

T.C.  
ADNAN MENDERES ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI  
2022-YL-005

*Liriomyza sativae* BLANCHARD, 1938 (DİPTERA:  
AGROMYZİDAE)'NİN DNA BARKODLAMASI

Cem DAYAN  
YÜKSEK LİSANS TEZİ

DANIŞMAN  
Prof. Dr. Eyyüp Mennan YILDIRIM

Bu tez Aydın Adnan Menderes Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi tarafından  
ZRF-20004 proje numarası ile desteklenmiştir.

AYDIN-2022

## TEŐEKKÜR

*Liriomyza sativae* BLANCHARD, 1938 (DİPTERA: AGROMYZİDAE)'NİN DNA BARKODLAMASI adlı Yüksek Lisans tezimi hazırlamada her konuda bana yardımcı olan tez danışmanım Prof. Dr. Eyyüp Mennan YILDIRIM'a, laboratuvar çalışmalarımnda desteklerini esirgemeyen Dr. Öğr. Üyesi Ferhat KİREMİT'e teşekkürlerimi sunarım.

Cem DAYAN



# İÇİNDEKİLER

KABUL VE ONAY .....	i
TEŞEKKÜR .....	ii
SİMGELER DİZİNİ VE KISALTMALAR DİZİNİ.....	v
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	vi
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	vii
ÖZET .....	viii
ABSTRACT .....	ix
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Agromyzidae Familyası Hakkında Genel Bilgiler .....	2
1.1.1. Sitematikteki yeri.....	2
1.1.2. Altfamilya ve cinsler .....	3
1.1.3. <i>Liriomyza sativae</i> Blanchard, 1938.....	4
1.1.3.1. Yayılışı.....	4
1.1.3.2. Konukçuları.....	4
1.1.3.3. Anatomik yapısı.....	4
1.2. Moleküler Filogenide Kullanılan Mitokondriyal DNA'nın önemi .....	8
1.3. Mitokondriyal COI geni kullanılarak moleküler tanımlama .....	9
2. KAYNAK ÖZETLERİ.....	11
3. MATERYAL VE YÖNTEM .....	14
3.1. Lokalite Bilgileri ve Arazi Çalışmaları .....	14
3.2. Laboratuvar Çalışmaları .....	16
3.2.1. DNA İzolasyonu .....	16

3.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR).....	17
3.2.3. Agaroz Jel Elektroforez .....	18
4. BULGULAR .....	20
4.1. DNA Dizi Analizi.....	20
4.2. Filogenetik Analiz .....	23
5. TARTIŞMA.....	25
6. SONUÇ VE ÖNERİLER .....	27
KAYNAKLAR.....	29
EKLER DNA DİZİLERİ.....	35
BİLİMSEL ETİK BEYANI.....	42
ÖZGEÇMİŞ.....	43

## SİMGELER DİZİNİ VE KISALTMALAR DİZİNİ

**COI** : Sitokrom C Oksidaz alt Ünite I Geni

**μL** : Mikrolitre

**PZR** : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

**bç** : Baz çifti

**kb** : Kilo baz



## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. <i>L. sativae</i> 'nin Dünya üzerindeki dağılışı .....	4
Şekil 1.2. <i>L. sativae</i> ait ergin bir dişinin genel vücut yapısı .....	6
Şekil 1.3. <i>L. sativae</i> başın üstten görüntüsü .....	6
Şekil 1.4. Mesonotumun görünüşü .....	7
Şekil 1.5. <i>L. sativae</i> yumurtaları .....	7
Şekil 1.6. <i>L. sativae</i> larvaları.....	8
Şekil 1.7. <i>L. sativae</i> pupası.....	8
Şekil 2.1. Mitokondri Genomu .....	9
Şekil 3.1. Kültür kapları .....	14
Şekil 3.2. DNA izolasyon kiti .....	15
Şekil 3.3. Primerler.....	15
Şekil 3.4. DNA izolasyonu yapılan örnekler.....	17
Şekil 3.5. PZR cihazı.....	17
Şekil 3.6. PZR reaksiyonu .....	18
Şekil 3.7. Elektroforez cihazı .....	19
Şekil 4.1. Örneklerin PZR bant görüntüleri .....	20
Şekil 4.2. Örneklerin filogenetik analizi .....	23
Şekil 4.3. Örneklerin literatürdeki çalışmalarla kıyaslamalı filogenetik analizi .....	24

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<b>Çizelge 1.1.</b> Altfamilya ve cinsler .....	3
<b>Çizelge 3.1.</b> PZR reaksiyon koşulları.....	18
<b>Çizelge 4.1.</b> <i>L. sativae</i> 'nin mtDNA COI gen bölgesinin DNA nükleotid dizisi ile yapılan BLAST analiz sonucu.....	21
<b>Çizelge 4.2.</b> <i>L. trifolii</i> 'nin mtDNA COI gen bölgesinin DNA nükleotid dizisi ile yapılan BLAST analiz sonucu.....	22
<b>Çizelge 4.3.</b> Örneklerin NCBI GenBank erişim numaraları ve lokalite bilgiler .....	23

## ÖZET

### ***Liriomyza sativae* BLANCHARD, 1938 (DİPTERA: AGROMYZİDAE)'NİN DNA BARKODLAMASI**

**Dayan C. Aydın Adnan Menderes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji, Yüksek Lisans Tezi, Aydın, 2022.**

**Amaç:** Bu çalışmada Aydın ilinin Koçarlı ve İncirliova ilçelerinden toplanan Agromyzidae familyasına ait *Liriomyza sativae*'nin erginlerinden DNA dizisi elde edilerek barkodlamasının yapılması amaçlanmıştır.

**Materyal ve Yöntem:** Çalışma alanından toplanan galerili yapraklar laboratuvarında kültüre alınarak ergin çıkışı sağlanmıştır. Daha sonra örneklerin tür teşhisi yapıldıktan sonra laboratuvarında DNA izolasyonu yapılmıştır. Örneklerin COI gen bölgesinin çoğaltılması için HCO ve LCO evrensel primerleri kullanılmıştır. Çoğaltılan bölgenin DNA dizilimi elde edildikten sonra filogenetik analiz Mega 10 programı vasıtasıyla yapılmıştır.

**Sonuç:** Çalışmanın sonucunda toplamda 612 bç COI bölgesi elde edilmiştir. Çalışmadaki her bir örneğe ait COI DNA dizileri ayrı ayrı NCBI Blast'a girilerek veri tabanına kayıtlı *Liriomyza spp.* ile benzerlik oranları karşılaştırılmıştır. İnceleme sonucu türlerin *L. sativae* ve *L. trifolii* olduğu saptanmıştır. Tarama sonuçları incelendiğinde; *L. sativae*'de %99-100 arasında sonuç verdiği, *L. trifolii*'de ise %97-99 arasında sonuç verdiği gözlemlenmiştir. Her bir örnek için NCBI kod numarası alınarak yükleme işlemi gerçekleştirilmiştir. Diziler Mega10 programına aktarılarak filogenetik ilişkileri belirlenmiştir.

**Anahtar Kelimeler:** COI, DNA barkodlama, *L. Sativae*, Tür tanımlama,



## ABSTRACT

### DNA BARCODING OF *Liriomyza Sativae* BLANCHARD AGROMYZIDAE, 1938 (DIPTERA: AGROMYZIDAE)

**Cem D. Aydın Adnan Menderes University, Graduate School of Natural and Applied Sciences, Agricultural Biotechnology, Master Thesis, Aydın, 2022**

**Objective:** In this study, it was aimed to obtain the DNA sequence from the adults of *Liriomyza sativae* belonging to the Agromyzidae family collected from Koçarlı and Incirlioiva districts of Aydın province and to barcode them.

**Material and Methods:** The leaves with galleries collected from the field were brought culture in the laboratory and the adult emergence was achieved. Then, after the species identification of the samples was made, DNA isolation was made in the laboratory. Universal primers HCO and LCO were used for amplification of the COI gene region of the samples. After obtaining the DNA sequence of the replicated region, phylogenetic analysis was performed by the Mega 10 program.

**Results:** As a result of the study, a total of 612 bp COI regions were obtained. The COI DNA sequences of each sample in the study were entered into the NCBI Blast separately and the similarity rates were compared with the *Liriomyza* spp. registered in the database. As a result of the examination, it was determined that the species were *L. sativae* and *L. trifolii*. When the scan results are examined; It was observed that it gave results between 99-100% in *L. sativae*, and between 97-99% in *L. trifolii*. The loading process was performed by taking the NCBI GenBank code number for each sample. The sequences were transferred to the Mega10 program and their phylogenetic relationships were determined.

**Key Words:** COI, DNA barcoding, identification, *L. sativae*

# 1. GİRİŞ

Agromyzidae familyasına bağı türler polifag zararlılar olup, yıl boyu aktif olarak yaşayabilmekte ve yılda çok sayıda döl verebilmektedir. Yaprak galerisineklere'nin larvaları yaprağın iki epidermisi arasındaki mezofil tabakasıyla beslenerek galeri açmakta, bu nedenle de hem yaprak alanında %98'e kadar kayıplara hem de klorofil içeriğinde azalmalara neden olabilmektedir (Yıldırım vd., 2010). Erginler yumurta koymak için bitkinin yapraklarına ovapozitörleriyle delik açarak zarar vermekte, aynı zamanda da bitkiden bitkiye virüs taşımada etkili olmaktadır. (Costa vd.,1988; Civelek ve Önder, 1997). Dünyada 27 cinse ait yaklaşık 2700, Avrupa' da ise 776 türü bulunan Agromyzidae familyasına ait Türkiye'de şimdiye kadar 165 tür saptanabilmiştir (Spencer, 1972, 1976, 1990; Giray, 1970; Uygun vd., 1995; Deeming ve Civelek, 1997; Campobasso vd., 1999; Civelek ve Ulusoy, 2000; Civelek, 2002, 2003; Çıkman ve Uygun, 2003; Civelek, 2004, Mart vd., 2005; Çıkman ve Civelek, 2005, Cerny ve Merz, 2006; Civelek vd., 2007, Hepdurgun vd., 2007).

Son yıllarda, *Liriomyza* (Diptera: Agromyzidae) türleri, dünya çapında sebze ve çiçek mahsullerinin giderek artan önemli zararlıları haline gelmiştir (Andersen vd., 2002). Sebze yaprak galerisineği *Liriomyza sativae*, başlangıçta Amerika'da bulunduğu bilinen ve şu anda Afrika, Asya ve Pasifik bölgesinin pek çok yerine yayılmış istilacı bir türdür (CABI 2016; Lonsdale, 2011). Tercih edilen konukçuları Cucurbitaceae, Fabaceae ve Solanaceae familyaları olmasına rağmen, dokuz bitki familyasında beslendiği kaydedilmiştir. *L. sativae*, en yıkıcı istilacı yeni dünya türlerinden biri olarak kabul edilir ve ayrıca bitki virüsleri de dahil olmak üzere bitki patojenlerinin taşıyıcısı olarak bilinir (Zitter vd., 1980).

Yaprak galerisineklerinin tür teşhisleri dış morfolojik özelliklerinden (renk, kıl dağılımı ve sayıları vb.) ve erkek genital organlarının preparasyonları sonucu elde edilen aedeagus'larından yararlanılarak yapılmaktadır. Yaprak galerisineklerinin türlerinin teşhislerinde gerek boylarının 2-3 mm gibi küçük olması, gerekse tür çeşitliliği ve türlerin birbirine çok yakın teşhis özelliklerine sahip olması gibi nedenlerden dolayı türlerinin teşhislerinde güvenilirlik sorunları da yaşanmaktadır (Spencer, 1973). Bunun yanı sıra günümüzde bulunan bilimsel gelişmelere paralel olarak klasik sistematik çalışmaların moleküler bilgilerle desteklenmesi bu tarz güvenilirlik sorunlarını ortadan kaldırabilir.

Standart DNA barkod bölgesi olan COI bölgesi mitokondriyal gendir ve tür tanımlaması için yüksek oranda etkili olduğu saptanmıştır. Bölge, çoğu hayvan ve böcek grubu için iyi ayırt etme gücüne sahiptir, bu nedenle COI gen bölgesi entomoloji çalışmalarında yaygın bir şekilde tür tanımlama markörü olarak kullanılabilir. Yaprak galerisineklerinin tür teşhisinde COI geni yüksek çeşitlilik gösteren az sayıda örnek ile test edilmiş, elde kapsamlı COI gen dizisi bulunursa türlerin de teşhis edilebileceği saptanmıştır. COI geninin diğer protein kodlayan mitokondriyal genlerden farkı, metazoan türler için evrensel primer çiftleri kullanılarak çoğaltılabilmesi ve birçok farklı taksonomik aşamada kullanılabilir bir filogenetik veriye sahip olmasıdır (Polat vd., 2018).

Bu çalışmada yaprak galerisineği erginleri atrap ve galerili yaprakların kültüre alınması sonucunda elde edilmiştir. Bu amaçla Aydın ilinin Koçarlı ve İncirliova ilçelerinde sebze alanlarında surveyler yapılmıştır. Elde edilen türler laboratuvarında tasnif edilmiş, akabinde *L. sativae* olduğu düşünülen örnekler Prof. Dr. H. Sungur CİVELEK (Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü) tarafından teşhis edilmiştir.

Tür teşhisi yapılmasının ardından DNA izolasyonu için QIAGEN marka (QIAGEN Dneasy Blood & Tissue Handbook DNA Kiti) DNA izolasyon kitinde önerilen protokol uygulanmıştır. Daha sonra evrensel primerler (HCO veLCO) PZR metodu kullanılarak (mitokondriyal sitokrom oksidaz I) COI bölgesinin çoğaltımı yapılmış, ardından DNA sekansı yapılarak gen barkodlama ve filogenetik uzaklıkları belirlenmesi amaçlanmıştır.

## **1.1. Agromyzidae Familyası Hakkında Genel Bilgiler**

### **1.1.1 Sitematikteki yeri**

(Spencer (1990)'a göre)

Sınıf: Insecta

Altsınıf: Pterygota

Takım: Diptera

Altakım: Brachycera

Üstfamilya: Agromyzoidea

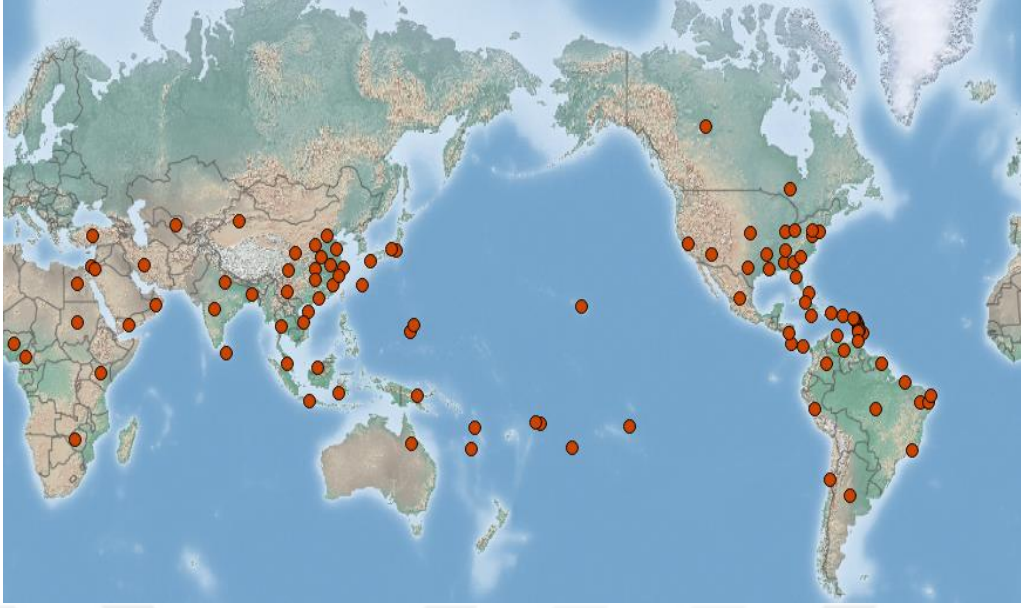
Familya: Agromyzidae

### 1.1.2. Altfamilya ve cinsler

İlgili familyaya ait altfamilya ve buna bağlı cinsler Çizelge 1.1.'de verilmektedir.

Çizelge 1.1. Altfamilya ve cinsler

Altfamilyalar	Cinsler
<i>Agromyzinae</i>	<i>Agromyza</i> Fallén, 1810
	<i>Carinagromyza</i> Sasakawa, 1954
	<i>Hexomyza</i> Enderlein, 1936
	<i>Japonagromyza</i> Sasakawa, 1958
	<i>Melanagromyza</i> Hendel, 1920
	<i>Ophiomyia</i> Braschnikov, 1897
	<i>Tropicomyia</i> Spencer, 1973
<i>Phytomyzinae</i>	<i>Amauromyza</i> Hendel, 1931
	<i>Calycomyza</i> Hendel, 1931
	<i>Cerodontha</i> Rondani, 1861
	<i>Chromatomyia</i> Hardy, 1846
	<i>Galiomyza</i> Spencer, 1981
	<i>Gymnophytomyza</i> Hendel, 1936
	<i>Haplomyza</i> Hendel, 1936
	<i>Lemurimyza</i> Spencer, 1965
	<i>Liriomyza</i> Mik, 1894
	<i>Metapomyza</i> Enderlein, 1936
	<i>Napomyza</i> Westwood, 1840
	<i>Nemorimyza</i> Frey, 1946
	<i>Paraphytomyza</i> Enderlein, 1936
	<i>Penetagromyza</i> Spencer, 1959
	<i>Phytobia</i> Lioy, 1864
	<i>Phytoliriomyza</i> Hendel, 1931
	<i>Phytomyza</i> Fallén, 1810
	<i>Pseudonapomyza</i> Hendel, 1920
	<i>Pteridomyza</i> Nawakowski, 1962
	<i>Ptochomyza</i> Hering, 1942
	<i>Selachops</i> Wahlberg, 1844
<i>Xeniomyza</i> De Meijere, 1934	



Şekil 1.1. *L. sativae*'nin Dünya üzerindeki dağılışı (CABI, 2021)

### 1.1.3. *Liriomyza sativae* Blanchard, 1938

#### 1.1.3.1. Yayılışı

Amerika Birleşik Devletleri, Arabistan, Arjantin, Bahamalar, Barbados, Brezilya, Çin, Dominik, Endonezya, Estonya, Filipinler, Finlandiya, Fransa, Guama, Hindistan, Hollanda, İngiltere, İran, İsrail, Jameika, Japonya, Kamerun, Kanada, Kolombiya, Kosta, Küba, Malezya, Meksika, Mısır, Nijerya, Nikaragua, Özbekistan, Panama, Peru, Porto Riko, Rika, Rusya, Sri Lanka, Sudan, Suudi Tahiti, Tayland, Trinidad Tobago, Türkiye, Türkmenistan, Umman, Ürdün, Venezuela, Vietnam, Yemen, Zimbabve (Şekil 1.1.) (Spencer, 1976; Martinez, 2014; Pitkin, 2014).

#### 1.1.3.2. Konukçuları

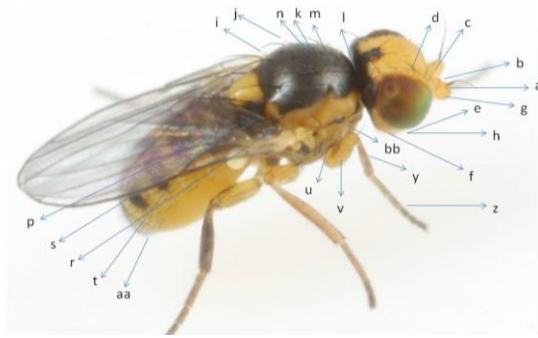
Yapılan çalışmalarda zararlının domates (*Solanum lycopersicum* L.), fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.), yonca (*Medicago sativa* L.), kabak (*Cucubita pepo* L.), buğday (*Triticum aestivum* L.), börülce (*Vigna unguiculata* L.), hıyar (*Cucumis sativus* L.) ve

enginar (*Cynara scolymus* L.) gibi ekonomik öneme sahip olan bitkilerin yanında *Sonchus* sp., *Solanum nigrum* L., *Aster* sp. ve bazı Asteraceae familyasına ait bazı bitkiler üzerinde bulunduğu saptanmıştır. (Demirel, 2002) *Allium cepa* L., *Allium porrum* L., *Amaranthus retroflexus* L., *Amaranthus spinosus* L., *Amaranthus viridis* L., *Ambrosia trifida* L., *Anoda cristata* (L.) Schltld., *Antirrhinum majus* L., *Apium graveolens* Linn., *Arachis hypogaea* L., *Beta vulgaris* L., *Brassica oleracea* L., *Brassica rapa* L., *Calendula officinalis* L., *Capsicum annum* L., *Chenopodium album* L., *Chenopodium murale* L., *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum ve Nakai, *Cucumis melo* L., *Cucumis sativus* L., *Cucurbita maxima* Duchesne, *Dahlia pinnata* Cav., *Datura innoxia* Mill., *Daucus carota* L., *Digitaria sanguinalis* (L.) Scop., *Elymus repens* (L.) Gould, *Galinsoga ciliata* (Raf.), *Galinsoga parviflora* Cav., *Glycine max* (L.) Merr., *Helianthus annuus* L., *Jasminum officinale* L., *Lactuca sativa* L., *Leucanthemum vulgare* Lam., *Lycopersicon esculentum* Mill., *Malva neglecta* Wallr., *Malva nicaeensis* All., *Malva pusilla* Sm., *Medicago lupulina* L., *Medicago sativa* L., *Melilotus albus* Medik, *Melilotus indicus* (L.) All., *Melissa officinalis* L., *Nepeta cataria* L., *Nicotiana tabacum* L., *Oenothera biennis* L., *Passiflora caerulea* L., *Phaseolus vulgaris* L., *Pisum sativum* L., *Physalis angulata* L., *Plantago major* L., *Polygonum aviculare* L., *Polygonum persicaria* L., *Raphanus sativus* L., *Ricinus communis* L., *Senecio vulgaris* L., *Silybum marianum* (L.) Gaertn., *Solanum americanum* Mill., *Solanum nigrum* L., *Solanum tuberosum* L., *Solidago canadensis* L., *Solidago gigantea* Ait., *Sonchus asper* (L.) Hill, *Sonchus oleraceus* L., *Spinacia oleracea* L., *Taraxacum officinale* Wigg., *Trifolium fragiferum* L., *Trifolium hybridum* L., *Trifolium incarnatum* L., *Trifolium pratense* L., *Trifolium repens* L., *Vicia faba* L., *Zea mays* L. (Spencer, 1972, 1976, 1990; Ellis, 2007; Pitkin, 2014).

### 1.1.3.3. Anatomik yapısı

#### a. Ergin

Kanat uzunluğu 1.6 mm'dir Vücutun genelinde sarı renk yoğunluktadır ve parlak siyah Mesotum'a sahiptir (Demirel, 2002).



**Şekil 1.2.** *L. sativae* ait ergin bir dişinin genel vücut yapısı (Anonim, 2021)

a) arista, b) gena c) orbital kıllar (alt ve üst), d) orbital tüyler, e)palpus, f) labellum, g) 3.anten segmenti, h) vibrissa, i) acrostichal kıllar, j) dorsocentral kıllar, k) mesonotum, l) humerus, m) mesopleura, n) notopleura, o) halter, p) scutellum, r) kanat kaidesi, s) kanat kaidesi püskülleri, t) abdomen segmenti, u) coxa, v) femur, y) tibia, z) tarsus, aa) ovipozitor kılıfı, bb) sternopleura (Şekil 1.2.)(Spencer, 1976).

### **b. Baş**

Başın genişliği, yüksekliğinin 1.28 katı, profilde elipsoidal lunule genişliği yüksekliğinin 0,75 katı frons üstte geniş antenlere doğru daralır, geniş yeri dar yerin 1,7 katı yüksekliği geniş yeriyle hemen hemen eşit, frons'un geniş yeri göz genişliği ile eşit, göz genişliği dar yerin 2 katı büyüklükte, göz boyu, genişliğinin 1,6 katı yanak yüksekliğinin 3,55 katı, çene genişliğinin 6,4 katı, yanak yüksekliği, çene genişliğinin 1,8 katı; frontal sütur yüksekliği oral vibrissae mesafesinin 1,5 katı; antenin 3. segmentinin boyunun 2,7 katı 2 alt, 2 üst orbital setae bulunur, orbital setulae geriye dönük ocellar üçgenin alt ucu üst orbital seta hizasına kadar uzar (Şekil 1.3.) (Demirel, 2002).



**Şekil 1.3.** *L. sativae* başın üstten görüntüsü (Insect Images, 2012)

### c. Thorax

Baştaki dorso-central'lerin hizası 4 çift küçük setae mevcut, acrostichal 4 sıra 3. Dorco-central hizasını hafif geçer, lateral scutellar setae ve apikal scutellar setae eşit büyüklükte ve birbirinden ayırık, propleura'da seta yukarıya kıvrık ve zayıf, humeral callusta 1 kuvvetli 4 zayıf setae mevcuttur (Şekil 1.4.) (Demirel, 2002).



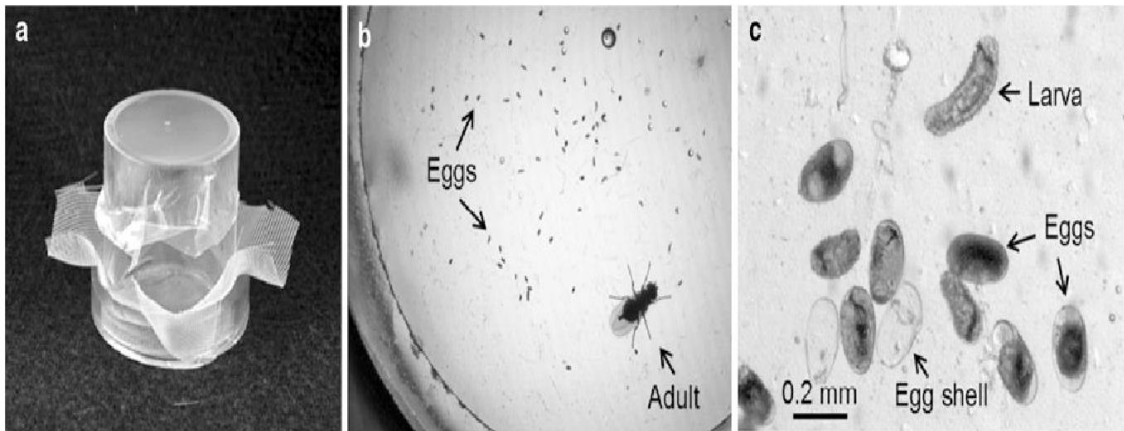
Şekil 1.4. Mesonotumun görünüşü (Insect Images, 2012)

### d. Abdomen

Abdomenin tamamı siyah küçük kıllarla kaplı, venralinde ses çıkarma organı bulunmaktadır (Demirel, 2002).

### e. Yumurta

Bu türlere ait yumurtalar 0.2- 0.5 mm çapıda olup beyaz, jelatinimsi renkte ve ovaldir (Şekil 1.5.).



Şekil 1.5. *L. sativae* yumurtaları (Anonim, 2021)



#### f. Larva

*L. sativae* 'ye ait türlerin larvaları 1.8-4.0 mm boylarında sarı renktedir (Şekil 1.6.).



Şekil 1.6. *L. sativae* larvaları (Anonim, 2021)

#### g. Pupa

*L. sativae* pupaları 1.5-3.0 mm boylarında olup renkleri açık sarı kahverengindedir (Şekil 1.7.) (Spencer, 1976).

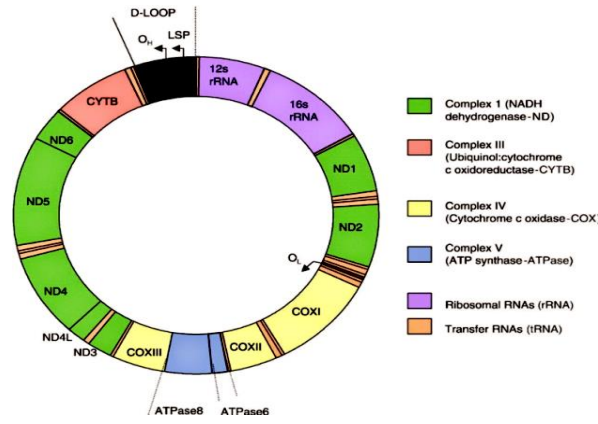


Şekil 1.7. *L. sativae* pupası

### 1.2. Moleküler Filogenide Kullanılan Mitokondriyal DNA'nın önemi

Mitokondri genomu filogenetik çalışmalarda yararlı olmaktadır. Mitokondri genomunun en can alıcı özelliği klonal kalıtımındır ( Şekil 2.1.). Bu genom haploit olup rekombinasyon göstermemektedir. Mitokondri genomunun ikinci can alıcı özelliği ise tek kopya çekirdek DNA'ya göre daha hızlı değişim göstermektedir. Bu özellik sebebi ile yakın akraba türler arası filogenetik çalışmalarda kullanılmaktadır. Mitokondri genomu bazı türlerde anasal, bazı türlerde hem anasal hem de babasal kalıtım gösterebilir. Anasal

özellikle kalıtım göstermesi filogenetik çalışmalarda kolaylık sağlamaktadır (Sevindik, 2011).



Şekil 2.1. Mitokondri Genomu (Anonim, 2021)

### 1.3. Mitokondriyal COI geni kullanılarak moleküler tanımlama

Mitokondri enerji metabolizması apoptoz yaşlanma, hastalık ve oksidasif fosforilasyonda yer alır. Arthropod mitokondriyal genomları (mtDNA) genellikle 14-19 kb'lık dairesel dubleks moleküllerdir. Böcek mtDNA genomları 22 vektör RNA (tRNA) geni, iki ribozomal RNA (rRNA) geni, 13 protein kodlayan gen (PCG'ler) ve bir kontrol bölgesi (CR) veya A + T açısından zengin olmayan bölge dahil olmak üzere dikkate değer şekilde korunmuş 37 gen seti içerir. Mitokondriyal genomlar filogenetik çalışmalarda ve böceklerin karşılaştırmalı ve evrimsel genomiklerinde ve popülasyon genetiği ve evriminin moleküler belirteçleri olarak yaygın olarak kullanılmaktadır. Bizim çalışmamızda da Sanger-Coulson'un zincir sonlanma yöntemi kullanılmıştır (Sanger ve Coulson, 1977).

Nükleotit dizilerin belirlenmesinden sonra, DNA barkodlama yapılmaktadır. Başlıca türlere ait DNA yapısını belirleyen DNA barkodlama yöntemi, organizmaların genomlarının ufak parçalarındaki DNA dizisi farklılıklarının rastgele bir canlının tür seviyesinde tanımlayabilecek biyolojik barkodlar olarak kullanılabilmesi hipotezine dayanmaktadır. Böylece, tanımlanamayan türlerin DNA dizileri ve DNA barkod veri tabanlarından DNA dizilerinin eşleştirilmesiyle bu türleri tanımlayabilecek evrensel tür teşhis anahtarı oluşturulmasını olası kılmaktadır. Kısa DNA dizilerinin kullanılmasının esasında, dizinin tür içerisindeki farklılık seviyelerinin türler arasındaki farklılık seviyesinden daha az olduğu varsayımına dayandırılmaktadır. Yöntem, canlılardan temin edilen doku örneklerinden

DNA izolasyonu yapılmasıyla, DNA'nın PZR ile belirlenen bölgenin çoğaltılmasında ve bölgenin DNA dizi analizinin yapılmasından oluşmaktadır. Bu işlemler sonucunda temin edilen DNA dizileri türlerin tanımlanmasında kullanılan barkodlar olarak veri bankalarına NCBI Genbank veri sistemine erişim numarası alınarak kaydedilmektedir (Arovind vd., 2007).

Gen bölgesinin DNA barkodu kadar kullanışlı olabilmesi için sahip olması gereken özellikler:

1. Tür düzeyinde belirgin genetik çeşitliliğe ve ayırım gücüne sahip olması,
2. Geniş bir taksonomik ölçekten canlılar için elverişli evrensel primerler ile çoğaltılabilen, korunmuş uç bölgelerinin bulunması,
3. DNA ekstraksiyonu ve PZR aşamasında sorun yaratmayacak kısa dizi uzunluğuna sahip olması şeklinde sıralanmaktadır. COI gen bölgesi tüm bu özelliklere sahip olmasından hayvanlarda ve böceklerde tür seviyesinde ayırım gücüne sahip, genel barkodlama bölgesi olarak kabul görmüştür (Kress ve Ericson, 2008).

COI gen bölgesinin, metazoan mitokondriyal genomu bakımından tür içerisinde %3'ten az, türler arasında yaklaşık %10 ile %25 arasında bariz bir değişkenlik gösterdiği yapılan bilimsel çalışmalar ile belirtilmektedir. Güncel metazoan türler için kullanılan standart barkodun tanımlaması COI gen bölgesinin 5' ucundan 652-658 bp bölgesi belirtilmektedir (Hebert, 2003). Metazoan türler için evrensel barkod bölgesi, mitokondriyal genomun nükleer genomla kıyaslandığında birçok avantajı bildirilmektedir. Bu avantajlar intronların olmaması, rekombinasyona sınırlı şekilde maruz kalması ayrıca tüm hücrelerde fazla kopya sayısı, haploit özellikte ve maternal kalıtıma sahip olması gibi sıralanabilir. COI geninde gerçekleşen evrimin, yakın türlerin ayırımına imkan tanıyan ve coğrafik yapı ile ilişkilendirilebilen tür içi çeşitliliği ortaya koyabilecek hızda oluşmasıdır (Bucklin vd., 2011). COI geninin standart barkod geni olarak seçilmesindeki asıl sebep, birden fazla tür için göstermiş olduğu belirgin ayırım gücü ve tür içi ile türler arasındaki uzaklığın kesişmediği tipik varyasyon modelidir (Hebert, 2003). Tür içi ve türler arası varyasyonda kesişme meydana gelmemesi "barkodlama açıklığı" olarak tanımlanmış hem barkod dizilerinin yerindeliği hemde güvenilirliği en önemli püf noktası olarak kabul edilmektedir (Meyer ve Paulay, 2005).

## 2. KAYNAK ÖZETLERİ

Scheffer, tarafından (2000) yapılan çalışmada farklı coğrafik bölgelerden toplanan 4 türe ait 35 adet bireyi moleküler açıdan karşılaştırmıştır. Kültüre alınmış bitkilerden ve atrapla toplayarak elde ettiği bireylerin DNA izolasyonunu yapmış ve elde ettiği DNA'lardan COI ve COII genlerini elde etmek için PZR'de C1J2797(5'-CCTCGACGTTATTCAGATTACC-3') ve TKN3785(5'-GTTTAAGAGACCAGTACTTG-3') primerler ile çoğaltmıştır. Bu yolla 937 bç'lik bir baz dizisi elde etmiştir. Sonuç olarak elde ettiği sekans analizi ile bir dendogram oluşturmuş ve 4 türü birbirinden net bir şekilde ayırt etmiştir.

Scheffer vd. (2006a) tarafından Filipinler'de yaprak galerisinekinin üç türüne ait (*Liriomyza huidobrensis*, *L. trifolii* ve *L. sativae*) 258 bireyden COI sekansları elde edilerek tüm örnekler doğru morfolojilere yerleştirilmiştir. *L. trifolii* ve *L. sativae* gruplarındaki bazı mitokondriyal dizilerdeki farklılıklar yeni türleri önerecek düzeyde yüksek bulunmuştur. Ayrıca, COI dizileri dışında hiçbir veri bu sonucu desteklememiştir.

Scheffer vd. (2006b) yaptıkları bir çalışmada Filipinlerin 2 ada bölgesinde 10 farklı ilden ve 26 farklı konukçudan topladıkları *L. trifolii*, *L. sativae*, *L. brassicae*, *L. huidobrensis*, *L. chinensis*, *Phytomyza horticola*, *Ophiomyia phaseoli* (Diptera: Agromyzidae) türlerinin DNA'larını DNeasy protokolü ile elde etmişler ve COI genini C1J1535 (5'-ATTGGAACCTTTATATTTTATATTTGG-3') (Scheffer ve Wiegmann, 2000) ve TL2-N-3014 (5'-TCCATTGCACTAATCTGCCATATTA-3') primerlerini kullanarak PZR ile çoğaltmışlardır. Çoğaltılan gen bölgesinin sekans sonuçlarına göre farklı bölgelerden toplanan aynı türler arasında bazı varyasyonlar görüldüğü anlaşılmıştır. DNA barkodlama tekniği'nin türleri ayırmada kullanılabilecek bir yöntem olduğunu bildirmişlerdir.

Scheffer vd. (2006b) yaptıkları çalışmada *L. trifolii*'ye ait 40 adet bireyin DNA'sını DNeasy böcek protokolü ile elde ettikten sonra PZR'de C1J1535 (5'-ATTGGAACCTTTATATTTTATATTTGG-3') ve TLN3017 (5'-CTTAAATCCATTGCACTAATCTGCCATA-3') primerleri ile çoğaltmışlar ve 1533 bç'lik COI geni elde etmişlerdir. Daha sonra oluşturulan dendogram ile *L. trifolii*'nin farklı 2 grup olarak ayrıldığı ve mitokondriyal varyasyon olduğu tespit edilmiştir.

Feng vd. (2007) Çin'de yaptıkları çalışmada; Almanya, A.B.D., Çin, Japonya ve İsrail'den topladıkları *L. huidobrensis*, *L. sativae* ve *L. trifolii* türlerinin COI genlerini C1J1535 (5'-ATTGGAACCTTTATATTTTATATTTGG-3') ve TLN3017 (5'-CTTAAATCCATTGCACTAATCTGCCATA-3') primerlerini kullanarak PZR ile çoğaltımı yaparak sekans analizi ile türler arasındaki farklılığı ortaya koymuşlardır. Bu çalışmada ayrıca sadece *L. trifolii*'yi tanımlamaya yarayan primerler de kullanılmıştır. Bu primerlerin *L. trifolii*'yi diğer iki türden ayırmada başarılı olduğu görülmüştür.

Scheffer vd. (2007) yaptıkları çalışmada dünyanın farklı bölgelerinden topladıkları 21 cins'e ait 86 yaprak galerisineği (Diptera: Agromyzidae) türünden DNA'larını elde ederek DNA'ları, C1J1535-ATTGGAACCTTTATATTTTATATTTGG, C1N2191CCGGTAAAAT TAAAATATA, C1-J- 2183 CAACATTTATTTTGATTTTTTGG, C1N2508CTCCAGTTA ATCCTCCAACCTGTAAAT, C1J2441CCTACAGGAATTAATAATTTTATAGTTGATTAGC, TLN301729CTTAAATCCATTGCACTAATCTGCCATA, primerlerini kullanarak COI gen bölgesini PZR'de çoğaltmışlardır. Daha sonra bu gen bölgesinin baz dizisini çıkarıp bu dizilerdeki farklılıklara göre dendogram oluşturmuşlardır. Bu dendogram sonucunda toplanan türlerin moleküler olarak birbirlerinden farklı olduğunu DNA barkodlama tekniği ile göstermişlerdir.

Ferreira vd. (2017) yılında yaptıkları çalışmada, *L. trifolii* (Burgess), *L. sativae* ve *L. huidobrensis* (Blanchard) türleri arasında morfolojik benzerliklerin varlığına dayanarak, bu cins içinde bir tür kompleksinin varlığını saptamıştır. Bu çalışma, Brezilya'nın farklı bölgelerinde *L. sativae*'nin yeni dağılım kayıtlarını oluşturmak, popülasyon içi ve popülasyonlar arası genetik çeşitliliği belirlemek ve *Liriomyza spp.* filogenisini yeniden oluşturmak için DNA barkodunu kullanmayı amaçlamıştır. DNA barkod dizilerini kullanan türler, benzerlik değerleri %97 ile %99 arasında bulunmuş ve incelenen tüm Brezilya popülasyonlarının *L. sativae* türüne ait olduğu doğrulanmıştır. Filogenetik analizler, yedi popülasyondan oluşan tek bir *L. sativae* soyunun varlığını göstermiştir. Bu popülasyonların bireyleri üzerindeki popülasyon içi analiz, düşük seviyelerde nükleotid ve haplotip çeşitliliği gösterdiği görülmüştür. Haplotip ağı, Brezilya popülasyonları arasında dağıtılan sadece 14 haplotipin varlığını gösterdiği belirtilmiştir. Brezilya'daki *L. sativae* popülasyonları tarafından paylaşılan genetik benzerlikler, bu popülasyonların yakından ilişkili olduğunu düşündürmektedir.

Firake vd. (2018) *L. sativae*'nin Hindistan'ın kuzey doğusundaki Meghalaya eyaletinde domates (*Solanum lycopersicum L.*) alanlarında önemli bir zararlı olarak görüldüğünü belirtmiş ve COI geni kullanılarak *L. sativae*'yi moleküler düzeyde karakterize ederek, türe özgü DNA barkodlarını ortaya koymuştur.

Mazumdar vd. (2021) Bangladeş'te DNA barkodlama tekniği COI geninin (5'-ucundan) 658 bç dizisi yoluyla Dipterlerin çeşitliliğini belirlemeyi amaçlanmıştır. Örnekler, Chittagong Üniversitesi Kampüsü'nde Malaise kapanı ile toplanmıştır. Bu çalışmada, 38267 (Diptera) sineğe ait 36476 dizi incelenmiş ve 105 tür, 109 cins, 54 alt aile ve 59 familya sonuçlanmıştır. Bunlardan 79 tür, 69 cins, 12 alt familya ve 23 familya yeni ülke kayıtlarıdır. Barkod İndeks Numaraları (BIN'ler) (tür vekilleri) ile tüm numune kayıtları Barcode of Life Veri Sisteminde (BOLD) verilmiştir.

### 3. MATERYAL VE YÖNTEM

#### 3.1. Lokalite Bilgileri ve Arazi Çalışmaları

Örnekler, Aydın ili'nin İncirliova ve Koçarlı ilçelerinden Haziran, Temmuz, Ağustos, Eylül aylarında, 37°52'38''K 27°42'6''D, 37°50'37''K 27°43'25''D, koordinatlarından toplanmıştır.

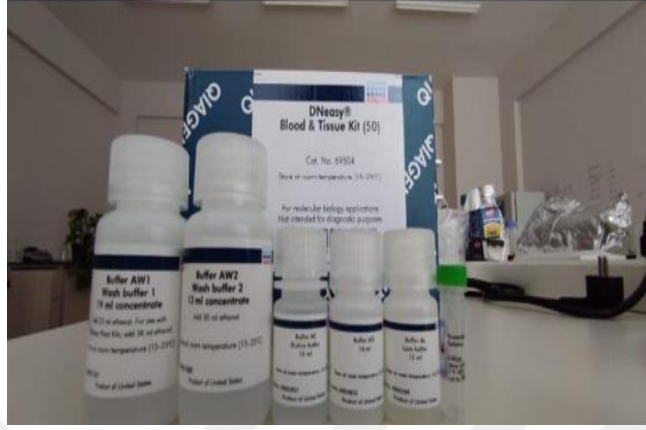
Arazi koşullarında ve seralarda yapılan surveylerde örnekler atrapla ve aynı zamanda galerili yaprakların toplanması şeklinde gerçekleştirilmiştir. Laboratuvara getirilen larva zarar belirtisi taşıyan galerili yapraklar ise çeşitli boyutlardaki kültür kalplarında kültüre alınarak erginleri elde edilmiştir. (Şekil 3.1.)



Şekil 3.1. Kültür kapları

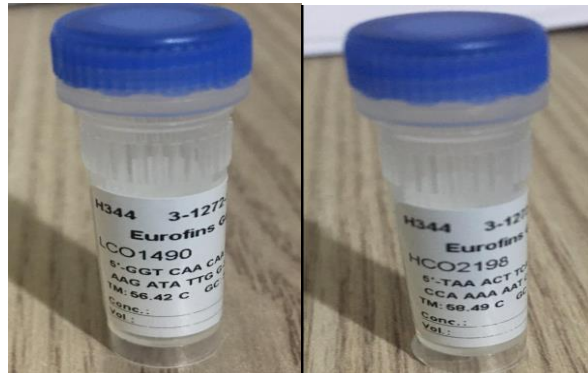
Elde edilen erginlerin teşhisleri erkek bireyler üzerinden yapılmıştır. Literatürdeki, mevcut teşhis anahtarlarından *L. sativae* olduğu düşünülen türlerin teşhisleri Prof. Dr. Hasan Sungur CİVELEK (Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü) tarafından yapılmıştır. *L. sativae* örnekleri DNA izolasyonu yapılana kadar ependorf tüplerde kapakları parafilmli şekilde %70'lik alkolde, -20°C'de derin dondurucuda bekletilmiştir. DNA izolasyonu için ise; QIAGEN marka (Şekil 3.2.) (QIAGEN Dneasy

Blood & Tissue Handbook DNA Kiti) DNA izolasyon kitinde önerilen protokol uygulanmıştır.



Şekil 3.2. DNA izolasyon kiti

Yaprak galerisinekleriyle ilgi daha önce yapılan moleküler çalışmalar incelenmiş ve bunun sonucunda izole edilen DNA'lardan mitokondrial COI gen bölgelerine ait evrensel primerler (Şekil 3.3.) LCO1490 5'-GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG-3' ve HCO2198 5'-TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3' kullanılmıştır (Amin vd., 2014; Polat vd., 2018).



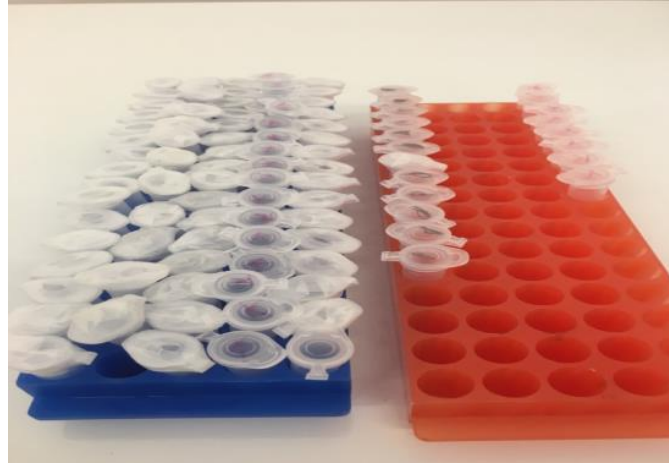
Şekil 3.3. Primerler



## 3.2. Laboratuvar Çalışmaları

### 3.2.1. DNA İzolasyonu

- 1-) İzolasyon yapılacak örnekler -20 °C den çıkarılıp ependorf tüplerin ağzı açık şekilde 56°C de alkollerinin uçması için bekletilmiştir.
- 2-) Etüvden çıkarılan ve alkolleri tamamen uçmuş örneklerin üzerine 180 µL ATL tamponu eklenmiştir.
- 3-) Daha sonra 20 µL proteinaz K eklenip ve hafif karıştırılmış, 56 °C de 30 dk bekletilmiş ve tam çözünme gerçekleşmesi için 10 dk da bir hafif karıştırılarak, 37 °C de 1 gece bekletilmiştir.
- 4-) Bekletilen örnekler hafif karıştırıldıktan sonra 200 µL AL tamponu eklenmiş ve vorteksle en düşük devirde karıştırılarak üzerine 200 µL ethanol eklenip vortekslenmiştir.
- 5-) Ependorf tüpteki tüm sıvı (örnek hariç) DNeasy Mini Spin kolona aktarılarak, 1 dk-8000 rpm'de santrifüjlenmiştir.
- 6-) Spin kolon yeni 2ml tüpe aktarılmış, daha sonra 500 µL AW1 yıkama tamponu eklenerek, 1 dk- 6000g'de santrifüjlenmiştir.
- 7-) Spin kolon yeni 2ml tüpe aktarılmış, daha sonra 500 µL AW2 tamponu eklenmiş ve 3 dk- 14000 rpm'de santrifüjlenmiştir.
- 8-) Spin kolonun tam kuruması için yüksek devirde santrifüj işlemi tekrarlanarak, üzerine Spin kolon 2ml'lik yeni ependorf tüpe aktarılmış, daha sonra üzerine tam membranın ortasına gelecek şekilde 50 µL AE tamponu eklenerek 1dk – 6000g'de santrifüjlenmiştir.
- 9-) Spin kolon yeni bir 2ml'lik ependorf tüpe aktarılarak, 50 µL AE tamponu eklenmiş ve 1dk 6000 g'de santrifüjlenmiştir.
- 10-) DNA izolasyonu yapılan örnekler parafilmle sarıldıktan sonra kodlanıp etiketlenmiş, +4°C'de 1 gün bekletildikten sonra -20°C'de bekletilip PZR için hazır hale getirilmiştir. (Şekil 3.4.)



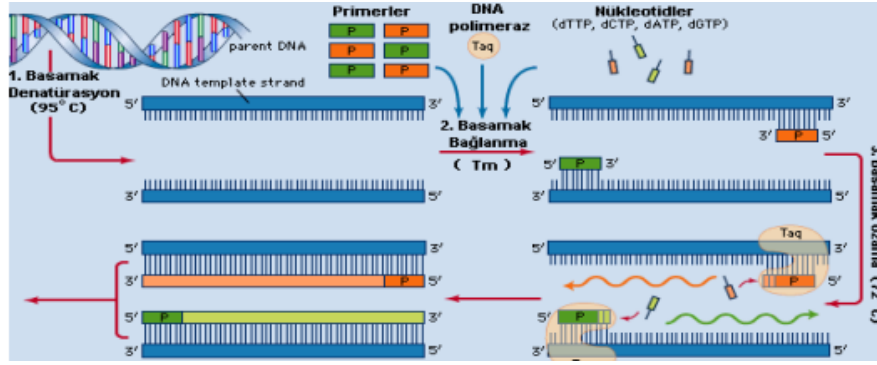
**Şekil 3.4.** DNA izolasyonu yapılan örnekler

### 3.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)

PZR için hazırlanan örnekler buz kabına yerleştirilmiştir. Reaksiyonda; 1  $\mu$ L primer F, 1  $\mu$ L primer R, 5  $\mu$ L master mix, 15  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O olacak şekilde ependorf tüpe örnek sayısı kadar hesaplanarak hazırlanmıştır. PZR tüplerine örneklerin kodları yazılarak 3  $\mu$ L DNA konulmuştur. Hazırlanan örnekler önceden programladığımız PZR cihazına yerleştirilmiş ve program başlatılmıştır. Program detayları Çizelge 3.1’de verildiği gibidir. (Şekil 3.5.)



**Şekil 3.5** PZR cihazı



Şekil 3.5. PZR Döngüsü (Anonim, 2011)

### Çizelge 3.1. PZR reaksiyon koşulları

Aşamalar		Sıcaklık/Zaman	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon		94 °C / 4 dakika	1
Basamaklar	1. Denatürasyon	94 °C / 45 saniye	36
	Primer Bağlanması	55 °C / 1 dakika	36
2.	3. Uzama (1 kbç/dk)	72 °C / 1 dakika	36
Son Uzama		72 °C / 10 dakika	1

### 3.2.3. Agaroz Jel Elektroforez:

PZR örnekleri agaroz jelde yürütülerek görüntülenmiştir. 60 ml'lik jel tankı için hazırlanan %1.5'lik agaroz jele 12ml 5xTBE tamponu eklenerek mikrodalga fırında kaynama noktasına kadar ısıtıldıktan sonra karışım içerisinde tarak bulunan jel tankına dökülerek oda sıcaklığında polimerize olması için bekletilmiştir. Daha sonra 3 µL yürütme tamponuna (EtBr veya bromfenolblue) 5 µL DNA örneği eklenerek pipetaj yapılmıştır. Hazırlanan örnekler oluşturulan agaroz jel kuyucuklarına aktarılmış, yürütme işlemi 60 voltta 50 dk olarak gerçekleştirilmiştir. (Şekil 3.7.)

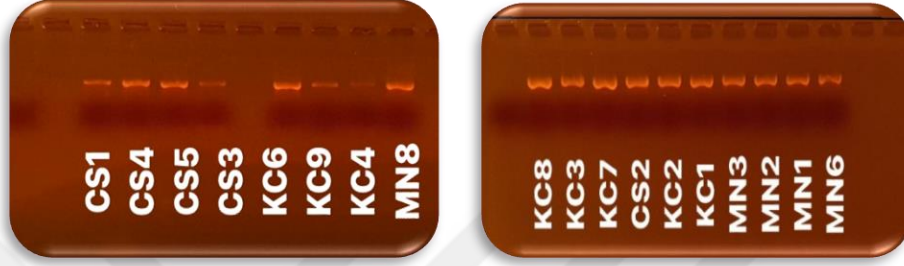


**Şekil 3.6.** Elektroforez cihazı



## 4. BULGULAR

Örnekler elektroforez tankındaki yürütme işleminden sonra görüntüleme cihazına aktarılarak, jel görüntüleri örnek kod numaralarıyla birlikte kaydedilmiştir. Örneklerin PZR sonrası bant görüntüleri Şekil 4.1’de gösterilmiştir.



Şekil 4.1. Örneklerin PZR bant görüntüleri

### 4.1. DNA Dizi Analizi

Örneklerin sekans analizleri TRIÖGEN BİYOTEKNOLOJİ tarafından yapılmıştır.

Her bir yaprak galerisineği için COI gen bölgesine ait diziler FASTA formatında NCBI Nucleotide GenBank BLAST yazılımına yüklenmiş ve verilerin dizilerle benzerlikleri karşılaştırılmıştır. Benzerlik oranı yüksek olan diziler, benzerlik sıralarına göre GenBank erişim numaralarıyla birlikte filogenetik ağaçta kullanılmak üzere not edilmiştir. Çalışmamıza ait diziler ile NCBI Nucleotide’den elde edilen *Liriomyza spp.*’ye ait COI gen dizileri MEGA10 programına yüklenerek modelleme yöntemleri ve mesafeleri belirlenmiştir. Neighbor joining metodu, Tamura-Nei Modeli (1993), Bootstrap 1000’de filogenetik ağaçları oluşturulmuştur. NCBI genom veri bankasından örnek erişim numaraları alınmıştır. Daha sonra Örneklerin DnSP programına DNA COI gen dizileri aktarıldıktan sonra tür içi hesaplamalar yapılmıştır.

**Çizelge 4.1.** *L. sativae*'nin mtDNA COI gen bölgesinin DNA nükleotid dizisi ile yapılan BLAST analiz sonucu

```
Query 1 GGATCAAAAAATGATGTATTAATAAATTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCTCCAGCT 60
Sbjct 641 GGATCAAAAAATGATGTATTAATAAATTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCTCCAGCT 582

Query 61 AGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAACTGATCACACAAATAAA 120
Sbjct 581 AGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAACTGATCACACAAATAAA 522

Query 121 GGTATTCGATCAAAAATAATTCTGTTGATCGTATATTAATAATTGTTGTAATAAAATTT 180
Sbjct 521 GGTATTCGATCAAAAATAATTCTGTTGATCGTATATTAATAATTGTTGTAATAAAATTT 462

Query 181 ACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCAGCTAAATGGAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACT 240
Sbjct 461 ACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCAGCTAAATGGAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACT 402

Query 241 GAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAGAAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCA 300
Sbjct 401 GAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAGAAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCA 342

Query 301 GCCCCATTTTCTACTATACTGCTTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAA 360
Sbjct 341 GCCCCATTTTCTACTATACTGCTTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAA 282

Query 361 AAACCTATATATTTATTCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATTTAAAGGAACT 420
Sbjct 281 AAACCTATATATTTATTCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATTTAAAGGAACT 222

Query 421 AATCAATTACCAAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAaaaaaaaaTTATAATAAAA 480
Sbjct 221 AATCAATTACCAAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAAAATTATAATAAAA 162

Query 481 GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATGT 540
Sbjct 161 GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATGT 102

Query 541 CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCTACTATTCCAGCTCAGGCTCCA 600
Sbjct 101 CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCTACTATTCCAGCTCAGGCTCCA 42

Query 601 AATATAAAATAT 612
Sbjct 41 AATATAAAATAT 30
```

Karşılaştırılan çalışmanın GenBank Kayıt numarası (Sequence ID): MN525177.1  
Uzunluk: 612 Benzerlik: 612/612 (%100)

**Çizelge 4.2.** *L. trifolii*'nin mtDNA COI gen bölgesinin DNA nükleotid dizisi ile yapılan BLAST analiz sonucu

```

Query 1   GGGTCAAAAAATGATGTATTAATAATTCGGTCTGTTAATAGTATTGTAATTGCTCCAGCT 60
Sbjct 623 GGGTCAAAAAATGATGTATTAATAATTCGGTCTGTTAATAGTATTGTAATTGCTCCAGCT 564

Query 61  AAAACGGGCAATGATAAAAAGTAATAACAGCAGTAATTAACACAGATCAAACAAATAAA 120
Sbjct 563  AAAACGGGCAATGATAAAAAGTAATAACAGCAGTAATTAACACAGATCAAACAAATAAA 504

Query 121 GGTATTCGGTCAAAATTAATTCCTGTTGATCGTATTAATAAATTGTTGTAATAAAATTT 180
Sbjct 503  GGTATTCGGTCAAAATTAATTCCTGTTGATCGTATTAATAAATTGTTGTAATAAAATTT 444

Query 181  ACTGCCCCAAAATAGAAGAAATTCCTGCTAAATGTAAGGAAAAAATTGCTAAATCAACT 240
Sbjct 443  ACTGCCCCAAAATAGAAGAAATTCCTGCTAAATGTAAGGAAAAAATTGCTAAATCAACT 384

Query 241  GAAGCTCCACCATGTGCAATAATTGAGGAAAGGGGAGGGTAAACGGTTCATCCTGTACCA 300
Sbjct 383  GAAGCTCCACCATGTGCAATAATTGAGGAAAGGGGAGGGTAAACGGTTCATCCTGTACCA 324

Query 301  GCTCCGTTTTCTACTATTCTGCTTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCGGGGGGTAATAACCAA 360
Sbjct 323  GCTCCGTTTTCTACTATTCTGCTTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCGGGGGGTAATAACCAA 264

Query 361  AAGCTTATGTTATTTATTCGAGGGAAAGCTATATCTGGGGCTCCTAATATTAAGGGACT 420
Sbjct 263  AAGCTTATGTTATTTATTCGAGGGAAAGCTATATCTGGGGCTCCTAATATTAAGGGACT 204

Query 421  AATCAATTTCCAAATCCTCCAATTATAATAGGCATAACTATAaaaaaaaaTTATAATAAAA 480
Sbjct 203  AATCAATTTCCAAATCCTCCAATTATAATAGGCATAACTATAAAAAAAAAATTATAATAAAA 144

Query 481  GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAGGGCACCAGGGGTGC 540
Sbjct 143  GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAGGGCACCAGGGGTGC 84

Query 541  CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCAAGCACCA 600
Sbjct 83   CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCAAGCACCA 24

Query 601  AATATAAAATAT 612
Sbjct 23   AATATAAAATAT 12

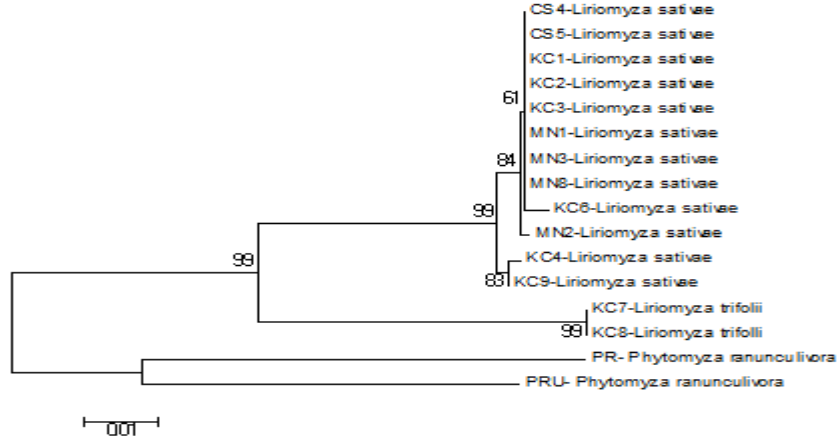
```

Karşılaştırılan çalışmanın GenBank Kayıt numarası (Sequence ID): EU219614.1  
 Uzunluk: 612 Benzerlik: 612/612 (%100)

**Çizelge 4.3.** Örneklerin NCBI numaraları ve lokalite bilgileri

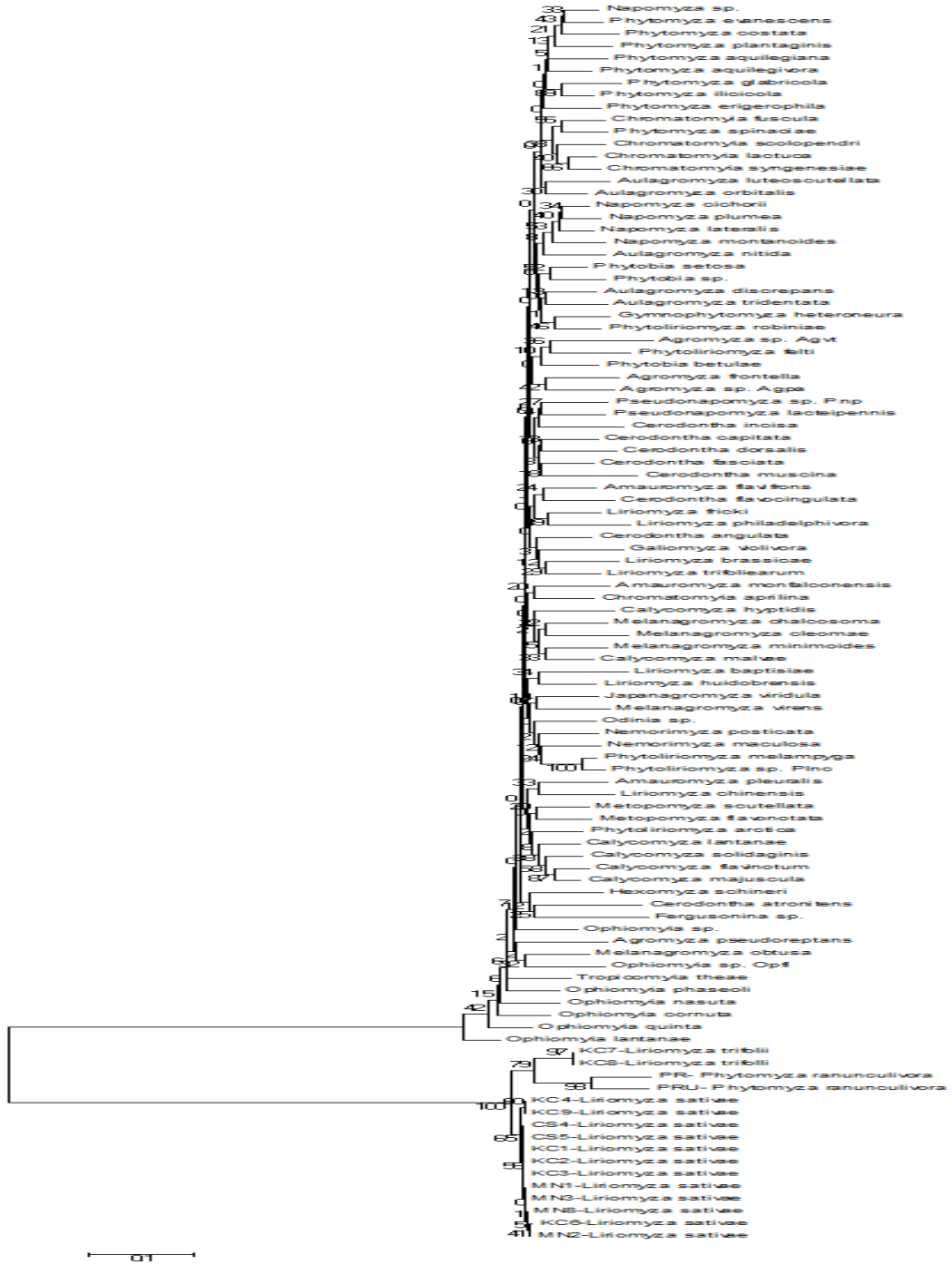
Örnek No	NCBI GenBank	Erişim Numarası	Lokalite
CS4	MZ983369	İncirliova	37° 52' 38'' K 27° 42' 6'' D
CS5	MZ983370	İncirliova	37° 52' 38'' K 27° 42' 6'' D
KC1	MZ983371	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D
KC2	MZ983372	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D
KC3	MZ983373	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D
KC4	MZ983374	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D
KC6	MZ983375	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D
KC9	MZ983376	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D
MN1	MZ983377	İncirliova	37° 52' 38'' K 27° 42' 6'' D
MN2	MZ983378	İncirliova	37° 52' 38'' K 27° 42' 6'' D
MN3	MZ983379	İncirliova	37° 52' 38'' K 27° 42' 6'' D
MN6	MZ983380	İncirliova	37° 52' 38'' K 27° 42' 6'' D
MN8	MZ983381	İncirliova	37° 52' 38'' K 27° 42' 6'' D
KC7	MZ983403	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D
KC8	MZ983404	Koçarlı	37° 50' 37'' K 27° 43' 25'' D

## 4.2. Filogenetik Analiz



**Şekil 4.2.** Örneklerin filogenetik analizi





Şekil 4.3. Örneklerin literatürdeki çalışmalarla kıyaslamalı filogenetik analizi

## 5. TARTIŞMA

Çalışmada, yaprak galerisineği erginleri hem atrap hem de galerili yaprakların kültüre alınması sonucunda elde edilmiştir. Bu amaçla Aydın ilinin Koçarlı ve İncirliova ilçelerinde sebze alanlarında surveyler yapılmıştır. Toplanan galerili yapraklar ve yakalanan örnekler laboratuvarında sınıflandırılmış, seçilen 15 örnekte DNA izolasyonu yapılmıştır. Daha sonra seçilen 15 örnekten elde edilen DNA'lar kalıp olarak kullanılarak evrensel primerler olan (HCO-LCO) PZR'da COI bölgesinin çoğaltımı yapılmış, ardından DNA dizi analizi yapılmıştır. Toplamda 612 bç mtCOI bölgesi elde edilmiştir. Çalışmadaki her bir örneğe ait COI DNA dizileri ayrı ayrı NCBI GenBank Blast yazılımı kullanılarak veri tabanında *Liriomyza spp.* ile benzerlik oranları karşılaştırılmıştır. İnceleme sonucu türlerin *L. sativae* ve *L. trifolii* olduğu saptanmıştır. Tarama sonuçları incelendiğinde; *L. sativae*'de %99-100 arasında sonuç verdiği (Çizelge 4.1.), *L. trifolii* de ise %97-100 arasında sonuç verdiği gözlemlenmiştir (Çizelge 4.2.). Yapılan tür teşhisinin ardından örnekler NCBI veri yükleme sisteminden BankIt yazılımı kullanılarak yükleme yapılmıştır. Her bir örnek için NCBI GenBank erişim numarası alınarak yükleme işlemi gerçekleştirilmiştir. NCBI Genbank erişim numarası ve lokalite bilgileri Çizelge 4.3'te verilmiştir. Footitt vd., (2009), *Adelgidae* türlerinin incelendiği bir çalışmada; DNA barkodlamanın farklı morfolojik formların, olgunlaşmamış aşamaların ve farklı konaklardaki yaşam döngüsünün farklı dönemlerindeki bireylerin tanımlanmasına olanak tanıdığını belirtmiştir. Benzer şekilde Wang vd., (2009) DNA barkodunun benzer morfolojiye sahip yakın yaprak biti türlerinin teşhisinde başarılı olduğunu bildirmiştir. Amin vd., (2014); yaprak galerisineklerinin DNA izolasyonunun yapılarak COI geninin incelenmesi sonucunda örneklerin *L. sativae* ve *L. trifolii* olarak kümelendiğini bildirilmiştir. *L. sativae* türünün Genbank BLAST karşılaştırma sonuçları %99-100, *L. sativae* ise %97-99 *L. trifolii* olduğu saptanmıştır. Bizim çalışmamızda da yukarıda belirtildiği gibi *L. sativae*'de %99-100 arasında *L. trifolii* de ise %97-99 arasında sonuç vermiştir.

Çalışmamızda 15 örnekte COI geninin 612 bç dizi analizi incelendiğinde; 45 parsimonik bilgi verici alan 49 polimorfik alan gözlenmiş ve çeşitliliğin düşük olduğu görülmüştür. Önceki çalışmalar bu sonucu destekler niteliktedir. Nitekim Brezilya'da *L. sativae* ve *L. trifolii* türlerinde yapılan bir filogenetik çalışmada benzerlik %98-100 arasında

bulunmuştur. Bu çalışmada; toplam 106 örnek kullanılmış, COI geninin 707 bç incelenmiş, 15 polimorfik alan gözlenmiş ve çeşitliliğin, bizim çalışmamızda olduğu gibi, az olduğu bildirilmiştir (Ferreira vd., 2017). Tang vd., (2016) Çin' de, *L. sativae* 'nin düşük düzeyde genetik çeşitlilik gösterdiğini ve genetik çeşitlilikle coğrafi mesafe arasında korelasyon bulunmadığı bildirmiştir. *L. sativae*'nin komşu ülkelerde yayılmasında antropojenik etki olduğu fikirini güçlendirdiği belirtmiştir. Aydın bölgesinde İncirliova ve Koçarlı ilçelerindeki örneklerin filogenetik analizde %99 benzerlik göstermesi yayılım hızının, bölgeler arasındaki geçişin yüksek düzeyde olduğunu destekler niteliktedir.

Örneklerin DnSP programına DNA COI gen dizileri aktarıldıktan sonra tür içi hesaplamalar yapılmıştır. Analiz sonuçları da haplotip gen çeşitliliği 0,648 olarak kaydedilmiştir. 6 haplotip belirlenmiş ve polimorfizm değeri ( $P > 0,10$ ) olarak bulunmuştur. Haplotip ortalama değeri 0,01790 olarak hesaplanmıştır. Popülasyonlar arasındaki genetik çeşitlilik DnSP Tajim-D testi (Tajima, 1989) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Yapılan Tanjim-D testi (-0,93891) negatif çıkmıştır. Bu da düşük seviyede genetik farklılaşma olduğunu göstermiştir. Çalışma *L. sativae*'nin İncirliova ve Koçarlı arasında genetik çeşitlilik olarak önemli fark olmadığını ortaya çıkarmıştır. Çalışmamızda elde edilen örneklerin tür içi varyans analizi yapıldığında ortalama değer 0,0000871 olarak bulunmuştur. Bu da örneklerin tür içi varyasyonunun düşük olduğunu göstermektedir. Filipin'lerde yapılan çalışmada 258 örnekte dizi analizi yapılarak 556 bç'lik mtCOI bölgesi incelenmiş ve bu dizilerde 70 farklı haplotip içerdiği saptanmıştır. İncelenen türlerin %100 benzerlik gösterdiği görülmüştür. Tür için varyasyon analizine bakıldığında %0 ile %1,9 arasında olduğu bildirilmiştir (Scheffer, 2006a).

*Liriomyza* spp. 'nin yayılış hızının çok yüksek olduğu, farklı bölge ve yakın komşu ülkelerden alınan örneklerin genetik olarak benzerlikleri yüksek olduğu önceki çalışmalarda bildirilmektedir (Tang vd., 2016). *Liriomyza* spp.'nin morfolojik ayrımlarının zor olmasından dolayı, bu türlerin moleküler tanımlamalarını yapabilmek için toplanan örneklerden mtCOI bölgesini kullanarak türe özgü evrensel primerlerin oluşturulması ve ayrımın yapılarak filogenetik uzaklıkların belirlenmesi tanılamayı kolaylaştırmaktadır (Nakamura vd., 2013). Benzer şekilde Scheffer (2006a) Filipin'lerde yaptığı bir çalışmada; *L. sativae* türlerinin DNA barkodlaması sonucunda filogenetik analizini yapmış ve tek bir kol üzerinden *L. sativae* türünün soy hattını raporlamıştır. Ayrıca, ekonomik ve medikal türler için DNA barkodlamasının hızlı bir tanı yöntemi olarak kullanılabileceğini belirtmiştir (Scheffer, 2006a).

## 6. SONUÇ VE ÖNERİLER

Çalışmada ele alınan yaprak galerisineklerinin morfolojik özelliklerinin çok benzer olduğundan tür teşhisinin sadece erkek bireylerin genital organlarından yapılmasından dolayı tür teşhisi oldukça zordur. Moleküler düzeyde tür teşhisi hem daha hızlı hemde güvenilir sonuçlar verdiği bilinmektedir. COI geninin kapsamlı verisi elde edilirse böceklerde kullanılabileceği ve yüksek oranda benzerlikler ortaya koyduğu saptanmıştır. Bu amaçla Aydın ilinin Koçarlı ve İncirliova ilçelerinde sebze alanlarından toplanan örneklerin moleküler tür teşhisi yapılarak örneklerin *L. sativae* ve *L. trifolii* olduğu saptanmıştır. Türlerin evrimsel ve filogenetik ilişkileri belirlenmesi ve bölgede ileride yapılacak çalışmalar için referans olabilmektedir. Örneklerin mtDNA COI gen dizileri Mega10 programına aktarılmıştır daha sonra filogenetik analizi yapılarak türlerin genetik olarak yakınlığı belirlenmiştir.

Çalışma sonuçlarına göre filogenetik ağaç oluşturulduğunda (Şekil 4.2.) üç ana soy hattına ayrıldığı gözlemlenmiştir. Örneklerden CS4, CS5 KC1, KC2, KC3, MN1, MN3, MN8, örneklerinin kardeş grup olduğu görülürken MN2 örneğinin ise yakın akraba olduğu belirlenmiştir. KC4, KC9 örneklerinin ise KC7 ve KC8 örnekleriyle yakın akraba olduğu görülmüştür.

Maximum parsimoni ile yapılan filogenetik analiz %99 olarak iyi desteklenen tek bir diziyi ortaya çıkararak çok yüksek benzerlik göstermiştir. Bu sonuçlar Aydın bölgesindeki Koçarlı ve İncirliova *L. sativae* ve *L. trifolii* örneklerinin düşük düzeyde genetik çeşitlilik gösterdiği fikrini bir kez daha güçlendirmiştir. Bu türlerin filogenetik analizde tek kolda ayrılması toplanan bölgeler için tek türün bireyleri olduğunu desteklemektedir.

Ülkemizde, özellikle de entomoloji alanında moleküler çalışmalar yeni yeni gelişmektedir. Agromyzidae familyası gibi küçük böceklerin bulunduğu familyaların sistematik teşhisinin zor olması ve bu konuda ülkemizde yetişmiş uzmanın az olması önemli bir sorundur. DNA barkodlaması gibi moleküler teknikler, morfolojik olarak birbirine çok yakın türlerin ayırımında %99'a yakın kesin sonuçlar ortaya koymaktadır. Aynı zamanda tür içi ve türler arası gen çeşitliliği belirlenebilmektedir. Bununla birlikte türler arası filogenetik ilişki belirlenerek yakın akrabalık ilişkileri ortaya çıkarılabilmektedir. Diğer moleküler yöntemlerle kıyaslandığında DNA Barkod çalışmaları nispeten ucuz ve hızlı olsa da, dövize

baęlı artan girdi maliyetleri bu konuda alıřma yapmayı zorlařtırmaktadır. İlerleyen yıllarda maliyetlerin azaltılması ve yerli test kitlerinin oęalması bu konudaki alıřmaları arttıracaktır. DNA Barkod alıřmalarının dięer nemli noktası; lkemizde NCBI GenBank veri tabanına kayıtları yapılacak trlerin COI blgesinin barkodları oluřturularak sonraki alıřmalara referans olarak kullanılabilir olacak olmasıdır. DNA barkodlama teknięi kullanarak daha geniř biyoeřitlilik kayıtları tutulabilir ve bylece kaynakların daha kolay korunabileceęi dřnlebilir.



## KAYNAKLAR

- Amin, S., Lewis, S. J., M. L., Pasha, M. K., Bhuiya, B. A. (2014). DNA barcoding of the vegetable leafminer *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) in Bangladesh. *DNA Barcodes, Nature* 2(1), 29-33. doi: 10.2478/dna-2014-0005
- Andersen, A., Nordhus, E., Vu, T.T.A., Ha, Q.H., Hofsvang, T. (2002). Polyphagous *Liriomyza* species (Diptera: Agromyzidae) in vegetables in Vietnam. *Tropikal Agriculture*, 79, 241-246.
- Anonim, (2011). *Encyclopaedia Britannica, three step process of the polymerase chain reaction.* <https://www.britannica.com/science/polymerase-chain-reactio> polymerase-chain reaction. [Eriřim tarihi: 05/10/2021]
- Anonim. (2011). *L. sativae Ames - Tullamore, Story County, Iowa, USA* <https://bugguide.net/node/view/505524>. [Eriřim Tarihi: 06/11/2021].
- Anonim. (2012). *L. sativae Bugwood - UGA.* <https://www.ipmimages.org/browse/detail.cfm?imgnum=5458914> [Eriřim Tarihi: 10/11/2021].
- Anonim. (2017). *L. sativae San Diego County, California, USA.* <https://bugguide.net/node/view/1671029>. [Eriřim Tarihi: 08/11/2021].
- Anonim. (2017). *About Molekuler Biology.* <http://aboutmolecularbiology.blogspot.com/search?q=M%C4%B0TOKONDR%C4%B0> [Eriřim tarihi: 03/10/2021].
- Anonim. (2021). *Egg-collection equipment for Liriomyza leafminers (Diptera:Agromyzidae).* <https://link.springer.com/article/10.1007/s13355-011-0080-8>[Eriřim tarihi: 06/11/2021].
- Aravind, K., Ravikanth, G., Shaanker, R.U., Chandrashekar, K., Kumar, A.R.V., Ganeshiah, K.N. (2007). DNA barcoding: An exercise in futility or utility. *Current Science*, 92(9), 1213-1216.

- Bucklin, A., Steinke, D., Blanco-Bercial, L. (2011). DNA barcoding of marine metazoa. *National Library of Medicine*, 3, 471-508. doi: 10.1146/annurev-marine-120308-080950.
- Campobasso, G., Colonnelli, E., Knutson, L., Terragitti, G., Cristofaro, M.(1999). Wild Plants and Their Associated Insects in the Port Royal Road, Springfield, Palearctic Region, Primarily Europe and the Middle East. U.S. Department of Agriculture, *Agricultural Research Service*, 147, 249.
- Cerny, M. ve Merz, B. (2006). New records of (Diptera: Agromyzidae) from the Palaeartic Region. *Mitteilungen Der Schweizerischen Entomologischen Gesellschaft*, 79, 77–106.
- CABI. (2016). *Invasive species compedium. Data sheet of Liriomyza sativae* <http://www.cabi.org/isc/datasheet/30960> [Eriřim tarihi:06/11/2021].
- Civelek, H.S. ve Önder, F. (1997). Bitki hastalık etmenlerinin taşınmasında galerisineklerinin (Diptera: Agromyzidae) rolü üzerinde bir inceleme. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 3, 233-241
- Civelek, H.S. ve Ulusoy, M. R. (2000). Türkiye galerisinekleri (Diptera: Agromyzidae) için yeni bir kayıt: *Ophiomyia phaseoli* (Tryon, 1895). *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 24, 163-166.
- Civelek, H.S., Tonguç, A., Özgül, O., Dursun, O. (2007). Contributions to The Turkish (Diptera: Agromyzidae) Fauna from Anatolian Part of Turkey, with sixteen New Records. *Mitteilungen Des Internationalen Entomologischen Vereins*, 32(3-4), 151-160.
- Civelek, H.S. (2002). New records for the Turkish (Diptera: Agromyzidae) from Mugla Province, Western Turkey. *Insecta Mundi*, 16, 49–55
- Civelek, H.S. (2003). Checklist of Agromyzidae (Diptera) Family of Turkey, with a New Record. *Phytoparasitica*. 31,132–138.
- Civelek, H.S. (2004). Two new records for the Turkish Agromyzidae (Diptera) fauna. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 28, 1-10.
- Costa, A.S., Silva, D.M. Duffus, J.E. (1988). Plant virus transmission by leafminer fly.145-149 doi: 10.1016/0042-6822(58)90011-4

- Çıkman, E. ve Uygun, N. (2003). The determination of leafminers (Diptera: Agromyzidae) and their parasitoids in cultivated and non-cultivated areas in Sanlurfa province, southern Turkey. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 27(4), 305-318.
- Çıkman, E. ve Civelek, H.S. (2005). Contributions to the Leafminer Fauna (Diptera: Agromyzidae) from Turkey, with Four New Records. *Phytoparasitica*, 33(4), 391–396.
- Çıkman, E., Civelek, H.S. (2007). Does *Liriomyza cicerina* Affect the Yield of Chickpeas (*Cicer arietinum*), *Phytoparasitica* 35(2), 116-118.
- Deeming, J.C. ve Civelek, H.S. (1997 Eylül 24–28 ). *Türkiye Agromyzidae (Diptera) familyas için yeni kayıtlar*. Türkiye 3. Entomoloji Kongresi Bildirileri, Türkiye, Ankara, 526-533.
- Demirel, E. (2002). *Antakya ve çevresinde bulunan yaprak galeri sineklerinin (Diptera: Agromyzidae) morfolojileri, sistematikleri ve kısa biyolojileri* Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü. Hatay 79s.
- Ellis, N.W. (2007). *Nederlandse bladmineerders/Dutch leafminers* <http://www.bladmineerders.nl/minersf/dipteramin/liriomyza>. [Erişim tarihi: 03/11/2021]
- Feng, X., Chen, N., Ma, J., Zhu S. Hu, X. (2007). Molecular identification of *Liriomyza trifolii* (Burgess) (Diptera: Agromyzidae) based on real-time PCR. *Journal of Applied Entomology*. 131(8), 548–552.
- Ferreira, E. C. B., Freitas, M. T. D. S., Sombra, K. D. D. S., Siqueira, H. Á. A. D., Araujo, E. L. D., Balbino, V. D. Q. (2017). Molecular Identification of *Liriomyza sp.* In the Northeast and Southeast Regions of Brazil. *Revista Caatinga*, 30, 892-900. doi: 10.1590/1983-21252017v30n409rc
- Firake, D. M., Sankarganesh, E., Sharma, B., Firake, P. D., Behere, G. T. (2018). DNA barcoding confirmed the occurrence of invasive vegetable leafminer, *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) in Northeast India. *Journal of Asia-Pacific Biodiversity*, 11(1), 56-60. doi: 10.1016/j.japb.2017.10.002
- Giray, H. (1970). *Liriomyza cicerina* Rond. (Diptera: Agromyzidae)' nin morfolojik karakterleri, kısa biyolojisi ve zarar şekli üzerinde araştırmalar. *Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi* No: 171, Bornova, 34s.



- Footitt, R. G., Maw, H. E. L., Pike, K. S. (2009). DNA barcodes to explore diversity in aphids (Hemiptera: Aphididae and Adelgidae). *Redia*, 92, 87-91
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. *Series B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321. doi: 10.1098/rspb.2002.2218
- Hepdurgun, B., Civelek, H.S., Turanlı, T. ve Dursun, O. (2007). Türkiye Agromyzidae (Diptera) Faunasına Katkıları. *Türkiye Entomoloji Dergisi*. 31(2), 152-159
- Insect images. (2012). *L. sativae Pest and Diseases Image Library Bugwood.org*<https://www.insectimages.org/browse/subthumb.cfm?sub=7840> [Erişim tarihi: 06/11/2021]
- Kress, W.J. and Erickson, D.L. (2008). DNA barcodes: Genes, genomics, and bioinformatics. *Proceedings of The National Academy Of Sciences*, 105(8), 2761-2762. doi:10.1073/pnas.0800476105
- Lonsdale, O. (2011). The *Liriomyza* (Diptera: Agromyzidae) of California *Zootaxa*, 2850, 1-123
- Mart, C., Tursun, A.Ö., Civelek, H.S. (2005). Contributions to (Diptera: Agromyzidae) Fauna of Turkey. *Journal of Turkish Zoology*, 29, 357–359.
- Meyer, C.P. ve Paulay, G. (2005). DNA Barcoding: Error Rates Based on Comprehensive Sampling. *PLoS Biology*, 3(12), 2229-2238. doi:10.1371/journal.pbio.0030422
- Martinez, M. (2014). Fauna Europea, <http://www.faunaeur.org> [Erişim tarihi: 03/11/2021]
- Mazumdar, S., Hebert, P.D.N, Bhuiya, B.A. (2021). A survey of True flies (Insecta: Diptera) by DNA Barcoding of Malaisae Trap Collection in Bangladesh. *Journal Of Insect Biopdiversity and Systematics*, 7 (1), 15-42.
- Nakamura, S., Masuda, T., Mochizuki, A., Konishi, K., Tokumaru, S., Ueno, K., Yamaguchi, T. (2013). Primer design for identifying economically important *Liriomyza* species (Diptera: Agromyzidae) by multiplex PCR. *Molecular Ecology Resources*, 13 (1), 96-102. doi: 10.1111/1755-0998.12025
- Pitkin, B. (2014). *The leaf and stem mines of British flies and other insects*. <http://www.ukflymines.co.uk/> [Erişim tarihi: 03/11/2021].

- Polat, F., Serkan, D. E., Bingöl, G., Kekillioğlu, A. (2018). Kocaeli’de Yaylış Gösteren Bazı Böcek Türlerinin Mitokondrial Sitokrom Oksidaz Alt Ünite 1 Geni ile Filogenetik Analizi. *Kocaeli Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 1(2), 62-66.
- Sanger, F. and Coulson, A.R. (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 74, 5463-5467.
- Sevindik, E. (2011). *Türkiye’de yetişen Silene L. cinsinin Auriculatae ve Brachypodeae seksiyonlarına ait türlerin ITS nrDNA dizilerine dayalı filogenetik ilişkileri*, Yüksek Lisans Tezi, Balıkesir Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, 85 s.
- Spencer, K.A. (1972). Agromyzidae from Southern Spain (Insecta: Diptera). *Zoological Museum University of Copenhagen*, 2(6), 91–104.
- Spencer, K.A. (1973). (Diptera: Agromyzidae) of economic importance. *The Pitman Press*, G.Britain, 418 s.
- Spencer, K.A. (1976). The (Diptera: Agromyzidae) of Fennoscandia and Denmark. *Fauna Entomologica Scandinavica*, 5(1–2), 1–606.
- Spencer, K.A. (1990). Host specialization in the world (Diptera: Agromyzidae). *Kluwer Academic Publishers*, Netherland, 444 s.
- Scheffer, S.J. (2000). Molecular Evidence of Cryptic Species within the *Liriomyza huidobrensis* (Diptera: Agromyzidae)., *Journal of economic Entomology*. 93(4), 1146- 1151.
- Scheffer, S.J., Lewis, M.L., Joshi, R.C. (2006 a). DNA Barcoding Applied to Invasive Leafminers (Diptera: Agromyzidae) in the Philippines, *Ann. Entomological Society of America*. 99(2), 204- 210.
- Scheffer, S.J. and Lewis, M.L. (2006b). Mitochondrial Phylogeography of the Vegetable Pest *Liriomyza trifolii* (Diptera: Agromyzidae): Diverged Clades and Invasive Populations. *Annals of Entomological Society of America*, 99(6), 991-998.
- Scheffer, S. J., Winkler, I. S., Wiegmann, B. M. (2007). Phylogenetic relationships within the leaf-mining flies (Diptera: Agromyzidae) inferred from sequence data from multiple genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 42(3), 756-775. doi: 10.1016/j.ympev.2006.12.018

- Tang X.T., Ji, Y., Chang Y.W., Shen, Y. (2016). Population genetic structure and migration patterns of *Liriomyza sativae* in China: moderate subdivision and no Bridgehead effect revealed by microsatellites. *Bulletin of Entomological Research*, 106(1), 114-123. doi: 10.1017/S0007485315000905
- Tajima, F. (1989). Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123, 585-595.
- Tamura, K., ve Nei, M. (1993). Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10(3), 512-526.
- Uygun, N., Polatöz, Z., Başpınar, H. (1995). Doğu Akdeniz Bölgesi Agromyzidae (Diptera) familyası türleri üzerinde sistematik araştırmalar. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 19(2), 123-136.
- Yıldırım, E. M., Ünay, A., Civelek, H. S. (2010). The effect of *Liriomyza trifolii* (Burgess) (Diptera: Agromyzidae) on some leaf characteristics of bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Food, Agriculture Environment*, 8(8), 3.
- Zitter, T.A., Tsai, J.H., Harris K.F. (1980). Flies. In: Harris, K.F., editor, vectors of plant oogens. *New York: Academic Press*, pp. 165-176.
- Wang, J.F. and Qiao, G.X. (2009). DNA barcoding of genus Toxoptera Koch(Hemiptera: Aphididae) identification and molecular phylogeny inferred from mitochondrial COI sequences. *Insect Science*, 16(6), 475-484. doi: 10.1111/j.1744-7917.2009.01270.x

## EKLER

### CS4-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAA ACTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAAATAT

### CS5-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAA ACTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAAATAT

KC1-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAA ACTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAAATAT

KC2-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAA ACTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAAATAT

KC3-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG

AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAAACCTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAATAT

KC4-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAATTGATGTATTAAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTTCCAGCTCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAAACCTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCTGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAATAT

KC6-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAATGATGTATTAAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATGGTTGTAATAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGCGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAAACCTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA

GGCTCCAAATATAAAAATAT

*KC7-Liriomyza trifolii*

GGGTCAAAAAATGATGTATTAAAATTTTCGGTCTGTTAATAGTATTGTAATTGCT  
CCAGCTAAAACGGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTAACACAGA  
TCAAACAAATAAAGGTATTTCGGTCAAATTAATTCCCGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCTGCTAAATG  
TAAGGAAAAAATTGCTAAATCAACTGAAGCTCCACCATGTGCAATAATTGAGG  
AAAGGGGAGGGTAAACGGTTCATCCTGTACCAGCTCCGTTTTCTACTATTCTGC  
TTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCGGGGGTAATAACCAAAGCTTATGTTATTTA  
TTCGAGGGAAAGCTATATCTGGGGCTCCTAATATTAAGGGACTAATCAATTC  
CAAATCCTCCAATTATAATAGGCATAACTATAAAAAAATTATAATAAAAGCAT  
GAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAGGGCACCGGGGT  
GCCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTC  
AAGCACCAAATATAAAAATAT

*KC8-Liriomyza trifolii*

GGGTCAAAAAATGATGTATTAAAATTTTCGGTCTGTTAATAGTATTGTAATTGCT  
CCAGCTAAAACGGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTAACACAGA  
TCAAACAAATAAAGGTATTTCGGTCAAATTAATTCCCGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCTGCTAAATG  
TAAGGAAAAAATTGCTAAATCAACTGAAGCTCCACCATGTGCAATAATTGAGG  
AAAGGGGAGGGTAAACGGTTCATCCTGTACCAGCTCCGTTTTCTACTATTCTGC  
TTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCGGGGGTAATAACCAAAGCTTATGTTATTTA  
TTCGAGGGAAAGCTATATCTGGGGCTCCTAATATTAAGGGACTAATCAATTC  
CAAATCCTCCAATTATAATAGGCATAACTATAAAAAAATTATAATAAAAGCAT  
GAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAGGGCACCGGGGT  
GCCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTC  
AAGCACCAAATATAAAAATAT

*KC9-Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTAAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTTCGATCAAACCTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCAGCTAAATG

GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTTCCAGCTCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAAACCTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCTGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAATAT

MN1-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTAATAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAAAACCTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAAACCTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAATAT

MN2-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTAATAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAAAACCTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAAACCTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATG



TCCTAATTCTGCTCGAATAAAAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAAATAT

MN3-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAA ACTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAAATAT

MN6-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT  
AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAA ACTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAAATAT

MN8-*Liriomyza sativae*

GGATCAAAAAATGATGTATTA AAAATTTTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCT  
CCAGCTAGCACAGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTA AAAACTGA  
TCACACAAATAAAGGTATTCGATCAAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAAT

AATTGTTGTAATAAAAATTTACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCAGCTAAATG  
GAGAGAAAAAATAGCTAAATCTACTGAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAG  
AAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCAGCCCCATTTTCTACTATACTGCT  
TATTAATAAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAATAATCAAAAACCTTATATTATTTAT  
TCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAGGAACTAATCAATTACC  
AAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAATTATAATAAAAGCATG  
AGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATG  
TCCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCA  
GGCTCCAAATATAAAATAT



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

**BİLİMSEL ETİK BEYANI**

“TÜRKİYEDE YAYILIŞ GÖSTEREN AGROMYZİDAE FAMILİYASINDAN *Liriomyza sativae* BLANCHARD, 1938 (DİPTERA: AGROMYZİDAE)’NİN DNA BARKODLAMASI” başlıklı Yüksek Lisans tezindeki bütün bilgileri etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada, bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiz atıf yaptığımı bildiririm. İfade ettiklerimin aksi ortaya çıktığında ise her türlü yasal sonucu kabul ettiğimi beyan ederim.

Cem DAYAN