında bu belirteçlerin daha kullanışlı olabileceğini göstermişlerdir.

Kambhampati vd. (1990), *Ae. albopictus* populasyonlarının genetik yapısını ve gen akışını belirlemek amacıyla Asya ve Amerika populasyonlarında RFLP analizleri ile yaptıkları çalışmalarında, Hong-Kong, Mauritius ve Singapur'da farklı haplotipler belirlemişlerdir. Ancak, çalışma alanında genel olarak çok düşük mtDNA farklılaşması olduğunu saptamışlar ve bu düşük mtDNA çeşitliliğini *Ae. albopictus*'un Amerika ve Brezilya'ya 1980'li yıllarda giriş yapmış olmasına ve populasyonların farklılaşmasını sağlayacak kadar zamanın henüz geçmediği yorumu getirilmiştir.

Pech-May vd., (2016), Meksika'da yaptıkları çalışmada *Ae. albopictus* türünün 7 populasyonunda *Cytb* dizilerini kullanarak populasyonların genetik yapısını analiz etmişler ve 25 haplotip tespit etmişlerdir.

Malezya'da *Ae. albopictus*'un populasyon genetiğinin belirlenmesi için gerçekleştirilen çalışmada ise mtDNA *COI* gen bölgesi kullanılarak analizler gerçekleştirilmiş ve 9 populasyonda 37 haplotip belirlenmiştir (Zawani vd., 2014).



*Aedes albopictus* türünün Hollanda'da ilk tespiti ise yine moleküler belirteçlerden ITS2 dizilerine dayanarak yapılmıştır (Patsoula vd., 2006; Scholte vd., 2007). De Jong vd., (2009) rDNA ITS2 belirtecini kullanarak *Ae. albopictus*'un Korsika Adası'ndaki varlığını doğrulamışlardır.

Amerika Birleşik Devletleri ve Brezilya'da yapılan populasyon genetiği çalışmasında ise *Ae. albopictus* türünün farklı populasyonlarında gerçekleştirilen çalışmalarda *ND5* gen bölgesi dizilerinden yararlanılmış ve populasyonların genetik çeşitliliği ortaya çıkartılmıştır. *Ae. albopictus* populasyonlarının genetik varyasyonunu ve orjinlerini belirlemek amacıyla *ND5* gen bölgesini kullanarak yapmış oldukları çalışmalarında nükleer DNA ile yapılan çalışmalara göre daha düşük genetik çeşitlilik belirlemişlerdir. Ayrıca ABD populasyonlarında genetik çeşitlilik frekansının düşük olduğu ve lokal olarak farklılaşmalar olduğu, bu durumun sebebinin ABD'deki populasyonların kurucu etkisinden kaynaklandığı oysa Brezilya'da ABD'nin aksine lokal farklılaşmaların olmadığı ve gen akışının halen devam ettiği sonucuna varmışlardır (Birungi ve Munstermann, 2002).

Mousson vd. (2005) *Ae. aegypti* ve *Ae. albopictus* örneklerinin geçmiş öyküsünü, genetik farklılaşmaya dayalı evrimsel süreçlerini ve coğrafik dağılımlarını çalışmak amacıyla *ND5*, *COI* ve *Cytb* mitokondriyal gen bölgelerini kullanarak yapmış oldukları çalışmalarında, *Ae. aegypti* mtDNA genlerinin *Ae. albopictus*'a göre daha hızlı evrilmekte olduğu; *COI* geninin *Ae. aegypti* için en değişken, *Ae. albopictus* için en az informatif olduğu; *ND5* geninin *Ae. aegypti* için en informatif, *Ae. albopictus* için en az değişken olduğu; *Cytb* geninin *Ae. albopictus* için en değişken ve en informatif olan gen olduğu sonucuna varmışlardır. Bu sonuçlara dayanarak mtDNA genlerinin polimorfizm değerlerinin türlere göre değişkenlik gösterdiği yorumunu getirmişlerdir.

Brezilya'nın Manaus kentindeki *Ae. albopictus* populasyonlarının genetik yapısını ve çeşitliliğini belirlemek amacıyla gerçekleştirdikleri çalışmada örneklerden elde edilen mtDNA'nın *ND5* gen bölgesi analiz edilmiştir. *ND5* gen bölgesinin H1 ve H2 olmak üzere 2 haplotipin yaygın olarak bulunduğunu ancak genetik çeşitliliğin düşük olduğunu belirtmişlerdir. Düşük genetik çeşitliliğin nedeninin populasyonun darboğaza girmiş olabileceği veya kurucu etkisiyle kurulmuş olabileceği değerlendirilmiştir (Maia vd., 2009).

Türkiye'ye son birkaç yılda giriş yapmış ve yerleşik populasyonlar oluşturmuş olan *Ae. albopictus* için populasyon genetiği düzeyinde bu araştırma dışında daha önce herhangi bir düzeyde araştırma yapılmamıştır.

## **2.5. *Aedes albopictus*'un Dağılım ve Niş Modellemeleri Araştırmaları**

Sivrisineklerin neden olduğu çeşitli hastalıkların başarılı gözetim ve kontrol programları için öncelikle vektör türlerin mevcut dağılımlarının ve gelecekteki olası yayılımlarını daha iyi anlamamız gerekiyor. Böylece vektörün mevcut dağılımı ve etkil alanı, dolayısıyla kontrol çalışmalarının sürdürüleceği çalışma alanı belirlenmiş olacaktır. Ayrıca, çeşitli değişkenlere bağlı olarak gelecek yıllar için oluşturulan senaryolara göre de hedef türün dağılım modellemesiyle, türün yayılım alanını hangi bölgelere ne kadar hızla genişletebileceği ve oralarda yıllara göre ne kadar etkili olabileceği öngörülebilecektir.

Tür dağılım modellemesi (Species distribution modeling, SDM) birçok farklı isim altında kullanılmaktadır. Bunlar iklim örtü modellemesi (climate envelope modeling), habitat modellemesi (habitat modeling) ve çevresel veya ekolojik niş modellemesi (environmental or ecological niche-modeling) (Kraemer vd., 2015a,b; Kamal vd., 2018)'dir. Tür dağılım modelinin temel amacı, türün var olduğu alanların derlenmesi, mekansal veri tabanlarından belirleyici çevresel değişkenlerin değerlerin alınması, çevresel değerlerin modele konularak var olan alanın benzerlerinin veya tür yoğunluğu gibi başka ölçülerin tahminlerinde kullanılmasıdır. Son yıllarda dünya ölçeğinde yapılmış olan birkaç çalışmada önemli vektör sivrisinek türlerinin dağılımında iklim değişikliğinin mekansal dağılım şekilleri üzerindeki etkileri analiz edilmiştir (Padilla vd., 2017; Akpan vd., 2018; Kamal, 2018). Bu çalışmalarda özellikle de küresel ısınma sorununa bağlı olarak ortaya çıkan en yeni iklim senaryolarını kullanılmış ve türlerin olası yayılım alanları belirlenmiştir.

*Aedes albopictus*'un Dünya genelinde ve birçok ülkede zoocoğrafik dağılım alanlarının belirlenmesi için ekolojik niş modellemeleri kullanılmıştır. Temel olarak iklimsel verilere dayanarak türün olası dağılım alanları dağılım gerçekleşmeden önce bu çalışmalarla tahmin edilmiştir (Anderson ve Peterson, 2003; Benedict vd., 2007; Pech-May vd., 2016).

Fischer vd., (2014), Avrupa’da *Aedes albopictus* türünün bulunduğu lokalitelere göre iklimsel parametrelerden yararlanarak oluşturdukları dağılım modeline göre ülkemizin Marmara ve Ege bölgeleri türün yayılım yapabileceği alanlar olarak belirtilmiştir.

Kamal vd., (2018), yapmış oldukları niş modelleme çalışmasında M<sub>AXENT</sub> v3.3.3e programı kullanarak 19 iklimsel değişkeni (Sıcaklık, yağış, nem oranı gibi) analiz etmişlerdir. Araştırmacılar bu iklimsel parametrelere göre, *Ae. aegypti* ve *Ae. albopictus* türlerinin dünya genelinde günümüzdeki mevcut iklim koşullarına ve gelecekte öngörülen değişken iklim koşullarına göre olası dağılımlarını göstermişlerdir.

Güneydoğu Senegal’de ekolojik niş modelleme araştırması yapılarak Chikungunya virüsü vektörü farklı *Aedes* türlerinin çevresel değişkenlere göre dağılım modelleri belirlenmiş ve Chikungunya virüsü açısından potansiyel riskli bölgeler ortaya konulmuştur (Richman vd., 2018).

Yukarıda önemli birkaç tanesine değindiğimiz çalışmalara benzer pek çok araştırma dünyanın çeşitli bölgelerinde etkili olan vektör sivrisnek türleri için yapılmış ve yapılmaktadır. Türkiye’deki *Ae. albopictus* yerleşik popülasyonlarının verileri kullanılarak türün dağılımı için bu araştırma dışında daha önce herhangi bir modelleme araştırma yapılmamıştır.

### 3. MATERYAL VE YÖNTEM

*Aedes albopictus*'a ait populasyon örneklerinin elde edilmesi için, öncelikle türün tespit edilmiş olduğu Doğu Karadeniz ve Batı Trakya bölgelerinde örnekleme çalışması yapılmıştır. Bu çalışmaların yanı sıra, türün potansiyel olarak bulunabileceği bazı önemli liman, havaalanı ve önemli truzim bölgelerinde de tarama çalışmaları yapılmış ve daha önce tespit edilmemiş populasyonlar aranmıştır. Bu kapsamda, Antalya, Adana, Mersin ve İzmir bölgelerinde çalışmalar yapılmış olmasına karşılık yeni *Ae. albopictus* populasyonları tespit edilememiştir. Doğu Karadeniz ve Batı Trakya bölgelerinde *Ae. albopictus*'un yerleşik populasyonları olan Artvin, Hopa, Rize, Trabzon, Beğendik ve İğneada populasyonlarından örnekler elde edilmiş ve tüm analizler bu örneklerin çalışılmasıyla gerçekleştirilmiştir.

#### 3.1. *Aedes albopictus*'un Populasyon Örneklemeleri

*Aedes albopictus*'un populasyon örnekleme çalışmaları 2017-2018 yıllarının Haziran-Eylül aylarında gerçekleştirilen alansal çalışmalarla yapılmıştır. Bu çalışmalarda sucul habitatlardan özellikle de türün yaygın olarak kullandığı doğal olmayan ve içerisinde su bulunduran kullanılmış lastikler, küçük kaplar, kovalar, variller, süs havuzları gibi habitatlarda larva kepçeleri yardımıyla larva ve pupa örnekleri toplanmıştır (Şekil 3.1). Elde edilen örneklerin bir kısmı moleküler çalışmalar için % 95'lik etil alkole alınarak korunmuştur. Örneklerin diğer kısmı da laboratuvar şartlarında larva-pupalardan ergin sivrisinekleri elde etmek amacıyla canlı olarak örnekleme habitatı suyu içeren taşıma kapları ile Vektör Böcekler Araştırma Laboratuvarına getirilmiştir. Laboratuvarda örnekleme lokalitelerine göre ayrı ayrı erginleştirme kaplarına alınan larva ve pupalardan ergin sivrisinek örnekleri elde edilmiş ve mikroskop yardımıyla morfolojik tür tespitleri yapılmıştır. Teshisi tamamlanan ergin dişi ve erkek örnekler moleküler çalışmalar için % 95'lik etil alkole alınarak korunmuştur.

Antropofilik davranış sergileyen *Ae. albopictus* türünün ergin dişilerinin yakalanmasında bu davranışından yararlanılarak insan tuzaklarıyla larva örnekleme habitatları yakınlarında ağız aspiratörleriyle yakalamalar yapılmıştır. İnsan tuzaklarıyla örnekleme yapıldığı lokalitelerde ayrıca CDC (Centers for Disease Control) ışık tuzaklarıyla ergin yakalamaları da yapılmıştır (Şekil 3.2).

Toplanan örneklerin bir kısmı moleküler çalışmalar için % 80'lik etil alkol içeren 1,5 ml.lik Eppendorf tüplere alınarak, bir kısmı da canlı ya da kuru örnek şeklinde laboratuara taşınmış ve morfolojik tür teşhisleri mikroskop aracılığıyla teşhis anahtarı kullanılarak (Schaffner vd., 2001; Becker vd., 2003) yapılmıştır.



Şekil 3.1. *Aedes albopictus*'un larva örnekleme habitatları



Şekil 3.2. *Aedes albopictus*'un ergin örnekleme çalışmaları

### 3.2. *Aedes albopictus* Örneklerinden Total DNA İzolasyonu

Doğu Karadeniz ve Batı Trakya bölgelerinde *Ae. albopictus*'un 6 popülasyonundan elde edilen ve %95'lik etil alkol içeren 30 ml'lik Falcon tüplerinde +4 °C'de koruma altına alınmış örneklerden total DNA izolasyonları yapılmıştır. DNA izolasyonlarında, İnvitrogen PureLink genomik DNA izolasyon kiti kullanılmış ve kit üretici firmanın talimatları takip edilmiştir. Örneklerden elde edilen total DNA'lar, PZR gerçekleştirilinceye kadar -20 °C'de saklanmıştır.

### 3.3. Mitokondriyal *COI* ve *ND5* Gen Bölgeleri İçin Polimeraz Zincir Reaksiyonu

Moleküler analizleri yapılacak olan örneklerin DNA izolasyonları yapıldıktan sonra elde edilen total DNA'dan LCOF 5'- GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTGG-3' ve HCOR 5'- TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3' (Folmer vd., 1994) primerleri kullanılarak Eppendorf marka PZR cihazında örneklerin yaklaşık 585 baz çiftinden (bç) oluşan *mtCOI* gen bölgesi çoğaltılmıştır. *mtCOI* gen bölgesinin PZR'la çoğaltılması için hazırlanan reaksiyonu karışımı Çizelge 3.1'de gösterilmiştir. PZR'da amplifikasyon döngüsü, başlangıç denatürasyonu 94 °C'de 1 dk; 5 döngü olacak şekilde, ikinci denatürasyon 94 °C'de 40 saniye; bağlanma sıcaklığı 45 °C'de 40 saniye; uzama 72 °C'de 1 dakika olarak ayarlanmıştır. Bu işlemleri takiben 35 döngü olacak şekilde denatürasyon 94 °C'de 40 saniye, bağlanma 51 °C'de 40 saniye, uzama 72 °C'de 1 dk ve son uzama 72 °C'de 5 dakika olarak takip etmiştir. Elde edilen PZR ürünleri bir sonraki işleme kadar +4 °C'de saklanmıştır.

Mitokondriyal *ND5* gen bölgesinin PZR ile çoğaltılması için ise ND5F 5'-TCC TTAGAATAAAATCCCGC-3' ve ND5R 5'- GTT TCT GCT TTA GTT CAT TCT TC-3' (Birungi ve Munstermann, 2002) primerleri kullanılmış ve yaklaşık 364 bç uzunluğundaki bölge çoğaltılmıştır. *mtND5* gen bölgesinin PZR ile çoğaltılması için hazırlanan reaksiyonu karışımı Çizelge 3.2'de gösterilmiştir. Hazırlanan PZR karışımıyla, 0.2 ml PZR tüplerinde Eppendorf marka 150 döngüleyici ile ilk denatürasyon 94 °C'de 3 dakika, daha sonra 45 döngü olacak şekilde 94 °C'de 30 saniye denatürasyon, 55 °C'de 45 saniye primer bağlanması,

72 °C'de 45 saniye uzama adımlarından oluşan reaksiyon gerçekleştirilmiştir. Son olarak 72 °C'de 10 dakika ekstra uzama süresi ile reaksiyon devam ettirilmiş ve elde edilen PZR ürünleri bir sonraki işleme kadar +4 °C'de saklanmıştır.

Çizelge 3.1. *COI* gen bölgesi için polimeraz zincir reaksiyonu karışımı

Reaktifler (Konsantrasyon)	Her bir PZR için hacim ( $\mu$ L )
Tampon (1X)	2.5
dNTP (2.5 mM)	2
Primerler (20 $\mu$ M)	0.3
Taq DNA polimeraz (1.5 U)	0.3
DNA (100 ng)	1
Distile su	18.6
Toplam hacim	25

Çizelge 3.2. *ND5* gen bölgesi için polimeraz zincir reaksiyonu karışımı

Reaktifler (Konsantrasyon)	Her bir PZR için hacim ( $\mu$ L )
Tampon (1X)	2.5
dNTP (2.5 mM)	5
Primerler (20 $\mu$ M)	0.3
Taq DNA polimeraz (1.5 U)	0.2
DNA (100 ng)	2
Distile su	14.7
Toplam hacim	25

### 3.4. Agaroz Jel Elektroforezi ve Dizi Analizlerinin Elde Edilmesi

Agaroz jel elektroforezi, %5 Safeview içeren % 1'lik agaroz jel üzerinde, 3'er µl PZR ürünlerinin 5 µl 6X yükleme tamponuyla (% 50 gliserol, 0,1M EDTA, % 1 SDS, % 0,1 bromfenol mavisi, % 0,1 ksilen siyanol) karıştırılmasıyla 1X TBE (Tris Borik Asit EDTA) tamponunda gerçekleştirilmiştir. % 1'lik agaroz jel hazırlanırken 1 g agaroz 100 ml 1X TBE tamponu (500 ml: 54 g Tris-base, 27,5 g Borik asit, 1,7 g Na<sub>2</sub>EDTA, pH: 8.0) içerisinde mikrodalga fırında eritilerek 40-50 °C'ye kadar soğutulmuştur. Daha sonra içerisine 5 µl Safeview eklenerek iyice karıştırılmış ve jel kabına dökülerek katılaşması beklenmiştir. Agaroz jelin dökülmesinden sonra PZR ürünleri 90 mA'de 40 dk elektroforez tankında yürütülmüş ve jel görüntüsü Vilbert Lourmat görüntüleme sistemi ile fotoğraflanmıştır. Elde edilen mtDNA *COI* ve *ND5* gen bölgesi PZR ürünlerinin enzimatik sentez yöntemi (Sanger ve Coulson, 1975) kullanılarak geliştirilmiş bir kapiller sistemle (Automatic Sequencer 3730xl) otomatik DNA dizi analizi yaptırılmıştır (Macrogen Inc., Güney Kore).

### 3.5. Moleküler Veri Analizleri

#### 3.5.1. Mitokondriyal *COI* ve *ND5* Geni Dizilerinin Hizalanması

İleri (forward) ve ters (reverse) PZR primerleri kullanılarak elde edilen mtDNA *ND5* ve *COI* gen bölgesi dizileri, BioEdit ver 7.0.9 (Hall, 1999) programı kullanılarak görüntülenmiştir. Dizilerin hizalanması, Clustal W çoklu dizi hizalama programı (Clustal W multiple sequence alignment program) ile gerçekleştirilmiştir. Hizalamalar esnasında diziler arasında uzunluk farklılıkları olması nedeniyle örneklerin başlangıç ve sonlanma noktalarından kesimler yapılarak diziler analizlere hazır duruma getirilmiş ve FASTA formatında kaydedilmiştir. Yapılan işlemler sonucunda çalışmamızda *Ae. albopictus* türü için *mtCOI* gen bölgesi dizileri ile yapılan hesaplamalar 585 bç, *mtND5* bölgesi dizileri ile yapılan hesaplamalar ise 364 baz çiftinden oluşmuştur. Moleküler analizlerde, mtDNA *COI* dizi verilerimiz ile birlikte Gen Banktan dizilerini elde ettiğimiz Rusya, İtalya ve Yunanistan'a ait *Ae. albopictus* bireylerinin mtDNA *COI* dizileri kullanılmıştır. Dış grup olarak *Ae. cretinus* mtDNA *COI* dizi verilerinden yararlanılmıştır. Böylece örneklenen *Ae. albopictus* populasyonları ile Rusya, İtalya ve Yunanistan populasyonları arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesi



sağlanmıştır. mtDNA *ND5* gen bölgesi dizileri ise çalışma alanımız içerisindeki 6 *Ae. albopictus* populasyonunun populasyon genetiği analizlerini yapmak üzere kullanılmıştır.

### 3.5.2. Mitokondriyal *ND5* Geni Haplotip ve Nükleotit Çeşitliliği

*Aedes albopictus*'da mtDNA *ND5* gen bölgesi içi haplotip ( $H_d$ ) ve nükleotid ( $\pi$ ) çeşitliliği (Nei, 1987) ile lokalite çiftleri arasındaki genetik farklılaşma düzeyinin göstergesi olan  $\gamma_{ST}$  ( $\gamma_{ST}$ ) (Nei, 1973) değerleri DNAsp ver 6.00 (Rozas vd., 2017) programı kullanılarak hesaplanmıştır. Bütün populasyonlara ait *ND5* geni dizilerinin ortalama nükleotid çeşitliliği, haplotip sayısı, tüm populasyonlar için polimorfik bölge sayısı, bireyler arasındaki nükleotit farklılıklarının ortalaması ( $K$ ), nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ) hesaplanmıştır.

### 3.5.3. Haplotip Ağının Oluşturulması

Moleküler çalışmalar sonucunda elde edilmiş olan 92 adet hizalanmış mtDNA *ND5* geni dizi analizi veri seti ile *ND5* geni haplotipleri belirlenmiştir. Belirlenen haplotipler için, istatistiksel “köksüz tutumluluk ağı” (Unrooted parsimony network) (Templeton vd., 1992), TCS v1.02 (Clement vd., 2000) programı kullanılarak oluşturulmuştur.

### 3.5.4. Populasyonların Genetik Uzaklığa Bağlı UPGMA ve ML Ağaçlarının Oluşturulması

Gen Banktan elde edilen 8 adet *Ae. albopictus* mtDNA *COI* geni dizi verisi ile çalışmalarımız sonucu elde ettiğimiz 89 adet *COI* geni dizi verisi birlikte değerlendirilerek MEGA 5.05 (Kumar vd., 2004) programı ile Maximum Likelihood (ML) ağacı elde edilmiştir (GenBank kayıt numaraları; MH817558, MH817557, MH817556, KX809763, KX809765, KX809764, JF810659, KC250447). Maksimum Likelihood ağacının çiziminde kullanılan parametreye karar vermek amacıyla öncelikle MEGA 5.05 (Kumar vd., 2004) Model test yapılmıştır. Populasyon genetiği analizleri kapsamında ise mtDNA *ND5* dizileri UPGMA uzaklık ağaçlarının oluşturulması için kullanılmıştır. Bunun için öncelikle DnaSP 6.0 (Rozas vd., 2017) programı kullanılarak mtDNA *ND5* dizilerinin  $\gamma_{ST}$  değerleri hesaplanmıştır. Daha sonra elde edilen  $\gamma_{ST}$  değerleri

kullanılarak MEGA 5.05 (Kumar vd., 2004) programı ile UPGMA uzaklık ağacı oluşturulmuştur.

### **3.5.5. Populasyonların Genetik Yapısı ve Gen Akışının Hesaplanması**

*Aedes albopictus*'un örnekleme populasyon lokaliteleri arasında coğrafik uzaklıklara ve istatistiksel verilere dayalı lokalite gruplandırmaları yapılarak, Arlequin ver. 3.1 (Excoffier vd., 2006) programı ile gruplara AMOVA (Excoffier vd., 1992) uygulanmıştır. AMOVA ile alel sıklıklarına dayalı genetik varyasyonun gruplar arasında, grup içi populasyonlar arasında ve populasyonlar içerisindeki dağılımı, istatistiksel önem dereceleri belirlenerek (1023 permütasyon) tespit edilmiştir. Ayrıca populasyonlar arası gen akışının matematiksel değeri olan Nm değeri DnaSP 6.0 (Rozas vd., 2017) ile hesaplanmıştır.

### **3.6. *Aedes albopictus* Populasyonlarının Niş Modellemesi**

*Aedes albopictus* örneklemleri sonucunda 6 populasyon tespit edilebilmiştir. Türün yayılış alanında örneklemler yaptığımız populasyonların GPS kayıtları alınmıştır. *Aedes albopictus*'un coğrafik dağılım modellerinde kullanılmış olan 180 populasyon lokalitesine ait GPS kayıtları verilerden de (Kraemer vd., 2015a,b) yararlanılarak niş modellemesi için bir veri seti oluşturulmuştur (Şekil 3.3.). Ayrıca, 19 değişkenden oluşan biyoklimatik veriler Worldclim veri tabanından (Hijmans vd., 2005) indirilmiştir.



Şekil 3.3. *Aedes albopictus*'un niş modellemesinde kullanılan popülasyonları

Elde edilen bu biyoklimatik değişkenler ile türün yayılış verileri kullanılarak önce SDMtoolbox 2.3 versiyonu (Brown, 2014) ile maskelenmiş ve türün yayılış alanına göre kesilmiştir. Mevcut popülasyon dağılım verileri ve biyoklimatik değişkenler MaxEnt programı (Phillips vd., 2006) kullanılarak mevcut 19 biyoklimatik değişkenle [(BIO1 = Yıllık ortalama sıcaklık, BIO2 = Ortalama aylık gündüz sıcaklığı, BIO3 = Isotermalite (BIO2/BIO7) (\* 100), BIO4 = Mevsime bağlı sıcaklık (standard deviation \*100), BIO5 = En ılık aydaki maksimum sıcaklık, BIO6 = En soğuk aydaki minimum sıcaklık, BIO7 = Yıllık sıcaklık sınırları (BIO5-BIO6), BIO8 = En nemli çeyrekteki (15 gün) ortalama sıcaklık, BIO9 = En kurak çeyrekteki (15 gün) ortalama sıcaklık, BIO10 = En ılık çeyrekteki (15 gün) ortalama sıcaklık, BIO11 = En soğuk çeyrekteki (15 gün) ortalama sıcaklık, BIO12 = Yıllık yağış, BIO13 = En ılık aydaki yağış, BIO14 = En kurak aydaki yağış, BIO15 = Mevsime bağlı yağış (Coefficient of Variation), BIO16 = En nemli çeyrekteki yağış, BIO17 = En kurak çeyrekteki yağış, BIO18 = En ılık çeyrekteki yağış, BIO19 = En soğuk çeyrekteki yağış)] ilişkilendirerek *Aedes albopictus*'un yayılışının hangi biyoklimatik değişkenler etkisi altında gerçekleştiği ortaya konmuştur.

## 4. BULGULAR

### 4.1. Örnekleme Çalışmaları

*Aedes albopictus* türünün populasyon örneklerinin elde edilmesi için, öncelikle türün tespit edilmiş olduğu Doğu Karadeniz ve Batı Trakya bölgelerinde örnekleme çalışması yapılmıştır. Bu çalışmaların yanı sıra, türün potansiyel olarak bulunabileceği Antalya, Adana, Mersin ve İzmir bölgelerinde bazı önemli liman, havaalanı ve truzim bölgelerinde de tarama çalışmaları yapılmış ancak yeni *Aedes albopictus* populasyonları tespit edilememiştir. Doğu Karadeniz ve Batı Trakya bölgelerinde *Aedes albopictus*'un yerleşik populasyonları olan Artvin, Hopa, Rize, Trabzon, Beğendik ve İğneada populasyonlarından çeşitli örnekleme yöntemleriyle örnekler elde edilmiştir. Elde edilen örneklerin örnekleme yöntemlerine göre dağılımı Çizelge 4.1'de sunulmuştur.

Çizelge 4.1. *Aedes albopictus* populasyonlarında örneklenen larva ve ergin sayıları

Örneklenen Populasyon	Larva	Işık Tuzağı	İnsan Tuzağı
Artvin	28	12	11
Hopa	32	10	15
Rize	28	9	24
Trabzon	40	11	13
Beğendik	45	14	24
İğneada	36	12	23

### 4.2. DNA İzolasyonu ve mtDNA *COI* ve *ND5* Gen Bölgesi Dizileri

Arazi çalışmalarıyla 6 lokaliteden elde edilen toplamda 96 adet *Ae. albopictus* örneğinden DNA izolasyonu yapılmıştır. Her biri farklı lokalitelerden ve sayılardan olmak üzere toplamda 96 bireyin DNA'sından mtDNA *COI* ve *ND5* gen bölgeleri çoğaltılmıştır. Dizi analizleri sonucunda verilerin güvenilir olanları analizlere katılmış ve bunun sonucunda 89 örnek *COI* dizisi verisi ve 92 adet *ND5* dizi verisi analizlerde kullanılmıştır. *COI* geni dizileri 585 baz çiftlik, *ND5* dizileri ise 364 baz çiftlik veri setinden oluşmuştur. *COI* gen bölgesi korunan bir bölge olduğundan beklenildiği şekilde elde edilen diziler tek bir haplotip sunmuştur.

### 4.3. Mitokondriyal *ND5* Gen Bölgesi Haplotip Dağılımları, Frekansları ve Haplotip Ağı

*Aedes albopictus* türünün mtDNA *ND5* gen bölgesi dizi analizlerinden elde edilen sonuçlar, türün dağılım yaptığı Karadeniz ve Marmara bölgelerinde *ND5* gen bölgesi için 5 haplotip belirlenmiştir. Haplotiplerin örnekleme lokalitelere göre dağılımı Çizelge 4.2’ de verilmiştir. Tespit edilen bu haplotip dizileri 4 polimorfik, 2 parsimoni informatif bölgeden oluşmaktadır ve mtDNA *ND5* gen bölgesi haplotip dizilerine karşılık gelen polimorfik bölgeler Çizelge 4.3’ de gösterilmiştir.

Tespit edilen haplotipler içerisinde yüksek frekansa sahip olan haplotipler, Hap1 (% 78.26), Hap2 (% 18.47)’dir. En yüksek frekansa sahip olan Hap1, 6 lokalitenin tamamında bulunmaktadır. İkinci yüksek frekansa sahip olan Hap2, Artvin, Hopa, İğneada ve Trabzon populasyonlarında bulunmaktadır. Haplotip 3 (%1,08) sadece Hopa, Haplotip 4 (%1,08) sadece Trabzon, Haplotip 5 (%1,08) ise sadece Rize populasyonlarında bulunmaktadır. Araştırma alanı kapsamında *Ae. albopictus* populasyonlarının mtDNA *ND5* gen bölgesi haplotiplerine ait frekanslar değerleri Çizelge 4.4’de verilmiştir. Trabzon populasyonu haplotipleri açısından diğer populasyonlardan farklıdır. Artvin, Beğendik, Hopa, İğneada ve Rize populasyonlarında Hap1’in frekansı çok yüksekken, Trabzon popülasyonunda diğerlerinin aksine Hap2’nin frekansı çok yüksektir. Trabzon popülasyonu bu özelliğiyle diğerlerinden farklıdır.

Çizelge 4.2. Örnekleme lokalitelerine göre mtDNA *ND5* gen bölgesi haplotiplerinin dağılımı

Lokaliteler	mtDNA <i>ND5</i> Haplotipler (1-5)				
	Hap1	Hap2	Hap3	Hap4	Hap5
Artvin	11	1			
Beğendik	17				
Hopa	14	1	1		
İğneada	14	1		1	
Rize	14				1
Trabzon	2	14			
Örnek sayısı	72	17	1	1	1

Çizelge 4.3. *ND5* gen bölgesi dizilerinde polimorfik bölgeler

Haplotipler	Baz Sırası			
	5	63	215	354
Hap1	A	T	A	G
Hap2	.	.	G	.
Hap3	.	G	.	.
Hap4	G	.	.	A
Hap5	G	.	.	.

Çizelge 4.4. *ND5* gen bölgesi haplotiplerine ait frekans değerleri

Haplotip	<i>ND5</i> haplotip frekansları
Hap1	% 78,26
Hap2	% 18,47
Hap3	% 1,08
Hap4	% 1,08
Hap5	% 1,08

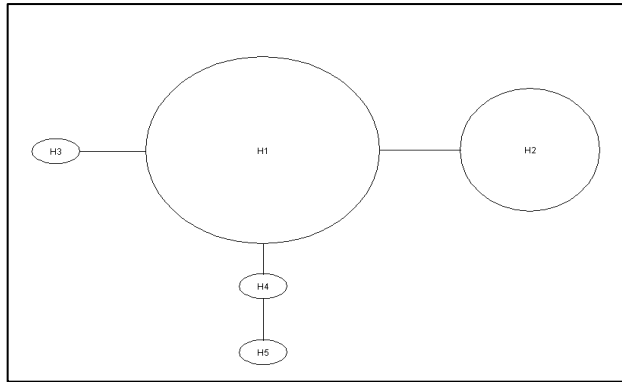
#### 4.4. Haplotip ( $H_d$ ), Nükleotit Çeşitliliği ( $\pi$ ) ve Nükleotit Farklılıklarının Ortalaması ( $K$ )

Çalışmalarla elde edilen mtDNA *ND5* gen bölgesi dizilerinin moleküler analizleri sonucunda, *Ae. albopictus* için belirlenmiş olan 5 haplotipinin, haplotip ( $H_d$ ) ve nükleotid ( $\pi$ ) çeşitliliği ile nükleotit farklılıklarının ortalaması ( $K$ ) için elde edilen değerler Çizelge 4.5’de sunulmuştur. Elde edilen sonuçlara göre haplotip çeşitliliği 0 ile 0,29487, nükleotid çeşitliliği 0 ile 0,00127 ve Nükleotit farklılıklarının ortalaması da 0 ile 0,46154 arasındaki değerlerde kalmıştır. *Aedes albopictus*’un *ND5* gen bölgesine ait en fazla haplotip çeşitliliği ( $H_d=0,29487$ ), nükleotid çeşitliliği ( $\pi= 0,00127$ ) ve nükleotit farklılıklarının ortalamasının en yüksek ( $K= 0,46154$ ) olduğu sonuçlar ise Trabzon popülasyonunda bulunmuştur.

Çizelge 4.5. *ND5* gen bölgesi için tespit edilen haplotip ( $H_d$ ) ve nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ), nükleotit farklılıklarının ortalaması ( $K$ ) değerleri

Lokalite Adı	Haplotip çeşitliliği ( $H_d$ )	Nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ )	Nükleotit farklılıklarının ortalaması ( $K$ )
Artvin	0,16667	0,00046	0,16667
Beğendik	0,00000	0,00000	0,00000
Hopa	0,24167	0,00069	0,25000
İğneada	0,23333	0,00064	0,23333
Rize	0,13333	0,00037	0,13333
Trabzon	0,29487	0,00127	0,46154
<b>Ortalama</b>	<b>0,36619</b>	<b>00110</b>	<b>0,40194</b>

Örnekleme lokaliteleri temelinde tespit edilen haplotip frekans ve dağılım verilerinden yararlanılarak, TCS programı ile popülasyonların mtDNA *ND5* gen bölgesine ait haplotip ağı oluşturulmuştur (Şekil 4.1). mtDNA *ND5* gen bölgesine ait haplotip ağına göre, ana grupları oluşturan Hap1 ve Hap2 dışındaki diğer haplotiplerden Hap3, Hap4 ve Hap5, Hap1 den bir nükleotid ile farklılaşmaktadır.



Şekil 4.1. Lokalitelere göre mtDNA *ND5* geni haplotiplerinin istatistiksel köksüz tutumluluk ağı (Her bir haplotip frekansı ile temsil edilmektedir. Tam çizgiler haplotipleri % 95'ten daha yüksek bir olasılığa sahip olan tek bir mutasyonel değişimle bağlamaktadır).

#### 4.5. Genetik Uzaklık ve UPGMA Ağacının Oluşturulması

Örnekleme lokalitelerinin ikili (pairwise) karşılaştırılmalarıyla elde edilen genetik uzaklık değerleri ( $\text{Gamma}_{ST}$ ), bazı lokalitelerde yüksek derecede anlamlı farklılıkların varlığını göstermiştir ( $\gamma_{ST}$ : 0,78289;  $p < 0,01$ ). Her bir lokaliteye ait lokalitelerin genetik uzaklık derecesini ifade eden  $\gamma_{ST}$ : değerleri Çizelge 4.6'da verilmiştir. Lokalitelerin ikili karşılaştırmaları sonucunda Artvin-İğneada; Beğendik-İğneada; Hopa-İğneada; İğneada-Trabzon; Rize-İğneada çiftlerinin genetik olarak birbirlerinden farklı oldukları belirlenmiştir ( $\gamma_{ST} > 0,5$ ). Genetik olarak farklılaşmanın en az dolayısıyla birbirlerine en fazla benzeyen popülasyonlar ise Artvin-Hopa; Artvin-Trabzon; Hopa-Trabzon ve Trabzon-Rize popülasyonlarıdır ( $\gamma_{ST}$ :  $< 0,5$ ;  $p < 0,01$ ).

Mitokondriyal *COI* geni dizi verilerinin Model test sonucuna göre Tamura-3 parametresi kullanılarak elde edilen ML ağacı Şekil 4.2'de verilmiştir.

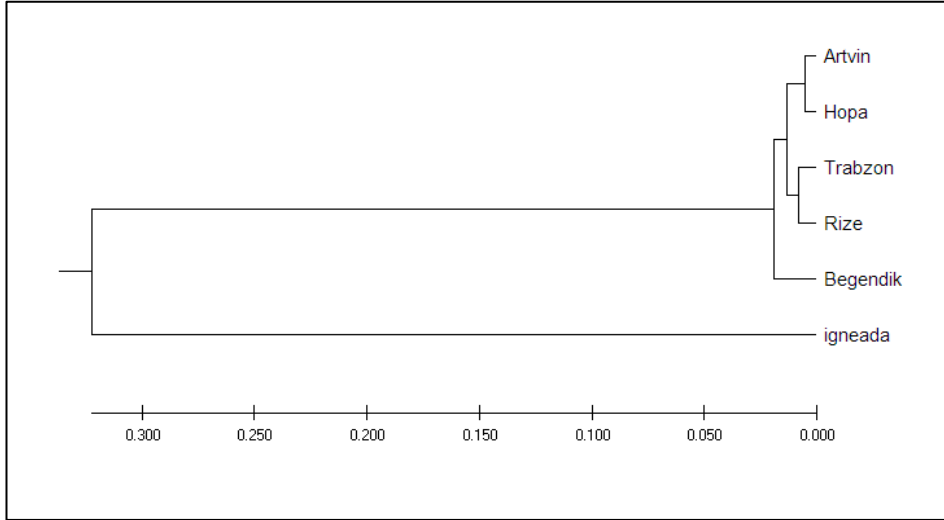
Çizelge 4.6. *ND5* geni genetik uzaklık ( $\gamma_{ST}$ ) değerleri ile lokalitelerin ikişerli karşılaştırmaları

Lokalite çiftleri	ND5
	$\text{Gamma}_{ST}$
Artvin-Beğendik	0,05060
Artvin-Hopa	0,01055
Artvin-İğneada	0,61709
Artvin-Rize	0,03942
Artvin-Trabzon	0,01494
Beğendik-Hopa	0,03320
Beğendik-İğneada	0,78289
Beğendik-Rize	0,03656
Beğendik-Trabzon	0,03320
Hopa-İğneada	0,59441
Hopa-Rize	0,03269
Hopa-Trabzon	0,01961
İğneada-Trabzon	0,53943
Rize-İğneada	0,68961
Trabzon-Rize	0,01593





Analizler sonucunda, *Ae. albopictus*'un mtDNA *ND5* geni haplotip frekanslarına dayalı  $\Gamma_{ST}$  ikili karşılaştırma değerleri kullanılarak MEGA programıyla lokalitelerin genetik uzaklıklarını gösteren UPGMA uzaklık ağaçları oluşturulmuş ve Şekil 4.3'de verilmiştir.



Şekil 4.3. Örnekleme lokalitelerine göre mtDNA *ND5* geni haplotip frekanslarının  $\Gamma_{ST}$  ikili karşılaştırma değerlerine dayalı UPGMA uzaklık ağacı

*Aedes albopictus* türünün örneklendiği 6 lokaliteden elde edilen mtDNA *ND5* geni verilerine göre oluşturulan UPGMA uzaklık ağacında 4 grup ortaya çıkmıştır. Bu gruplandırmaya göre Grup 1: Artvin ve Hopa, Grup2: Rize ve Trabzon, Grup3: Beğendik; Grup 4 ise İğneada popülasyonlarından oluşmaktadır. Doğu Karadeniz bölgesi popülasyonları, Beğendik ve İğneada popülasyonlarına göre daha beklenildiği şekilde daha yakın konumlanmıştır.

#### 4.6. Populasyonlar Arası Gen Akışı

Gruplar arasında  $\gamma_{ST}$  ye dayalı olarak hesaplanan gen akışının göstergesi, Nm değeri 0,07 ile 23,45 arasında değişmiştir (Çizelge 4.7). Birbirlerine genetik olarak en çok benzeyen Artvin ile Hopa arasındaki gen akışının en yüksek değer olduğu bulunmuştur ( $Nm > 1$ ). Gruplar arasında tespit edilen en düşük gen akışı ise genetik olarak diğer popülasyonlara en uzak olan İğneada ve diğer lokaliteler arasında olduğu bulunmuştur.

Çizelge 4.7. Populasyonlar arasında gen akışının  $\gamma_{ST}$  değeri üzerinden hesaplanan Nm değerleri

Lokalite çiftleri	ND5
	Nm
Artvin-Beğendik	4,69
Artvin-Hopa	23,45
Artvin-İğneada	0,16
Artvin-Rize	6,09
Artvin-Trabzon	16,49
Beğendik-Hopa	7,28
Beğendik-İğneada	0,07
Beğendik-Rize	6,59
Beğendik-Trabzon	7,28
Hopa-İğneada	0,17
Hopa-Rize	7,40
Hopa-Trabzon	12,50
İğneada-Trabzon	0,21
Rize-İğneada	0,11
Trabzon-Rize	15,45

#### 4.7. Populasyonların Genetik Yapısı

*Aedes albopictus*'un ND5 gen bölgesine ait elde edilen UPGMA dendogramına dayanarak oluşturulan gruplar ile yapılan AMOVA sonucunda gruplar arasında, grupları oluşturan populasyonlar arasında ve populasyonlar içinde olmak üzere üç düzeyde varyasyon tespit edilmiştir. Buna göre, gruplar arasındaki varyasyon bütün varyasyonun % 39.85'ini ( $p>0.05$ ), grup içerisindeki populasyonlar arasındaki varyasyon ise % 60.72'sini ( $p<0.05$ ) oluşturmaktadır (Çizelge 4. 8). Bu sonuçlar, mevcut varyasyonun gruplar arasındansa, populasyonlar içerisinde ve grupların içerisindeki populasyonlar arasında daha anlamlı olduğunu ortaya koymaktadır.

Çizelge 4.8. Populasyonlar arasında varyans analizi (Grup sayısı:4; Grup 1: Artvin ve Hopa; Grup2: Rize ve Trabzon; Grup3: Beğendik; Grup 4: İğneada)

<i>Aedes albopictus</i>	Varyasyon	Varyasyon Yüzdesi	Fiksasyon İndeksi	P
<b>Gruplar Arasında</b>	-0.00181	-0.57	-0.00566 $F_{CT}$	0.60297
<b>Grup İçi Populasyonlar Arasında</b>	0.19440	60.72	0.60379 $F_{SC}$	0.0000
<b>Populasyonlar İçinde</b>	0.12757	39.85	0.60155 $F_{ST}$	0.0000

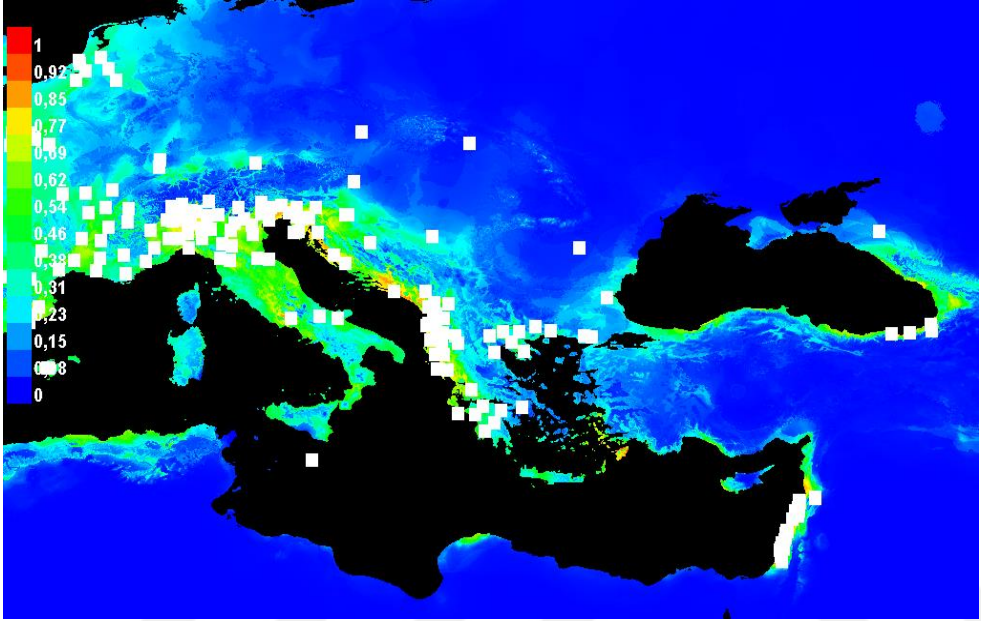
#### 4.8. Niş Modelleme Analizleri

Yapılan analizler sonucunda türün yayılışında en etkili değişkenlerin BİO12 (Yıllık yağış) (%60.2), BİO6 (En soğuk aydaki minimum sıcaklık) (%9.5) ve BİO19 (En soğuk çeyrekteki yağış) (%7.3) olduğu saptanmıştır. Diğer değişkenlere ait katkılar ve bu analizde dikkate alınan permütasyon değerleri Çizelge 4.9’da sunulmuştur.

Çizelge 4.9 *Aedes albopictus*’un yayılışına etki eden değişkenler ve katkı oranları

Değişkenler	Katkı (%)
Yıllık yağış	60.2
En soğuk aydaki minimum sıcaklık	9.5
En soğuk çeyrekteki yağış	7.3
En ılık çeyrekteki yağış	5.7
En soğuk çeyrekteki (15 gün) ortalama sıcaklık	6.4

Diğer yandan haritada görüleceği üzere (Şekil 4.4) türün yayılışının öngörüldüğü alanların bir çoğunda türün yayılışı zaten mevcuttur. Bu alanların yanında türün Batı ve Orta Karadeniz kıyı şeridi boyunca, Kıbrıs’ın güneyinde, Yunan adalarında, İtalya’nın Sicilya Adası’nda, Tunus ve Cezayir kıyılarında yayılış gösterebileceği öngörülmektedir. İklimsel değişimlere bağlı olarak *Ae. albopictus*’un Türkiye’nin iç bölgelerine doğru hem Ege hem de Akdeniz bölgelerinden giriş yapabileceği olası görülmektedir.



Şekil 4.4. *Aedes albopictus*'un biyoklimatik değişkenler kullanılarak öngörülen yayılış alanları (Daha sıcak renkler türün bulunma ihtimalinin yüksek olduğu alanları, beyaz kareler günümüzde yerleşik mevcut populasyonları göstermektedir).

## 5. TARTIŞMA VE SONUÇ

*Aedes albopictus* oldukça önemli olan çeşitli arbovirüslere vektörlük yapabilmesi ve yüksek uyum yeteneğiyle dünyanın hemen hemen tüm bölgelerine yayılmış olmasıyla en önemli sivrisinek türlerinden biri olarak kabul edilmektedir. Bu nedenle de her bölgede başlıca mücadele edilmesi gereken tehlikeli organizma olarak değerlendirilmektedir. *Aedes albopictus*'un diğer pek çok sivrisineğe göre bu özel durumu, hem etkili oldukları hastalıkların kontrolü hem de vektör olarak mücadelesi anlamında katkı sağlayacak her çeşit bilgiye gereksinme duyulmaktadır. Dolayısıyla da bu bilgilerin elde edilmesi gerekliliği, türün en çok araştırmaya konu olan sivrisinek türlerinden biri olmasını sağlamıştır. Arbovirüs vektörlüğü bilindiğinden farklı virüsler açısından dünyanın birçok bölgesindeki popülasyonlar taranmıştır. Batı Nil, Sarı Humma, Japon Ensafilit, Rift Vadisi ateşi, Chikungunya, Dengue ve Zika virüslerine dünyanın çeşitli coğrafyalarında *Ae. albopictus* vektörlük yapabilmektedir (Mitchell vd., 1998; Gratz, 2004; Tilston vd., 2008; Paupy vd., 2010; Grard vd., 2014; Benelli, 2016; Kamal vd., 2018). Avrupa'da geniş bir coğrafik alana yayılım yaptıktan sonra en son olarak Batı Avrupa'da Yunanistan'dan tespit edilmiştir (Patsoula vd., 2006). Ülkemiz de ise türün ilk kaydı Trakya bölgesinden yapılmıştır (Oter vd., 2013). İlk yerleşik popülasyonları da ancak 2016 yılında tespit edilmiştir (Akıner vd., 2016) Bu nedenle de türün arbovirüs vektörlüğüne dair yeterli bilgi sağlayacak popülasyonlar düzeyinde çok fazla araştırma yapılmamıştır. Akıner vd. (2019)'nin Karadeniz Bölgesi popülasyonlarında yapmış oldukları çalışma ilk araştırma olup *Ae. albopictus* popülasyon örneklerinde Batı Nil virüsü tespit edilmiştir. Batı Nil virüsü ülkemizde daha önce yapılmış olan başka araştırmalarda diğer sivrisinek türlerinde de tespit edilmiştir (Ergunay vd., 2013; 2017). Ancak, Chikungunya, Dengue ve Zika virüsleri *Ae. albopictus*'un vektörlüğünü yaptığı çok daha önemli ve tehlikeli virüslerdir. Ülkemizde bu virüslere *Ae. albopictus*'un vektörlüğüne dair bilgi olmasa da hem bu virüsler ve Batı Nil virüsüne yapabildikleri vektörlük açısından ülkemizde potansiyel bir tehlike olarak değerlendirilmelidir. Dolayısıyla sürekli takip edilmesi ve popülasyon düzeyinde araştırmaların yapılması gereken bir sivrisinek olarak kabul edilmelidir. Günümüzde tespit edilen popülasyonlar her geçen gün artmaktadır ve türün hızla Türkiye'nin pek çok bölgesine yayılmakta olduğu kabul edilmektedir. Bu açıdan en önemli sonuçları Dünya ve Avrupa ölçeğinde *Ae. albopictus*'un dağılım modellerini ortaya koyan araştırmacılar

sağlamıştır (Anderson ve Peterson, 2003; Benedict vd., 2007; Pech-May vd., 2016, Kamal, 2018). Diğer önemli araştırmalar ise *Aedes albopictus*'un populasyon genetiği üzerine olan araştırmalardır (Kambhampati ve Rai, 1991; Maia vd., 2009 Zawani vd., 2014; Pech-May vd., 2016). Bu araştırmalar ile türün yerleşim yaptığı pek çok populasyonun genetik farklılıkları, çeşitlilikleri ve populasyonlar arası bağlantıları ortaya konulmaya çalışılmıştır.

Bu araştırmada, *Ae. albopictus* türünün yayılış yaptığı tespit edilen coğrafik bölgelerde yapılan alansal çalışmalar ile populasyon örneklemeleri yapılmıştır. Trakya Bölgesi'nde, İğneada ve Beğendik populasyonlarından, Karadeniz Bölgesi'nde Artvin, Hopa, Rize ve Trabzon olmak üzere toplam 6 populasyondan örnekler elde edilmiş ve bu örneklerle moleküler çalışmalar ve analizler gerçekleştirilmiştir. Ayrıca, türün dağılım lokalitelerine göre Türkiye için ekolojik niş modellemesi analiziyle hangi bölgelerimizin özellikle risk altında olabileceği öngörülme çalışılmıştır.

*Aedes albopictus*'un Türkiye'den örneklenen populasyonlarda tür içi genetik çeşitliliğini ortaya koyabilmek amacıyla tür içi polimorfizmi yüksek olan mtDNA *ND5* ve *COI* gen bölgeleri dizi verilerinden yararlanılmıştır. Her biri farklı lokalitelerden ve sayılardan olmak üzere toplamda 96 bireyin DNA'sından *COI* ve *ND5* gen bölgeleri çoğaltılmıştır. Dizi analizleri sonucunda 89 örnek *COI* dizisi verisi ve 92 adet *ND5* dizi verisi analizlerde kullanılmıştır. *COI* dizileri 585 baz çiftlik, *ND5* dizileri ise 364 baz çiftlik veri setinden oluşmuştur. *COI* dizileri yeterli farklılık göstermediğinden hem örneklenen populasyonlar hem de diğer ülkelerin populasyonları ML ağacında ayrışma göstermemiştir. Oysa, *Ae. albopictus*'un dağılım yaptığı Karadeniz ve Marmara bölgelerinde *ND5* gen bölgesi için 5 haplotip belirlenmiştir. Tespit edilen bu haplotip dizileri 4 polimorfik, 2 parsimoni informatif bölgeden oluşmaktadır. Haplotiplerden Hap1 (% 78.26) ve Hap2 (% 18.47) yüksek frekansa sahip olan haplotiplerdir. En yüksek frekansa sahip olan Hap1, 6 lokalitenin tamamında bulunmaktadır. İkinci yüksek frekansa sahip olan Hap2, Artvin, Hopa, İğneada ve Trabzon populasyonlarında bulunmaktadır. Haplotip 3 (%1,08) sadece Hopa, Haplotip 4 (%1,08) sadece Trabzon, Haplotip 5 (%1,08) ise sadece Rize populasyonlarında bulunmaktadır. Dolayısıyla haplotip çeşitliliği açısından örneklenen populasyonların düşük çeşitliliğe sahip oldukları ifade edilebilir. Bu sonucu, lokalitelerin genetik uzaklıklarını gösteren *ND5* geni haplotip frekanslarına dayalı

Gamma<sub>ST</sub> ikili karşılaştırma değerlerine dayalı da desteklemektedir. Elde edilen UPGMA uzaklık ağacına göre Artvin, Hopa, Rize ve Trabzon popülasyonları Beğendik ve İğneada popülasyonlarına göre daha az farklılaşmış popülasyonlardır. Gruplar arasında  $\gamma_{ST}$  ye dayalı olarak hesaplanan gen akışının göstergesi, Nm değeri 0,07 ile 23,45 arasında değişmiştir. Birbirlerine genetik olarak en çok benzeyen Artvin ile Hopa arasındaki gen akışının en yüksek değer olduğu bulunmuştur (Nm > 1). Gruplar arasında tespit edilen en düşük gen akışı ise genetik olarak diğer popülasyonlara en uzak olan İğneada ve diğer lokaliteler arasında olduğu bulunmuştur. Mousson vd., (2005), Vietnam, Fransa, Brezilya, Madagaskar, Tayland, Amerika Birleşik Devletleri ve Kolombiya'nın farklı bölgelerinden elde edilen *Ae. albopictus* örneklerinin mtDNA *ND5*, *COI* ve *Cytb* bölgelerinin dizi verileri ile filocoğrafyası yapmışlardır. Araştırmada kullanılan *ND5*, *COI* gen bölgesi dizilerinin *Cytb* gen bölgesi dizilerine göre polimorfizm oranlarının düşük olduğu göstermişlerdir. Araştırmacılar *Ae. albopictus* filogenisinde *Cytb* gen bölgesinin analizlerde daha fazla bilgi sağladığını göstermişlerdir. Pech-May vd., (2016), Meksika'da yaptıkları çalışmada *Aedes albopictus* türünün 7 popülasyonunda *Cytb* dizilerini kullanarak popülasyonların genetik yapısını analiz etmişler ve 25 haplotip tespit etmişlerdir. Buna karşılık, Zawani vd., (2014)'nin Malezya'da *Ae. albopictus*'un popülasyonlarının genetik özelliklerinin belirlenmesi için gerçekleştirdikleri araştırmada ise *mtCOI* gen bölgesi için 9 popülasyonda 37 haplotip belirlenmiştir. Dokuz farklı popülasyonda 77 örneğin analizi sonucunda haplotip sayısı fazla olmakla birlikte popülasyonların genetik varyasyonu çok düşük bulunmuştur. Popülasyonlar arası genetik varyasyonun düşük olmasını da, *Ae. albopictus*'un yüksek yayılma yeteneğine ve dolayısıyla da popülasyonlar arası yüksek gen akışının olmasına bağlamışlardır. Araştırdığımız popülasyonlarda da benzer bir sonuç görünmektedir. Özellikle yakın olan popülasyonlarda gen akışı çok yüksek olduğundan farklılaşma henüz oluşmamış ve farklı haplotipler de bulunmamıştır.

Günümüzde, *Ae. albopictus*'un popülasyon genetiği kapsamında elde edilen mevcut genetik verinin tek başına türe ait popülasyonların dağılım örüntüsünün anlaşılabilmesi ve doğru yorumlanabilmesi açısından yeterli olmadığı bilinmektedir. Çünkü mevcut genetik yapının dışında iklimsel parametrelerden antropojenik faktörlere kadar pek çok değişken *Ae. albopictus* gibi vektörlerin dağılımını etkilemektedir. Bu nedenle de *Ae. albopictus*'un dağılım modelleri ile



populasyonların mevcut durumu ve gelecekteki olası durumunun nasıl olacağına dair pek çok analiz yapılmış ve yapılmaktadır (Benedict vd., 2007; Kraemer vd., 2015a,b; Pech-May vd., 2016, Kamal 2018). Bu modellerin ortak sonucu küresel iklim değişikliğine bağlı olarak *Ae. albopictus* gibi önemli vektör türlerin Dünya genelinde yayılım alanlarını her geçen gün arttırmasıdır. *Ae. albopictus*'un dağılım modelleri de ülkemizin özellikle kıyısal bölgelerinin önemli risk altında olduğunu göstermektedir. Ülkemizdeki alansal populasyon çalışmaları da bu sonuçları desteklemektedir ve *Ae. albopictus*'un her geçen gün yeni bir yerleşik populaasyonu tespit edilmektedir.

Fischer vd., (2014), Avrupa'da *Aedes albopictus* türünün bulunduğu lokalitelere göre iklimsel parametrelerden yararlanarak oluşturdukları dağılım modeline göre ülkemizin Marmara ve Ege bölgeleri türün yayılım yapabileceği alanlar olarak belirtilmiştir. Bu çalışmada kapsamında bir ön çalışma olarak gerçekleştirilen niş modelleme çalışmasından elde edilen sonuçlar da Fischer vd., (2014) ve Kraemer vd., (2015a,b)'nin elde ettikleri sonuçlarla örtüşmektedir ve Türkiye'nin özellikle de sahil kesimleri yüksek risk altında görülmektedir.

Gerçekleştirilen bu araştırma ile gerek populasyon genetiği gerekse de niş modellemesi kapsamında elde edilmiş sonuçlar, ülkemize henüz yeni yerleşmeye başlayan *Ae. albopictus* türünün populasyonlarının tespiti, genetik populasyon özelliklerinin belirlenmesi ve türün ülkemizde olası potansiyel yayılım alanlarının ortaya çıkarılması ve mücadele çalışmaları açısından önemli bir veri setinin oluşturulmasına katkıları sağlayacaktır. Ancak, çalışmamız ile elde edilen sonuçlar ilkin sonuçlardır ve geliştirilerek daha kapsamlı olarak yeni araştırmaların yapılmasıyla daha doğru ve kullanışlı sonuçlara da ulaşılabileceği açıktır.



## 6. KAYNAKLAR

- Adhami, J., Murati, N. 2007. Presence of the mosquito *Aedes albopictus* in Albania. **Rev. Mjebesore**, 1: 13–16.
- Akmer, M.M., Öztürk, M., Başer, A.B., Günay, F., Hacıoğlu, S., Brinkmann, A. 2019. Arboviral screening of invasive *Aedes* species in northeastern Turkey: West Nile virus circulation and detection of insect-only viruses. **PLoS Negl Trop Dis.** [Electronic Journal]. 13(5): e0007334. [https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007334]
- Akmer, M. M., Demirci, B., Babuadze, G., Robert, V., Schaffner, F., 2016. Spread of the Invasive Mosquitoes *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in the Black Sea Region Increases Risk of Chikungunya, Dengue and Zika Outbreaks in Europe. **PLoS Negl. Trop. Dis.** [Electronic Journal]. 10(4):e0004664. [https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004664].
- Akpan, G.E., Adepoju, K.A, Oladosu, O.R., Adelabu, S.A. (2018) Dominant malaria vector species in Nigeria: Modelling potential distribution of *Anopheles gambiae sensu lato* and its siblings with MaxEnt. **PLoS ONE** [Electronic Journal]. 13(10): e0204233. [https://doi.org/10.1371/journal.pone.0204233].
- Alten, B., Kempen, H., Fontenille, D., 2007. Malaria in Southern Europe: resurgence from the past? In: Takken W, Knols BGJ, editors. *Emerging Pests and Vector-Borne Diseases in Europe*. Wageningen University Press. p. 35-57, The Netherlands.
- Anderson, R.P., Lew, D., Peterson, A.T. 2003. Evaluating predictive models of species distributions: criteria for selecting optimal models. **Ecol. Model.**, 162: 211–232.
- Anna, P. 2019. Emerging arboviruses of medical importance in the Mediterranean region. **Journal of Clinical Virology**, 115: 5–10.
- Avise, J.C. 1994 . *Molecular Markers, Natural History and Evolution*, Chapman and Hall, 760, London.

- Azari-Hamidian, S., Norouzi, B., Harbach, R.E. 2019. A detailed review of the mosquitoes (Diptera: Culicidae) of Iran and their medical and veterinary importance. **Acta Tropica**, 194: 106–122.
- Beasley, D.W., Barrett A.D., Tesh, R.B. 2013. Resurgence of West Nile neurologic disease in the United States in 2012: what happened? What needs to be done?. **Antiviral Res.**, 99, 1-5.
- Beaty, B.J., Marquardt, W.C., 1996. *The Biology of Disease Vectors*. 450, University Press of Colorado, USA.
- Becker, N., Geier, M., Balczun, C., [SEP]Bradersen, U., Huber, K., Kiel, E., Krüger, A., Lühken, R., Orendt, C., Plenge-Bönig, A., Rose, A., Schaub, G.A., Tannich, E. 2013. Repeated introduction of *Aedes albopictus* into Germany. **Parasitol Res.**, 112:1787–1790.
- Becker, N., Petric, D., Zgomba, M., Boase, C., Dahl, C., Lane, J., Kaiser, A. 2003. *Mosquitoes and Their Control*. Kluwer Academic, Plenum publishers, USA.
- Benedict, M.Q., Levine, R.S., Hawley, W.A., Lounibos, L.P. 2007. Spread of the tiger: global risk of invasion by the mosquito *Aedes albopictus*. **Vector-Borne Zoonotic Dis.**, 7: 76–85.
- Benelli, G., 2016. Spread of Zika Virus: The Key Role of Mosquito Vector Control. **Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine**. 6(6): 468-471.
- Birungi, J., Munstermann, L.E. 2002. Genetic structure of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) populations based on mitochondrial ND5 sequences: evidence for an independent invasion into Brazil and the United States. **Ann. Entomol. Soc. Am.**, 95: 126–132.
- Bonizzoni, M., Gasperi, G., Xiao Guang, C., Anthony, A.J. 2013. The invasive mosquito species *Aedes albopictus*: current knowledge and future perspectives **Trends Parasitol.**, 29(9): 460–468.

- Brown, J. L. (2014). SDMtoolbox: a python- based GIS toolkit for landscape genetic, biogeographic and species distribution model analyses. **Methods in Ecology and Evolution**, 5(7), 694-700.
- Burke, T. 1998. Special Issue – Phylogeography. **Mol. Ecol.**, 7: 367–545.
- Calistri, P., Zientara, S., Zeller, H., Murgue, B. 2010. Epidemiology of West Nile in Europe and in the Mediterranean Basin. **Open Virol J.**, 4, 29-37.
- Clement, M., Posada, D., Crandall, K.A. 2000. TCS: a computer programme to estimate gene genalogies. **Molecular Ecology**, 9: 1657–1660.
- Dalla Pozza, G.L., Romi, R., Severini, C. 1192. First record of *Aedes albopictus* establishment in Italy. **J Am Mosq Control Assoc**, 8: 318–320.
- De Jong, L., Moreau, X., Dalia, J., Coustaub, C., Thiery, A. (2009). Molecular characterization of the invasive Asian tiger mosquito, *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* (Diptera: Culicidae) in Corsica. **Acta Tropica**, 112: 266-269.
- Delatte, H., Gimonneau, G., Triboire, A., Fontenille, D. 2009. Influence of temperature on immature development, survival, longevity, fecundity, and gonotrophic cycles of *Aedes albopictus*, vector of chikungunya and dengue in the Indian Ocean. **J. Med Entomol.**, 46(1): 33–41.
- Di Luca, M., Toma, L., Severini, F., Boccolini, D., D’Avola, S., Todaro, D., Stancanelli, A., Antoci, F., La Russa, F., Casano, S., Sotera, S..D., Carraffa, E., Versteirt, V., Schaffner, F., Romi, R., Torina, A. 2017. First record of the invasive mosquito species *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* (Diptera: Culicidae) on the southernmost Mediterranean islands of Italy and Europe **Parasites and Vectors**, 10: 543.
- Dusfour, I., Blondeau, J., Harbach, R.E., Vythilingham, I., Baimai, V., Trung, H.D., Sochantá, T., Bangs, M.J., Manguin, S., 2007. Polymerase chain reaction identification of three members of the *Anopheles sudaicus* (Diptera: Culicidae) complex, malaria vectors in Southeast Asia. **J. Med. Entomol.**, 44:723–731.

- Ergunay, K., Gunay, F., Oter, K., Kasap, O. E., Orsten, S., Akkutay, A. Z., vd. 2013. Arboviral surveillance of field-collected mosquitoes reveals circulation of West Nile virus lineage 1 strains in Eastern Thrace, Turkey. **Vector Borne Zoonotic Dis.**13:744–52.
- Ergunay, K., Litzba, N., Brinkmann, A., Günay, F., Sarıkaya, Y., Kar, S., Örsten, S., Öter, K., Domingo, C., Kasap, Ö. E., Özkul, A., Mitchell, L., Nitsche, A., Alten, B., Linton, Y. M., 2017. Co-circulation of West Nile virus and distinct insect-specific flaviviruses in Turkey. **Parasites & Vectors.** 10:149-158.
- European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority. Mosquito maps [internet]. Stockholm: ECDC; 2019. Erişim: [<https://ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/surveillance-and-disease-data/mosquito-maps>].
- Excoffier, L., Laval, G., Schneider, S., 2006. Arlequin v.3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. **Evol. Bioinform.** 1:47-50.
- Excoffier, L., Smouse, P.E., Quattro, J.M., 1992. Analyses of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics**, 131:479-491.
- Fischer, D., Thomas, S.M., Neteler, M., Tjaden, N.B., Beierkuhnlein, C. 2014. Climatic suitability of *Aedes albopictus* in Europe referring to climate change projections: comparison of mechanistic and correlative niche modelling approaches . **Euro Surveill.**, 19: pii=20696.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., Vrijenhoek, R., 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. **Mol. Mar. Biol. Biotechnol.** 3, 294–299.
- Francy, D.B., C.G., Moore, D., Eliason, A. 1990. Past, present and future of *Aedes albopictus* in the United States. **J. Am. Mosq. Control Assoc.** 6:127-132.

- Gatt, P., Deeming JC, Schaffner F. 2009. First record of *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* (Skuse) (Diptera: Culicidae) in Malta. **Eur. Mosq. Bull.**, 27: 56–64.
- Giatsopoulos, A., Emmanouel, N., Koliopoulos, G., Michaelakis, A. 2012. A study on distribution and seasonal abundance of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) population in Athens, Greece. **J Med Entomol.**, 49(2) :262-9.
- Goswami, G., Singh, O.P., Nanda, N., Raghavendra, K., Gakhar, S.K., Subbarao, S.K., 2006. Identification of all members of the *Anopheles culicifacies* complex using alel specific polymerase chain reaction assays. **Am. J. Trop. Med. Hyg.**,75: 454–460.
- Grard, G., Caron, M., Mombo, I.M., Nkoghe, D., Mboui, O.S., Jiolle, D. 2014. Zika virus in Gabon (Central Africa)—2007: a new threat from *Aedes albopictus*?. **PLoS Negl Trop Dis** 8: e2681.
- Gratz, N.G. 2004. Critical review of the vector status of *Aedes albopictus*. **Med Vet Entomol.**, 18: 215–227.
- Günay, F. 2015. Türkiye Sivrisinek Faunası Üzerine DNA Barkodlama Yöntemiyle Moleküler Analizler. Hacettepe Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, Ankara.
- Hall, T.A. 1999. Bioedit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98)NT. **Nucl. Acids. Symp. Ser.**, 41:95-98.
- Harbach, R.E. 2018. Mosquito taxonomic inventory. Erişim: 25.07.2018. [<http://mosquito-taxonomic-inventory.info/>].
- Harbach, R.E., Kitching L.J. 2005. Reconsideration of anopheline mosquito phylogeny (Diptera: Culicidae: Anophelinae) based on morphological data. **Syst Biodiversit**, 3: 345-374.
- Hijmans, R.J., Cameron, S.E., Parra, J., Peter, A., Jones, G., Arvis, J. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. **International Journal of Climatology**, 25: 1965–1978.

- Jarne, P. and Lagoda, J.L. 1996. Microsatellites, from molecules to populations and back. **Trends Ecol. Evol.**, 11: 424–429.
- Kalaycioglu, H., Korukluoglu, G., Ozkul, A., Oncul, O., Tosun, S., Karabay, O., 2012. Emergence of West Nile virus infections in humans in Turkey, 2010 to 2011. **Euro Surveill.** 17(21):201-208.
- Kamal, M., Kenawy, M.A., Rady, M.H., Khaled, A.S., Samy, A.M., 2018. Mapping the global potential distributions of two arboviral vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus* under changing climate. **PlosONE** 13 (12) e0210122. [Electronic Journal], [<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0210122>]
- Kambhampati, S.W.C., 1995. A phylogeny of cockroaches and related insects based on DNA sequence of mitochondrial ribosomal RNA genes. **Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.**, 92: 2017-2020.
- Kambhampati, S.W.C., Black, K., Rai, K.S., Sprenger, D. 1990. Temporal variation in genetic structure of a colonising species: *Aedes albopictus* in the United States. **Heredity**, 64: 281-287.
- Kambhampati, S.W.C., Rai, K.S., (1991). Mitochondrial DNA variation within and among populations of the mosquito *Aedes albopictus*. **Genome**, 34(2): 288-292.
- Kamgang, B., Nchoutpouen, E., Simard, F., Christophe, P. 2012. Notes on the blood-feeding behavior of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Cameroon. **Parasit. Vectors.**, 5:57-61.
- Kraemer, M.U.G., Sinka, M.E, Duda, K.A., Mylne, A.Q.N., Shearer, F.M., Barker, C.M. 2015a. The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. Albopictus*. **Elife**, 4:1–18.
- Kraemer, M.U.G., Sinka, M.E, Duda, K.A., Mylne, A.Q.N., Shearer, F.M., Barker, C.M. 2015b. The global compendium of *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus* occurrence. **Science** 2:, doi:<http://dx.doi.org/10.1038/sdata.2015.35>.



- Krzywinski, J., Besansky, N.J., 2003. Molecular systematics of Anopheles: from subgenera to subpopulations. **Annu. Rev. Entomol.**, 48: 111–139.
- Krzywinski, J., Grushko, O.G., Besansky, N.J., 2006. Analysis of the complete mitochondrial DNA from *Anopheles funestus*: an improved dipteran mitochondrial genome annotation and a temporal dimension of mosquito evolution. **Mol. Phylogenet. Evol.**, 39: 417–423.
- Krzywinski, J., Li, C., Morris, M., Jan, E., Conn, J.E., Lima, J.B., Povoas, M.M., Wilkerson, R.C., 2011. Analysis of the evolutionary forces shaping mitochondrial genomes of a neotropical malaria vector complex. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, 58: 469–477.
- Krzywinski, J., Wilkerson, R.C., Besansky, N.J., 2001. Evolution of mitochondrial and ribosomal gene sequences in Anophelinae (Diptera: Culicidae): implications for phylogeny reconstruction. **Mol. Phylogenet. Evol.**, 18: 479–487.
- Kumar, S., Tamura, K., Nei, M., 2004. Mega 3: integrated software for molecular evolutionary genetics analyses and sequence alignment. **Briefings in Bioinformatics**, 5: 150-163.
- Lambrechts, L., Scott, T.W., Gubler, D.J. 2010. Consequences of the Expanding Global Distribution of *Aedes albopictus* for Dengue Virus Transmission. **PLoS Negl Trop Dis.**, 4 (5): e646. doi:10.1371/journal.pntd.0000646.
- Leshem, E., Bin, H., Shalom, U., Perkin, M., Schwartz, E. 2012. Risk for Emergence of Dengue and Chikungunya Virus in Israel *Emerg Infect Dis.*, (2): 345–347.
- Loaiza, J.R., Scott, M.E., Bermingham, E., Rovira, J., Conn, J.E., 2010. Evidence for pleistocene population divergence and expansion of *Anopheles albimanus* in Southern Central America. **Am. J. Trop. Med. Hyg.**, 82: 156–164.

- Maia, R.T., Scarpassa, V.M., Maciel-Litaiff, L.H., Tadei, W.P., 2009. Reduced levels of genetic variation in *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) from Manaus, Amazonas state, Brazil based on the analyses of the mitochondrial DNA ND5 gene. *Genetics and Molecular Research*, 8 (3): 998-1007.
- Marfurt, J., Smith, T.A., Hastings, I.M., Muller, I., Sie, A., Oa, O., Baisor, M., Reeder, J.C., Beck, H.P., Genton, B. 2010. *Plasmodium falciparum* resistance to anti-malarial drugs in Papua New Guinea: evaluation of a community-based approach for the molecular monitoring of resistance. **Malar J.**, 9:8.
- Marshall, J.C., Powell, J.R., Caccone, A. 2005. Short report: Phylogenetic relationships of the anthropophilic *Plasmodium falciparum* malaria vectors in Africa. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 73: 749-752.
- Marshall, T.C. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity in natural populations. **Mol. Ecol.**, 7: 639–656.
- Mitchell CJ, Haramis LD, Karabatsos N, Smith GC, et al. Isolation of La Crosse, Cache Valley. 1998. Potosi viruses from *Aedes* mosquitoes (Diptera: Culicidae) collected at used-tire sites in Illinois during 1994–1995. **J Med Entomol.**, 35: 573–577.
- Mitchell, C. J., 1995. Geographic Spread of *Aedes albopictus* and Potential for Involvement in Arbovirus Cycles in the Mediterranean Basin. **Journal of Vector Ecology**, 20 (1): 44-58.
- Mohanty, A., Swain, S., Kar, S.K., Hazra, R.K. 2009. Analysis of the phylogenetic relationship of *Anopheles* species, subgenus *Cellia* (Diptera: Culicidae) and using it to define the relationship of morphologically similar species. *Infect Genet Evolution*, 9: 1204-1224.
- Moreno, M., Marinotti, O., Krzywinski, J., Tadei, W.P., James, A.A., Achee, N.L., Conn, J.E., 2010. Complete mtDNA genomes of *Anopheles darlingi* and an approach to Anopheline divergence time. **Malaria J.**, 9:127.

- Mousson, L., Dauga, C., Garrigues, T., Schaffner, F., Vazeillp, M., Faillou, A.B. 2005. Phylogeography of *Aedes (Stegomyia) aegypti* (L.) and *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse) (Diptera : Culicidae) based on mitochondrial DNA variations. **Genet. Res. Camb.**, 86: 132-156.
- Namountougou, M., Diabaté, A., Etang, J., 2012. First report of the L1014S kdr mutation in wild populations of *Anopheles gambiae* M and S molecular forms in Burkina Faso (West Africa). **Acta Trop.** 125: 123-127.
- Nei, M. (1987) Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceedings of the National Academy of Sciences, 3321, USA
- Oter, K., Gunay, F., Tuzer, E., Linton, Y.-M., Bellini, R., Alten, B. 2013. First record of *Stegomyia albopicta* in Turkey determined by active ovitrap surveillance and DNA barcoding. **Vector Borne Zoonotic Dis.**, 13: 753–761.
- Padillaa, P., Wilson, R., Toulkeridisa, M.T. 2017. Modeling of the ecological niches of the anopheles spp in ecuador by the use of geo-informatic tools. **Spatial and Spatio-Temporal Epidemiology**, 21: 1-11.
- Pampiglione, S., Rivasi, F., Angeli, G., Boldorini, R., Incensati, R.M., Pastormerlo M. 2001. Dirofilariasis due to *Dirofilaria repens* in Italy, an emergent zoonosis: report of 60 new cases. **Histopathology**, 38(4): 344-54.
- Patsoula, E., Samanidou-Voyadjoglou, A., Spanakos, G., Kremastinou, J., Nasioulas, G., Vakalis, N. C., 2007. Molecular characterization of the *Anopheles maculipennis complex* during surveillance for the 2004 Olympic Games in Athens. **Med. Vet. Entomol.** 21(1):36-43.
- Patsoula, E., Samanidou-Voyadjoglou, A., Spanakos, G., Kremastinou, J., Nasioulas, G., Vakalis, N.C. 2006. Molecular and morphological characterization of *Aedes albopictus* in northwestern Greece and differentiation from *Aedes cretinus* and *Aedes aegypti*. **J. Med. Entomol.** 43: 40-54.

- Paupy, C., Ollomo, B., Kamgang, B., Moutailler, S., Rousset, D., Demanou, M. 2010. Comparative role of *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* in the emergence of Dengue and Chikungunya in Central Africa. **Vector Borne Zoonotic Dis.**, 10: 259–266.
- Pech-May, A., Moo-Llanes, D., Puerto-Avila, M.B., Casas, M., Danis-Lozano, R., Ponce, G. 2016. Population Genetics and Ecological niche of invasive *Aedes albopictus* in Mexico. **Acta Tropica** 157: 30-41.
- Phillips, S.J., Anderson, R.P., Schapire, R.E. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. **Ecol Model.**, 190: 231-59. <sup>[1]</sup> <sub>[SEP]</sub>
- Ponlawat, A., Harrington, L.C. 2005. Blood feeding patterns of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in Thailand. **J. Med Entomol.**, 42(5):844–9.
- Rai, K.S. 1991. *Aedes albopictus* in the Americas. **Annu. Rev. Entomol.**, 36: 459-484.
- Reidenbach, K.R., Cook, S., Bertone, M.A., Harbach, R.E., Wiegmann, B.M., Besansky, N.J. 2004. Phylogenetic analysis and temporal diversification of mosquitoes (Diptera: Culicidae) based on nuclear genes and morphology. **BMC Evolutionary Biology**, 9, 298.
- Reinert, J.F. 2001. Revised list of abbreviations for genera and subgenera of Culicidae (Diptera) and notes on generic and sub generic changes. **J. Am. Mosq. Cont. Assoc.**, 17, 51-55.
- Reiter, P., Sprenger, D. 1987. The used tire trade: a mechanism for the worldwidedispersal of container breeding mosquitoes. **J. Am. Mosq. Control Assoc.**, 3: 494–501.
- Reuda, L.M. 2004. Pictorial keys for the identification of mosquitoes associated with Dengue virus transmission. **Zootaxa** 589: 1–60.
- Richman, R., Diallo, D., Diallo, M., Amadou, A.S., Faye, O., Cheikh, T. D., Dia, i., Scott, C.W., Hanley, K.A., Buenemann, M., 2018. Ecological niche modeling of *Aedes* mosquito vectors of chikungunya virus in southeastern Senegal. **Parasit Vectors**, 11: 255.

- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sanchez-DelBarrio, J.C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S.E., Sanchez-Gracia, A., 2017. DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large data sets. **Mol. Bio. Evol.** 34 (12): 3299-3302.
- Sallum, M.A.M., Schultz, T.R., Foster, P.G., Aronstein, K., Wirtz, R.A., Wilkerson, R.C. 2002. Phylogeny of Anophelinae (Diptera: Culicidae) based on nuclear ribosomal and mitochondrial DNA sequences. **Systematic Entomology**, 27: 361-382.
- Sallum, M.A.M., Schultz, T.R., Wilkerson, R.C. 2000. Phylogeny of Anophelinae (Diptera Culicidae) based on morphological characters. **Annals Entomological Society of America**, 93: 745-775.
- Sanger, F., Coulson, A.R., 1975. A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase. **Journal of Molecular Biology**, 94(3): 441–448.
- Schaffner, F., Angel, G., Geoffroy, B., Hervy J. P, Rhaiem A, J. B., 2001. The mosquitoes of Europe (CD ROM). Montpellier, France.
- Schaffner, F., Mathis, A. 2014. Dengue and dengue vectors in the WHO European Region: past, present, and scenarios for the future. **Lancet Infect. Dis.**, 14: 1271–80.
- Schaffner, F., Medlock, J.M., Bortel, W.V. 2013. Public health significance of invasive mosquitoes in Europe. **Clin Microbial Infect.**, 19: 685–692.
- Schierwater, B. 1994. *Molecular Ecology and Evolution: Approaches and Applications*, Birkhäuser.
- Scholte, E.J, Jacobs, F., Linton, Y-M., Dijkstra, E. 2007. First record of *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* in the Netherlands. **Eur. Mosq. Bull.**, 22: 5–9.
- Sedaghat, M. M., Linton, Y. M., Nicolescu, G., Smith, L., Koliopoulos, G., Zounos A.K., 2003. Morphological and molecular characterization of *Anopheles* (*Anopheles*) *sacharovi* Favre, a primary vector of malaria in the Middle East. **Syst Entomol.**, 28(2):241-56.

- Severini F, Boccolini D, Fortuna C, Di Luca M, Toma L, Amendola A. 2018. Vector competence of Italian *Aedes albopictus* populations for the chikungunya virus (E1-226V). **PLoS Negl Trop Dis** 12(4): e0006435. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006435>
- Severson, D.W., Mori, A., Kassner, V.A., Christensen, B.M. 1995. Comparative linkage maps for the mosquitoes, *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti*, based on common RFLP loci. **Insect Mol Biol.**, 4: 41-45.
- Smith, T.B., Wayne, R.K. 1996. *Molecular Genetic Approaches in Conservation*, Oxford University Press.
- Sprenger, D., Wuithilanyagool, T. 1986. The discovery and distribution of *Aedes albopictus* in Harris County, Texas. **J. Am. Mosq. Control Assoc.**, 2: 217- 219.
- Taberlet, P. 1999. Non-invasive genetic sampling: look before you leap. **Trends Ecol. Evol.**, 14: 323–327.
- Tang, J., Pmess, K., Cupp, E. W., Unnasch, T. R., 1996. Molecular phylogeny and typing of blackflies (Diptera: Simuliidae) that serves as vectors of human or bovine onchocerciasis. **Med. Vet. Entomol.**, 10: 228-234.
- Tautz, D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. **Nucleic Acids Res.**, 17: 6463-6471.
- Taylor, A.C. 1997. Unusual relatedness structure detected by microsatellite analysis, and parentage analysis in an endangered marsupial, the Northern Hairy-nosed wombat, *Lasiorhinus krefftii*. **Mol. Ecol.**, 6: 9–20.
- Templeton, A.R., Crandall, K.A., Sing, C.F. 1992. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping and DNA sequence data, cladogram estimation. **Genetics**, 132: 619-633.

- Tilston, N., Skelly, C., Weinstein, P. 2008. Pan-European Chikungunya surveillance: Designing risk stratified surveillance zones. **Int. J. Health Geog.**, 8: 61-72.
- Valerio, L., Marini, F., Bongiorno, G., Facchinelli, L., Pombi, M., Caputo, B. 2010. Host-feeding patterns of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in urban and rural contexts within Rome province, Italy. **Vector Borne Zoonotic Dis.**, 10(3): 291-4.
- Wang, G., Li, C., Guo, X., Xing, D., Dong, Y., Wang, Z., Zhang, Y., Liu, M., Zheng, Z., Zhang, H., Zhu, X., Wu, Z., Zhao, T. 2012. Identifying the main mosquito species in China based on DNA barcoding. **PLoS ONE**; 7.
- Wilkerson, R., Linton, Y-M., Fonseca, D., Schultz, T., Price, D., Strickman, D. 2015. Making mosquito taxonomy useful: A stable classification of tribe Aedini that balances utility with current knowledge of evolutionary relationships. **PLoS One**;10.
- World Health Organization, 2014. A global brief on vector-borne diseases. [<http://apps.who.int/iris/bitstream/10665/111008/1/>]
- World Health Organization, 2017. Global malaria report, Geneva, Switzerland.
- Yavaşoğlu, S.İ., Örenlilili Yaylagül, E., Akiner, M.M., Ülger, C., Çağlar, S.S., Şimşek, F.M. 2019. Current insecticide resistance status in *Anopheles sacharovi* and *Anopheles superpictus* populations in former malaria endemic areas of Turkey. **Acta Tropica**, 193: 148–157.
- Zane, L., Bargelloni, L., Patarnello, T. 2002. Strategies for Microsatellite isolation: a review. **Mol Ecol.**, 11: 1-16.
- Zawani, M.K.N., Abu, H.A., Sazaly, A.B., Zary, S.Y., Darlina, M.N. 2014. Population genetic structure of *Aedes albopictus* in Penang, Malaysia. **Genet Mol Res.**, 13: 8184–8196.





## ÖZGEÇMİŞ

### KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Serpil Tuna TÜRKOZAN

Doğum Yeri ve Tarihi : Karşıyaka/İzmir, 06.12.1974

### EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi : Dokuz Eylül Üniversitesi, Buca Eğitim Fakültesi,  
Biyoloji Eğitimi

Yüksek Lisans Öğrenimi : -----

Yabancı Diller : Almanca

### BİLİMSEL FAALİYETLERİ

A) Bildiriler

### İLETİŞİM

E-Posta Adresi : serpil.turkozan@gmail.com

Tarih : ..../../.....