

ANKARA ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

FARKLI İLLERDEN TOPLANAN *Eurygaster maura*  
POPÜLASYONLARINDAKİ GENETİK VARYASYONUN BELİRLENMESİ

Olçay CEYLAN

BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

ANKARA  
2020

Her hakkı saklıdır

## TEZ ONAYI

OlcaY CEYLAN tarafından hazırlanan “Farklı İllerden Toplanan *Eurygaster maura* Popülasyonlarındaki Genetik Varyasyonun Belirlenmesi” adlı tez çalışması 21/01/2020 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Anabilim Dalı’nda YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.



**Danışman** : Doç. Dr. Nurper GÜZ  
Ankara Üniversitesi Bitki Koruma Anabilim Dalı

**Jüri Üyeleri:**



**Başkan** : Doç. Dr. Nurper GÜZ  
Ankara Üniversitesi Bitki Koruma Anabilim Dalı



**Üye** : Doç. Dr. Hilal TUNCA  
Ankara Üniversitesi Bitki Koruma Anabilim Dalı

**Üye** : Doç. Dr. Mahir Ertan KORKMAZ  
Sivas Cumhuriyet Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı

**Yukarıdaki sonucu onaylarım.**

**Prof. Dr. Özlem YILDIRIM**  
Enstitü Müdürü

## ETİK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

21/01/2020



Olcay CEYLAN

# ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

## FARKLI İLLERDEN TOPLANAN *Eurygaster maura* POPÜLASYONLARINDAKİ GENETİK VARYASYONUN BELİRLENMESİ

Olcay CEYLAN

Ankara Üniversitesi  
Fen Bilimleri Enstitüsü  
Bitki Koruma Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Nurper GÜZ

Buğday insanlar için önemli bir gıda kaynağıdır. *Eurygaster maura* buğdayın en önemli ve ana zararlılarından biridir. Türkiye'nin 15 farklı bölgesinden *E. maura* popülasyonları arasındaki genetik varyasyonu belirlemek ve göç haritalarını çıkarmak amacıyla DNA barkodlama yöntemi ile *mitokondriyal sitokrom oksidaz I (COI)* dizi analizleri yapılmıştır. Elde edilen diziler hizalama ve veri analizleri Codoncode Aligner 3.5.6 programı kullanılarak gözle hizalanmıştır. Her bir gen bölgesi için popülasyon içi ve popülasyonlar arası çoklu nükleotid dizi hizalamaları yapılmıştır. Eşit olmayan diziler için FR\_consensus.py yazılım programı kullanılarak konsensüs dizi elde edilmiştir. Konsensüs dizilerinin hizalanmasında ise Mega X programından yararlanılmıştır. Popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma düzeyinin belirlenebilmesi amacıyla ikili  $F_{st}$  indekslerinden yararlanılmıştır. Toplam 219 farklı örneğin analiz edildiği tez kapsamında genetik uzaklık değerleri incelendiğinde; Yozgat popülasyonları ve Karaman popülasyonları arasında %11.462 oranında genetik farklılaşma düzeyi belirlenmiştir. Karaman popülasyonlarının Uşak, Aksaray, Eskişehir, Balıkesir popülasyonları arasında genetik farklılaşma seviyelerinde anlamlı bir fark bulunamamıştır. Haplotipler arasındaki filogenetik ilişkiyi bulmak için Bayesian analize dayalı yöntem kullanılmıştır. Dış grup olarak *Eurygaster amerinda* ile inşa edilen ağaç sonuçlarına göre haplotiplerin birbirleriyle akraba türler oldukları saptanmıştır. *E. maura* popülasyonlarında gen akışı ve popülasyonların nasıl yayıldığına ilişkin bilgi sunduğumuz çalışmada aynı zamanda elde edilen veriler ile gen bankasında biyoinformatik alt yapıya katkı sağlanmıştır.

**Ocak 2020, 61 sayfa**

**Anahtar kelimeler:** *Eurygaster maura*, *sitokrom oksidaz I (COI)*, genetik varyasyon, buğday

## ABSTRACT

Master Thesis

### DETERMINATION OF GENETIC VARIATION OF AMONG DIFFERENT POPULATIONS OF *Eurygaster maura* IN TURKEY

Olcay CEYLAN

Ankara University  
Graduate School of Natural and Applied Sciences  
Department of Plant Protection

Supervisor: Associate Prof Dr Nurper GÜZ

Wheat is an important food source for humans. *Eurygaster maura* is one of the most important pests of wheat. In order to determine genetic variation and migration patterns of *E. maura* populations collected from 15 different regions of Turkey mitochondrial cytochrome oxidase I (COI) sequences were analyzed using DNA barcoding method. The obtained sequences were manually aligned and data were analyzed using Codoncode Aligner 3.5.6 program. Inter- and intra-population multiple nucleotide sequence alignment was performed for each gene region. The consensus sequence for unaligned sequences was generated using the FR\_consensus.py software. The Mega X program was used to align consensus sequences. Binary *Fst* indices were used in order to determine the level of genetic differentiation between populations. A total of 219 different samples were analyzed in this thesis. The genetic differentiation level was determined as 11.462% between Yozgat and Karaman populations. No significant difference in genetic variation levels between the Uşak, Aksaray, Eskişehir, Balıkesir populations and Karaman populations. Bayesian analysis method was used to determine the phylogenetic relationship among haplotypes. *Eurygaster amerinda* was used as an outer group in phylogenetic tree. According to the phylogenetic analysis results haplotypes were found to be related with each other. Data about gene flow and dispersal of *E. maura* populations were presented. It is assumed that the obtained data will provide sequence data to GenBank.

**January 2020, 61 page**

**Key Words:** *Eurygaster maura*, Sitokrom oksidaz I (COI), genetic variation, wheat

## TEŐEKKÖR

Çalıőmalarımı yönlendiren, tezin her aőamasında öneri ve yardımlarını esirgemeyerek hem maddi hem de manevi anlamda çok büyük katkıları olan danışman hocam Sayın Doç. Dr. Nurper GÜZ'e, tezin verilerinin analizlerinde özveriyle katkı sađlayan Cumhuriyet Üniversitesi öğretim üyesi Sayın Doç. Dr. Mahir Ertan KORKMAZ'a, tezin deđerlendirilmesinde öneri ve katkılar sunan Ankara Üniversitesi öğretim üyesi Sayın Doç. Dr. Hilal TUNCA'ya, tez çalıőmam süresince yardımlarını ve bilgisini esirgemeyen doktora öğrencisi arkadaşım Naciye Sena ÇAĐATAY'a, tezin şekil düzenlemelerinde yardımlarından dolayı deđerli arkadaşım Hasret Mustafa AY'a ve son olarak her zaman en büyük destekçim ve her anlamda yanımda olan biricik aileme en derin duygularıyla sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

## İÇİNDEKİLER

### TEZ ONAY SAYFASI

ETİK .....	i
ÖZET .....	ii
ABSTRACT .....	iii
TEŞEKKÜR .....	iv
SİMGELER DİZİNİ .....	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	viii
ÇİZELGELER DİZİNİ .....	ix
1. GİRİŞ .....	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ .....	6
2.1 Genetik Varyasyon ile İlgili Kaynak Özetleri .....	6
2.1.1 Ülkemizde yapılan çalışmalar ile ilgili kaynak özetleri .....	6
2.1.2 Dünyada yapılan çalışmalar ile ilgili kaynak özetleri.....	8
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	14
3.1 Materyal .....	14
3.1.1 Materyal ve örnekleme .....	14
3.1.2 Araç ve gereçler .....	15
3.1.3 Tampon çözeltiler .....	16
3.2 Yöntem .....	16
3.2.1 Genomik DNA izolasyonu .....	16
3.2.2 Genomik DNA'nın saflık ve miktar tayini.....	17
3.2.3 Genomik DNA'nın PZR(polimeraz zincir reaksiyonu) ile çoğaltılması .....	17
3.2.4 Agoroz jel elektroforezi .....	18
3.2.5 PZR ürünlerinin pürifikasyonu .....	19
3.2.6 Sekans PZR protokolü ve pürifikasyonu .....	20
3.2.7 Sekans sonuçlarının analizi .....	20
3.2.7.1 COI gen fragmanlarının dizilenmesi ve hizalanması.....	20
3.2.7.2 Genetik çeşitlilik analizi.....	21
3.2.7.3 Coğrafik genetik yapılanma .....	22
3.2.7.4 Şebeke analizleri.....	23
3.2.7.5 Filogeni ve filocoğrafya.....	23
4. BULGULAR .....	25

<b>4.1 Genetik Çeşitlilik.....</b>	<b>25</b>
<b>4.2 Coğrafik Genetik Yapılanma .....</b>	<b>27</b>
<b>4.3 Şebeke Analiz Sonuçları .....</b>	<b>30</b>
<b>4.4 Filogenetik Analiz Sonuçları .....</b>	<b>31</b>
<b>5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....</b>	<b>36</b>
<b>KAYNAKLAR .....</b>	<b>40</b>
<b>EKLER.....</b>	<b>46</b>
<b>ÖZGEÇMİŞ.....</b>	<b>61</b>





## SİMGELER DİZİNİ

$\mu$ L Mikrolitre

mM Milimolar

### **Kısaltmalar**

bp Base pair

bç Baz çifti

*COI* Sitokrom Oksidaz I

*COII* Sitokrom Oksidaz II

CTAB Cetyltrimethyl-Ammonium Bromide

DNA Deoksiribonükleik Asit

dNTP Deoksinükleotid Trifosfat

mtDNA Mitokondriyal DNA

ML Maksimum Likelihood

NJ Neighbor Joining

PZR Polimeraz Zincir Reaksiyonu

RFLP Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi

bdH<sub>2</sub>O Bidestile Su

EDTA Etilen Diamin Tetra Asetik Asit

MgCl<sub>2</sub> Magnezyum Klorür

UPGMA Unweighed Pair Group Method of Arithmetic Averages

Rpm Dakikadaki Devir Sayısı

TBE Tris-borik asit-EDTA tampon çözeltisi

TE Tris-EDTA tampon çözeltisi

NCBI National Center for Biotechnology Information Blast

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1 <i>Eurygaster</i> spp.'in buğdayda akbaşak zararı ve buğday tanesindeki emgi zararı.....	3
Şekil 3.1 <i>E. maura</i> örneklerinin alındığı lokasyonlar.....	14
Şekil 4.1 Karaman ili PZR Bant Görüntüsü.....	25
Şekil 4.2 Karaman ili PZR Pürifikasyon Bant Görüntüsü.....	25
Şekil 4.3 COI gen veri setleri üzerinden Mantel testi .....	28
Şekil 4.4 SAMOVA sonuçları.....	29
Şekil 4.5 SAMOVA sonuçları.....	29
Şekil 4.6 İkili genetik uzaklık (FST) değerleri kullanılarak yapılan temel koordinatlar analizi (PCoA) .....	30
Şekil 4.7 COI gen bölgesi ait şebeke analizi.....	31
Şekil 4.8 Haplotipler arasındaki Komşu Bağlama (NJ) dendogramı .....	32
Şekil 4.9 Haplotipleri arası maksimum olasılık yöntemine dayalı filogenetik ağaç.....	33
Şekil 4.10 Haplotipleri arasındaki filogenetik ilişki.....	34

## ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi.....	15
Çizelge 3.2 Elektroforez ve agaroz jellerin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltiler.....	16
Çizelge 3.3 <i>E. maura</i> 'da çalışılan mtDNA lokusu ve primerler.....	17
Çizelge 3.4 PZR reaksiyonu reaktifleri.....	18
Çizelge 3.5 PZR (Touch down) şartları.....	18
Çizelge 3.6 Sekans PZR Protokolü.....	20
Çizelge 3.7 Sekans PZR Koşulları.....	20
Çizelge 4.1 <i>E. maura</i> için Popülasyon genetik çeşitliliği ve nötralite test istatistikleri.....	27
Çizelge 4.2 <i>E. maura</i> 15 Popülasyonu arasındaki ikili Fst değeri.....	28

## 1. GİRİŞ

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü (FAO), 2050'li yıllara gelindiğinde artan dünya nüfusunun gıda ihtiyacını giderebilmek için, %70 daha fazla gıda ürünleri üretilmesi gerektiğini bildirmiştir. Uluslararası Gıda Politikaları Araştırma Enstitüsü (IFPRI)'nün yayımladığı bildiri de insanların tüketmiş olduğu gıda miktarında %70, tahıllarda ise %52 oranında bir artış olacağı düşünülmektedir (Ağızcan 2018). Dünyanın birçok ülkesinde olduğu gibi, ülkemizde de tahıl ve tahıla dayalı ürünler insanlar için önemli besin kaynağıdır (Geçit ve İkincikarakaya 2011). FAO'nun ve IFPR'nin tahminlere dayanarak bu ürünler ekonomik önemini gelecekte de şüphesiz koruyacaktır.

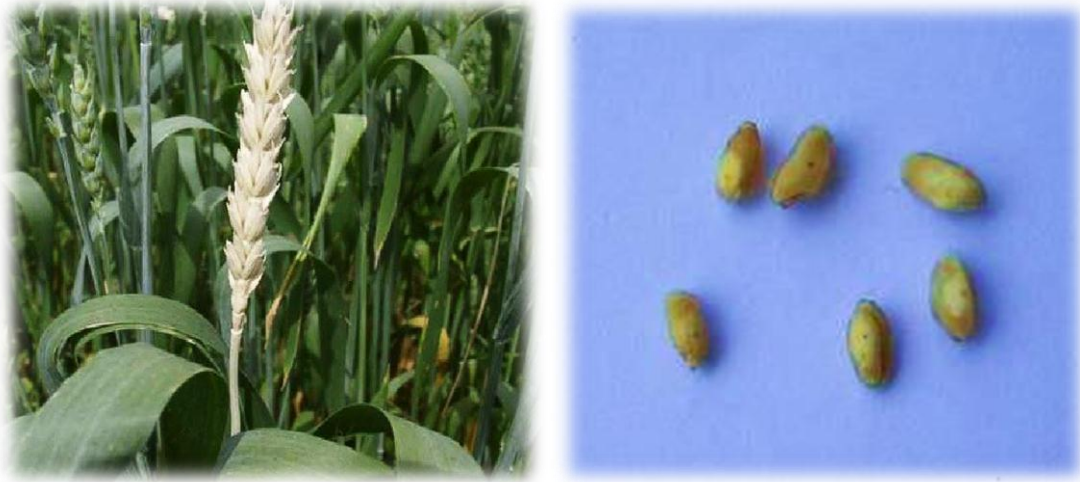
FAO verilerine göre; tüm dünyada 2016 yılında 220.252.643 ha'lık buğday ekim alanı, 749.014.842 tonluk buğday üretimi bulunmaktadır. 2017 yılına gelindiğinde; 218.543.071 ha'lık buğday ekim alanı, 771.718.579 tonluk buğday üretimi gerçekleştirilmiştir. Bu verilere dayanarak ekili alanlarda 1.709.572 ha'lık bir azalma varken, üretimde 22.703.737 tonluk bir artış bulunmaktadır (www.fao.org.tr, 2019). Türkiye'nin buğday üretimi ise 2016 yılında 20.600.000 ton iken, 2017 yılında %4,4 artışla 21.500.000 ton olmuştur. Türkiye'de 2000 yılında 92 milyon dekar alanda buğday ekimi yapılırken, 2017 yılında 77 milyon dekar alanda buğday ekilmiştir. Ziraat Mühendisleri Odasının tahminine göre 2018 yılında ekili alanın 70 milyon dekar, üretimin 20 milyon ton, verimin ise 277 kg/da olacağı yönündedir (www.zmo.org.tr, 2019).

Tahıllar içerisinde buğday, tarımsal üretimde geniş bir adaptasyon kabiliyetine sahip olup, dünyada ve ülkemizde hem ekiliş hem de üretim bakımından büyük bir paya sahiptir. Buğday, insan beslenmesinin dışında, hayvan beslenmesinde ve çeşitli endüstrilerde kullanılan önemli bir kültür bitkisidir (Kan 2000). Örneğin buğdayın en tepesinde bulunan, embriyo olarak adlandırılan buğday rüşeymi, mineral ve protein bakımından zengin olup sahip olduğu besin değerleri ve tat vermesi yönüyle yoğurt gibi süt ve süt ürünlerinde kullanılmaktadır (Yalçınkaya vd. 2013). Yapılan başka bir çalışmada tarımsal artıklardan, özellikle de anızlardan buğday saplarının, kâğıt hamuru

ve kâğıt üretiminde değerlendirilerek hammadde problemini giderilebileceği ve ülke ekonomisine katkıda bulunabileceği bildirilmektedir (Çiçekler 2012). Buğday ülkelerin ekonomisine katkısı sebebiyle önemli bir ürün olma özelliğini devam ettirecektir (Akgün vd. 2012).

Buğday üretimini olumsuz yönde etkileyen biyotik ve abiyotik etkenler bulunmaktadır. Abiyotik etkenlerde; iklim değişikliğiyle beraber uygun olmayan hava şartları, küresel ısınma, tahribata uğramış yorgun ve verimsiz topraklar, çevre kirliliği, yanlış yapılan tarımsal uygulamalar gibi etkenler sayılabilir. Biyotik etkenlerde ise; yabancı otlar, hastalık ve zararlılar mevcuttur (Demirci 2003). Bu amaçla uygulanan yöntemlerin başında verimli, kaliteli ve dayanıklı tohum çeşidi için ıslah çalışmaları yapılmaktadır. Bu çalışmalar sonucu hastalık ve zararlılara dayanıklı tohum çeşitleri kullanmanın yanı sıra uygun toprak işleme, gübreleme, sulama, yabancı ot mücadelesi, üretilen mahsullerin korunması yönünde hasat öncesi ve hasat sonrası bitki hastalık ve zararlıları ile zamanında ve entegre bir şekilde mücadele etmek önemlidir (Kaya 2007).

Dünya genelinde buğday üzerinde zarar yapan yüzlerce böcek tanımlanmıştır. Bu böceklerin çoğu önemsenmeyecek bir zarara sebep olurken, bazıları ise uluslararası sınırların bir ucundan diğerine ulaşabilmekte ve çok büyük tahribata yol açabilmektedir (Miller ve Pike 2002). Süne de bunlardan biridir. *Eurygaster* spp. (Hemiptera: Scutelleridae) olarak bilinen süne Türkiye’de buğdayın en önemli ve ana zararlılarından biridir (İslamoğlu ve Karacaoğlu 2018). Buğdayın kardeşlenme döneminde, buğday saplarını sokup emerek, saplarda sararma ve kuruma oluşturur. Buğdayın başak bağlayamaması şeklindeki bu zarar “kurtboğazı”; başaklar henüz yaprak kılıfı içerisindeyken çiçek döneminde ve tane bağlarken, yine saplarda beslenerek başakların beyazımsı renk almasına, kurummasına ve tane bağlayamamasına yol açan zarar şekli ise “akbaşak” olarak adlandırılmaktadır (Anonim 2008). Sünenin buğdayda “akbaşak” ve buğday tanesindeki emgi zararı **Şekil 1.1**’de gösterilmiştir.



Şekil 1.1 *Eurygaster* spp.'in buğdayda akbaşak zararı ve buğday tanesindeki emgi zararı (<http://catalcatarim.blogcu.com>)

Dünyada olduğu gibi ülkemizde de ekilebilir alan varlığının son sınırlarına ulaşılmışından dolayı, buğday tarımı yapılan alanlarda, üretimi artırmak için birim alandan daha fazla verim almanın yanı sıra ürün kalitesi de önemlidir (Arısoy 2004). Zarar görmüş buğdaydan üretilen un, ekmek yapımında kullanıldığında, sünenin buğday tanesinin içerisine bıraktığı proteolitik enzimlerden dolayı hamur akıcı ve yapışkan bir hale gelmekte, hamurdan üretilen ürünler de düşük hacimli ve zayıf bir yapıda olmaktadır (Kınacı ve Kınacı 2007).

Buğday üretiminde genellikle hasat öncesi ve sonrası, buğdayın verim ve kalite standartlarını olumsuz etkileyen temel zararlıların başında süne gelmektedir (Kaya 2007). Bazı bölgelerde hasat öncesi bitki hastalık ve zararlıları ile yeterince mücadele yapılmadığında, meydana gelen ürün kaybı %90, hatta %100'e varan bir orana ulaşabilmektedir. Süne ile mücadele etmek hasat sonrası da önemlidir. Konya ilinde yapılan bir çalışmada; buğday üretiminde, ürün kaybına neden olan zararlı tahribatı ve çiftçinin ürettiği ürününü paraya dönüştürürken, gerekli mercilerde fiyat düşmesine neden olan zararlıyı tespit etmeye çalışmışlardır. Konya Ticaret Borsası'ndan elde edilen verilere göre; 2010 yılındaki hasat sonucu ürün kaybı ve fiyat indirimine sebep olan zararlı etkeninin süne-kıvımlı tahribatı olduğunu ve bu tahribatın 666 buğday numunesinde %98,5'lik bir orana sahip olduğunu bildirmişlerdir (Özbek ve Fidan 2013). Bu nedenlerden dolayı süne zararı buğdayda önemini korumaktadır.

Süne zararlısına yoğun olarak Türkiye’de, Yakın-Orta Doğu Balkanlar ve Batı Asya’da rastlanmaktadır. Toplamda 14 türü olan sünenin sadece üç türü ekonomik olarak önemlidir (Critchley 1998). Bunlardan *Eurygaster integriceps*, Put. Güneydoğu Anadolu, Ege ve Trakya Bölgelerinde yoğun olarak belirlenmiş ancak Orta Anadolu’da henüz belirlenmemiştir. Ege, Trakya ve Orta Anadolu Bölgesinde ise *Eurygaster maura* yoğun olarak bulunmakta olup Güneydoğu Anadolu’da tespit edilmemiştir. *E. austriaca* türü ise diğer iki türden daha düşük oranlarda görülmekle birlikte Güneydoğu Anadolu Bölgesi hariç bütün bölgelerde saptanmıştır. Ülkemizde, *Eurygaster* cinsi bu üç tür dışında *Eurygaster dilaticollis* Dohrn, *Eurygaster hottentota* (F.), *Eurygaster schreiberi* Mtd. ve *Eurygaster testudinaria* (Geoffr.) türleri ile birlikte toplam yedi tür ile temsil edilmektedir (Lodos 1986; Abbas 1990).

Böceklerin coğrafi olarak geniş dağılım göstermesi, farklı yaşam çeşitlilikleri sergilemeleri, milyonlarca tür sayısına sahip olmaları, birçoğunun çok küçük yapıda olması, yaşam süreleri içerisinde farklı yaşam evrelerine sahip olmaları teşhislerini zorlaştıran faktörler olarak karşımıza çıkmaktadır. Özellikle moleküler sistematik çalışmalarda kullanılan tekniklerde, yeni yaklaşımlar bulunmaktadır. Bu yaklaşımlardan biri de son zamanlarda sıklıkla kullanılan DNA barkodlama yöntemidir ( Hebert vd. 2003, Lin 2018). DNA barkodlama yöntemiyle sibling türlerin ayrımı, kriptik türlerin belirlenmesi gerçekleştirilmektedir. Aynı zamanda filogenetik ağaç oluşturularak böceklerin evrimsel hikayeleri hakkında bilgi sahibi olunabilmektedir. Böcekler arasındaki morfolojik ve akrabalık derecelerinde benzerlik ve farklılıklarına odaklanan çalışmalar öne çıkmaktadır (Gullan ve Cranston 2010, Güz ve Kılınçer 2012). Son yıllardaki deneysel çalışmalar, esasen farklı türler arasında değil, aynı tür içindeki bireyler arasındaki DNA varyasyonunu inceleme üzerine yoğunlaşmıştır (Hedrick 2011).

Son yıllarda ülkemizde DNA barkodlama yöntemiyle böcek popülasyonlarında genetik varyasyon çalışmaları sınırlı sayıdadır. Şimdiye kadar sünenin genetik özelliklerini tespit eden, göç haritasını çıkararak ve bu bilgilerden yararlanarak farklı bir mücadele yöntemi geliştirilmesini hedef alan bir çalışma, gerek ülkemizde gerekse dünyada yapılmamıştır. Bu tez çalışmasının amacı, DNA barkodlama yöntemiyle farklı *E. maura*

popülasyonları arasındaki genetik varyasyonu tespit etmek ve göç haritasını çıkarmaktır. Çalışma sonucunda elde edilen verilerle süne mücadelesinin daha efektif olarak uygulanmasına temel oluşturması hedeflenmektedir.





## 2. KAYNAK ÖZETLERİ

### 2.1 Genetik Varyasyon ile İlgili Kaynak Özetleri

#### 2.1.1 Ülkemizde Yapılan Çalışmalar ile İlgili Kaynak Özetleri

Karut vd. (2014), Çukurova’da pamuk bitkisinin önemli zararlılarından beyazsinek *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae)’nin genetik poliformizmi ile tür kompleksini ortaya çıkarmak amacıyla 2006-2011 (2010 hariç) yılları arasında toplanan örnekler *COI* ve *ITS1* gen bölgelerini PZR yoluyla çoğaltarak dizi analizi gerçekleştirmişlerdir. RFLP yöntemiyle yaptıkları analizde toplam 51 örnekten 38 tanesi Akdeniz türü, 13 tanesi ise Ortadoğu türü olarak belirlenmiş ve bölgede ekonomik açıdan önemli olan endüstri bitkisi olan pamukta Akdeniz türünün baskın olduğu belirtilmiştir.

Güz vd. (2015), süne ergin parazitoidlerinin tanımlanmasında DNA barkodlama yönteminin kullanıldığı çalışmada *COI* gen bölgesinin DNA dizi analizi yapılarak elde edilen diziler ikili nükleotid frekansı ve haplotip çeşitliliği, nükleotid yapısı bakımından analiz edilmiştir. *COI* gen bölgesini temsilen 603 bazlık dizilerin değişken bölgeleri ve ortalama varyasyonları hesaplanmıştır. Tüm *COI* barkodları morfolojik tanımlamaya göre beklenen türlerin referans dizileriyle kıyaslanmıştır. Filogenetik ağaç, DNA barkodlarına ve tür düzeyinde taksonomik sınıflandırılmalarına uygun olarak kümelenmiş tüm örnekler dahil edilerek çizilmiştir. UPGMA metodu kullanılarak çıkartılan dendogramdan yararlanılarak iki farklı mitokondriyal haplotip soyu tespit edilmiştir.

Yükselbaba ve Göçmen (2016) tarafından domates güvesi *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae) Popülasyonlarının *COI* bölgesindeki genetik varyasyonun araştırıldığı çalışmada, bu bölgenin tür belirlemede yetkin iken Popülasyonlar arasında ve Popülasyon içindeki bireyler arasında genetik farklılık belirlenmesinde yetersiz olduğu, Popülasyonların genetik olarak tek tip olarak ortaya çıktığını bildirilmiştir. Ayrıca gen

bankasından elde edilen verilere göre Türkiye Popülasyonları ile Güney Amerika ve bazı Avrupa Popülasyonları arasında yüksek benzerlik tespit edilmiştir.

Ünal G. (2016) tarafından PCR-RFLP ve DNA dizi analizi yöntemlerinden yararlanılarak Türkiye'nin Trakya bölgesindeki bal arısı Popülasyonları arasındaki genetik varyasyonun tespit edildiği çalışmada; *mtDNA* (*COI-COII* arası) arasındaki bölgede XbaI enzimi kullanılarak yapılan çalışmada; tüm Trakya bal arısı örneklerinde üç farklı haplotip elde edilmiştir. Ayrıca ilk kez bu çalışmada, sadece Tekirdağ ve Gökçeada'dan alınan birer örnekte Tip 3 olarak adlandırılan ve yeni bir kesim profili veren bir haplotip de bulunmuştur.

Satar ve Toklu (2018), tarımsal alanlarda ciddi zararlara sebep olan yaprakbitlerinin parazitoidi olan *Lysiphlebus confusus* (Hymenoptera: Braconidae) Popülasyonları arasında genetik varyasyonun belirlenmesi ile ilgili yaptıkları çalışmada; PCR-RFLP yöntemi kullanılarak *COI* bölgesinde 4 adet farklı enzim kesim noktası saptamışlardır. Adana ve Hatay illerindeki yüksek rakımlı yerlerden farklı bitki türlerindeki toplanan örneklerde yaprakbiti türü, konukçu bitki türü, yükseklik açısından bu parazitoid türünün genetik çeşitliliğini incelemişlerdir. Elde edilen diziler NCBI'daki diğer dizilerle kıyaslanmış, veri tabanındaki *L. confusus* dizileri ile %99 benzerlik oranı saptanmıştır. Balcalı ve Ceyhan örnekleri ile İran örnekleri arasında çok fazla fark olmadığını, Erzin örneğinin Sırp ve diğer bir İran örneğine daha yakın olduğunu bildirmişlerdir. Yükseklik, konukçu yaprakbiti ve bitki türlerine bağlı spesifik genetik varyasyon saptayamadıklarını rapor etmişlerdir.

İnal (2018) tarafından kiraz siyah yaprakbiti *Myzus cerasi* (Hemiptera: Aphididae)'nin farklı Popülasyonlarında genetik varyasyonun ve endosimbiontların belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmada; ülkemizin farklı bölgelerinden toplanan 26 Popülasyon üzerinde *COI* genine ait dizi analizi yapılarak ML, Minimum Evolution, NJ ve UPGMA yöntemleri ile filogenetik ağaçlar inşa edilmiştir. Filogenetik analizler sonucunda, nükleotid değişikliğine bağlı olarak dört farklı haplotip elde edilmiş ve Popülasyonlar arasındaki ortalama genetik uzaklık %0,3 olarak hesaplanmıştır. *M. cerasi*'nin Isparta Popülasyonları tüm gruplardan ayrılarak *M. borealis* ile Haplotip B'yi oluştururken,

Popülasyonların diğerk kısmı *Myzus cerasi pruniavium* ile Haplotip A ve Haplotip C'yi oluşturduđu, Kars ve Kayseri Popülasyonları *Myzus cerasi cerasi* ile aynı haplotip (Haplotip D) içinde yer aldığı saptanmıştır. Çalışmada, *M. cerasi*'nin Türkiye'de iki farklı alt türe sahip olduğunu ve bu türün bitki çeşidine bağıllığı yönünden monofag ya da oligofaglık durumunun yeniden değerlendirilmesi gerektiğı kaydedilmiştir. Araştırmada ayrıca, obligat endosimbiont olan *Buchnera aphidicola* türü de tespit edilmiştir.

### 2.1.2 Dünyada Yapılan Çalışmalar ile İlgili Kaynak Özetleri

Rua vd. (2001) Kanarya Adalarındaki *Apis mellifera L.* popülasyonlarının genetik yapısı, popülasyonlar arasındaki genetik farklılığı ve filogenetik ilişkileri moleküler yaklaşımlar kullanarak belirlemeye çalışmışlardır. 215 kolonide 6 farklı haplotip gözlemlemişlerdir. RFLP ve mikrosatellit yöntemlerle popülasyonların allel sayısı, ortalaması ve heterozigotluk derecesi bakımından düşük bir genetik varyasyon gösterdiği saptanmıştır. Ada büyüklüğü ve Afrika ana karasına uzaklıkla ilgili genetik çeşitlilik değerlerinde istatistiksel açıdan önemli bir farklılık görülmemesine rağmen, küçük batı adaları (La Palma, La Gomera, El Hierro)'nın Gran Canaria ve Tenerife'den daha az değişkenlik gösterdiğini bildirmişlerdir. Haplotip frekanslarına dayanan ikili  $F_{ST}$  testleri kullanılarak popülasyonlarda önemli ölçüde genetik farklılaşma tespit etmişlerdir. Üç çift popülasyonun tüm olası ikili karşılaştırılmaları sonucu bir haplotip dışında farklılık gözlenmiştir. Yapılan filogenetik çalışmalar sonucunda Kanarya bal arısına ait her bir popülasyondaki Afrika ve Kanarya haplotiplerinin frekansları analiz edilerek, her ne kadar atası belli olmasa da Kuzey Afrika popülasyonları ile akraba olduğu öne sürülmüştür.

Footitt vd. (2008) DNA barkodlama yöntemini kullanarak 130 cinsten 300 Aphidae türünün ayırımında DNA barkodlamanın etkinliğini belirlemeye çalışmışlardır. Çoğu türde %96'lık bir farklılaşma tespit edilirken tür içindeki varyasyon ise sadece ortalama %2 olarak bulunmuştur. Aphidae türlerinin partenogenetik çoğalmalarına, karmaşık

yaşam döngülerine sahip olmasına rağmen, DNA barkodlamanın Aphidae türlerini belirlemede çok etkili bir araç olduğu ifade edilmiştir.

Rivera ve Currie (2009), DNA barkodlama yöntemini kullanarak Nearktik karasineklerinin (Diptera: Simuliidae) genetik varyasyonunun belirlenmesi amacıyla yapılan çalışmada *COI* gen bölgesinin etkinliğini test etmişlerdir. Morfolojik açıdan farklı olan toplam 65 adet tür, karasinek türleri, sibling türleri Simuliidae familyasına ön barkod bölgesi oluşturmak için kullanılmıştır. Aynı türe ait olanlar arasındaki ortalama genetik farklılık %14,93 iken, morfolojik açıdan farklı türler arasındaki ortalama genetik farklılık %72 olarak belirlenmiştir. Morfolojik açıdan farklı türlerin yaklaşık olarak %100'ü doğru olarak tanımlanmıştır. *Prosimulium travisi* ve *P. neomacropyga* türlerinin sibling tür oldukları gözlenmiştir. DNA barkodlama yönteminin tür tanımlamada ve sibling türlerin keşfinde etkili bir araç olduğu rapor edilmiştir.

Meeyen vd. (2014) kırmızı biber, domates, patlıcan gibi ticari açıdan önemli ürünlerde zararlı olan meyve sineği *Bactrocera latifrons* (Hendel) (Diptera:Tephritidae)'un DNA barkodlama yöntemiyle popülasyon yapısı ve popülasyon geçişini belirlemeye çalışmışlardır. Doğal olarak Güney ve Güney Asya'da bulunan bu türün, şu anda Japonya, Hawaii ve Afrika'yı istila ettiğini bildirmişlerdir. *B. latifrons*'un genetik yapısı ve evrimsel hikayesini çıkarmak için mtDNA dizileri kullanılarak DNA barkodlamanın etkinliğini test etmişlerdir. Çalışmada Thailand'da örneklenen 11 lokasyondan dört adet konukçu bitki türünü istila eden 93 tür çalışılmıştır. Popülasyonların ikili  $F_{ST}$  değerleri karşılaştırmaları sonucu, önemli derecede bir farklılık ve iddia edildiği kadar yüksek bir gen akış oranı tespit edemediklerini bildirmişlerdir. DNA barkodlama analizi yöntemiyle, *B. latifrons* örneklerinin %100'lük doğru tanımlama oranı ile açık bir şekilde diğer türlerden farklılaştığını ortaya çıkarmışlardır. Ayrıca *COI* gen bölgesinin barkodlama dizilerinin, bu önemli zararlı türü tanılamak için etkili bir şekilde kullanılabilirliğini ve bu türleri izlemek ve kontrol etmeye de fayda sağlayacağını bildirmişlerdir.

Versteirt vd. (2014), Belçika sivrisinek türlerinin (Diptera: Culicidae) DNA barkodlama ile tanımlanması amacıyla yapılan çalışmada; *COI* geninin 658 baz çiftlik gen bölgesine odaklanılarak Belçika'daki sivrisinek türlerinin nükleotid varyasyonunu değerlendirmişlerdir. Birçok türün iyi desteklenmiş kümeler halinde ortaya çıktığını, Kimura 2 parameter (K2P)'ye göre tür içi mesafe %0,7 ve *Aedes koreicus* için maksimum uzaklık değeri ise %6,2 olarak bulunmuştur. Aynı türden olanların dizileri için tür içi ve türler arası küçük bir çakışma gözlenmiş, ancak genel olarak tanımlama başarısı yüksek (%98'in üzerinde) bulunmuştur. Türler arasında belirgin bir genetik fark bulunmamasına rağmen, sadece *Aedes annulipes* ve *A. contants* türleri arasındaki ilişki yakın olarak bulunmuştur. *Anopheles maculupennis* türünün kompleks üyeleri; *Anopheles maculupennis* ss. ve *Anopheles messae* monofiletik grup olarak değerlendirilmiştir. Sonuç olarak DNA barkodlamanın bazı yakın ilişkili türler dışında Belçika'daki sivrisinek türlerinin tanımlanmasında güvenilir bir sistem olduğu ortaya konmuştur.

Vadivalagan vd, (2017), evcil ve yabani hayvanların yanı sıra birçok patojen ve insan parazitlerinin vektörü olan *Culex quinquesfasciatus* (Diptera: Culicidae) popülasyonlarında genetik varyasyonunu açıklamak için DNA barkodlama yöntemini kullanmışlardır. Bu çalışmada 88 coğrafi bölgeden *C. quinquesfasciatus* örneği toplanmış olup *COI* ve *16S rDNA* genlerine ait iki genetik markörün etkinliğini analiz ederek kapsamlı bir yaklaşım sunmuşlardır. Çalışmada kullanılan vektör sineği moleküler tanımlanması için *COI* geninin ideal bir markör olduğunu bildirmişlerdir. Hindistan haplotipleri arasında potansiyel farklılaşmayı etkileyen *16S rRNA*'ya kıyasla *COI* genini daha düşük bulmuşlardır. Haplotipler arasında maksimum fark *COI* geni için 0,047 iken, *16S rRNA*'da ise daha düşük (0,006) olarak rapor edilmiştir.

Freitas vd. (2018), şeker kamışı üzerinde zarar yapan *Diatraea sacchralis* (Lepidoptera: Crambidae)'e karşı biyolojik mücadelede kitle amaçlı kullanılan larva parazitoidi *Cotesia flavipes* (Hymenoptera: Braconidae)'in genetik varyasyon karakterizasyonunu belirlemeyi ve kıyaslamasını yapmayı amaçlamışlardır. Altı farklı Brezilya eyaletindeki böceklerin genetik varyasyonunu belirlemek için her bir lokasyondan en az 22 dişi birey kullanılarak beş yerin analizini yapmışlardır. Beş lokasyonun dışında dördünün

moleküler analizlerle kanıtlamanın mümkün olabileceğini, üç lokasyonun alelik frekansının diğer tüm bölgelerdeki böcekler için Hardy Weinberg dengesiyle uyumlu olduğunu bildirmişlerdir. Popülasyonlar arasındaki varyasyon %24,65, Popülasyon içindeki varyasyon ise %75,34 olarak bulunmuş ve analiz edilen tüm lokuslar ele alındığında genetik farklılaşmanın orta düzeyde olduğu bildirilmiştir.

Passos vd. (2018), neotropikal bölgede altmışın üzerinde bitkiyi istila eden ekonomik açıdan önemli bir zararlı olan meyve sineği *Anastra obliqua* (Diptera: Tephritidae)'nın Brezilya popülasyonları arasındaki genetik yapısını ve genetik varyasyonunu belirlemek amacıyla yapılan çalışmada; Amazon ve Atlantik ormanları, Cerrado ve Cattinga bölgelerini kapsayan, *COI* gen bölgesinin 621 bç'lik dizilerine dayanarak, toplamda 153 adet birey analiz etmişlerdir. Brezilya popülasyonları arasındaki genetik varyasyon seviyesini düşük bulmuşlardır. Amazon ormanlarındaki bireyler haplotip çeşitliliği bakımından Karayipler'dekilere benzer ve her iki popülasyonun birbirleriyle yakın ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. Karayiplerde ortaya çıkan *A. obliqua*'nın Amerika'nın diğer bölgelerine doğru hareket ettiğini düşünmüşler, ancak bu sonuca varmak için daha fazla veri olması gerektiğini bildirmişlerdir. Ek olarak, *A. obliqua* Brezilya popülasyonları için batıdan doğuya doğru tarihsel bir göç olduğunu öne sürerek Amazon ormanlarındaki bu yüksek genetik varyasyonun Brezilyadaki düşük varyasyonu açıklayabileceğini bildirmişlerdir.

Qiu-Ning Liu vd. (2018), *Spilarctia subcarnea* (Noctuoidea: Erebidae) ve bazı Noctuid türlerinin mitokondriyal genom analizi yapılarak kıyaslandığı çalışmada; Bayesian ve ML yaklaşımları kullanılarak filogenetik analizler gerçekleştirmişlerdir. *S. subcarnea*'nın Erebidae familyasına ait olduğunu ve *Lemyra melli* ile açık bir şekilde ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca analizler sonucunda Lymantriidae familyasının Erebidae içinde bir alt familya olarak değerlendirilmesi gerektiğini öne sürmüşlerdir.

Choudharya vd. (2019)'nın Hindistan'daki mango yapraklarında endemik ve ciddi zarara yol açan *Amritodus atkinsoni* (Hemiptera: Cicadellidae)'nin *COI* gen bölgesine dayanarak genetik varyasyonunun ve popülasyon yapısının belirlenmesi amacıyla

yapılan çalışmada; altı Hindistan popülasyonunda 14 adet haplotip açığa çıkarmışlar ve nükleotid çeşitliliğini düşük seviyede bulduklarını bildirmişlerdir. Ayrıca, *COI* analizi sonucu, *A. atkinsoni* örneklerinin yüksek derecede bir doğrulukla diğer türlerden açık bir şekilde farklılaştığını rapor etmişlerdir.

Avtzis vd. (2019), *Ips sexdentatus* (Coleoptera: Curculionidae)'nin Avrupa popülasyonları arasındaki genetik yapının incelendiği çalışmada; daha çok ormanlık alanlarda ladin ve çam ağaçlarında beslenen bu böceğin filocoğrafyası daha önce asla çalışılmadığı için bu konu üzerinde durmuşlardır. 489 bireyin mtDNA'sı analiz edildiğinde, 86 haplotip elde edilmiş ve bu haplotiplerin Avrupa'daki mevcut durumdaki dağılımının genetik farklılığın şekillenmesinde önemli bir paya sahip olduğunu, ortaya çıkan yapının aynı zamanda gen akışını doğrulayan ve tür içi çeşitliliği azaltan bir faktör olabileceğini ileri sürmüşlerdir.

Wang vd. (2019), tahıllarda zarar yapan ve kozmopolit bir tür olan *Sitobion avenae* (Fabricius) (Hemiptera: Aphididae) ile ilgili yapılan çalışmada; Çin'in dört bölgesinden (Hubei, Henan, Jiangsu ve Zhejiang) toplanan örnekleri altı adet mikrosatellit belirteci kullanarak karakterize etmişlerdir. Toplamda 302 adet *S. avenae* bireyinde 92 adet çoklu lokus genotipleri bulunmuştur. Jiangsu popülasyonunun 4 coğrafi popülasyon arasındaki genetik varyasyon seviyesine kıyasla yüksek seviyede olduğu saptanmıştır. *S. avenae*'nin Zhejiang'dan diğer üç taşra bölgesine uzun mesafe göç ettiğini keşfetmişler ve kıyaslamalar sonucu bu coğrafi taşra bölgeleri arasındaki genetik farklılaşma oranını düşük bulduklarını belirtmişlerdir. Ayrıca arpadan toplanan *S. avenae* bireylerinin, buğdaydan toplanan bireylere göre genetik varyasyonunun daha yüksek olduğunu ve arpadan buğdaya ters yönde bir gen akışının olası durumundan bahsetmişlerdir. Tüm örneklenen lokasyonlar arasında Jiangsu'daki arpa ve buğdaydan toplanan bireyler arasındaki genetik fark seviyesinin daha yüksek olduğunu öne sürmüşler ve Jiangsu'nun yanı sıra ikili  $F_{ST}$  değerleri baz alınarak Zhejiang'daki arpa ve buğday alanlarından toplanan bireyler arasındaki genetik fark seviyesinin orta derecede olduğunu bildirmişlerdir. Sonuç olarak coğrafi faktörlere kıyasla *S. avenae*'deki genetik farklılaşmayı teşvik etmede bitki faktörlerinin daha önemli olabileceği, farklı bitkiler üzerindeki genetik farklılaşma hakkında fikir sahibi olmanın yanı sıra, bitkiler üzerinde

farklılaşmasının ve biyotip gelişimi için moleküler mekanizmayı araştırmanın temelini oluşturabileceğini bildirmişlerdir.

Barboza vd. (2019), dünya genelinde sebze ürünlerinde yoğun bir şekilde zarar yapan *Bemisia tabaci* (Gennadius) ve *Trialeurodes vaporariorum* (Westwood) türlerinin genetik varyasyonunu ve coğrafi dağılımını belirlemek amacıyla Kosta Rika'da 2011'den 2012'ye kadar yürütülen çalışmada; açık tarla arazilerinden ve sera koşullarında yetiştirilen ürünlerden toplanan 621 adet beyazsinek bireylerinin *COI* gen bölgesinin dizilerini belirlemişler ve yöntem olarak PCR-RFLP'yi kullanmışlardır. Örneklenen bölgelerdeki *B. tabaci* ve *T. vaporariorum* bireylerinin çoğunlukla Akdeniz türü olduğunu, ayrıca düşük sayıda Orta Doğu-Asya türlerinin de bulunduğunu saptamışlardır. Yapılan analiz sonucu, Kosta Rika bölgesinde hem seralarda hem de açık tarla alanlarında, en sık rastlanılan türün *T. vaporariorum* olduğunu belirtmişlerdir. Akdeniz türleri ülkenin birçok bölgesinde yayılış gösterirken, Orta Doğu-Asya türlerinin nadiren bulunduğunu bildirmişlerdir. *B. tabaci* bireylerinin *COI* dizi karşılaştırılması sonucunda, bu türe ait dört adet haplotip saptamışlar ve bunlardan üçünün daha önceden bildirilen Batı Yarım Küre'de ve dünyanın başka bölgelerindeki haplotiplerle birebir aynı olduklarını rapor etmişlerdir.

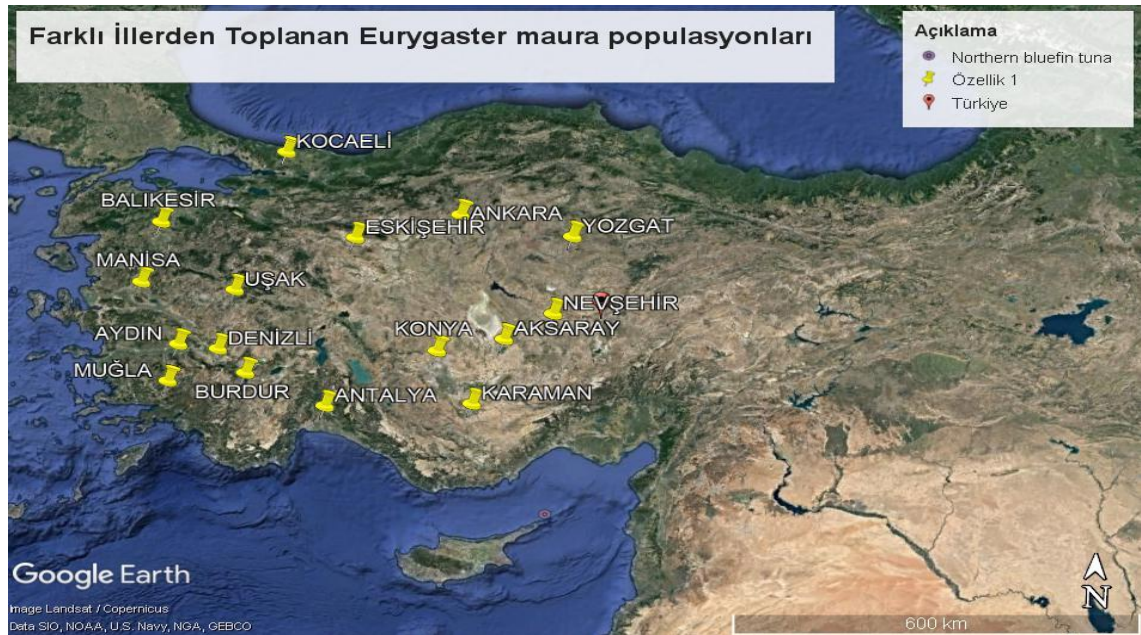


### 3. MATERYAL VE YÖNTEM

#### 3.1 Materyal

##### 3.1.1 Materyal ve Örnekleme

Çalışmanın ana materyalini Türkiye'nin farklı bölgelerindeki 16 farklı ilden toplanan 234 adet *Eurygaster maura* (Hemiptera: Scutelleridae) örnekleri oluşturmuştur. Bu iller **Şekil 3.1**'de gösterilmiştir. Bu iller arasında Denizli ilinin sekans okumaları temiz olmadığı için analizlere dahil edilmemiştir. Analiz işlemlerinde 15 farklı ilden 219 adet örnek esas alınmıştır. Popülasyon etiketlenmesinde ise il adı kısaltmaları, erkek birey 'E', dişi birey ise 'D' şeklinde kodlanmıştır. Arazi çalışmalarında kışlaklardan çıkmış *E. maura* ergin bireyleri araziden rastgele toplanmıştır. *E. maura* bireyleri Anadolu'da buğday üretimin yoğun olduğu illerden toplanılmasına dikkat edilmiştir. Toplanan *E. maura* bireylerinin popülasyonlar arasında ve popülasyon içinde mitokondriyal DNA'nın *COI* gen bölgesindeki genetik çeşitliliği ve popülasyon yapıları hakkında bilgi edinmek hedeflenmiştir.



Şekil 3.1 *E. maura* örneklerinin toplandığı lokasyonlar

### 3.1.2 Araç ve Gereçler

Bu çalışmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi, bunların hangi amaçla kullanıldıkları **Çizelge 3.1.**'de özetlenmiştir.

Çizelge 3.1 Çalışmada kullanılan araç ve gereçlerin listesi

<b>Adı</b>	<b>Kullanım amacı</b>
<b>Saf Su Cihazı</b>	DNA izolasyonu ve PZR reaksiyonları için tampon çözeltilerin hazırlanması
<b>Nanodrop</b>	İzole edilen DNA örneklerinin konsantrasyonları ve saflık derecelerinin belirlenmesi
<b>Sıcak Su Banyosu</b>	DNA izolasyonuDNA izolasyonu
<b>Çalkalayıcı (Vortex)</b>	Tampon çözeltilerin hazırlanması ve DNA izolasyonu
<b>Santrifüj</b>	DNA izolasyonu ve PZR aşamalarında örneklerin kısa süreliğine çöktürülmesi
<b>Manuel Hassas Terazi</b> <b>Dijital Hassas Terazi</b>	Tampon çözeltilerin hazırlanmasında sarf malzemelerin tartılması
<b>Agoroz Jel Elektroforezi</b>	DNA izolasyonu ve PZR ürünlerinin kalitatif ve kantitatif tayini
<b>Güç Kaynakları</b>	Agaroz jel elektroforezi
<b>Jel Görüntüleme Sistemi</b>	DNA izolasyonu ve PZR ürünlerinin jelde görüntülenip PC ortamına aktarılması
<b>Derin Dondurucu (+4,-20,-80)</b>	Örnek ve çeşitli sarf malzemelerinin saklanması
<b>Steril DNA İzolasyon Kabini</b>	Çeşitli tampon çözeltilerin hazırlanması, DNA ve PZR işlemlerinin steril ortamda yapılması
<b>Sekans Cihazı</b>	DNA dizi analizi
<b>Otaklav</b>	Deneylerde kullanılan malzemelerin sterilizasyonu

### 3.1.3 Tampon Çözeltiler

Çalışmada agaroz jel elektroforezi jellerinin hazırlanmasında kullanılan tampon çözeltilerin içeriği ve miktarı Çizelge 3.2’de gösterilmiştir.

Çizelge 3.2 Agaroz jel elektroforezi jellerinin hazırlanmasında kullanılan stok ve tampon çözeltiler

Tampon çözelti	Molarite/miktar	İçerik
TE Tampon Çözeltisi	10 mM 1mM	Tris EDTA
10 <sup>X</sup> TBE Elektroforez/Jel Stok Tampon Çözeltisi	108.0 g 55.0 g 40.0 ml 1 lt’ ye tamamlanır	Tris Borik asit 0.5 M EDTA (Ph:8.0) Deiyonize bdH2O
1 <sup>X</sup> TBE Elektroforez/Jel Tampon Çözeltisi	100 ml 1 lt’ ye tamamlanır	10xTBE Deiyonize bdH2O

## 3.2 Yöntem

### 3.2.1 Genomik DNA İzolasyonu

Her bir ergin süne örneği 1.5 ml’lik mikrosantrifüj tüpleri içerisine konulmuş, üzerine 500 µl CTAB (Cetyltrimethyl-ammonium bromide) solüsyonu eklenerek steril ezme çubuklarıyla ezme işlemi gerçekleştirilmiştir. 1.5 ml’lik tüplerin ağzı parafilmle kapatılıp bir gece su banyosunda bekletilmiştir. Ertesi gün su banyosundan çıkartılan 1.5 ml’lik tüpler içerisindeki sıvılar, numaralandırılmış yeni 1.5 ml’lik tüplere aktarılmıştır. Üzerine önceden hazırlanmış olduğumuz -20°C’de saklanan chloroform-izoamil alkol karışımından 500 µl eklenmiş ve 18000 rpm’de 10 dk santrifüj edilmiştir. 1.5 ml’lik tüplerin üzerinde oluşan üst faz, alt faza dokunmadan pipet yardımıyla çekilip yeni 1.5 ml’lik tüplere aktarılmış, tekrardan 18000 rpm’de 10 dk santrifüj edilmiştir. Oluşan üst faz tekrardan yeni 1.5 ml’lik tüplere alınmış, her bir tüp üzerine 400 µl izopropanol eklenmiş, sonra -80°C’de yaklaşık bir saat bekletilmeye bırakılmıştır. Daha sonra -80°C’den alınan tüpler en yüksek devirde 30 dakika santrifüj edilmiştir. Tüplerde

pellet oluşumu gözlemlendikten sonra üstteki izopropanol alınarak %70'lik soğuk etanolden 400 µl eklenmiş, 5 dk santrifüj edilmiştir. Pelete zarar vermeden bu yıkama işlemi aynı protokolle tekrarlanmıştır. Bir sonraki aşamada tüplerin içerisinden pelete zarar vermeden alkol pipet yardımıyla çekilmiş, tüpler vakumlu kurutma cihazında kurutulduktan sonra üzerine 20-100 µl arasında saf su eklenerek çözümleri sağlamıştır.

### 3.2.2 Genomik DNA'nın Saflık ve Miktar Tayini

Elde edilen genomik DNA'nın miktar ve saflık kontrollerinin yapılmasında NanoDrop spektrofotometreden 260/280 dalga boylarında ölçümleri yapılarak faydalanılmış ve elde edilen veriler bilgisayar ortamına aktarılmıştır. Örneklerden izole edilen genomik DNA'nın kontrolleri %1'lik agaroz jelde 70-90 Volt akımda 20 dakika süreyle yürütülerek kontrol edilmiştir.

### 3.2.3 Genomik DNA'nın PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) ile Çoğaltılması

İzole edilen genomik DNA, hedeflenen *COI* genine spesifik primer ile PZR yoluyla çoğaltılmıştır. PZR'de kullanılan primer çiftleri **Çizelge 3.3**'de verilmiştir. PZR reaksiyonunda kullanılan ana stok maddeler ve bu maddelerin son konstrasyonu ve miktarları ise **Çizelge 3.4**'de sunulmuştur. PZR reaksiyonu toplam hacmi 25 µl olacak şekilde optimize edilmiştir. Ayrıca çalışmada kullanılan PZR programı **Çizelge 3.5**'de verilmiştir.

Çizelge 3.3 *E. maura*'da çalışılan mtDNA lokusu ve primerler

Mitokondriyal DNA Lokusu	Primerler 5'→3'
<i>Sitokrom oksidaz I (COI)-Forward (F)</i>	CAA CCC GGA ACA TTT ATT GG
<i>Sitokrom oksidaz I (COI)-Reverse (R)</i>	GTG GGA TTC GTT CAG GTG TT

Çizelge 3.4 PZR reaksiyonu reaktifleri

Ana Stok	Son Konsantrasyon	Kullanılan Miktar
10 x PZR Buffer	1 X	5µl
MgCl <sub>2</sub> (50 mM)	1,8 mM	2.5 µl
dNTPler (1 mM)	0,2 mM	0.5 µl
İleri Primer (10 µM)	0,2 mM	0.5 µl
Geri Primer (10 µM)	0,2 µM	0.5 µl
Taq polimeraz (5U/ µL)	1 U	0.25 µl
ddH <sub>2</sub> O	1.5 ml	15.25 µl
DNA	20 ng	0.5 µl

Çizelge 3.5 Touch down PZR şartları

94°C →	3 dk		35 Döngü
94°C →	30 s	5 Döngü	
65°C →	30 s		
72°C →	90 s		
94°C →	30 s	5 Döngü	
60°C →	30 s		
72°C →	90 s		
94°C →	30 s	25 Döngü	
60°C →	30 s		
72°C →	90 s		
72°C →	5 dk		
12°C →	∞		

### 3.2.4 Agaroz Jel Elektroforezi

Elde edilen DNA'lar %1'lik agaroz jelde, PZR ürünlerini ise % 1.5'luk agaroz jel elektrofrezinde kontrol edilmiştir. PZR ürünleri yükleme boyası (Blue/Orange Loading Dye 6x, Promega) ile karıştırılarak agaroz jele pipet yardımıyla yüklenmiştir. Markör olarak 100 bp DNA ladder (Promega) kullanılmıştır. 100 V'da yaklaşık 1 saat yürütülen örneklerden elde edilen bantlar, transilluminatör aracılığıyla görüntülenip, bilgisayar ortamında dosyalar gün/ay/yıl olarak klasörlenerek kayıt altına alınmıştır.

### 3.2.5 PZR Ürünlerinin Pürifikasyonu

PZR ürünlerinin pürifikasyon işlemi için laboratuvar koşullarında uyguladığımız protokol şu şekildedir;

- Santrifüj cihazı +4 °C'ye gelene kadar deney öncesinde 30 dk soğutmaya bırakılmıştır.
- Her bir örnek için; 2 µl Sodyum asetat, 2 µl EDTA, 1 µl Glikojen toplamda 5 µl'lik bir hacimde olacak şekilde, örnek sayısı baz alınarak her deney için hesaplama yapılmış, 1.5 ml'lik eppendorf tüpünde karışım oluşturulmuştur.
- PZR cihazından alınan küçük PZR tüplerinin her birinde önceden hazırladığımız karışımdan (2 µl Sodyumasetat, 2 µl EDTA, 1 µl Glikojen) 1.5 ml'lik karışımdan tüplere 5 µl pipetaj yapılarak dağıtım yapılmıştır.
- Daha sonra önceden numaralandırdığımız 0.5 ml'lik tüplere sırasıyla bu örnekler aktarılmıştır.
- Yeni hazırlanmış %100'lük soğuk etanolden 70 µl aktarılıp pipetaj yapılmış, örneklerimiz 15 dk 14000 rpm' de (+4°C)'de santrifüj edilmiştir.
- Santrifüj işlemi bittikten sonra tüpler içerisindeki oluşan beyaz görünümlü pellete zarar vermeden etanol her bir tüpten uzaklaştırılmıştır.
- Bir sonraki aşamada örneklerimize %70'lik etanolden 200 µl aktarılmış, 5 dk 14000 rpm' de 2. santrifüj işlemi gerçekleştirilmiştir.
- Daha sonra tüpler içerisindeki pellete dikkat edilerek etanolün uzaklaştırma işlemi yapılmıştır.
- Örnekler (5-10) dk vakumlu kurutma cihazında, pelletler kurutulmaya, tüp içerisinde varsa kalan etanol uzaklaştırılmaya bırakılmıştır.
- Kurutulan örnekler üzerine 15 µl destile su eklenerek vortekslenmiştir.
- Son olarak pürifikasyon ürünlerini kontrol etmek amacıyla %1.5'luk agaroz jele 2 µl PZR ürünü, 3 µl Buffer ile karıştırılarak yükleme yapılmış, örnekler 100 V' da (45dk- 1 sa) koşturulmuş, transilluminatör yardımıyla görüntüsü alınıp, gün/ay/yıl olarak bilgisayar ortamında kayıt edilmiştir.

### 3.2.6 Sekans PZR Protokolü ve Pürifikasyonu

PZR pürifikasyonu sonucu elde edilen örneklerden sekans PZR reaksiyonu kurulmuştur. Optimizasyon sonucu uygulanan sekans PZR protokol ve koşulları **Çizelge 3.6** ve **Çizelge 3.7**'deki gibidir.

Çizelge 3.6 Sekans PZR Protokol

Forward için 1 reaksiyon		Reverse için 1 reaksiyon	
4 $\mu$ l	Premix	4 $\mu$ l	Premix
1 $\mu$ l	Forward (F) Primer	1 $\mu$ l	Reverse (R) Primer
5 $\mu$ l	PZR Pürifikasyon Ürünü	5 $\mu$ l	PZR Pürifikasyon Ürünü

Çizelge 3.7 Sekans PZR Koşulları

96 °C →	2 dk	45 Döngü
96 °C →	20 s	
55 °C →	20 s	
60 °C →	4 dk	
12 °C →	$\infty$	

Sekans PZR ürünleri, 3.2.5 “PZR pürifikasyonu ve protokolü” başlıklı PZR pürifikasyonunda kullanılan yöntem ile temizlenerek örnekler plakaya yüklenmiş, sekans cihazında örneklerin DNA dizileri ortaya çıkarılmıştır.

### 3.2.7 Sekans Sonuçlarının Analizi

#### 3.2.7.1 COI Gen Fragmanlarının Dizilenmesi ve Hizalanması

Temiz PZR ürünleri ve PZR reaksiyonunda kullanılan primerler ile tek yönlü “Genome Lab Dye Terminatör Cycle Sequencing with Quick Start Kiti (Beckman Coulter, USA)” kullanılarak sekans PZR’ı yapılmıştır. Sekans analizi için Beckman Coulter GXP (Beckman Coulter, USA) cihazı kullanılmıştır.

Dizileme reaksiyonu sonucu elde edilen diziler hizalama ve veri analizleri CodonCode Aligner 3.5.6 (Ewing vd. 1998) programı kullanılarak gözle hizalanmıştır. Referans nükleotid dizileri içinde daha önceki çalışmalardan *E. maura* türüne ait var olan referans dizisi kullanılmıştır (Genbank numarası: KM022584). Bu aşamada her bir gen bölgesi için tek yönlü (forward) dizi hizalaması yapılmış, daha sonrada popülasyon içi ve son olarak da popülasyonlar arasında çoklu nükleotid dizi hizalamaları yapılmıştır. Eşit olmayan diziler için konsensüs dizi FR\_consesus.py yazılım programı kullanılarak elde edilmiştir. Konsensüs dizilerinin hizalanmasında ise Mega X programından (Kumar vd. 2018) yararlanılmıştır.

### 3.2.7.2 Genetik Çeşitlilik Analizi

Toplanan popülasyonların genetik çeşitliliği ve popülasyon yapısının değerlendirilmesinde mitokondri DNA'sına ait kodlama yapan *COI* gen bölgesi analizlerinde moleküler karakterizasyon hem nükleotid hem de aminoasit düzeyinde gerçekleştirilmiştir.

Genetik çeşitlilik seviyelerinin belirlenmesinde DNAsp. v.5 ve ARLEQUIN v.3.5.2.1 programlarında bulunan parametrelerden yararlanılmıştır (Excoffier ve Lischer 2010; Librado ve Rozas 2009). Popülasyon içi nükleotid çeşitliliği  $\pi$  (Nei 1987), ikili nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı ( $k$ ), haplotip çeşitliliği ( $H_d$ ), haplotip sayısı ( $H$ ) ve popülasyonlara özgün haplotip sayısı ( $H_U$ ) hesaplanmıştır (Tajima 1983; Nei 1987).

Aynı zamanda mitokondri DNA belirtecinde nükleotid çeşitliliğinin seçilim baskısına maruz kalıp kalmadığı tespit etmek amacıyla ARLEQUIN v.3.5.2.1 paket programında yer alan Tajima'nın  $D$  (Tajima 1989) ve  $F_u$ 'nun  $F_s$  (Fu 1997) analizleri nötralite istatistiklerinin hesaplanmasında kullanılmıştır. Popülasyon genetik yapısı farklılaşmaları tahmini için ikili  $F_{ST}$  değerleri ARLEQUIN v.3.5.2.1 programıyla hesaplanmıştır (Weir ve Cockerham 1984). Anlamlılık düzeyleri 1000 tekrarlı rastgele



permütasyon analiziyle elde edilmiş ve anlamlılık derecesi olarak  $p < 0,05$  düzeyi kabul edilmiştir.

### 3.2.7.3 Coğrafi Genetik Yapılanma

*E. maura* popülasyonlarında genetik yapılanmayı incelemek için  $\Phi$  istatistiklerine dayalı moleküler varyansın mekânsal analizi SAMOVA 1.0 programından yararlanılmıştır (Dupont vd. 2002). Bu yazılımda sağlanan yöntem total genetik varyans oranının ( $F_{CT}$ ) maksimum düzeye ulaştığı yerde coğrafi açıdan homojen ve genetik olarak farklılaşmış popülasyonların oluşturduğu grupları ( $K$ ) ifade etmektedir. Bu program yalnızca popülasyonların coğrafi pozisyonu ve genetik verisi üzerine dayalı bir genetik yapılanmayı içermektedir. Muhtemel grup sayısını belirlemek için  $K=2-10$  grupları için SAMOVA analizleri yapılmıştır. Her analiz 250 simüle edilmiş bağlanma işlemleri uygulanmış ve sonuçların analizler arasında uyumlu olup olmadığını kontrol etmek için her bir analiz tekrarlanmıştır. Diğer taraftan  $\Phi$  istatistiklerinin anlamlılık düzeyleri 1000 rastgele permütasyon tarafından tahmin edilmiştir.

Popülasyonlar arasında genetik ilişkinin görsel bir gösterimini oluşturmak için, GenAlEx 6.3. paket programında (Peakall ve Smouse 2006) ikili  $F_{ST}$  değerlerini kullanarak temel bileşen analizleri (PCA) yapılmıştır. Genetik yapılanmanın oluşumunda coğrafi uzaklıkla genetik uzaklık arasında bir ilişkinin [isolation by distance (IBD)] var olup olmadığı, olası IBD örüntüleri araştırılmıştır. Analizlerde popülasyonların ikili  $F_{ST}$  değerlerine karşı Öklidyen coğrafi uzaklıklarının regresyonuna başvurulmuştur (Hutchison ve Templeton 1999). Analizlerde Mantel opsiyonu kullanılarak GenAlEx 6. 3. paket programında gerçekleştirilmiştir. Popülasyonların enlemsel ve boylamsal koordinatları ise, ondalık düzeye [http://www.calculatorcat.com/latitude\\_longitude.phtml](http://www.calculatorcat.com/latitude_longitude.phtml). online programı kullanarak dönüştürülmüştür. Popülasyonlar arasındaki coğrafi uzaklıklar yine aynı paket programında yer alan ondalık düzeyde (decimal degree) Lat/Long koordinatlarından coğrafi uzaklık hesaplama seçeneği kullanılarak oluşturulmuştur. Tüm Mantel

testlerinin istatistiksel açıdan anlamlılık düzeyleri ise genetik uzaklık matrisinin 1000 rastgele permütasyonlarıyla değerlendirilmiştir.

#### **3.2.7.4 Şebeke Analizleri**

Popülasyonları oluşturan bireylerin *COI* gen bölgesine ait sekans dizilerine dayandırılarak bireyler arasındaki soy hattı ilişkisi ortanca-bağlama (median-joining, MJ) parametresi altında Network v5.0.0.1 programına başvurularak gerçekleştirilmiştir (Bandelt vd.1995, 1999).

#### **3.2.7.5 Filogeni ve Filocoğrafya**

*E. maura* popülasyonlarında filogeni analizlerinde DNA uzaklık, maksimum olasılık (ML) ve Bayesiyen çıkarımsal yöntemler (BL) ile analizler gerçekleştirilmiştir. Analizlerde haplotip dizileri kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Analiz öncesinde uygun mutasyon modeli belirlemek için Mega X programından yararlanılmıştır (Tamura vd. 2011). Hem AIC (Akaike Information Criterion) hem de BIC (Bayesian Information Criterion) parametreleri kullanılmıştır. Maksimum parsimoni analizleri dışında diğer analizlerde elde edilen ağaçları FigTree v1. 3. 1 (Rambaut 2009) programını kullanılarak çizilmiştir. Dış grup olarak *Eurygaster amerinda* (Genbank Accession Number: KR032040.1) kullanılmıştır.

Uzaklık analizleri; Minimum evrim prensibine dayanana komşu-bağlama (NJ) yönteminde, evrimsel uzaklık, doğada transisyonel nükleotid değişimlerinin transversiyonel değişimlerinden daha yüksek olması nedeniyle çoklu değişimleri değerlendirebilen Kimura 2-parametre(K2-P) modelinden yararlanılmıştır (Kimura 1980). Nükleotid değişimlerine transisyon ve transversiyon değişimlerinde dahil edilmiştir. Nükleotid pozisyonları arasındaki nükleotid değişim oranındaki varyasyon için gamma dağılımı seçilmiştir. Model seçiminde elde edilen gama değeri kullanılmıştır. Analizler Mega X programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Kumar vd.

2018). Ağaç nodlarının kararlılığını değerlendirebilmek amacıyla tüm analizlerde bootstrap değeri 1000 permütasyon olacak şekilde analizler gerçekleştirilmiştir.

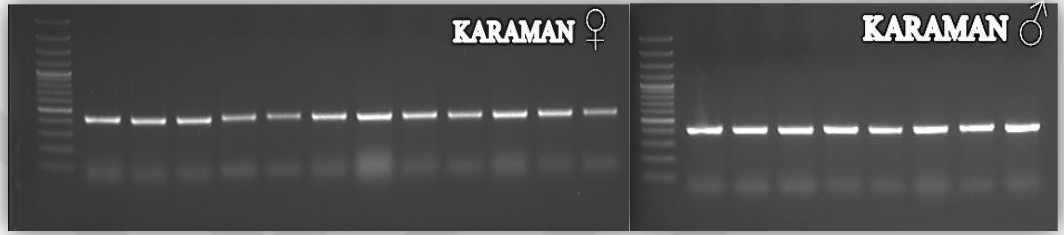
Maksimum Olasılık (ML) analizlerinde ise Felsenstein (1981) tarafından önerilen filogeni tahmini için programından yararlanılmıştır. Değişken olmayan pozisyonlarının tahmin edilmesinde GTR+G+I tercih edilmiştir.

Bayesian çıkarsamalı filogenisi ve popülasyonlar arası farklılaşma zamanları Bayesiyan çıkarsamalı ve Markov Chain Monte Carlo (MCMC) yaklaşımını bir filogenetik analiz olan BEAST version 1.8.3 programı kullanılarak tahmin edilmiştir (Drummond vd. 2012). Dizi veri analizlerinde Mega X programından elde edilen model sonuçlarındaki en uygun model seçilmiştir. Çoğunluk Kuralı Konsensüs Ağacı (Majority-Rule Consensus Tree) oluşturularak tahmin edilmiştir.

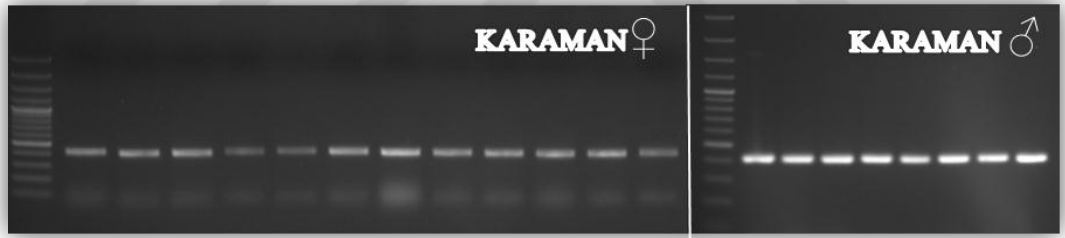
#### 4. BULGULAR

16 farklı ilden toplanan *E. maura* örneklerinin PZR VE PZR pürifikasyon bant görüntülerinden Karaman ili **Şekil 4.1** ve **Şekil 4.2**' de gösterilmiştir. Diğer illerin PZR bant görüntüleri **EK 1**' de, PZR pürifikasyon bant görüntüleri ise **EK 2**' de gösterilmiştir.

Şekil 4.1 Karaman ili PZR Bant Görüntüsü



Şekil 4.2 Karaman ili PZR Pürifikasyon Bant Görüntüsü



#### 4.2. Genetik Çeşitlilik

*E. maura* örneklerinden elde edilen DNA örneklerinden PZR metodu ile çoğaltılan *COI* gen bölgesi sonucunda elde edilen dizi analizleri sonucunda toplamda 15 Popülasyona ait bireyde 219 konsensüs dizi elde edilmiştir. Analizlere sekans okumaları temiz olmadığı için Denizli popülasyonları dahil edilmemiştir. Analiz edilen mitokondri DNA dizilerinin her kromotogramda tekli piklere sahip oldukları gözle kontrol edilmiştir. *COI* geninde meydana gelen bazı değişikliklerde hangi nükleotidin doğru olabileceği öngörülmediği için referans dizi ile birlikte hizalanmıştır.

Analiz sonucunda 219 bireye ait nükleotid konsensüs dizisi içerisinde 112 polimorfik pozisyon sayısı ( $S$ ) tespit edilmiştir. Popülasyonlar arasından polimorfik pozisyon sayısı en az olan popülasyon Burdur (3) iken, en yüksek değer Kocaeli popülasyonunda 14 olarak bulunmuştur (**Çizelge 4.1**). *E. maura*'nın toplam 219 bireyindeki 68 haplotip sayısı ( $h$ ) içerisinden en yüksek haplotip sayısının 12 olan Eskişehir popülasyonuna ait olduğu tespit edilmiştir. Mitokondri haplotip çeşitliliği ( $h$ ) sonuçları incelendiği zaman, Karaman popülasyonu en yüksek (0,98) haplotip çeşitliliğine sahip olduğu belirlenmiştir. En düşük haplotip çeşitliliği Antalya popülasyonunda (0,57) saptanmıştır. Nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ) sonuçlarına göre en düşük popülasyon Antalya (0,923) olarak belirlenmiştir. En yüksek popülasyon ise Balıkesir (5,048)'dir. *E. maura* popülasyonlarının mitokondri haplotip çeşitliliği yüksek olup ( $h=0,81\pm 0,10$ ) 68 haplotip ( $k$ ) belirlenmiştir (**EK 3**). Haplotiplerin kodlanması Hap1-Hap68 şeklinde adlandırılmıştır. Haplotip dağılım sonuçlarına göre herhangi bir popülasyon tarafından paylaşılmayan özgün haplotip sayısı  $H_U=59$  ve haplotip çeşitliliğinin  $0,81\pm 0,10$  olduğu gözlemlenmiştir. En yüksek haplotip sayısı 12 olan Eskişehir popülasyonuna aittir (**Çizelge 4.1**). En az haplotipe ( $H=4$ ) sahip popülasyonlar Burdur ve Antalya'dır. Bulunma sıklığı en yüksek olan ilk üç haplotip Hap3, Hap11 ve Hap20 haplotipleridir. Bu haplotiplerden bireylerin %33,3'ü Hap3, %14,15'i Hap11 ve %5,9 Hap20'yi temsil etmektedir. Hap3 haplotipi bütün popülasyondan bireyler içermektedir (**EK 4**).

Tajima'nın  $D$  ve  $F_u$ 'nun  $F_s$  değerleri (Tajima 1989; Fu 1997) hesaplanan popülasyonlarda nükleotid dizileri arasındaki farklılaşmada nötral süreçlerden bir uzaklaşma olup olmadığı analizleri sonucunda Eskişehir [ $(D=-1,672$  ( $p=0,027$ );  $FS=-8,321$  ( $p=0,000$ )] ve Yozgat [ $(D=-1,640$  ( $p=0,024$ );  $FS=-1,850$  ( $p=0,048$ )] popülasyonlarında her iki test açısından da nötralityden anlamlı derecede bir uzaklaşma gözlenmiştir ( $p<0,05$ ). Diğer popülasyonlar yapılan nötrality testlerinde istatistiksel olarak anlamlı sonuçlar bulunmamıştır ( $p<0,05$ ) (**Çizelge 4.1**). Bu bulgular sonucunda anlamlılık gösteren negatif değerler popülasyondaki nadir varyantların, pozitif değerler ise orta düzey frekansa sahip pozisyonların fazla bulunmasından kaynaklanmaktadır. Bu nedenle negatif  $D$  değeri son dönemde gözlenen bir pozitif seçilimine ya da hızlı bir büyüme sergileyen popülasyona işaret etmektedir. Pozitif  $D$  değeri ise popülasyon

yapılanmasının varlığına ya da dengeleyici seçilime işaret etmektedir (Korkmaz 2011; Pybus ve Shapiro 2009; Arias vd. 2018).

Çizelge 4.1 *E. maura* için Popülasyon genetik çeşitliliği ve nötralite test istatistikleri

Popülasyon	n	H	S	H <sub>U</sub>	Π	H <sub>d</sub> ±SD	Tajima's D	Fu's Fs	Tajima's D P-değeri	Fs P-değeri
Yozgat	8	5	6	4	1,500	0,78±0,15	-1,640	-1,802	0,024*	0,048*
Kocaeli	11	6	14	6	4,291	0,73±0,14	-0,451	0,341	0,344	0,526
Konya	18	6	6	8	1,059	0,70±0,09	-1,294	-2,273	0,097	0,027*
Nevşehir	19	9	8	3	1,427	0,81±0,08	-1,288	-5,050	0,104	0,000*
Uşak	16	11	8	1	2,117	0,95±0,04	-0,440	-7,222	0,357	0,001*
Aksaray	15	7	6	5	1,714	0,88±0,05	-0,248	-2,370	0,461	0,041*
Karaman	10	9	8	1	2,356	0,98±0,05	-0,721	-6,618	0,287	0,000*
Eskişehir	21	12	12	1	1,762	0,90±0,05	-1,672	-8,321	0,027*	0,000*
Manisa	14	6	5	0	1,055	0,75±0,11	-1,139	-2,796	0,134	0,003*
Balıkesir	15	11	12	2	5,048	0,95±0,04	1,433	-3,286	0,934	0,048*
Muğla	17	7	6	7	1,103	0,75±0,09	-1,270	-3,575	0,104	0,002*
Aydın	17	9	9	5	1,985	0,89±0,05	-0,916	-3,957	0,205	0,004*
Antalya	14	4	4	6	0,923	0,57±0,13	-0,877	-0,595	0,222	0,200
Ankara	15	7	5	7	1,162	0,84±0,07	-0,824	-3,725	0,228	0,000*
Burdur	8	4	3	3	1,214	0,75±0,14	0,204	-0,844	0,623	0,150

n: Örnek sayısı; k: Haplotip sayısı; S: Polimorfik pozisyon sayısı; H<sub>U</sub>: Özgün haplotip sayısı ; π: Nükleotid çeşitliliği; H<sub>d</sub>±SD: Haplotip çeşitliliği±Standart Sapma; Tajima's D P-Değeri ve Fs P-Değeri: P-değeri <0,05\*

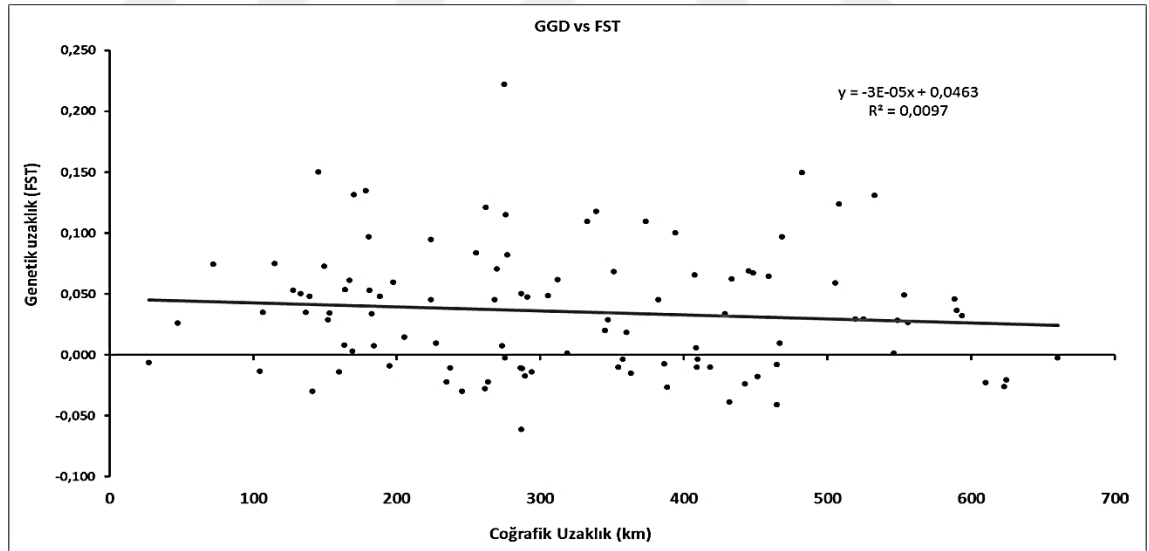
### 4.3. Coğrafik Genetik Yapılanma

Popülasyonlar arasında genetik farklılaşma düzeylerinin belirlenebilmesi amacıyla ikili  $F_{ST}$  indekslerinden yararlanılmıştır. *E. maura*'nın 15 farklı popülasyonu arasındaki ikili  $F_{ST}$  değerleri gösterilmiştir (Çizelge 4.2). *E. maura* popülasyonları arasında genetik farklılaşma seviyesi incelendiğinde, renkli hücrelerle kesişen popülasyonlar arasında genetik farklılaşma istatistiki olarak anlamlı bulunmuştur (P-değeri<0.05). Yozgat popülasyonu ve Karaman popülasyonu arasında %11,462 oranında genetik farklılaşma düzeyi belirlenmiştir. Genel olarak bakıldığı zaman Karaman popülasyonlarının Uşak, Aksaray, Eskişehir ve Balıkesir popülasyonları ile arasında genetik farklılaşma seviyeleri arasında anlamlı bir fark bulunamamıştır (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.2 E. Maura 15 Popülasyonu arasındaki ikili  $F_{ST}$  değeri

	Yozgat	Kocaeli	Konya	Nevşehir	Uşak	Aksaray	Karaman	Eskişehir	Manisa	Balikesir	Muğla	Aydın	Antalya	Ankara	Burdur
Yozgat	0														
Kocaeli	-0,3895	0													
Konya	0,01441	0,01999	0												
Nevşehir	-0,1364	-0,00801	-0,01427	0											
Uşak	0,06681	0,09454	0,07017	0,03362	0										
Aksaray	0,07265	0,09684	0,04786	0,02618	-0,0104	0									
Karaman	0,11462	0,14948	0,14969	0,09673	0,0183	0,04991	0								
Eskişehir	0,00724	0,03356	0,00757	-0,0114	-0,0094	-0,01106	0,04825	0							
Manisa	-0,02066	-0,01399	-0,01779	-0,02284	0,05285	0,03647	0,1308	-0,004	0						
Balikesir	0,02803	0,0532	0,06554	0,02635	0,00312	0,00139	0,02896	-0,00285	0,03464	0					
Muğla	-0,00253	0,00577	-0,041	-0,02623	0,0452	0,03187	0,12371	-0,01013	-0,02992	0,04504	0				
Aydın	0,04566	0,06811	0,10019	0,04895	0,03413	0,02945	0,06886	0,02858	0,05291	0,0093	0,07446	0			
Antalya	0,00924	-0,00774	-0,02775	-0,00389	0,13128	0,10953	0,22163	0,04741	-0,01757	0,10923	-0,02262	0,13451	0		
Ankara	0,06084	0,08171	0,07491	0,04781	0,05022	0,05923	0,08333	0,03454	0,06445	0,04536	0,05883	0,06225	0,1176	0	
Burdur	-0,02381	-0,01509	-0,0107	-0,02665	0,02879	-0,01044	0,12074	-0,02256	-0,06126	0,00108	-0,0303	0,00727	-0,0062	0,06179	0

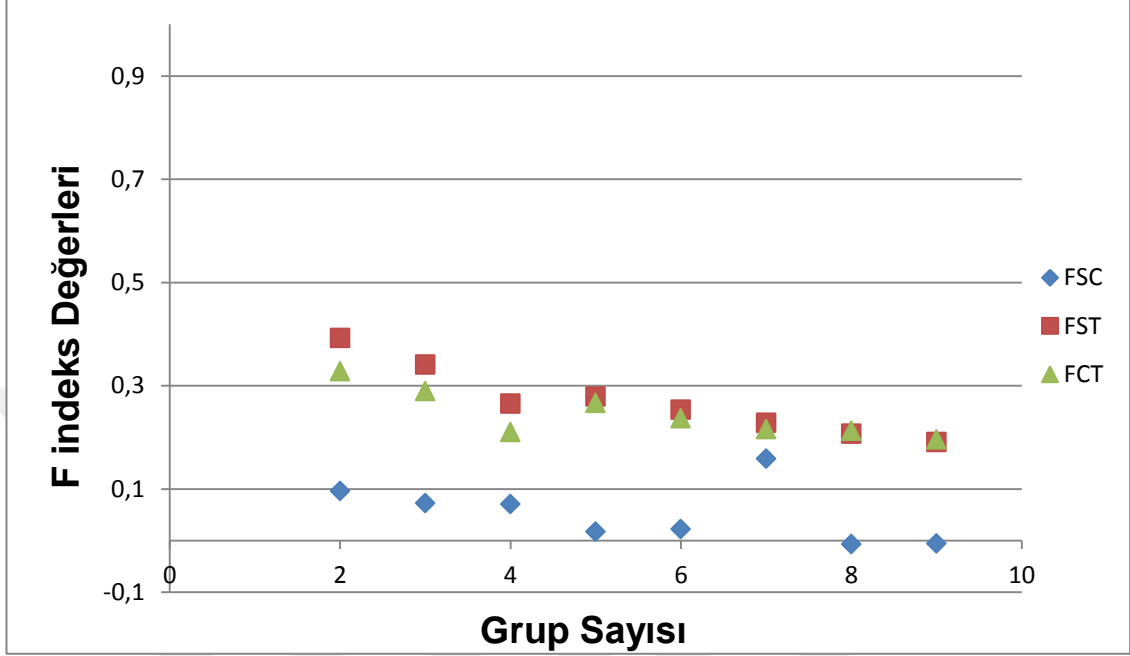
Popülasyonlar arasında saptanan ikili genetik uzaklık değerleri ile coğrafik uzaklık arasında anlamlı bir korelasyon gözlenmemiştir ( $R^2=0,0097$ ,  $p=0,170$ ) (Şekil 4.3).



Şekil 4.3 *COI* gen veri setleri üzerinden Mantel testi

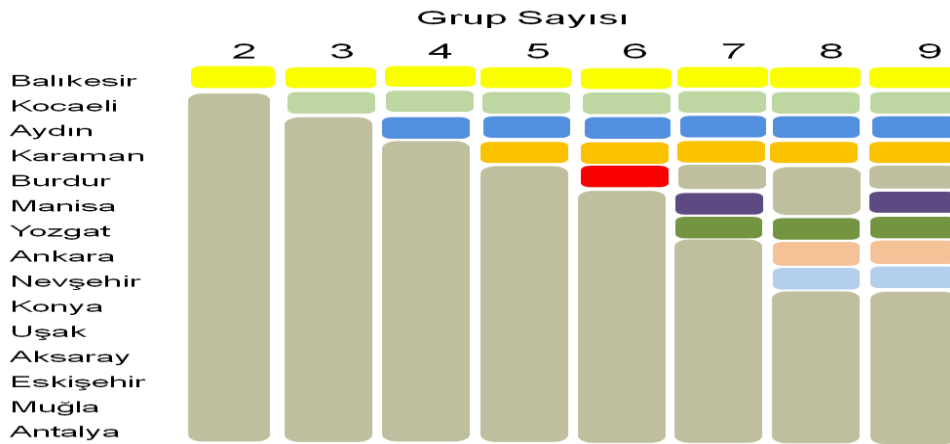
Grup sayısı 2-9 arasında SAMOVA analizi sonucunda popülasyonlar arasında popülasyonların coğrafik yayılış örüntüleri ile popülasyonlar arası varyasyon oranları arasındaki ilişki Şekil 4.4'te sunulmuştur. Grup sayısı 2 olarak incelendiği zaman gruplar arasında ( $F_{CT}$ ) %32,772, grup popülasyonları arasında ( $F_{SC}$ ) %9,604 ve

popülasyonlar içerisinde ( $F_{ST}$ ) %39,229 oranında genetik uzaklık ve coğrafik uzaklık değerleri arasında ilişki bulunmaktadır (Şekil 4.4).



Şekil 4. 4 SAMOVA sonuçları

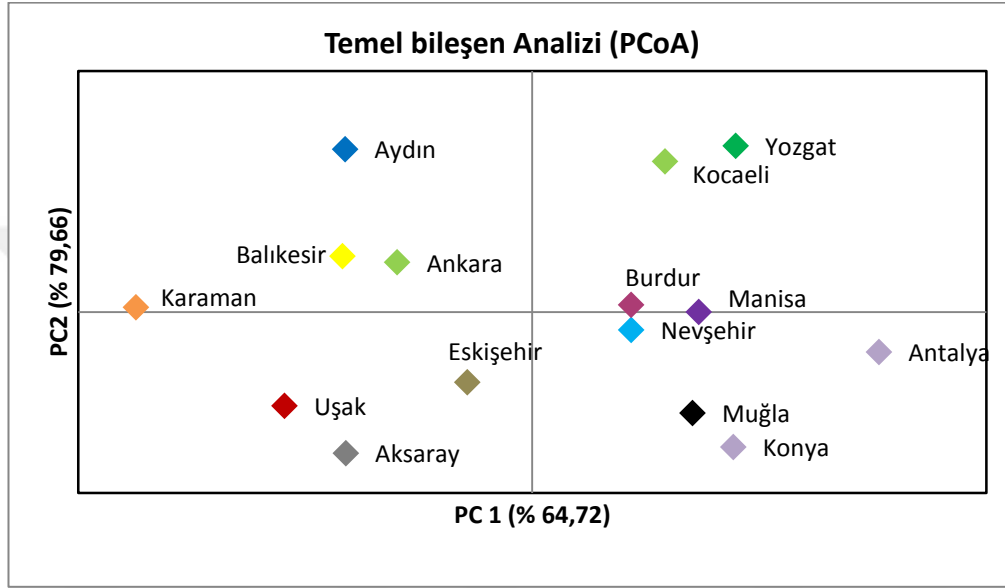
Grup sayısı K=9 olduğu zaman Konya, Uşak, Aksaray, Antalya, Eskişehir ve Muğla popülasyonları genetik uzaklık ve coğrafik uzaklık analizleri sonucunda aynı grup içerisinde sınıflandırılmıştır (Şekil 4. 5).



Şekil 4.5 SAMOVA sonuçları



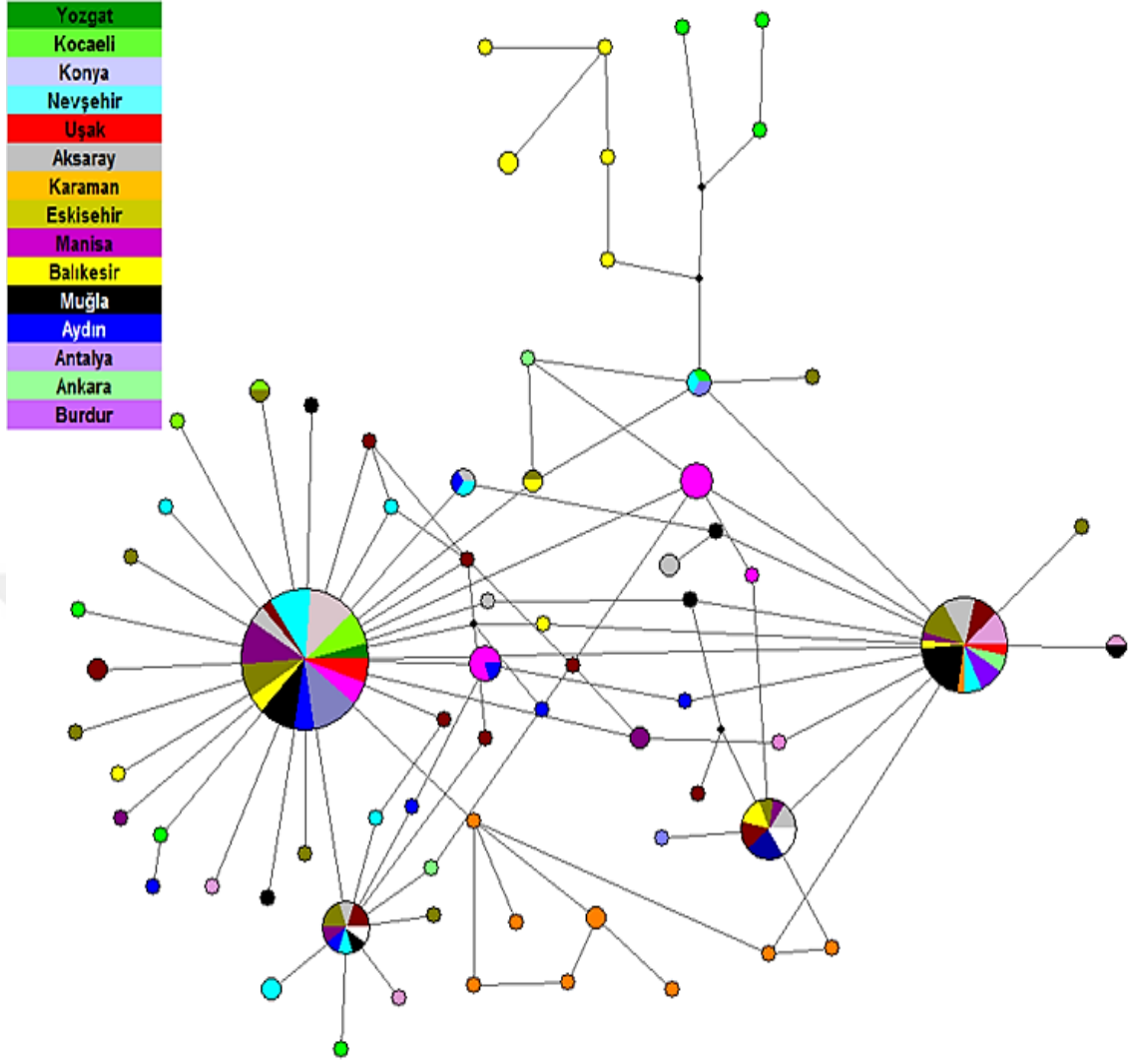
Temel koordinatlar analizleri (PCoA) sonucunda *COI* gen bölgesi açısından popülasyon arasında genetik çeşitlilik saptanmıştır (**Şekil 4.6**). Temel bileşenlerin ilk eksenini (PCoA1) toplam genetik varyasyonun %64,72'sini açığa çıkarmıştır. Temel bileşenlerin 2. eksenlerinin (PC2) açığa çıkardığı toplam varyasyon oranı %79,66 olarak belirlenmiştir.



Şekil 4.6 İkili genetik uzaklık ( $F_{ST}$ ) değerleri kullanılarak yapılan temel koordinatlar analizi (PCoA) (Renkler Popülasyonları temsil etmektedir)

#### 4.4. Şebeke Analiz Sonuçları

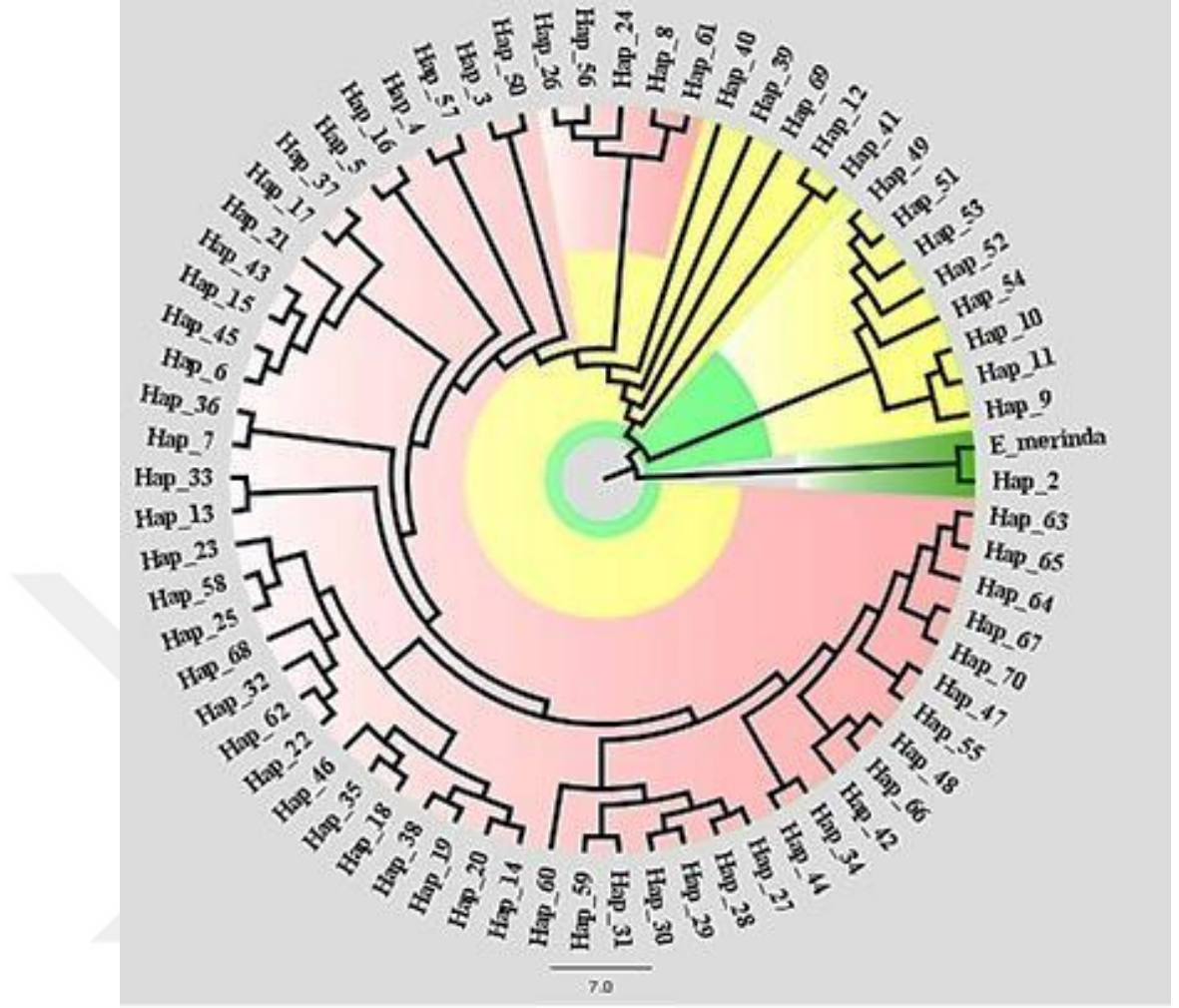
Gerçekleştirilen soy hattı ilişkisi **Şekil 4.7**'te gösterilmiştir. Şebeke analizleri sonuçlarında popülasyonları oluşturan bireyler arasında yıldız benzeri (star-like) bir yapılanma açığa çıkmıştır. Bu durum ilgili türün son dönemde ani bir genişlemeye maruz kaldığı ve haplotiplerin birbirlerinden yeterli oranda farklılaşmadıklarına işaret etmektedir. Ayrıca diğer analizlerdekine benzer şekilde Kocaeli ve Balıkesir popülasyonları hem diğerlerinden görece farklılaşmış hem de birbirlerine daha yakın konuştukları gözlenmiştir.



Şekil 4.7. COI gen bölgesi ait şebeke analizi

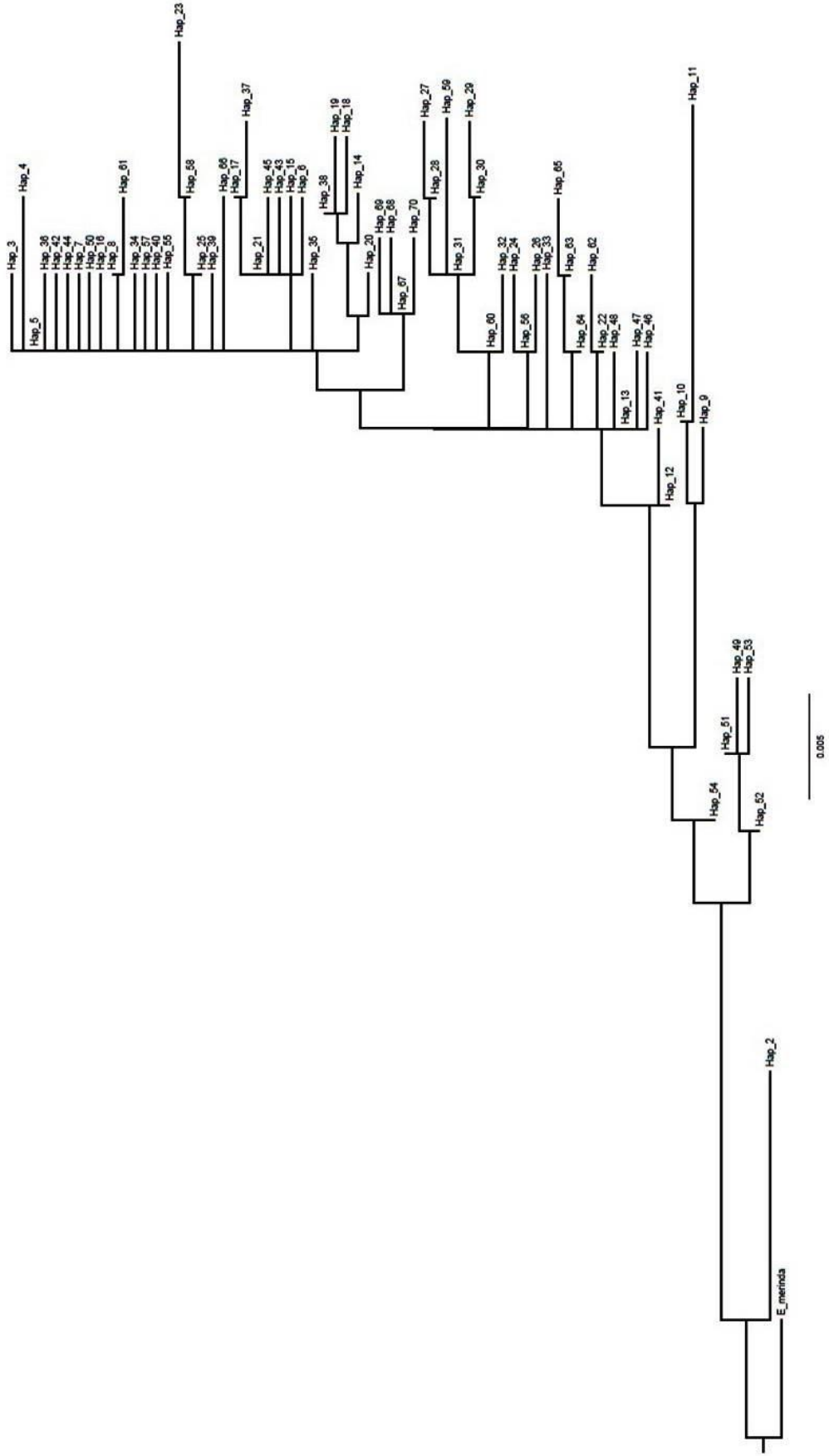
#### 4.5. Filogenetik Analiz sonuçları

Mega X (Kumar vd. 2018) programından en uygun model seçiminde parametreleri mevcut DNA dizilerinden en uygun model olarak altı parametrelili GTR+G+I modelini saptamıştır. Uzaklık analizlerinden NJ dendogramı *E. maura* popülasyonlarının üç farklı kümelenme sergilediklerine işaret etmektedir (Şekil 4.8).



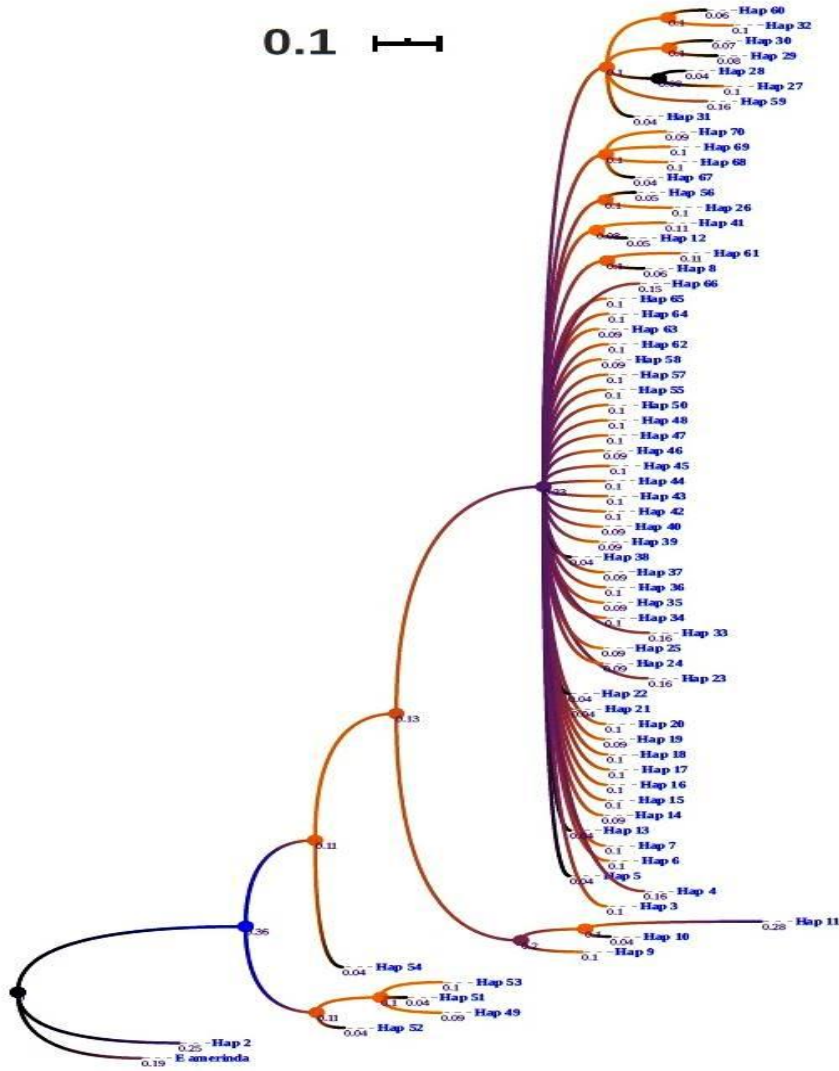
Şekil 4.8 Haplotipler arasındaki Komşu Bağlama (NJ) dendogramı (Genetik uzaklık matrisine dayalı K2-P modeli)

Maksimum olasılık analizleri filogeni tahmini için Felsenstein (1973) ve Farris (1973) tarafından geliştirilen bir yöntemdir. Bu yönteme göre evrimsel değişimler bir karakterin diğer bir karaktere değişmesi veya yeni bir karakter oluşturmasında belirli bir olasılık bulunmaktadır. Maksimum olasılık analizleri tahmin edilerek elde edilen filogenetik ağaç **Şekil 4. 9**'deki gibidir.



Şekil 4. 9 Haplotipleri arası maksimum olasılık yöntemine dayalı filogenetik ağaç (GTR+G+I modeli ve DNA partition parametresi kullanılarak inşa edilmiştir. Skala genetik uzaklığı göstermektedir.

Bayesian çıkarımsal filogenetik analizler sonucunda haplotipler arasındaki nükleotid dizilerine dayalı filogenetik ilişkiler ve farklı soy hatlarının diğerlerinden ayrılma zamanları ve günümüz örüntüleri hakkında bilgi edinilebilmektedir. İnşa edilen kladogram 0,50-1,00 posterior güvenirlilik aralığında kladların varlığını göstermektedir (Şekil 4. 10). Monofiletik bir ilişki sergileyen *E. maura* türü içerisinde Hap2 ve diğer haplotiplerin temsil ettiği klad tüm diğerlerinden güçlü bir destek değeri (PP=1) ile ayrılmıştır. Diğer kalan haplotipler arasında ise net bir farklılaşma gözlenmemiş olup popülasyonlar arası farklı haplotiplerin paylaşım durumlarına paralel olarak birlikte kümelenmişlerdir.



Şekil 4.10 Haplotipleri arasındaki filogenetik ilişki. (Ağaç Bayesiyen analizine dayalı bir çoğunluk kuralı uyumluluk ağacıdır).

Elde edilen filogenetik ağaçlar, genel topoloji bakımından birbirleri ile uyumludur. Sonuç olarak popülasyonlar ve dış grup *Eurygaster amerinda* ile inşa edilen ağaç sonuçlarına göre haplotiplerin birbiri ile akraba türler oldukları saptanmıştır.



## 5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bu tez çalışmasında, ülkemiz için önemli besin kaynağı olan buğday ve tahıllarda zararlı olan *E. maura* türünün filocoğrafyası üzerinde çalışılmıştır. Mitokondriyal DNA *sitokrom oksidaz I* gen bölgesi PZR ile çoğaltılıp dizi analizi yapılmıştır. Bu veri setinde sünenin ülkemizdeki farklı coğrafik bölgelerinden elde edilen popülasyonlarında genetik çeşitliliği, filogenetik ilişkiler ve filocoğrafik analizler yapılmıştır.

Bugüne kadar birçok çalışmada intronların bulunmaması, rekombinasyon sınırlı olması, haploit olması ve maternal kalıtıma sahip olmasından dolayı mitokondriyal genom bu tür çalışmalarda tercih edilmektedir (Hebert vd. 2003; Blaxter 2004; Korkmaz vd. 2011). Böcek evrimi hakkında bilgi edinmek içinde, *COI* geni coğrafik yapı ile ilişkili tür içi varyasyonu ortaya koyabilecek hızdadır. Ayrıca bu gen bölgesi birçok böcek türünün tanılanmasında yaygın olarak kullanılmaktadır (Rach vd. 2017, Guz vd. 2013, Duman vd. 2015, Zheng vd. 2017).

Popülasyon genetiği analizleri tarımsal zararlı popülasyonlarında evrim tarihinin analiz edilmesi, göç şekilleri, genetik yapısı ve dinamiklerinin belirlenmesi için yeni bir strateji sağlayabilir. Buna ek olarak, türlerin genetik çeşitliliğinin keşfedilmesi, kriptik türlerin olup olmadığını belirlemede yararlı olabilmektedir. Bu konuda, türlerin doğru tanılanması ve bölgesel popülasyonlar arasında çeşitliliği düşününce etkili zararlı yönetiminin temelidir (Barman vd. 2017).

Analiz edilen mitokondri DNA fragmanının *COI* gen bölgesi 340 bç uzunluğunda bir nükleotid diziden oluşmaktadır. *E. maura* popülasyonlarında 68 haplotip içerisinden 59 özgün haplotipe sahip olması konusunda Anadolu popülasyonlarının yüksek düzeyde bir genetik çeşitliliğe sahip olduğuna işaret etmektedir (**Çizelge 4.1** ve **EK 3**). Gözlenen bu yüksek genetik çeşitlilik, Anadolu'daki yayılışı açısından büyük bir popülasyon büyüklüğüne erişmiş olabileceğine işaret etmektedir. Anadolu'da yapılmış birçok çalışmada elde edilen sonuçlardan Anadolu popülasyonlarında uzun süreli bir biyocoğrafik izolasyonu önermektedir (Korkmaz 2014, Boztepe 2012, Altun vd. 2018).

*E. maura* popülasyonlarının günümüzdeki yayılışlarının araştırılması amacıyla yapılan analizde 219 bireyin 77 bireyinde (%35,15) Hap3 haplotipi içerisinde yer almıştır. Sadece Karaman ili popülasyonlarında hiçbir birey bu Hap3 haplotipi içerisinde bulunmamaktadır. Özgün haplotip sayısı sonuçlarında ise 59 adet özgün haplotip tespit edilmiştir. En yüksek özgün haplotip oranı %88,8 oranı ile Karaman popülasyonu olarak saptanmıştır. Özgün haplotip sayısının Yozgat, Kocaeli, Karaman, Ankara, Uşak, Nevşehir, Eskişehir ve Balıkesir popülasyonlarında yüksek olduğu tespit edilmiştir. Özgün haplotip sayılarının fazla olması bu popülasyonlarda yüksek olmayan bir gen akışına sahip olduklarını aklı getirmektedir. Tüm bireyler içerisinde tek bir haplotip ile temsil edilen popülasyonlar arasında Manisa, Antalya ve Aksaray popülasyonları bulunmaktadır (**EK 2**). Bu popülasyonda tek bir haplotipin bulunmasını, farklı insektisit uygulamaları, habitattaki yaşamı ve konukçu bitki çeşitliliği gibi faktörler etkilemektedir. Başka bir olasılık bu popülasyonlar buğday üretimi açısından küçük ve izole olmalarından dolayı sürüklenme veya seçilimden kaynaklanan haplotip çeşitliliklerini kaybetmiş olma ihtimalidir. Ülkemizdeki tarımsal faaliyetler sonucunda insektisit kullanımı bu popülasyonların olduğu bölgelerde yaygın olarak yapılmaktadır. Bu arazilerde yoğun insektisit kullanımı popülasyondaki birey sayısının azalmasına neden olur. Bu durum düşük frekanslı haplotiplerin kaybına sebep olabilir (Pedelini 2016). Diğer yandan, büyük ölçüde kaliteli ürüne bağımlı olan konukçu bitkinin böcek varlığında gözlemlenen sonuçların gelişimini içeren bir başka faktör olabilir. *E. maura* erginleri genellikle bitkinin kardeşlenme ve başaklanma döneminde hububatı kök boğazı üstünden ve bitkinin sapını emerek zarara sebep olurlar. Bu ürünlerde böceğin gelişimini ve bitki yapısı açısından böceğin hareketini engelleyebilecek yapısal bir bariyer bulunmamaktadır. Bu durum sünenin bu ürünlerde gelişimi genetik çeşitliliğin devam etmesine yardımcı olabilir (Tillman vd. 2009).

Popülasyonlarda genetik yapılanma gen akışını etkileyen coğrafik izolasyon ya da çevreleri ile ilişkili olarak etkilenebilmektedir. Bununla birlikte popülasyonlarda yapılanma hem süregiden hem de tarihsel süreçlerin etkileriyle de mümkün olabilir. Genetik farklılaşma düzeyleri incelendiğinde Eskişehir popülasyonlarının Manisa, Antalya, Muğla, Ankara ve Burdur popülasyonları arasındaki genetik farklılaşma düzeyleri istatistiki olarak anlamlı farklılık sergilemektedir (**Çizelge 4.2**). Düşük genetik



farklılaşmalar popülasyonların buldukları koşullara uyum sağlamak için pozitif bir seçim baskısı altında olabileceğini öngörmektedir.

Anadolu popülasyonlarında polimorfik pozisyonlar açısından nükleotid dizileri arasında gözlenen farklılaşmaların nötral süreçlerle olan ilişkileri incelendiğinde,  $F_S$  değeri popülasyonlarda (Kocaeli, Antalya ve Burdur Popülasyonu hariç) ani bir büyümenin varlığını işaret etmektedir (**Çizelge 4. 1  $p < 0,05$** ). Tajima'nın D testi sonuçlarına göre popülasyonlardan sadece Yozgat ve Eskişehir'de genetik farklılaşmanın doğrudan pozitif ya da negatif bir seçim ile ilişkilendirileceğini tahmin edilmektedir (Tajima 1989; Fu 1997).  $F_S$  değeri sabit popülasyon büyüklüğünün anlamsız hipotezini reddetmek konusunda oldukça hassastır. Bu sebeple  $F_S$  değeri Tajima'nın D testine göre daha güvenilirdir (Ramos ve Rosas 2002). Fakat  $F_S$  değeri ve Tajima'nın D testine göre negatif değerler evrimdeki nötral modelinde beklentileri karşılaştırıldığında nadir mutasyon fazlalığının var olduğu göstermektedir. Bu nedenle tüm popülasyonlarda tespit edilen düşük frekanslı haplotipler ani popülasyon büyümesinden kaynaklanmış olabilir (Fu 1997, Ramos ve Rozas 2002).

Mantel testi sonuçlarına göre *E. maura* popülasyonlarında genetik uzaklık değerleri coğrafik uzaklıkla azaldığı bir göç modeline uymamaktadır (**Şekil 4.1.  $p > 0,05$** ). Medyan Birleştirme Ağı (Bandelt vd. 1999) analizi sonucunda popülasyondaki bireylerin birbirleriyle genetik olarak ilişkili olduğu görülmektedir. İkili genetik uzaklık ( $F_{ST}$ ) değerleri kullanılarak yapılan temel koordinatlar analizi (PCoA) sonuçlarına göre, coğrafik uzaklıkların genetik farklılaşma düzeylerini değiştirmediğini yapılan önceki analizler desteklemektedir.

Samova analizlerinde kullanılan  $K$  (grup sayısı) artırıldığında, benzer olan P-popülasyonların dahi farklılaştığını tespit etmişlerdir (**Şekil 4.2 ve Şekil 4.3**). Pritchard ve Wen (2003) marjinal olasılık logaritması dengelenmeye başladığında, grup sayısının belirlenmesini tavsiye etmişlerdir. *E. maura* popülasyonları için  $K$  değerinin 7 olduğunu varsayarsak Ankara, Nevşehir, Konya, Uşak, Eskişehir, Muğla ve Antalya popülasyonları tek bir popülasyon (türdeş) olarak kümelendiği görülmüştür (**Şekil 4. 3**).

Filogenetik ağaç sonuçlarına göre de popülasyonlarımızın farklı lokasyonlardan toplanması ile elde edilen analizler sonucunda *E. maura* popülasyonlarının maksimum olasılık ve **Şekil 4.6**, **Şekil 4.7** ve **Şekil 4.8**'deki Bayesian çıkarsamalı filogenetik ağaçlar incelendiği zaman, *E. maura* haplotipleri bir tarafta kümelenip dallandıkları görülmektedir. *E. maura* ve *E. amerinda* yakın akraba türler olduğu görülmektedir.

Sonuç olarak önemli buğday ve tahıl zararlısı olan sünelerin Anadolu'daki yayılışları coğrafik uzaklıkla ilişkili olmadığı ve herhangi bir göç yoluyla genetik farklılaşmanın görülmediği tespit edilmiştir. Filogenetik çalışmalar da bu sonuçları desteklemektedir. Ayrıca araştırmada *E. maura* popülasyonlarının yayılışı daha çok mekanik olarak taşınmayla gerçekleştiği sonucuna varılmıştır. Mekanik olarak taşınma üretim yerinden bir materyal yoluyla başka bir yere taşınması şekilde gerçekleşmektedir. Bu materyaller insanlar, tahıl tarımında kullanılan araçlar ve benzeri olabilmektedir. Bu zararlının yayılış alanlarının kısıtlanması için bu mekanik taşınma yollarının (insan, tarım alet ve ekipmanları, tohum, taşınma araçları, depolanma alanları) bu zararlıdan steril olması gerekmektedir. Etkili yapılacak mekanik mücadele yöntemleri bu zararlının kontrol altına alınmasını sağlayacaktır.

Yapılan bu çalışmada ülkemizdeki 15 farklı ilden toplanan 219 *E. maura* örneklerinden yapılan analizler ile ülkemizdeki süne popülasyonları *COI* gen bölgesi moleküler olarak tanımlanmıştır. Ayrıca *E. maura* popülasyonlarında gen akışının nasıl olduğu ve popülasyonlarının nasıl yayıldığı ilgili bilgiler edinilmiştir. Elde edilen veriler ile gen bankasında biyoinformatik alt yapıya katkı sağlanmıştır. Etkili tarımsal mücadele önerileri Tarım ve Orman Bakanlığı Araştırma Enstitüleri ve İl Tarım Hayvancılık Müdürlüğü teknik elemanları ile üreticiler arasında bilgilendirme yapılarak fayda sağlanması yönelik çalışmalara katkı sağlayacaktır. Bu tür çalışmaların yapılması kimyasal mücadeleye alternatif metotların etkili şekilde kullanılmasına da öncülük edecektir.

## KAYNAKLAR

- Ağızan, K. Bayramoğlu, Z. ve Tekin, M. 2018. Türkiye’de Biyoekonomi Girişimciliğinin Tarımdaki Önemi. *Tarım ve Doğa Dergisi*, 21(özel sayı), 227-236.
- Akgün, İ., Altındal, D. ve Kara, B. Isparta Ekolojik Koşullarında Ekmeklik ve Makarnalık Bazı Buğday Çeşitlerinin Uygun Ekim Zamanlarının Belirlenmesi. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 17(2011), 300-309.
- Altun, B. T. Korkmaz, E. M. Başbüyük, H. H. 2018. Anadolu *Bombus Lapidarius* L.(Apidae: Hymenoptera) Popülasyonlarının Genetik Yapılanması. *Anadolu University of Sciences and Technology-C: Life Sciences and Biotechnology*, 7(2).
- Anonim. 2019. Web Sitesi: <http://www.zmo.org.tr>. (/genel/bizden/\_detay.php?kod=) Erişim Tarihi: 06.02.2019.
- Anonim. 2019. Web Sitesi: <http://catalcatarim.blogcu.com>. (/sune-mucadelesi/7996391) Erişim Tarihi: 14.03.2019
- Anonim. 2019. Web Sitesi: <https://www.sorhocam.com>. (/etiket.asp?sid=444&eurygaster-spp/) Erişim Tarihi: 14.03.2019
- Anonim 2008a, Zirai Mücadele Teknik Talimatı, Tarım ve Köyişleri Bakanlığı, Araştırmalar Genel Müdürlüğü, Cilt1, 143, Ankara.
- Anonymous. 2019. Web Sitesi: <http://www.fao.org>. (/faostat/en/#data/QC/visualize) Erişim Tarihi: 06.02.2019.
- Arısoy, H. 2004. Tarımsal Araştırma Enstitüleri Tarafından Yeni Geliştirilen Buğday Çeşitlerinin Tarım İşletmelerinde Kullanım Düzeyi ve Geleneksel Çeşitler ile Karşılaştırmalı Ekonomik Analizi, Konya İli Örneği. Yüksek Lisans Tezi. Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarım Ekonomisi Anabilim Dalı, 176, Konya.
- Avtzis, D. N. Lakatos, F. Gallego D. Pernek M., Faccoli M., Wegensteiner R. 2019. Shallow Genetic Structure among the European Populations of the Six-Toothed Bark Beetle *Ips sexdentatus* (Coleoptera, Curculionidae, Scolytinae). *Forests*, 10(2), 136.
- Bandelt, H.J. Forster P. Sykes, B.C. and Richards, M.B. (1995). Mitochondrial portraits of human populations using median networks. *Genetics*, 141, 743–753.
- Bandelt, H.J. Forster, P. Röhl, A. (1999). Median-Joining Networks for Inferring intraspecific Phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* 16, 37–48.

- Barboza, N. M. Esker, P. Inoue-Nagata, A. K. and Moriones, E., 2019. Genetic diversity and geographic distribution of *Bemisia tabaci* and *Trialeurodes vaporariorum* in Costa Rica. *Annals of Applied Biology*, 174(2), 248-261.
- Barman, A. K. Joyce, A. L. Torres, R. & Higbee, B. S. (2017). Assessing genetic diversity in four stink bug species, *Chinavia hilaris*, *Chlorochroa uhleri*, *Chlorochroa sayi*, and *Thyanta pallidovirens* (Hemiptera: Pentatomidae), using DNA barcodes. *Journal of Economic Entomology*, 110, 2590–2598.
- Blaxter, ML. 2004. The promise of a DNA taxonomy. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 359, 669-679.
- Boztepe, Z. Kaya, S. Çiplak, B. 2013. Integrated systematics of the *Poecilimon luschani* species group (Orthoptera, Tettigoniidae): radiation as a chain of populations in a small heterogeneous area. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 169(1), 43-69.
- Choudharya, J. S. et al., 2019. Genetic diversity of mango leafhopper, *Amritodus atkinsoni* (Hemiptera:Cicadellidae) based on mtCOI gene sequences from India. *Mitochondrial DNA Part B*, 4(1), 261–264.
- Critchley, B. R. 1998. Literature review of sunn pest *Eurygaster integriceps* Put. (Hemiptera, Scutelleridae). *Crop Protection* , 17(4), 271-287.
- Çiçekler, M. 2012. Anızların (Buğday Sapları) Kağıt Hamuru ve Kağıt Üretiminde Değerlendirilmesi.Yüksek Lisans Tezi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Orman Endüstri Mühendisliği Anabilim Dalı, 72, Kahramanmaraş.
- Demirci, F. 2003. Bazı Buğday Çeşitlerinin Önemli Kök ve Kök Boğazı Hastalık Etmenleri (*Fusarium spp.*, *Bipolaris sorokiniana*)' ne Karşı. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 9(4), 460-466.
- Depaulis, F. Mousset, S. ve Veuille, M. 2003. Power of neutrality tests to detect bottle necks and hitchhikin, *Journal of molecular evolution*, 57(1), S190-S200.
- Duman, M. Güz, N. Sertkaya, E. DNA barcoding of sunn pest adult parasitoid using cytochrome c oxidase subunit I (COI). *Biochemical Systematics and Ecology*, 2015, 59(2015), 70-77.
- Dupanloup, I. Schneider, S. Excoffier, L. 2002. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. *Molecular Ecology*, 11, 2571–81.
- Drummond, AJ. Suchard, MA. Xie, D. Rambaut, A. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology and Evolution*, 2012 (29), 1969–1973.

- Excoffier, L. Lischer, H. E. 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3), 564-567.
- Ewing, B. Green, P. 1998. Base-calling of automated sequencer traces using phred. II. Error probabilities. *Genome research*, 8(3), 186-194.
- Footitt, R. G. Maw, H. E. L. Dohlen, C. D. V. and Hebert, P. D. N. 2008. Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes. *Molecular Ecology Resources*, 2008(8), 1189–1201 .
- Freitas, F. Castro, A. M. C. Barbosa, N. & Fernandes, O. 2018. Characterization and Comparison of Genetic Variation in *Cotesia flavipes* (Hymenoptera: Braconidae) Mass Reared for Biological Pest Control Using Microsatellite Markers. *Neotropical Entomoloji*, 47(4), 433-439.
- Geçit, P. ve İkincikarakaya, S. Ü. 2011. Tarla Bitkileri. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları. Ankara, 1588, Ankara.
- Gullan, P.J. and Cranston P.S., 2010. The Insect: An Outline of Entomology. A John Wiley & Sons Ltd., Publication, 2-9 and 190-194, UK.
- Güz, N. Kocak, E. Kilincer N. 2013. Molecular phylogeny of *Trissolcus* species (Hymenoptera: Scelionidae). *Biochem Syst Ecol.* 48, 85-91.
- Güz, N. ve Kılınçer, N. 2012. Böcek Sistematiğinde Moleküler Markörlerin Kullanımı. *Türkiye Entomoloji Bülteni*, 2(2), 125-145.
- Hebert, PDN. Cywinska, A. Ball, SL. Dewaard, JR. 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc R Soc Lond B Biol Sci.* 270, 313-321.
- Hedrick, P. W. *Genetics of Populations*. Jhones and Barlett Publishers, 663, Canada.
- Hutchison, D.W. Templeton, A.R. 1999. Correlation of pairwise genetic and geographic distance measures: inferring the relative influences of gene flow and drift on the distribution of genetic variability. *Evolution*, 53, 1898–1914
- İnal, B. 2018. Kiraz Siyah Yaprakbiti [*Myzus cerasi* (Fabricus, 1775) (Hemiptera: Aphididae)]' nin farklı Popülasyonlarında genetik varyasyonun ve endosimbiyontlarının belirlenmesi. Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Ankara.
- İslamoğlu, M. and Karacaoğlu, M. 2018. Efficacy of The Some Insecticide Used in The Sunn Pest *Eurygaster Spp.* (Het; Scutelleridae) Struggle On the Adults of *G. Monspeiliensis* (Picard) (Hymenoptera: Scelionidae) Parasitoid. *Entomology and Applied Science Letters*, 5(1), 21-26.

- Kan, A. 2000. Orta Anadolu Şartlarında Ekmeklik Buğday Islahında Kullanılabilecek Uygun Ebeveyn ve Melezlerin Çokludizi(LinexTester) Yöntemiyle Belirlenmesi. Doktora Tezi. Ankara Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, 127, Ankara.
- Karut, K. Kaydan, M.B. Castle, S.J. Kazak, C. Ulusoy M.R. 2014. Study on species composition *Bemisia tabaci* (Gennadius, 1989) (Hemiptera: Aleyrodidae) on cotton in Çukurova plain, Turkey. Türkiye Entomoloji Dergisi, 38(1), 43-50.
- Kaya, S. 2007. Süne ve Kıvılcık Emgili Buğday Tanelerinin Sortex Cihazı ile Ayrılması Üzerine Bir Araştırma.Yüksek Lisans Tezi. Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Gıda Mühendisliği Anabilim Dalı, 78, Konya.
- Kınacı, E. and Kınacı, G. 2007. Genotypic Variations in Yield and Quality of Wheat Damaged by Sunn Pest (*Eurygaster spp.*). Pakistan Journal of Botany, 39(2), 397-403.
- Kumar, S. Stecher, G. Li, M. Knyaz, C. and Tamura, K. 2018. MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms, Molecular biology and evolution, 35 (6), 1547-1549.
- Korkmaz, E. M. Budak, M. & Başibüyük, H. H. (2011). Utilization of cytochrome oxidase I in *Cephus pygmeus* (L.)(Hymenoptera: Cephidae). Turkish Journal of Biology, 35(6), 713-726.
- Librado, P. and Rozas, J. 2009. DnaSP v5.0, A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. Bioinformatics, 25, 1451–1452.
- Lin, X. L. Stur, E. and Ekrem, T. 2018. DNA barcodes and morphology reveal unrecognized species in Chironomidae (Diptera). Insect Systematics & Evolution, 49(4), 329-398.
- Meeyen, K. Spoladawan, P. N. & Pramual, P. 2014. Population structure, population history and DNA barcoding of fruit fly *Bactrocera latifrons* (Hendel) (Diptera: Tephritidae). Entomological Science, 2014(17); 219-230
- Miller, R. H. and Pike, K. S. 2002. Insect in wheat-based systems. FAO Plant Production and Protection Series, No:30. Rome.
- Özbek, F. Ş. ve Fidan, H. 2013. Konya İlinde Buğday Üretiminde Ürün Kaybına ve/veya Fiyat İndirimine Neden Olan Hastalık ve Zararlıların İncelenmesi. Selçuk Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi , 27(2), 92-97.
- Partigöç, F. 2009. Konya Yöresi Yerel Popülasyonlarından Seçilen Ekmeklik Buğday Hatlarının Sulu ve Kuru Koşullarda Verim, Kalite ve Agronomik Özelliklerinin Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi. Selçuk Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, 73, 2009.

- Passos, J.F. Nascimento, D. B. Menezes, R. S. T. Adaime, R. Araujo, E. L. Lima, K. M. Zucchi, R. A. Teles, B. R. Nascimento, R. R. Arce, R. R. Barr, N. B. McPherson, B. A. Silva, J. G. 2018. Genetic structure and diversity in Brazilian populations of *Anastrepha obliqua* (Diptera: Tephritidae). *Plos One*, 13(12), 1-14.
- Peakall, R. Smouse, P.E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6, 288–295.
- Pérez de Rosas, A. R. Fernández, C. J. Cuczuk, M. I. Grosso, C. G. & García, B. A. 2019. Variation in mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I gene in *Nezara viridula* (Hemiptera: Pentatomidae) from Argentina. *Journal of Applied Entomology*, 143(4), 470-477.
- Pybus, O.G. and Shapiro, B. (2009). Natural selection and adaptation of molecular sequences, pp. 407–418, Eds. Lemey P., Salemi M and vandamme A–M., *The Phylogenetic Handbook: a Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing*. Cambridge University Press
- Rach, J. Bergmann, T. Paknia, O. DeSalle, R. Schierwater, B. Hadrys, H. 2017. The marker choice: Unexpected resolving power of an unexplored CO1 region for layered DNA barcoding approaches. *Plos One*, 12(4), e0174842.
- Ramos-Onsins, S. E. & Rozas, J. 2002. Statistical properties of new neutrality tests against population growth. *Molecular Biology and Evolution*, 19, 2092–2100.
- Rivera, J. and Currie, D. C. 2009. Identification of Nearctic black flies using DNA barcodes (Diptera: Simuliidae). *Molecular Ecology Resources*, 2009(9), 224-236.
- Rua, P. D. L. Galian, J. Serrano, J. & Moritz, R. F. A. 2001. Genetic structure and distinctness of *Apis mellifera* L. populations from the Canary Islands. *Molecular Ecology*, Issue 10(2001), 1733-1742.
- Satar, G. and Toklu, P. 2018. Genetic diversity in some *Lysiphlebus confusus* (Hymenoptera: Braconidae) populations. *Türkiye Biyolojik Mücadele Dergisi*, 9(2), 124-136.
- Tajima, F. 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*, 105, 437–460.
- Tajima, F. 1989. The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*, 123, 597–601.
- Tamura, K. Dudley, J. Nei, M. et al. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24, 1596–1599.

- Tillman, P. G. Northfield, T. D. Mizell, R. F. and Riddle, T. C. 2009. Spatiotemporal patterns and dispersal of stink bugs (Heteroptera: Pentatomidae) in peanut-cotton farmscapes. *Environmental Entomology*, 38, 1038–1052.
- Ünal G. 2016. Trakya Bölgesindeki Bal Arılarında (*Apis Mellifera L.*) mtDNA Sitokrom C Oksidaz Altbirim I (COI) Geni Analizi. Yüksek Lisans Tezi. Namık Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tekirdağ.
- Vadivalagan, C. et al., 2017. Exploring genetic variation in haplotypes of the filariasis vector *Culex quinquesfasciatus* (Diptera: Culicidae) through DNA barcoding. *Acta Tropica*, 16(706); 31012-31019.
- Wang, D. et al. 2019. Clonal Diversity and Genetic Differentiation of *Sitobion avenae* (Hemiptera: Aphididae) From Wheat and Barley in China. *Journal of Economic Entomology*, XX(XX), 1–10.
- Weir, B.S. Cockherham, C.C. 1984. Estimating F–statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358–1370.
- Xin, Z.Z. Liu, Y. Zhang, D. Z. Wang, Z. F. Tang, B. P. Zhang, H. B. Zhou, C. L. Chai, X. Y. Liu, Q. N. 2018. Comparative mitochondrial genome analysis of *Spilarctia subcarnea* and other noctuid insects. *Biological Macromolecules*, 107(2018), 121-128.
- Yalçınkaya, S. Ayar, A. ve Elgün, A. 2003. Buğday Ruşeymi ve Fitaz İlavesiyle Besin Değeri Yüksek Yoğurt Üretimi. *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 17(32), 57-63.
- Zheng, Y. Wu, R. Dorn, S. and Chen, M. (2017). Diversity of tortricid moths in apple orchards: Evidence for a cryptic species of *Grapholita* (Lepidoptera: Tortricidae) from China. *Bull Entomol Res* 107 (2), 268-280.



## **EKLER**

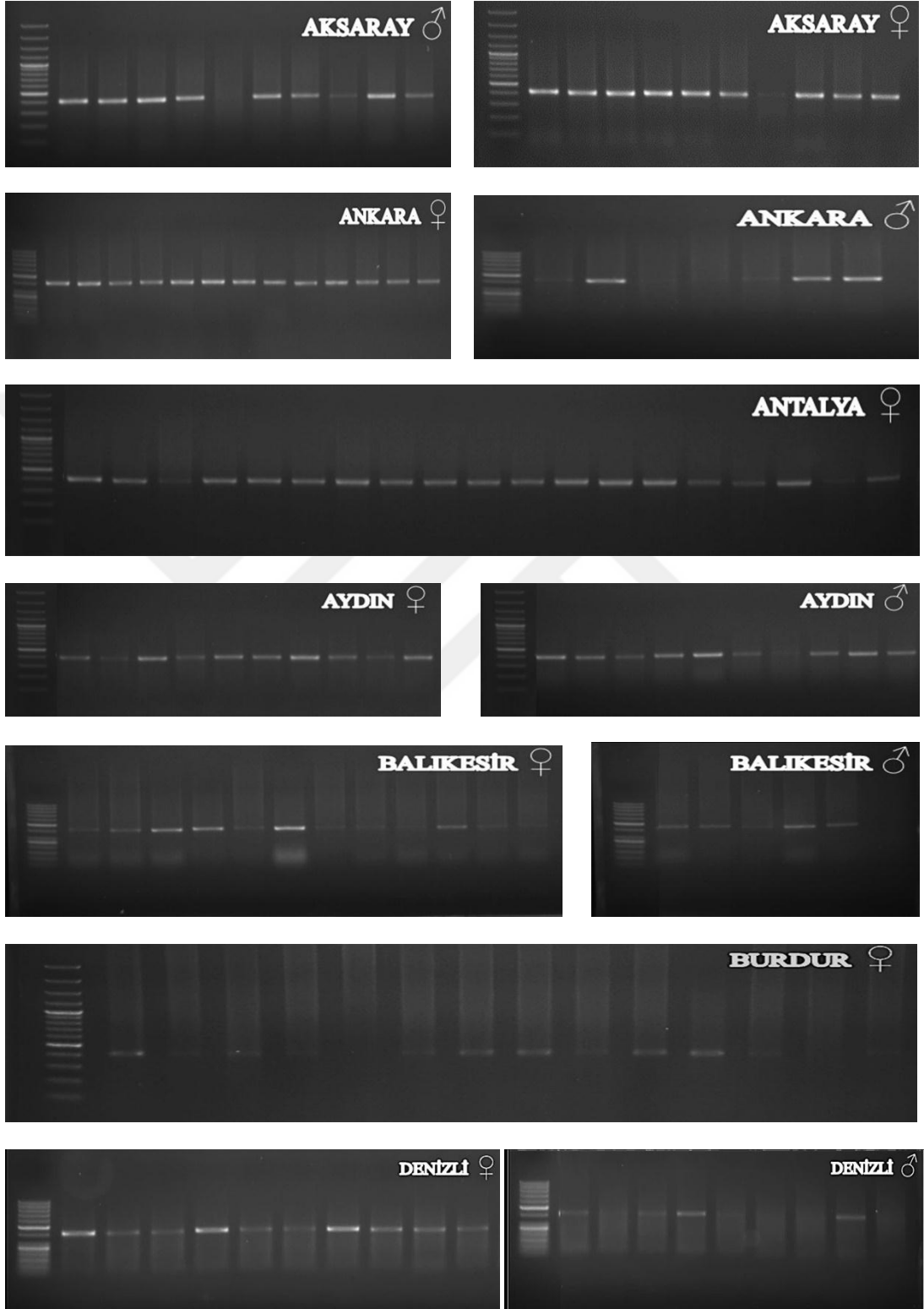
**EK 1** Farklı illerden toplanan örneklerin PZR bant görüntüleri

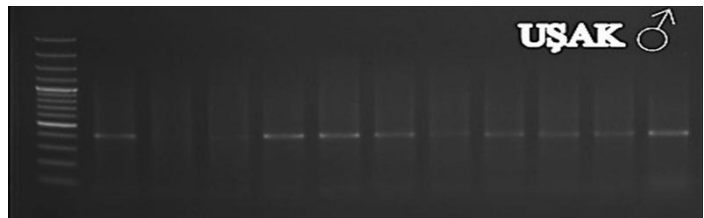
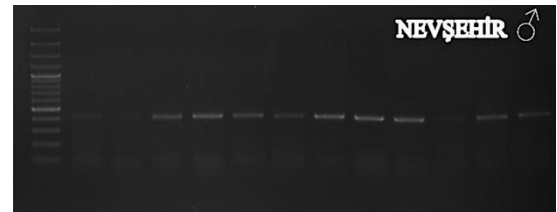
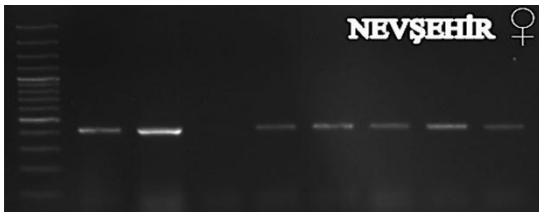
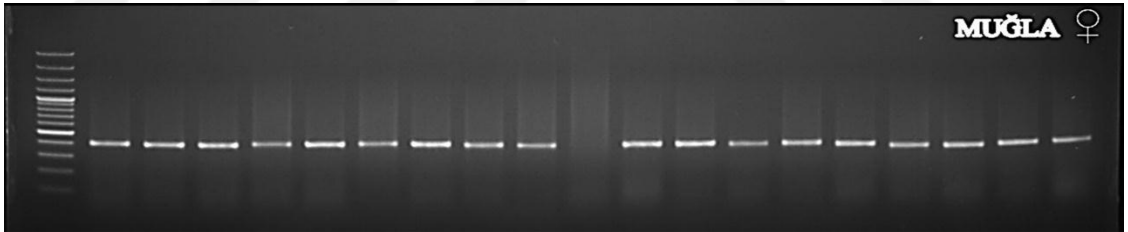
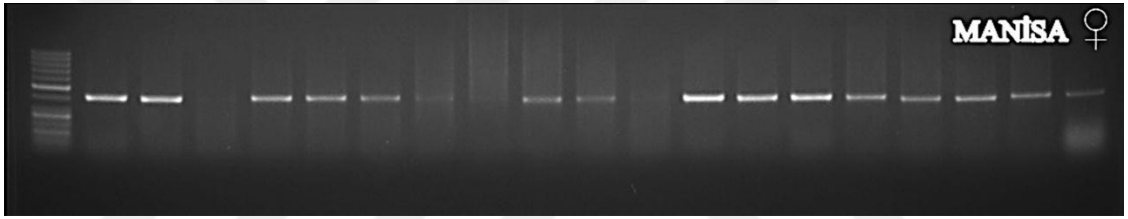
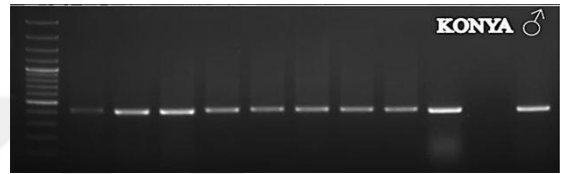
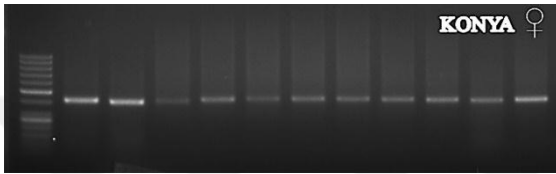
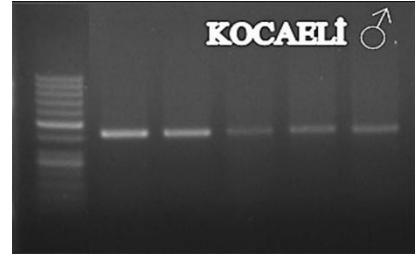
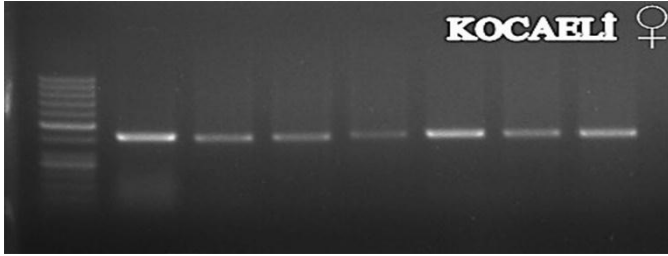
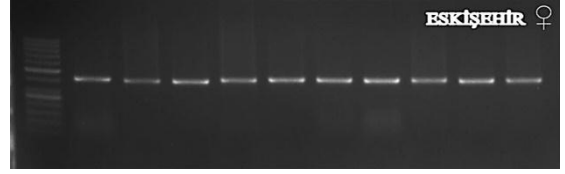
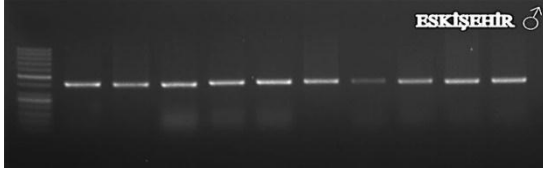
**EK 2** Farklı illerden toplanan örneklerin PZR pürifikasyon bant görüntüleri

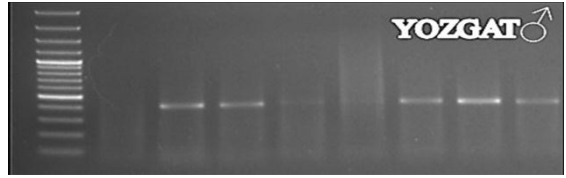
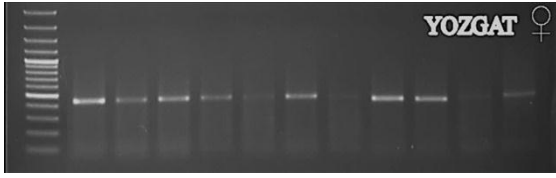
**EK 3** Popülasyonlarda *COI* haplotiplerinin dağılımı

**EK 4** Popülasyonların haplotiplerinin dağılımı

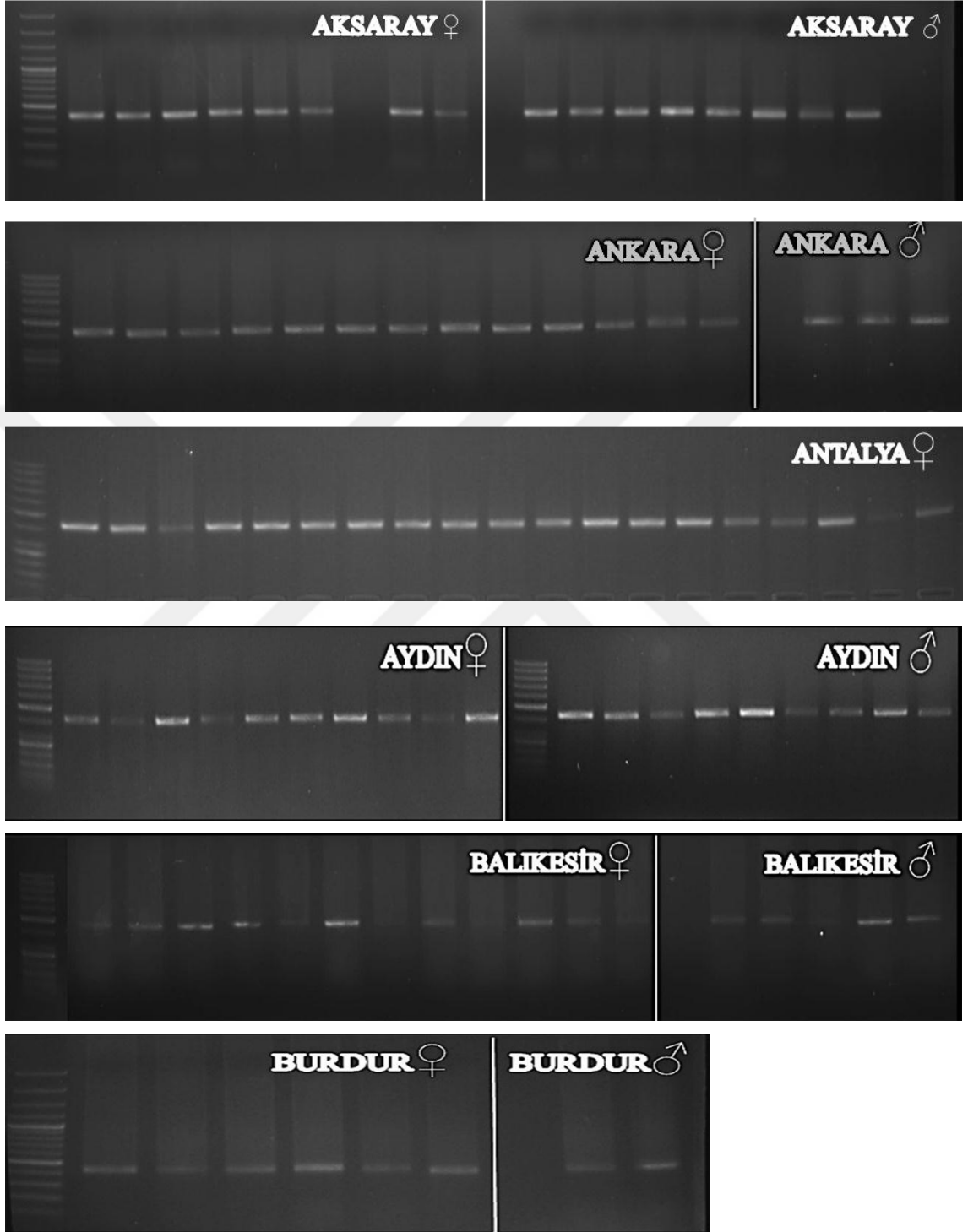
**EK 1 Farklı illerden toplanan örneklerin PZR bant görüntüleri**

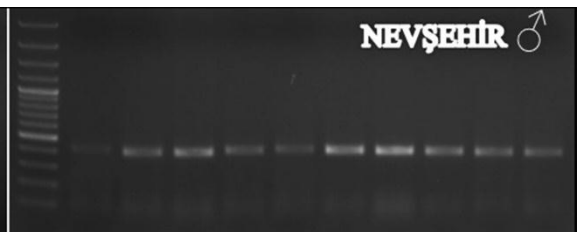
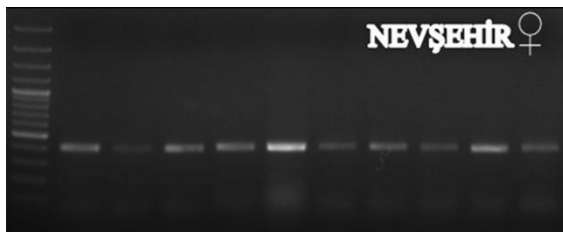
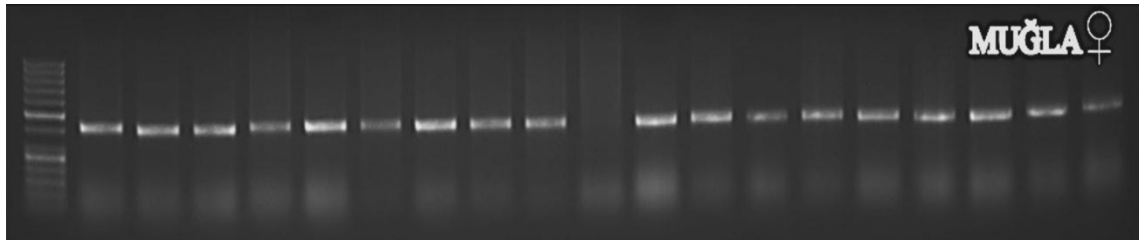
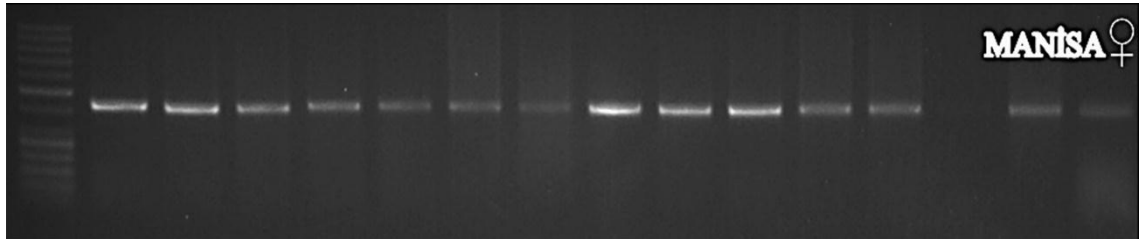
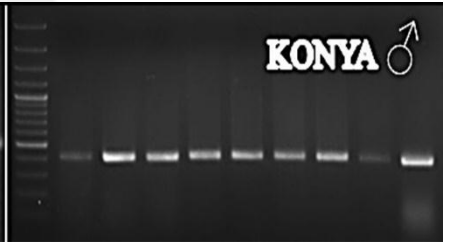
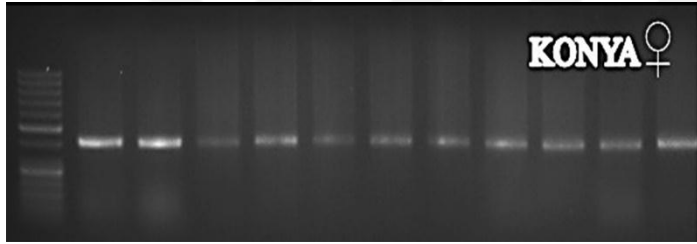
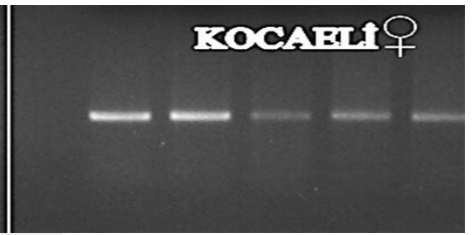
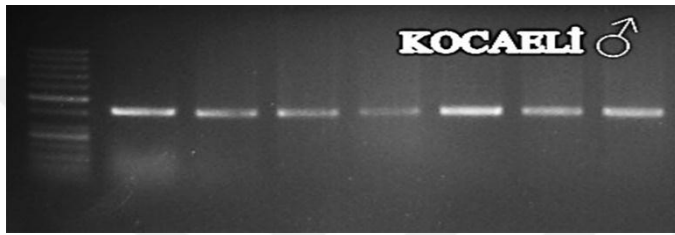
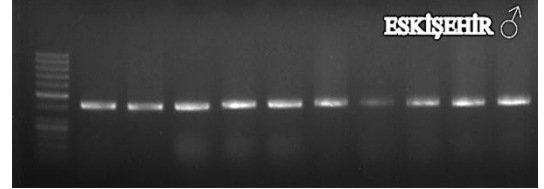
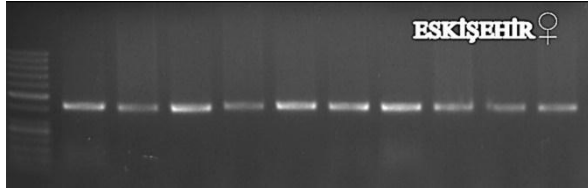
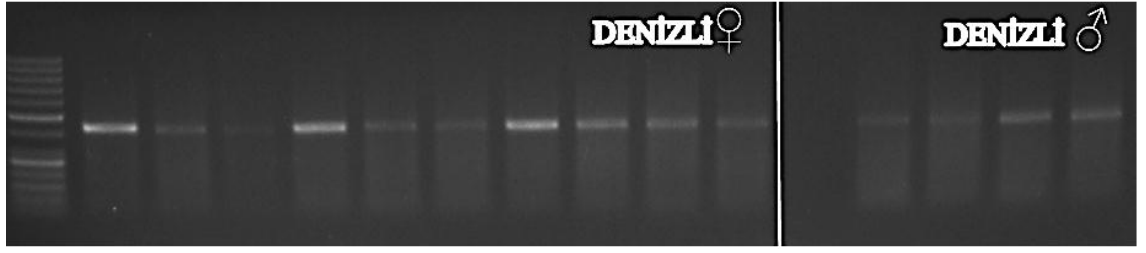


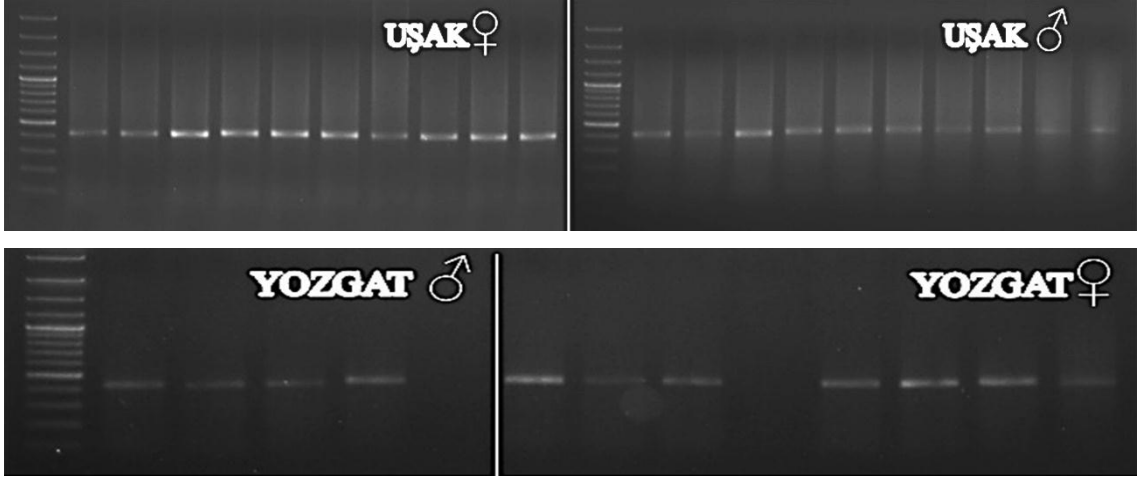




**EK 2 Farklı illerden toplanan örneklerin PZR pürifikasyon bant görüntüleri**







### EK 3 Popülasyonlarda *COI* haplotiplerinin dağılımı

Popülasyon adı	Toplam	Yozgat	Kocaeli	Karaman	Konya	Manisa	Ankara	Antalya	Aksaray	Burdur	Uşak	Muğla	Nevşehir	Eskişehir	Balıkesir	Aydın
<i>N</i>	219	8	11	10	18	14	15	15	15	8	16	17	19	21	15	17
<i>H</i>	68	5	7	9	6	6	7	3	7	4	11	7	8	12	11	4
<i>H<sub>u</sub></i>	59	4	6	8	3	1	5	1	1	0	7	2	5	6	7	3
<i>H<sub>d</sub></i>	0,81±0,10	0,78±0,15	0,73±0,14	0,98±0,05	0,70±0,09	0,75±0,11	0,84±0,07	0,57±0,13	0,88±0,05	0,75±0,14	0,95±0,04	0,75±0,09	0,81±0,08	0,90±0,05	0,95±0,04	0,89±0,05



#### EK 4 Popülasyonların haplotiplerinin dağılımı

Hap_12	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Haplotip:	Yozgat	Kocaeli	Konya	Nevsehir	Usak	Aksaray	Karaman	Eskisehir	Manisa	Balikesir	Mugla	Aydin	Antalya	Ankara	Burdur
Hap_13	-	-	-	<b>2</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_14	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_15	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_16	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_17	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_18	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_19	-	-	-	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	-	<b>2</b>	<b>1</b>	-	<b>1</b>	<b>1</b>	-	-	<b>1</b>
Hap_20	-	-	-	-	<b>1</b>	<b>3</b>	-	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	-	<b>3</b>	-	-	<b>2</b>
Hap_21	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_22	-	-	-	<b>1</b>	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-
Hap_23	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-



Hap_36	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_37	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-
Hap_38	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-
Hap_39	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-
Hap_40	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-

56

Haplotip:	Yozgat	Kocaeli	Konya	Nevsehir	Usak	Aksaray	Karaman	Eskisehir	Manisa	Balikesir	Mugla	Aydin	Antalya	Ankara	Burdur
Hap_41	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-
Hap_42	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_43	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_44	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_45	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-
Hap_46	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-
Hap_47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-
Hap_48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-

Hap_49	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-
Hap_50	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-
Hap_51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>2</b>	-	-	-	-	-
Hap_52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-
Hap_53	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-
Hap_54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-
Hap_55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-
Haplotip:	Yozgat	Kocaeli	Konya	Nevsehir	Usak	Aksaray	Karaman	Eskisehir	Manisa	Balikesir	Mugla	Aydin	Antalya	Ankara	Burdur	
Hap_56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-
Hap_57	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_58	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-
Hap_60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-



Haplotip:	Yozgat	Kocaeli	Konya	Nevsehir	Usak	Aksaray	Karaman	Eskisehir	Manisa	Balikesir	Mugla	Aydin	Antalya	Ankara	Burdur
	<b>8</b>	<b>11</b>	<b>18</b>	<b>19</b>	<b>16</b>	<b>15</b>	<b>10</b>	<b>21</b>	<b>14</b>	<b>15</b>	<b>17</b>	<b>17</b>	<b>14</b>	<b>15</b>	<b>8</b>
Hap_1	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_2	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_3	<b>4</b>	<b>6</b>	<b>9</b>	<b>8</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	-	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>3</b>	<b>8</b>	<b>4</b>	<b>9</b>	<b>4</b>	<b>4</b>
Hap_4	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_5	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-
Hap_6	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_7	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_8	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_9	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Hap_10	-	<b>1</b>	-	<b>1</b>	-	-	-	-	-	-	-	-	<b>1</b>	-	-
Hap_11	-	-	<b>5</b>	<b>3</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>1</b>	<b>4</b>	<b>2</b>	<b>1</b>	<b>4</b>	-	<b>3</b>	<b>2</b>	<b>1</b>

## ÖZGEÇMİŞ

**Adı Soyadı** : Olcay CEYLAN

**Doğum Yeri** : Kırıkkale

**Doğum Tarihi** : 27.05.1989

**Medeni Hali** : Bekar

**Yabancı Dili** : İngilizce

### Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

**Lise** : Gülveren Anadolu Lisesi (2007-2009)

**Lisans** : Çukurova Üniversitesi/ Fizik Bölümü (2009- 2012)

**Lisans** : Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi /Bitki Koruma (2012- 2016)

**Yüksek Lisans** : Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü/ Bitki Koruma (2016-2019)

### Çalıştığı kurum/kurumlar ve Yıl :

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü/ Kısmi Zamanlı Öğr. (2017-2018)

Moleküler Entomoloji Araştırma Laboratuvarı/Yardımcı 6 ay (2016)

Ankara Üniversitesi Meyve Suyu İşletmeciliği/Park Bahçe-Staj (2014)

Ankara Merkez Zirai Mücadele Araştırma Enstitüsü- Staj (2015)

### Uluslararası Kongrelerde Yayımlanan Bildiri/Poster:

Ceylan O., Çağatay N. S., Güz N. 2018. COI barcode based species specific primers for identification of sunn pest species. 7th International Molecular Biology and Biotechnology Congress, Konya, Turkey, April 25-27

### Alınan Eğitimler ve Sertifikalar :

- Etkili İletişim Stratejileri ve Beden Dili
  - Stres Yönetimi
  - Zaman Yönetimi
- Altı Şapkalı Düşünme Tekniği
  - Excel
  - İkna Teknikleri

- Bilgisayar İşletmenlik Sertifikası (Milli Eğitim Bakanlığı)
  - Diksiyon Eğitimi (Jülide Sönmez Sks)

**Sosyal Sorumluluk Kapsamında Yapılan Çalışmalar:**

“Minik Dostlarım Böcekler Bilim Okulu” aracılığıyla çocuklara yönelik “Biyolojik Mücadele Eğitimi”

