

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



ANTALYA, AYDIN VE DENİZLİ İLLERİNDEN FARKLI KONUKÇULARDAN
TOPLANAN PAMUK UNLUBİTİ [*Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera:
Pseudococcidae)] POPÜLASYONLARINDA ddRAD YÖNTEMİ İLE GENETİK
YAPI VE ENDOSMBİYONTLARIN BELİRLENMESİ

Merve AYGÜN

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİTKİ KORUMA

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2025

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



ANTALYA, AYDIN VE DENİZLİ İLLERİNDEN FARKLI KONUKÇULARDAN
TOPLANAN PAMUK UNLUBİTİ [*Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera:
Pseudococcidae)] POPÜLASYONLARINDA ddRAD YÖNTEMİ İLE GENETİK
YAPI VE ENDOSMBİYONTLARIN BELİRLENMESİ

Merve AYGÜN

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİTKİ KORUMA

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2025

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**ANTALYA, AYDIN VE DENİZLİ İLLERİNDEN FARKLI KONUKÇULARDAN
TOPLANAN PAMUK UNLUBİTİ [*Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera:
Pseudococcidae)] POPÜLASYONLARINDA ddRAD YÖNTEMİ İLE GENETİK
YAPI VE ENDOSMBİYONTLARIN BELİRLENMESİ**

Merve AYGÜN
BİTKİ KORUMA
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEMMUZ 2025

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ANTALYA, AYDIN VE DENİZLİ İLLERİNDEN FARKLI KONUKÇULARDAN
TOPLANAN PAMUK UNLUBİTİ [*Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera:
Pseudococcidae)] POPÜLASYONLARINDA ddRAD YÖNTEMİ İLE GENETİK
YAPI VE ENDOSMBİYONTLARIN BELİRLENMESİ

Merve AYGÜN
BİTKİ KORUMA
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 04/07/2025 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Cengiz İKTEN (Danışman)
Prof. Dr. Fedai ERLER
Dr. Öğr. Üyesi İnci ŞAHİN NEGİŞ

ÖZET

ANTALYA, AYDIN VE DENİZLİ İLLERİNDEN FARKLI KONUKÇULARDAN TOPLANAN PAMUK UNLUBİTİ [*Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae)] POPÜLASYONLARINDA ddRAD YÖNTEMİ İLE GENETİK YAPI VE ENDOSMBİYONTLARIN BELİRLENMESİ

Merve AYGÜN

Yüksek Lisans Tezi, Bitki Koruma Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Cengiz İKTEN

Temmuz 2025; 58 sayfa

Bu çalışmada, istilacı ve ekonomik açıdan önemli bir zararlı olan *Phenacoccus solenopsis* Tinsley, 1898 (Hemiptera: Pseudococcidae) türü Antalya, Aydın ve Denizli illerinden toplanan örnekler üzerinden genetik varyasyon ve popülasyon düzeyindeki yapısal özellikler bakımından incelenmiştir. Çalışmanın temel amacı, ddRAD (double digest Restriction-site Associated DNA) teknolojisi kullanılarak bu türün genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını ortaya koymaktır. Ayrıca, aynı örnek bireylerde simbiyotik ilişki içerisinde bulunan endosimbiyont bakterilerin varlığı ve olası etkileri de değerlendirilmiştir.

Arazi çalışmaları kapsamında, 25 farklı lokasyondan toplam 125 dişi birey toplanmış; örneklerin DNA izolasyonu CTAB protokolü kullanılarak laboratuvar ortamında gerçekleştirilmiştir. Yeni nesil dizileme (NGS) analizleri sonucunda toplamda 40.165 yüksek kaliteli ve güvenilir SNP verisi elde edilmiştir. Elde edilen bu veriler, STRUCTURE ve PCoA (Principal Coordinates Analysis) gibi popülasyon genetiği analizlerinde kullanılmıştır. STRUCTURE analizinden elde edilen sonuçlar, STRUCTURE Selector web sitesi ile görselleştirilmiş ve dört temel genetik alt popülasyonun varlığı ortaya konmuştur. Özellikle Denizli ve Antalya illerine ait bireylerde yüksek düzeyde genetik farklılaşmalar tespit edilmiştir. Fst analizleri de bu farklılaşmaları desteklemiş ve ortalama Fst değeri 0.2832 olarak belirlenmiştir. Farklı konukçu bitkilerden elde edilen bireyler karşılaştırıldığında, konukçu bazında anlamlı bir genetik ayrışma gözlemlenmemiştir. Hardy-Weinberg dengesi, heterozigotluk oranları ve kaplama (coverage) analizler ile elde edilen verilerin yüksek güvenilirliğe sahip olduğunu göstermiştir. Ayrıca, MEGA 12 yazılımı kullanılarak UPGMA metoduna dayalı bir filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Endosimbiyont analizlerinde ise tüm bireylerde, türün bilinen birincil simbiyontu olan *Candidatus Tremblaya phenacola* tespit edilmiştir. Endosimbiyont miktarı açısından incelenen bireylerde farklılıklar olmasına rağmen, bölgesel ve/veya konukçu bitkiye özgü bir farklılaşma tespit edilmemiştir.

ANAHTAR KELİMELEER: *Candidatus Tremblaya phenacola*, NGS, *Phenacoccus solenopsis*, SNP

JÜRİ: Doç. Dr. Cengiz İKTEN

Prof. Dr. Fedai ERLER

Dr. Öğr. Üyesi İnci ŞAHİN NEĞİŞ



ABSTRACT

DETERMINATION OF GENETIC STRUCTURE AND ENDOSYMBIONTS IN POPULATIONS OF COTTON MEALYBUG [*Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae)] COLLECTED FROM DIFFERENT HOSTS IN ANTALYA, AYDIN, AND DENİZLİ PROVINCES USING THE ddRAD METHOD

Merve AYGÜN

MSc Thesis in Plant Protection

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Cengiz İKTEN

July 2025; 58 pages

This study investigated the genetic variation and population-level structural characteristics of *Phenacoccus solenopsis* Tinsley, 1898 (Hemiptera: Pseudococcidae), an invasive and economically significant pest species, using specimens collected from Antalya, Aydın, and Denizli provinces. The primary objective of this study was to elucidate the genetic diversity and population STRUCTURE of this species through the application of double-digest Restriction-site Associated DNA (ddRAD) sequencing technology. Additionally, the presence and potential effects of endosymbiotic bacteria associated with the same individual specimens were evaluated.

As part of the field investigation, a total of 125 individuals were collected from 25 different locations. Total nucleic acid isolation was performed in the laboratory using the CTAB protocol. Following next-generation sequencing (NGS) analyses, 40,165 high-quality and reliable single nucleotide polymorphism (SNP) data points were obtained. These data were subsequently used in population genetic analyses, including STRUCTURE and Principal Coordinates Analysis (PCoA). STRUCTURE results, visualized using the STRUCTURE Selector web platform, revealed the presence of four distinct genetic subpopulations. A high level of genetic variation was observed, particularly among individuals collected from Denizli and Antalya provinces. This differentiation was supported by F_{st} analysis, with an average F_{st} value of 0.2832. Comparisons of individuals from different host plants showed no significant genetic divergence observed based on host. Analyses of Hardy-Weinberg equilibrium, heterozygosity rates, and sequencing coverage assessment confirmed the high reliability of the dataset. Furthermore, a phylogenetic tree was constructed based on the UPGMA method using MEGA 12 software. Endosymbiont analysis revealed that all individuals harbored *Candidatus Tremblaya phenacola*, the primary symbiont species in all specimens. Despite the endosymbiont load was differing on individuals, there was no regional or host plant-specific differentiation.

KEYWORDS: *Candidatus Tremblaya phenacola*, NGS, *Phenacoccus solenopsis*, SNP

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Cengiz İKTEN

Prof. Dr. Fedai ERLER

Asst. Prof. Dr. İnci ŞAHİN NEĞİŞ



ÖNSÖZ

Bu tez çalışmasının planlanmasında, araştırılmasında, yürütülmesinde ve oluşumunda desteğini esirgemeyen, engin bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım, yönlendirme ve bilgilendirmeleriyle çalışmamı bilimsel temeller ışığında şekillendiren sayın danışman hocam Doç. Dr. Cengiz İKTEN'e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Çalışkanlığı, azmi ve duruşuyla her zaman örnek aldığım; desteğini daima yanımda hissettiğim, bana her zaman inanan ve inandıran, yolumu aydınlatan kıymetli hocam Arş. Gör. Dr. Hilal Şule TOSUN'a en içten teşekkürlerimi sunarım.

Yüksek lisans sürecimde beni her zaman yüreklendiren, desteğini ve güvenini esirgemeyen kıymetli hocam Doç. Dr. Kadir AKAN'a teşekkürlerimi sunarım.

Yardımlarından dolayı Entomoloji Laboratuvarı ekip arkadaşlarım Dr. Esra BÖLÜCEK, Dr. Payman EHSAS, Zir. Yük. Müh. Dilşan BOYLU, Zir. Yük. Müh. Hasan Ali KÜÇÜK ve Zir. Müh. Ahmet Turhan İKTEN'e, manevi desteklerini her daim hissettiğim arkadaşlarım Tuğçe ÜLGER ve Güngör ÖZLÜER'e teşekkür ederim.

Eğitim hayatım boyunca sabırla beni dinleyen, maddi ve manevi olarak destekleyen, her koşulda hep yanımda olan ve beni buralara getiren ben olmamı sağlayan canım annem Tülay AYGÜN'e, canım babam Ali AYGÜN'e, biricik yeğenlerim Zeynep Erva AYGÜN'e ve Ali Eymen AYGÜN'e çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ	v
AKADEMİK BEYAN	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xi
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	5
2.1. Morfolojik, Ekolojik ve Mücadele Çalışmaları.....	5
2.2. Moleküler Çalışmalar	6
2.3. Endosimbiyontlar	9
3. MATERYAL VE METOT	10
3.1. Materyal.....	10
3.2. Metot	10
3.2.1. Saha çalışmaları	10
3.2.2. Ön teşhis çalışmaları.....	12
3.2.3. DNA izolasyonu	12
3.2.4. DNA kalitesinin ölçülmesi	13
3.2.5. Yeni nesil dizileme (NGS) kütüphanesinin oluşturulması	13
3.2.6. Yeni nesil dizileme (NGS) kütüphanesinde kullanılan ddRAD yöntemi	14
3.2.7. Biyoinformatik Analizler.....	15
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	17
4.2. Temel Bileşen Analizi (Principal Component Analizi-PCA)	25
4.4. Popülasyon Genetiği Analizi.....	28
4.3. F İstasikleri Fst Değerleri ve Ortalamaları	39
4.5. Filogenetik Analizler	41
4.6. Endosimbiyontların Tespiti	42
5. SONUÇLAR	50
6. KAYNAKLAR	51
7. EKLER.....	57

ÖZGEÇMİŞ



AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “**Antalya, Aydın Ve Denizli İllerinden Farklı Konukçulardan Toplanan Pamuk Unlubiti [*Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae)] Popülasyonlarında ddRAD Yöntemi İle Genetik Yapı Ve Endosmbiyontların Belirlenmesi**” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

04/07/2025

Merve AYGÜN



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

A : Adenin

+4 : Artı dört

rpm : Dakikadaki devir sayısı

G : Guanin

MgCl₂ : Magnezyum klorür

µl : Mikrolitre

°C : Santigrat derece

C : Sitozin

T : Timin

% : Yüzde

Kisaltmalar

CTAB : Cetyltrimethyl-ammonium bromide

DNA : Deoksiribo nükleik asit

dNTP : Deoxynucleotide

PCR : Polimeraz Zincir Reaksiyonu

RAPD : Random Amplified Length Polimorfizm

RFLP : Restriction Fragment Length Polimorfizm

SSR : Simple Sequence Repeat

SNP : Single Nucleotide Polimorfizm

NGS : New generation sequencing (Yeni nesil dizileme)

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. a) Entomoloji II laboratuvar genel görünüm, b) Mikroskopla <i>P. solenopsis</i> ergin dişi bireylerin seçimi, c) Yaprak üzerinde <i>P. solenopsis</i> , d) Mikroskop altında <i>P. solenopsis</i> , e) Örneklerin DNA izolasyonu tüplerine aktarımı	10
Şekil 3.2. a) Araziden <i>P. solenopsis</i> örneklerinin toplanması, b) <i>P. solenopsis</i> ile bulaşık pamuk bitkisi, c) <i>P. solenopsis</i> ile bulaşık akşamsefası bitkisi, d) <i>P. solenopsis</i> ile bulaşık semizotu bitkisi, e) <i>P. solenopsis</i> ile bulaşık mine çalısı bitkisi, f) <i>P. solenopsis</i> ile bulaşık kanada şifa otu bitkisi	11
Şekil 3.3. Yeni nesil dizileme kütüphanesinde kullanılan DNA'ların agaroz jel görüntüsü.....	13
Şekil 4.1. 40.165 SNP'nin <i>Phenacoccus solenopsis</i> genomundaki 5 kromozomu üzerindeki dağılışı	18
Şekil 4.2. 1 Mb'lık SNP verisinin 5 kromozoma göre normalize edilmiş gösterimi.....	18
Şekil 4.3. 1 Mb pencerede SNP sayısının kromozomlar boyunca dağılımı.....	19
Şekil 4.4. Her bir kromozom üzerindeki kaplama (coverage) değerleri.....	20
Şekil 4.5. Her bir kromozom üzerindeki kayıp veri.....	21
Şekil 4.6. Her bir kromozomdaki Ts/Tv oranları.....	22
Şekil 4.7. Her bir kromozom için Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE) göre sınıflandırılmış SNP'lerin dağılımı.....	23
Şekil 4.8. Her bir kromozomlardaki majör allel frekansı	24
Şekil 4.9. Her bir kromozomdaki heterozigotluk oranı	25
Şekil 4.10. <i>Phenacoccus solenopsis</i> bireylerinde lokasyonlara göre karşılaştırmalı PCoA (Principal Coordinates Analysis) grafiği	26
Şekil 4.11. <i>Phenacoccus solenopsis</i> bireylerinde konukçu bitkilerinin karşılaştırmalı PCoA grafiği	27
Şekil 4.12. Delta K (ΔK) değerine ait olasılık grafiği	28
Şekil 4.13. STRUCTURE analizinde uygun küme sayısının belirlenmesi ve verinin homojen yapısı	29
Şekil 4.14. STRUCTURE programı ile elde edilen veri sonuçların dağılımları	32

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. <i>Phenacoccus solenopsis</i> 'in taksonomik sınıflandırması	1
Çizelge 3.1. Restriksiyon enzimleri için hazırlanan reaksiyon karışımı ve inkübasyon süresi	14
Çizelge 3.2. Ligasyon aşamasında kullanılan MasterMix karışımı ve inkübasyon süresi	14
Çizelge 3.3. ddRAD protokolünde kullanılan Adaptör P1 ve Adaptör P2 dizilimleri ...	14
Çizelge 3.4. PCR adımıda kullanılan MasterMix bileşenleri	15
Çizelge 3.5. Amplifikasyona ait PCR aşamaları.....	15
Çizelge 4.1. Nükleotid değişimlerinin sayısal dağılımı ve Transition (Ts)/ Transversion (Tv) oranı	21
Çizelge 4.3. Tüm bireylerin ait oldukları alt popülasyonlara göre üyelik değerleri ve heterozigotluk oranları	33
Çizelge 4.2. Alt popülasyonlara ait FST değerleri.....	40
Çizelge 4.4. Tez kapsamında incelenen 125 <i>P. solenopsis</i> bireyinde göreceli <i>Tremblaya phenacola</i> miktarları	43
Çizelge 4.5. <i>Phenacoccus solenopsis</i> konukçu bazında endosimbiont ortalama ve standart sapmaları.....	48
Çizelge 4.6. Üç ilden toplanan <i>Phenacoccus solenopsis</i> endosimbiontların ortalama ve standart sapmaları.....	48
Çizelge 4.7. Toplanan <i>Phenacoccus solenopsis</i> bireylerin içerisinde, <i>Tremblaya phenacola</i> miktarların ortalama ve standart sapmaları	49

1. GİRİŞ

Unlubitler olarak bilinen böcekler, Hemiptera takımı, Sternorrhyncha alt takımı ve Coccoidea üst familyasına ait olup yaklaşık 8.500 türü kapsamaktadır (Çizelge 1.1). Bu üst familyada yer alan önemli gruplardan biri olan Pseudococcidae, Coccoidea içindeki ikinci en büyük familyadır. Dünya genelinde geniş bir yayılım gösteren bu familya, toplamda 2.143 türü içermektedir (García Morales vd. 2016). Türkiye'deki eski ve güncel verilere göre Pseudococcidae familyasına ait 41 cins ve 120 tür tanımlanmıştır (Ülgentürk vd. 2022).

Çizelge 1.1. *Phenacoccus solenopsis*'in taksonomik sınıflandırması

Şube	Arthropoda
Sınıf	Insecta
Takım	Hemiptera
Üstfamilya	Coccoidea
Familya	Pseudococcidae
Cins	<i>Phenacoccus</i>
Tür	<i>Phenacoccus solenopsis</i>

Pseudococcidae familyasında tanımlanan türler arasında yer alan *Phenacoccus solenopsis* Tinsley 1898 (Hemiptera: Pseudococcidae) bitkilere ciddi zarar veren ekonomik açıdan önemli istilacı bir türdür. *P. solenopsis*, pamuk unlubiti olarak bilinmektedir. İlk olarak Tinsley (1898) tarafından New Mexico eyaletinde Amerika'da yabani otların kök ve gövdelerinden karıncaların yuvalarında tespit edilmiştir. Ancak, *P. solenopsis*'in pamuk ürününe zarar verdiğine dair ilk rapor ABD'nin Teksas eyaletinden bildirilmiştir (Fuchs vd. 1991).

Phenacoccus solenopsis dişi bireyi unlu tabaka ile kaplıdır. *P. solenopsis* türünün morfolojik olarak dişi bireyler üzerinden ayırt edilebildiği belirlenmiştir (McKenzie 1961). Dişi bireyin vücut uzunluğu 2-5 mm, genişliği 2-4 mm'dir. Thoraks segmentinde 6 adet enlemesine koyu bantlar bulunur (Hodgson vd. 2008). *P. solenopsis* ergin bireylerin vücudunun etrafında mumla kaplanmış kıllar bulunur ve abdomen sonundaki bir çift kıl diğerlerine göre daha uzundur (McKenzie 1961; Kosztarab 1996). *P. solenopsis* erkek bireyleri ise siyahımsı kahverengi, yaklaşık 1 mm uzunluğundadır. Kanatları saydamdır (Waqas vd. 2021).

Bir dişi yaşam süresi boyunca ortalama 150-600 arasında yumurta bırakır. Genellikle döllenmiş yumurta ile çoğalırlar. Yumurtalarını mumsu bir yapıdaki yumurta kesesi içerisine bırakmaktadır. Yumurtaların bu kese içinde bulunması ve hem nimf hem de ergin bireylerin vücutlarının mumsu bir tabaka ile kaplı olması, kimyasal mücadelenin etkinliğini azaltmakta ve kontrolü zorlaştırmaktadır (Sahito vd. 2011). Ergin bir dişi olarak odunsu bitkilerin kuytu yerlerinde, kabuk, gövde, çatlak ve yarıklarına kışı geçirmektedir (Spodek vd. 2018). Bir dişi birey üç nimf dönemi geçirerek ergin olmaktadır. Zararlı bir dölünü tamamlayabilmesi 25-30 günde olmaktadır. Zararlı 0-45°C'de yaşamını sürdürmektedir (Sharma 2007).

Bitkiye zararları ergin ve nimfler vermektedir. Bitkinin floem dokusuyla beslenir, bitki öz suyunu emerek zayıflatır (Rizvi vd. 2015). Yaprak, gövde, dal, kök ve

meyvelerinde beslenerek zarar verirler. Yapraklarda bozulmalara, renk açılmalarına, kıvrılma, nekrotik lekeler ve solgunluk olur. Meyve saplarına zarar vererek meyve dökülmelerine de neden olmaktadır. Zararlı ballımsı madde salgılamaktadır. Bu da fumajine neden olmaktadır. Bu durumda stomalar kapanmakta, bu da bitkinin fotosentez sürecinin durmasında neden olarak bitki de büyüme geriliğine yol açmaktadır (Hodgson vd. 2008). *P. solenopsis*'in gelişimi kapsamlı bir şekilde incelenmiş olup, aşırı düşük ve yüksek sıcaklıklara tolerans gösterdiği bilinmektedir (Prasad vd. 2012). Tahmin edilen küresel sıcaklık artışları nedeniyle bu zararlının yakın gelecekte dünyanın diğer bölgelerine yayılması ve tropikal ile subtropikal bölgelerdeki tarımsal ve bahçecilik üretim sistemleri üzerinde artan bir tehdit oluşturması muhtemeldir (Fand vd. 2013; 2014).

Phenacoccus solenopsis kolonileri sıklıkla karıncalar tarafından ziyaret edilmekte olup, Ateş karıncası [*Solenopsis invicta* Buren (Hymenoptera: Formicidae)] ile arasında mutualist bir ilişki bulunmaktadır. İncelenen bu mutualist etkileşim, her iki türün popülasyon artışını desteklemekte ve yeni alanlara taşındıklarında istilacı başarılarını arttırmada etkili olabilmektedir (Zhou vd. 2012; Mani ve Shivaraju 2016).

Avrupa ve Akdeniz Bitki Koruma Örgütü (EPPO) veri tabanına göre, 5 kıtada 65'ten fazla ülkede ve en az 213 konukçu bitkide belgelenmiştir (Chen vd. 2021; Zala vd. 2021). *P. solenopsis* geniş bir konukçu yelpazesine sahip olan bu tür; başta pamuk (*Gossypium hirsutum* L.), domates (*Solanum lycopersicum* L.), bamyas (*Abelmoschus esculentus* L.), patlıcan (*Solanum melongena* L.) soya (*Glycine max* L. Merr.), susam (*Sesamum indicum* L.), ayçiçeği (*Helianthus annuus* L.) ve biber (*Capsicum annuum* L.) gibi kültür bitkilerinin yanı sıra, süs bitkilerinden akşamsefası (*Mirabilis jalapa* L.) ve mine çalısı (*Lantana camara* L.) yabancı otlardan ise sirken (*Amaranthus* spp.), kanada şifa otu (*Conyza canadensis* L.), semizotu (*Portulaca oleracea* L.) ve topalak (*Xanthium* spp.) gibi birçok bitki türü üzerinde beslenmektedir (Culik ve Gullan 2005; Abbas vd. 2010; Spodek vd. 2018).

Phenacoccus solenopsis, zamanla birçok farklı bölgeye yayılmış ve dünya genelinde geniş bir alanda görülmeye başlanmıştır. Bugüne kadar Afrika, Amerika, Asya ve Karayip Adaları'nı içine alan çok sayıda ülkede tespit edilmiştir. Son on yıl içinde özellikle Akdeniz havzasında da varlığına rastlanmıştır; Cezayir, Fas, Kıbrıs, Mısır, Yunanistan, İsrail, Türkiye, İtalya ve Suudi Arabistan gibi ülkelerde bildirilmiştir (Ben-Dov vd. 2019).

Phenacoccus solenopsis ilk olarak Tinsley (1898) tarafından New Mexico eyaletinde Amerika'da tespit edilmiştir (Tinsley 1898). 1980'li yıllarda ise Amerika kıtası dışında; Güney Amerika, Karayipler ve Orta Amerika'da da varlığı tespit edilmiştir (Williams ve Granara de Willink 1992). 2005 yılından itibaren ise Güney Asya'nın başlıca pamuk üretim bölgelerinde, özellikle Pakistan (Abbas vd. 2005) ve Hindistan'da (Jhala vd. 2008), yaygın bir şekilde görülmeye başlanmıştır.

2000'li yılların başlarından itibaren, *P. solenopsis*'in Hindistan ve Pakistan'da ciddi bir pamuk zararlısı haline geldiği bildirilmektedir (Hodgson vd. 2008). Bu durum, özellikle dünyanın en büyük üçüncü pamuk ihracatçısı olan Pakistan'da önemli ekonomik kayıplara yol açmıştır. 2005–2009 yılları arasında Hindistan ve Pakistan'daki pamuk

üretiminde, bu zararlı nedeniyle %30 ila %60 arasında verim kaybı yaşandığı belirtilmiştir (Dhawan vd. 2007; Jhala vd. 2008; Nagrare vd. 2009).

Phenacoccus solenopsis Türkiye’de ilk olarak 2012 yılında Adana’da süs bitkisinde (*Hibiscus rosasinensis* L.) tespit edilmiştir (Kaydan 2013). Daha sonra Adana, Antalya, Mersin, Osmaniye, Kahramanmaraş, Hatay, İzmir ve Aydın’da tespit edilmiştir (Çalışkan ve Ulusoy 2018; Kahya 2020).

Pseudococcidae familyasına ait zararlı türler üzerine yapılan çalışmalarda, biyolojik yapıları hakkında oldukça fazla sayıda literatür bulunmasına rağmen, bu familyanın genetik yapısı ve filogenetik ilişkilerine dair bilgiler oldukça sınırlıdır. Mevcut taksonomik sınıflandırmalar büyük ölçüde dişi ergin bireylerde gözlenen morfolojik karakterlere dayanmaktadır (Gullan ve Cook 2007). Ancak, yalnızca morfolojik karakterlere dayanılarak *P. solenopsis* türünün kesin teşhisi yapılması güçtür. *P. solenopsis*’nin tüm genom bilgisine bakıldığında 5 kromozomlu 292 Mb büyüklüğünde olduğu bildirilmiştir (Li vd. 2020).

Böcekler ile bakteriyel endosimbiyontları arasındaki simbiyotik ilişkiler, ekolojik ve evrimsel açıdan büyük öneme sahiptir ve son yıllarda bu ilişkiler üzerine yapılan çalışmalar artış göstermiştir. Mevcut veriler, toplam böcek türlerinin yaklaşık %15’inin bakteriyel endosimbiyontlar ile yaşamlarını sürdürdüğünü ortaya koymaktadır (Douglas 1998). Özellikle Hemiptera gibi bitki özsuyla ile beslenen böcekler, karbonhidrat bakımından zengin fakat amino asit açısından yetersiz bir şekilde beslendikleri için, bu beslenme eksikliklerini telafi etmek amacıyla bakteriyel endosimbiyontlar barındırmaktadırlar (Douglas 1998; Shigenobu vd. 2000).

Bakteriyel endosimbiyontlar, işlevlerine göre iki ana gruba ayrılmaktadır: birincil (P-endosimbiyontlar) ve ikincil (S-endosimbiyontlar) (Baumann 2005). Birincil endosimbiyontlar, konukçu böceğin hayatta kalabilmesi için gerekli besin maddelerinin sentezinden sorumlu iken, ikincil endosimbiyontlar; konukçu böceğe parazitlere karşı direnç kazandırmak, ısıya toleransı artırmak, cinsiyet oranlarını değiştirmek ve bazı durumlarda virüslerin taşınmasını kolaylaştırmak gibi çeşitli avantajlar sağlamaktadır (Hurst vd. 2000; Montllor vd. 2002; Oliver vd. 2003; Rana vd. 2012).

Unlubitler, genellikle bir birincil endosimbiyont olan *Candidatus Tremblaya princeps* (α -proteobakteri) monofiletik bir kökene sahip olan Proteobacteria’nın β -alt bölümünü taşımaktadır (Munson vd.1992; Kantheti vd. 1996). Bu bağlamda, unlubitler içerisinde yer alan *Phenacoccus* türlerinin başka bir β -proteobakteriyel endosimbiyont olan *Candidatus Tremblaya phenacola*’yı barındırdığını göstermektedir. Bu durum, simbiyotik ilişkiler açısından dikkat çekici bir örnek sunmaktadır. *T. phenacola* ve *T. princeps* ortak bir atadan gelmekte ve bu da Pseudococcidae’nin endosimbiyontların ortak ve tek bir evrimsel kaynağını paylaştığını öne sürmektedir (Downie ve Gullan 2005; Gruwell vd. 2010).

Özellikle dikkat çeken durum ise, unlubitlerde ikincil endosimbiyontların birincil endosimbiyontlar tarafından barındırılmasıdır. Bu durum, literatürde oldukça nadir görülen prokaryot-prokaryot simbiyozu olarak tanımlanmakta ve simbiyotik evrimin karmaşıklığını ortaya koymaktadır (Von Dohlen vd. 2001).

Bu tez çalışmasında, Antalya, Aydın ve Denizli illerinden toplanan *P. solenopsis* popülasyonları üzerinde yeni nesil dizileme teknolojilerine dayalı ddRAD (double digest Restriction-site Associated DNA) yöntemi kullanılarak moleküler düzeyde tanımlama yapılmış ve popülasyonlar arasındaki genetik polimorfizm incelenmiştir. Bu sayede, türün genetik çeşitliliği ve olası popülasyon yapıları hakkında bilgiler elde edilmesi amaçlanmıştır. Buna ek olarak, toplanan aynı bireylerin bakteriyel endosimbiontlarının varlığı tespit edilmiştir.



2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Morfolojik, Ekolojik ve Mücadele Çalışmaları

Hodgson vd. (2008), Pakistan ve Hindistan'da yayılış gösteren *Phenacoccus solenopsis*, *P. solani* Ferris ve *P. defectus* Ferris türleri üzerinde gerçekleştirdikleri çalışmada, bu türler arasındaki morfolojik farklılıkları detaylı şekilde incelemişlerdir. Asya kıtasından elde edilen örnekler üzerinde yapılan değerlendirmelerde belirli morfolojik farklılıklar tespit edilmiştir. Ancak bu farklılıkların, çevresel koşulların etkisiyle ortaya çıkabileceği ve aslında söz konusu üç türün tek bir türün varyasyonları olabileceği yönünde görüşler ileri sürülmüştür. Bu durum, *Phenacoccus* cinsi içerisindeki taksonomik sınırların netleştirilmesinde yalnızca morfolojik verilere değil, moleküler bulgulara da ihtiyaç duyulduğunu göstermektedir. Bu bağlamda, tür teşhisinde entegre yaklaşımların gerekliliği vurgulanmıştır.

Kousar vd. (2016), Pakistan'ın Khairpur bölgesinde pamuk tarım alanlarında ciddi zarara neden olan *P. solenopsis*'e karşı insektisit denemeleri gerçekleştirmişlerdir. Çalışmada yalnızca pamuk bitkisinden değil çeşitli alternatif bitkilerden de *P. solenopsis* toplanmıştır. Beş farklı insektisit (Lambda cyhalothrin, Imidacloprid, Profenofos, Cypermethrin ve Neem yağı) konsantrasyonu kullanılarak biyoassay testleri yapılmıştır. Laboratuvar koşullarında gerçekleştirilen bu deneylerde yaprak daldırma yöntemi uygulanmış, üçüncü dönem nimf ve ergin dişiler kullanılmıştır. Her bir uygulama için 100 birey sayılarak hazırlanmış test ortamlarına aktarılmıştır. Denemeler $25\pm 2^{\circ}\text{C}$ oda sıcaklığı ve $20\pm 2^{\circ}\text{C}$ hava sıcaklığında yürütülmüştür. Bu çalışma, Profenofos'un *P. solenopsis* popülasyonunu kontrol etmede en etkili insektisit olduğunu, Neem yağının ise doğal bir alternatif olarak iyi sonuçlar sunduğunu ortaya koymuşlardır.

Kahya vd. (2019), *P. solenopsis*'in etkili parazitoitlerinden biri olan *Aenasius arizonensis* (Girault) (Hymenoptera: Encyrtidae)'in konukçusunu parazitlemeye hangi biyolojik dönemleri tercih ettiğini belirlemeye yönelik çalışmalar yürütmüşlerdir. Zorunlu (no-choice) ve tercihlili (choice) olmak üzere iki ayrı deneme düzeneği kurmuşlar ve her iki durumda da *A. arizonensis*'in en çok üçüncü nimf dönemini (%30'un üzerinde) ve ergin dişileri (%70'in üzerinde) parazitlediğini saptamışlardır. Parazitoidin birinci ve ikinci nimf dönemlerini ise konukçuların daha küçük ve hareketli olması nedeniyle tercih etmediği tespit etmişlerdir.

Keçe (2019), dört farklı konukçu bitki (biber, domates, pamuk ve patlıcan) üzerinde *P. solenopsis*'in yaşam çizelgesi parametrelerini incelemiş ve en yüksek biyolojik performansın patlıcan bitkisinde gerçekleştiğini ortaya koymuştur. Bu sonuç, konukçu bitki türünün zararlının gelişim parametreleri üzerinde belirleyici etkisi olduğunu göstermektedir.

Görür ve Karut (2021), *P. solenopsis*'in biyolojik mücadelesinde *Chrysoperla carnea* (Stephens) (Neuroptera: Chrysopidae)'nın kullanılması olanakları araştırmışlardır. Elde edilen sonuçlara göre, *C. carnea*'nın *P. solenopsis*'in biyolojik mücadelesinde kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Yerlikaya vd. (2023), Aydın ilinde 2019 yılında, tarım ve tarım dışı alanlarda unlubit ile bulaşık bitkiler üzerindeki Coccinellidae familyasına ait predatör türlerini

araştırmışlardır. Unlubitlerle bulaşık 22 farklı konukçu bitki üzerinde Coccinellidae familyasına ait 10 predatör türü tespit edilmiştir. Örneklerde en yaygın görülen Coccinellid türü *Scymnus subvillosus* (Goeze) olup, büyük bir kısmı *Cupressus* sp. üzerinde *Planococcus vovae* (Nasonov) (Hemiptera: Pseudococcidae) ile toplanmıştır. İkinci en sık görülen tür ise *Nephus hiekei* (Fursch) olup, süs bitkileri üzerinde en fazla *P. solenopsis* ve *P. madeirensis* Green ile toplanmıştır. Tespit edilen bu türlerin gelecekte biyolojik mücadele uygulamaları için kitle üretimde önemli bir bilgi alt yapısı oluşturabileceğini, düşündüklerini bildirmişlerdir.

Paul ve Paul (2024), *P. solenopsis*'e karşı çevre dostu biyopestisit alternatifi olarak dört farklı ekstraktın Neem (*Azadirachta indica* A. Juss.), Karanfil (*Syzygium aromaticum* L.), Defne yaprağı (*Laurus nobilis* L.) ve Karabiber (*Piper nigrum* L.) etkinliğini değerlendirmeyi amaçlamışlardır. Yapılan çalışmada her petri kabı içinde 2. ve 3. nimf dönemlerinden 20 birey yerleştirmiş ve ekstrakt uygulamaları sonrası ölüm oranları 12, 24, 36, 48, 60 ve 72 saat sonra kaydedilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre neem ekstraktı *P. solenopsis* üzerinde en yüksek öldürücü etkiyi göstermiştir. Bu etkiyi sırasıyla karanfil ve karabiber ekstraktları izlemiştir. Buna karşın, defne yaprağı test edilen ekstraktlar arasında en az etkili olanı olarak bulunduğunu tespit etmişlerdir.

2.2. Moleküler Çalışmalar

Chu Dong vd. (2009), Mart–Mayıs ayında Çin'in Hainan, Lingshui ve Sanya eyaletinden *P. solenopsis* örnekleri toplamışlardır. ABD'nin Floridadaki *P. solenopsis* mtCOI gen bölgesi dizilerden referans edilmiştir. mtCOI primerleri kullanılarak PCR yapılmıştır. Örneklerin mtCOI gen bölgesi ve ABD'nin Floridadaki türlerin bilinen mtCOI bölgesi ile karşılaştırılmıştır. Sonuç olarak Çin ve ABD'nin genetik mesafesine bakıldığında %3 bulunduğunu bildirmişlerdir.

Ashfaq vd. (2010), Pakistan'daki pamuk tarlalarından *P. solenopsis* türüne ait ergin bireyler ve üçüncü dönem nimfler toplamışlardır. Bu çalışmada moleküler düzeyde tanımlama amacıyla RFLP-PCR yöntemi kullanılmıştır. Moleküler tanımlama için 18S, 28S, COI, ITS1 ve ITS2 gen bölgelerinde özgü primerler kullanılmıştır. Ayrıca üç farklı endonükleaz enzimi (Mlul, Alul, Sall) kullanılmıştır. Analizler sonucunda örnekler arasında genetik polimorfizme rastlanmamıştır. COI gen bölgesi üzerinden gerçekleştirilen DNA barkodlama çalışmaları ise, Pakistan'dan elde edilen bireylerin, Çin ve Amerika Birleşik Devletleri'nde rapor edilen *P. solenopsis* popülasyonları ile yüksek düzeyde nükleotid benzerliği taşıdığını ortaya koymuşlardır.

Singh vd. (2012), Hindistan'da altı eyaletten (Abohar, Bathinda, Mansa, Muktsar, Farika ve Punjab) *P. solenopsis*'in konukçusu olduğu dört konukçu bitkiden [pamuk, bamya, *Pennisetum glaucum* (L.) ve *Parthenium hysterophorus* (L.)] ergin dişi bireyler toplanmışlardır. Toplanan *P. solenopsis* popülasyonları üzerinde RAPD-PCR yöntemiyle moleküler karakterizasyon gerçekleştirmiştir. 12 farklı RAPD primeri kullanılmış ancak 4 polimorfik RAPD primeri elde edilmiş ve dendrogram oluşturulmuştur. Örneklerin %68 benzerlik oranıyla iki ana genetik gruba ayrıldığını ortaya koymuşlardır. Abohar bölgesine ait tüm örneklerin tek bir grupta toplanması ve Pakistan sınırına yakınlığı, bu popülasyonların dış kaynaklı olabileceğini düşündürmüştür. Ayrıca aynı bölgeden farklı konukçulardan elde edilen bireyler arasında yüksek düzeyde genetik benzerlik saptanması, bu bitkiler arasında zararlının etkin şekilde taşıdığını ve *P. hysterophorus*

gibi yabancı otların önemli bir yayılım kaynağı olabileceğini göstermektedir. Elde edilen bulgular, *P. solenopsis*'in yüksek genetik çeşitlilik gösterdiğini, bu nedenle bölgede farklı biyotiplerin gelişebileceğini ve bu durumun insektisit direnci ile konukçu tercihi gibi özellikleri etkileyebileceğini ortaya koymuştur. Sonuç olarak, bu türün genetik yapısının anlaşılması, entegre zararlı yönetimi için çok önemlidir ve yabancı otların kontrolü, mücadelenin başarısı için önemli bir faktör olduğu vurgulanmıştır.

Pacheco da Silva vd. (2014), Brezilya'nın bağ alanlarından 48 popülasyondan 20 unlubit örneği toplamışlardır. Bu örneklerde moleküler ve morfolojik tanımlama yapılmıştır. Moleküler tanımlama için 28S-D2, ITS2 ve COI gen bölgelerinden primerler dizayn edilip, multiplex PCR yöntemi geliştirip, denenmiştir. Geliştirilen PCR yöntemiyle Brezilya'da ekonomik öneme sahip beş unlubit bulunmuştur. Bunlar; *Dysmicoccus brevipes* (Cockerell), *Planococcus citri* Risso, *Pseudococcus viburni* (Signoret), *Planococcus ficus* Ben-Dov ve *P. solenopsis* türleridir. Morfolojik taksonomik tanımlamanın tutarlı olduğu bulunmuştur. 17 türü net olarak tanımlamışlardır.

Thomas ve Ramamurthy (2014), Hindistan'da *P. solenopsis*'in üç konukçu bitki (pamuk, bamyas ve amber çiçeği) üzerinden ergin dişi bireylerini toplamışlardır. Amaç *P. solenopsis* popülasyonların morfolojik olarak tür içi varyasyonları üç bitki üzerinde mtCOI desteklenerek genetik ilişkilerin belirlenmesidir. İncelenen 59 karakterde üç bitkideki popülasyonlar da önemli farklılıklar göstermiştir ($P < 0.05$). Çalışmada üç konukçu bitkideki popülasyonlardan elde edilen *P. solenopsis* örneklerinin morfometrik verileri ve mtCOI dizilerini kullanarak, popülasyonlar arasında önemli tür içi varyasyon göstermiştir. Meksika ve Kaliforniya'nın sıcak, kuru koşullarında, popülasyonlar çoğunlukla köklerde bulunurken, Hindistan ve Pakistan'da bitkinin üst kısımlarında bulunmuştur. Pakistan ve Hindistan örneklerinde, çoğunda çok hücreli disk gözenekleri (multilocular disc pore) bulunurken, pamuk olmayan yetiştirme alanlarındaki popülasyonlarla karşılaştırıldığında Amerika'daki popülasyonlarında bulunmadığını tespit etmişlerdir.

Badshah vd. (2017), Pakistan'ın dört farklı bölgesinden (Peshawar, Mohmand Agency, Dera Ismail Khan ve Naseer Abad), farklı konukçulardan [Pamuk, domates ve Japon gülü (*Hibiscus rosa-sinensis*)] *P. solenopsis*'in dişi ergin bireylerini toplamışlardır. Sekiz ergin unlubitten DNA izolasyonu yapılmıştır. mtCOI primerleri kullanılarak moleküler barkodlama yöntemi ile analiz ederek türün genetik yapısını değerlendirmişlerdir. Ancak başlangıçta kullanılan evrensel mtCOI primerlerinin hem hedef türü hem de onun parazitoiti olan *Aenasius bambawalei* Hayat (Hymenoptera: Encyrtidae)'yi eş zamanlı olarak çoğaltması nedeniyle karışık sonuçlar elde edilmiştir. Bu durumu çözmek için yeni, türe özgü primerler tasarlayarak yalnızca *P. solenopsis*'e ait genetik materyalin çoğaltılmasını sağlamışlardır. Sonuç olarak dört farklı bölgeden toplanan örneklerinde aynı genetik yapıya sahip olduklarını, bu durumda Pakistan'daki *P. solenopsis* popülasyonları arasında genetik çeşitliliğin çok düşük olduğunu göstermektedir. Moleküler filogenetik analizlerde elde edilen sonuçlarda Asya kökenli bireylerle aynı gruba düşmekte; özellikle Çin, Hindistan ve Vietnam'da yüksek benzerlik gösterdiğini bildirmişlerdir.

Lin vd. (2019), Çin'in farklı eyaletlerinden (Zhejiang, Şanghay, Zhoushan ve Hangzhou) 5 farklı unlubit türünden [*Dysmicoccus neobrevipes* (Beardsley), *P. solani* ,

P. solenopsis, *Pseudococcus comstocki* (Kuwana) ve *Planococcus minor* (Maskell)] ve farklı konukçulardan [patlıcan, üzüm, ananas ve *Senecio* sp. (Asteraceae)] unlubit bireyleri toplamışlardır. Üzerinde moleküler düzeyde filogenetik analizler yapılmıştır. Çalışmada, mitokondriyal sitokrom oksidaz I (*mtCOI*) gen dizileri ile unlubitlerin evrimsel ilişkileri analiz edilmiş, aynı zamanda birincil endosimbiyontlara ait 16S rRNA gen bölgeleri dizilenmiştir. Filogenetik ağaca göre *P. solenopsis*, *P. solani* ile yakın ilişkili olup, ortalama %95.03'lük bir benzerlik gösterirken, *P. comstocki*, *D. brevipes* ile ortalama %94.38 ve *P. minor* ile %92.43 benzerlik göstermektedir. Elde edilen verilere göre endosimbiyontlardan *P. comstocki*, *P. minor* ve *D. neobrevipes* türlerinde β -proteobakteri olan *Candidatus Tremblaya princeps* bulunurken; *P. solenopsis* ve *P. solani* türlerinde ise farklı bir β -proteobakteri olan *T. phenacola*'ya rastlandığını belirtmişlerdir.

Ma vd. (2019), Çin'i istila eden *P. solenopsis* bireylerini üç farklı bölgeden (Guangdong, Jiangxi ve Jiangsu) örneklemiştir. Ağustos ve Eylül 2017 tarihleri arasında gerçekleştirilen bu çalışmada, her bir bölgeden 24 ergin dişi birey toplanmıştır. *cox1* geni kullanılarak yapılan moleküler tanımlama tüm örnekleri *P. solenopsis* olarak tanımlamıştır. *P. solenopsis* için yeni nesil dizileme teknolojisi kullanarak rastgele genom dizilemesi gerçekleştirmiş ve 115.639 mikrosatellit tanımlamıştır. Elde edilen veriler, özellikle trinükleotid tekrarlarının (özellikle AAT kısmı) baskın olduğunu göstermiştir. Çalışmada geliştirilen 42 polimorfik mikrosatellit, üç farklı Çin popülasyonunda test edilmiş; gözlenen heterozigotluk değerleri 0.00–0.92 aralığında bulunmuştur. Yapılan analizlerde popülasyonlar arasında belirgin genetik farklılıklar olduğunu ortaya koymuştur. Bu sonuçlar, *P. solenopsis*'in Çin'e girişinden kısa bir süre sonra bile genetik yapısal farklılaşma gösterdiğini desteklemekte ve istilacı türlerin genetik izlenmesinde yeni geliştirilen SSR markırların önemini bildirmişlerdir.

Ricupero vd. (2021), İtalya, Sicilya'daki dört bölgeden (Marina di Ragusa, Palma di Montechiaro ve Catania) farklı konukçulardan (domates, biber, susam, semizotu, mine çalısı (*Lantana camara* L.), *Hibiscus* sp. ve *Parietaria* sp.) dişi ergin *P. solenopsis* örnekleri toplamışlardır. Üç ergin dişi unlubitten DNA izolasyonu yapılmıştır. Hem morfolojik incelemelerle hem de mitokondriyal COI gen bölgesinin (*mtCOI*) moleküler analiziyle doğrulanmıştır. Analiz sonucunda Sicilya'daki bireylerin Çin, Hindistan ve Pakistan kaynaklı popülasyonlarla yüksek genetik benzerlik gösterdiği ortaya konmuştur. Filogenetik analiz sonucunda, İtalya'dan elde edilen bireylerin Asya kökenli örneklerle gruplaştığı, Amerikan kökenli örneklerden ise genetik olarak uzaklaştığı görülmüştür. Çalışmada ayrıca, farklı bölgelerden toplanan bireylerin genetik yapısında herhangi bir varyasyon tespit edilemediğini bildirmişlerdir.

Kaydan vd. (2023), Türkiye'de yayılış gösteren *Pseudococcus* cinsine ait unlu bit türleri üzerine moleküler (COI ve 28S gen bölgeleri) ve morfolojik verileri birlikte kullanarak bu cinsin taksonomik durumunu değerlendirmişlerdir. Çalışmada *P. comstocki*, *P. cryptus* Hempel, *P. viburni* ve *P. longispinus* Targioni türleri detaylı olarak incelenmiş; örnekler Türkiye'nin çeşitli bölgelerinden toplanarak filogenetik analizlerle türler arası evrimsel ilişkiler ortaya konmuştur. Sonuç olarak *Pseudococcus* cinsinin monofiletik olmadığını ve üç farklı genetik-morfolojik gruba ayrıldığını göstermiştir. Bu durum, mevcut sınıflandırmaların gözden geçirilmesi gerektiğini ortaya koymaktadır. Ayrıca, çalışmada her türe ait ayırt edici morfolojik özellikler tanımlanmış ve tür teşhisini kolaylaştırmak amacıyla teşhis anahtarı ve çizimler sunulmuştur.

2.3. Endosimbiyontlar

Singh vd. (2013), Hindistan'ın sekiz farklı eyaletinden (Hissar, Abohar, Delhi, Ardhpur, Bhokar, Nasik, Nanded 1 ve 2) toplanan istilacı bir zararlı olan *P. solenopsis*'in bakteri çeşitliliğini ve özellikle üremeyi etkileyen simbiyont bakterilerini araştırmışlardır. 16S rRNA gen dizilemesi ile yapılan analizlerde sadece *Candidatus Tremblaya phenacola* tespit edilmiştir. Daha az sayıda bulunan simbiyontların (*Rickettsia*, *Cardinium*, *Arsenophonus* ve *Wolbachia*) tespiti için tür spesifik PCR testleri uygulanmış ve on popülasyon arasından sadece *Rickettsia* dört popülasyonda saptanmıştır. Diğer üç bakteriye rastlanmamıştır. *Rickettsia* varlığı FISH (Floresan in situ hibridizasyon) yöntemi ile doğrulanmıştır. FISH ile *Rickettsia* ve *Tremblaya*'nın böceğin bakteriyositlerinde bulunduğu gösterilmiştir. Ayrıca *Rickettsia* çeşitli böceklerde erkek öldürme, ısı toleransı artırma, dişi oranını artırma gibi etkiler göstermiştir. Ancak *P. solenopsis* üzerindeki etkileri henüz belirlenmemiştir. Sonuç olarak, simbiyont çeşitliliğini belirlemede hem geniş kapsamlı dizileme hem de tür spesifik PCR yöntemlerinin birlikte kullanılmasının gerektiğini vurgulamışlardır.

Zhang vd. (2016), *Aphis gossypii* Glover (Hemiptera: Aphididae) ile onun zorunlu endosimbiyontu *Buchnera aphidicola* Munson vd. (Gammaproteobacteria) arasındaki simbiyotik ilişkisini incelemek, özellikle konukçu bitkinin *B. aphidicola* popülasyon yoğunluğu üzerindeki etkisini araştırmışlardır. Çin'in Nanjing kentinde, temel besin maddelerini sağlayan zorunlu simbiyont *B. aphidicola*'nın yoğunluğu, 106 *A. gossypii* bireyinde qPCR yöntemi kullanılarak ölçülmüştür. Bu bireyler, pamuk ve hıyar bitkileri üzerinde 10 yıldan uzun süredir laboratuvar koşullarında yetiştirilen kolonilerden ve doğadan toplanan ebegümeci, hibiskus ve kabak bitkileri üzerinde bulunan bireylerden elde edilmiştir. Çalışmanın sonucunda, konukçu bitkinin *B. aphidicola* popülasyon yoğunluğu üzerinde belirgin bir etkisi olduğu ortaya konmuştur. Özellikle uzun süre boyunca hıyar bitkisi üzerinde yetiştirilen kolonideki bireylerde simbiyont yoğunluğunun, pamuk üzerinde yetiştirilenlere kıyasla anlamlı düzeyde daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Benzer şekilde, doğadan toplanan hibiskus ve kabak bitkileri üzerinde bulunan bireylerde de yüksek simbiyont yoğunluğu saptandığını belirtmişlerdir.

Anusree Padmanabhan vd. (2019), istilacı ve polifag zararlı bir tür olan *Phenacoccus solenopsis*'in endosimbiyont bakteri topluluğu metagenomik yaklaşımla karakterize edilmiştir. Hindistan'ın Kerala eyaletinden toplanan örneklerde 16S rRNA'nın V3 bölgesi PCR ile çoğaltılmış ve dizilenmiştir. Çalışma sonucunda, toplamda 15 farklı bakteri şubesi ve toplamda 189 tür tespit edilmiştir. Özellikle *T. princeps* (%78,28) en baskın endosimbiyont olarak belirlenmiştir. Bu bakterinin, konukçunun amino asit sentezi, vitamin üretimi ve metabolik süreçlerinde önemli rol aldığını ortaya koymuşlardır. Ayrıca endosimbiyotik bakterilerin, zararlının pestisitlere direnç geliştirmesi ve yüksek üreme kapasitesinin temel nedenlerinden biri olabileceğini vurgulamışlardır.

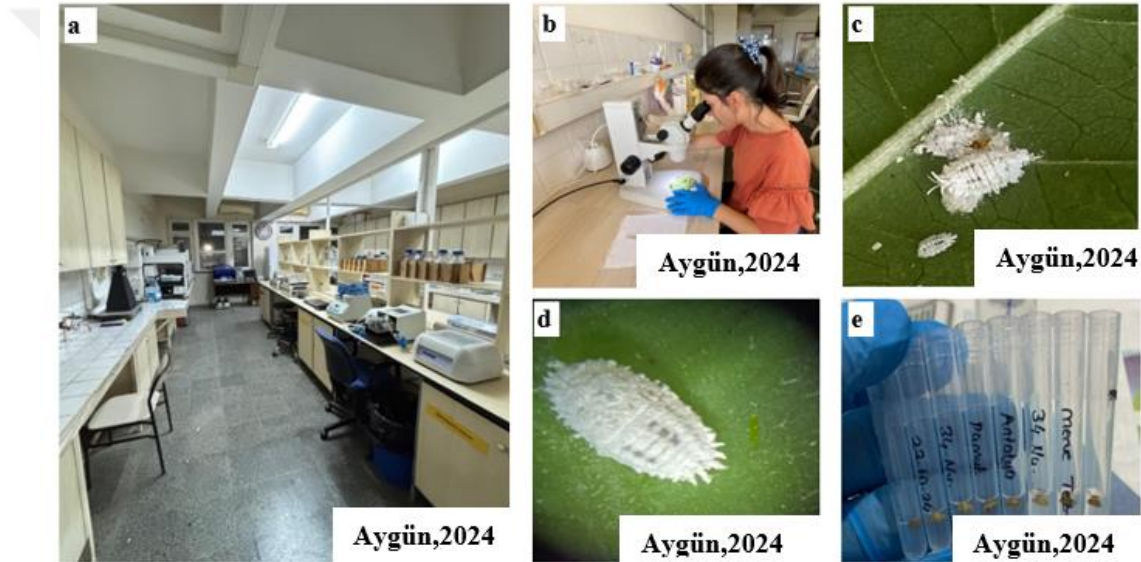
Bai vd. (2024), *P. solenopsis* türünde endosimbiyont olarak bulunan *T. phenacola* bakterisinin, konukçunun amino asit metabolizmasına katkıda bulunduğu ve üreme kapasitesini artırdığını ortaya koymuşlardır. Araştırma bulgularına göre, bu simbiyotik bakteri, konukçu böceğin amino asit metabolizmasını tamamlayarak ve mTOR (mechanistic target of rapamycin) sinyal yolunu düzenleyerek yumurta üretimini artırdığını tespit etmişlerdir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu tez çalışmasında böcek materyali olarak, 2023-2024 yılları arasında Antalya, Aydın ve Denizli illerinden toplanan *Phenacoccus solenopsis* ergin dişi bireyleri kullanılmıştır.

Arazi çalışmalarında toplanan örnekler, Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü'nde yer alan Entomoloji II Laboratuvarı'na getirilmiştir. Her örneğin etiket üzerine lokasyon adı, GPS koordinatları, konukçu ismi ve toplama tarihi gibi gerekli bilgiler kaydedilmiştir (Ek 1). Araziden sonraki tüm laboratuvar çalışmaları Moleküler Entomoloji Laboratuvarı'nda bulunan cihazlar ve ekipmanlar kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.1).



Şekil 3.1. a) Entomoloji II laboratuvar genel görünüm, **b)** Mikroskopla *P. solenopsis* ergin dişi bireylerin seçimi, **c)** Yaprak üzerinde *P. solenopsis*, **d)** Mikroskop altında *P. solenopsis*, **e)** Örneklerin DNA izolasyonu tüplerine aktarımı

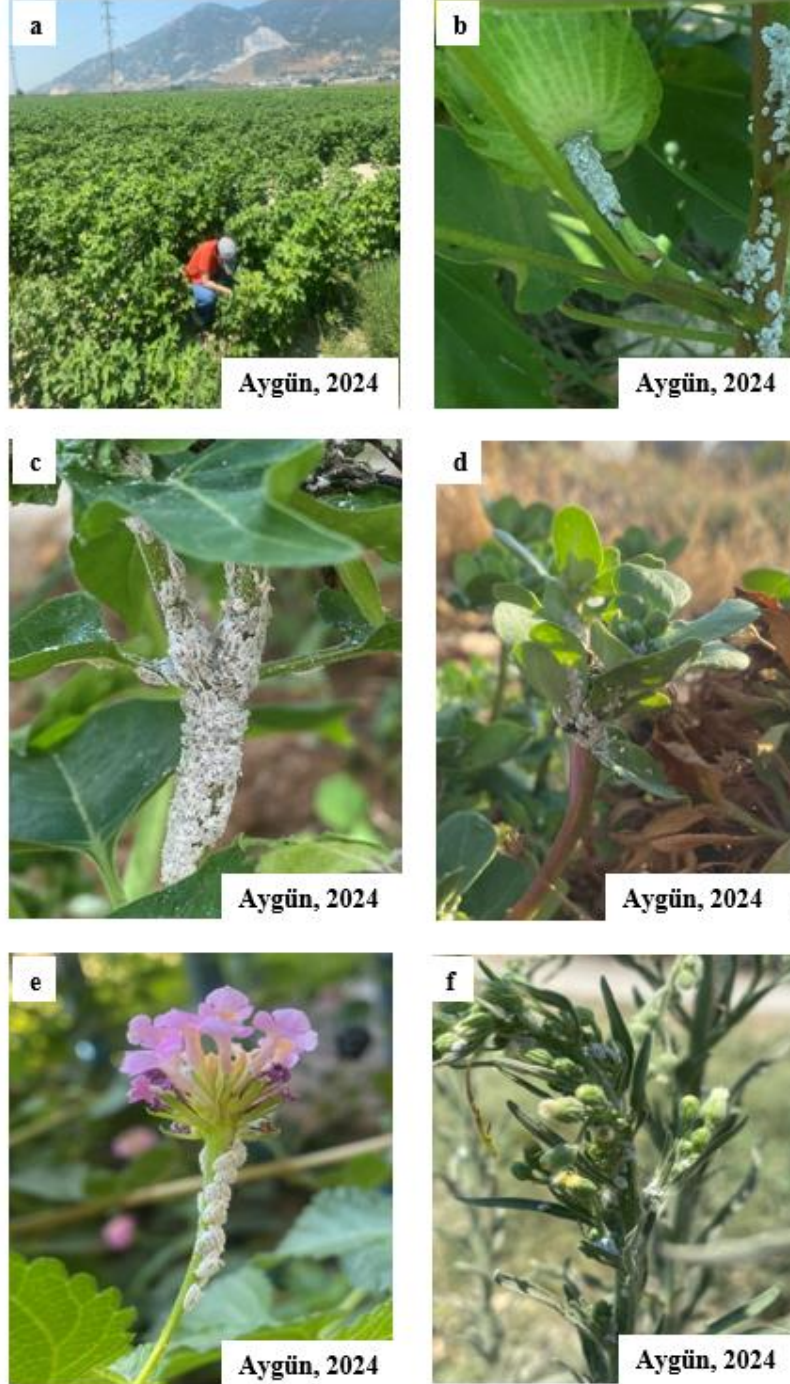
Örnek toplama aşamalarında, buz kutusu, kilitli poşetler, örneklerin saklanması için 15 ml ve 50 ml steril Falcon tüpler, 1.5 mL eppendorf tüpler, kese kâğıdı, bilgileri yazmak için küçük blok not kağıtları, asetat kalem, unlubitleri araziden toplamak için ince uçlu fırça, eppendorfların ağızlarını kapatmak için parafilm, 100'lük eppendorf kutuları ve %70'lik ve %96'lık etanol kullanılmıştır. Toplanan dişi bireylerin tespiti, Nikon marka stereo mikroskop kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

3.2. Metot

3.2.1. Saha çalışmaları

Tez kapsamında, 2023 ve 2024 yıllarının yaz ve sonbahar aylarında Antalya, Aydın ve Denizli illerinin çeşitli bölgelerinden ve farklı konukçu bitkiler üzerinden *P.*

solenopsis dişi bireyleri toplanmıştır (Şekil 3.2). Örnekleme sırasında, her bir bireyin toplandığı lokasyonlar, Coğrafi Konum Belirleme Sistemi (GPS) kullanılarak kaydedilmiştir. Böylece, bireylerin coğrafi dağılımları detaylı bir şekilde kaydedilmiştir (Ek 1).



Şekil 3.2. a) Araziden *P. solenopsis* örneklerinin toplanması, b) *P. solenopsis* ile bulaşık pamuk bitkisi, c) *P. solenopsis* ile bulaşık akşamsefası bitkisi, d) *P. solenopsis* ile bulaşık semizotu bitkisi, e) *P. solenopsis* ile bulaşık mine çalısı bitkisi, f) *P. solenopsis* ile bulaşık kanada şifa otu bitkisi

3.2.2. Ön teşhis çalışmaları

Araziden toplanarak laboratuvara getirilen örnekler, DNA izolasyonu öncesinde Nikon marka stereo mikroskop altında incelenmiştir. Dişi bireylerin teşhisi, abdomen üzerinde bulunan 6 adet koyu bant yardımıyla gerçekleştirilmiş ve parasitoidlerce bulaşık olup olmadığı incelenmiştir. Teşhisi ve temizliği doğrulanan her bir dişi birey, bireysel olarak DNA izolasyonu için ayrı tüplere yerleştirilmiştir.

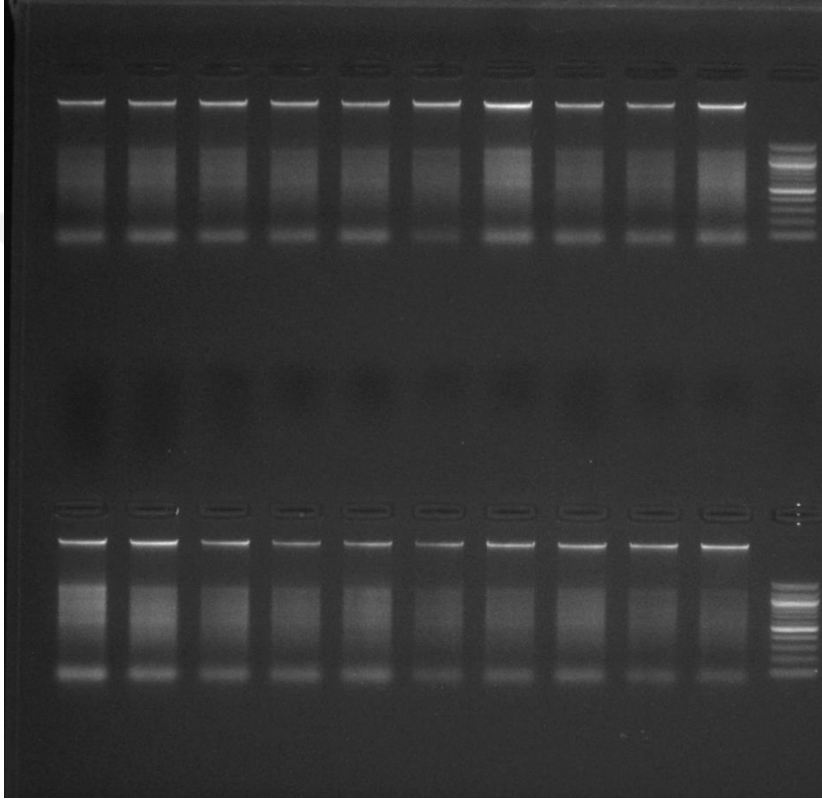
3.2.3. DNA izolasyonu

DNA izolasyonu işlemlerinde, Doyle ve Doyle (1987) tarafından geliştirilen CTAB protokolü, çalışma koşullarına uyarlanarak modifiye edilmiş biçimde kullanılmıştır.

1. Her bir dişi birey, 1,5 mL hacmindeki eppendorf tüplerine alınmış ve üzerine β -merkaptoethanol içeren 150 μ L CTAB çözeltisi eklenmiştir. Daha sonra bireyler, plastik ezici bir çubuk (pestil) kullanılarak hücrelerin parçalanması sağlanmıştır.
2. Ezilme işlemi tamamlanan örneklerin üzerine tekrar 350 μ L CTAB çözeltisi eklenmiştir.
3. DNA'nın çözeltide serbest hale geçmesini sağlamak için örnekler, 65°C'ye ayarlanmış sıcak su banyosunda 3 saat boyunca inkübasyona bırakılmıştır.
4. Inkübasyondan çıkan örneklerin proteinlerden uzaklaştırmak için 500 μ L kloroform-izoamil alkol (24:1 oranında) karışımı ilave edilip tüpler iyice çalkalanmıştır. Ardından tüpler 12.000 rpm'de 20 dakika santrifüj edilmiştir.
5. Santrifüjden çıkan örneklerde üç faz olmuştur. Alt fazda kloroform, orta fazda protein ve üst fazda DNA'nın olduğu sıvı bulunmaktadır. Üst fazdan yaklaşık 350-400 μ L alınıp, yeni tüpe aktarılmıştır. Üzerinde yeniden 350-400 μ L kloroform-izoamil alkol eklenmiş, bu basamak tekrarlanmıştır. Tüplere eklendikten sonra iyice çalkalanmıştır. Çalkalanan tüpler 12.000 rpm'de 20 dakika santrifüje konulmuştur.
6. Santrifüjden çıkan örneklerde üst fazdan 300-350 μ L yeni tüplere aktarılmıştır. DNA'yı çöktürmek amacıyla üzerine 300 μ L (1:1 oranında) -20°C'de bekletilen soğuk isopropanol eklenmiştir. Elde yavaş bir şekilde alt üst edilerek sıvılar karıştırılmıştır. Ardından örnekler -20°C'de bir gece bekletilmiştir.
7. Bir gün sonra, örnekler 12.000 rpm'de 20 dakika santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrası tüplerin dibinde oluşan DNA peleti gözlenmiş ve pelete zarar vermeden izopropanol uzaklaştırılmıştır.
8. DNA peletlerini yıkamak amacıyla tüplere -20°C'de bekletilmiş %70'lik etanolden 350 μ L eklenmiş ve 12.000 rpm'de 5 dakika santrifüj edilmiştir. Bu yıkama işlemi iki kez tekrarlanmıştır.
9. Santrifüj sonrası pelete zarar vermeden etanol uzaklaştırılmış ve tüpler oda sıcaklığında, yatay pozisyonda, ağızları açık şekilde yaklaşık 2 saat bekletilerek etanolün tamamen buharlaşması sağlanmıştır. Tüplerin tamamen etanolden uzaklaştığından emin olduktan sonra 100 μ L otoklavlı saf su ilave edilmiştir.
10. DNA'nın saf suya geçmesi için de +4°C'de bir gece bekletildikten sonra bozulmaması için -20°C'de saklanmıştır.

3.2.4. DNA kalitesinin ölçülmesi

DNA izolasyonu yapılan örneklerin kütüphane hazırlığı öncesinde DNA kalitesinin değerlendirilmesi amacıyla etidyum bromür içeren %1'lik agaroz jel hazırlanmıştır. Her bir örnekten 5 µL DNA, 1 µL yükleme boyası ile karıştırılarak jeldeki kuyucuklara yüklenmiştir. DNA örnekleri, 70 V gerilim altında 45 dakika boyunca jel elektroforez cihazında koşturulmuştur. Elektroforez işlemi tamamlandıktan sonra, DNA bantları UV ışığı altında görüntülenerek değerlendirilmiştir (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. Yeni nesil dizileme kütüphanesinde kullanılan DNA'ların agaroz jel görüntüsü

3.2.5. Yeni nesil dizileme (NGS) kütüphanesinin oluşturulması

Yeni nesil dizileme (NGS) için kütüphane hazırlığı belirli adımlar doğrultusunda gerçekleştirilmiştir. ddRAD protokolüne uygun olarak uygulanan bu süreç, yedi temel basamaktan oluşmaktadır:

- Adaptör dizilerinin hazırlanması ,
- Genomik DNA'nın uygun restriksiyon enzimleri ile kesilmesi,
- Enzimle kesilen DNA parçalarına adaptörlerin ligasyonu,
- Kısa DNA fragmanlarının uzaklaştırıldığı ilk saflaştırma aşamasının uygulanması,
- DNA kütüphanesinin çoğaltılması amacıyla PCR amplifikasyonu,
- PCR ürünlerinin ikinci saflaştırma ile boyut seçilimine tabi tutulması,

- Uygun uzunluktaki DNA fragmanlarının ayrıştırılması ve ddRAD kütüphanesinin tamamlanmasıdır.

3.2.6. Yeni nesil dizileme (NGS) kütüphanesinde kullanılan ddRAD yöntemi

Kütüphane oluşturmak amacıyla SNP belirlemesi ve genotipleme amacıyla RAD sekanslama protokolünün bir türevi olan double-digest RAD (ddRAD) yöntemi tercih edilmiştir (Peterson vd. 2012). Yöntem kapsamında, her bir genomik DNA önce bir çift restriksiyon enzimi ile kesilmiştir (Çizelge 3.1). Daha sonra, her bir genotipin yer aldığı tüplere Çizelge 3.2’de yer alan ligasyon karışımı eklenmiştir. Bu karışımın eklenen P1 adaptörü genotipe özgü barkod bilgisi içerirken diğer adaptör P2 tüm örnekler için aynı dizilime sahiptir (Çizelge 3.3).

Çizelge 3.1. Restriksiyon enzimleri için hazırlanan reaksiyon karışımı ve inkübasyon süresi

Bileşen	1x	İnkübasyon Süresi
VspI (10 U/μL)	1 μL	37 °C’de 2 saat
MspI (10 U/μL)	1 μL	
Tango Buffer	3 μL	
H ₂ O	12 μL	
DNA (100–200 ng)	9 μL	

Çizelge 3.2. Ligasyon aşamasında kullanılan MasterMix karışımı ve inkübasyon süresi

Bileşen	1x	İnkübasyon Süresi
T4 DNA Ligaz Buffer	3 μL	37 °C’de 1 saat
T4 DNA Ligase (5 U/μL)	0.3 μL	
H ₂ O	1.5 μL	
Adaptör P2 (0.5 pmol/μL)	2 μL	
Adaptör P1 (0.5 pmol/μL, barkodlu)	2 μL	

Çizelge 3.3. ddRAD protokolünde kullanılan Adaptör P1 ve Adaptör P2 dizilimleri

Adaptör Türü	Dizilim (5' → 3')
Adaptör P1	ACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTATTC GATGTGAGAAAGGGATGTGCTGCGAGAAGGCTAAT AATGCTAT
Adaptör P2	ACACTCTTTCCCTACACGACGCTCTTCCGATCTTCCT GATGTGAGAAAGGGATGTGCTGCGAGAAGGCTAGA AGGAACTAT

Ligasyon işleminin ardından örneklerin temizleme işlemi manyetik boncuklar ile gerçekleştirilmiştir. Bu aşamada, her 35 μL’lik örnek hacmi için 1,2 katı oranında (yaklaşık 42 μL) manyetik boncuk eklenmiş ve numuneler temizlenmiştir. Saflaştırma

işleminin tamamlanmasının ardından, DNA kütüphanesinin çoğaltılması ve temizlenen ürünlerin 5' ve 3' uçlarına Illumina chiplerine bağlanmasını sağlamak amacıyla PCR aşamasına geçilmiş olup, bu adımda kullanılan MasterMix bileşenleri Çizelge 3.4'de detaylı şekilde sunulmuştur.

PCR aşamasını takiben, en son temizlik ve büyüklük ayrımı yine manyetik boncuklar kullanılarak gerçekleştirilmiş ve bireysel DNAlara ait kütüphaneler agaroz jel sisteminde kontrol edilmiştir. İstenen büyüklük (350-550bp) aralığında smear yapı gösteren kütüphaneler uygun yoğunlukta (equimolar concentration and size) birleştirilerek Illumina HiSeq SBS sisteminde 2*150bp okumaya tabii tutulmuştur.

Çizelge 3.4. PCR adımımda kullanılan MasterMix bileşenleri

MasterMix Bileşenleri	1x
25 mM MgCl ₂	2.4 µL
Taq Buffer	3 µL
8 mM dNTP	1.25 µL
DNA polimeraz (High Fidelity Polymerase)	0.3 µL
H ₂ O	1 µL
P5 primer (10 pmol/µL)	0.35 µL
P7 primer (10 pmol/µL)	0.35 µL
Template DNA	5 µL

Çizelge 3.5. Amplifikasyona ait PCR aşamaları

Aşama	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	60°C	5 Dakika	1
Ön Denatürasyon	72°C	2 Dakika	1
Denatürasyon	95°C	1 Dakika	25
Denatürasyon	95°C	15 Saniye	
Bağlanma	60°C	30 Saniye	
Uzama	72°C	30 Saniye	1
Son Uzama	72°C	5 Dakika	1

3.2.7. Biyoinformatik Analizler

Okuma sonuçlarından elde edilen fastq dosyaları, öncelikle “je demultiplex” programı ile her bir örneğe ait bireysel fastq dosyalarına bölünmüştür. Ardından, bu dosyalardan sentetik adaptör dizileri ve düşük kaliteli okumalar, sırasıyla “fastp” ve “trim

galore” programları kullanılarak temizlenmiştir. Temizlenen okumalara NCBI üzerinden indirilen referans *P. solenopsis* genomu (GCA_009761765.1) kullanılmış ve okuma hizalamaları “bwa” programı ile yapılarak “bam” dosyaları elde edilmiştir. Referans genom ile hizalanan DNA dizilerinin yer aldığı bireysel “bam” dosyaları “freebayes” programına beslenerek, her bir genotip için 20X kaplama (coverage) değeri ile SNP bölgeleri belirlenmiştir. Bu aşamada elde edilen bireysel “vcf” dosyaları “vcfcombine” ile birleştirilmiş ve daha sonra SNP genome koordinatlarını gösteren “bed” formatına çevrilmiştir. Elde edilen “bed” dosyasında yer alan koordinat bilgileri ve bir önceki aşamada elde edilen “bam” dosyaları kullanılarak “bcftools” ile güvenilir aday SNP’ler tek bir “vcf” dosyasında elde edilmiştir. Elde edilen “vcf” dosyası, daha sonra TASSEL 5 yazılımına aktarılmış ve bu yazılım aracılığıyla SNP bölgeleri ileri filtrelenmeye tabii tutulmuştur. Ayrıca, elde edilen filtrelenmiş “vcf” dosyasında yer alan “major allele frekansı”, “kromozomlar arası SNP dağılımı ve numerik dosyaya çevrim işlemleri TASSEL 5 programında gerçekleştirilmiştir. Bunların yanı sıra, her kromozomdaki “heterozigotluk oranı”, “kayıp veri dağılımı”, “transition/tranversion oranı” ve “HWE değerleri” için “vcftools” programından yararlanılmıştır. Ayrıca, elde edilen istatistiklerin analizinde ve görselleştirilmesinde “SRplot” programı kullanılmıştır. PCoA analizleri için TASSEL 5 programından elde edilen numerik formattaki data kullanılmıştır. Ayrıca, TASSEL 5 programında filtrelenerek elde edilen son “vcf” dosyası “PGDSpider” programına aktarılarak, “STRUCTURE” analizleri için gerekli olan ileri format değişiklikleri bu program aracılığı ile yapılmıştır. Popülasyon yapısını belirlemek için kullanılan “STRUCTURE” programının çıktıları, “STRUCTURE” Selector sunucusuna beslenerek popülasyon alt-yapısına ait bulgular K=1 ve K=12 değerleri arasında taramıştır.

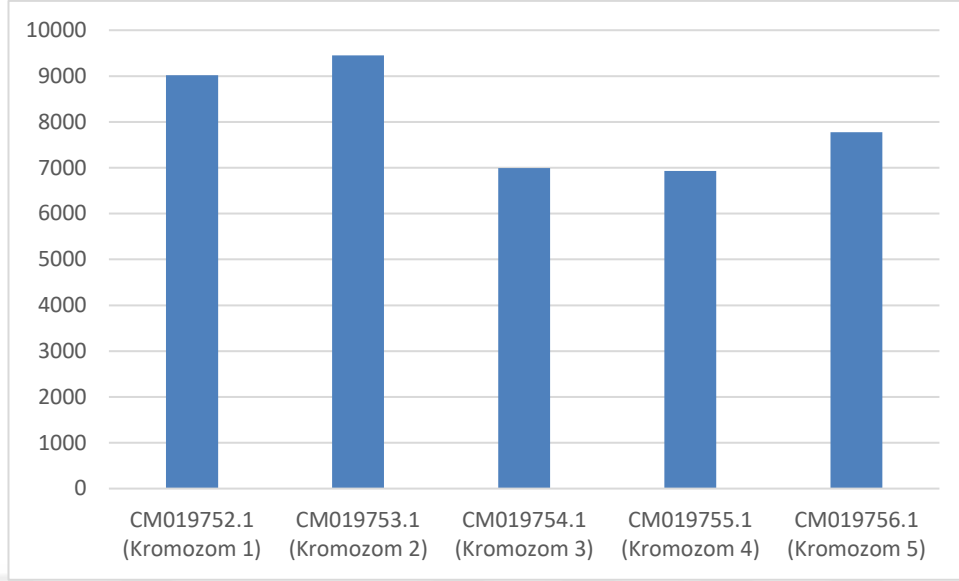
Elde edilen veri seti içerisinde endosimbiontların varlığını tespit için öncelikle böceklerde daha önce varlığı ortaya çıkarılmış endosimbiontların genom bilgileri Gen bankasından elde edilmiştir. Bu kapsamda, *Arsenophonus*, *Candidatus Hamiltonella defensa*, *Carsonella ruddii*, *Cardinium*, *Dactylopiibacterium carminicum*, *Wolbachia*, *Moranella endobia*, *Portiera aleyrodidarum*, *Rickettsia* sp., *Uzinura diaspidicola*, *Walczuchella monophlebidarum* ve *Wigglesworthia glossinidia* ve unlubit birincil endosymbiontu olduğu bilinen *Candidatus Tremblaya phenacola* genomları tek bir “fasta” dosyası altında birleştirilmiş ve “bbduk.sh” programında k=51 değerinde herbir genotipe ait “fastq” dosyası için tuzak olarak kullanılmıştır. Herbir genotip için tuzaklama sonuçlarını gösteren dosyalarındaki genom eşleşme istatistikleri kullanılarak endosimbiontların varlığına karar verilmiştir. Ayrıca, birincil endosimbiont *Candidatus Tremblaya phenacola*’nın her bir unlubit bireyinde bulunan miktarı için ise daha farklı bir strateji izlenmiştir. Bu noktada, referans *P. solenopsis* genomu ve *T.phenacola* genomu birleştirilerek tek bir fasta dosyası elde edilmiş ve bir önceki aşamadaki gibi “bbduk.sh” programında tuzak olarak kullanılmıştır. Her bir genotip için elde edilen istatistik dosyalarında elde edilen genom eşleşme sayıları konukçu genomu ve endosimbiont genomu için ayrı ayrı not edilmiş ve excel ortamında her bir organizmanın genom büyüklüğüne bölünerek genom kaplama (coverage) değeri hesaplanmıştır. Konukçu ve endosimbiont için hesaplanan kaplama değerleri birbirlerine oranlanarak her bir örneğe ait göreceli endosimbiont miktarları bulunmuştur.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Bu çalışmada, yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak ddRAD (double digest Restriction-site Associated DNA) yöntemi ile genetik veriler elde edilmiştir. Dizileme ve biyoinformatik analizler sonucunda ilk aşamada “freebayes” programı ile yaklaşık 165.000 SNP adayları elde edilmiş ve bu veriler BED dosyası formatına dönüştürülmüştür. Koordinat dosyası “bed” formatında yeralan okuma bilgileri eşliğinde “bcftools” ile elde edilen varyant “vcf” dosyası TASSEL 5 programına beslenmiş ve analize tabii tutulan 125 genotipin 115 adedinde (%90) veri üreten SNP bölgeleri (119.000) ileri filtrelemeler için tutulmuştur. Daha sonra genom kaplama (coverage) değerleri incelenerek ortalama kaplama değerinin çok üstünde okumaya sahip SNP bölgeleri analiz dışı bırakılmıştır. Böylece ortalama 15–20x kaplama (coverage) aralığında (8-50X) bir denge sağlanmıştır. Bu filtreleme sonucunda 77.000 SNP bölgesi elde edilmiştir. Ardından, TASSEL yazılımı ile minör ve majör allel frekansları üzerinden yeni bir filtreleme yapılmış, 0.05 ile 0.95 aralığı dışındaki SNP’ler data setinden çıkarılmış ve analizlere 44.300 SNP üzerinden devam edilmiştir. Son adımda, kromozomlar üzerinde istatistik veriler oluşturmak amacı ile unlubitin 5 kromozomu haricinde scaffold bölgelerinde yer alan 4.135 SNP veri çıkarılmış ve toplamda 40.165 güvenilir SNP verisi ile istatistikler oluşturulmuştur. Bu veri seti data kalitesinin ortaya konulması için kullanılırken 44.300 adetlik SNP verisi genetik analizlerde kullanılmıştır.

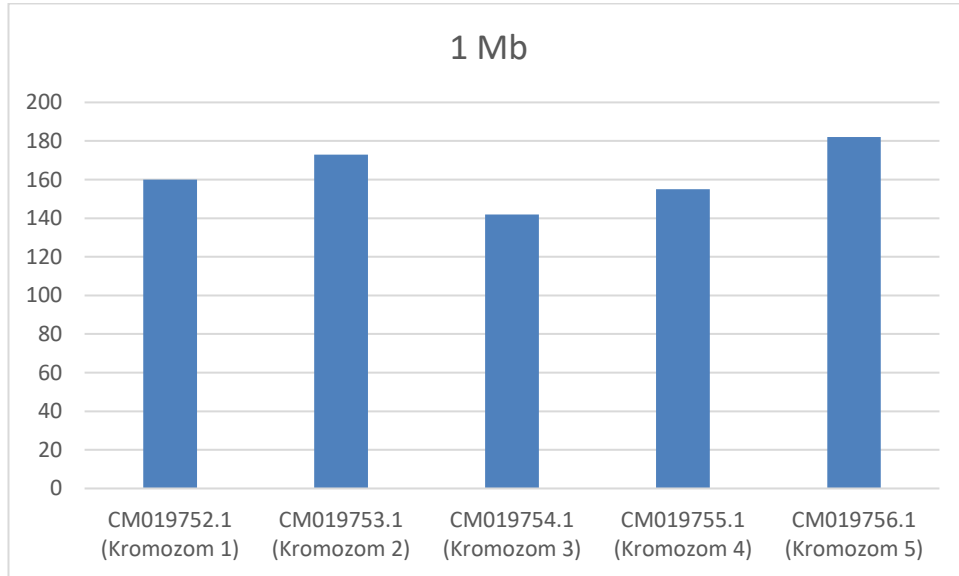
Bu çalışmada, Antalya (Aksu, Kepez, Konyaaltı ve Muratpaşa), Aydın (Nazilli ve Söke) ve Denizli (Buldan, Merkezefendi ve Sarayköy) illerini kapsayan üç farklı ilden, toplam 25 farklı lokasyondan *P. solenopsis* bireyleri toplanmıştır. Her bir lokasyondan belirli sayıda örnekleme yapılarak toplamda 125 birey elde edilmiştir. Bu bireylerden izole edilen DNA örnekleri, genetik analizlerde kullanılmak üzere laboratuvar ortamında hazırlanmıştır.

Bu SNP’lerin *P.solenopsis* genomunda yer alan 5 kromozom üzerindeki dağılımı Şekil 4,1’de gösterilmiştir. Yeni nesil dizileme (NGS) çalışmalarında literatür incelendiğinde, SNP filtreleme süreçlerinin çoğunlukla yalnızca belirli kromozomlar üzerinden yapıldığı ve bu nedenle tüm genomu eşit düzeyde temsil etmediği görülmektedir (Andrews vd. 2016; Lowry vd. 2017). Bu tür yaklaşımlar, genetik varyasyonun genom genelindeki dağılımını tam olarak yansıtamayabilir.



Şekil 4.1. 40.165 SNP'nin *Phenacoccus solenopsis* genomundaki 5 kromozomu üzerindeki dağılışı

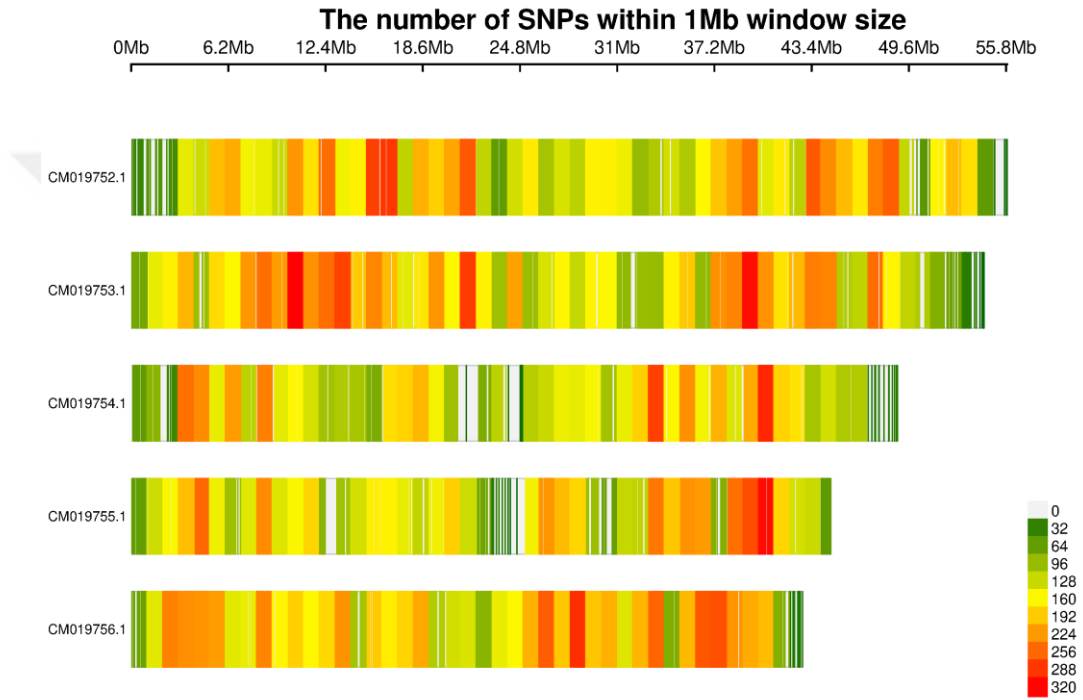
Mevcut tez çalışmasında ise, *P. solenopsis* türüne ait genom analizlerinde her bir kromozomun uzunluğu dikkate alınarak SNP'lerin homojen şekilde dağıldığı görülmüştür. Elde edilen SNP'ler sayesinde, genomun tüm bölgeleri dengeli biçimde temsil edilmiştir. Toplamda seçilen 40.165 adet SNP, türün tüm genomuna hizalanarak her bir kromozomu temsil edecek şekilde yerleştiği görülmüştür. Bu durum, genom redüksiyon metodu olarak ddRAD tekniğindeki kesim enzimlerinin ve takiben uygulanan biyoinformatik yaklaşımın, genom temsiliyetini artırarak genetik analizlerin daha güvenilir hâle gelmesini sağlamaktadır.



Şekil 4.2. 1 Mb'lık SNP verisinin 5 kromozoma göre normalize edilmiş gösterimi

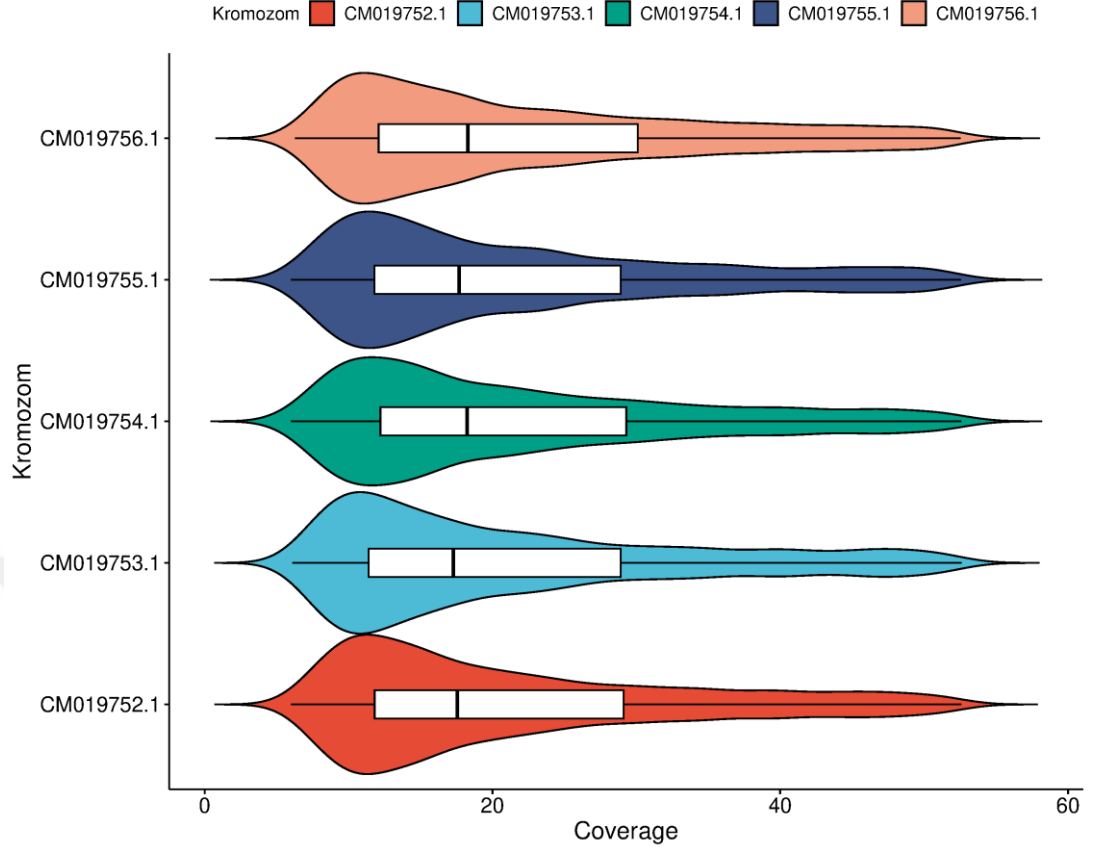
Şekil 4.2 incelendiğinde, 40.165 SNP ile her bir kromozomda 1 milyon baz çifti (1 Mb) başına düşen SNP sayısı hesaplanarak normalize edilmiş değerler sunulmuştur. Bu analiz, SNP'lerin genom üzerindeki dağılımını kromozom uzunluklarına göre standartlaştırarak, kromozomlar arası karşılaştırma yapılmasına da olanak sağlamaktadır.

Genel olarak bakıldığında, SNP yoğunlukları 1 Mb başına yaklaşık 140 ila 180 SNP arasında değişmektedir. SNP'lerin kromozomlar arasında homojen bir dağılım göstermediğini teyid etmektedir. Bu homojenlik, genetik çeşitliliğin istatistiksel analizler ve popülasyon genetiği çalışmalarından anlamlı biyolojik sonuçlar üretmek için en önemli gerekliliklerden birisidir.



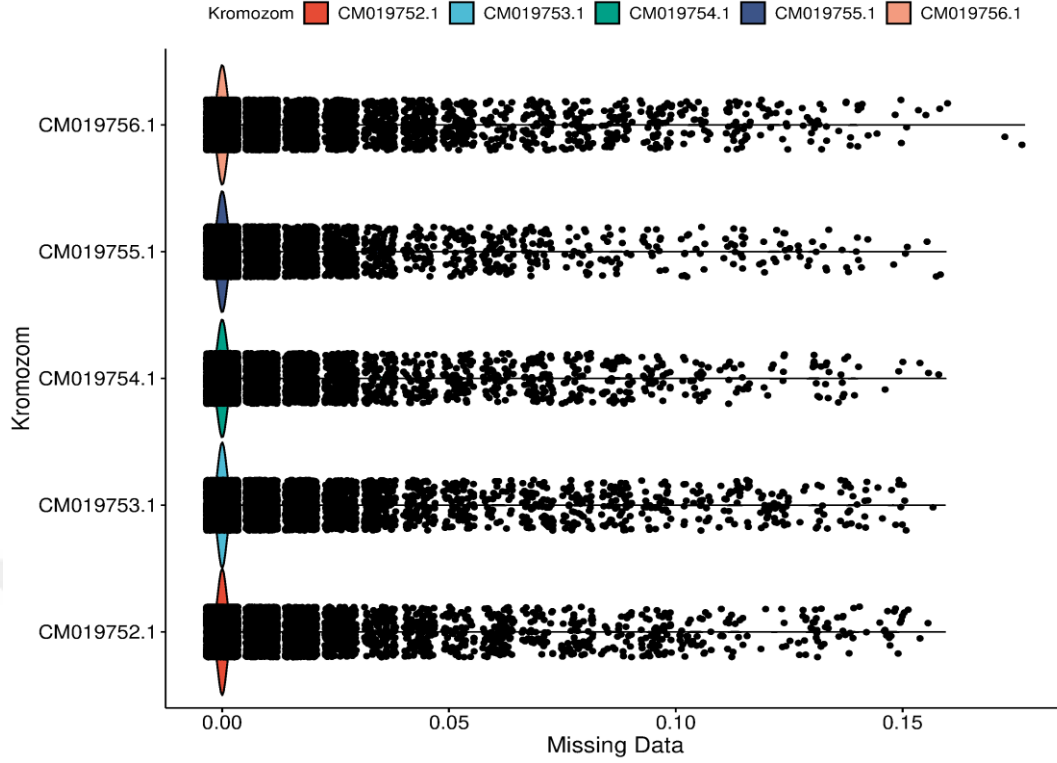
Şekil 4.3. 1 Mb pencerede SNP sayısının kromozomlar boyunca dağılımı

Şekil 4.3 incelendiğinde, 40.165 SNP veri setindeki her bir 1Mb detespit edilen SNP dağılımlarını göstermektedir. Burada her yatay şerit kromozomu temsil etmekte, renk dağılımları yoğunluğu ile ilgili bilgi vermektedir. Genel olarak bakıldığında her kromozomdaki SNP dağılımı homojen bir dağılım göstermektedir. Kromozomların her bölgesinden veri elde edilmiştir. Bunun yanında, Pujolar vd. (2014), SNP yoğunluğu bakımından daha düşük veri setleri (yaklaşık 15.000 SNP) ile popülasyon yapısı ve çevresel adaptasyon ilişkileri incelenmiş ve sınırlı çözünürlük nedeniyle birçok önemli varyasyonun tespit edilemediği belirtilmiştir. Oysa bu tezde hem SNP sayısının iki kat daha fazla olması hem de bireylerin 25 lokasyondan elde edilmesi hem genetik çeşitlilik hem de potansiyel varyasyonların daha yüksek doğrulukla saptanmasını sağlamıştır.



Şekil 4.4. Her bir kromozom üzerindeki kaplama (coverage) değerleri

Şekil 4.4 incelendiğinde, tespit edilen SNP bölgelerinin kaplama (coverage) değerlerinin en yoğun olarak 11x ve 12x seviyelerinde toplandığı görülmektedir. Grafikteki genişleyen bölgeler, ilgili kaplama aralıklarında daha fazla okuma yoğunluğu olduğunu göstermektedir. Bu durum, bu bölgelerdeki veri yoğunluğunun yüksek olduğunu desteklemektedir. Grafiğin içerisinde yer alan ortadaki kutucuklar ise her bir kromozom için ortalama kaplama değerlerini göstermektedir. Tüm kromozomlar incelendiğinde, bu ortalamaların yaklaşık 18x civarında seyrettiği görülmektedir. Genel olarak, tüm kromozomlarda kaplama değerlerinin dağılımı benzerlik göstermekte olup, kaplama değerlerinin 10x ile 30x aralığında yoğunlaştığı anlaşılmaktadır. Bu da verinin kalite açısından homojen ve güvenilir bir dağılım sergilediğini göstermektedir.

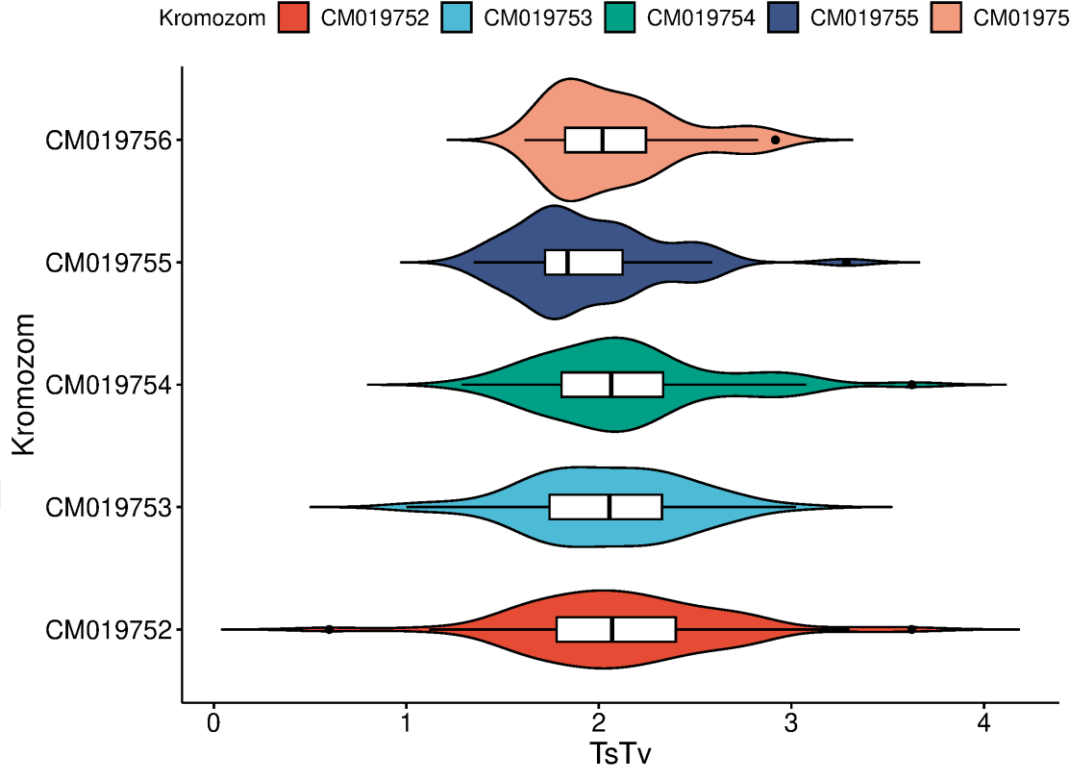


Şekil 4.5. Her bir kromozom üzerindeki kayıp veri

Şekil 4.5 incelendiğinde 40.165 SNP verisindeki her bir kromozoma ait kayıp veri oranlarının dağılımını göstermektedir. Şekilde yer alan siyah noktalar, kromozomlar boyunca belirli bölgelerdeki kayıp veri oranlarını temsil etmektedir. Genellikle tüm kromozomlar için kayıp veri oranlarının oldukça düşük olduğu, çoğunlukla %0 ila %5 aralığında yoğunlaştığı görülmektedir. Bununla birlikte, bazı bölgelerde en fazla kayıp veri oranı %15'e kadar ulaşabilmektedir. Bu durum, kromozomlardaki okuma değerlerin düşük olmasından veya teknik sınırlamalardan kaynaklanıyor olabilir. Genel olarak bakıldığında tüm kromozomlarda benzer bir dağılım eğilimi sergilemektedir. Bu analiz, veri kalitesinin genel olarak yüksek olduğunu ortaya koymaktadır.

Çizelge 4.1. Nükleotid değişimlerinin sayısal dağılımı ve Transition (Ts)/ Transversion (Tv) oranı

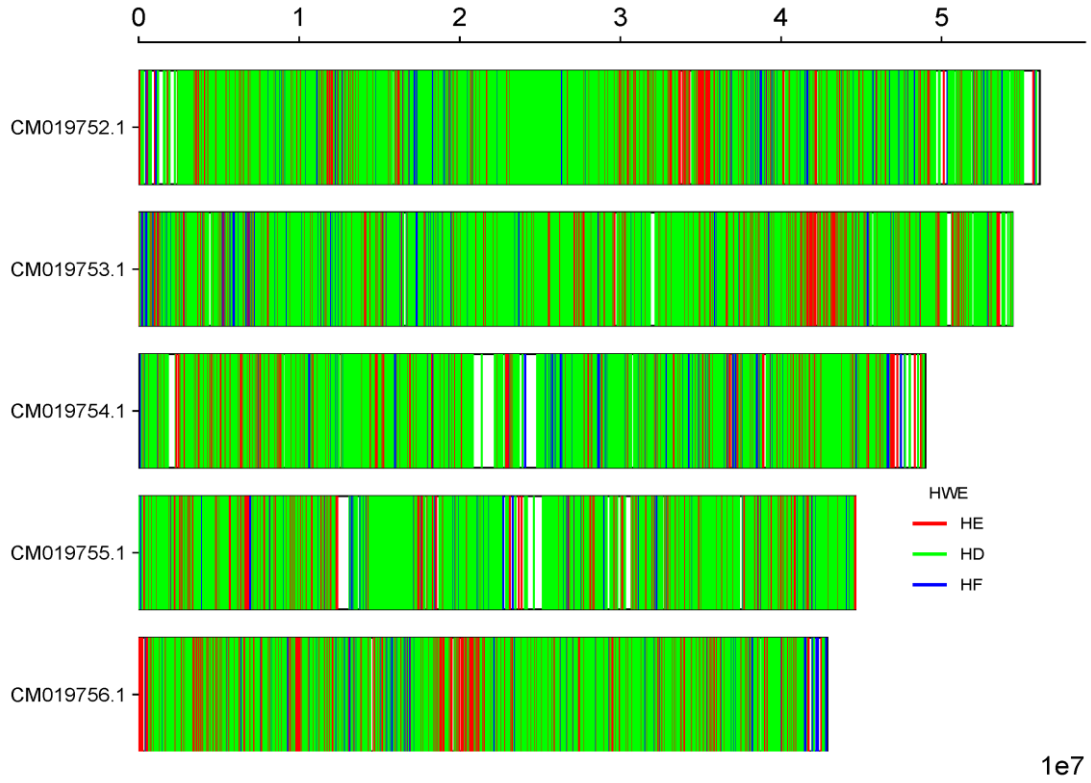
Nükleotid Değişimi	
A → C (AC)	4.403
A → G (AG)	20.045
A → T (AT)	5.962
C → G (CG)	4.890
C → T (CT)	20.467
G → T (GT)	4.342
Transition (Ts)	40.512
Transversion (Tv)	19.597
Ts/Tv Oranı	2,06



Şekil 4.6. Her bir kromozomdaki Ts/Tv oranları

Çizelge 4.1 incelendiğinde, nükleotid değişimlerinin sayısal dağılımı görülmektedir. Transition (Ts) tipi değişimler toplamda 40.512 kez gözlemlenmiş olup, transversion (Tv) tipi değişimlere (19.597) kıyasla belirgin şekilde daha fazladır. Bu durum, literatürde yaygın olarak bildirilen pürin-pürin ($A \leftrightarrow G$) ve pirimidin-pirimidin ($C \leftrightarrow T$) geçişlerinin, moleküler yapı açısından daha stabil olmaları nedeniyle daha sık meydana geldiği bilgisini desteklemektedir. En sık gözlenen spesifik değişimlerin AG (20.045) ve CT (20.467) olması da bu durumu pekiştirmektedir. Transversionlar ise, pürin ve pirimidin bazıları arasında gerçekleşen daha radikal yapısal değişiklikler içerdiğinden, genellikle daha düşük sıklıkla görülmektedir.

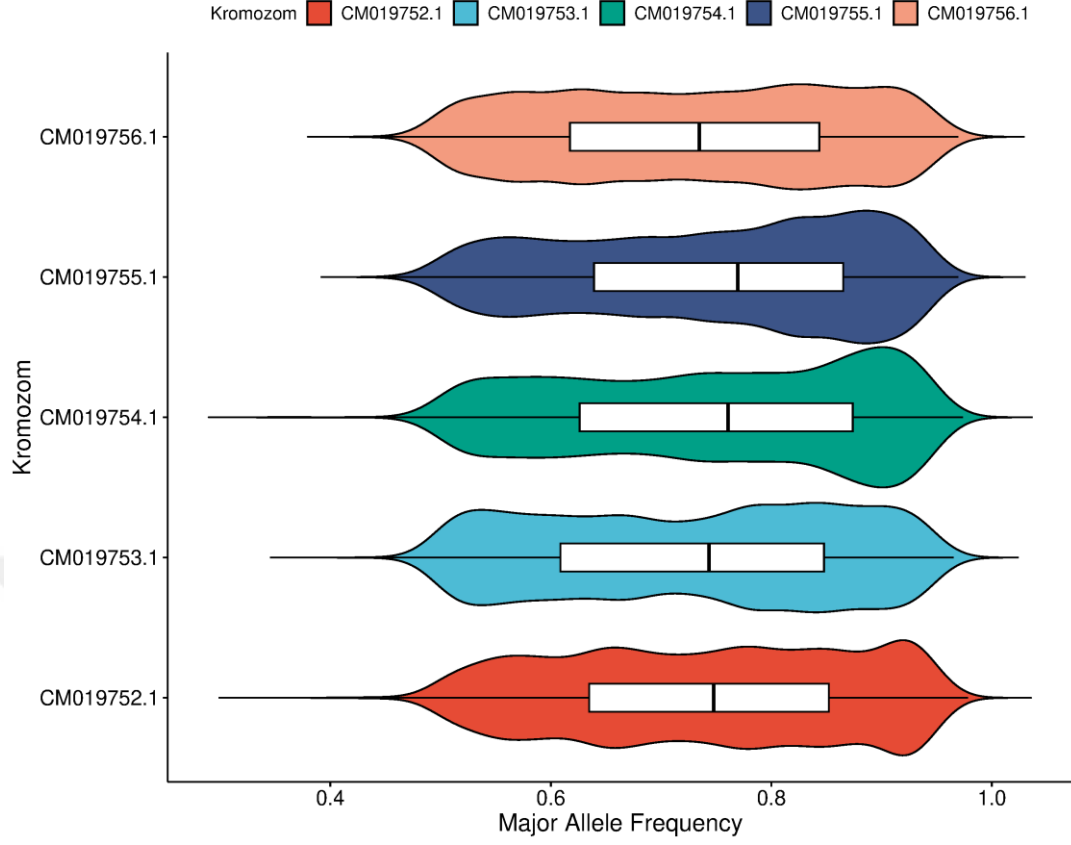
Bu veriler doğrultusunda, genel Ts/Tv oranı 2,06 olarak hesaplanmıştır. Şekil 4.6 incelendiğinde kromozomlar üzerinde hesaplanan Ts/Tv oranlarının dağılımını göstermekte olup, oranların genel olarak 2 civarında seyrettiğini ortaya koymaktadır. Kromozomlar arasında belirgin bir fark gözlenmemiş, dağılımlar birbirine yakın ve homojen bir yapı izlemiştir. Bu bulgular, genom genelinde transition baskın olduğunu göstermektedir.



Şekil 4.7. Her bir kromozom için Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE) göre sınıflandırılmış SNP'lerin dağılımı

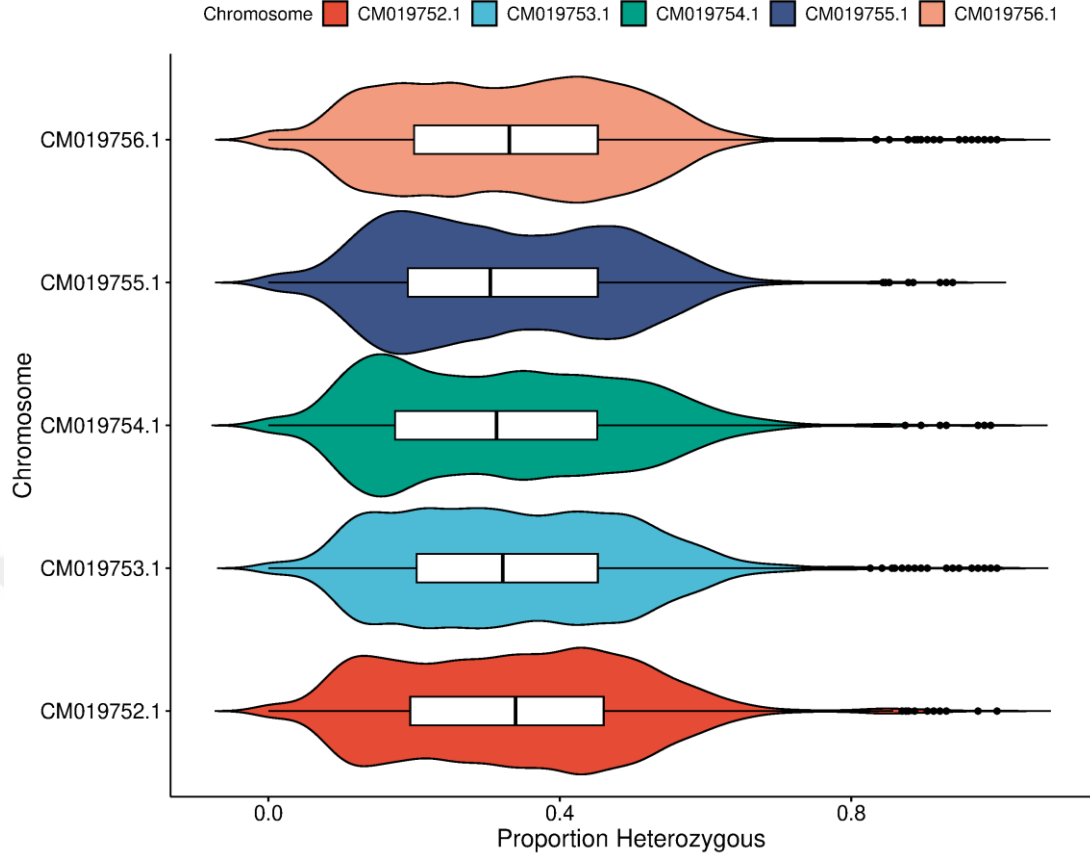
Hardy-Weinberg dengesi (Hardy-Weinberg Equilibrium, HWE), bir popülasyonda genotip ve allel frekanslarının, belirli koşullar altında nesiller boyunca sabit kalacağını öngören teorik bir ilkedir. Bu denge durumu, popülasyonda rastgele eşleşme, büyük popülasyon büyüklüğü, mutasyon, göç ve doğal seçilimin olmaması gibi faktörlerin varlığında sağlanabilir (Hartl ve Clark 2007). Genetik çalışmalar açısından HWE analizi hem popülasyonun yapısını değerlendirmede hem de genotipleme verilerinin kalitesini kontrol etmede yaygın olarak kullanılmaktadır.

40.165 SNP veri setinde kromozom bazında Hardy-Weinberg dengesine ($p=0.01$) göre sınıflandırılmış dağılımları gösterilmiştir (Şekil 4.7). HE (heterozigot eksik), HD (heterozigot dengeli) ve HF (heterozigot fazla) kategorileri, SNP'lerin gözlenen heterozigotluk oranlarına göre sınıflandırılmasını temsil etmektedir. HD grubunda yer alan SNP'ler, beklenen genotip frekanslarıyla uyumlu olup genetik dengenin korunduğunu göstermektedir. Şekilde görüldüğü üzere, analiz edilen SNP'lerin büyük bir kısmı HD kategorisinde yer almakta ve bu durum, popülasyonun genel olarak Hardy-Weinberg dengesine uygun olduğunu ortaya koymaktadır. Ancak bazı bölgelerde HE ve HF dağılımları da gözlenmiştir. Genel olarak değerlendirildiğinde, kromozom arası ve kromozom içinde dengede olduğu görülmektedir. Sonuç olarak, bu analizde elde edilen bulgular, SNP verilerinin büyük ölçüde güvenilir olduğunu ve popülasyonda genel olarak Hardy-Weinberg dengesinin sağlandığını göstermektedir.



Şekil 4.8. Her bir kromozomlardaki majör allel frekansı

Şekil 4.8 incelendiğinde majör allel frekansı, incelenen lokusta popülasyon içinde en sık görülen allelin frekansını ifade etmektedir. Kromozomlardaki ortalama değer 0.6-0.7 arasındadır. Şekilde eşit bir şekilde olduğu homojen olduğunu göstermektedir.



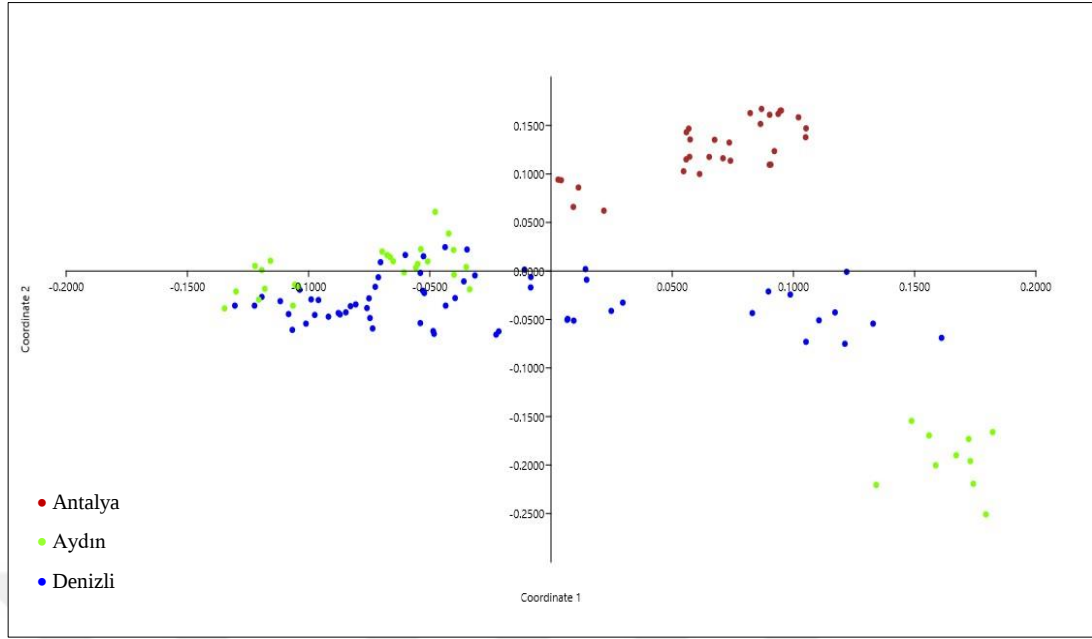
Şekil 4.9. Her bir kromozomdaki heterozigotluk oranı

Şekil 4.9 incelendiğinde heterozigotluk oranının ortalama olarak 0,35 düzeyinde olduğunu ve bu oranın tüm kromozomlar boyunca benzerlik gösterdiği gözlemlenmektedir. Yoğunluklarında dağılımında homojen olduğu dikkate alındığında elde edilen veriler güçlü ve güvenilir olduğu sonucuna varılabilir.

Elde edilen verilerin kalitesi hem kaplama düzeylerinin homojenliği hem de Hardy-Weinberg dengesi ve heterozigotluk analizleri ile desteklenmiştir. Bu durum, tez çalışmasında kullanılan genom redüksiyon metodunun ve biyoinformatik analiz sürecinin *P. solenopsis* populasyonlarını genetik analizler açısından değerlendirmek için güvenilir olduğunu ve elde edilen SNP bölgelerine ait bilgilerin daha sonra yapılacak çalışmalarda da kullanılabileceğini ortaya koymaktadır.

4.2. Temel Bileşen Analizi (Principal Component Analizi-PCA)

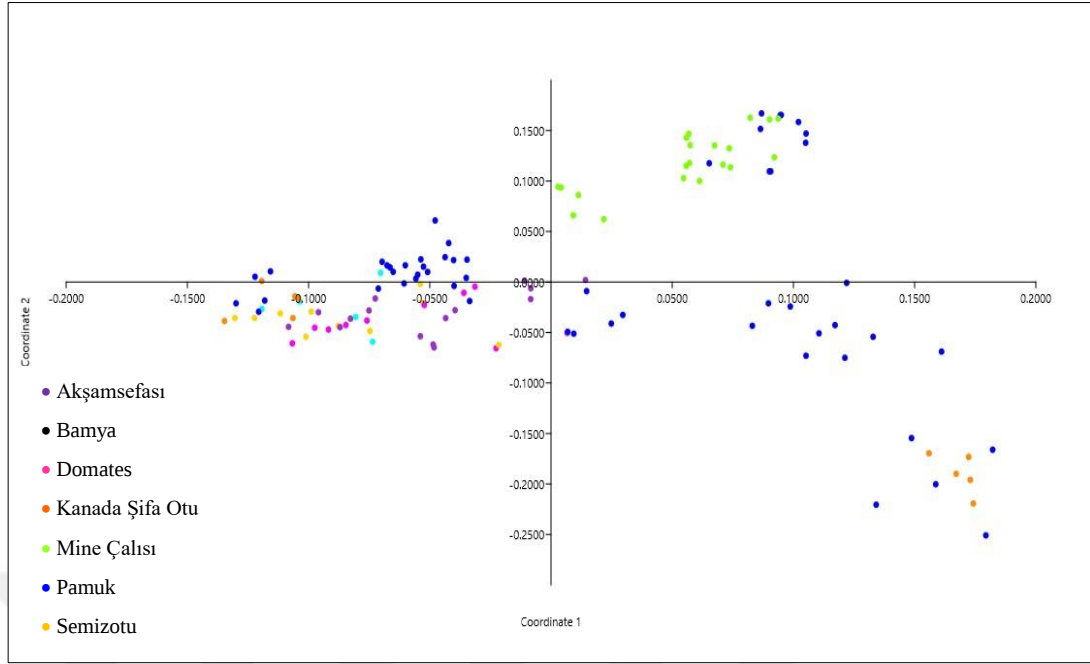
Bu çalışmada, Antalya (Aksu, Kepez, Konyaaltı ve Muratpaşa), Aydın (Nazilli ve Söke) ve Denizli (Buldan, Merkezefendi ve Sarayköy) illerini kapsayan üç farklı ilden, toplam 25 farklı lokasyondan *P. solenopsis* bireyleri toplanmıştır. Her bir lokasyondan belirli sayıda örnekleme yapılarak toplamda 125 birey elde edilmiştir. Bu bireylerden izole edilen DNA örnekleri, genetik analizlerde kullanılmak üzere laboratuvar ortamında hazırlanmıştır.



Şekil 4.10. *Phenacoccus solenopsis* bireylerinde lokasyonlara göre karşılaştırmalı PCoA (Principal Coordinates Analysis) grafiği

Bu çalışmada, *P. solenopsis* örneklerinin toplandığı farklı lokasyonlar arasındaki genetik benzerlik ve farklılıkların değerlendirilmesi amacıyla PCoA yöntemi uygulanmıştır (Şekil 4.10). PCoA grafiği incelendiğinde, Denizli iline ait örneklerin geniş bir coğrafi alana yayılmış olması, bu bölgede genetik varyasyonun daha yüksek düzeyde gerçekleşmesine neden olmuştur. Bu çeşitlilik, evrimsel anlamda türün adaptasyon kapasitesini arttıran bir faktör olarak değerlendirilebilir. Genetik varyasyonun yüksek olduğu popülasyonlar, çevresel stres faktörlerine (sıcaklık dalgalanmaları, pestisit baskısı, vs.) daha kolay uyum sağlayabilir (Frankham vd. 2010).

Antalya ilinden toplanan örnekler ise, hem kendi içinde yüksek genetik benzerlik göstermekte hem de diğer lokasyonlardan belirgin şekilde ayrılan özgün bir genetik yapı ortaya koymaktadır. Bu durum, Antalya'da yüksek genetik çeşitliliğe işaret etmektedir. Söz konusu genetik farklılıkların oluşumunda rakım, nem ve bitki örtüsü gibi çevresel faktörlerin etkili olduğu düşünülmektedir. Denizli-Buldan, Denizli-Sarayköy ve Aydın-Nazilli ilçelerinden elde edilen örneklerin genetik olarak birbirlerine yakın kümelandığı görülmüştür. Bu durum, söz konusu ilçelerin coğrafi olarak birbirine yakın olmasıyla da örtüşmektedir. Benzer şekilde, Denizli-Merkezefendi ve Aydın-Söke ilçelerine ait örnekler de genetik açıdan birbirlerine yakın bir yapı sergilemiştir.



Şekil 4.11. *Phenacoccus solenopsis* bireylerinde konukçu bitkilerinin karşılaştırmalı PCoA grafiği

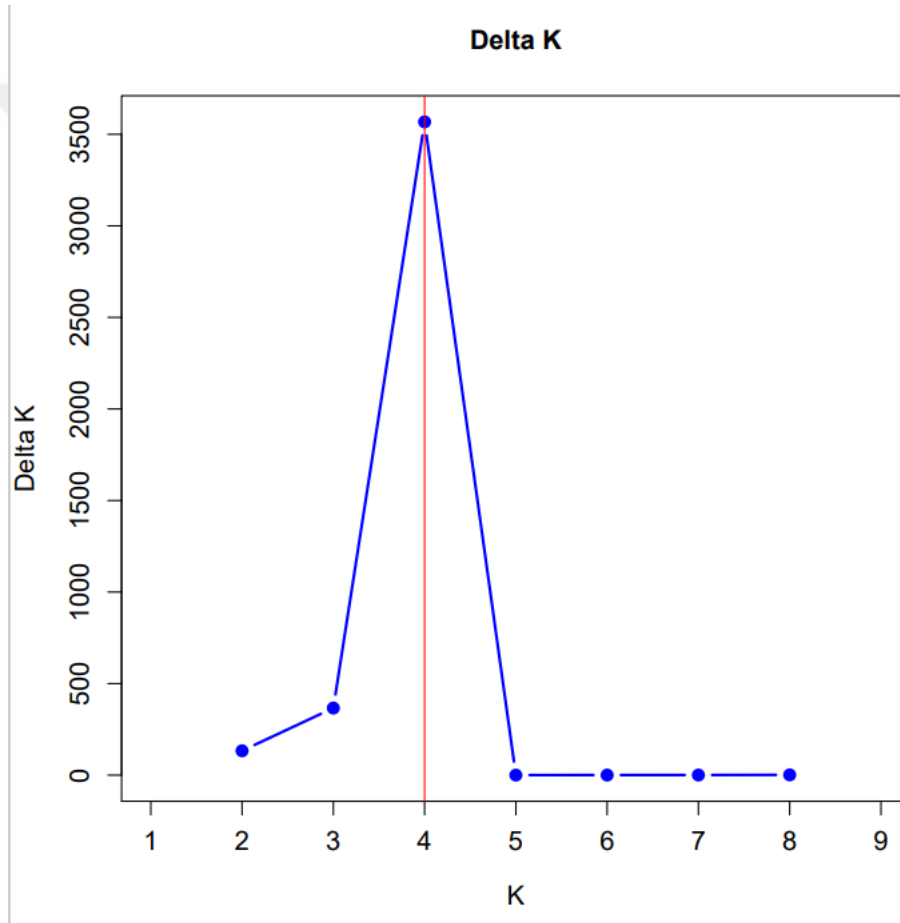
Elde edilen SNP bilgileri ile yapılan diğer bir analizde *P. solenopsis*'in konukçu adaptasyon potansiyeli incelenmiştir. Bu analizde, yedi farklı konukçu bitki türünden (akşamsefası, bamya, semizotu, pamuk, Kanada şifa otu, mine çalısı ve domates) toplanan *P. solenopsis* bireyleri değerlendirilmiştir. PCoA (Principal Coordinates Analysis) sonuçlarına göre, konukçu bitki bazında belirgin bir genetik özelleşme görülmemiştir (Şekil 4.11). Grafikte en geniş dağılım pamuk konukçusunda gözlemlenmiş olup, bu grup üç farklı ilden toplanan örnekleri içermektedir. Ancak pamuk örneklerinden toplanan bireylerin arasında genetik olarak anlamlı bir kümelenme ya da özelleşme gözlemlenmemiştir. Bu durum, *P. solenopsis*'in ana konukçusu olarak bilinen pamuk bitkisine özgü bir genetik adaptasyon geliştirmediğini göstermektedir.

Benzer şekilde, diğer konukçu bitkiler arasında da genetik açıdan belirgin bir ayrışma ya da özelleşme görülmemektedir. Kanada şifa otu örnekleri Aydın ilinin Nazilli ve Söke ilçelerinden toplanmış olmasına rağmen, bu örnekler genetik olarak birbirlerine yakın değil, aksine uzak konumlanmışlardır. Bu durum, *P. solenopsis*'in bu bitkiye karşı da adaptasyon geliştirmediğini ortaya koymaktadır. Bu sonuçlar, *P. solenopsis*'in yaygın olarak görülen geniş konukçu spektrumuna sahip olduğunu desteklemektedir. Bu tür, çeşitli konukçu bitkilerde yaşamlarını sürdürebilme yetenekleri sayesinde ekolojik esneklik kazanır ve bu özellik, istilacı türlerin yeni habitatlara başarıyla yerleşmesinde kritik rol oynamaktadır (Bezemer ve Mills 2003).

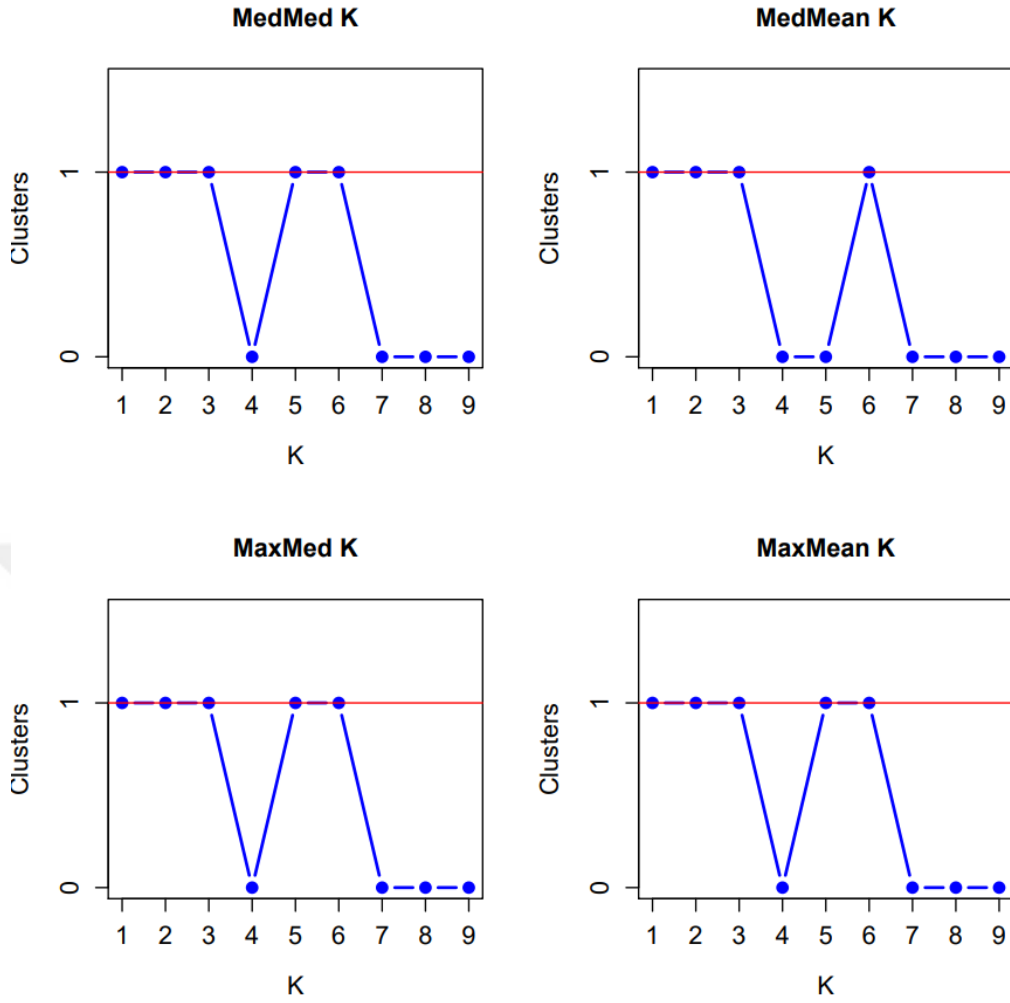
Sonuç olarak, elde edilen veriler *P. solenopsis*'in farklı konukçu bitkilerde genetik olarak belirgin bir farklılık göstermediğini ortaya koymuştur. Bu durum, zararlının birçok bitki türüne üyelik sağlayabildiğini ve konukçu seçimi açısından esnek bir yapıya sahip olduğunu göstermektedir.

4.4. Popülasyon Genetiği Analizi

Popülasyon genetiği analizleri kapsamında, SNP verileri STRUCTURE 2.3.4 programı kullanılarak değerlendirilmiştir. Analizler, her çalışma için 50.000 adımlık burn-in periyodunu takiben 50.000 Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) simülasyonu ile yürütülmüştür. Farklı K değerleri ($K = 1-12$) için yapılan testlerin ardından, en uygun grup sayısı STRUCTURE Selector web sitesi aracılığıyla belirlenmiş ve ΔK değerine göre en yüksek sonuç $K = 4$ için elde edilmiştir (Şekil 4.12). Analiz sonucunda elde edilen grafikte, her bireyin ait olduğu genetik grup farklı renklerle temsil edilmiş ve bireylerin genetik yapıları değerlendirilmiştir. Bu doğrultuda toplam 125 birey, dört alt gruba ayrılmıştır.



Şekil 4.12. Delta K (ΔK) değerine ait olasılık grafiği



Şekil 4.13. STRUCTURE analizinde uygun küme sayısının belirlenmesi ve verinin homojen yapısı

Şekil 4.13 incelendiğinde, dört farklı yöntemle (MedMed, MedMean, MaxMed, MaxMean) kümeleme analizinde en uygun küme sayısını belirlemeye yönelik sonuçlar sunulmaktadır. Bu bulgu, çalışmada ele alınan veri setinde homojen bir yapının olduğunu desteklemektedir.

STRUCTURE analizi sonucunda dört alt gruba ayrılmıştır. Şekil 4.14 incelendiğinde ise Grup 1’de, Denizli’nin Merkezefendi ve Sarayköy ilçelerini temsil etmekte olup toplamda 50 bireyden oluşmaktadır. Çizelge 4.3 incelendiğinde, bu gruptaki bireylerin kendi alt grubuna (Alt Pop-1) olan üyelik oranları %28,6 ile %99,3 arasında değişmektedir. En yüksek üyelik oranı, Denizli Merkezefendi Akçeşme Semizotu (DMAs) bireylerinde %99,3 ile belirlenirken; en düşük üyelik oranı ise %28,6 ile Denizli Sarayköy Adaköy Pamuk (DSAp) bireylerinde görülmektedir. Bununla birlikte, bu grup bireylerinin bazıları diğer popülasyonlardan genetik katkı almıştır. Özellikle DSAP bireylerinde Alt Pop-4’e %46,9’a varan üyelik oranı saptanmıştır. Bu durum, Sarayköy ilçesinin genetik olarak geçiş bölgesi özelliği taşıdığını düşündürmektedir. Nitekim Sarayköy’den toplanan 10 bireyin 3’ünde, Alt Pop-1 dışındaki gruplardan anlamlı

düzeyde gen akışı gözlemlenmiştir. Bu gruptaki popülasyonlar arası geçişlerin ve gen akışının yoğun olduğu görülmektedir. Bu grubun yüksek düzeyde genetik çeşitlilik barındırmakta ve farklı genetik yapıların bir araya geldiği bir bölgeyi işaret etmektedir.

Grup 2’de, Antalya popülasyonunu temsil etmekte olup toplamda 30 bireyden oluşmaktadır. Çizelge 4.3 incelendiğinde, bu gruptaki bireylerin kendi alt grubuna (Alt Pop-2) olan üyelik oranları %52,1 ile %98 arasında değişmektedir. En yüksek üyelik oranı, Antalya Aksu Boztepe Pamuk (AAB) bireylerinde %98,3 ile belirlenirken; en düşük üyelik oranı ise %52 ile Antalya Konyaaltı Pınarbaşı Mine Çalışı (AKPm) bireylerinde görülmektedir. Bununla birlikte, bu grup bireylerinin bazıları diğer popülasyonlardan genetik katkı alınmıştır. AKPm bireylerinde Alt Pop-1’e %34,5’e varan bir katkı aldığı görülmüştür. Genel olarak değerlendirildiğinde, Grup 2’nin homojen bir genetik yapıya sahip olduğu ve diğer popülasyonlardan ayrıışan özgün bir genetik grup oluşturduğunu diğer popülasyonlarla sınırlı düzeyde gen akışı bulunduğunu göstermektedir.

Grup 3’te, Aydın Nazilli ilçesindeki popülasyonlar temsil etmekte olup 10 bireyden oluşmaktadır. Çizelge 4.3 incelendiğinde, bu gruptaki bireylerin kendi alt grubuna (Alt Pop-3) olan üyelik oranları %86 ile %99,5 arasında değişmektedir. En yüksek üyelik oranı, Aydın Nazilli Sümer Pamuk (YNSp) bireylerinde %99,5 ile belirlenirken; en düşük üyelik oranı ise aynı popülasyondan bir bireyde %86 görülmektedir. Bu durum, grubun genel olarak homojen bir genetik yapıya sahip olduğunu ve bireylerin büyük çoğunluğunun Alt Pop-3’e güçlü şekilde bağlı olduğunu göstermektedir. Bununla birlikte, sınırlı da olsa bazı bireylerde dış gruplardan genetik katkılar gözlemlenmiştir. Örneğin, Aydın Nazilli Sümer Kanada Şifaotu (YNSk) bireylerinde Alt Pop-2’ye %7,5’e varan üyelik oranları saptanmıştır. Ancak bu katkılar genel yapı üzerinde belirleyici bir etki oluşturmamaktadır. Nazilli popülasyonunun genelinde, diğer gruplarla genetik geçiş ve gen akışı oldukça sınırlı düzeyde gerçekleşmektedir. Bu durum, popülasyonun izole bir genetik yapı sergilediğini ve coğrafi, genetik sınırlarının belirgin olduğunu ortaya koymaktadır. Yüksek Alt Pop-3 üyelik oranları ve düşük dış grup katkıları, bu grubun genetik olarak tutarlı ve içe kapalı bir yapıda olduğunu desteklemektedir.

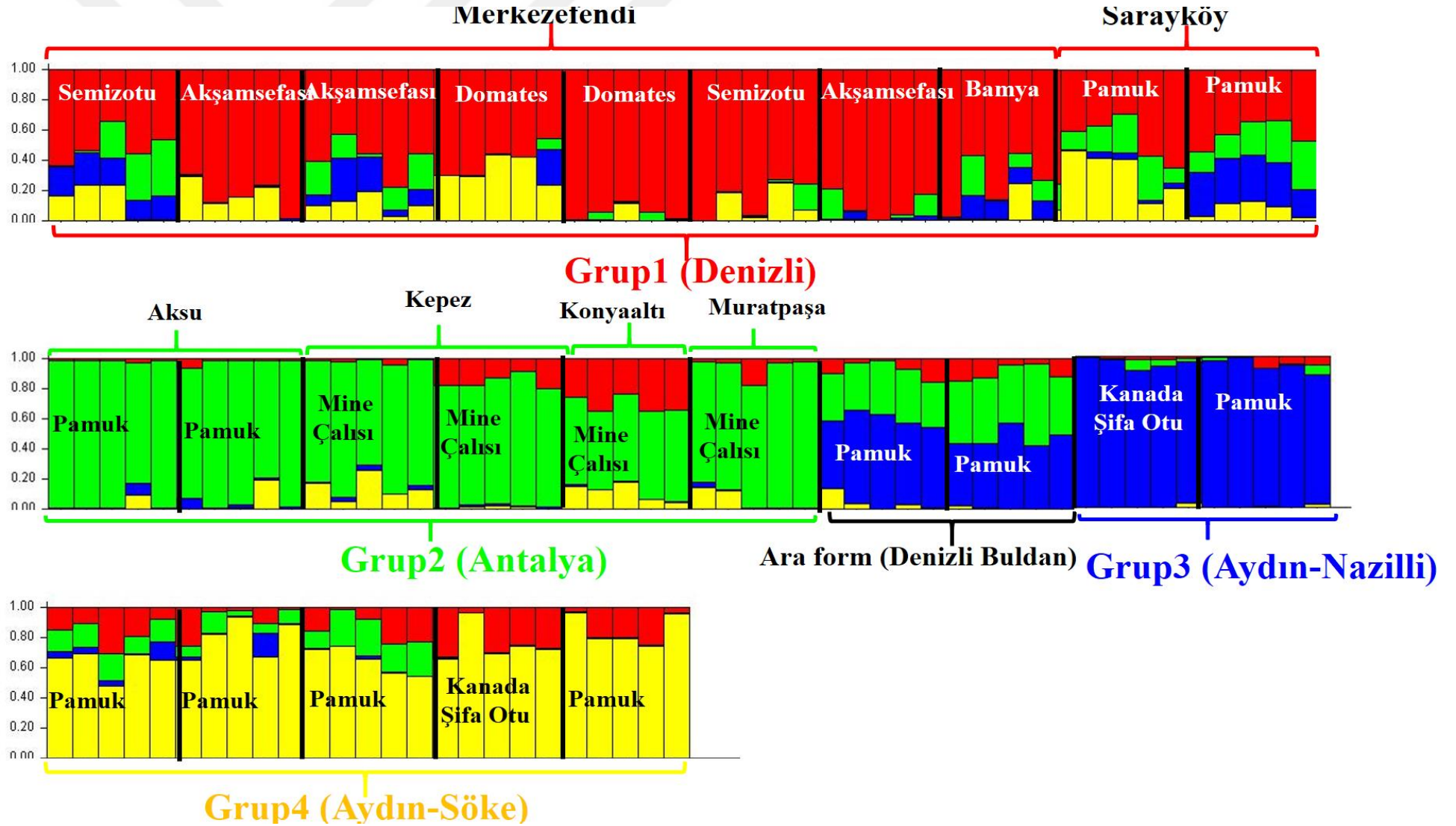
Grup 4’te, Aydın Söke ilçesindeki popülasyonları temsil etmekte olup 25 bireyden oluşmaktadır. Çizelge 4.3 incelendiğinde, bu gruptaki bireylerin kendi alt grubuna (Alt Pop-4) olan üyelik oranları %48,2 ile %97,1 arasında değişmektedir. En yüksek üyelik oranı, Aydın Söke Gölkent Pamuk (YSGLp) bireylerinde %97,1 ile belirlenirken; en düşük üyelik oranı ise %48,2 ile Aydın Söke Akçakonak Pamuk (YSACp) bireylerinde görülmektedir. Bununla birlikte, bu grup bireylerinin bazıları diğer popülasyonlardan genetik katkı sağlamıştır. Aydın Söke Gölkent Kanada Şifaotu (YSGLk) bireylerinde Alt Pop-1’e %32,8’e varan bir katkı aldığı görülmüştür. Her ne kadar belirli bireylerde dış gruplardan genetik katkılar bulunmuş olsa da Grup 4 genel olarak değerlendirildiğinde homojen bir genetik yapıya sahip görünmektedir. Alt Pop-4’e yüksek oranda bağlılık gösteren bireylerin yoğunluğu, Söke popülasyonunun bölgesel olarak tutarlı ve genetik açıdan görece izole bir yapıya sahip olduğunu desteklemektedir.

Çizelge 4.3. incelendiğinde, Denizli Buldan ilçesinden toplanan 10 bireyin herhangi bir ana gruba tam olarak dahil olmadığı görülmektedir. Bu bireylerde hem Antalya popülasyonuna (Alt Pop-2) hem de Aydın Nazilli popülasyonuna (Alt Pop-3) ait

belirli düzeyde gen aktarımı olduđu gör÷lmektedir. Alt Pop-3 üyelik oranları incelendiğinde, en yüksek oran %62 ile Denizli Buldan Mahmutlu Pamuk (DBMp) bireylerinde gözlenirken; en düşük oran %41,4 ile Denizli Buldan Yenicekent Pamuk (DBYp) bireylerinde belirlenmiştir. Diğer yandan, Alt Pop-2 üyeliğı açısından değerlendirildiğinde, en yüksek oran %54 ile DBYp bireylerinde, en düşük oran ise %29,4 ile DBMp bireylerinde saptanmıştır. Bu veriler, Buldan bireylerinin net bir şekilde belirli bir alt pop÷lasyona ait olmadığını, ancak hem Alt Pop-2 hem de Alt Pop-3'ten kayda değer ölçüde genetik katkı aldığını göstermektedir. Dolayısıyla, Buldan pop÷lasyonu ara formda yapıya sahip olup, iki ana genetik yapı arasında genetik geçiş bölgesi özelliğı taşımaktadır.

Elde edilen bu bulgular, çalışma alanındaki pop÷lasyonlar arasında belirgin genetik farklılıklar bulunduğunu ve bazı bölgelerde gen akışının sınırlı düzeyde gerçekleştiğini ortaya koymaktadır.





Şekil 4.14. STRUCTURE programı ile elde edilen veri sonuçların dağılımları

Çizelge 4.2. Tüm bireylerin ait oldukları alt popülasyonlara göre üyelik değerleri ve heterozigotluk oranları

Birey	Lokasyon	Alt Pop-1	Alt Pop-2	Alt Pop-3	Alt Pop-4	Max	Üyelik Alt Pop.	Heterozigotluk Oranı %
1	Antalya Aksu Boztepe Pamuk (AAB)	0,9	97,7	0,3	1,2	97,7	Alt Pop-2	34,3
2		0,8	98,1	0,3	0,8	98,1	Alt Pop-2	34,8
3		1,1	97,6	0,9	0,4	97,6	Alt Pop-2	40,8
4		2,8	79,8	8	9,5	79,8	Alt Pop-2	50,1
5		0,8	98,3	0,5	0,4	98,3	Alt Pop-2	39,3
6	Antalya Aksu Kumköy Pamuk (AAKp)	6,2	86,1	7,2	0,6	86,1	Alt Pop-2	44,2
7		1,4	97,5	0,7	0,4	97,5	Alt Pop-2	31,6
8		0,8	95,7	2,3	1,2	95,7	Alt Pop-2	38,5
9		0,9	78,2	1,5	19,4	78,2	Alt Pop-2	56,3
10		1,3	97,1	1,3	0,3	97,1	Alt Pop-2	50,9
11	Antalya Kepez Göçerler Mine Çalışısı (AKGm)	1,3	80,7	0,3	17,7	80,7	Alt Pop-2	34,3
12		1,7	90,2	2,9	5,1	90,2	Alt Pop-2	35,8
13		0,7	69,6	3,4	26,4	69,6	Alt Pop-2	30,2
14		4	85,5	0,3	10,2	85,5	Alt Pop-2	36,1
15		0,4	83,5	2,8	13,3	83,5	Alt Pop-2	35,8
16		17,5	81,4	0,3	0,8	81,4	Alt Pop-2	32,5
17	Antalya Kepez Göçerler Mine Çalışısı (AKGm)	17,8	79	1,7	1,5	79	Alt Pop-2	50,3
18		12,4	83,9	1,4	2,3	83,9	Alt Pop-2	49
19		8,3	89	0,8	1,9	89	Alt Pop-2	43,6

Çizelge 4.3'ün devamı.

20	Antalya Kepez Göçerler Mine Çalışısı (AKGm)	19,9	78,6	0,8	0,6	78,6	Alt Pop-2	32,2
21	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı Mine Çalışısı (AKPm)	25,3	58,1	1,4	15,1	58,1	Alt Pop-2	50,2
22		34,5	52,1	0,4	12,9	52,1	Alt Pop-2	59
23		23,2	58,2	0,3	18,3	58,2	Alt Pop-2	41
24		34,4	58,7	0,4	6,5	58,7	Alt Pop-2	46,4
25		33,9	61	0,4	4,7	61	Alt Pop-2	51,9
26	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı Mine Çalışısı (AMm)	1,7	80,2	3,4	14,7	80,2	Alt Pop-2	46,3
27		2,2	84,6	0,6	12,5	84,6	Alt Pop-2	37,5
28		17,4	81,5	0,3	0,8	81,5	Alt Pop-2	34,7
29		2,6	96,4	0,5	0,6	96,4	Alt Pop-2	40,1
30		1,6	97,1	0,9	0,4	97,1	Alt Pop-2	42,1
	En düşük alt pop.	0,4	52,1	0,3	0,3			
	En yüksek alt pop.	34,5	98,3	8	26,4			
31	Denizli Buldan Mahmutlu Pamuk (DBMp)	9,3	32	44,6	14,1	44,6	Alt Pop-3	51,8
32		2,5	31,5	62	4	62	Alt Pop-3	46,3
33		0,9	36	62,8	0,3	62,8	Alt Pop-3	42,3
34		6,7	35,6	54,5	3,2	54,5	Alt Pop-3	29,2
35		15,7	29,4	53,5	1,4	53,5	Alt Pop-3	55

Çizelge 4.4'ün devamı.

36	Denizli Buldan Yenicekent Pamuk (DBYp)	14,6	41,5	41,4	2,5	41,5	Alt Pop-2	50,9
37		12,2	44,1	42,3	1,3	44,1	Alt Pop-2	37,2
38		3,7	39,1	56,6	0,6	56,6	Alt Pop-3	42,5
39		3,5	54	42,1	0,4	54	Alt Pop-2	42,7
40		12,1	38,2	49,3	0,4	49,3	Alt Pop-3	39,8
	En düşük alt pop.	0,9	29,4	41,4	0,3			
	En yüksek alt pop.	15,7	54	62,8	14,1			
41	Denizli Merkezeferdi Akçeşme Semizotu (DMAs)	78,9	20,1	0,6	0,4	78,9	Alt Pop-1	38,8
42		93,3	0,4	5,5	0,8	93,3	Alt Pop-1	31
43		99,3	0,2	0,2	0,3	99,3	Alt Pop-1	23
44		96,4	1,8	1,5	0,4	96,4	Alt Pop-1	40
45		82,6	14,3	2,7	0,4	82,6	Alt Pop-1	38,5
46	Denizli Merkezeferdi Gerzele Akşam Sefası (DMGa)	97,3	0,5	1,0	1,2	97,3	Alt Pop-1	30,9
47		56,6	26,3	15,8	1,3	56,6	Alt Pop-1	49
48		86,1	0,5	12,2	1,2	86,1	Alt Pop-1	25,3
49		55,2	9,6	10,8	24,4	55,2	Alt Pop-1	42
50		73,5	13,2	12,1	1,2	73,5	Alt Pop-1	41,3
51	Denizli Merkezeferdi Karahasanlı Akşam Sefası (DMKAa)	63,1	1,0	19	16,8	63,1	Alt Pop-1	37,6
52		53,5	0,9	21,5	24,1	53,5	Alt Pop-1	34,8
53		34	24,2	18	23,8	34	Alt Pop-1	50,8
54		55,2	31,2	12,4	1,2	55,2	Alt Pop-1	40

Çizelge 4.5'ün devamı.

55		46,1	37,1	15,5	1,3	46,1	Alt Pop-1	41,9
56	Denizli Merkezefendi Karahasanlı Domates (DMKAd)	68,8	1,2	0,4	29,6	68,8	Alt Pop-1	31,7
57		87,2	0,6	0,3	11,9	87,2	Alt Pop-1	29,3
58		83,7	0,2	0,2	15,9	83,7	Alt Pop-1	27,4
59		76	1	0,6	22,4	76	Alt Pop-1	31,9
60		97,9	0,6	0,9	0,6	97,9	Alt Pop-1	31,2
61	Denizli Merkezefendi Kumkısıkk Domates (DMKUd)	60,2	22,4	7,3	10,1	60,2	Alt Pop-1	41,1
62		42,3	15,9	28,3	13,6	42,3	Alt Pop-1	39,9
63		55,2	2,3	22,7	19,7	55,2	Alt Pop-1	23,9
64		77,8	14,7	4,6	2,9	77,8	Alt Pop-1	33,5
65		55,1	24,1	10,3	10,6	55,1	Alt Pop-1	32,8
66	Denizli Merkezefendi Kumkısıkk Semizotu (DMKUs)	69,3	0,3	0,2	30,2	69,3	Alt Pop-1	38,2
67		69,7	0,4	0,3	29,7	69,7	Alt Pop-1	28,5
68		55,7	0,2	0,2	43,9	55	Alt Pop-1	23,9
69		57,4	0,2	0,1	42,3	57,4	Alt Pop-1	32,4
70		45,6	6,6	23,8	24	45,6	Alt Pop-1	33,7
71	Denizli Merkezefendi Saruhan Akşam Sefası (DMSa)	98,7	0,4	0,2	0,7	98,7	Alt Pop-1	52,7
72		94,1	4,8	0,7	0,3	94,1	Alt Pop-1	34
73		86,6	0,7	0,7	12,1	86,6	Alt Pop-1	37,5
74		94,1	5,2	0,4	0,3	94,1	Alt Pop-1	35,8
75		98,3	0,4	0,2	1,1	98,3	Alt Pop-1	33

Çizelge 4.6'ün devamı.

76	Denizli Merkezefendi Yenişafak Bamya (DMYb)	99,3	0,2	0,1	0,3	99,3	Alt Pop-1	23,3
77		80,7	0,2	0,1	18,9	80,7	Alt Pop-1	31,5
78		95,9	0,7	1	2,3	95,9	Alt Pop-1	34,2
79		72,8	0,8	1,2	25,3	72,8	Alt Pop-1	22,9
80		75,7	16,7	0,2	7,3	75,7	Alt Pop-1	32,6
81	Denizli Sarayköy Adaköy Pamuk (DSAp)	40,3	12	0,8	46,9	46,9	Alt Pop-4	29,2
82		36,9	16,9	4,5	41,7	41,7	Alt Pop-4	33,7
83		28,6	26,1	4,4	40,9	40,9	Alt Pop-4	39,3
84		56,5	29,3	2,2	12	56,5	Alt Pop-1	33,7
85		64,5	9,9	3,9	21,7	64,5	Alt Pop-1	28,7
86	Denizli Sarayköy Sığma Pamuk (DSSp)	53,9	13,80 %	29	3,1	53,9	Alt Pop-1	37,9
87		42,7	15,8	29,8	11,6	42,7	Alt Pop-1	33,8
88		33,7	22,4	30,6	13,4	33,7	Alt Pop-1	38,6
89		33	28,3	28,8	9,9	33	Alt Pop-1	48,3
90		46,5	32,2	18,8	2,5	46,5	Alt Pop-1	28,3
	En düşük alt pop.	28,6	0,2	0,1	0,3			
	En yüksek alt pop.	99,3	37,1	30,6	46,9			
91	Aydın Nazilli Sümer Kanada Şifaotu (YNSk)	0,5	0,2	99	0,3	99	Alt Pop-3	37,1
92		0,8	0,7	98	0,5	98	Alt Pop-3	41,1
93		1,5	7,5	90,3	0,8	90,3	Alt Pop-3	43,7
94		1,7	4,7	93,2	0,4	93,2	Alt Pop-3	41,9

Çizelge 4.7'ün devamı.

95		1	2,2	93,3	3,4	93,3	Alt Pop-3	44,5
96	Aydın Nazilli Sümer Pamuk (YNSp)	0,4	2,2	97,2	0,2	97,2	Alt Pop-3	24
97		0,2	0,1	99,5	0,2	99,5	Alt Pop-3	24,6
98		7,3	0,2	91,7	0,7	91,7	Alt Pop-3	35,3
99		4,8	0,6	93,9	0,7	93,9	Alt Pop-3	39,2
100		5,4	6,4	86	2,1	86	Alt Pop-3	36,1
	En düşük alt pop.	0,2	0,1	86	0,2			
	En yüksek alt pop.	7,3	7,5	99,5	3,4			
101	Aydın Söke Akçakonak Pamuk (YSACp)	14,9	14,1	4,1	66,9	66,9	Alt Pop-4	29,8
102		10,2	16,2	3,7	69,8	69,8	Alt Pop-4	20,9
103		30,4	17,5	3,9	48,2	48,2	Alt Pop-4	16,8
104		18,6	11,8	0,7	68,9	68,9	Alt Pop-4	43,9
105		7,3	15,5	11,9	65,3	65,3	Alt Pop-4	29,9
106	Aydın Söke Akburgazı Pamuk (YSABp)	25,6	7,1	1,9	65,4	65,4	Alt Pop-4	47,3
107		2,6	14,2	0,7	82,5	82,5	Alt Pop-4	44,4
108		1,9	3,5	0,6	94	94	Alt Pop-4	43
109		10,6	6,2	15,5	67,7	67,7	Alt Pop-4	47,2
110		1	9,6	0,7	88,7	88,7	Alt Pop-4	46,2
111	Aydın Söke Güzelbahçe Pamuk (YSGBp)	15,4	11,2	1,1	72,3	72,3	Alt Pop-4	36,1
112		1,4	23,8	0,4	74,4	74,4	Alt Pop-4	28,8
113		7,7	24,4	1,7	66,2	66,2	Alt Pop-4	32,2

Çizelge 4.8'ün devamı.

114		23,6	19	0,6	56,9	56,9	Alt Pop-4	42,9
115		22,5	22,6	0,6	54,3	54,3	Alt Pop-4	30
116	Aydın Söke Gölkent Kanada Sifaotu (YSGLk)	32,8	0,4	0,5	66,4	66,4	Alt Pop-4	36,3
117		3,1	0,2	0,2	96,6	96,6	Alt Pop-4	16,6
118		29,9	0,3	0,2	69,6	69,6	Alt Pop-4	29,5
119		24,9	0,4	0,3	74,5	74,5	Alt Pop-4	31,5
120		27	0,4	0,3	72,2	72,2	Alt Pop-4	26,5
121	Aydın Söke Gölkent Pamuk (YSGLp)	2,3	0,4	0,2	97,1	97,1	Alt Pop-4	27,3
122		19,8	0,3	0,1	79,8	79,8	Alt Pop-4	28,6
123		19,5	0,3	0,2	80	80	Alt Pop-4	29,4
124		24,8	0,3	0,2	74,7	74,7	Alt Pop-4	36,5
125		2,9	0,6	0,2	96,3	96,3	Alt Pop-4	29,5
	En düşük alt pop.	1	0,2	0,1	48,2			
	En yüksek alt pop.	32,8	24,4	15,5	97,1			

4.3. F İstasikleri Fst Değerleri ve Ortalamaları

STRUCTURE programı kullanılarak oluşturulan analiz sonucunda elde edilen alt popülasyonlar arasındaki Fst değerleri, genetik farklılaşmanın düzeyine ilişkin önemli veriler sunmuştur. Çizelge 4.2 incelendiğinde; Fst_1 (0.3253), Fst_3 (0.3166) ve Fst_4 (0.3073) değerlerinin yüksek düzeyde genetik farklılaşmayı işaret ettiği, buna karşın Fst_2 (0.1837) değerinin ise orta düzeyde bir farklılaşmaya karşılık geldiği görülmektedir. Bu bulgular, alt popülasyonlar arasında genel olarak sınırlı bir gen akışının mevcut olduğunu ve bunun sonucunda popülasyonlar arasında belirgin bir genetik yapılaşma oluştuğunu göstermektedir. Tüm grupların ortalama Fst değeri 0.2832 olarak hesaplanmış olup, bu değer yüksek düzeyde genetik farklılaşma olduğunu ortaya koymaktadır. Elde edilen sonuçlar, popülasyonlar arasında coğrafi, çevresel ya da genetik izolasyonun etkili olduğunu ve bu izolasyonun genetik çeşitliliğin yapısını belirgin şekilde etkilediği düşünülmektedir.

Çizelge 4.9. Alt popülasyonlara ait FST değerleri

Alt Popülasyon Grupları	Ortalama Değer
Fst_1	0.3253
Fst_2	0.1837
Fst_3	0.3166
Fst_4	0.3073
Alt Popülasyonların Ortalaması	0.2832

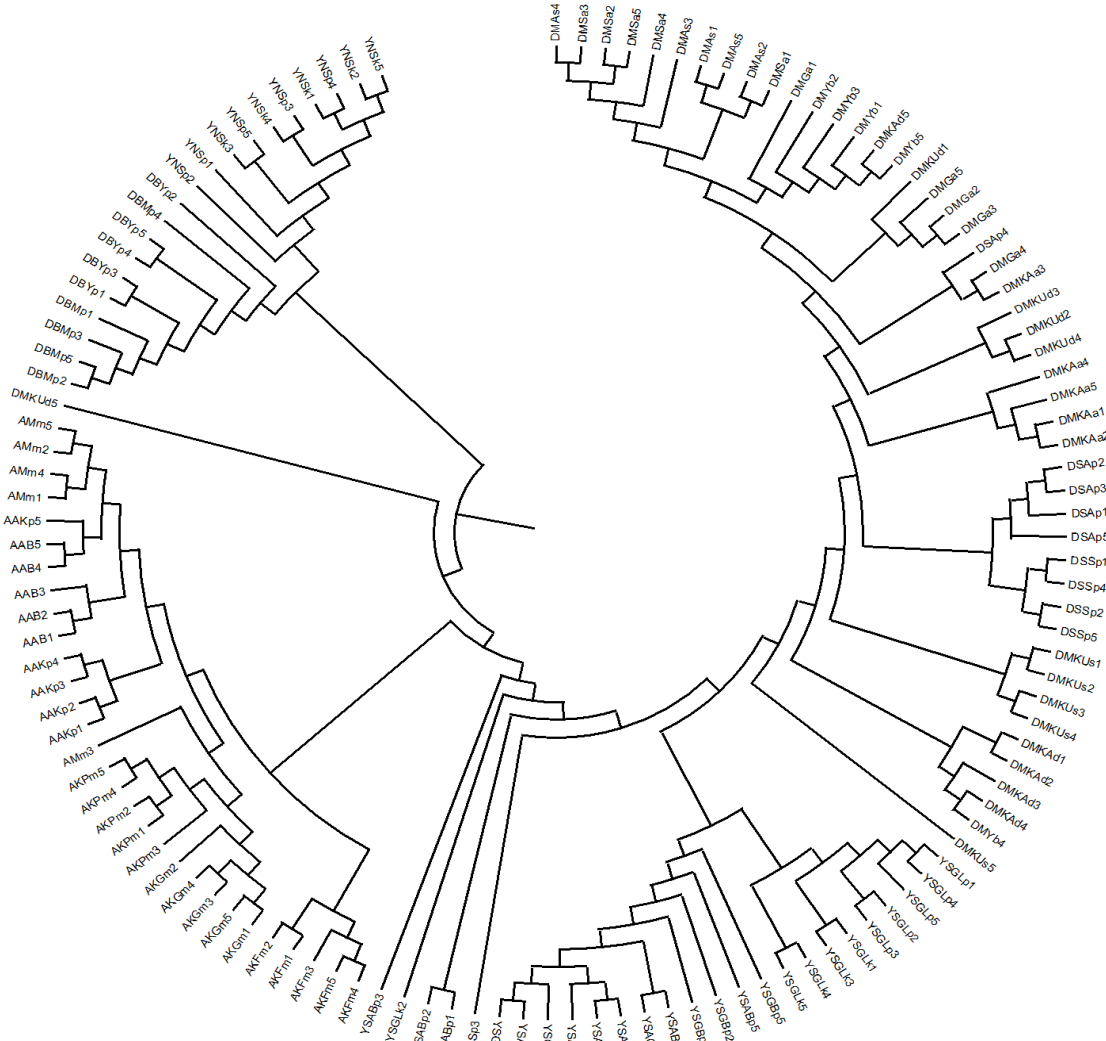
Ashfaq vd. (2010), *P. solenopsis* zararlısının, RFLP yöntemiyle mitokondriyal COI gen bölgesi hedef alınarak popülasyonlar arasında tür düzeyinde teşhis yapılmıştır. Bu çalışmada, restriksiyon enzimleriyle kesilen mitokondriyal DNA parçaları analiz edilerek örneklerin *P. solenopsis* olduğu doğrulanmış, ancak genetik yapı farklılaşması, gen akışı ya da popülasyon içi varyasyon gibi ileri düzey analizler yapılmamıştır. RFLP gibi düşük çözünürlüklü teknikler yalnızca tür tayini için yeterli olmakla birlikte, popülasyon düzeyinde ayrışmaları ve genetik yapıyı ortaya koymak için yetersiz kalmaktadır. Başka bir çalışmada ise Singh vd. (2012), Hindistan'ın Pencap bölgesinde çeşitli konukçu bitkiler ve lokasyonlardan toplanan bireyler üzerinde RAPD temelli moleküler çalışma yapılmışlardır. Bu çalışmada kullanılan RAPD primerleri, *P. solenopsis* popülasyonları arasında belirli bir genetik farklılık olduğunu göstermiş; ancak elde edilen bant desenleri, yalnızca dominant marker yapısına dayandığı için genetik yapının kantitatif analizine sınırlı katkı sunmuştur. RAPD yöntemi, düşük maliyeti ve hızlı uygulanabilirliği nedeniyle faydalı olmakla birlikte, çoğu zaman tekrarlanabilirlik problemi ve düşük çözünürlük nedeniyle detaylı popülasyon yapısı analizi için yeterli değildir.

Buna karşın, bu tez çalışmasında SNP verisi, hem genomik düzeyde daha kapsamlı bir moleküler veri sağlamış, hem de popülasyonlar arası varyasyonları hassas biçimde değerlendirme imkânı sunmuştur. SNP verilerinin tüm kromozomlara homojen dağılması, çalışmanın teknik gücünü ve biyolojik temsiliyetini artırmaktadır. Dolayısıyla bu tez çalışması, klasik RFLP, RAPD gibi tanı odaklı moleküler yöntemlerin ötesine geçerek, istilacı bir tür olan *P. solenopsis*'in yerel popülasyonları arasındaki genetik sınırları ortaya koymuştur.

Ma vd. (2020), Çin'de *P. solenopsis*'in 11 popülasyonunun, her popülasyondan 10 bireyin genetik yapısını ddRAD tabanlı 19.634 SNP ile incelemiş, türün kısa sürede yüksek genetik farklılaşma gösterdiğini ve bu farklılaşmanın iklimsel seçilim taşıdığını ortaya koymuştur. Bu tez çalışmasında ise, 25 popülasyondan toplanan 125 birey üzerinden yapılan ddRAD analizleri sonucunda, sıkı filtrelemelerle seçilen 40.165 SNP verisi elde edilmiştir. Bu sayı, Ma vd. (2020) tarafından yapılan analizde kullanılan SNP sayısının iki katından fazladır ve bu durum, analiz çözünürlüğünü arttırarak popülasyon yapısının daha hassas biçimde ortaya konmasını sağlamaktadır. Ma vd. (2019), Çin'in üç farklı bölgesinden toplanan toplam 72 *P. solenopsis* bireyinden elde edilen verilerle, 42 mikrosatellit lokusu kullanılarak popülasyon genetiği analizi gerçekleştirmiştir. Toplam 115.639 aday mikrosatellit tespit edilmiştir. Çalışmada, alel sayısı lokus başına 2 ila 5 arasında değişmiş ve ortalama 2,5 olarak bulunmuştur. Gözlenen heterozigotluk (H_o) 0.00 ile 0.92, beklenen heterozigotluk (H_e) ise 0,00 ile 0,73 arasında değişmiştir. Bu çalışmanın

sonuçları, popülasyonlar arasında belirgin bir genetik farklılaşma olduğunu ve üç popülasyonun iki genetik kümeye ayrıldığını göstermiştir. Ancak kullanılan marker sayısının 42 ile sınırlı olması, analizi kısıtlamaktadır.

4.5. Filogenetik Analizler



Şekil 4.15. MEGA 12 programı ile UPGMA yöntemi kullanılarak oluşturulan *Phenacoccus solenopsis* popülasyonlarına ait filogenetik ağaç

MEGA 12 programı kullanılarak oluşturulan UPGMA metodun ile filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Popülasyonlar arası genetik ilişkilerin görsel bir temsili olarak değerlendirilmiştir (Şekil 4.15). Filogenetik analiz sonucunda, aynı coğrafi bölgeden toplanan bireylerin çoğunlukla kendi içlerinde kümelandığı ve genetik olarak ayrıştığı gözlemlenmiştir. Bu durum, STRUCTURE ve PCoA analizlerinden elde edilen bulgularla örtüşmekte ve alt popülasyonlar arasında belirgin genetik farklılaşmanın varlığını desteklemektedir. Bununla birlikte, bazı örneklerin kendi popülasyon gruplarından ayık olarak konumlanması, genetik geçiş bölgelerine veya olası

melezleşmelere işaret etmektedir. Ağacın genel yapısı, yüksek SNP veri seti sayesinde elde edilen güçlü genetik ayrışmayı yansıtmaktadır.

4.6. Endosimbiontların Tespiti

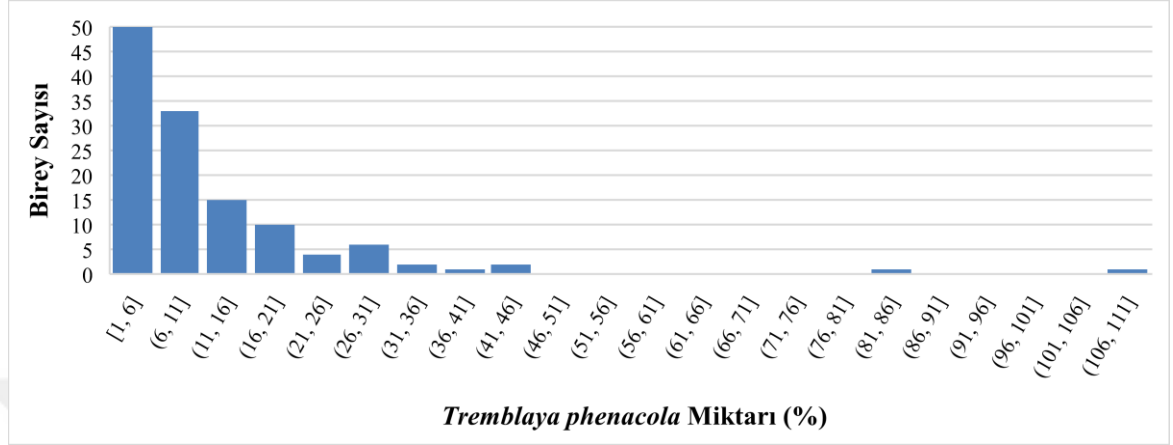
Analizlerde, farklı konukçu bitkilerden ve farklı coğrafi bölgelerden toplanan toplam 125 *P. solenopsis* bireyinde endosimbiont oranları incelenmiştir. Literatürde, unlubit türlerinde yaygın olarak görülen endosimbiontun *Candidatus Tremblaya princeps* olduğu bilinmektedir (Munson vd. 1992; Kantheti vd. 1996). Gruwell vd. (2010), *Phenacoccinae* alt ailesinin üyelerinin yalnızca *Candidatus Tremblaya phenacola* içerdiğini, *Pseudococcinae* alt ailesinin ise *T. princeps* ve onun içinde bulunan gammaproteobakteri endosimbiontları barındırdığını belirtmiştir. Yaptığımız bu çalışmada, tüm bireylerde *T. phenacola* türü endosimbiont tespit edilmiştir.

Lin vd. (2019) , *P. solenopsis* ve *P. solani* bireylerinde *T. phenacola*'ya tespit edilirken, *D. neobrevipes* , *P. comstocki* ve *P. minor* bireylerde ise *T. princeps* bulunmuştur. Bunu destekleyen bir diğer çalışmada Bai vd. (2024) konukçunun amino asit metabolizmasına katkıda bulunduğu ve üreme kapasitesinin arttığını ortaya koymuş ve *T. phenacola* simbiyontunun özellikle dişi bireylerde aktif olduğunu ve mTOR (Mechanistic target of rapamycin) sinyal yolunu düzenleyerek üreme yeteneğini doğrudan etkilediğini göstermiştir.

Anusree Padmanabhan vd. (2019), *P. solenopsis*'in endosimbiyotik bakterileri 16S rRNA gen bölgesine dayalı dizileme yöntemiyle incelenmiştir. Araştırmada, özellikle *Tremblaya princeps* türü %78,28 oranıyla en baskın endosimbiont olarak rapor edilmiştir. Ancak, çalışmada kullanılan primer dizileri incelendiğinde, bu dizilerin *Tremblaya phenacola* genomu ile %100 benzerlik gösterdiği dikkat çekmektedir. Bu durum, *T. princeps* ile *T. phenacola* türlerini ayırt edebilecek düzeyde spesifik primerlerin kullanılmadığını göstermektedir. Dolayısıyla, elde edilen verilerin *T. princeps* olarak yorumlanması, tür düzeyinde hatalı bir tanımlamaya yol açmış olabilmektedir. Bu bulgu, çalışmalarda kullanılan primer seçiminin tür düzeyinde doğru teşhis açısından önemli olduğunu ortaya koymaktadır. Bu nedenle, primerler biyoinformatik analizlerle dikkatle seçilmelidir.

Bunun yanı sıra, böceklerde sıklıkla bulunan ve literatürde bildirilen endosimbiont türlerinin (*Arsenophonus* sp., *Candidatus Hamiltonella defensa*, *Carsonella ruddii*, *Cardinium*, *Dactylopiibacterium carminicum*, *Wolbachia*, *Moranella endobia*, *Portiera aleyrodidarum*, *Rickettsia* sp., *Uzinura diaspidicola*, *Walczuchella monophlebidarum* ve *Wigglesworthia glossinidia*) varlığı biyoinformatik yöntemlerle incelenmiş, ancak bu türlere ait veriye ulaşılamamıştır. Singh vd. (2013) yaptıkları bir çalışmada, *P. solenopsis*'in bakteri çeşitliliğini ve özellikle üremeyi etkileyen simbiyont bakterilerini araştırmış, yapılan analizlerde sadece *T. phenacola* tespit edilmiştir. Daha sonra böceklerde bulunan diğer simbiyontların (*Rickettsia*, *Cardinium*, *Arsenophonus* ve *Wolbachia*) tespiti için tür spesifik PCR testleri uygulanmış ve on popülasyon arasından sadece *Rickettsia* dört popülasyonda saptanmıştır. Diğer üç bakteriye rastlanmamıştır. *Rickettsia* varlığı FISH (Floresan in situ hibridizasyon) yöntemi ile doğrulanmıştır. Ancak, PCR amplifikasyonuna dayalı yöntemlerin düşük miktardaki hedef DNA'yı

çoğaltırken kontaminasyon riskine açık olduğu ve bu nedenle hata yapma olasılığının yüksek olduğu unutulmamalıdır. Bu yüzden endosimbiyontlarla yapılan çalışmalarda, mümkünse PCR tabanlı yöntemlerden kaçınılmalı; zorunlu durumlarda ise kullanılacak primerler biyoinformatik analizlerle dikkatle seçilmelidir.



Şekil 4.16. Her bir bireyde oransal *Tremblaya phenacola* miktar dağılımına ait histogram grafiği

Tremblaya phenacola tez çalışmasında incelenen tüm *P. solenopsis* bireylerinde değişen miktarlarda bulunmaktadır. Görece olarak skalaya tabii tutulduklarında çoğunlukla düşük miktarlarda endosymbiont taşıyan *P. solenopsis* birey sayısının yaygın olduğu görülmektedir (Şekil 4.16). Sınıflandırma sonucunda 1-6 düzeyinde *T. phenacola* barındıran birey sayısının 50 civarında olduğu belirlenmiştir. Bu grubu takiben, 6-11 düzeyinde endosimbiyont barındıran birey sayısı yaklaşık 30 civarındadır. Çok yüksek miktarlarda endosimbiyont barındıran unlu bit sayısı ise birkaç ile sınırlı kalmıştır (Şekil 4.16).

Çizelge 4.10. Tez kapsamında incelenen 125 *P. solenopsis* bireyinde göreceli *Tremblaya phenacola* miktarları

Birey	Lokasyon	Konukçu	Oransal <i>T. phenacola</i> Miktarı
1	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	5,23
2	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	4,34
3	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	4,08
4	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	6,55
5	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	8,01
6	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	6,29
7	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	43,39
8	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	81,75
9	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	24,34
10	Antalya Aksu Boztepe (AAB)	Pamuk	28,39

Çizelge 4.10'un devamı.

11	Antalya Kepez Fabrikalar (AKFm)	Mine Çalışı	4,06
12	Antalya Kepez Fabrikalar (AKFm)	Mine Çalışı	3,53
13	Antalya Kepez Fabrikalar (AKFm)	Mine Çalışı	6,45
14	Antalya Kepez Fabrikalar (AKFm)	Mine Çalışı	2,61
15	Antalya Kepez Fabrikalar (AKFm)	Mine Çalışı	1,77
16	Antalya Kepez Göçerler (AKGm)	Mine Çalışı	2,64
17	Antalya Kepez Göçerler (AKGm)	Mine Çalışı	6,66
18	Antalya Kepez Göçerler (AKGm)	Mine Çalışı	3,61
19	Antalya Kepez Göçerler (AKGm)	Mine Çalışı	5,30
20	Antalya Kepez Göçerler (AKGm)	Mine Çalışı	3,19
21	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AKPm)	Mine Çalışı	14,36
22	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AKPm)	Mine Çalışı	19,32
23	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AKPm)	Mine Çalışı	19,60
24	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AKPm)	Mine Çalışı	12,72
25	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AKPm)	Mine Çalışı	11,19
26	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AMm)	Mine Çalışı	14,27
27	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AMm)	Mine Çalışı	14,39
28	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AMm)	Mine Çalışı	17,38
29	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AMm)	Mine Çalışı	6,20
30	Antalya Konyaaltı Pınarbaşı (AMm)	Mine Çalışı	15,88
31	Denizli Buldan Mahmutlu (DBMp)	Pamuk	18,60
32	Denizli Buldan Mahmutlu (DBMp)	Pamuk	4,78
33	Denizli Buldan Mahmutlu (DBMp)	Pamuk	15,53
34	Denizli Buldan Mahmutlu (DBMp)	Pamuk	28,08
35	Denizli Buldan Mahmutlu (DBMp)	Pamuk	6,56
36	Denizli Buldan Yenicekent (DBYp)	Pamuk	9,87
37	Denizli Buldan Yenicekent (DBYp)	Pamuk	5,43
38	Denizli Buldan Yenicekent (DBYp)	Pamuk	5,87
39	Denizli Buldan Yenicekent (DBYp)	Pamuk	10,45
40	Denizli Buldan Yenicekent (DBYp)	Pamuk	1,47
41	Denizli Merkezefendi Akçeşme (DMAs)	Semizotu	3,71
42	Denizli Merkezefendi Akçeşme (DMAs)	Semizotu	17,19
43	Denizli Merkezefendi Akçeşme (DMAs)	Semizotu	21,98
44	Denizli Merkezefendi Akçeşme (DMAs)	Semizotu	13,05
45	Denizli Merkezefendi Akçeşme (DMAs)	Semizotu	13,87
46	Denizli Merkezefendi Gerzele (DMGa)	Akşamsefası	28,33
47	Denizli Merkezefendi Gerzele (DMGa)	Akşamsefası	9,67
48	Denizli Merkezefendi Gerzele (DMGa)	Akşamsefası	106,22
49	Denizli Merkezefendi Gerzele (DMGa)	Akşamsefası	40,96
50	Denizli Merkezefendi Gerzele (DMGa)	Akşamsefası	9,15

Çizelge 4.10'un devamı.

51	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAa)	Akşamsefası	6,19
52	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAa)	Akşamsefası	9,57
53	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAa)	Akşamsefası	3,39
54	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAa)	Akşamsefası	8,27
55	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAa)	Akşamsefası	6,60
56	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAd)	Domates	18,06
57	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAd)	Domates	8,48
58	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAd)	Domates	12,41
59	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAd)	Domates	9,54
60	Denizli Merkezefendi Karahasanlı (DMKAd)	Domates	13,57
61	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUd)	Domates	2,75
62	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUd)	Domates	3,61
63	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUd)	Domates	3,30
64	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUd)	Domates	5,61
65	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUd)	Domates	0,55
66	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUs)	Semizotu	3,41
67	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUs)	Semizotu	1,56
68	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUs)	Semizotu	6,71
69	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUs)	Semizotu	2,15
70	Denizli Merkezefendi Kumkısıık (DMKUs)	Semizotu	22,92
71	Denizli Merkezefendi Saruhan (DMSa)	Akşamsefası	4,53
72	Denizli Merkezefendi Saruhan (DMSa)	Akşamsefası	11,30
73	Denizli Merkezefendi Saruhan (DMSa)	Akşamsefası	29,22
74	Denizli Merkezefendi Saruhan (DMSa)	Akşamsefası	5,94
75	Denizli Merkezefendi Saruhan (DMSa)	Akşamsefası	4,67
76	Denizli Merkezefendi Yenişafak (DMYb)	Bamya	14,38
77	Denizli Merkezefendi Yenişafak (DMYb)	Bamya	3,90
78	Denizli Merkezefendi Yenişafak (DMYb)	Bamya	4,29
79	Denizli Merkezefendi Yenişafak (DMYb)	Bamya	18,72
80	Denizli Merkezefendi Yenişafak (DMYb)	Bamya	1,38
81	Denizli Sarayköy Adaköy (DSAp)	Pamuk	24,85
82	Denizli Sarayköy Adaköy (DSAp)	Pamuk	18,99
83	Denizli Sarayköy Adaköy (DSAp)	Pamuk	10,72
84	Denizli Sarayköy Adaköy (DSAp)	Pamuk	30,78
85	Denizli Sarayköy Adaköy (DSAp)	Pamuk	9,59
86	Denizli Sarayköy Sığma (DSSp)	Pamuk	4,08
87	Denizli Sarayköy Sığma (DSSp)	Pamuk	1,88
88	Denizli Sarayköy Sığma (DSSp)	Pamuk	2,56
89	Denizli Sarayköy Sığma (DSSp)	Pamuk	5,52
90	Denizli Sarayköy Sığma (DSSp)	Pamuk	1,55

Çizelge 4.10'un devamı.

91	Aydın Nazilli Sümer (YNSk)	Kanada Şifa Otu	2,77
92	Aydın Nazilli Sümer (YNSk)	Kanada Şifa Otu	3,81
93	Aydın Nazilli Sümer (YNSk)	Kanada Şifa Otu	5,24
94	Aydın Nazilli Sümer (YNSk)	Kanada Şifa Otu	4,22
95	Aydın Nazilli Sümer (YNSk)	Kanada Şifa Otu	2,52
96	Aydın Nazilli Sümer (YNSp)	Pamuk	2,44
97	Aydın Nazilli Sümer (YNSp)	Pamuk	7,10
98	Aydın Nazilli Sümer (YNSp)	Pamuk	8,86
99	Aydın Nazilli Sümer (YNSp)	Pamuk	1,78
100	Aydın Nazilli Sümer (YNSp)	Pamuk	5,03
101	Aydın Söke Akçakonak (YSACp)	Pamuk	9,33
102	Aydın Söke Akçakonak (YSACp)	Pamuk	17,15
103	Aydın Söke Akçakonak (YSACp)	Pamuk	15,31
104	Aydın Söke Akçakonak (YSACp)	Pamuk	8,50
105	Aydın Söke Akçakonak (YSACp)	Pamuk	40,29
106	Aydın Söke Akburgazı (YSABp)	Pamuk	6,95
107	Aydın Söke Akburgazı (YSABp)	Pamuk	8,33
108	Aydın Söke Akburgazı (YSABp)	Pamuk	8,33
109	Aydın Söke Akburgazı (YSABp)	Pamuk	5,69
110	Aydın Söke Akburgazı (YSABp)	Pamuk	6,48
111	Aydın Söke Güzelbahçe (YSGBp)	Pamuk	1,40
112	Aydın Söke Güzelbahçe (YSGBp)	Pamuk	0,77
113	Aydın Söke Güzelbahçe (YSGBp)	Pamuk	0,96
114	Aydın Söke Güzelbahçe (YSGBp)	Pamuk	3,80
115	Aydın Söke Güzelbahçe (YSGBp)	Pamuk	1,30
116	Aydın Söke Gölkent (YSGLk)	Kanada Şifa Otu	8,77
117	Aydın Söke Gölkent (YSGLk)	Kanada Şifa Otu	27,82
118	Aydın Söke Gölkent (YSGLk)	Kanada Şifa Otu	4,08
119	Aydın Söke Gölkent (YSGLk)	Kanada Şifa Otu	34,79
120	Aydın Söke Gölkent (YSGLk)	Kanada Şifa Otu	27,95
121	Aydın Söke Gölkent (YSGLp)	Pamuk	7,07
122	Aydın Söke Gölkent (YSGLp)	Pamuk	4,79

Çizelge 4.10'un devamı.

123	Aydın Söke Gökent (YSGLp)	Pamuk	4,60
124	Aydın Söke Gökent (YSGLp)	Pamuk	10,79
125	Aydın Söke Gökent (YSGLp)	Pamuk	3,80

Yapılan analizler sonucunda, *P. solenopsis* bireylerinin taşıdığı *T. phenacola* miktarının değiştiği ortaya konulmuştur. Ancak, bu değişimin sebebini araştırma amaçlı konukçu düzeyinde fark olup olmadığı yeniden analiz edilmiştir (Çizelge 4.4). Bu analizler sonucunda, 15 adet akşamsefası bitkisinden elde edilen örnekler arasında *T. phenacola* miktarı en yüksek 106,2 (DMGa), en düşük ise 3,39 (DMKAa) olarak tespit edilmiştir. 10 adet domates bitkisinden elde edilen örneklerde ise, endosimbiont miktarı en yüksek 18,06 (DMKAa) ve en düşük 0,55 (DMKUd) olarak belirlenmiştir.

Çizelge 4.5'de sunulan ortalama değerlere göre, *T. phenacola* yoğunluğu akşamsefası bitkisinde en yüksek 18,94, en düşük ise domates bitkisinde 5,62 olarak gözlenmiştir. Özellikle akşamsefasında tespit edilen yüksek standart sapma değeri 26,56, bu konukçu üzerinde yer alan *P. solenopsis* bireyleri arasında belirgin bir varyasyon olduğunu ve *T. phenacola* taşıma oranlarının oldukça değişkenlik gösterdiğini ortaya koymaktadır. Domates bitkisinde ise daha düşük bir standart sapma değeri ile 5,62, bu konukçudaki bireylerin daha homojen bir dağılım sergilediği anlaşılmaktadır. Ancak, genel olarak standart sapmaların yüksek oluşu konukçuya özelleşmenin olmadığını göstermektedir.

Phenacoccus solenopsis'in ana konukçularından biri olan pamuk bitkisinde alınan 55 birey arasında *T. phenacola* yoğunluğu en yüksek 81,75, en düşük 0,77 olarak belirlenmiştir. Ortalama yoğunluk 11,28 iken, standart sapma değeri 13,65'tir. Bu değerler, pamuk bitkisinde de bireyler arasında belirgin bir varyasyon bulunduğunu ve belirli bir özelleşmenin gelişmediğini desteklemektedir.

Genel olarak değerlendirildiğinde, farklı konukçu bitkilerde gözlemlenen bu değişkenlikler, *P. solenopsis*'in konukçular arasında belirgin bir genetik özelleşme göstermediğini; aksine *T. phenacola* yoğunluğunun konukçuya bağlı olarak esnek ve çevresel faktörlere duyarlı şekilde değişebildiğini göstermektedir. Benzer şekilde, Zhang vd. (2016) yaptığı çalışmada *Aphis gossypii* ile onun zorunlu endosimbiontu *Buchnera aphidicola* arasındaki simbiyotik ilişkiyi incelemiş, özellikle konukçu bitkinin *B. aphidicola* popülasyon yoğunluğu üzerindeki etkisini araştırılmışlardır. *Aphis gossypii* bireyinde qPCR yöntemi kullanılarak ölçülmüştür. 10 yıldan uzun süredir laboratuvar koşullarında yetiştirilen kolonilerden ve doğadan toplanan ebegümeci, hibiskus ve kabak bitkileri üzerinde bulunan bireylerden elde edilmiştir. Çalışma sonucunda, konukçu bitkinin *B. aphidicola* popülasyon yoğunluğu üzerinde belirgin bir etkisi olduğu ortaya konmuştur. Özellikle uzun süre boyunca hıyar bitkisi üzerinde yetiştirilen kolonideki bireylerde simbiyont yoğunluğunun, pamuk üzerinde yetiştirilenlere kıyasla anlamlı düzeyde daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Benzer şekilde, doğadan toplanan hibiskus ve kabak bitkileri üzerinde bulunan bireylerde de yüksek simbiyont yoğunluğu saptanmıştır. Simbiyont yoğunluklarının konukçu bitkilere göre değişebildiği rapor edilmiştir.

Bunlara ek olarak da toplanan örnekler, ilgili günün çevresel koşulları altında genel olarak stabil bir dağılım sergilemiştir. Birkaç örnek dışında, veriler ortalama değerler etrafında yoğunlaşmakta ve genel olarak belirgin bir stabilite gözlenmektedir. Bununla birlikte, bölge içi varyasyonun düşük olduğu görülmektedir. Bazı bölgelerde *T. phenacola* oranının görece düşük ya da yüksek çıkması, o bölgedeki ekolojik etmenlere bağlı çevresel etkilerden kaynaklanmış olabilir. Ancak genel olarak, *T. phenacola* miktarları birlikte toplanan örneklerle uyumlu bir dağılım göstermektedir.

Çizelge 4.11. *Phenacoccus solenopsis* konukçu bazında endosimbiont ortalama ve standart sapmaları

Konukçu	Ortalama	Standart Sapma
Akşamsefası	18,94	26,56
Bamya	8,53	7,56
Domates	7,79	5,62
Kanada şifa otu	12,20	12,67
Mine çalısı	9,26	6,17
Pamuk	11,28	13,65
Semizotu	10,65	8,22

Çizelge 4.12. Üç ilden toplanan *Phenacoccus solenopsis* endosimbiontların ortalama ve standart sapmaları

Lokasyon	Birey Sayısı	Ortalama	Standart Sapma
Antalya	30	13,25	15,91
Aydın	35	8,94	9,58
Denizli	60	12,14	15,15

Popülasyonlara il düzeyinde bakıldığında (Çizelge 4.6), konukçu bitkilerde gözlemlenen *T. phenacola* yoğunluklarındaki değişkenliğin benzer şekilde devam ettiği görülmektedir. Daha detaylı olarak lokasyon düzeyinde, beş birey üzerinden yapılan incelemelerde (Çizelge 4.7), genel olarak standart sapmaların azaldığı ve popülasyon içindeki *T. phenacola* yoğunluklarının daha stabil olduğu tespit edilmiştir. Bu durum, küçük örneklem gruplarında bireyler arası taşıyıcılığın daha tutarlı olduğu göstermektedir. Ancak bazı istisnai lokasyonlarda bu stabilitenin bozulduğu ve varyasyonun arttığı da gözlemlenmiştir. Popülasyon bazında yapılan değerlendirmeler, aynı konukçu bitki üzerinde dahi farklı lokasyonlarda *T. phenacola* yoğunluklarının önemli ölçüde değişiklik gösterebildiğini ortaya koymaktadır. Örneğin pamuk bitkisinde, farklı lokasyonlarda elde edilen örneklerde ortalama yoğunluklar arasında belirgin farklılıklar bulunmuştur. Bu farklılıkların, tarımsal uygulamalar, iklim koşulları gibi çevresel faktörlerle ilişkili olabileceği düşünülmektedir.

Genel olarak değerlendirildiğinde, *P. solenopsis* bireylerinin *T. phenacola* taşıma düzeylerinin hem konukçu bitki türüne hem de coğrafi lokasyona göre anlamlı ölçüde değişiklik gösterdiği tespit edilmiştir. Bununla birlikte, lokasyon veya konukçu bazında

belirgin bir özelleşme gözlenmemiştir. Bulgular, *T. phenacola* yoğunluklarının göreceli olarak arttığı ya da azaldığı yönünde bir eğilim gösterdiği söylenebilir.

Çizelge 4.13. Toplanan *Phenacoccus solenopsis* bireylerin içerisinde, *Tremblaya phenacola* miktarların ortalama ve standart sapmaları

Lokasyon	Konukçu	Birey Sayısı	Ortalama	Standart Sapma
Antalya Aksu Boztepe	Pamuk	5	5,64	1,64
Antalya Aksu Kumköy	Pamuk	5	36,83	28,38
Antalya Kepez Fabrikalar	Mine Çalışısı	5	3,69	1,78
Antalya Kepez Göçerler	Mine Çalışısı	5	4,28	1,66
Antalya Konyaaltı Pınarbaşı	Mine Çalışısı	5	15,44	3,84
Antalya Muratpaşa	Mine Çalışısı	5	13,62	4,34
Aydın Nazilli Sümer	Kanada Şifa Otu	5	5,04	3,01
Aydın Nazilli Sümer	Pamuk	5	3,71	1,11
Aydın Söke Akburgazı	Pamuk	5	18,12	12,95
Aydın Söke Akçakonak	Pamuk	5	7,15	1,16
Aydın Söke Gölkent	Pamuk	5	6,21	2,84
Aydın Söke Gölkent	Kanada Şifa Otu	5	20,68	13,42
Aydın Söke Güzelbahçe	Pamuk	5	1,65	1,23
Denizli Buldan Mahmutlu	Pamuk	5	14,71	9,48
Denizli Buldan Yenicekent	Pamuk	5	6,62	3,66
Denizli Merkezefendi Akçeşme	Semizotu	5	13,96	6,72
Denizli Merkezefendi Gerzele	Akşamsefası	5	38,87	39,96
Denizli Merkezefendi Karahasanlı	Akşamsefası	5	12,41	3,77
Denizli Merkezefendi Karahasanlı	Domates	5	6,80	2,34
Denizli Merkezefendi Kumkısıık	Domates	5	7,35	8,93
Denizli Merkezefendi Kumkısıık	Semizotu	5	3,16	1,82
Denizli Merkezefendi Saruhan	Akşamsefası	5	11,13	10,48
Denizli Merkezefendi Yenişafak	Bamya	5	8,53	7,56
Denizli Sarayköy Adaköy	Pamuk	5	18,99	9,08
Denizli Sarayköy Sığma	Pamuk	5	3,12	1,66

5. SONUÇLAR

Bu tez çalışmasında, *Phenacoccus solenopsis* zararlısının Antalya, Aydın ve Denizli illerinden toplanan 125 bireyinin genetik yapısı detaylı olarak incelenmiş ve ddRAD-seq (double digest Restriction-site Associated DNA) tabanlı yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak moleküler düzeyde analizler gerçekleştirilmiştir. Yüksek çözünürlüklü SNP verileri elde edilmiştir. Filtreleme işlemleri sonucunda toplamda güvenilir 40.165 SNP veri seti analizlere dahil edilmiştir. Elde edilen verilerle türün popülasyonları arasında belirgin genetik farklılıkların bulunduğunu göstermiştir. Özellikle Denizli ve Antalya bölgelerinden elde edilen popülasyonların genetik olarak ayrışma görülmüştür. Yapılan PCoA ve STRUCTURE analizleri sonucunda dört ana genetik alt grup tanımlanmış, bu gruplar arasında sınırlı gen akışının olduğu ve genetik izolasyonun meydana geldiği anlaşılmıştır. Konukçu bitkiler arasında ise anlamlı bir genetik farklılık saptanmamış, bu da *P. solenopsis*'in geniş konukçu konukçu yelpazesinde beslenebildiğini ve çok yönlü bir beslenme biçimine sahip olduğunu göstermektedir. Ayrıca *P. solenopsis*, SNP verilerinin kaplama (coverage), Hardy-Weinberg dengesi ve heterozigotluk düzeyleri gibi parametreler açısından değerlendirilmesi sonucunda elde edilen verilerin yüksek güvenilirlikte olduğu görülmüştür. Bu tez kapsamında elde edilen veriler, gelecek yıllarda aynı bölgelerden bireyler toplanarak popülasyonlar arasında genetik değişim olup olmadığının araştırılmasına olanak sağlayacak niteliktedir.

Endosimbiont analizlerinde ise, tüm bireylerde türün bilinen birincil simbiyontu olan *Candidatus Tremblaya phenacola* tespit edilmiştir. Bu endosimbiontun yoğunluğu, SNP veri setiyle birlikte değerlendirilerek ilk kez kapsamlı bir miktar analizine yer verilmiştir. Analiz sonucunda, *T. phenacola* yoğunluğunun iller bazında bakıldığında ve konukçu bitkiler bazında bakıldığında anlamlı düzeyde farklılık olmadığı gözlemlenmiştir. Bununla birlikte, bazı bireylerde *T. phenacola* yoğunluğunun göreceli olarak artış ya da azalış gösterdiği gözlemlenmiştir. Popülasyonlar içindeki alt gruplar düzeyinde simbiyont yoğunluğu büyük ölçüde homojen olmasına rağmen, bireyler arası düzeyde dikkate değer farklılıklar vardır. Bu farklılıkların nedeni tam olarak ortaya konulamamakla birlikte; çevresel faktörler, bireyin gelişim evresi ve konukçu bitkinin fizyolojik durumu gibi çeşitli değişkenlerin etkili olabileceği düşünülmektedir. Bu tez çalışması, Türkiye'de *P. solenopsis*'in genetik yapısı hakkında yapılan detaylı moleküler incelemelerden biri olma özelliği taşımaktadır. Bu tez çalışmasında analiz tekniği güçlü ve literatürde böyle bir çalışma bulunmamaktadır.

Sonuç olarak, bu tez çalışmasında elde edilen moleküler veri seti hem teknik açıdan yüksek kalitede hem de biyolojik ve çevresel açıdan detaylı analizler yapmaya olanak sağlayacak niteliktedir. Verilerin filtrelenmesinde dikkatli bir yöntem izlenmiş, geniş örneklem kullanılmış ve çeşitli analiz yaklaşımları bir arada değerlendirilmiştir. Bu sayede, mevcut literatürdeki benzer ddRAD-seq tabanlı çalışmalara kıyasla daha güçlü, kapsamlı ve güvenilir sonuçlar elde edilmiştir.

6. KAYNAKLAR

- Abbas, G., Arif, M.J. and Saeed, S. 2005. Systematic status of a new species of genus *Phenacoccus cockerell* (Pseudococcidae) a serious pest of cotton *Gossypium hirsutum* L. in Pakistan. *Pakistan Entomologist*, 27(1): 83-84.
- Abbas, G., Arif, M.J., Muhammad Ashfaq, M.A., Muhammad Aslam, M.A. and Shafqat Saeed, S.S. 2010. Host plants distribution and overwintering of cotton mealybug (*Phenacoccus solenopsis*; Hemiptera: Pseudococcidae). *International Journal of Agriculture and Biology*, 12(3): 421-425.
- Andrews, K.R., Good, J.M., Miller, M.R., Luikart, G. and Hohenlohe, P.A. 2016. Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews Genetics*, 17(2): 81-92.
- Anusree Padmanabhan, P.S., Chellappan, M. and Kadarkutty, H.M. 2019. Characterization of endosymbionts of cotton mealybug (*Phenacoccus solenopsis* Tinsley) on okra using metagenomics approach. *International Journal of Chemical Studies*, 7(1): 744-750.
- Ashfaq, M., Noor, A.R. and Mansoor, S. 2010. DNA-based characterization of an invasive mealybug (Hemiptera: Pseudococcidae) species damaging cotton in Pakistan. *Applied Entomology and Zoology*, 45(3): 395-404.
- Badshah, H., Ullah, F., Zada, H., Zeb, Q., Shah, R.A., Calatayud, P.A. and Crickmore, N. 2017. Comparison of *Phenacoccus solenopsis* specimens from different regions of Pakistan using COI molecular barcoding (Hemiptera: Pseudococcidae). In *Annales de la Société Entomologique de France (NS)*, 53(6): 374-378.
- Bai, J., Zuo, Z., DuanMu, H., Li, M., Tong, H., Mei, Y., Xiao, Y., He, K., Jiang, M., Wang, S. and Li, F. 2024. Endosymbiont *Tremblaya phenacola* influences the reproduction of cotton mealybugs by regulating the mechanistic target of rapamycin pathway. *The ISME Journal*, 18(1): wræ052.
- Baumann, P. 2005. Biology of bacteriocyte-associated endosymbionts of plant sap-sucking insects. *Annual Review of Microbiology*, 59(1): 155-189.
- Ben-Dov, Y., Miller, D.R., Gibson, G.A., Morales, M.G., Denno, B., Miller, G.L. and Hardy, N.B. 2019. ScaleNet: scale insects (Coccoidea) database [Accessed: 01.06.2025].
- Bezemer, T. M. and Mills, N.J. 2003. Clutch size decisions of a gregarious parasitoid under laboratory and field conditions. *Animal Behaviour*, 66(6): 1119-1128.
- Chen, H.Y., Li, H.L., Pang, H., Zhu, C.D. and Zhang, Y.Z. 2021. Investigating the Parasitoid community associated with the invasive mealybug *Phenacoccus solenopsis* in Southern China. *Insects*, 12(4): 290.
- Chu Dong, C.D., Liu, G.X., Fu, H.B. and Xu, W. 2009. Phylogenetic analysis of mt-COI reveals the cryptic lineages in *Phenacoccus solenopsis* complex (Hemiptera: Pseudococcidae). *Acta Entomologica Sinica*, 52(11): 1261-1265.
- Culik, M.P. and Gullan, P.J. 2016. A new pest of tomato and other records of mealybugs (Hemiptera: Pseudococcidae) from Espirito Santo, Brazil. *Zootaxa*, 964: 1-8.

- Çalışkan, A.F. and Ulusoy, M.R. 2018. Distribution, host plants, parasitoids, and predators of cotton mealybug. *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Coccoidea: Pseudococcidae) from Eastern Mediterranean region. In 4th International Agriculture Congress. 252 p, 05-08 July 2018, Nevşehir, Turkey.
- Dhawan, A.K., Singh, K., Saini, S., Mohindru, B., Kaur, A., Singh, G. and Singh, S. 2007. Incidence and damage potential of mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley on cotton in Punjab. *Indian Journal of Ecology*, 34(2): 166-172.
- Douglas, A.E. 1998. Nutritional interactions in insect-microbial symbioses: aphids and their symbiotic bacteria Buchnera. *Annual Review of Entomology*, 43(1): 17-37.
- Downie, D.A. and Gullan, P.J. 2005. Phylogenetic congruence of mealybugs and their primary endosymbionts. *Journal of Evolutionary Biology*, 18: 315-324.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*.
- Fand, B.B., Suroshe, S.S. and Gautam, R.D. 2013. Fortuitous biological control of insect pests and weeds: a critical review. *The Bioscan*, 8(1): 1-10.
- Fand, B.B., Tonnang, H.E., Kumar, M., Bal, S.K., Singh, N.P., Rao, D.V.K.N., Kamble, A.L., Nangare, D.D. and Minhas, P.S. 2014. Predicting the impact of climate change on regional and seasonal abundance of the mealybug *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae) using temperature-driven phenology model linked to GIS. *Ecological Modelling*, 288: 62-78.
- Frankham, R., Ballou, J. D. and Briscoe, D. A. 2010. Introduction to Conservation Genetics (2nd ed.). Cambridge University Press.
- Fuchs, T.W., Stewart, J.W., Minzenmayer, R. and Rose, M. 1991. First record of *Phenacoccus solenopsis* Tinsley in cultivated cotton in the United States. *Southwestern Entomologist*, 16(3): 215-221.
- García Morales, M., Denno, B.D., Miller, D.R., Miller, G.L, Ben-Dov, Y. and Hardy, N.B. 2016. ScaleNet: a literature-based model of scale insect biology and systematics. Database, 2016, bav118.
- Görür, S.E. and Karut, K. 2021. Pamuk unlubiti, *Phenacoccus solenopsis* (Hemiptera: Pseudococcidae)'in *Chrysoperla carnea* (Neuroptera: Chrysopidae) ile biyolojik mücadelesi üzerine araştırmalar. *Türkiye Biyolojik Mücadele Dergisi*, 12(2): 109-119.
- Gruwell, M.E., Hardy, N.B., Gullan, P.J. and Dittmar, K. 2010. Evolutionary relationships among primary endosymbionts of the mealybug subfamily Phenacoccinae (Hemiptera: Coccoidea: Pseudococcidae). *Applied and Environmental Microbiology*, 76(22): 7521-7525.
- Gullan, P.J. and Cook, L.G. 2007. Phylogeny and higher classification of the scale insects (Hemiptera: Sternorrhyncha: Coccoidea). *Zootaxa*, 1668: 413-425.
- Hartl, D.L. and Clark, A.G. 2007. Principles of Population Genetics (4th ed.). Sinauer Associates.
- Hodgson, C., Abbas, G., Arif, M.J., Saeed, S. and Karar, H. 2008. *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Sternorrhyncha: Coccoidea: Pseudococcidae), an invasive

- mealybug damaging cotton in Pakistan and India, with a discussion on seasonal morphological variation. *Zootaxa*, 1913(1): 1-35.
- Hurst, G.D.D., Johnson, A.P., Schulenburg, J.H.G. and Fuyama, Y. 2000. Male-Killing *Wolbachia* in *Drosophila*: A Temperature-Sensitive Trait With a Threshold Bacterial Density. *Genetics*, 156(2): 699-709.
- Jhala, R.C., Bharpoda, T.M. and Patel, M.G. 2008. *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae), the mealy bug species recorded first time on cotton and its alternate host plants in Gujarat, India. *Uttar Pradesh Journal of Zoology*, 28(3): 403-406.
- Kahya, D., Ulusoy, M.R. and Keçe, A.F.Ç. 2019. The determination of host biological stages preferred by *Aenasius arizonensis* Girault (Hymenoptera: Encyrtidae) 'in parasitization of *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae). *Türkiye Biyolojik Mücadele Dergisi*, 10(2): 104-110.
- Kahya, D. 2020. Pamuk Unlubiti, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae) ile Parazitoiti *Aenasius Arizonensis* Girault (Hymenoptera: Encyrtidae)' in Bazı Biyolojik Özellikleri Üzerinde Araştırmalar. Doktora tezi, Çukurova Üniversitesi, Adana, 100 s.
- Kantheti, P., Jayarama, K.S. and Chandra, H.S. 1996. Developmental analysis of a female-specific 16S rRNA gene from mycetome-associated endosymbionts of a mealybug, *Planococcus lilacinus*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 26(10): 997-1009.
- Kaydan M.B., Çalışkan A.F. and Ulusoy, M.R. 2013. New record of invasive mealybug *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae) in Turkey. *EPPO Bulletin*, 43(1): 169-171.
- Kaydan, M.B., Akköprü, E.P., Yerlikaya, H. and da Silva, V.C.P. 2023. Molecular and morphological studies on the genus *Pseudococcus* Westwood (Hemiptera: Coccoomorpha: Pseudococcidae) in Turkey. *Journal of Insect Biodiversity*, 38(2): 24-36.
- Keçe, A.F.Ç. 2019. Life table parameters of cotton mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley, 1898 (Hemiptera: Pseudococcidae) on four different plants. *Turkish Journal of Entomology*, 43(3): 271-278.
- Kosztarab, M. 1996. Scale insects of northeastern North America: identification, biology, and distribution. Martinsville, USA: Virginia Museum of Natural History, vii + 650 pp.; 34 pp. of ref.
- Kousar, T., Sahito, H.A., Jatoi, F.A., Hussain, Z., Shah, Z.H. and Mangrio, W.M. 2016. Resistant insecticides of cotton mealybug, *Phenacoccus solenopsis* (Tinsley) under laboratory conditions. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 4(6): 355-359.
- Li, M., Tong, H., Wang, S., Ye, W., Li, Z., Omar, M.A., Ao, Y., Ding, S., Li, Z., Wang, Y., Yin, C., Zhao, X., He, K., Liu, F., Chen, X., Mei, Y., Walters, J.R., Jiang, M. and Li, F. 2020. A chromosome-level genome assembly provides new insights into paternal genome elimination in the cotton mealybug *Phenacoccus solenopsis*. *Molecular Ecology Resources*, 20(6): 1733-1747.

- Lin, D., Zhang, L., Shao, W., Li, X., Liu, X., Wu, H. and Rao, Q. 2019. Phylogenetic analyses and characteristics of the microbiomes from five mealybugs (Hemiptera: Pseudococcidae). *Ecology and Evolution*, 9(4): 1972-1984.
- Lowry, D.B., Hoban, S., Kelley, J.L., Lotterhos, K.E., Reed, L.K., Antolin, M.F. and Storfer, A. 2017. Breaking RAD: an evaluation of the utility of restriction site-associated DNA sequencing for genome scans of adaptation. *Molecular Ecology Resources*, 17(2): 142-152.
- Ma, L., Cao, L.J., Gong, Y.J., Hoffmann, A.A., Zeng, A.P., Wei, S.J. and Zhou, Z.S. 2019. Development of novel microsatellites for population genetic analysis of *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae) based on genomic analysis. *International Journal of Biological Macromolecules*, 121: 1135-1144.
- Ma, L., Cao, L.J., Hoffmann, A.A., Gong, Y.J., Chen, J.C., Chen, H.S., Wang, X.B., Zeng, A.P., Wei, S.J. and Zhou, Z. S. 2020. Rapid and strong population genetic differentiation and genomic signatures of climatic adaptation in an invasive mealybug. *Diversity and Distributions*, 26(5): 610-622
- Mani, M. and Shivaraju, C. 2016. Mode of Spread of Mealybugs. In: Mani, M., Shivaraju, C. (eds) *Mealybugs and their Management in Agricultural and Horticultural Crops*. Springer, New Delhi, pp 113-116.
- McKenzie, H.L. 1961. Second taxonomic study of California mealybugs, with descriptions of new species (Homoptera: Coccoidea: Pseudococcidae). *Hilgardia*, 31: 1-52.
- Montllor, C.B., Maxmen, A. and Purcell, A.H. 2002. Facultative bacterial endosymbionts benefit pea aphids *Acyrtosiphon pisum* under heat stress. *Ecological Entomology*, 27(2): 189:195.
- Munson, M.A., Baumann, P. and Morant, N.A. 1992. Phylogenetic relationships of the endosymbionts of mealybugs (Homoptera: Pseudococcidae) based on 16S rDNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 1(1): 26-30.
- Nagrare, V.S., Kranthi, S., Biradar, V.K., Zade, N.N., Sangode, V., Kakde, G., Shukla, R.M., Shivare, D., Khadi, B.M. and Kranthi, K.R. 2009. Widespread infestation of the exotic mealybug species, *Phenacoccus solenopsis* (Tinsley) (Hemiptera: Pseudococcidae), on cotton in India. *Bulletin of Entomological Research*, 99(5): 537-541.
- Oliver, K.M., Russell, J.A., Moran, N.A. and Hunter, M.S. 2003. Facultative bacterial symbionts in aphids confer resistance to parasitic wasps. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100(4): 1803-1807.
- Pacheco da Silva, V.C., Bertin, A., Blin, A., Germain, J.F., Bernardi, D., Rignol, G., Botton, M. and Malausa, T. 2014. Molecular and morphological identification of mealybug species (Hemiptera: Pseudococcidae) in Brazilian vineyards. *PloS One*, 9(7): e103267.
- Paul, M. and Paul, N. 2024. Analysis of the insecticidal effect of botanical extracts on mealybugs (*Phenacoccus solenopsis*) *International Journal of Science and Research Archive*, 12(01): 331-338.

- Peterson, B. K., Weber, J. N., Kay, E. H., Fisher, H. S., & Hoekstra, H. E. 2012. Double digest RADseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLoS ONE*, 7(5), e37135.
- Prasad, Y.G., Prabhakar, M., Sreedevi, G., Rao, G.R. and Venkateswarlu, B. 2012. Effect of temperature on development, survival and reproduction of the mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae) on cotton. *Crop Protection*, 39: 81-88.
- Pujolar, J.M., Jacobsen, M.W., Als, T.D., Frydenberg, J., Munch, K., Jonsson, B., Jian, J.B., Cheng, L., Maes, G.E., Bernatchez, L. and Hansen, M. M. 2014. Genome-wide single-generation signatures of local selection in the panmictic European eel. *Molecular Ecology*, 23(10): 2514-2528.
- Rana, V.S., Singh, S.T., Priya, N.G., Kumar, J. and Rajagopal, R. 2012. *Arsenophonus* GroEL interacts with CLCuV and is localized in midgut and salivary gland of whitefly *B. tabaci*. *PLoS One*, 7(8): e42168.
- Ricupero, M., Biondi, A., Russo, A., Zappalà, L. and Mazzeo, G. 2021. The cotton mealybug is spreading along the Mediterranean: first pest detection in Italian tomatoes. *Insects*, 12(8): 675.
- Rizvi, S.A.H., Ikhtlaq, M.N., Jaffar, S. and Hussain, S. 2015. Efficacy of some selected synthetic chemical insecticides and bio-pesticides against cotton mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Sternorrhyncha: Pseudococcidae) under agro ecological conditions of Peshawar. *Pakistan. Journal of Entomology and Zoology Studies*, 3(6): 223-231.
- Sahito, H.A., Abro, G.H., Syed, T.S., Memon, S.A., Mal, B. and Kaleri, S. 2011. Screening of pesticides against cotton mealybug *Phenacoccus solenopsis* Tinsley and its natural enemies on cotton crop. *International Research Journal of Biochemistry and Bioinformatics*, 19: 232-236.
- Sharma, S.S. 2007. *Aenasius* sp. nov. effective parasitoid of mealy bug (*Phenacoccus solenopsis*) on okra. *Haryana Journal of Horticultural Sciences*, 36(3/4): 412.
- Shigenobu, S., Watanabe, H., Hattori, M., Sakaki, Y. and Ishikawa, H. 2000. Genome sequence of the endocellular bacterial symbiont of aphids *Buchnera* sp. APS. *Nature*, 407(6800): 81-86.
- Singh, S., Sharma, R., Kumar, R., Gupta, V.K., and Dilawari, V.K. 2012. Molecular typing of mealybug *Phenacoccus solenopsis* populations from different hosts and locations in Punjab, India. *Journal of Environmental Biology*, 33(3): 539-543.
- Singh, S.T., Kumar, J., Thomas, A., Ramamurthy, V.V. and Rajagopal, R. 2013. Detection and Localization of *Rickettsia* sp in Mealybug. *Environmental Entomology*, 42(4): 711-716.
- Spodek, M., Ben-Dov, Y., Mondaca, L., Protasov, A., Erel, E. and Mendel, Z. 2018. The cotton mealybug, *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae) in Israel: pest status, host plants and natural enemies. *Phytoparasitica*, 46: 45-55.
- Tinsley, J. D., 1898. Notes on Coccidae, with descriptions of new species. *The Canadian Entomologist*, 30 (12): 317-320.

- Thomas, A. and Ramamurthy, V.V. 2014. Morphological and molecular studies on the intraspecific variations between populations of the cotton mealybug *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae). *Entomological News*, 123(5): 339-347.
- Ülgentürk, S., Ercan, C., Yaşar, B. and Kaydan, M.B. 2022. Checklist of Turkish Coccoidea (Hemiptera: Sternorrhyncha) species. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, 23 (Special Issue: Biodiversity of Insect): 113-129.
- Von Dohlen, C.D., Kohler, S., Alsop, S.T. and McManus, W.R. 2001. Mealybug β -proteobacterial endosymbionts contain γ -proteobacterial symbionts. *Nature*, 412(6845): 433-436.
- Waqas, M. S., Shi, Z., Yi, T. C., Xiao, R., Shoaib, A. A., Elabasy, A. S., & Jin, D. C. 2021. Biology, ecology, and management of cotton mealybug *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae). *Pest Management Science*, 77(12), 5321-5333.
- Williams, D.J. and Granara de Willink, M.C. 1992. Mealybugs of Central and South America. London, pp 635.
- Yerlikaya, H., Başpınar, H., Uygun, N. and Kaydan, M.B. 2023. Mealybug (Hemiptera: Pseudococcidae) predators of the family Coccinellidae (Coleoptera) from Aydın Province, Türkiye. *Türkiye Biyolojik Mücadele Dergisi*, 14(1): 54-62.
- Zala, P., Jayswal, S. and Maitreya, B. 2021. A Review on Cotton Mealybug (*Phenacoccus solenopsis* Tinsley) and their Management by Botanical Based Insecticides. *Research and Reviews: Journal of Environmental Sciences*, 3(2): 1-15.
- Zhang, Y.C., Cao, W.J., Zhong, L.R., Godfray, H.C.J. and Liu, X.D. 2016. Host plant determines the population size of an obligate symbiont (*Buchnera aphidicola*) in aphids. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(8): 2336-2346.
- Zhou, A., Lu, Y., Zeng, L., Xu, Y. and Liang, G. 2012. Does mutualism drive the invasion of two alien species? The case of *Solenopsis invicta* and *Phenacoccus solenopsis*. *PloS One*, 7(7): e41856.

7. EKLER

Ek.1. Örnekleme yapılan yerlerin bilgileri

İl	İlçe	GPS Enlem	GPS Boylam	Konukçu Bitki	Örneğin alındığı tarih
Antalya	Aksu/ Kumköy	36,90016	30,93105	Pamuk (<i>Gossypium hirsutum</i>)	06.09.2023
	Aksu/ Boztepe	36.92024	30.91657		20.08.2024
	Konyaltı/ Pınarbaşı	36,89930	30,65028	Mine Çalısı (<i>Lantana camara</i>)	15.09.2023
	Muratpaşa	36,88416	30,68784		16.09.2023
	Kepez/ Göçerler	36,94830	30,64334		04.08.2023
	Kepez/ Fabrikalar	36,91066	30,67742		04.08.2023
Aydın	Söke/ Akçakonak	37,69568	27,38194	Pamuk (<i>G. hirsutum</i>)	22.07.2024
	Söke/ Akburgazı	37,61027	27,27344		22.07.2024
	Söke/ Gölkent	37,62587	27,33130		22.07.2024
	Söke/ Güzelbahçe	37,62774	27,33200		22.07.2024
	Nazilli/ Sümer	37,86954	28,32754	Kanada Şifa Otu (<i>Erigeron canadensis</i>)	05.09.2024
	Söke/ Gölbent	37,64088	27,37117		22.07.2024
	Nazilli/ Sümer	37,86954	28,32754	Pamuk (<i>G.hirsutum</i>)	05.09.2024
Denizli	Sarayköy/ Sığma	37,92479	28,95906	Pamuk (<i>G.hirsutum</i>)	11.08.2023
	Sarayköy/ Adaköy	37,95887	29,00747		11.08.2023
	Buldan/ Mahmutlu	38,00057	28,95653		14.08.2023
	Buldan/ Yenicekent	38,01388	28,94400		14.08.2023
	Merkezefendi / Yenişafak	37,80731	29,04538	Bamya (<i>Abelmoschus esculentus</i>)	03.09.2023
	Merkezefendi / Karahasanlı	37,80666	29,02386	Akşamsefası (<i>Mirabilis jalapa</i>)	14.08.2023
	Merkezefendi / Gerzele	37,74212	29,04862		25.09.2023

Ek.1'in devamı

Denizli	Merkezefendi / Saruhan	37,80025	28,98068	Akşamsefası (<i>M. jalapa</i>)	01.09.2023
	Merkezefendi / Kumkısıık	37,86589	29,02771	Semizotu (<i>P. oleracea</i>)	14.08.2023
	Merkezefendi / Akçeşme	37,81165	29,06895		30.08.2024
	Merkezefendi / Kumkısıık	37,86559	29,02929	Domates (<i>Solanum lycopersicum</i>)	19.08.2023
	Merkezefendi / Karahasanlı	37,80673	29,02435		03.09.2023

ÖZGEÇMİŞ

Merve AYGÜN

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans 2022-2025	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki Koruma Anabilim Dalı, Antalya
Lisans 2017-2021	Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Kırşehir

ESERLER

Ulusal hakemli dergilerde yayımlanan makaleler

Ehsas, P., Aygün, M., İkten, C. and Tosun, H.Ş. 2024. Assembly and annotation of the first complete mitochondrial genome of *Phenacoccus solenopsis* Tinsley (Hemiptera: Pseudococcidae). *Mediterranean Agricultural Sciences*, 37(2): 67-71.