

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**BATI AKDENİZ FAUNASINDAN TOPLANAN CICADELLIDAE
(HEMIPTERA) FAMILİYASINA AİT BAZI TÜRLERİN MORFOLOJİK
TEŞHİSİ VE MOLEKÜLER BARKODLANMASI**

Esra BÖLÜCEK

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİTKİ KORUMA

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

ŞUBAT 2024

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**BATI AKDENİZ FAUNASINDAN TOPLANAN CICADELLIDAE
(HEMIPTERA) FAMILİYASINA AİT BAZI TÜRLERİN MORFOLOJİK
TEŞHİSİ VE MOLEKÜLER BARKODLANMASI**

Esra BÖLÜCEK

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİTKİ KORUMA

ANABİLİM DALI

DOKTORA TEZİ

ŞUBAT 2024

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BATI AKDENİZ FAUNASINDAN TOPLANAN CICADELLIDAE
(HEMIPTERA) FAMILYASINA AİT BAZI TÜRLERİN MORFOLOJİK
TEŞHİSİ VE MOLEKÜLER BARKODLANMASI**

Esra BÖLÜCEK
BİTKİ KORUMA
ANABİLİM DALI
DOKTORA TEZİ

Bu tez 22/02/2024 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Doç. Dr. Cengiz İKTEN (Danışman)
Prof. Dr. Bülent UZUN
Prof. Dr. Rüstem HAYAT
Prof. Dr. Sibel YORULMAZ
Doç. Dr. Fatih DAĞLI

ÖZET

BATI AKDENİZ FAUNASINDAN TOPLANAN CICADELLIDAE (HEMIPTERA) FAMILYASINA AİT BAZI TÜRLERİN MORFOLOJİK TEŞHİSİ VE MOLEKÜLER BARKODLANMASI

Esra BÖLÜCEK

Doktora Tezi, Bitki Koruma Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Cengiz İKTEN

Şubat 2024; 128 sayfa

Antalya, Burdur ve Isparta illerinden 2018-2020 yılları arasında toplanan Cicadellidae türlerinin morfolojik ve moleküler teşhis çalışmaları yapılmıştır. Morfolojik sistematikte, teşhiste kullanılan morfolojik karakterler fotoğraflandıktan sonra teşhisleri klasik yöntemlerle yapılmıştır. Moleküler sistematik ise, DNA barkodlama yöntemi ile mitokondriyal COI gen bölgesi ve tüm mitokondriyal genom dizileri yeni nesil dizileme yöntemi ile elde edilmiştir.

Bu tez çalışmasında *Aconurella prolixa*, *Aphrodes bicinctus*, *Artianus manderstjernii*, *Austroagallia sinuata*, *Balclutha hebe*, *Balclutha* sp., *Deltocephalus pulicaris*, *Doratura homophyla*, *Eupelix cuspidata*, *Euscelidius schenckii*, *Exitianus capicola*, *Fieberiella macchiae*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Neoliturus fenestratus*, *Orosius albicinctus*, *Phlepsius intricatus*, *Psammotettix* sp., *Selenocephalus ankarae* ve *Thamnotettix zelleri* olmak üzere 19 türe yer verilmiştir.

Çalışma sonucunda, *Artianus manderstjernii*, *Euscelidius schenckii*, *Fieberiella macchiae*, *Phlepsius intricatus* ve *Selenocephalus ankarae* ve *Thamnotettix zelleri* türlerine ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir. COI barkod bölgesi elde edilen *Deltocephalus pulicaris*, *Doratura homophyla*, *Exitianus capicola*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Neoliturus fenestratus* ve *Orosius albicinctus* türlerine ait BLAST analizi sonucunda, elde edilen dizilimin veri tabanında tür düzeyinde diğer çalışmalar ile tutarlılık göstermesi nedeniyle COI gen bölgesinin bu türlerin tanımlamasında kullanılabileceği görülmüştür. *Artianus manderstjernii*, *Deltocephalus pulicaris*, *Euscelidius schenckii*, *Exitianus capicola*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Phlepsius intricatus*, *Selenocephalus ankarae* ve *Thamnotettix zelleri* türleri için NCBI gen veri tabanında tüm mitokondriyal genomu ait sekans dizilimine rastlanmamıştır, türlere ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir. *Austroagallia sinuata*, *Balclutha hebe*, *Fieberiella macchiae*, *Neoliturus fenestratus* ve *Psammotettix* sp. türlerine ait ise parçalı mitokondriyal genom bilgisi elde edilmiştir.

ANAHTAR KELİMELE: Cicadellidae, NGS, COI, Mitokondriyal genom

JÜRİ: Doç. Dr. Cengiz İKTEN

Prof. Dr. Bülent UZUN

Prof. Dr. Rüstem HAYAT

Prof. Dr. Sibel YORULMAZ

Doç. Dr. Fatih DAĞLI



ABSTRACT

MORPHOLOGICAL IDENTIFICATION AND MOLECULAR BARCODING OF SOME SPECIES BELONGING TO THE CICADELLIDAE (HEMIPTERA) FAMILY COLLECTED FROM THE WESTERN MEDITERRANEAN FAUNA

Esra BÖLÜCEK

PhD Thesis in Plant Protection

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Cengiz İKTEN

February 2024; 128 pages

Morphological and molecular diagnostic studies were carried out on the family Cicadellidae species collected from Antalya, Isparta, and Burdur provinces between 2018 and 2020. Morphological analyses involved photographing morphological characters used in diagnosis, followed by conventional methods. Molecular systematic methods, on the other hand, utilized the DNA barcoding technique to obtain mitochondrial COI gene region and entire mitochondrial genome sequences were obtained by using next-generation sequencing method.

In this thesis 19 species are included: *Aconurella prolixa*, *Aphrodes bicinctus*, *Artianus manderstjernii*, *Austroagallia sinuata*, *Balclutha hebe*, *Balclutha sp.*, *Deltocephalus pulicaris*, *Doratura homophyla*, *Eupelix cuspidata*, *Euscelidius schenckii*, *Exitianus capicola*, *Fieberiella macchiae*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Neoaliturus fenestratus*, *Orosius albicinctus*, *Phlepsius intricatus*, *Psammotettix sp.*, *Selenocephalus ankarae* and *Thamnotettix zelleri*.

The results of the study revealed that the COI barcode regions were obtained for the first time for *Artianus manderstjernii*, *Euscelidius schenckii*, *Fieberiella macchiae*, *Phlepsius intricatus*, *Selenocephalus ankarae* and *Thamnotettix zelleri* species. BLAST analysis of *Deltocephalus pulicaris*, *Doratura homophyla*, *Exitianus capicola*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Neoaliturus fenestratus* and *Orosius albicinctus* species, from which the COI barcode region was obtained, showed consistency with other studies at the species level in the database. It has been observed that COI gene region can be used in the identification of these species. Furthermore, complete mitochondrial genome sequences specific to *Artianus manderstjernii*, *Deltocephalus pulicaris*, *Euscelidius schenckii*, *Exitianus capicola*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Phlepsius intricatus*, *Selenocephalus ankarae* and *Thamnotettix zelleri* species were not found in the NCBI gene database, and whole mitochondrial sequence information specific to these species was obtained for the first time through this thesis. Partial mitochondrial genome information was also obtained for *Austroagallia sinuata*, *Balclutha hebe*, *Fieberiella macchiae*, *Neoaliturus fenestratus* and *Psammotettix sp.* species.

KEYWORDS: Cicadellidae, NGS, COI, Mitochondrial genome

COMMITTEE: Assoc. Prof. Dr. Cengiz İKTEN

Prof. Dr. Bülent UZUN

Prof. Dr. Rüstem HAYAT

Prof. Dr. Sibel YORULMAZ

Assoc. Prof. Dr. Fatih DAĞLI



ÖNSÖZ

Doktora çalışmamın her aşamasında değerli bilgilerini, tecrübelerini ve yardımlarını esirgemeyen danışman hocam Doç. Dr. Cengiz İKTEN'e sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Tez izleme komitesinde bulunan Prof. Dr. Bülent UZUN ve Doç. Dr. Fatih DAĞLI hocalarıma değerli katkılarından dolayı şükranlarımı sunarım. Tez savunma sınavımda yer alarak beni şereflendiren Prof. Dr. Rüstem HAYAT ve Prof. Dr. Sibel YORULMAZ hocalarıma en içten teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmamın bütün aşamalarında her zaman yanımda olan ve her konuda yardımcı olan değerli arkadaşım Arş. Gör. Dr. Hilal Şule TOSUN'a çok teşekkür ediyorum. Desteğini esirgemeyen ve fotoğraflarımın düzenlenmesinde yardımcı olan değerli arkadaşım Dr. Öğr. Üyesi İnci ŞAHİN NEĞİŞ'e teşekkür ederim.

Sevgi ve desteklerini hayatım boyunca hissettiğim beni hiç yalnız bırakmayan güzel ailemin tüm fertlerine, özellikle hep yanımda olan sevgili eşim Cemal'e, bu süreçte yaşının çok ötesinde bir olgunlukla bana anlayış gösteren canım kızım Hacer Bilge'ye çok teşekkür ederim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ.....	v
AKADEMİK BEYAN	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	ix
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiv
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI.....	6
2.1. Cicadellidae familyasına ait taksonomik çalışmalar.....	6
2.2. Cicadellidae familyasına ait moleküler çalışmalar.....	9
3. MATERYAL VE METOD	13
3.1. Materyal.....	13
3.1.1. Böcek materyali.....	13
3.1.2. Moleküler ve morfolojik çalışmalara ait materyal.....	15
3.2. Metot.....	16
3.2.1. Örneklerin hazırlanması.....	16
3.2.2. DNA izolasyonu	16
3.2.3. COI bölgelerinin çoğaltılması	17
3.2.4. Yeni nesil dizileme kütüphanelerin oluşturulması	19
3.2.5. Filogenetik analizler	19
3.2.3. Biyoinformatik analizler.....	19
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	21
4.1. Morfolojik-Moleküler Bulgular ve Tartışma	21
4.2. Tez Çalışmasında Elde Edilen Türler ile GenBanktan Alınan Örneklerin Filogenetik Analizi.....	115
5. SONUÇLAR	116
6. KAYNAKLAR	118
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Doktora Tezi olarak sunduğum “**Batı Akdeniz Faunasından Toplanan Cicadellidae (Hemiptera) Familyasına ait Bazı Türlerin Morfolojik Teşhisi ve Moleküler Barkodlanması**” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

22/02/2024

Esra BÖLÜCEK



SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

%	: Yüzde
&	: ve
°C	: Santigrat derece
µL	: Mikrolitre
3'	: Üç üssü
+4	Artı dört
5'	: Beş üssü

Kısaltmalar

A	: Adenin
C	: Sitozin
G	: Guanin
T	: Timin
bç	: Baz çifti
COI	: Sitokrom oksidaz I
CTAB	: Cetyltrimethyl-ammonium bromide
DNA	: Deoksiribo nükleik asit
dNTP	: Deoxynucleotide
EDTA	: Etilendiamin tetraasetik asit
EtBr	: Ethidium bromide
F	: Forward
g	: Gram
L	: Litre

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Böcek mitokondriyal genomuna ait genler (Cameron 2014)	4
Şekil 3.1. Arazi çalışması; a) Korkuteli ilçesinde buğday tarlasında atrap ile örneklerin toplanması; b) Bucak ilçesinde yonca tarlasından atrap ile örneklerin toplanması; c) Gelendost ilçesinde elma bahçesinde atrap içerisinde hedef türlerin ağız aspiratörü ile ayrıştırılması; d) Eğirdir ilçesinde elma bahçesinden atrap ile örneklerin toplanması.....	14
Şekil 3.2. a) Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Entomoloji 2 laboratuvarı genel görünümü; b) Moleküler çalışmalarda kullanılan PCR cihazı; c) Görüntüleme cihazı d) Ultrasonik banyo e) Kuru Blok Isıtıcı.....	15
Şekil 4.1. <i>Aconurella prolixa</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus; d) stilus; e) Aedeagus	23
Şekil 4.2. Mega X programı ile yapılan <i>Aconurella</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	24
Şekil 4.3. <i>Aconurella prolixa</i> mitokondriyal genom anotasyonu 5,357 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	26
Şekil 4.4. <i>Aphrodes bicinctus</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c); d) Aedeagus; e) Stilus; f) Aedeagus	28
Şekil 4.5. Mega X programı ile yapılan <i>Aphrodes</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	30
Şekil 4.6. <i>Aphrodes bicinctus</i> mitokondriyal genomuna (14,634 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen).....	31
Şekil 4.7. <i>Aphrodes bicinctus</i> mitokondriyal genom anotasyonu 14,634 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	32
Şekil 4.8. <i>Artianus manderstjernii</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c); d); e); f); g) Aedeagus görünüşü; h) Erkek genital kapsül posteriör görünüşü; k) Aedeagus, konnektif ve stilus.....	34
Şekil 4.9. <i>Artianus manderstjernii</i> mitokondriyal genomuna (15,259 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)	36
Şekil 4.10. <i>Artianus manderstjernii</i> tüm mitokondriyal genom anotasyonu 15,259 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	37

Şekil 4.11. <i>Austroagallia sinuata</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus dorsal görünüşü d) Stilus; e) Aedeagus lateral görünüşü.....	39
Şekil 4.12. Mega X programı ile yapılan <i>Austroagallia</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	40
Şekil 4.13. <i>Austroagallia sinuata</i> mitokondriyal genom anotasyonu 5,199 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	42
Şekil 4.14. <i>Balclutha hebe</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus; d) stilus; e) Aedeagus	44
Şekil 4.15. Mega X programı ile yapılan <i>Balclutha</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	45
Şekil 4.16. <i>Balclutha hebe</i> mitokondriyal genom anotasyonu 5,285 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri.....	46
Şekil 4.17. <i>Balclutha sp.</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Konnektif, stilus ve aedeagus; d) Aedeagus	47
Şekil 4.18. Mega X programı ile yapılan <i>Balclutha</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	48
Şekil 4.19. <i>Balclutha sp.</i> mitokondriyal genom anotasyonu 12,955 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri.....	50
Şekil 4.20. <i>Deltocephalus pulicaris</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Konnektif ve aedeagus; d) Aedeagus; e) stilus.....	52
Şekil 4.21. Mega X programı ile yapılan <i>Deltocephalus</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	53
Şekil 4.22. <i>Deltocephalus pulicaris</i> türüne ait mitokondriyal genomunun (15,263 bç) MİTOS programı ile tahmin edilen gen içeriğine ait bilgiler	55
Şekil 4.23. <i>Deltocephalus pulicaris</i> mitokondriyal genom anotasyonu 15,263 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	56
Şekil 4.24. <i>Doratura homophyla</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus; d) Stilus e) Konnektif ve stilus; f) Aedeagus	58
Şekil 4.25. Mega X programı ile yapılan <i>Doratura</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	59

Şekil 4.26. <i>Doratura homophyla</i> mitokondriyal genom anotasyonu a) 9,381 bç dizilime ait MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) 6,214 bç dizilime ait MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; c) 9,381 bç dizilime ait GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri; d) 6,214 bç dizilime ait GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	61
Şekil 4.27. <i>Eupelix cuspidata</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus, stereo mikroskobu ile lateral görünüşü; d) Aedeagus, ışık mikroskobu ile lateral görünüşü; e) Stilus lateral görünüşü; f) Aedeagus, konnektif ve stilus; g) Ön kanat h) Baş	63
Şekil 4.28. Mega X programı ile yapılan <i>E. cuspidata</i> türünün COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	64
Şekil 4.29. <i>Eupelix cuspidata</i> mitokondriyal genomuna (14,891 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen).....	66
Şekil 4.30. <i>Eupelix cuspidata</i> mitokondriyal genomunun anotasyonu a) GenBankası'ndan alınan NC_085839.1 kayıt numaralı <i>Eupelix cuspidata</i> örneğine ait tüm mitokondriyal genomunun protein kodlayan genlerin ve tRNA bölgelerinin genel sıralanışını gösteren fiziksel harita. Mevcut çalışmada elde edilen dizilimin 14,891bç; b) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; c) GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	67
Şekil 4.31. <i>Euscelidius schenckii</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus dorsal görünüşü; d) Aedeagus dorsal görünüşü; e) Aedeagus lateral görünüşü; f) Stilus lateral görünüşü; g) Aedeagus, konnektif ve stilus	69
Şekil 4.32. Mega X programı ile yapılan <i>Euscelidius</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	70
Şekil 4.33. <i>Euscelidius schenckii</i> mitokondriyal genomuna (13,509 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)	71
Şekil 4.34. <i>Euscelidius schenckii</i> mitokondriyal genom anotasyonu 13,509 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	72
Şekil 4.35. <i>Exitianus capicola</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Konnektif ve stilus görünüşü; d); e) Aedeagus lateral görünüşü.....	74
Şekil 4.36. Mega X programı ile yapılan <i>Exitianus</i> cinslerine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	75
Şekil 4.37. <i>Exitianus capicola</i> mitokondriyal genom anotasyonu 15,495 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	76

Şekil 4.38. <i>Fieberiella macchiaie</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus; d) Stilus; e) Konnektif ve stilus; f) Aedeagus	78
Şekil 4.39. Mega X programı ile yapılan <i>Fieberiella</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	79
Şekil 4.40. <i>Fieberiella macchiaie</i> mitokondriyal genom anotasyonu a) 5,190 bç dizilime ait MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) 3,187 bç dizilime ait MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; c) 5,190 bç dizilime ait GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	80
Şekil 4.41. <i>Goniagnathus guttulinervis</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c); d); e)Aedeagus; f) Stilus	82
Şekil 4.42. Mega X programı ile yapılan <i>Goniagnathus</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	83
Şekil 4.43. <i>Goniagnathini guttulinervis</i> mitokondriyal genomunun (15,435 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen).....	84
Şekil 4.44. <i>Goniagnathini guttulinervis</i> mitokondriyal genom anotasyonu 15,433bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	85
Şekil 4.45. <i>Neoliturus fenestratus</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c)Aedeagus ve konnektif görünüşü; d) Aedeagus görünüşü.....	87
Şekil 4.46. Mega X programı ile yapılan <i>Neoliturus</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	88
Şekil 4.47. <i>Neoliturus fenestratus</i> mitokondriyal genom anotasyonu 6,983 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	90
Şekil 4.48. <i>Orosius albicinctus</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus; d) Stilus; e) Aedeagus; f) Aedeagus ve konnektif.....	92
Şekil 4.49. Mega X programı ile yapılan <i>Orosius</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	93
Şekil 4.50. <i>Orosius albicinctus</i> mitokondriyal genomuna (13,620 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)	95
Şekil 4.51. <i>Orosius albicinctus</i> mitokondriyal genomunun anotasyonu a) Genbankasından alınan NC_066176.1 kayıt numaralı <i>Orosius albicinctus</i> örneğine ait tüm mitokondriyal genomunun protein kodlayan genlerin ve tRNA bölgelerinin genel sıralanışını gösteren fiziksel harita. Mevcut çalışmada elde edilen dizilimin 13,620 bç; b) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; c) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	96

Şekil 4.52. <i>Phlepsius intricatus</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c); d); e) Aedeagus lateral görünüşü	98
Şekil 4.53. Mega X programı ile yapılan <i>Phlepsius</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	99
Şekil 4.54. <i>Phlepsius intricatus</i> mitokondriyal genom anotasyonu 13,084 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	100
Şekil 4.55. <i>Psamnotettix</i> sp. a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c)Konnektif; d)stilus; e) Aedeagus	101
Şekil 4.56. <i>Psamnotettix</i> sp. mitokondriyal genom anotasyonu 5,692 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen protein kodlayan gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin tRNA bölgeleri	104
Şekil 4.57. <i>Selenocephalus ankarae</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Konnektif, stilus ve aedeagus; d); e) Aedeagus.....	106
Şekil 4.58. Mega X programı ile yapılan <i>Selenocephalus</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	107
Şekil 4.59. <i>Selenocephalus ankarae</i> türüne ait mitokondriyal genomu (14,603 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen).....	108
Şekil 4.60. <i>Selenocephalus ankarae</i> mitokondriyal genom anotasyonu 14,603 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA gen bölgeleri	109
Şekil 4.61. <i>Thamnotettix zelleri</i> a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus lateral görünüşü; d) Aedeagus lateral görünüşü; e) Aedeagus, konnektif ve stilus ; f) Stilus; g) Aedeagus dorsal görünüşü.....	111
Şekil 4.62. Mega X programı ile yapılan <i>Thamnotettix</i> cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	112
Şekil 4.63. <i>Thamnotettix zelleri</i> mitokondriyal genomuna (15,600 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)	113
Şekil 4.64. <i>Thamnotettix zelleri</i> mitokondriyal genom anotasyonu 15,600 bç a) MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri	114
Şekil 4.65. Mega X programı ile yapılan Cicadellidae familyasına ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı	115

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Cicadellidae familyasının taksonomik sınıflandırılması	1
Çizelge 3.1. Araziden toplanan türlerin il bazında birey sayıları	13
Çizelge 3.2. COI gen bölgesini çoğaltmak için kullanılan primerlere ait dizilimler	18
Çizelge 3.3. COI PCR bileşenleri	18
Çizelge 3.4. COI primerleri ile kurulan PCR programı	18



1. GİRİŞ

Cicadellidae familyası, Hemiptera takımı, Auchenorrhyncha alt takımı içerisinde bulunan ve yaklaşık 2.600'den fazla cins (Chen vd. 2021) ve 23.000'den fazla tanımlanmış türü ile en büyük familyalardan birisidir. Insecta sınıfının ise en büyük 10 familyasından biridir (Cao 2022) (Çizelge 1.1). Familyaya ait bireyler tropikal yağmur ormanlarından arktik tundralara, deniz seviyesinden 4.000 metre yüksekliğe kadar dünya çapında yayılım göstermektedir (Dietrich 2013).

Çizelge 1.1 Cicadellidae familyasının taksonomik sınıflandırılması

Şube Arthropoda

Altşube Hexapoda

Sınıf Insecta

Takım Hemiptera

Alttakım Auchenorrhyncha

İnfratakım Cicadomorpha

Süperfamilyası Membracoidea

Familya Cicadellidae

Türkiyede Cicadellidae familyasına ait ilk çalışma Fahringer (1922) tarafından gerçekleştirilmiştir (Dede vd. 2017). Daha sonra bu konu ile ilgili olarak Haupt (1930), Kerville (1939), Zachvatkin (1937, 1946), Dlabola (1957, 1963, 1971a,b, 1974, 1979, 1981, 1985), Linnavuori (1965), Dworakowska (1969, 1970, 1971, 1972, 1976, 1982), Kalkandelen (1972, 1974, 1980, 1985), Kartal (1981, 1983) ve Lodos ve Kalkandelen (1981-1988) çeşitli çalışmalarda bulunmuşlardır (Demir 2006a). Lodos ve Kalkandelen (1988) Türkiye'de toplam 423 Cicadellidae türü bulunduğunu belirtmişlerdir. Demir (2006a) yayınlığı bir makalede Lodos ve Kalkandelen (1988) sonrasında yapılan çalışmalar ile bu sayıya 38 türün eklenerek, toplam 461 türün Türkiye'de yayılış gösterdiğini belirtmiştir. Bu çalışmada, ayrıca 12 adet Cicadellidae türü Türkiye faunası için yeni kayıt olarak verilmiştir. Bununla beraber, Utku (1992), Gök (1995) ve Öztürk (2002) yaptıkları çalışmaları ile toplamda 7 türü Türkiye faunasına yeni kayıt olarak kaydetmişlerdir.

Sonraki yıllarda yapılan çalışmalarda, Demir (2006b), Güçlü (2010) ve Zeybekoğlu (2010) yeni birer cicadellid türü tespit ederek tanımlamışlardır. Ayrıca, Demir (2006c, 2016, 2019), Demir ve Demirsoy (2008), Demirel (2010), Karavin vd. (2011), Akmeşe ve Sertkaya (2021), Yazıcı vd. (2023) yaptıkları çalışmalarda toplam da 13 türü Türkiye faunası için ilk kayıt olarak verdikten sonra Türkiye'deki toplam yayılış gösteren tür sayısının 496'ya ulaştığı görülmüştür.

Familyaya ait türlerde genel olarak vücut, dar üçgen prizma şeklinde olup, türlerin boyutları 2-30 mm arasında değişmektedir. Ancak yaygın olarak bu türlerin boyutlarının

3-10 mm arasında oldukları görülmektedir. Çok çeşitli renk ve desenlere sahip olmaları bunların çevre ile uyumlu olmalarını nedeniyle kolay kamufle olmalarını sağlar. Ancak bunların tehlike anındaki sıçrayışları en önemli korunma yollarıdır (Kalkandelen 1974). Nimf ve erginlerin hem sıçrayarak hem de yan yan yürüyerek hareket ettikleri görülmektedir. Bununla birlikte, sadece ergin bireyler uçabilmektedir.

Ergin dişiler yumurtalarını ovipozitörleri ile bitki dokusu içerisine tek tek ya da gruplar halinde bırakırlar. Yumurtalar genellikle küçük, hafif kıvrık, uzun ve beyaz renktedir. Nimf çıkışları yumurta bırakıldıktan yaklaşık 10 gün sonra başlar ve genel olarak 5 nimf dönemi geçirerek ergin hale gelirler. Nimf dönemleri, nimf boyutlarına ve kanat taslağının varlığı ve şekline göre birbirinden ayırt edilir (Khif vd. 2002). Yılda 1-6 arasında döl verebilmektedir ve bir dölün hayat döngüsünün tamamlanması tür ve çevresel şartlara bağlı olarak 12-45 gün arasında değişmektedir.

Cicadellidae familyasında ait birçok türün konukçu bitkisi halen bilinmese de (Freytag ve Sharkey 2002) bilinen türlerin çoğunun ot, çalı ve ağaç gibi geniş bitki yelpazesinde beslendiği görülmektedir. Birçok türü polifag iken, bazı türleri monofag ve oligofagdır.

Yaprak pireleri sokucu emici ağız yapısında olup bitkinin mesofil (çoğu Typhlocybinae), ksilem (Cicadellinae) ve genellikle floem kısımlarından bitki özsuğunu emmek suretiyle beslenirler (Rakitov 2002). Yaprak pirelerinin de içinde bulunduğu Hemiptera üyelerinin ağız yapılarından mandibul ve maksiller, iğne şeklinde stiletlere dönüşmüş olup labium içinde uzanır ve bu yapılar birlikte proboscis ya da rostrum olarak adlandırılır. Stiletler iki kanal içerir, kanallardan biri sıvı emmede diğeri ise salgılamada görevlidir (Gullan ve Cranston 2012).

Cicadellidae türleri, bitki öz suyunu emmek suretiyle bitkilere zarar verirler. Bitkide emgi yapılan doku hücrelerinde meydana gelen klorofil kaybından dolayı sarı veya beyaz noktalar görülür. Bu beyaz noktalar daha sonra kahverengiye döner ve yapraklar yavaş yavaş büzüşerek kurur. Ancak bunlar bitkiye asıl zararı, bitki patojeni virüs, bakteri ve fitoplazma hastalıklarına vektörlük yaparak verir ve önemli oranda ürün kayıplarına neden olurlar.

Geleneksel tür tanımlama sisteminde böceğe ait morfolojik karakterler kullanılmaktadır. Cicadellidae'nın altfamilya ve cins düzeyindeki tanımlanması genel dış morfolojik karakterler kullanılarak yapılmaktadır. Tür düzeyinde yapılan tanımlamalarda ise genellikle ergin erkeğe ait genital karakterler kullanılmaktadır (Ribaut 1936, Ossiannilsson 1981, Della Giustina 1989). Geleneksel tür teşhisinde kullanılan morfolojik karakterde fenotipik plastisite ve genetik varyasyon görülmesi sonucu yanlış tanımlamalara neden olmaktadır. Bu yöntemde kriptik türlerin gözden kaçması, morfolojik karakterlere bağlı teşhis anahtarların genellikle yaşam döngülerin bir dönemine ya da cinsiyet bağlı olması ve teşhis anahtarların kullanımı için uzman araştırmacılara gereksinim duyulması geleneksel taksonomiye sınırlandıran etmenlerdendir (Hebert vd. 2003).

Ayrıca, bazı Cicadellidae türlerinde polimorfizm ve eşeysel dimorfizm görülmesi, bu türlerin teşhis edilmesini daha da zor hale getirmektedir. Türlerde vücut boyutu, renk,

desen, kanat uzunluğu ve aedeagus yapısı gibi morfolojik karakterlerde farklılık görülebilmektedir (Jiang vd. 2022). Ergin yaprak pirelerin boyut ve rengi, nimf döneminde etkili olan sıcaklık, fotoperiyot ve konukçu bitkinin durumu gibi çevresel etkenlerden etkilenmektedir (Harrison 1980). Ramaiah vd. (2023) yaptıkları çalışmada, *Mukaria splendida*'nın pronotum ve ön kanatlardaki renk desenine dayanarak her iki cinsiyet için de 10 morfotip tanımlamıştır. Morfolojik karakterler ve sitokrom oksidaz altünite-I (mtCOI) gen sekans sonuçları, bütün morflarının *Mukaria splendida*'ya ait olduğunu göstermiştir. Larsen ve Walter (2007) yaptıkları çalışmada, *Orosius argentatus* türünde tür içi renk polimorfizmi görüldüğünü belirtmiştir. Oliveira vd. (2004), *Dalbulus maidis*'in sıcak bölgelerdeki vücut ağırlığının minimumda bulunmasına karşın sıcaklığın düşmesiyle belirli bir eşiğe kadar ağırlığının arttığını belirtmişlerdir. Zhang vd. (2019), DNA barkodlama yöntemi kullanarak *Deltocephalus vulgaris* türüne ait iki farklı aedeagus formunu temsil eden 88 birey ile gerçekleştirdikleri çalışma sonucunda, her iki forma sahip bireylerin tek türü temsil ettiğini belirlemişlerdir. Meshram vd. (2017) *Austroagallia sinuata* türüne ait tür içi erkek genital karakterdeki farklılıkları tanımlamışlardır. Diğer taraftan, Wang vd. (2015), *Bundera* (Cicadellidae, Evacanthinae)'ya ait 7 türün çok küçük morfolojik farklılık göstermesine karşın, aynı tür olmadıklarını belirlemişlerdir. Ayrıca, bazı bireylerde cins düzeyinde nimf ve dişi bireye ait teşhis anahtarı bulunmasına karşın, genel olarak teşhisin ergin erkek birey üzerinden yapılması, teşhisi sınırlandıran etmenlerden birisi olmuştur.

DNA temelli yöntemlerin geliştirilmesi ile araştırmacılara tür tanımlanması ve yeni tür keşiflerinde kolaylık sağlanmıştır. Günümüzde tür tanımlama için yaygın olarak kullanılan yöntemlerden birisi DNA barkodlama yöntemidir. DNA barkodlama, kısa ve standart bir DNA fragmentinin kullanarak tür tanımlamasını sağlayan bir yöntemdir. "DNA barkodu" terimi ilk defa 1993 yılında Arnolt vd. tarafından *Plasmodium falciparum* izolatlarını ayırt etmek için yapılan çalışmada kullanılmıştır. Ancak tür teşhisi için nükleotit farklılığına dayanan DNA barkodlama konsepti Hebert vd.'nin 2003 yılındaki çalışmasına kadar resmi olarak önerilmemiştir (Guo vd. 2022).

Hebert vd. (2003), COI tür profillerinin, Lepidoptera türlerinin taksonomik olarak en çeşitli hayvan takımlarından biri olması ve düşük dizi farklılıkları göstermesine karşın, tanımlanmasında %100 başarılı olması nedeniyle diğer gruplarda da benzer başarıyı beklediklerini belirtmişlerdir. Bugüne kadar yapılan çalışmalarda, DNA barkodlama tekniği ile kuşlar, balıklar ve böcekler gibi karmaşık gruplara ait birçok canlı türünde %98-100 seviyelerinde tanımlama başarıyla gerçekleştirilmiştir (Kesin ve Atar 2013).

BOLD sisteminde günümüzde toplam 12.913.515 sekans bilgisi mevcuttur. Tür bazında teşhis edilen ve minimum 500 bp dizilim uzunluğu gösteren barkod kayıtlarında ise 4.889.402 sekans bilgisi, 362.536 tür bilgisi ve 242.638 ait kesinleşmemiş sekans bilgisi bulunmaktadır (Anonim 2024).

DNA barkod için kullanılacak bir gen bölgesinin, tür içi ve türler arasındaki genetik uzaklığın çakışmaması ve "barkodlama açıklığı" bulundurarak tür seviyesinde ayırım gücüne sahip olması, evrensel primerleri ile çoğaltılabilmesi ve PCR aşamasında sorun yaratmayacak kısa dizi uzunluğuna sahip olması gerekmektedir. DNA barkod çalışmaları için hayvanlarda (12S, 16S, atp6, COI, cytb, D-loop, ND1, ND2, 28S ITS, rag1, Rag2, WG), bitkilerde (ITS, ITS2, atpF-atpH, matK, psbK-psbl, rbcL, trnL, trnK)

funguslarda (atp6, COI, CO3, nad6, LSU, H3, ITS, rpb2) ve bakterilerde (16S, chaperonin-60) birçok gen bölgesi kullanılmıştır (Guo vd. 2022).

Mitokondriyal genomda intronların bulunmaması, rekombinasyona sınırlı şekilde maruz kalması, her hücrede çok sayıda bulunması, haploit özellikte olması ve tek ebeveynden (maternal) kalıtım göstermesi, nükleer genoma kıyasla daha avantajlıdır. Güz ve Kılınçer (2011) sitokrom oksidaz I ve II, 12 S ve 16s genlerinin böceklerde mitokondriyal DNA çalışmalarında en fazla kullanılan diziler olduğunu belirtmişlerdir. Hayvanlar için sitokrom C Oksidaz 1 (COI) evrensel bir DNA barkodu görevi görmektedir (Ahmed 2022). COI gen bölgesi, universal primerlerin stabilizasyonunu içermesi ve genetik varyasyonun yakın ilişkili türleri ve aynı türdeki farklı popülasyonları ayırma yeteneği nedeniyle tercih edilmektedir (Yatkin ve Güz 2018).

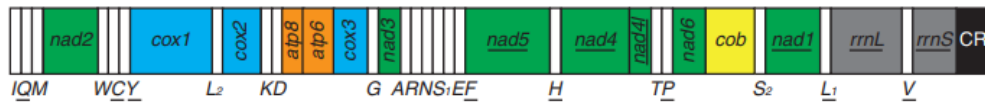
Günümüzde mitokondriyal çalışmalar bir tek gen yerine tüm mitokondriyal genom sekansı üzerine yoğunlaşmıştır. Chen vd. (2021), tüm mitokondriyal genoma ait bilgiler, tek bir gen bölgesinden daha kapsamlı ve daha doğru sonuçların alınmasını sağladığını ifade etmektedirler.

Mitokondriyal genom kullanımının avantajları aşağıdaki gibi sıralanabilir:

1. Hücre içerisinde sayı bakımından fazlaca bulunması
2. Mitokondriyal DNA amplifikasyonunun kolay olması
3. Hızlı evrimsel gelişme göstermesi
4. Maternal kalıtım göstermesi

Böcek mitokondriyal genomu, çift zincirli ve dairesel formda olup büyüklüğü 15000-20000 bp arasında bulunabilmektedir (Chen vd. 2021). Türler arasında mitokondriyal genom büyüklüğü çok çeşitlilik gösterse de gen içeriği oldukça korunmuştur (Hu vd. 2009). Mitokondriyal genomun büyüklük farkı genel olarak farklı uzunluktaki kontrol bölgesinden meydana gelmektedir. Mitokondriyal DNA'da 13 adet protein kodlayan gen (COI-III, CytB, ND1-6, ND4L, ATP6 and ATP8), 2 adet ribozomal RNA geni (rrnS and rrnL) ve 22 adet transfer RNA geni (trnI, trnQ, trnM, trnW, trnC, trnY, trnL1, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnF, trnH, trnT, trnP, trnS2, trnL2, trnV) olmak üzere, toplam 37 gen kodlanmaktadır (Şekil 1.1). Ayrıca, A+T bazlarınca zengin, genellikle srRNA ile tRNA-I geni arasında kodlanmayan bir kontrol bölgesi bulunmaktadır. Bu bölge, mtDNA'nın transkripsiyonun ve replikasyonunun başlatılması ve düzenlenmesinde rol oynar.

Mitokondride bulunan genler her iki zincirde de bulunmaktadır. Gen çoğunluğuna sahip zincir majority, daha az gen bulunan zincir ise minority olarak adlandırılmaktadır. Ayrıca, zincirin içerdiği G+T oranı fazla olan zincire H (ağır) zincir, az olan zincire ise L (hafif) zincir olarak da tanımlanmaktadır.



Şekil 1.1. Böcek mitokondriyal genomuna ait genler (Cameron 2014)

Yapılan bu tez çalışması ile Antalya, Burdur ve Isparta illerinden toplanan Cicadellidae familyasına ait bireylerin hem morfolojik hem de yeni nesil sekanslama yöntemi kullanılarak moleküler olarak teşhis edilmesi amaçlanmıştır. Ayrıca bu çalışmada, elde edilen sonuçların ülkemiz için genetik veri tabanı oluşturması ve türlerin çok daha kısa ve etkin bir şekilde tanımlaması hedeflenmiştir.



2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Cicadellidae familyasına ait taksonomik çalışmalar

Dlabola (1957), çalışmasında 1947 yılında Türkiye’den topladığı 10.000 Auchenorrhyncha örneğini değerlendirmiştir. Çalışmada 19 yeni tür tanımlamanın yanı sıra, Ülkemiz faunası için yeni kayıt olan birçok tür bildirmiştir.

Lodos ve Kalkandelen (1981), Türkiye’den 1979 yılının sonuna kadar toplanmış örneklerden Ulopinae, Megopthalminae, Ledrinae, Macropsinae ve Agallinae altfamilyalarına ait 12 cinse bağlı 26 türe ait bilgi vermişlerdir. Türlerin 7 tanesinin Türkiye için yeni kayıt olduğunu bildirmişlerdir.

Lodos ve Kalkandelen (1984), Cicadellidae familyası, Typhlocybinae altfamilyası, Erthroniini tribesine bulunan *Zyginidia* ve *Zygina* cinlerine ait 14 tür incelemişlerdir. Bunlardan 5’i Türkiye için yeni kayıt olarak geçmiştir.

Kalkandelen (1985), Bolu, Ankara, Nevşehir ve Gaziantep illerinin doğu hattından toplanan *Zyginidia* türlerinin taksonomisini incelemiştir. Çalışma sonucunda, doğu ve güneydoğu bölgesinde *Zyginidia sohrab*, orta Anadolu ve Batı Karadeniz bölgesinde *Zyginidia pullula* türünün hakim olduğunu tespit etmiştir. Ayrıca çalışmada, 4 yeni tür keşfetmiştir. Bunlardan *Z. artvinicus*, *Z. karadenizicus* ve *Z. bafranicus* doğu Karadeniz Bölgesi’nde, *Z. emrea* ise Çankırı’da bulunmuştur.

Lodos ve Kalkandelen (1985b), 1967 yılından itibaren Türkiye’den toplanan Cicadellidae familyasına ait örneklerin teşhisi için yapılan çalışmada, Deltocephalinae altfamilyasında bulunan Macrostelini tribesinden 5 cinse bağlı 23 türe ait bilgilere yer vermişlerdir. Bunlardan 4’ünün Türkiye için yeni kayıt olduğunu belirtmişlerdir.

Lodos ve Kalkandelen (1985c), çalışmasında Türkiyeden toplanan Cicadellidae familyası Deltocephalinae altfamilyasında bulunan Deltocephalini, Scaphytopiini ve Doraturini tribesine ait 8 cinste bulunan 18 türü incelemişlerdir. Bunlardan 5’inin Türkiye faunası için yeni tür olduğu belirtilmiştir.

Başpınar ve Uygun (1990, 1991a,b, 1992a,b), Doğu akdeniz bölgesi turuncgil bahçelerindeki Cicadellidae familyasına ait türleri belirlemek için yapılan çalışmada, 41 tür tespit etmişlerdir. Bunlardan *Batracomorphus glaber* Haupt, *Aphrodes makarovi* Zachvatkin, *Macrosteles chobauti* Riabut, *Stymphalus rubrostriatus* Horvath ve *Grammacephalus pugio* Noualhier türlerinin Türkiye için yeni kayıt olduğunu belirtmişlerdir.

Lodos ve Kalkandelen (1985), Cicadellidae familyası, Deltocephalinae familyası, Grypotini, Goniagnathini ve Opsiini tribesinde bulunan 6 cinse ait 16 tür incelemişlerdir. İncelenen türler içerisinde 2 tür Türkiye için yeni kayıt olarak tespit edilmiştir.

Güçlü (1991), Erzurum ve ilçelerinde bulunan Cicadellidae türleri üzerine faunistik ve sistematik üzerine yaptığı çalışmada, 10 altfamilyaya bağlı toplam 100 tür saptamıştır. Çalışmasında, bu türlere ait teşhis anahtarı, genital çizimleri ile tanımlarını

vermiştir. Ayrıca, toplanan örneklerden 12 tür ve 2 cinsin Türkiye faunası için yeni kayıt olduğunu bildirmiştir.

Zeybekoğlu (1991), 1988-1990 yılları arasında Orta Karadeniz Bölgesi'nden Deltocephalinae altfamilyasına ait 5380 örnek toplamıştır. Çalışmada, 47 tür tespit etmiştir. Bu türlerden sekizinin Türkiye faunası için yeni kayıt olduğu bildirmiştir. Ayrıca çalışmasında, tespit ettiği türlere ait teşhis anahtarı, çizimleri ve tanımlarına yer vermiştir.

Demir (1998), Kızılcahamam ve çevresinden 1997 yılında topladığı 1690 ergin Auchenorrhyncha örneğinden, Cicadellidae familyasına ait 54 cins ve 61 tür tespit etmiştir. Bölgede topladığı örneklerden en fazla cins ve türü Cicadellidae'nın temsil ettiğini bu durumun Türkiye için de genellikle aynı olduğunu vurgulamıştır.

Öztürk (2002), 2000 ve 2001 yılları arasında Batı Akdeniz Bölgesi'nden Cicadellidae familyasına ait türleri tespit etmek için yaptığı çalışmada, Türkiye faunası için 4 yeni kayıt olmak üzere, 11 altfamilyaya ait 43 cinsten 60 tür tespit etmiştir.

Tezcan vd. (2003), 1984 yılı Nisan-Ağustos aylarında Akdeniz Bölgesi'nde ışık tuzakları ile toplanan Deltocephalinae altfamilyasına ait türleri incelemişlerdir. Çalışmada, enkandeson, mavi, kırmızı ve sarı ampül kullanılmıştır. Ampüller tarımsal ve orman arazilerine akşam 8'de asılmış ve sabah 6'da toplanmıştır. Çalışma sonucunda, *Grypotes staurus* Ivanoff türüne ait 7 örnek, *Exitianus taenisticeps* Kirschbaum türüne ait 2 örnek, *Allygus modestus* Scott türüne ait 4 örnek, *Thamnotettix creticus* Dlabola türüne ait 8 örnek, *Euscelidius variegatus* Kirschbaum türüne ait 25 örnek toplanmıştır. Bu türlerden *E. Taenisticeps*'in Türkiye faunası için yeni kayıt olduğunu bildirmişlerdir.

Demir (2005), Antalya'dan 1999, 2001-2003 yıllarında araziden topladığı 7973 ergin Auchenorrhyncha örneğinden, 5225 örneğin ve 119 türün Cicadellidae familyasını ait olduğunu tespit etmiştir. Çalışmada elde ettiği örneklerin %65'ini ve toplam türlerin %59'unu oluşturan cicadellidlerin bölgede en çok tür ve örnek yoğunluğuna sahip familya olduğunu belirtmiştir.

Dietrich (2005), Cicadomorpha infratakımı ve Cicadellidae familyasının, Deltocephalinae altfamilyası hariç, altfamilya ve tribelerinin ergin bireylerine ait teşhis anahtarı yayımlamıştır. Çalışmada, Phlogisinae Linnavouri 1979 altfamilyasının Signoretinae Baker 1915 sinonimi olduğunu, Hyalojassini Evans 1972 tribesinin ise Iassini Walker 1870 ile sinonim olduğunu bildirmiştir.

Ercan (2006), Konya ilinin merkez, Karapınar ve Çumra ilçelerinde 2004-2005 yılları arasında yürüttüğü ve mısır tarlalarından toplanan Cicadellidae familyasına ait türleri saptamak üzere yapılan çalışmada, Deltocephalinae altfamilyası üyesi *Psammotettix* sp. ve Typhlocybinae altfamilyası üyesi *Zyginidia sohrab* ve *Empoasca decipiens* türlerini tespit etmiş, *Zyginidia sohrab*'ı bölgedeki hakim tür olarak belirlemiştir.

Karavin (2006), 2004 ve 2005 yıllarında Rize İli ve çevresinden elde edilen Deltocephalinae altfamilyasına ait 1003 ergin örneğinden 5 tribüse dahil olan 11 cins ve 14 tür tespit etmiştir. Çalışmada elde edilen *Bilusius* cinsine ait örneklerin ise Türkiye

faunası için yeni kayıt olduğunu bildirmiştir.

Yılmaz (2006), 2004-2005 yıllarında Aydın, İzmir ve Manisa illerinde mısır üretim alanlarında bulunan Cicadellidae familyasına bağlı türleri belirlemek amacıyla yapılan çalışmada, 17 tür saptamıştır. Bu türler arasında *Asymmetrasca decedens* ve *Zyginidia pullula*'nın en yoğun ve yaygın türler olduğunu bildirmiştir.

Mutlu (2007), 2005-2006 yıllarında yürüttüğü çalışmada, Diyarbakır İli ikinci ürün mısır ekim alanlarında topladığı örneklerden Cicadellidae familyasına bağlı 20 tür saptamıştır. Bunlar arasında, *Empoasca decipiens*, *Asymmetrasca decedens*, *Zyginidia sohrab* ve *Psammotettix striatus*'un en yoğun ve yaygın türler olduğunu tespit etmiştir.

Özgen (2008), 2006-2007 yılları arasında Diyarbakır, Elazığ ve Mardin illerinde Cicadellidae familyasına ait türleri, yayılış alanları, önemlilerin popülasyon değişimleri ve savaşım yöntemlerinin saptamak amacıyla yaptığı çalışmada 35 tür tespit etmiştir. Bu türler arasında *Arboridia adanae* ve *Empoasca decipiens*'in en yoğun ve yaygın tür olduğunu bildirmiştir.

Demirel (2010), 2005-2007 yılları arasında Bolkar Dağları'ndan topladığı 12223 Auchenorrhyncha (Hemiptera) örneğinden, Cicadellidae familyasına bağlı 38 tür tespit etmiştir. Bu türler arasından *Platymetopius quercicola* Linnavuori, 1962 Ülkemiz faunası için yeni kayıt olarak bildirilmiştir.

Zahniser ve Dietrich (2013), cicadellidlerin en geniş altfamilyası Deltocephalinae'nin 38 tribe, 923 cins ve 6683 geçerli türlerini gözden geçirerek revize ettikleri çalışmada, tribelere ait teşhis anahtarı verilmesinin yanı sıra, 11 yeni tür (*Acostemma stilleri* sp. nov., *Arrugada linnavuorii* sp. nov., *Drabescus zhangii* sp. nov., *Parabolopona webbi* sp. nov., *Goniagnathus emeljanovi* sp. nov., *Hecalus hamiltoni* sp. nov., *Scaphoideus omani* sp. nov., *Dwightia delongi* sp. nov., *Abimwa knighti* sp. nov., *Gannia viraktamathi* sp. nov. ve *Doratulina dmitrievi* sp. nov.) ve 4 yeni tribe (Bahitini tribe nov., Bonsapeiini tribe nov., Phlepsiini tribe nov. ve Vartini tribe nov.) tanımlamışlardır. Ayrıca, altfamilyaların filogenisini moleküler (28S ve Histon H3) ve morfolojik veriler ile güncellemişlerdir.

Abdollahi vd (2015), İran'ın kuzeybatısında yer alan Azarbaijan-e-Sharghi, Azarbaijan-e-Gharbi ve Ardabil illerinde bulunan Cicadellidae familyasına ait türleri saptamışlardır. Çalışmada, dört türün İran faunası yeni kayıt olmak üzere toplam 69 tür listelemişlerdir.

Mutlu vd. (2016), 2010-2012 yıllarında Diyarbakır ve Şanlıurfa illerinde Karacadağ çeltiğinde Cicadellidae, Cixiidae ve Delphacidae (Hemiptera) türlerini ile yabancıotların bunların popülasyonlarına olan etkilerini araştırmışlardır. Çalışmada, toplam 17 tür belirlenmiştir. Bunlardan 10 tanesi Cicadellidae familyası, 3 tanesi Cixiidae familyası ve 4 tanesi Delphacidae familyasından elde edilmiştir. Ayrıca, yabancıotlu parsellerde bulunan cicadellid popülasyonunun yabancıotsuz parsellerden daha fazla olduğu belirlenmiştir.

Kaya ve Başpınar (2020), Adana, Niğde ve Kahramanmaraş illerinde yürütülen çalışmada, 2014-2016 yıllarında yapılan örneklemeler ile kiraz üretim alanlarında Cicadellidae familyasına ait türlerin saptanması amaçlamışlardır. Çalışmada, Cicadellidae familyasının 35 cinsine bağlı 55 tür tespit edilmiştir. Bu türler arasında bölgede en yaygın türün %45,79 oranı ile *Psammotettix striatus* Linnaeus olduğunu belirtmişlerdir. Çalışmada, ayrıca fitoplazmik hastalıkların özellikle Deltocephalinae altfamilyasına ait türler ile taşındığının bilinmesi nedeniyle çalışmada elde edilen türlerinde birer vektör olma potansiyelinin belirlenmesi için konu ile daha detaylı çalışmaların yapılması gerektiğini vurgulamıştır.

Akmeşe ve Sertkaya (2021), Doğu Akdeniz Bölgesi'ndeki Adana, Osmaniye, Mersin ve Hatay illerinde birinci ve ikinci ürün mısır üretim alanlarında Cicadellidae familyasına ait zararlı türleri saptamak üzere yaptıkları çalışmada, *Asymmetropteryx pictilis* (Stal, 1853), *Allygus provincialis* (Ferrari, 1882) ve *Cicadula (Cyperana) intermedia* (Boheman, 1845)'yı Türkiye faunası için yeni kayıt olmak üzere, beş altfamilyaya ait 32 tür tespit etmişlerdir.

Tanyeri ve Zeybekoğlu (2022), 2016-2018 yıllarında Sinop ve çevresinden toplanan Cicadellidae örneklerini değerlendirmek üzere yapılan çalışmada, 7 altfamilyaya ait 27 tür tespit etmiş, bu türlerden 11'inin Sinop İli lokal faunası için, 5'inin de Karadeniz Bölgesi için yeni kayıt olduğunu bildirmişlerdir.

2.2. Cicadellidae familyasına ait moleküler çalışmalar

Bluemel vd. (2011) çalışmalarında *Aphrodes makarovi* (Zakhvatkin, 1948), *Aphrodes bicincta* (Schränk, 1776), *Aphrodes diminuta* (Ribaut 1952) ve *Aphrodes aestuarina* (Edwards, 1908) türlerine ait tanımlamaları Tischenckin (1998)'in türe özgü titreşim sinyallerini kullanılarak yapmışlardır. Ayrıca, bu türlerin COI geninin 600 bp barcod kısmını elde etmişlerdir. Elde edilen sonuçlar, morfometrik çalışmalar için tanımlı doğrulanmış türlerin elde edilmesine ve bu 4 türe ait morfolojik teşhis anahtarı oluşturmaya olanak sağlamıştır.

Kamitani (2011), DNA barkodu kullanarak tanımlamanın pratik olup olmadığını test etmek amacıyla yaptığı çalışmada, 45 türe ait (15 altfamilya ve 37 cins) 63 DNA barkodunu veri tabanına eklemiştir. Elde edilen türlerin veri tabanında eşleşmediğini, aynı zamanda Japonya'da bulunan cicadellid cinslerinin ise veri tabanında cins ve türlere ait DNA barkod verisinin az bulunması nedeniyle cins düzeyinde de tanımlamanın zor olduğunu belirtmiştir. *Nehotettix cincticeps* COI barkodu için en yakın eşleşme %84.75 ile *Orosius canberrensis* (Hemiptera, Auchenorrhyncha, Cicadellidae, Deltocephalinae) olarak belirlemiştir. Bu da altfamilya düzeyinde bir tanımlama sağlamıştır. Ancak, *Pagaronia yabemurensis* Okada ile *Oncometopia dispar* Fowler (Hemiptera, Auchenorrhyncha, Cicadellidae, Cicadellinae) arasında %83.7 benzerlik bulunmuş, bu sonucun altfamilya düzeyinde bir tanımlama olmadığını belirtmiştir.

Asokan vd. (2015), Hindistan'dan toplanan 5 mango yaprakpiresi; *Amritodus atkinsoni*, *Amritodus brevistylus*, *Idioscopus clypealis*, *Idioscopus nagpurensis* ve *Idioscopus niveoparsius* türlerinin tanımlanması amacıyla COI geninin DNA barkod olarak kullanılan 658 bp dizilimini elde etmişlerdir. Elde edilen DNA barkodların analiz sonucunda, türler arasındaki farklılıkları açıkça ortaya koyduğunu ve bu türlerin teşhisi

için DNA barkodun önemli bir araç olduğu belirtmişlerdir. Ayrıca, oluşturulan NJ Neighbor Joining ağacında *Idioscopus* ve *Amritodus* cinlerine ait iki clade kümelendiği belirlenmiştir.

Sreejith ve Sebastian (2015), Kuzey Kerala’da bulunan çeltik tarlasından toplanan *Thaia subruta* türünün COI gen bölgesine ait 466 bç sekans bilgisini ortaya koymuşlardır. Çalışmada elde edilen dizinin *T. subruta*’ya ait yeni bir sekans dizilimi olduğunu ve türlerin teşhisinde kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Du vd. (2017), *Maiestas dorsalis* ve *Japananus hyalinus* türlerinin tüm mitokondriyal genomuna ait dizilimine yer vermişlerdir. Sırasıyla 15,352 bç ve 15,364 bç uzunluğunda ve %78,7 ve %76,6 oranında A+T içeriği ile diğer Hemiptera mitogenomlarına benzerlik gösterdiğini belirtmişlerdir. Türlerden *M. dorsalis*’e ait gen sıralamasının ata böcek gen dizilimi ile aynı olduğunu, ancak *J. hyalinus*’ta *trnW-trnC-trnY* dizilimi yerine *trnY-trnW-trnC* dizilimi şeklinde yeniden düzenlendiğini bildirmişlerdir.

Mao vd. (2017), Illumina tabanlı yeni nesil dizilime ile *Macrosteles quadrilineatus*’a ait tüm mitokondriyal genomu dizilimini elde etmişlerdir. Genom uzunluğunun 16,626 bç, A+T içeriğinin %78 oranında olduğu, toplam 37 gen (13’ü protein kodlayana gen, 22 tRNA, 2 rRNA geni) ve 1 A+T zengin bölge içerdiğini belirlemişlerdir. Çalışmada, *nd2* ve *cox1* geni arasında *trnW-trnC-trnY* gen düzenini *trnC-trnW-trnY* olarak bulmuşlardır. Ayrıca, *M. quadrilineatus*’un taksonomik ve filogenetik yerleşimini doğrulamak adına 13 protein kodlayan genleri kullanarak oluşturdukları filogenetik ağaçta *M. quadrilineatus*’un diğer Cicadellidae türleri ile monofiletik grup oluşturduğu ve Membracidae ile kardeş grup oluşturduğu belirlenmiştir.

Rajgopal vd. (2018), Hindistan’dan yeni tür *Paradorydium Kirkaldy* sp. nov. (Cicadellidae: Deltocephalinae: Eupelicini) tanımlamışlardır. Ayrıca, türe ait mitokondriyal sitokrom oksidaz altünit 1 (mtCOI) ve Histon H3 genine ait sekans dizi analizleri gerçekleştirmişlerdir. Eupelicini türlerine ait COI sekans bilgisinin yetersiz olması nedeniyle, filogenetik ağaç oluşturma için *Paradorydium kirkaldyi* sp. nov., *Paradorydium khasianum*, *Eupelicinae* sp., *Nephotettix virescens*, *Doratura stylata* and *Aphrodes diminuta* türlerine ait sekans bilgileri kullanılmıştır. *Paradorydium kirkaldyi* sp. nov., *Paradorydium khasianum* ile çok benzemesine karşın, erkek genital karakterlerinde farklılık göstermesi ve moleküler analizler sonucunda COI gen sekans karşılaştırılmasında en az %9.8 sekans farklılığı elde edilmesi, bu iki türün farklı olduğunu doğrulamıştır. Ayrıca çalışmada, analiz edilen Histone H3 geni ile oluşturulan NJ ağacında türün taksonomik olarak *Paradorydium* cinsi ve Eupelicini tribüsünde yer aldığı belirlenmiştir.

He vd. (2019), *Mileewa albovittata* türüne ait tüm mitokondriyal genom dizilimini elde etmişlerdir. Çalışmada, mitogenomun 15,079 bç uzunluğunda, 13 protein kodlayan gen, 22 tRNA geni, 2 rRNA geni ve bir AT zengin bölgesi bulmuşlardır. 13 Protein kodlayan genlerde 3640 amino asidin kodlandığı ve 10,956 bç uzunluğunda olduğunu belirlemişlerdir. Çalışmalarında, *M. albovittata* ve 5 altfamilyaya ait 19 referans türün 13 protein kodlayan gen ile filogenetik ağaç oluşturulmuş ve aynı altfamilyaya ait türlerin hepsinin aynı sınıfta kümelendiğini göstermişlerdir.

Rai ve Meshrem (2019), Hindistan Arunachal Pradesh’den yeni bir Cicadellidae türü olan *Anagonalia lapnanensis* sp. nov. ve morfolojik varyantını tanımlanmışlardır. Çalışmada, *A. lapnanensis* varyantının yeni bir tür olup olmadığı belirlemek amacıyla, varyantların COI gen bölgesine ait sekans bilgisini elde etmişlerdir. Dış gruplar ile yapılan filogenetik analiz sonucunda, varyantlar, neighbor-joining (NJ) ağacında %100 benzerlik ve Pairwise Distance Matrix ise %0.2 oranında bir genetik uzaklık elde edilmesi nedeniyle yeni tür yerine varyant olabileceğini belirtmişlerdir.

Zhang vd. (2019), Çin’den toplanan *Deltocephalus* türlerine ait 98 örneğin (*Deltocephalus vulgaris* 88, *Deltocephalus pulicari* 5, *Deltocephalus uncinatus* 5) tanımlanması için COI geninin 630 bp barkod bölgesine ait sekans dizisini elde etmişlerdir. Çalışmada, ayrıca aedeagus yapısında farklılık gösteren 2 morfotipe sahip *D. vulgaris* popülasyonlarının genetik farklılıkları da incelenmiştir. Çalışma sonucunda, *D. vulgaris* türleri arasında ortalama genetik uzaklık yaklaşık %0,9 ve %6,3 aralığında bulunurken, *Deltocephalus* ait 3 tür için bu değer %16,4 ile %21,9 arasında bulunmuştur. DNA barkod bölgesi ile oluşturulan BI/ML ağacı ile türler arasında ayırım olduğu gözlenmiştir.

Sagarbarria vd. (2020), Luzon Adası’nda üretim yapılan patlıcan tarlalarından elde ettikleri 9 Cicadellidae popülasyonunda *Amrasca biguttula* (Ishida)’den farklı bir tür bulunup bulunmadığını ve bu popülasyonlar arasındaki genetik varyasyon seviyesini belirlemişlerdir. Çalışmada, morfolojik teşhis ve mitokondrial COI genin kısmi sekansı ile patlıcanlarda bulunan cicadellid popülasyonlarının *Amrasca biguttula* olduğu tespit edilmiştir. Popülasyonlar arasında genetik uzaklık 0.0004 ile 0.0022 aralığında bulunmuştur. Bu durum, Luzon Adası’ndaki popülasyonların yüksek genetik benzerliğin olduğunu göstermektedir.

Manurung vd. (2020), Endonezya’nın Samosir Adası, çeltik tarlasından toplanan *Cofana spectra* türünün morfolojik teşhisini DNA Barkod çalışması ile doğrulamışlardır. Çalışmada elde edilen COI genine ait 333 bp dizilim bilgisi ile yapılan BLASTN analizi sonucunda, örneğin Hindistan Kerala’dan alınan örnek ile %99,27 oranında homoloji gösterdiği belirlenmiştir. Ayrıca çalışmada, her iki popülasyon arasında küçük oranda farklılığın (%0,73) tespit edilmesi nedeniyle, popülasyonların oluşumunda her iki ülke arasındaki coğrafi uzaklığın ve ekolojik farklılıklarının gen varyasyonuna önemli bir katkı sağlanmadığını belirtmişlerdir.

Luo vd. (2021), *Fieberiella septentrionalis*’a ait mitokondriyal genomun tamamını ilk kez ortaya koymuşlardır. Elde ettikleri mitogenomun 16,175 bp büyüklüğünde, 13 protein kodlayan gen, 22 transfer RNA geni, 2 ribozomal RNA geni, 1 kodlanmayan gen bölgesi içerdiğini ve A+T nükleotid içeriğini %77,9 olarak belirlendiğini vurgulamışlardır. Dizilime ait gen düzeni ve yönü diğer Cicadellidae ile uyumlu bulunmuştur. Çalışmada, türün taksonomik durumunun doğrulanması için 13 protein kodlayan gen ile filogenetik ağaç oluşturmuşlardır. Oluşturulan filogenetik ağaçta *F. septentrionalis*’in Deltocephalinae altfamilyasına ait olduğu ve Fieberiellini tribüsü altfamilyanın diğer tribüsleri ile kardeş olduğu da belirlenmiştir.

Wu vd. (2022), yeni nesil dizileme yoluyla *Aconurella prolixa* (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae: Chiasmini)'ya ait tüm mitokondriyal genom dizilimi elde etmişlerdir. Çalışmada, elde edilen mitokondriyal genom 14,832 bp uzunluğunda, 37 klasik ökaryotik mitokondriyal gene ve bir kontrol bölgesine sahip olduğu belirlenmiştir. Protein kodlayan genlerin ND5 dışında (TTG) tamamı ATN ile başladığını ve 22 adet transfer RNA (tRNAs) genlerinden trnS1 hariç, hepsinde tipik yonca yaprağı yapısı gösterdiğini belirtmişlerdir. Diğer bazı Deltocephalinae türlerinin aksine, tRNA'da farklı gen düzenlenmesi tespit etmemişlerdir. Gen sıralamasının birçok Cicadellidae türü ve model tür *Drosophila melanogaster* ile aynı olduğunu gözlemlemişlerdir.



3. MATERYAL VE METOT

3.1. MATERYAL

3.1.1 Böcek materyali

Araştırmanın ana materyalini çalışma alanından toplanan Cicadellidae familyasına ait türler oluşturmaktadır. Çalışma alanı olarak Batı Akdeniz Bölgesi'ni oluşturan Antalya, Burdur ve Isparta illeri seçilmiştir. Örnekler 2018 ile 2020 yılları arasında toplanmıştır.

Çizelge 3.1. Araziden toplanan türlerin il bazında birey sayıları

TÜR ADI	ANTALYA İLİ			BURDUR İLİ			ISPARTA İLİ		
	Toplam	♀	♂	Toplam	♀	♂	Toplam	♀	♂
<i>Aconurella prolixa</i>	654	416	238	109	52	57	25	19	6
<i>Aphrodes bicinctus</i>	7	0	7	0	0	0	0	0	0
<i>Artianus manderstjernii</i>	82	33	49	17	10	7	53	26	27
<i>Austroagallia sinuata</i>	10	5	5	5	3	2	0	0	0
<i>Balclutha hebe</i>	357	194	163	0	0	0	27	15	12
<i>Balclutha sp.</i>	31	22	9	49	26	23	1	1	0
<i>Deltocephallus pulicaris</i>	2	0	2	0	0	0	0	0	0
<i>Doratura homophyla</i>	55	15	40	86	30	56	9	6	3
<i>Eupelix cuspidata</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Euscelidius schenckii</i>	34	21	13	0	0	0	0	0	0
<i>Exitianus capicola</i>	193	82	111	0	0	0	0	0	0
<i>Fieberiella macchiaie</i>	2	1	1	1	1	0	0	0	0
<i>Goniagnathus guttulinervis</i>	3	2	1	0	0	0	0	0	0
<i>Neoliturus fenestratus</i>	27	12	15	3	0	3	11	4	7
<i>Orosius albicinctus</i>	4	2	2	0	0	0	0	0	0
<i>Phlepsius intricatus</i>	18	10	8	4	0	4	24	8	16
<i>Psammotettix sp.</i>	1730	832	898	1208	613	595	1025	618	407
<i>Selenocephalus ankarae</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Thamnotettix zelleri</i>	21	9	12	0	0	0	0	0	0
TOPLAM	3232	1656	1576	1482	735	747	1175	697	478

Çalışmada Antalya, Burdur ve Isparta illerinden Cicadellidae familyasına ait, 2801'i erkek, 3088'i dişi olmak üzere toplam 5889 birey toplanmıştır. Antalya ilinin 18 ilçesinden 3232 adet birey, Burdur ilinin 10 ilçesinden 1482 birey ve Isparta ilinin 9 ilçesinden 1175 adet birey toplanmıştır. Elde edilen 19 türe ait toplanan birey sayıları Çizelge 3.1'de verilmiştir.

Örneklerin araziden toplanması için atrap kullanılmıştır (Şekil 3.2). Bitkilerin üzerinden süpürme yöntemiyle atrap içerisine yakalanan cicadellidlerin diğer böceklerden ayrıştırılması ağız aspiratörü yardımıyla yapılmıştır. Aspiratör içerisine alınan bireylerin araziden laboratuvar ortamına gelinceye kadar saklanabilmesi için 50 mL vida kapaklı plastik tüpler içerisine %99 ethanol konularak muhafaza edilmiştir. Elde edilen örneklerin toplandığı yer, koordinat, rakım, tarih ve bitki örtüsüne ait bilgiler kayıt altına alınmıştır.



Şekil 3.1. Arazi çalışması; **a)** Korkuteli ilçesinde buğday tarlasında atrap ile örneklerin toplanması; **b)** Bucak ilçesinde yonca tarlasından atrap ile örneklerin toplanması; **c)** Gelendost ilçesinde elma bahçesinde atrap içerisinden hedef türlerin ağız aspiratörü ile ayrıştırılması; **d)** Eğirdir ilçesinde elma bahçesinden atrap ile örneklerin toplanması

3.1.2 Moleküler ve morfolojik çalışmalara ait materyal

Bireylere ait tasnif ve teşhis Nikon SMZ445 Markalı stereo mikroskop altında, örneklere ait fotoğraf çekimi ise mikroskoba entegre edilen Amscope MU500-HS markalı dijital kamera ile gerçekleştirilmiştir.

Toplanan bireylerin tasnif aşamasında mikroskop, effendorf tüp, fırça, küçük not kağıdı, kurşun kalem, makas, cam yazar ve banttı faydalanılmıştır. Bireylere ait morfolojik teşhis; %10 KOH çözeltisi, ince uçlu fırça, böcek iğnesi, petri kabı, lam ve lamel yardımı ile yapılmıştır.

Moleküler çalışmaların ilk basamağı DNA izolasyonu için; NaCl, kloroform, EDTA, Trisma base, etanol ve polyacrylamide kimyasalları “Sigma-Aldrich” firmasından, CTAB (Cetyltrimethylammonium Bromide) “Amresco” firmasından, isopropanol ve izoamil alkol kimyasalları da “Merck” firmasından alınmıştır. DNA izolasyonunun inkübasyon aşamasında ise “Boeco Bio TDB-100” kuru blok ısıtıcı cihazı kullanılmıştır (Şekil 3.2).



Şekil 3.2. a) Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Entomoloji 2 laboratuvarı genel görünümü; **b)** Moleküler çalışmalarda kullanılan PCR cihazı; **c)** Görüntüleme cihazı **d)** Ultrasonik banyo **e)** Kuru Blok Isıtıcı

Polimeraz zincir reaksiyonunda (PCR) kullanılan dNTP Set, 25 mM MgCl₂, 10X Taq buffer ve 5 U/μL Taq DNA polimeraz “Thermo” firmasından, PCR’da kullanılan LCO1490/HCO2198 COI primerler ise “Sentebiolab” firmasından sipariş edilmiştir. PCR için “Boeco” cihazı kullanılmıştır. PCR sonucunda elde edilen ürünler “Sigma-Aldrich” markalı EtBr (ethidium bromide) ve “Biomax” markalı agaroz kullanılarak görüntülenmiştir.

Yeni nesil dizilemede, DNA ve PCR ürünlerini parçalamak için “Monorex” markalı ultrasonik banyo cihazı kullanılmıştır. Kütüphanelerin hazırlanmasında Thermo firmasından temin edilen 10 U/ μ L T4 polynucleotide Kinase, 5 U/ μ L T4 DNA polimerase, 5 U/ μ L T4 DNA ligase, Taq DNA polimerase enzimleri ile Beckman firmasından temin edilen AmpureXP bead kullanılmıştır. Elde edilen ürünün miktar ölçümlerinde Thermo firmasından SYBR green kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Tasarlanan index primer ve adaptörler ise “Invitrogen” firmasından sipariş edilerek temin edilmiştir.

3.2 METOT

3.2.1 Örneklerin hazırlanması

Araziden getirilen örneklerin lokasyon ve cinse göre ayrımları yapılarak tasnifi gerçekleştirilmiştir.

DNA izolasyonu için her türden iki adet erkek birey seçilmiştir. Seçilen bireyler stero mikroskop altında, Amscope Markalı dijital kamera ile fotoğrafları çekilmiştir. Fotoğrafi çekilen örneklerin abdomeninin son 3-4 segmenti ya da tamamı teşhis için bistüri yardımıyla kesilmiş, kalan kısmı ise DNA izolasyonu için ayrı tüplere konulmuştur.

Morfolojik teşhis için ayrılan erkek bireylerin abdomen kısımları: 2 mL tüp içerisine alınarak üzerine %10'luk KOH çözeltisi konulmuştur. Örnekler böceğin büyüklüğüne bağlı olarak 1 ila 3 saat bekletilmiştir. Bu süre sonunda %10 KOH çözeltisi ortamdan su ile yıkanarak uzaklaştırılmıştır. Örnekler daha sonrasında diseksiyon iğnesi ve bisturi yardımıyla dikkatli bir şekilde aedeagus, konnektif ve stilus kısımlarını ayırarak fotoğraflanmıştır.

3.2.2 DNA izolasyonu

DNA izolasyonu için Doyle ve Doyle (1987)'nin geliştirdikleri ‘CTAB’ protokolü modifiye edilerek kullanılmıştır. İzolasyonda morfolojik teşhisi için ayrılan abdomen bölümü hariç örneğin geri kalan kısmının tamamı kullanılmıştır. DNA izolasyonu protokolü:

1. Her bir birey 1,5 mL'lik tüplerin içerisine alınarak, üzerine %0.3 merkaptioethanol içeren CTAB çözeltisinden 150 μ L ilave edilmiş ve pestil yardımıyla ezilmiştir.
2. Örnekler tamamen ezildikten sonra tüplere 350 μ L CTAB tampon çözeltisi daha eklenmiştir.
3. Parçalanmış bireylerin DNA'larının tampon çözeltisine geçmesini sağlamak için örnekler 65°C'ye ayarlı kuru blokta 3 saat inkübasyona tabii tutulmuştur.
4. İnkübasyondan alınan örneklerden proteinin uzaklaştırılması için tüplere 500 μ L kloroform-izoamil alkol (24:1 oranında) solüsyonu eklenmiştir. Örnekler önce elle iyice çalkalanmış, sonrasında 12.000 rpm'de 20 dakika santrifüj edilmiştir.

5. Santrifüj edilen örnekler, tüpün alt kısmında kloroform, orta tabakada protein ve üst fazda ise DNA bulunduğu sıvı olmak üzere üç faza ayrılmıştır. DNA'nın bulunduğu üst faz yeni tüpe aktarılmış (~ 400 µL) ve daha temiz örnekler elde edebilmek adına Kloroform-izoamil alkol basamağı tekrarlanmıştır.

6. İkinci Kloroform-izoamil alkol basamağından sonra yeni tüplere üst fazdan yaklaşık 300 µL aktarılmıştır.

7. Aktarılan faz içerisindeki DNA'nın çöktürülmesi için 300µl (alınan faz ile eşit miktarda) -20°C'de bulunan isopropanol konulmuştur. Elde yavaşça alt üst ederek sıvıların karışması sağlanmıştır. Örnekler -20°C'deki dondurucuya konularak 1 gece bekletilmiştir.

8. Ertesi gün -20°C'den alınan örnekler 12.000 rpm'de 20 dakika boyunca santrifüj edilmiştir. Bu sürecin sonunda tüplerin dip kısmında pelet oluşumu gözlenmiştir.

9. Oluşan pelete zarar vermeden tüp içerisindeki sıvı boşaltılmıştır.

10. Örnekler üzerine -20°C'de bulunan %70'lik etanolden 500 µL ilave edilerek 12000 rpm 5 dakika hızda santrifüj edilmiştir. Santrifüj edilen tüplerin dibindeki pelete zarar vermeden ethanol boşaltılmıştır. Aynı işlem bir kez daha tekrar edilmiştir.

11. Tüpler daha sonrasında ters çevrilerek oda sıcaklığında 1 saat boyunca ağzı açık vaziyette bırakılarak, tüp içerisinde kalan etanolün uzaklaşması sağlanmıştır.

12. Tüpler tamamen kuruduktan sonra içerisine 100 µL otoklavlı saf su ilave edilmiştir. DNA'nın sıvıya geçmesi için örnekler +4°C'de bir gece bekletilmiştir. Örneklerin bozulmaması için daha sonrasında -20°C'de saklanmıştır.

DNA izolasyonu yapılan örneklerin DNA kalitesine bakmak amacıyla 10 mg/L EtBr içeren %1'lik agaroz jel hazırlanmıştır. Her bir bireyden 5 µL hacminde DNA miktarları 1 µL yükleme boyası ile karıştırılarak jele yüklenmiştir. Örneklerin yanına yine aynı miktarda standart 1 kb plus yüklenerek elektroforezde 65 voltta 30 dakika koşturma işlemi yapılmıştır ve daha sonrasında UV transilluminatör ile jel görüntüsü alınmıştır.

3.2.3 COI bölgelerinin çoğaltılması

DNA izolasyonu yapılan örneklerden "Cytochrome Oxidase Subunit I" (COI) gen bölgesinin çoğaltılması için Folmer vd. (1994) tarafından geliştirilen LCO1490 ve HCO2198 primerleri kullanılmıştır. Kullanılan primere ait dizilim bilgisi Çizelge 3.2'de verilmiştir.

Çizelge 3.2. COI gen bölgesini çoğaltmak için kullanılan primerlere ait dizilimler

Primer Adı	Dizi
LCO 1470	5' GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG 3'
HCO 2198	5' TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA 3'

Çizelge 3.3. COI PCR bileşenleri

Bileşenler	Miktar
dNTP (10mM)	1 µL
PCR Buffer (10X)	1.5 µL
MgCl ₂ (25mM)	1.5 µL
F-Primer (10 µM)	1 µL
R-Primer (10 µM)	1 µL
Taq Polimeraz (5u/µl)	0.08 µL
H ₂ O	8 µL
DNA	1 µL

Çizelge 3.4. COI primerleri ile kurulan PCR programı

Aşama	COI		
	Sıcaklık (°C)	Süre (Saniye)	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94	150	1
Denatürasyon	94	50	
Primerlerin Bağlanma	53	50	35
Uzama	72	70	
Son uzama	72	300	1

PCR reaksiyonu için son hacim 15,08 µL olacak şekilde; 2.5 mM dNTP, 10X PCR buffer, 25 mM MgCl₂, 1X Taq polimeraz (5u/µL), 10mM R-Primer, 10 mM R-Primer, saf su ve DNA içermektedir (Çizelge 3.3). COI primerleri ile kurulan PCR koşulları Çizelge 3.4’da yer aldığı gibidir. Elde edilen ürünlerin görüntülenmesi için; 10 mg/L EtBr içeren %1,5’luk agaroz jele PCR ürünlerinden 3 µL, standart 1kb’den 1 µL yüklenerek 65 voltta 45 dakika koşturma işlemi yapılmıştır ve daha sonrasında UV transilluminatör ile jel görüntüsü alınmıştır.

3.2.4 Yeni nesil dizileme kütüphanelerin oluşturulması

Yeni nesil dizileme için kütüphane hazırlığına ait basamaklar aşağıda verilmiştir.

1. Örnekler için ait genomik DNA ve PCR ürünleri 30 Khz ultrasonik temizleyici yardımı ile 0.2 mL PCR tüpleri içerisinde parçalanmıştır. İşlem sonrasında ürünler agaroz jele yüklenerek boyutları kontrol edilmiştir.

2. Ürünler AmpureXP bead SPRIselect (Beckman) ile boyut seçimi ve temizlik işlemine tabi tutulmuştur. İşlem sonrasında agaroz jele yüklenen ürünlerin kalite ve miktarına bakılmıştır.

3. Yaklaşık 300-1500 bp arasında smear oldukları görülen DNA fragmentlerin uçları “End-Repair” ve “A Tailing” işlemlerine tabi tutulmuştur. Bu aşamada ürünlerin uçları onararak küt hale getirilmiş ve DNA parçalarının 3’ uçlarına A nükleotidi eklenmiştir. Böylece ürünler NGS adaptörlerine bağlanabilmesi için uygun hale getirilmiştir.

4. Bu aşamada her bir örnek için farklı barkod (inline barcodes) barındıran ve adaptörler “ligation” işlemi ile DNA parçalarına eklenmiştir.

5. Bu işlemten sonra ortamda bulunan fazla adaptörlerin temizlenmesi için ürünler AmpureXP bead SPRIselect (Beckman) ile tekrar temizlik işlemine tabi tutulmuştur.

6. Ürünlere eklenen adaptörlerin (5’ ve 3’ dahil) Illumina chiplerine bağlanmasını sağlayacak ve farklı index okuma bilgisi sunacak index primerler eklenerek PCR kurulmuştur.

7. PCR sonunda ürünler agaroz jele yüklenerek kalitesine ve kantitesine bakılmıştır.

8. Bireysel kütüphaneler oluşturulmasının ardından örnekler genel bir havuzda birleştirilmiş ve tekrar AmpureXP bead ile temizlik ve büyüklük seçim işlemine tabi tutularak 350-550 bp büyüklüğündeki fragmanları barındıran karışım kütüphane Illumina platformunda 150 bp büyüklüğünde iki yönlü dizilemeye tabi tutulmuştur.

3.2.5. Filogenetik analizler

Filogenetik ağaçlar oluşturulması için tez kapsamında elde edilen sekanslar ve GenBank’a daha önceden yüklenen Cicadellidae familyasına ait ilgili sekanslar kullanılmıştır. Cins içi ve cinsler arası genetik uzaklıkları belirlemek amacıyla oluşturulan filogenetik ağaçlar, MEGA X (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) programında UPGMA yöntemi kullanılarak elde edilmiştir (Kumar vd. 2018).

3.2.6. Biyoinformatik analizler

Okumalar sonrasında elde edilen “fastq” dosyaları “je demultiplex” programında “debarcoding” işlemine tabi tutularak her örneğe ait bireysel “fastq” dosyaları oluşturulmuştur. Her örneğin kendine özgü oluşturulan “fastq” dosyalarından Illumina

spesifik adaptörlerin ve kısa/düşük kalitedeki okumaların temizlenmesi işlemleri, ilk aşamada “fastp” ve sonrasında “trim galore” programları kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Temizlik aşaması gerçekleştirilen okumaların, “assembly” işlemleri iki ayrı program kullanılarak (“megahit” ve “metaspades”) tamamlanmıştır. PCR ürünleri için “assembly” işlemi yapıldıktan sonra, her PCR ürününe ait fasta dosyası içerisinde, PCR’da kullanılan primerlerin varlığı ve bu primer dizilimlerinin fasta dosyasının baş ve son kısmında yer aldıkları kontrol edilmiştir. Ayrıca, dizileme öncesi PCR ürünlerinin agaroz jelde göstermiş oldukları fragman büyüklükleri ile “assembly” sonucu elde edilen dizilim boyutunun tutarlılığı da kontrol edilerek bu kriterleri sağlayan örnekler söz konusu türe ait “fasta” dosyası olarak kaydedilmiştir.

Daha sonra, her bir örneğe ait “fasta” dosyası yeni bir “text” dosyası içerisinde birleştirilerek tüm örneklerin yer aldığı tek bir “multifasta” dosyası haline getirilmiştir. Bu dosya takiben “ClustalW” programında “alignment” düzenlemesine tabii tutulmuş ve ardından filogenetik analizler için MEGA X programında kullanılmıştır.

Tüm DNA kullanılarak yapılan NGS okuma sonuçlarında da yukarıda PCR ürünleri için anlatılan barkodlarına ayırma, temizlik işlemleri ve takiben her örneğe ait “assembly” işlemleri gerçekleştirilmiştir. Bu işlem sonrası oluşturulan “assembly” dosyası içerisinde çok fazla sayıda “contig” (multifasta dosyası) oluşmuştur. Bu contigler arasında proje hedefi olarak aranan mitokondriyal ve rDNA varlığı “BBtools” programı kullanılarak taranmış ve ilgili bölgeler “contig”ler arasından seçilmiştir. Ancak, her bir hedef bölge için seçilen “bait” dosyası için farklı “multifasta” dosyaları kullanılmıştır. Bu amaçla, genbankasında Cicadellidae familyası için bildirilen tüm mitokondriyal DNA dizilimleri “multi-fasta” formatında bir araya getirilmiş ve “bait” dosyası olarak “Bbtools” programına beslenmiştir. Benzer yaklaşım, rDNA bölgesi için de tekrarlanmıştır. “contig”ler içerisinde taranarak çekilen ilgili gen bölgeleri ayrı bir multifasta dosyası olarak kaydedilmiştir. Ayrıca, oluşturulan bu hedef dosya içerisindeki diziler BLAST analizine tabii tutularak mitokondriyal ve rDNA bölgeleri oldukları teyit edilmiştir.

Doğruluğu sağlanan diziler söz konusu türe ait mitokondri ve rDNA bölgesi olarak kabul edilmiş verilerin analizleri gerçekleştirilmiştir. Bu amaçla, MITOS (Bernt vd. 2013) ve GeSeq (Tillich vd. 2017) programları mitokondriyal genome anotasyonu için kullanılmıştır. Mitokondri üzerinde gen ve tRNA sıralamasının görüntülenmesi için OGDRAW programı kullanılmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1 Morfolojik-Moleküler Bulgular ve Tartışma

Tür: *Aconurella prolixa* Lethierry, 1885

Güçlü (1991) ile Duan ve Zhang (2012)'in çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Aconurella prolixa* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae

Tribüs: Chiasmini Distant, 1908

Cins: *Aconurella* Ribaut, 1948

Sinonim: *Thamnotettix prolixa* Lethierry, 1885; *Thamnotettix prolixus* Puton, 1886; *Aconura prolixa* Horváth, 1903; *Doratulina orientalis* Matsumura, 1914; *Thamnotettix minutus* Haupt, 1917; *Deltocephalus simplex* Haupt, 1927; *Deltocephalus simplex* Van Duzee, 1892; *Thamnotettix sanguisuga* Lindberg, 1927; *Cicadula indica* Singh-Pruthi, 1930; *Aconurella prolixa* Ribaut, 1948; *Deltocephalus obtusus* Metcalf, 1955; *Aconurella orientalis* Nast, 1972; *Chiasmus karachiensis* Ahmed & Qadeer, 1988; *Aconurella neosolana* Rama Subba Rao ve Ramakrishnan, 1990 (Zahniser 2007).

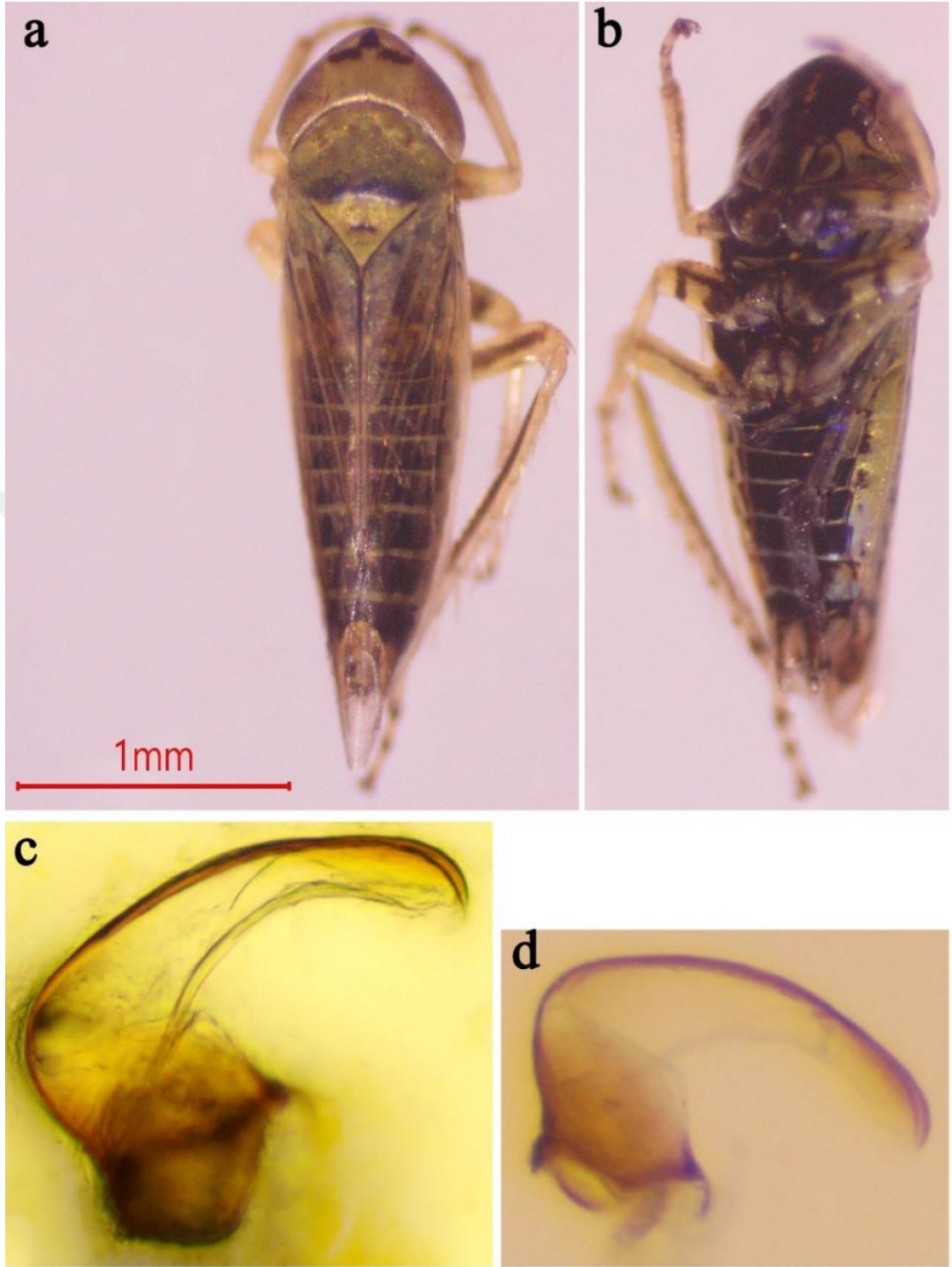
Dünyadaki Yayılışı: Afganistan, Fas, Fransa, Girit, Irak, İran, İspanya, İsrail, İtalya, Kanarya Adaları, Kıbrıs, Korsika, Lübnan, Madeira Adası, Mısır, Pakistan, Portekiz, Romanya, Rusya, Sahra Çölü, Türkiye, Ürdün, Eski Yugoslavya (Önder vd. 2011).

Türkiye'deki Yayılışı: Adana, Ankara, Antalya, Artvin, Aydın, Burdur, Erzincan, Erzurum, Gaziantep, Hakkari, İçel, İzmir, Kahramanmaraş, Manisa, Nevşehir, Niğde, Rize (Güçlü ve Özbek 1994c; Önder vd. 2011).

Tanımı: Şekil 4.1a'da görülen birey 2,41 mm uzunluğundadır. Vücut rengi yeşilimsi sarıdır. Baş pronotumdan biraz geniştir. Verteks üzerinde kare şeklinde siyah bir leke bulunur bunun arkasında yanlarda birer leke daha bulunmaktadır. Yüz üzerinde bulunan siyah lekeler birbiriyle kaynaşmıştır. Pronotum ve scutellum'da leke bulunmamaktadır. Ön kanatlar şeffaf olup abdomeni geçer. Aedeagus ortada öne doğru bükülür, uçta küçük bir çeltik bulunmaktadır (Güçlü 1991).

İncelenen materyal: Antalya: Alanya, 36,6500°, 31,6922°, 1♀, 21.06.2019; Alanya, 36,5336°, 32,0461°, 8♂♂, 6♀♀, 21.06.2019; Aksu, 36,9554°, 30,8558°, 1♂, 18.06.2019; Demre, 36,230714°, 30,005497°, 5♂♂, 7♀♀, 1.08.2019; Demre, 36,238425°, 29,979390°, 32♂♂, 81♀♀, 1.08.2019; Demre, 36,233247°, 29,965441°, 20♂♂, 16♀♀, 1.08.2019; Demre, 36,274613°, 30,053812°, 5♂♂, 1♀, 1.08.2019; Elmalı, 36,826382°, 30,017255°, 2♂♂, 1♀, 25.08.2019; Elmalı, 36,6549°, 29,9189°, 1♂, 25.08.2019; Elmalı, 36,7326°, 29,8653°, 1♀, 25.08.2019; Elmalı, 36,7099°, 29,8022°, 2♀♀, 25.08.2019; Gazipaşa, 36,269249°, 32,313691°, 1♀, 21.06.2019; Gazipaşa, 36,294115°, 32,288127°, 1♂, 5♀♀, 21.06.2019; Kaş, 36,2075°, 29,6217°, 4♂♂, 11♀♀, 8.06.2019; Konyaaltı, 36,847027°, 30,596844°, 1♀, 6.06.2018; Konyaaltı, 36,882058°, 30,570972°, 1♂, 6.06.2018; Konyaaltı, 36,894018°, 30,582324°, 1♀, 6.06.2018; Konyaaltı, 36,890122°, 30,662764°, 4♂♂, 8♀♀, 6.06.2018; Konyaaltı, 36,893456°, 30,655585°, 1♂, 26♀♀, 12.04.2018; Korkuteli, 37,068617°, 30,185958°, 61♂♂, 66♀♀, 16.05.2018; Korkuteli,

37,074913°, 30,176365°, 4♂♂, 3♀♀, 23.05.2018; Manavgat, 36,910969°, 31,169806°, 2♂♂, 2.08.2019; Muratpaşa, 36,862445°, 30,773551°, 49♂♂, 61♀♀, 22.06.2018; Muratpaşa, 36,855880°, 30,794302°, 3♂♂, 8♀♀, 22.06.2018; Serik, 36,9349°, 31,1070°, 34♂♂, 108♀♀, 18.06.2019; Serik, 36,9011°, 31,1432°, 1♀, 18.06.2019. Burdur: Bucak, 37.3062°, 30.4717°, 12♂♂, 9♀♀, 04.08.2018; Bucak, 37.306141°, 30.469521°, 7♂♂, 4♀♀, 04.08.2018; Çavdır, 37.1091°, 29.7515°, 11♂♂, 14♀♀, 02.08.2018; Çeltikçi, 37.534492°, 30.517159°, 2♂♂, 3♀♀, 04.08.2018; Çeltikçi, 37.525948°, 30.510202°, 12♂♂, 9♀♀, 04.08.2018; Gölhisar, 37.0861°, 29.5289°, 3♀♀, 02.08.2018; Karamanlı, 37.3612°, 29.8446°, 2♂♂, 03.08.2018; Tefenni, 37.2666°, 29.8910°, 11♂♂, 10♀♀, 03.08.2018. Isparta: Gelendost, 38.077679°, 30.990271°, 2♀♀, 11.08.2018; Gelendost, 38.090839°, 30.999119°, 3♂♂, 5♀♀, 11.08.2018; Gelendost, 38.149540°, 31.065844°, 2♂♂, 6♀♀, 11.08.2018; Senirkent, 38.117664°, 30.561949°, 1♂, 2♀♀, 10.08.2018; Senirkent, 38.127228°, 30.588127°, 2♀♀, 10.08.2018; Uluborlu, 38.079357°, 30.483435°, 2♀♀, 10.08.2018.



Şekil 4.1. *Aconurella prolixa* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c); d)** Aedeagusun lateral görünüşü

***Aconurella prolixa* COI gen bölgesi**

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 705 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi

Tez çalışmada elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alınan sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.2’de verilmiştir. UPGMA ağacında *Aconurella* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal ikiye ayrılarak iki dalda da *Aconurella prolixa* türünü kapsamaktadır, ikinci ana dal altında kümelenen *A. sibirica* ve *A. diplachnis* ve *A. montana* türlerinden oluşmaktadır.

***Aconurella prolixa* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya ili Korkuteli ilçesinde buğday tarlasından toplanan *Aconurella prolixa*’ye ait mitokondriyal assembly sonucunda, 5,357 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genomu ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. *Aconurella prolixa* türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.3a’da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.3b’de verilmiştir. MITOS programı kullanılarak toplam 8 adet protein kodlayan gen, 13 adet tRNA gen bölgesi bulunmuştur. GeSeq programı kullanarak 15 adet tRNA gen bölgesi bulunmuştur.

Wu vd. (2022), yeni nesil dizileme yoluyla *Aconurella prolixa* (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae: Chiasmini)’ya ait tüm mitokondriyal genom dizilimi elde ettikleri çalışmada, genomun 14,832 bç uzunluğunda ve 37 klasik ökaryotik mitokondriyal gene ve bir kontrol bölgesine sahip olduğunu belirtmişlerdir. Diğer bazı Deltocephalinae türlerinin aksine, tRNA’da farklı gen düzenlenmesi tespit etmemişlerdir. Gen sıralaması birçok Cicadellidae türü ve model tür *Drosophila melanogaster* ile aynı olduğunu gözlemlemişlerdir. Bu tez çalışmasında elde edilen 5,357 bç dizilim ile Wu vd. (2022) çalışmasında *Aconurella prolixa*’ya ait dizilim ile %94 benzerlik oranı göstermiştir.

Tür: *Aphrodes bicinctus* Schrank, 1776

Demir (1998)'den yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Aphrodes bicinctus* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Aphrodinae Haupt, 1927

Tribüs: Aphrodini Haupt, 1927

Cins: *Aphrodes* Curtis, 1831

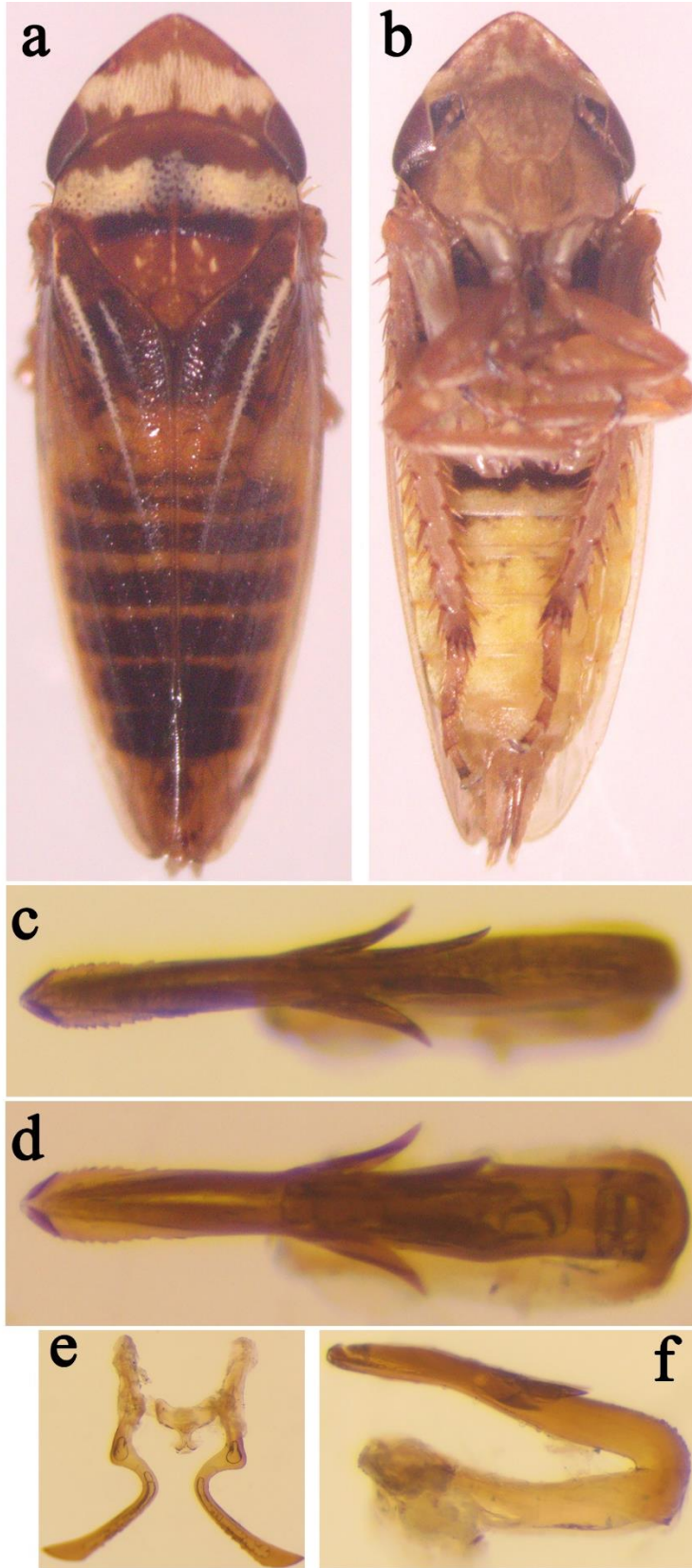
Sinonim: *Cicada bicinctus* Schank, 1776; *Cicada striata* Linnaeus, 1761; *Cercopis rustica* Fieber, 1775; *Cicada ochromelas* Gmelin, 1790; *Cercopis variegata* Fabricus, 1794; *Cercopis striatella* Fabricus, 1794; *Cercopis transversa* Fabricus, 1798; *Cicada strigata* Turton, 1802; *Acucephalus pallidus* Curtis, 1836; *Acucephalus bicinctus* Curtis, 1836; *Acucephalus cardui* Curtis, 1836; *Acucephalus fasciatus* Curtis, 1836; *Acucephalus obscurus* Curtis, 1836; *Acucephalus rugosus* Curtis, 1836; *Acucephalus sparsus* Curtis, 1836; *Acucephalus unicolor* Curtis, 1836, *Acucephalus pulverulenta* Curtis, 1837, *Acucephalus adustus* Hardy, 1850, *Acocephalus (Acocephalus) obtusifrons* Kirschbaum, 1868; *Acocephalus striatus signifrons* Rey, 1894; *Acocephalus aestuarinus* Edwards, 1908; *Acocephalus nervosus brevior* Melichar, 1914; *Acocephalus nervosus alpinus* Prohaska, 1923; *Aphrodes bicincta diminutus* Ribaut, 1952, *Aphrodes bicinctus centroressicus* Zachvatkin, 1952; *Aphrodes bicinctus ferganensis* Dubovsky, 1966 (Demirel 2010).

Dünyadaki Yayılışı: Afganistan, Almanya, Arnavutluk, Avusturya, Belçika, Bulgaristan, Cezayir, Çekya, Denmark, Estonya, Finlandiya, Fransa, Girit, Hollanda, Hırvatistan, İngiltere, İrlanda, İspanya, İsveç, İsviçre, İtalya, Kıbrıs, Korsika, Letonya, Litvanya, Macaristan, Madeira, Moldova, Norveç, Polonya, Portekiz, Rusya, Sardunya, Sicilya, Slovakya, Slovenya, Türkiye, Ukrayna, Yunanistan ve Eski Yugoslavya (Demir 2008).

Türkiye'deki Yayılışı: Adana, Afyonkarahisar, Ankara, Antalya, Bilecik, Bursa, Çanakkale, Diyarbakır, Edirne, Elazığ, Erzincan, Erzurum, Gaziantep, Giresun, Gümüşhane, Hakkari, İstanbul, İzmir, Kastamonu, Kars, Kırklareli, Konya, Kütahya, Manisa, Muğla, Ordu, Rize, Samsun, Sinop, Tekirdağ, Tokat, Trabzon, Uşak, Van ve Zonguldak (Demir 2008; Tanyeri vd. 2023).

Tanımı: İncelenen materyal 6,09 mm boyundadır (Şekil 4.4a, b). Vücudu kahverengidir. Verteks ve pronotum üzerinde açık renkli bir bant bulunmaktadır. Verteksin posterior kenarının ortasında her iki yanında birer siyah nokta vardır. Ön kanatlar açık kahverengidir, boyuna damarlar açık sarıdır. Aedeagus ince ve uzun yapıdadır ve üzerinde dört uzantı bulunur. Apeks biraz genişlemiş ve yan kısmında testere gibi dişler vardır (Demir 1998).

İncelenen materyal: Antalya: Korkuteli 37,068617°, 30,185958°, 1♂, 16.05.2018; Döşemealtı, 37,011731°, 30,563279°, 6♂♂, 05.05.2020.



Şekil 4.4. *Aphrodes bicinctus* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c); d)** Aedeagus; **e)** Stilus; **f)** Aedeagus

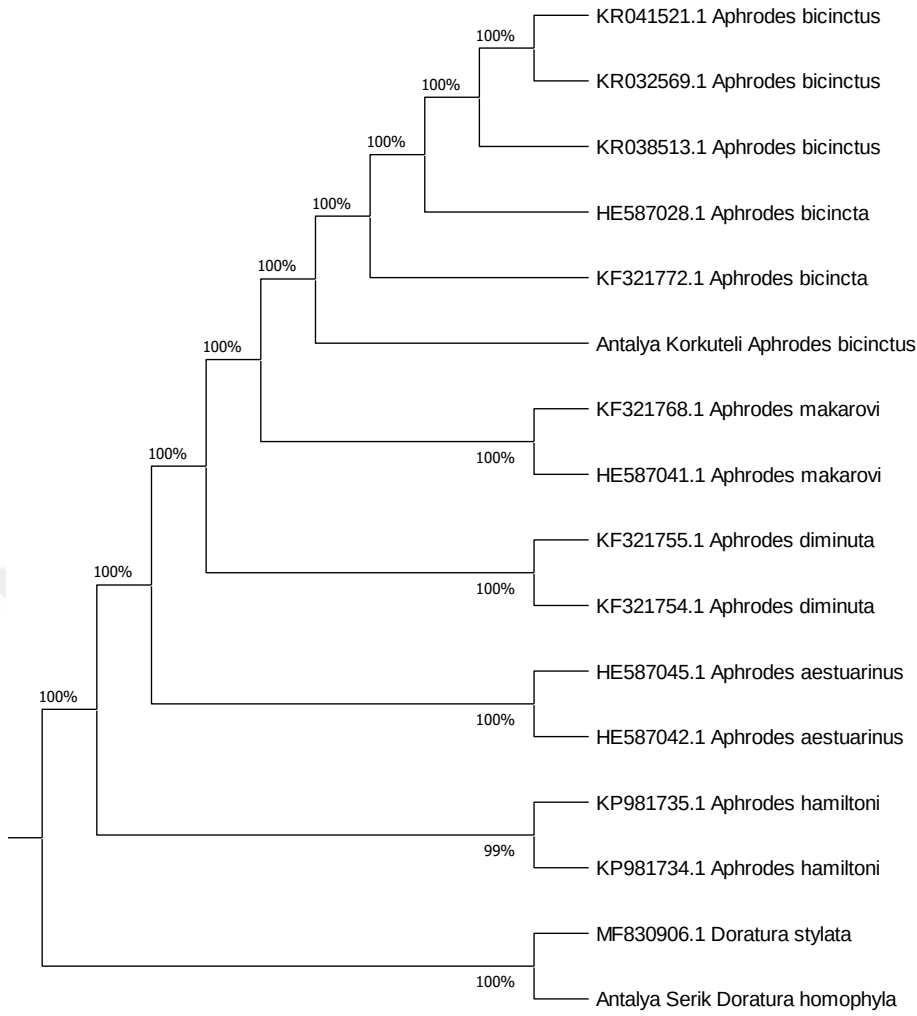
***Aphrodes bicinctus* COI gen bölgesi**

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 604 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan KF321772.1 kayıt numaralı *Aphrodes bicincta*'ya ait sekans ile %99,05, HE587028.1 kayıt numaralı *A. bicincta*'ya ait sekans dizilimi ile %99,80, KF321771.1 kayıt numaralı *A. bicincta*'ya ait sekans dizilimi ile %99,67 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Ayrıca KR032569.1, KR041521.1 ve KR038513.1 kayıt numaralı *A. bicinctus* ile sırasıyla; %98,63, %98,46 ve %98,46 oranında eşleşme sağlamıştır.

Aphrodes bicincta ve *Aphrodes bicinctus* türlerinin hem moleküler hemde morfolojik çalışmalarının benzerlik göstermesi nedeniyle bu türün sinonim olabileceği düşünülmektedir.

Blumel (2011), *A. makarovi* (Zakhvatkin 1948), *A. bicincta* (Schränk 1776), *A. diminuta* (Ribaut 1952) ve *A. aestuarina* (Edwards 1908) morfolojik olarak birbirine çok benzemesi nedeniyle tanımlanmalarında sorun meydana getirdiğini belirtmiştir. Blumel vd. (2014), *Aphrodes* cinsinin taksonomik olarak zor bir grup olduğunu ve çoğunlukla bu türlerin yalnızca *Aphrodes bicincta* olarak adlandırıldığını belirtmişlerdir. Bu türlerin morfolojik benzerliklerden dolayı tek bir türün ekotipi olarak sınıflandırılması nedeniyle bu cins içerisindeki türlerin kriptik tür olarak bile düşünülebileceği öne sürülmüştür.

Blumel vd. (2014), *Aphrodes* için birkaç kriteri birlikte kullanarak güvenilir tür teşhisi yapılabilmesi amaçlamışlardır. Çalışmalarında *A. aestuarina* hariç, *A. bicincta*, *A. diminuta* ve *A. makarovi* türleri için Tishechkin (1998)'in türe özgü titreşim sinyallerini kullanarak tür tanımlamalarını yapmışlardır. Bu örnekler için ayrıca COI barkod bölgesinden 600 bç dizilim elde etmişlerdir. Oluşturulan her akustik profilin farklı bir COI lineage karşılık gelmesi bu türlerin tanımlanmasında akustik ve/ya da moleküler yaklaşım ile belirlenebileceğini ortaya koymuşlardır. Bu tez çalışmasında elde edilen COI gen bölgesi ile %99,05 ve %98,67 oranında benzerlik gösteren KF321772.1, HE587028.1, KF321771.1 kayıt numaraları Blumel vd. (2014) yaptıkları çalışma sonucu elde edilen COI barkod bölgeleridir.



Şekil 4.5. Mega X programı ile yapılan *Aphrodes* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez çalışmada elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alınan 5 türden 10 örneğin sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.5'te verilmiştir. UPGMA ağacında *Aphrodes* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *A. hamiltoni* türünü, ikinci ana dalda kümelenmiş *A. aestuarinus*, *A. diminuta*, *A. makarovi*, *A. bicincta*, *A. bicinctus* türlerinden ayırmaktadır. *A. bicincta* ve *A. bicinctus* türleri bir arada kümelenmiştir.

***Aphrodes bicinctus* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya ili Konyaaltı ilçesinde portakal bahçesinden toplanan *Aphrodes bicinctus*'a ait mitokondriyal assembly sonucunda, 14,634 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

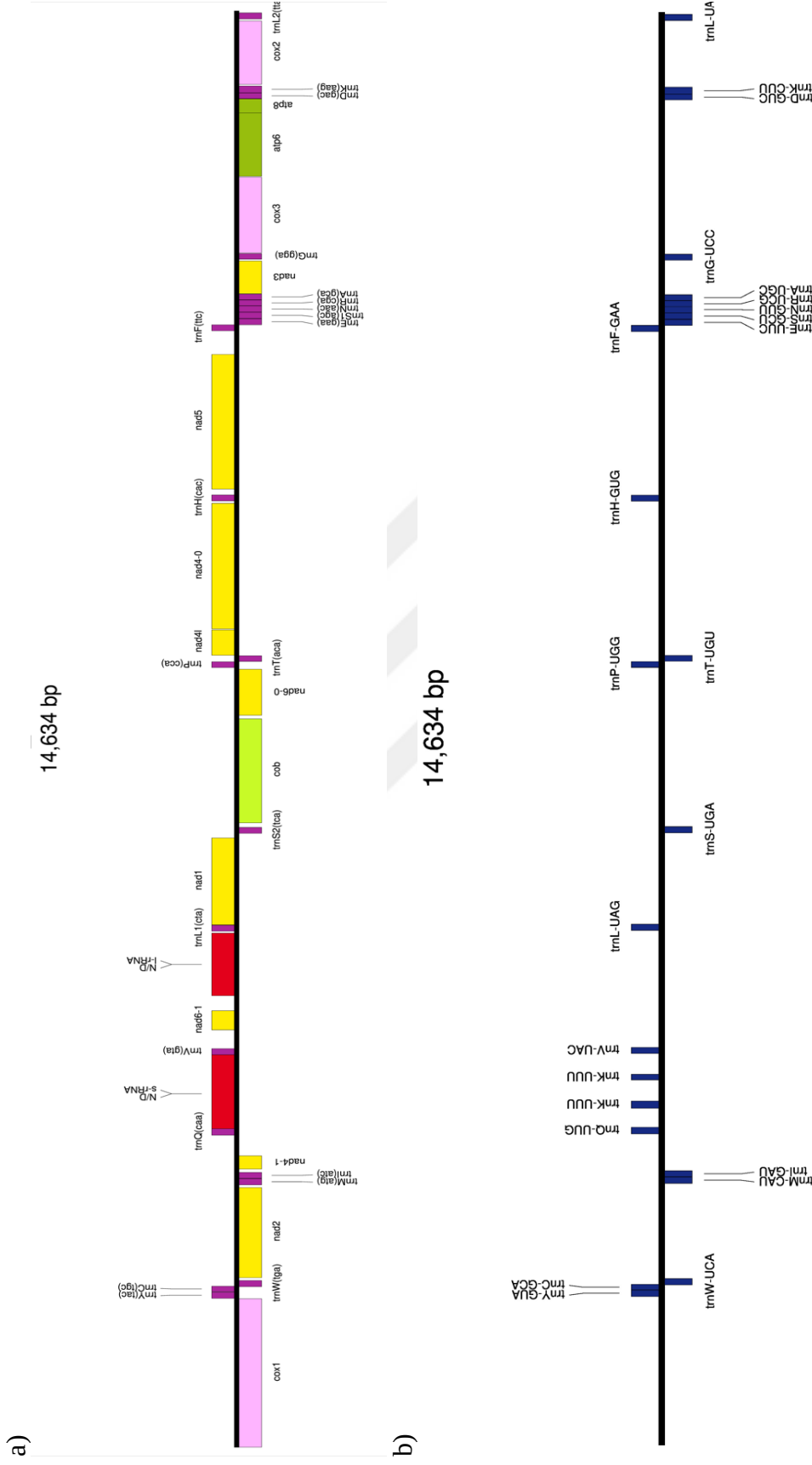
Aphrodes bicinctus'nın mitokondriyal genom gen içeriğini ve düzenini gösteren bilgiler MITOS programı kullanıldığında Şekil 4.6 ve Şekil 4.7a'da, GeSeq programı kullanıldığında Şekil 4.7b'de verilmiştir. GeSeq programı kullanılarak bu türe ait 24 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak toplam 15 adet protein kodlayan gen

(cox1, nad2, nad4-1, nad6-1, nad1, cob, nad 6-0, nad4l, nad4-0, nad5, nad3, cox3, atp6, atp8, cox2), 2 adet rRNA bölgesi (rrnL, rrnS) ve 22 adet tRNA bölgesi (trnY, trnC, trnW, trnM, trnI, trnQ, trnV, trnL1, trnS2, trnP, trnT, trnH, trnF, trnE, trnS1, trnN, trnR, trnA, trnG, trnD, trnK, trnL2) bulunmuştur. Gen sıralamasında trnI ve trnQ geninin diğer Cicadellidae türlerine ait sıralamadan farklı bir yerde yer aldığı ve fazladan nad4-1 ve nad 6-1 genleri olduğu görülmüştür, bunun assembly hatası olabileceği düşünülmektedir. Çalışmada elde edilen 14,634 bç dizilim OR168706.1 kayıt numaralı *Aphrodes bicincta* ait dizilim ile %93,89 oranında tutarlılık göstermiştir.

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	1	1515	-	1515	
trnY(tac)	1517	1583	+	67	svg ps
trnC(tgc)	1585	1643	+	59	svg ps
trnW(tga)	1636	1701	-	66	svg ps
nad2	1728	2648	-	921	
trnM(atg)	2673	2739	-	67	svg ps
trnI(atc)	2740	2802	-	63	svg ps
nad4-1	2834	2971	-	138	
trnQ(caa)	3179	3247	+	69	svg ps
rrnS	3204	4000	+	797	svg ps
trnV(gta)	3999	4063	+	65	svg ps
nad6-1	4252	4449	+	198	
rrnL	4600	5239	+	640	svg ps
trnL1(cta)	5257	5321	+	65	svg ps
nad1	5322	6209	+	888	
trnS2(tca)	6254	6316	-	63	svg ps
cob	6361	7422	-	1062	
nad6-0	7457	7927	-	471	
trnP(cca)	7942	8004	+	63	svg ps
trnT(aca)	8005	8065	-	61	svg ps
nad4l	8068	8328	+	261	
nad4-0	8337	9617	+	1281	
trnH(cac)	9640	9703	+	64	svg ps
nad5	9761	11134	+	1374	
trnF(ttc)	11373	11436	+	64	svg ps
trnE(gaa)	11435	11498	-	64	svg ps
trnS1(agg)	11499	11564	-	66	svg ps
trnN(aac)	11564	11628	-	65	svg ps
trnR(cga)	11628	11688	-	61	svg ps
trnA(gca)	11689	11749	-	61	svg ps
nad3	11751	12086	-	336	
trnG(gga)	12102	12162	-	61	svg ps
cox3	12167	12940	-	774	
atp6	12947	13594	-	648	
atp8	13591	13737	-	147	
trnD(gac)	13738	13798	-	61	svg ps
trnK(aag)	13798	13869	-	72	svg ps
cox2	13883	14530	-	648	
trnL2(tta)	14549	14613	-	65	svg ps

■ tRNA gene ■ rRNA gene ■ protein coding gene

Şekil 4.6. *Aphrodes bicinctus* mitokondriyal genomuna (14,634 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)



Şekil 4.7. *Aphrodes bicinctus* mitokondriyal genom anotasyonu 14,634 bp **a)** MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Artianus manderstjernii* Kirschbaum, 1868

Kalkandelen (1974) kitabından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Artianus manderstjernii* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribüs: Athysanini Van Duzee, 1892

Cins: *Artianus* Ribaut, 1942

Sinonim: *Jassus* (*Athysanus*) *manderstjernii* Kirschbaum, 1868; *Athysanus manderstjernii* Fieber, 1872; *Athysanus manderstjernae* Puton, 1886; *Euscelis manderstjernii* Wagner, 1939; *Artianus manderstjernai* Ribaut, 1942; *Artianus manderstjernii* Nast 1972 (Zahniser 2007).

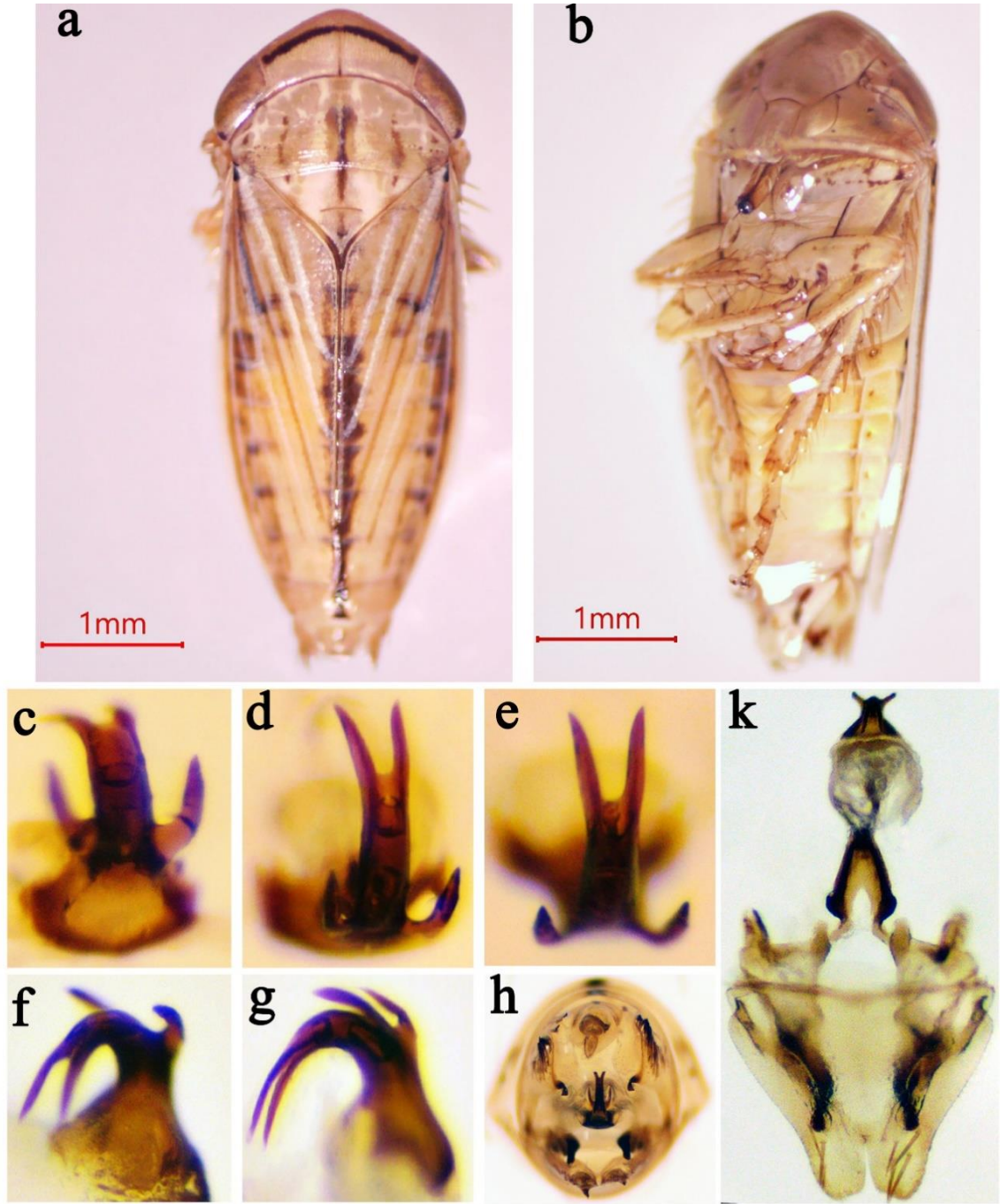
Dünyadaki Yayılışı: Arnavutluk, Bulgaristan, Çek Cumhuriyeti, Çekya, Ermenistan, Eski Yugoslavya, Fransa, Gürcistan, İtalya, Macaristan, Makedonya, Moldova, Romanya, Slovakya, Türkiye Ukrayna, Yunanistan (Zahniser 2007, Demir 2008).

Türkiye'deki yayılışı: Ağrı, Ankara, Antalya, Balıkesir, Çankırı, Diyarbakır, Edirne, Gaziantep, İzmir, Kırklareli, Şanlıurfa, Van, Zonguldak (Dlabola 1957; Lodos ve Kalkandelen 1987b; Demir 2008).

Tanımı: Boyutları yaklaşık 4-7 mm arasındadır. Şekil 4.8a'da görülen birey 4,81 mm uzunluğundadır. Birey açık sarı renkte olup kısa ve geniş görünümündedir. Verteksde birleşik gözlerin arasında öne doğru dış bukey siyah bir bant bulunur (Şekil 4.8a). Birleşik gözlerden, kendi çapının birkaç katı uzaklığında ocelli bulunur (Demirel 2010). Skutellumun basal kenarından başlayıp apexe kadar uzanan koyu renkli bir çizgi bulunur. Ön kanatlar genellikle abdomenin son segmentini örtmez. Erkek bireye ait aedeagus yarı uzunluğundan sonra keskin bir şekilde kıvrılır ve bu noktadan birbirine paralel iki lateral apofiz çıkar (Şekil 4.8e). Konnektif uzun ve Y şeklinde olup kolları arasında dar açı oluşturur (Şekil 4.8k) (Kalkandelen 1974).

İncelenen materyal: Antalya: Akseki, 37,0328°, 31,8300°, 3♀♀, 29.07.2019; Akseki, 37,0569°, 31,8068°, 2♂♂, 1♀, 29.07.2019; Gündoğmuş, 36,828224°, 32,026623°, 4♂♂, 4♀♀, 30.07.2019; Gündoğmuş, 36,803717°, 32,056045°, 3♂♂, 3♀♀, 30.07.2019; Gündoğmuş, 36,798638°, 31,847276°, 1♀♀, 30.07.2019; İbradı, 37,1544°, 31,5354°, 1♂, 29.07.2019; İbradı, 37,114313°, 31,579719°, 10♂♂, 4♀♀, 29.07.2019; İbradı, 37,107304°, 31,584329°, 1♂, 29.07.2019; İbradı, 37,093137°, 31,596522°, 1♀, 29.07.2019; Kaş, 36,3793°, 29,7252°, 9♂♂, 2♀♀, 8.06.2019; Kaş, 36,5420°, 29,7105°, 3♂♂, 8.06.2019; Korkuteli, 37,068617°, 30,185958°, 15♂♂, 14♀♀, 16.05.2018; Korkuteli, 37,07011°, 30,184532°, 1♂, 23.05.2018. Burdur: Gölhisar, 37,0861°, 29,5289°, 4♀♀, 02.08.2018; Karamanlı, 37,3515°, 29,8572°, 1♀, 03.08.2018; Merkez, 37,519386°, 30,052677°, 3♂♂, 19.05.2018; Tefenni, 37,2024°, 29,9552°, 3♂♂, 3♀♀, 03.08.2018; Tefenni, 37,2479°, 29,9157°, 2♀♀, 03.08.2018; Yeşilova, 37,512337°, 29,737770°, 1♂, 03.08.2018. Isparta: Keçiborlu, 37,998844°, 30,303823°, 4♂♂, 1♀♀, 10.08.2018; Senirkent, 38,117664°, 30,561949°, 5♂♂, 3♀♀, 10.08.2018; Şarkıkaraağaç, 38,133163°, 31,316645°, 1♂, 11.08.2018; Uluborlu, 38,079357°, 30,483435°, 3♂♂, 5♀♀, 10.08.2018; Yalvaç, 38,185387°, 31,273384°, 1♀, 11.08.2018; Yenişarbademli,

37.712620°, 31.395672°, 3♂♂, 3♀♀, 09.08.2018; Yenişarbademli, 37.700516°, 31.384392°, 11♂♂, 13♀♀, 09.08.2018.



Şekil 4.8. *Artianus manderstjernii* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c); d); e); f); g)** Aedeagus görünüşü; **h)** Erkek genital kapsül posterior görünüşü; **k)** Aedeagus, konnektif ve stilus

***Artianus manderstjernii* COI gen bölgesi**

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda 704 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Ancak, veri tabanında *Artianus manderstjernii* türünün COI gen bölgesine ilişkin referans kayıt bulunmaması nedeniyle eşleşme sağlanamamıştır. Bu tez çalışması ile *Artianus manderstjernii*'ye ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir.

***Artianus manderstjernii* mitokondriyal genom anotasyonu**

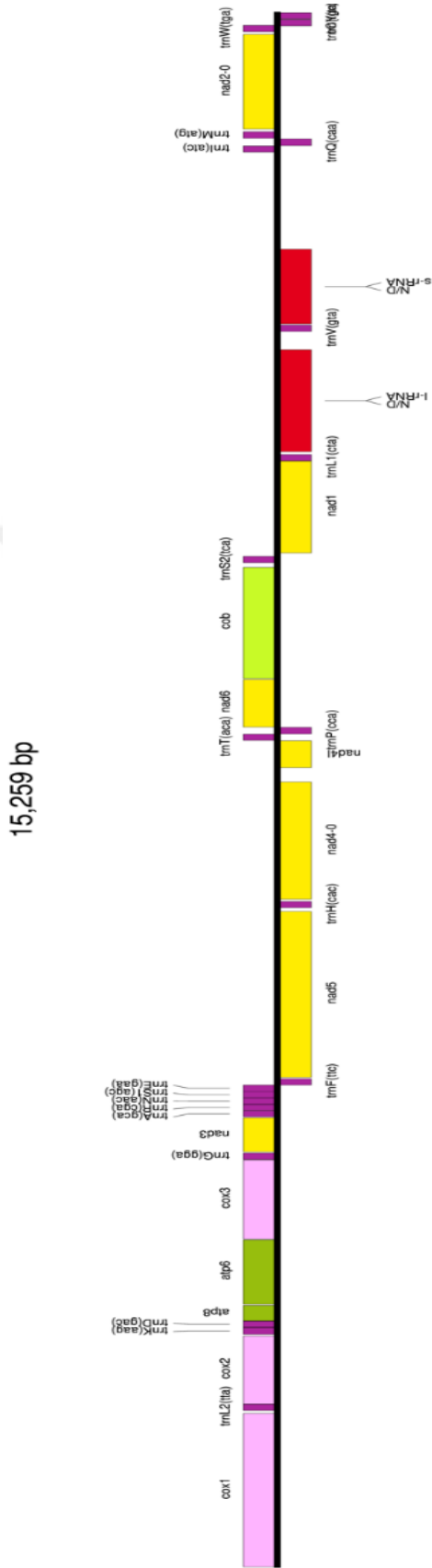
Antalya ili Gündoğmuş ilçesinden toplanan *Artianus manderstjernii*'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda, 15,259 bp dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

Artianus manderstjernii türüne ait mitokondriyal genom gen içeriğini ve düzenini gösteren bilgiler MITOS programı kullanıldığında Şekil 4.9 ve Şekil 4.10a'da, GeSeq programı kullanıldığında Şekil 4.10b'de verilmiştir. GeSeq programı kullanarak 26 adet tRNA bölgesi, MITOS programı kullanılarak 13 adet protein kodlayan gen (cox1, cox2, atp8, atp6, cox3, nad3, nad5, nad4-0, nad4l, nad6, cob, nad1, nad2-0), 2 adet rRNA (rrnL, rrnS) ve 22 adet tRNA (trnL2, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnF, trnH, trnT, trnP, trnS2, trnL1, trnV, trnI, trnQ, trnM, trnW, trnC, trnY) bulunmuştur. Gen sırası/düzeninin birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğu gözlemlenmiştir. Bu türün NCBI gen veri tabanında tüm mitokondriyal genomuna ait dizilimine rastlanmamıştır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez elde edilmiştir.

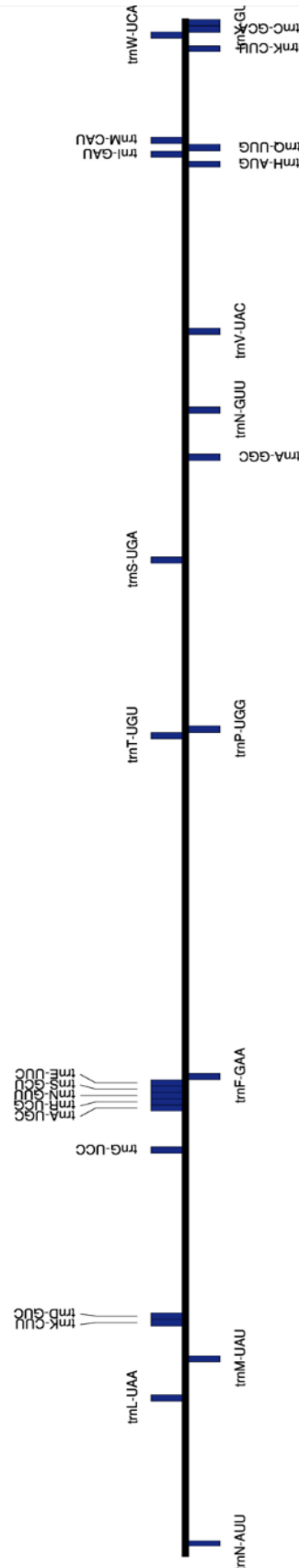
Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	7	1515	+	1509	
trnL2(tta)	1543	1605	+	63	svg ps
cox2	1606	2271	+	666	
trnK(aag)	2288	2357	+	70	svg ps
trnD(gac)	2358	2420	+	63	svg ps
atp8	2421	2573	+	153	
atp6	2582	3217	+	636	
cox3	3223	3999	+	777	
trnG(gga)	4002	4068	+	67	svg ps
nad3	4078	4413	+	336	
trnA(gca)	4421	4481	+	61	svg ps
trnR(cga)	4483	4542	+	60	svg ps
trnN(aac)	4543	4607	+	65	svg ps
trnS1(agg)	4607	4672	+	66	svg ps
trnE(gaa)	4670	4734	+	65	svg ps
trnF(ttc)	4733	4796	-	64	svg ps
nad5	4808	6436	-	1629	
trnH(cac)	6473	6535	-	63	svg ps
nad4-0	6555	7706	-	1152	
nad4l	7847	8110	-	264	
trnT(aca)	8113	8175	+	63	svg ps
trnP(cca)	8176	8242	-	67	svg ps
nad6	8245	8712	+	468	
cob	8720	9811	+	1092	
trnS2(tca)	9856	9919	+	64	svg ps
nad1	9952	10854	-	903	
trnL1(cta)	10855	10918	-	64	svg ps
rrnL	10945	11946	-	1002	svg ps
trnV(gta)	12123	12188	-	66	svg ps
rrnS	12199	12931	-	733	svg ps
trnI(atc)	13882	13944	+	63	svg ps
trnQ(caa)	13945	14013	-	69	svg ps
trnM(atg)	14018	14084	+	67	svg ps
nad2-0	14109	15038	+	930	
trnW(tga)	15062	15127	+	66	svg ps
trnC(tgc)	15121	15184	-	64	svg ps
trnY(tac)	15188	15250	-	63	svg ps

Ŗekil 4.9. *Artianus manderstjernii* mitokondriyal genomuna (15,259 bç) ait gen ierięi ve dzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)

a)



15,259 bp



(b)

Şekil 4.10. *Artianus manderstjernii* tüm mitokondriyal genom anotasyonu 15,259 bç **a)** MiTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Austroagallia sinuata* Mulsant & Rey, 1855

Başpınar ve Uygun (1990), Öztürk (2002) ile Meshram vd. (2018)'nin çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Austroagallia sinuata* olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Subfamily: Megophtalminae Kirkaldy, 1906

Tribüs: Agalliini Kirkaldy, 1901

Cins: *Austroagallia* Evans, 1935

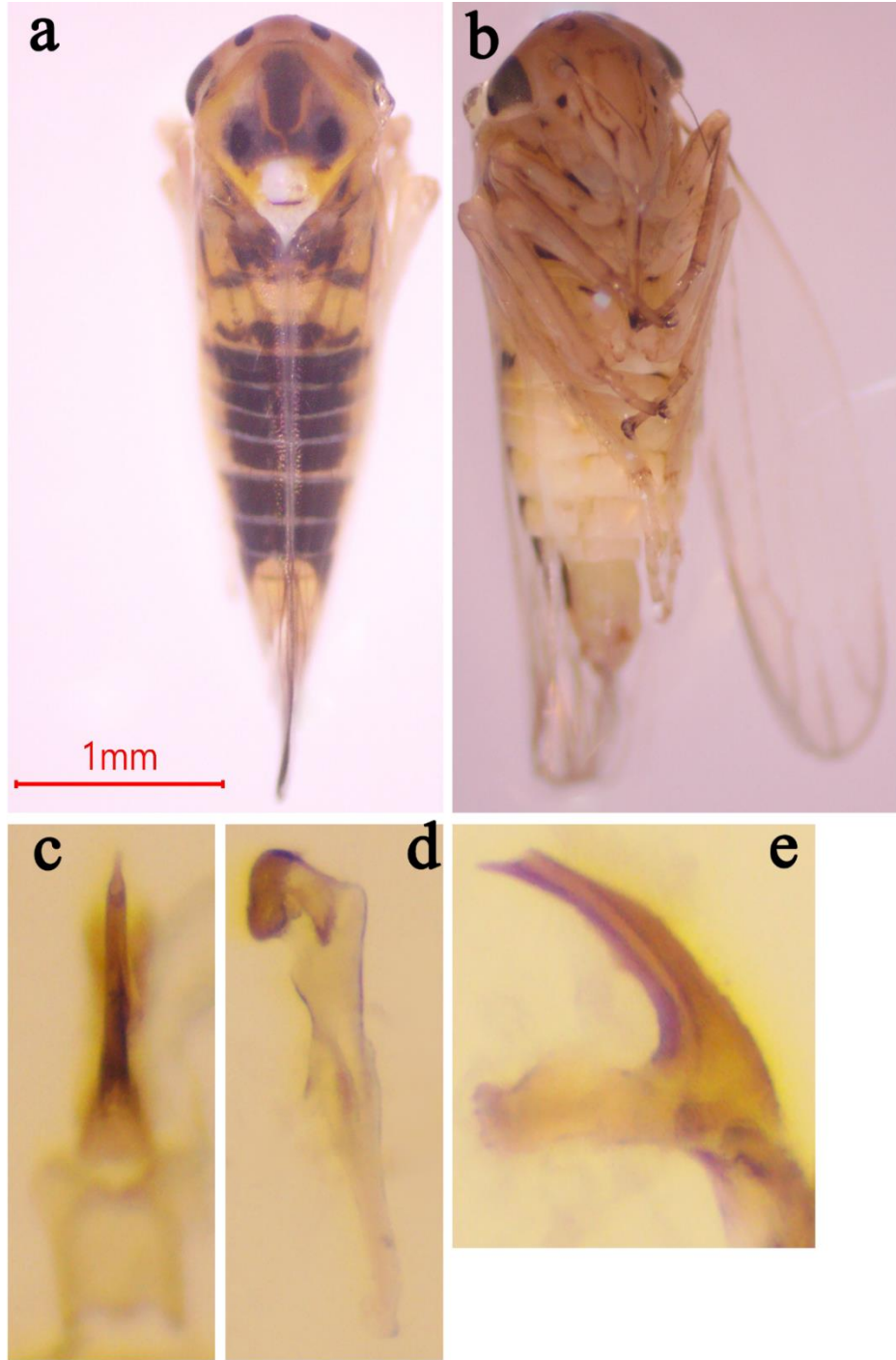
Sinonim: *Bythoscopus sinuatus* Mulsant ve Rey, 1855; *Agallia quadrisignata* Flor, 1861; *Agallia homeyeri* Kirschbaumi, 1868; *Agallia fieberi* Vismara, 1878; *Agallia sinuata laevis* Bergevin, 1934; *Peragallia sinuatus zachvatkini* Vibaste, 1961; *Peragallia sinuatus nasti* Dlabola, 1964; *Peragallia sinuatus deserticola* Dlabola (Demir 2005)

Dünyadaki Yayılışı: Afganistan, Avusturya, Belçika, Bulgaristan, Cezayir, Çekya, Fas, Fransa, Irak, İngiltera, İran, İspanya, İsrail, İsviçre, İtalya, Libya, Kanarya Adaları, Kıbrıs, Macaristan, Mısır, Portekiz, Romanya, Suriye, Tunus Türkiye, Eski Yugoslavya ve Yunanistan (Başpınar ve Uygun 1990).

Türkiye'deki Dağılımı: Adana, Ankara, Diyarbakır, Erzincan, Hakkari, Gaziantep, İzmir, Kars, Mersin, Mardin, Muğla, Nevşehir, Samsun ve Siirt (Lodos ve Kalkandelen 1981) (Dlabola 1957, 1971b, 1981) (Başpınar ve Uygun 1990)

Tanımı: İncelenen örnek 3.35 mm boyutundadır. Saman sarısı rengindedir. Verteks pronotumun 1/4'ü kadar uzunluktadır (Öztürk 2002). Vertex ve pronotum'da ikişer adet siyah renkli yuvarlak lekeler bulunmaktadır. Verteks üzerinde bulunan lekeler daha küçüktür (Şekil 4.11a) (Başpınar ve Uygun 1990). Aedeagusun taban kısmı (phallobase) neredeyse aedeagus kadar uzun olup aedeagusun uç kısmı daralarak sivrilmiştir (Öztürk 2002).

İncelenen materyal: Antalya: Döşemealtı, 37,011731°, 30,563279°, 1♀, 5.05.2020; Muratpaşa, 36,856121°, 30,749192°, 4♂♂, 2♀♀, 22.06.2018; Konyaaltı, 36,893456°, 30,655585°, 1♂, 1♀, 12.04.2018; Konyaaltı, 36,895855°, 30,551021°, 1♀, 1♂ 5.05.2019. Burdur: Çavdır, 37.055393°, 29.789368°, 1♀, 02.08.2018; Çavdır, 37.1091°, 29.7515°, 1♂, 02.08.2018; Çeltikçi, 37.525948°, 30.510202°, 1♂, 1♀, 04.08.2018; Yeşilova, 37.512337°, 29.737770°, 1♀, 03.08.2018.

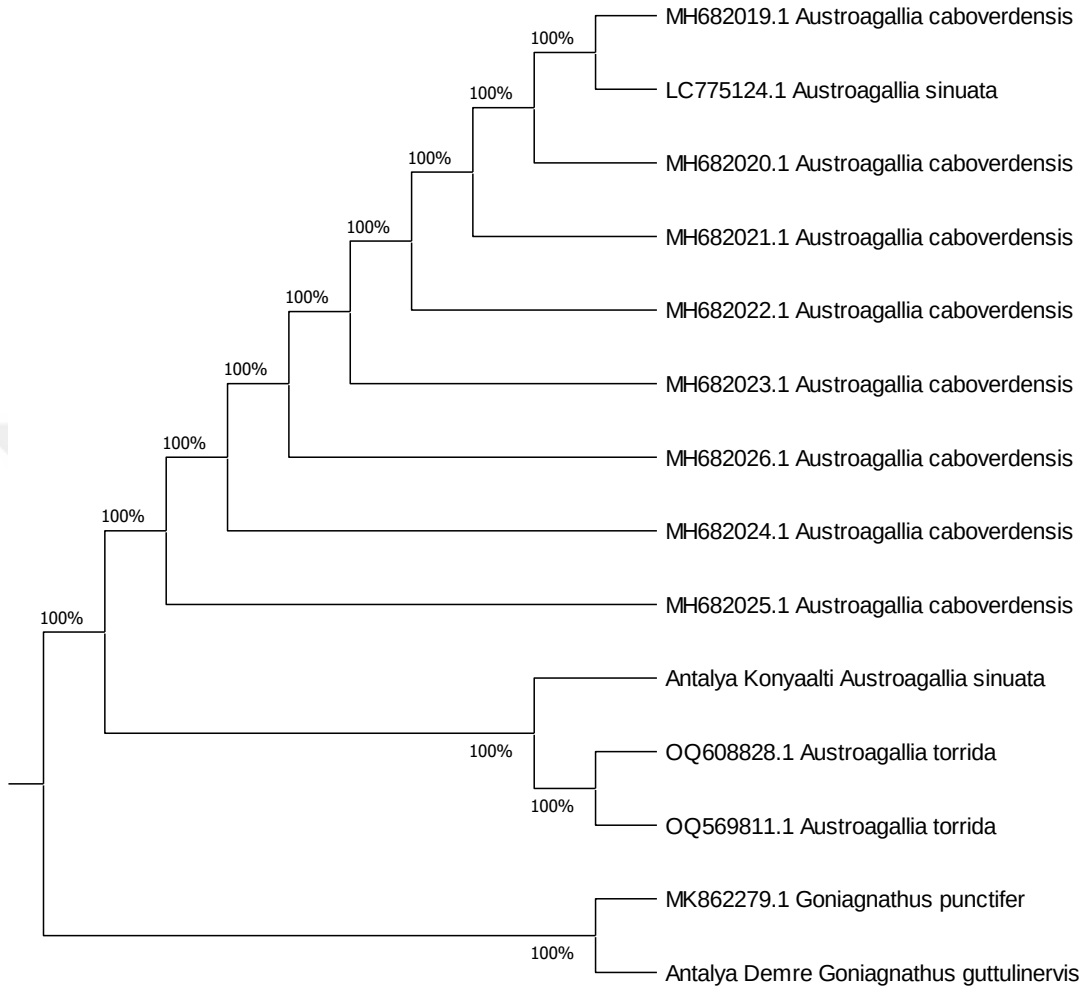


Şekil 4.11. *Austroagallia sinuata* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Aedeagus dorsal görünüşü **d)** Stilus; **e)** Aedeagus lateral görünüşü

Austroagallia sinuata COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 509 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan OQ608828.1 kayıt numaralı *Austroagallia torrida* 'ya ait sekans ile %88,01 ve

OQ569811.1 kayıt numaralı *A. torrida* 'ya ait sekans dizilimi ile %88,01 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Ancak, veri tabanının bulunan LC775124.1 kayıt numaralı aynı tür *Austroagallia sinuata* ile eşleşmemiştir.



Şekil 4.12. Mega X programı ile yapılan *Austroagallia* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Austroagallia cinsi için COI gen bölgesi kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.12’de verilmiştir. UPGMA ağacında *Austroagallia* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *A. caboverdensis* ve GenBank’tan alınan *A. Sinuata*’yı kapsamaktadır. İkinci ana dal ise *A. torrida* ve çalışmada elde edilen *A. sinuata*’yı içermektedir.

Oluşturulan UPGMA ağacında LC775124.1 kayıt numaralı *Austroagallia sinuata*’nın *A. caboverdensis* ile kümelendiği görülmüştür. Ayrıca, LC775124.1 kayıt numaralı *Austroagallia sinuata*’nın dizilim bilgisinin BLAST analizi sonucunda, LC775124.1, MH682020.1, MH682019.1, MH682018.1, MH682017.1, MH682016.1, MH682015.1, MH682014.1, MH682013.1, MH682012.1, MH682011.1, MH682010.1, MH682009.1, MH682008.1, MH682007.1, MH682006.1, MH682005.1, MH682004.1 kayıt numaralı 18 adet *A. caboverdensis* örneği ile %100 benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. Çıkan sonuçlardan LC775124.1 kayıt numaralı *A. sinuata* türünün yanlış tanımlama ile veri tabanına yüklendiği düşünülmektedir.

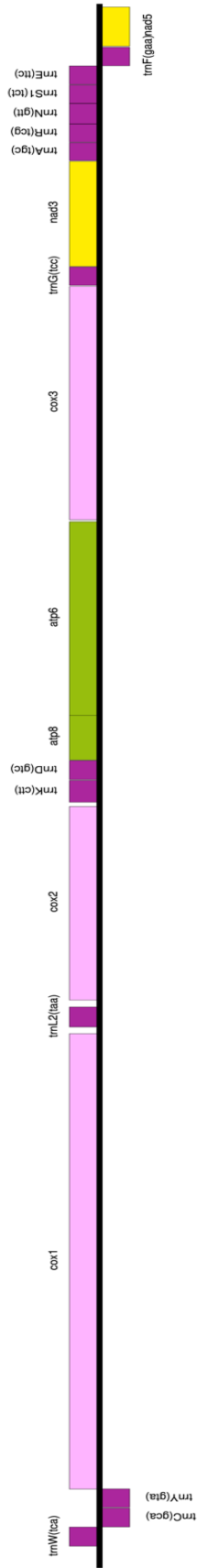
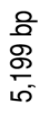
Benzer sonuç Meiklejohn vd. (2019)'nin alışmasında bulunmuştur. alışmalarında böceklerde tür düzeyinde BOLD'un %35, GenBank'ın %53 doğrulukla tanımlaması nedeniyle zayıf performans gösterdiğini belirtilmiştir. Buna etken olarak yanlış tanımlamaların veri tabanlarına dahil edilmesi nedeniyle ilişkilendirilebileceklerini öne sürmüşlerdir.

DNA barkod yöntemi, türleri ayırt etmek için standart barkod dizilerinin genetik varyasyonunu kullanan bir araçtır. Hem bilinen türlerin ayırt edilmesi hem de önceden bilinmeyen türlerin keşfedilmesi açısından türlerin tanımlanmasında etkili olduğunun kanıtlandığı belirtilmiştir. Ancak veri tabanlarının kamuya açık olması ve hacminin hızla büyümesinin bazı hataları da beraberinde getirebildiğini vurgulanmıştır. Örneğin yanlış tanımlanması, numenin karıştırılması ve kontaminasyon ile karşılaşılabilirdiği belirtilmiştir. Referans kütüphanelerinin kalitesinin DNA barkod ile yapılan tür tanımlamalarının doğruluğu ile belirlendiğini ifade etmişlerdir (Cheng vd. 2023).

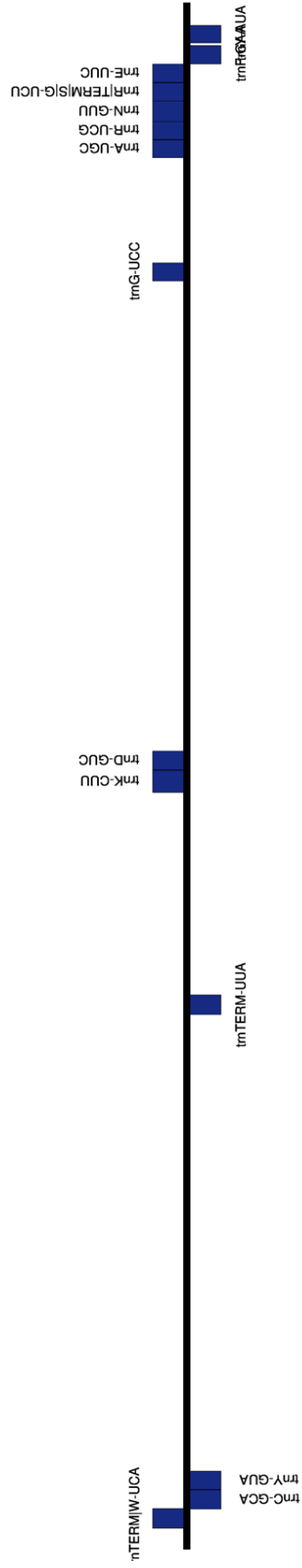
***Austroagallia sinuata* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya ili Muratpaşa ilçesinde portakal bahçesinden toplanan *Austroagallia sinuata* 'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda, 5,199 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genome ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. *A. sinuata* türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.13a'da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.13b'de verilmiştir. GeSeq programı kullanılarak 14 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak 7 adet protein kodlayan gen (cox1, cox2, atp8, atp6, cox3, nad3, nad5) ve 13 adet tRNA bölgesi (trnW, trnC, trnY, trnL2, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnF) bulunmuştur. Gen sırası/düzeninin birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğu gözlemlenmiştir.

a)



(q)



Şekil 4.13. *Austroagallia sinuata* mitokondriyal genom anotasyonu 5,199 bç **a)** MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Balclutha hebe* Kirdaldy 1906

Başpınar ve Uygun (1991b)'nın çalışmasından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Balclutha hebe* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae

Tribüs: Macrostelini Kirkaldy, 1906

Cins: *Balclutha* Kirkaldy, 1900

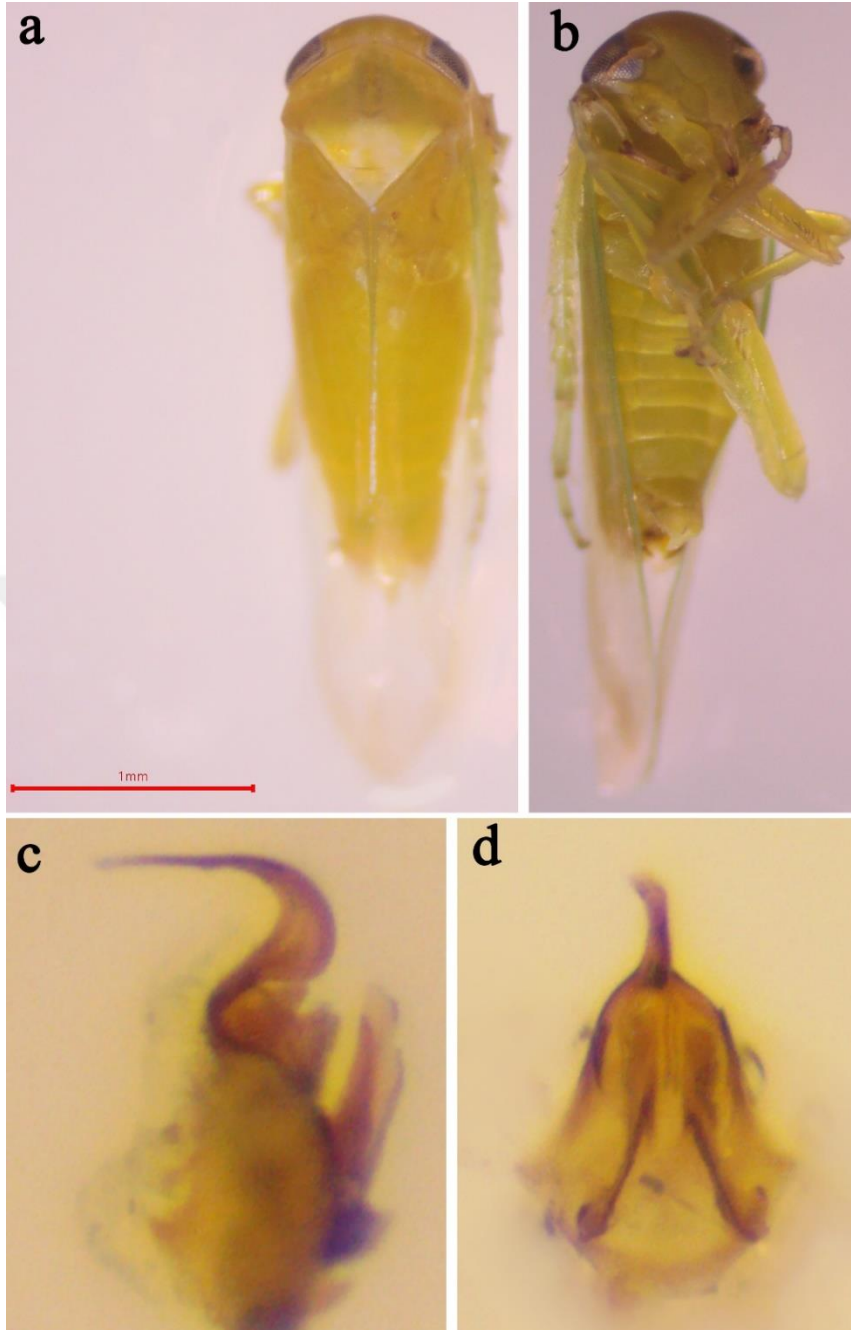
Sinonim: *Eugnathodus bisinuatus* Delong, 1923; *Eugnathodus pallidus* Osborn, 1926; *Eugnathodus bifurcata* De Long-Davidson, 1933; *Balclutha virescens* Haupt, 1927; *Cicadulina uniformis* Metcalf, 1946; *Balclutha hortensis* Lindberg, 1948 (Başpınar ve Uygun 1991b).

Dünya'daki Yayılışı: Girit, Irak, Kanarya Adaları, Lübnan, Mısır, Türkiye, Ürdün ve Yunanistan (Önder vd. 2011)

Türkiye'deki Yayılışı: Adana, Ankara, Bitlis, Burdur, Diyarbakır, Elazığ, Gaziantep, Hatay, Mersin, Karaman, Konya, Malatya, Mardin, Muğla, Nevşehir ve Şanlıurfa (Önder vd. 2011)

Tanımı: İncelenen örneğin boyutu 3,45 mm uzunluğunda ve sarımsı yeşil rengindedir (Şekil 4.14a). Baş kısmı pronotum ile aynı genişliktedir. Verteks geniş ve kısadır. Aedeagus büyük bir tabana (phallobase) sahiptir ve ventral çıkıntıları vardır. Tabana yakın kısmı oldukça kıvrımlıdır, apikal kısım ise düzdür (Başpınar ve Uygun 1991b).

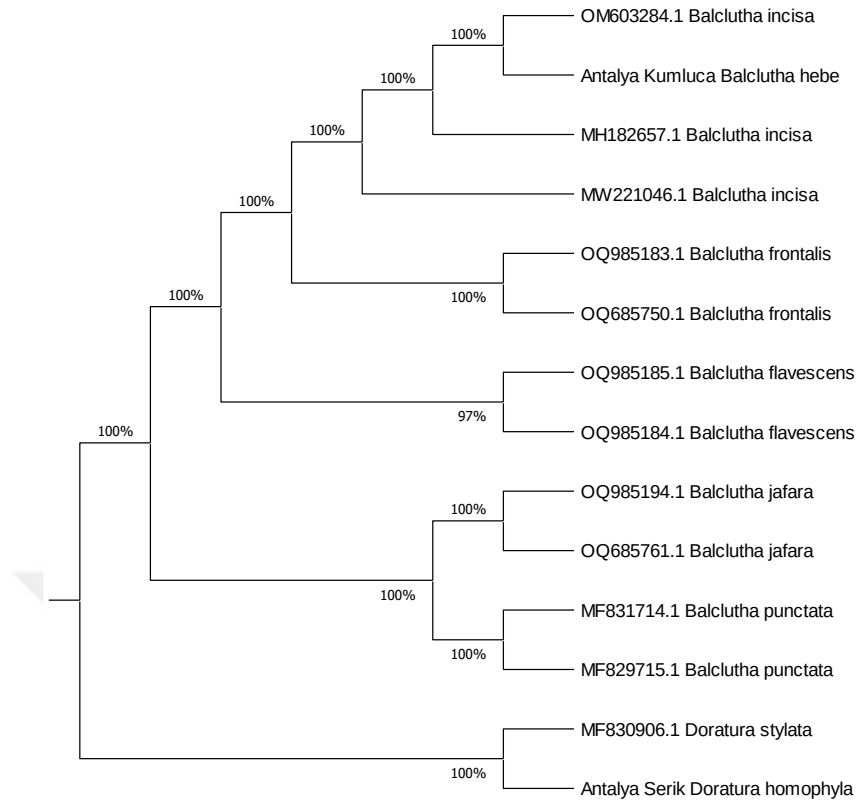
İncelenen materyal: Antalya: Alanya, 36,5080°, 32,0755°, 1♀, 2♂♂, 21.06.2019; 36,5480°, 32,0570°, 2♀♀, 21.06.2019; 36,5336°, 32,0461°, 1♀, 1♂, 21.06.2019; Demre, 36,243127°, 30,028449°, 1♀, 1.08.2019; Elmalı, 36,6549°, 29,9189°, 1♀, 25.08.2019; Finike, 36,3208°, 30,2370°, 2♂♂, 19.06.2019; 36,3406°, 30,1597°, 1♀, 1♂, 19.06.2019; 36,3208°, 30,1457°, 1♀, 19.06.2019; Gazipaşa, 36,269249°, 32,313691°, 1♀, 21.06.2019; 36,278506°, 32,305189°, 2♀♀, 21.06.2019; 36,294115°, 32,288127°, 1♀, 21.06.2019; İbradı, 37,0955°, 31,5964°, 3♀♀, 29.07.2019; Konyaaltı 36,895855°, 30,551021°, 1♀, 5.05.2019; 13♀♀, 6♂♂, 12.01.2020; 2♀♀, 10.03.2020; 115♀♀, 121♂♂, 10.06.2020; Kumluca, 36,3028°, 30,3517°, 1♀, 1♂, 19.06.2019; 36,3462°, 30,2796°, 2♀♀, 3♂♂, 19.06.2019; 36,3489°, 30,2996°, 6♀♀, 7♂♂, 19.06.2019; 36,3028°, 30,3517°, 21♀♀, 8♂♂, 19.06.2019; Manavgat, 36,895466°, 31,196894°, 12♀♀, 10♂♂, 2.08.2019; 36,810787°, 31,385929°, 3♀♀, 1♂, 2.08.2019; Muratpaşa, 36,856049°, 30,794368°, 3♀♀, 22.06.2018. Isparta: Aksu, 37,799213°, 31,048828°, 2♀♀, 1♂, 09.08.2018; 37,730427°, 31,192495°, 12♀♀, 11♂♂, 09.08.2018; Gelendost, 37,986614°, 30,972994°, 1♀, 01.08.2018.



Şekil 4.14. *Balclutha hebe* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Aedeagus lateral görünüşü; **d)** Aedeagus dorsal görünüşü

***Balclutha hebe* COI gen bölgesi**

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 602 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan OM603284.1 kayıt numaralı *Balclutha incisa*'ya ait sekans ile %100 ve MH182657.1 kayıt numaralı *B. incisa*'ya ait sekans dizilimi ile %99,83 oranında sekans homolojisi göstermiştir. NCBI GenBank veri tabanında *Balclutha incisa* türüne ait 28 farklı kayıtlı sekans dizilimi ile %99-%100 arasında eşleşme sağlamıştır.



Şekil 4.15. Mega X programı ile yapılan *Balclutha* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

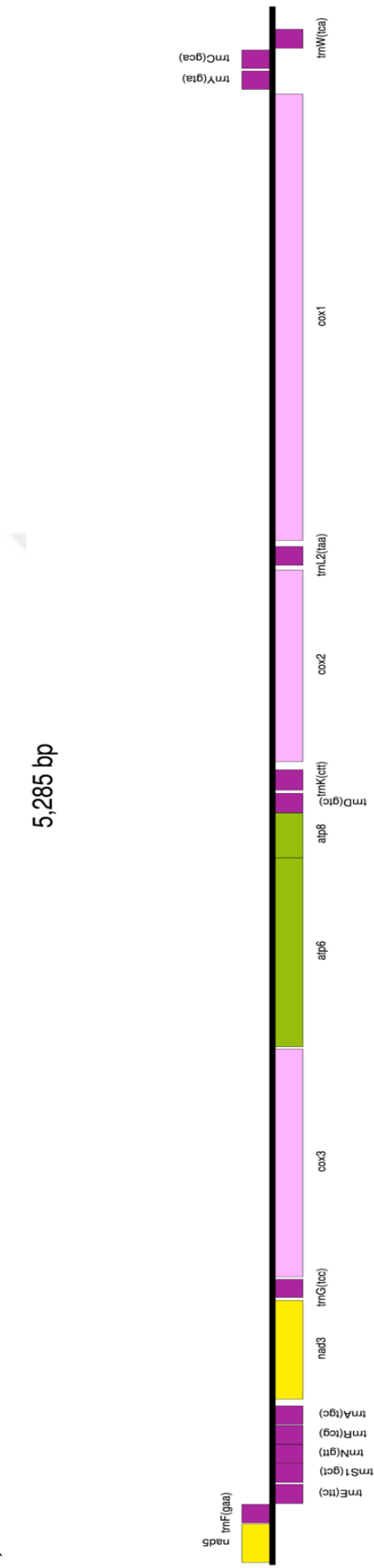
Balclutha cinsi için, 5 türden 11 bireye ait COI gen bölgesi kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.15'te verilmiştir. UPGMA ağacında *Balclutha* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *B. jafara* ve *B. punctata*'yı kapsamaktadır. İkinci ana dal ise *B. flavescens*, *B. frontalis*, *B. incisa* ve *B. hebe*'yi içermektedir. *Balclutha hebe* türü *B. incisa* türleri ile aynı yerde kümelenmiştir.

Evans (1977) çalışmasında *Baltlutha hebe*'nin *Balclutha incisa* ile sinonim olduğunu belirtmiştir. Yapılan bu çalışmada da bu iki türün sinonim olduğu düşünülmektedir.

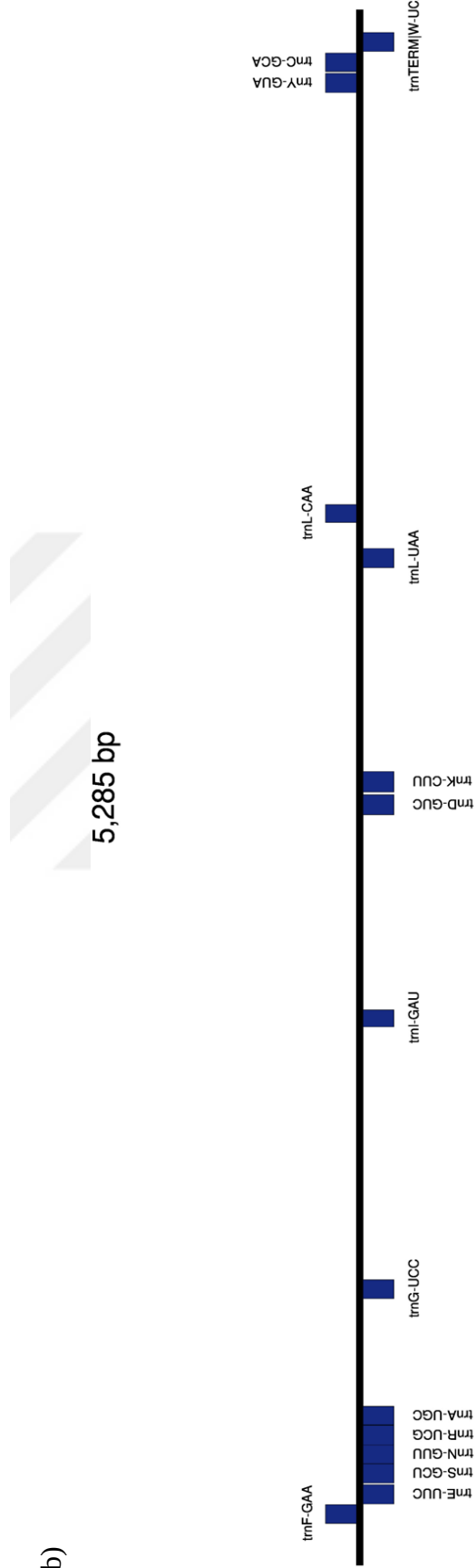
Balclutha hebe mitokondriyal genom anotasyonu

Antalya ili Kumluca ilçesinde limon/portakal bahçesinden toplanan *Balclutha hebe*’ya ait mitokondriyal assembly sonucunda, 5,285 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. *Balclutha hebe* türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda, elde edilen veriler Şekil 4.16a’da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.16b’de verilmiştir. GeSeq programı kullanarak 15 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak 7 adet protein kodlayan gen (nad5, nad3, cox3, atp6, atp8, cox2, cox1) ve 13 adet tRNA bölgesi (trnF, trnE, trnS1, trnN, trnR, trnA, trnG, trnD, trnK, trnL2, trnY, trnC, trnW) bulunmuştur. 5,285 bç dizilimin içerdiği içerdiği genlerin sıralaması birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğunu göstermiştir.

a)



(b)

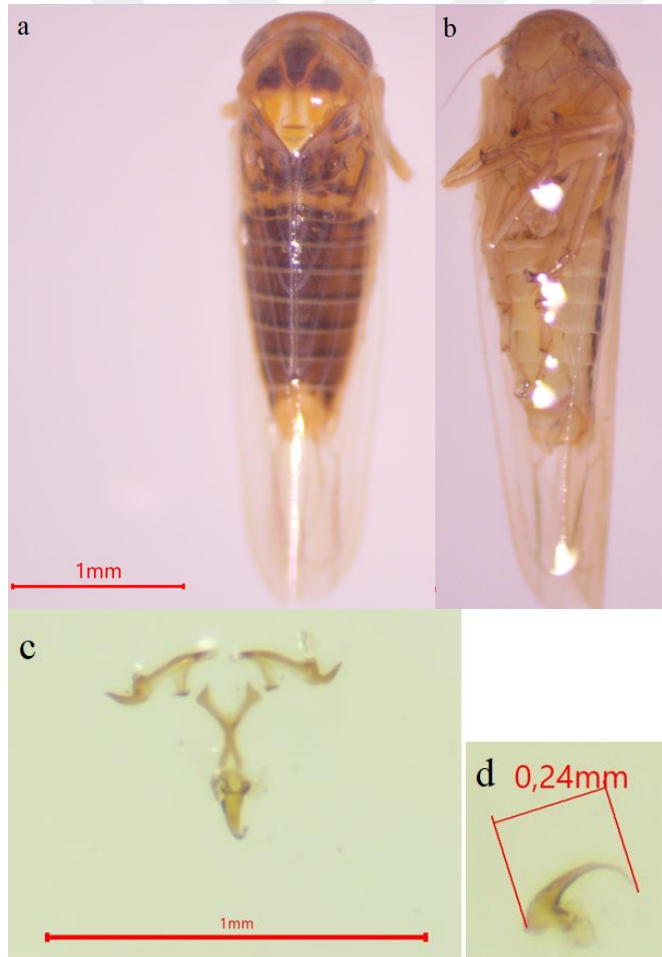


Şekil 4.16. *Balclutha hebe* mitokondriyal genom anotasyonu 5,285 bp **a)** MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Balclutha* sp. Kirkaldy, 1900**Taksonomi:** Altfamilya: Deltocephalinae

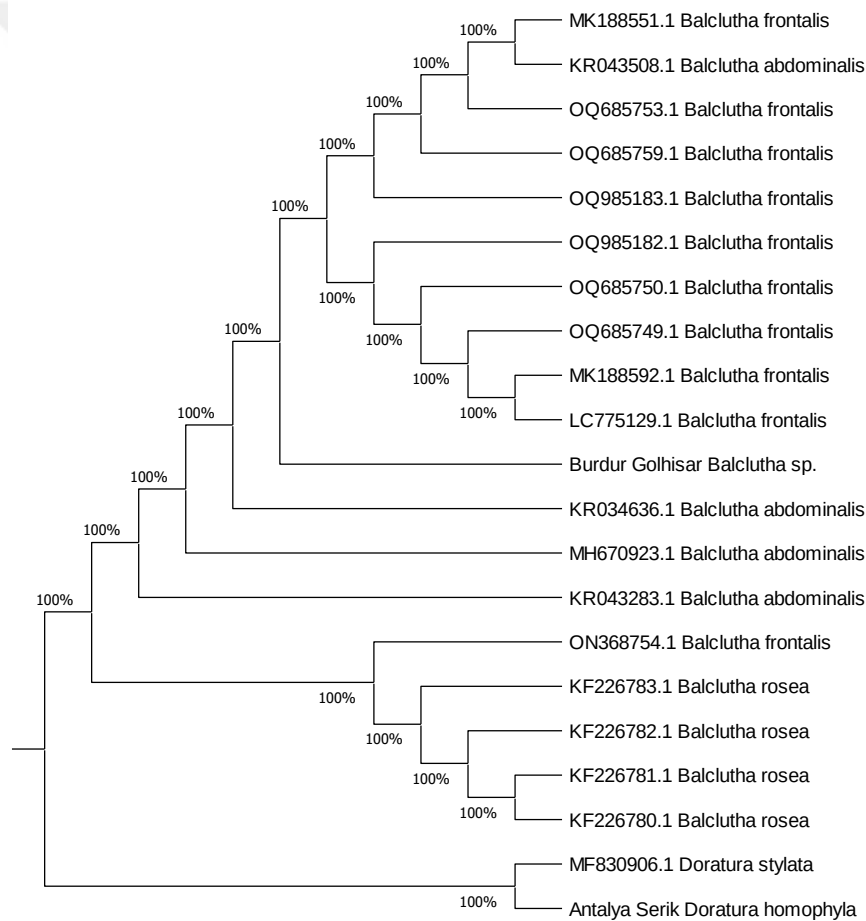
Tribüs: Macrostelini Kirkaldy, 1906

İncelenen materyal: Antalya: Elmalı 36.7190°, 29.9220°, 1♀, 8.06.2019; Gündoğmuş 36,8154°, 31,9976°, 2♂♂30.07.2019; 36,803717°, 32,056045°, 1♀30.07.2019; Kaş, 36,2075°, 29,6217°, 1♂, 8.06.2019; Konyaaltı, 36,847027°, 30,596844°, 1♂, 6.06.2018; 36,855885°, 30,605600°, 5♀♀, 6.06.2018; 36,890122°, 30,662764°, 2♀♀, 6.06.2018; 36,893456°, 30,655585°, 2♂♂, 12♀♀, 12.04.2018; 36,895855°, 30,551021°, 1♂, 5.05.2019; 1♂, 12.01.2020; Korkuteli, 37,08083°, 30,168941°, 1♀, 23.05.2018; Manavgat, 36,844334°, 31,341215°, 1♂, 1♀, 2.08.2019. Burdur: Çavdır, 37.1850°, 29.6424°, 1♂, 2♀♀, 02.08.2018; Çeltikçi, 37.525948°, 30.510202°, 1♂, 04.08.2018; Gölhisar, 37.1857°, 29.5297°, 1♂, 02.08.2018; 37.1824°, 29.5394°, 8♂♂, 9♀♀, 02.08.2018; 37.1256°, 29.5158°, 2♀♀, 02.08.2018; Karamanlı, 37.3448°, 29.8107°, 1♀, 03.08.2018; 37.3515°, 29.8572°, 9♂♂, 6♀♀, 03.08.2018; Tefenni, 37.2024°, 29.9552°, 1♂, 3♀♀, 03.08.2018; 37.2666°, 29.8910°, 2♂♂, 3♀♀, 03.08.2018. Isparta: Gelendost, 38.090839°, 30.999119°, 1♀, 11.08.2018.



Şekil 4.17. *Balclutha* sp. a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Konnektif, stilus ve aedeagus; d) Aedeagus

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 712 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan KR565075.1 kayıt numaralı *Balclutha* sp.'ye ait sekans ile %100, MK188592.1, OQ985182.1, OQ685750.1, LC775129.1, OQ985183.1, OQ685749.1, OQ685753.1, OQ685759.1 kayıt numaralı *B. frontalis*'a ait sekans dizilimleri ile %99, MH670923.1, KR043508.1, KR034636.1, KR043283.1 kayıt numaralı *B. abdominalis*'e ait sekans dizilimleri ile %99, KF226780.1, KF226781.1, KF226782.1, KF226783.1 kayıt numaralı *B. rosea*'ya ait sekans dizilimleri ile %99 eşleşme sağlanmıştır. Sonuçlarda *Balclutha* cinsine ait *B. frontalis*, *B. abdominalis* ve *B. rosea* türleri yakın sonuçlar göstermiştir. Bu nedenle çelişkili sonuçların doğrulanması için türe ait COI gen bölgesi ve morfolojik teşhis için kullanılan morfolojik karakterlerin birlikte incelenmesine ve revizyon yapılmasına ihtiyaç olduğu düşünülmektedir.

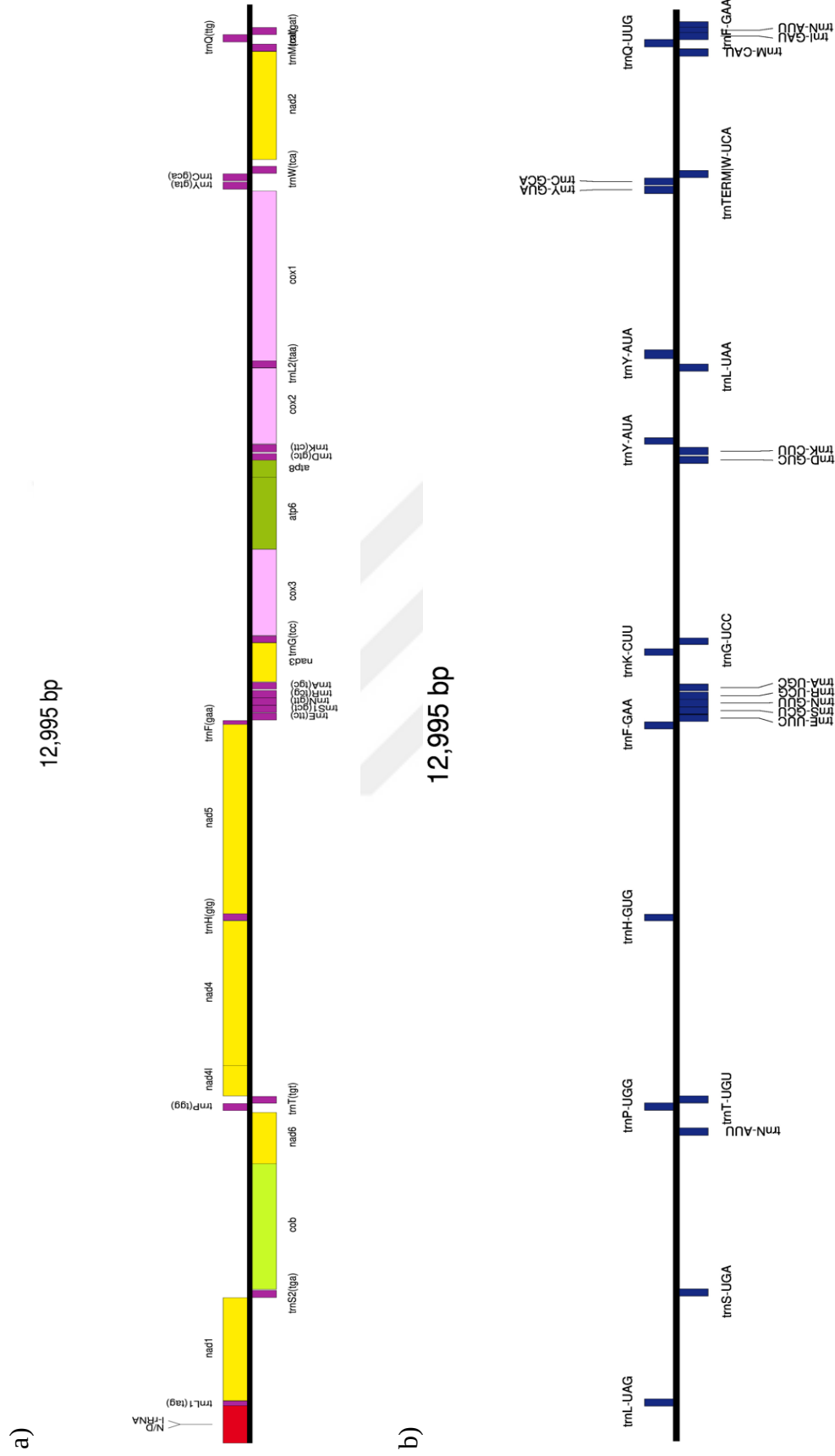


Balclutha cinsi için COI barkodları kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.18’de verilmiştir. UPGMA ağacında *Balclutha cinsi* iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *B. frontalis* ve *B. abdominalis*’i kapsamaktadır. İkinci ana dal ise *B. frontalis* ve *B. rosea*’yi içermektedir.

***Balclutha* sp. mitokondriyal genom anotasyonu**

Burdur ili Gölhisar ilçesinde biber ve soğan bostanından toplanan *Balclutha* sp. 'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 12,995 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. *Balclutha* sp.'ye ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.19a'da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.19b'de verilmiştir. GeSeq programı kullanarak 27 adet tRNA gen bölgesi bulunmuştur. MITOS programı ile anotasyonu sonucunda rrnS ve trnV bölgesi hariç, diğer tüm genlere sahip olduğu ve gen sırası/düzeninin birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğu gözlemlenmiştir.





Tür: *Deltocephalus pulicaris* Fallén, 1806

Güçlü ve Özbek (1994c) ile Zahniser ve Dietrich (2013)'den yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Deltocephalus pulicaris* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Subfamily: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribe: Deltocephalini Dallas, 1870

Cins: *Deltocephalus* Burmeister, 1838

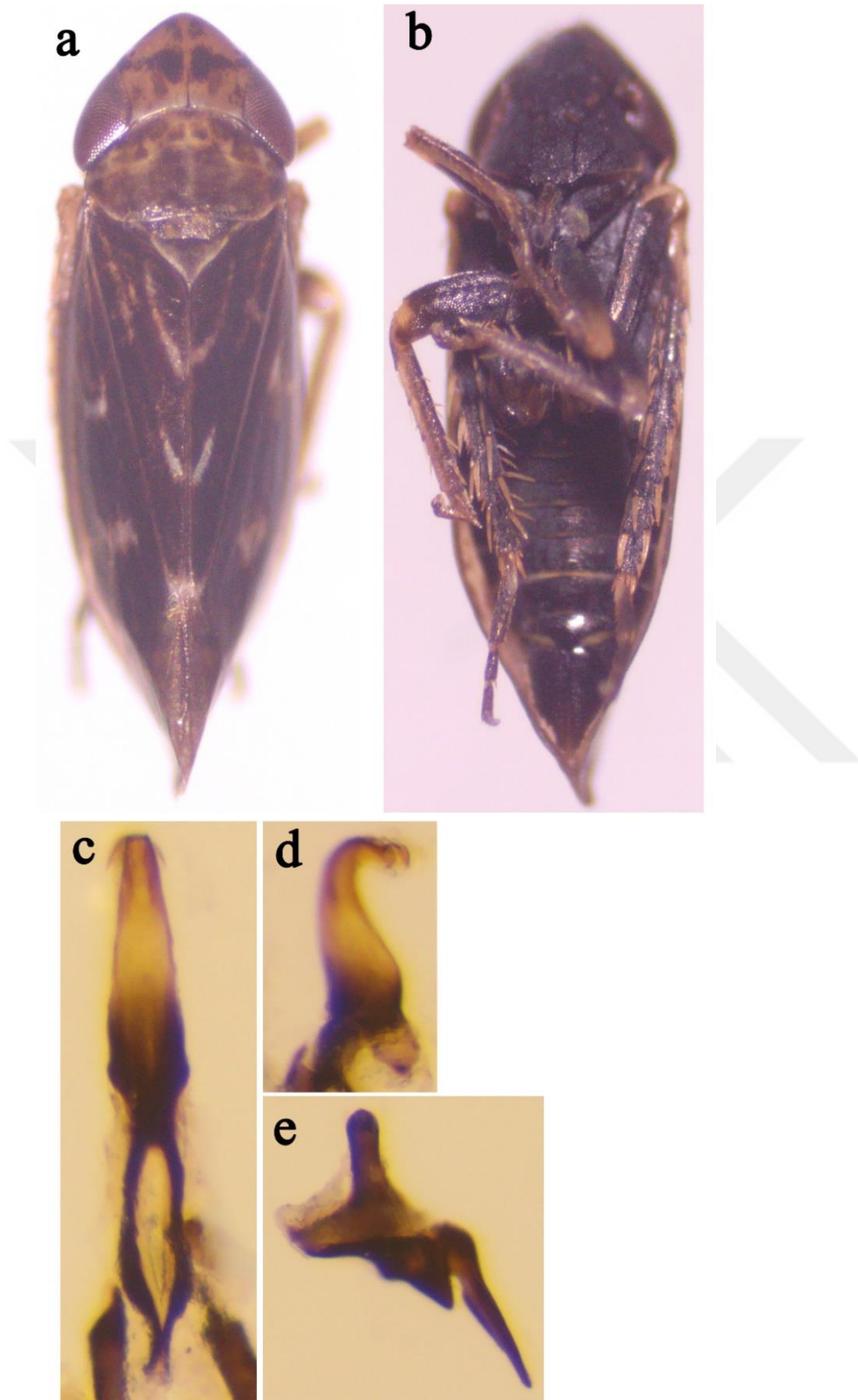
Sinonim: *Cicada pulicaris* Fallén, 1806; *Jassus pulicaris* Herrich-Schäffer, 1834; *Jassus* (*Deltocephalus*) *pulicaris* Burmeister, 1838; *Deltocephalus pulicaris* Herrich-Schäffer, 1840; *Iassus* (*Deltocephalus*) *pulicaris* Westwood, 1840; *Deltocephalus pulicarius* Boheman, 1850; *Iassus pulicaris* Fairmaire, 1855; *Deltocephalus pulicaris* var. *b* Sahlberg, 1871; *Deltocephalus pulicaris* var. *convexus* Rey, 1894, *Deltocephalus pulicaris* var. *fumigatus* Rey, 1894, *Deltocephalus infumatus* Osborn, 1915; *Deltocephalus* (*Deltocephalus*) *pulicarius* DeLong 1926 (Zahniser 2007).

Dünyadaki Yayılışı: Almanya, Andorra, Avusturya, Belçika, Bulgaristan, Cezayir, Çekya, Danimarka, Ermenistan, Finlandiya, Fransa, Hollanda, İngiltere, İrlanda, İsveç, İsviçre, İtalya, Kanada, Kırgızistan, Macaristan, Moğolistan, Norveç, Özbekistan, Polonya, Portekiz, Romanya, Rusya, Türkiye, Türkmenistan, Eski Yugoslavya ve Neartic Bölge (Güçlü ve Özbek 1994c; Zahniser 2007).

Türkiye'deki Dağılımı: Amasya, Erzurum, Ordu, Samsun, Sinop ve Tokat (Lodos ve Kalkandelen 1985c; Zeybekoğlu 1998).

Tanımı: İncelenen materyalde birey 2,53 mm uzunluğundadır (Şekil 4.20a, b). Verteks kahverengi olup üzerinde koyu lekeler bulunur. Yüz siyah renktedir. Pronotum ve ön kanatlar koyu kahverengi olup üzerinde açık renkli lekeler bulunmaktadır. Aedeagus uç kısma doğru daralır ve bükülür (Güçlü ve Özbek 1994c).

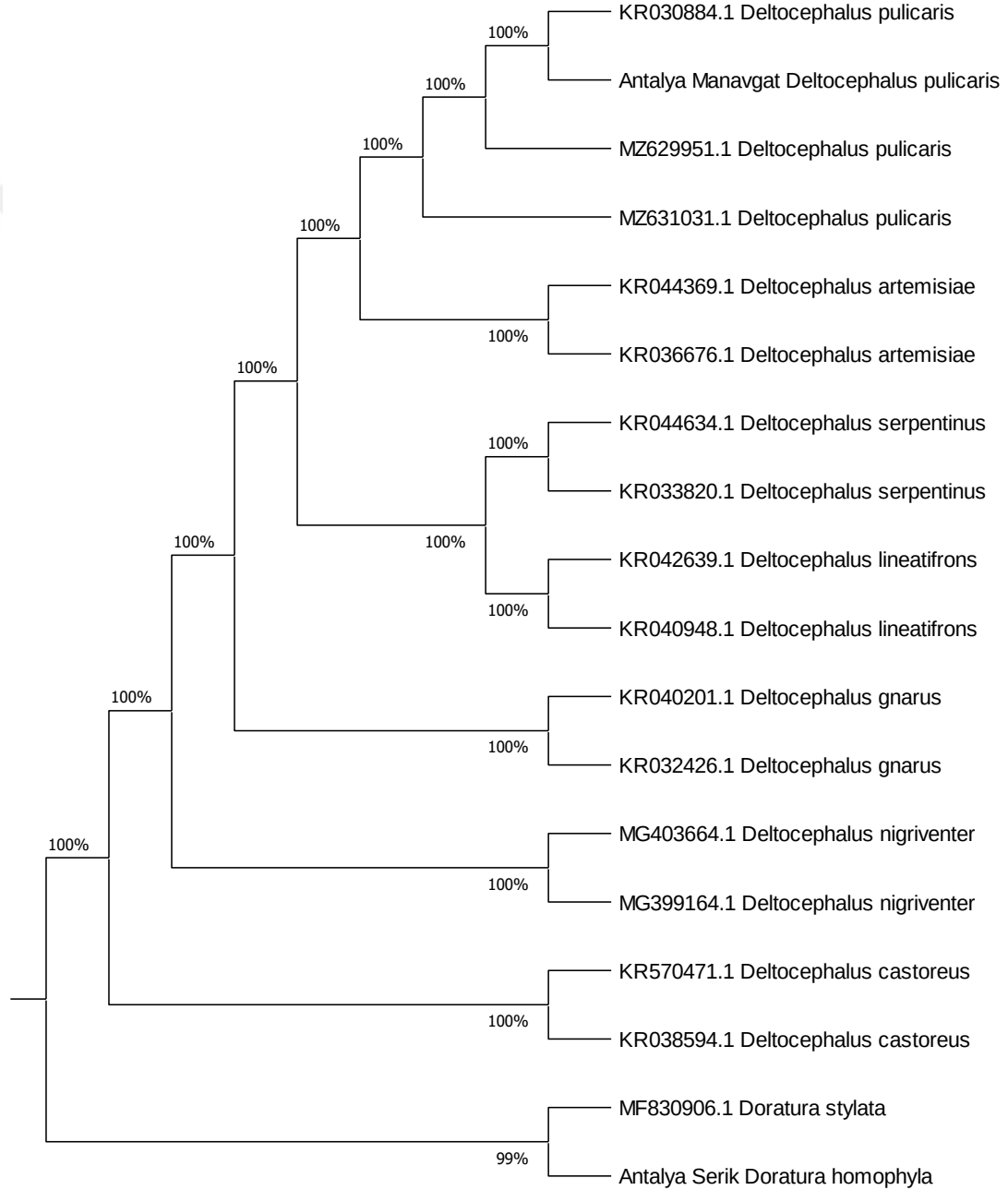
İncelenen materyal: Antalya: Manavgat, 36,851454°, 31,291980°, 2♂♂, 02.08.2019.



Şekil 4.20. *Deltocephalus pulicaris* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Konnektif ve aedeagus; **d)** Aedeagus; **e)** stilus

Deltocephalus pulicaris COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 706 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan KR030884.1, MZ631031.1 ve MZ629951.1 kayıt numaralı *Deltocephalus pulicaris*'a ait sekans ile %100 oranında eşleşme göstermiştir. Elde edilen %100 benzerlik oranı; tür seviyesinde tanımlamanın başarılı olduğunu göstermiştir. Yapılan analiz, morfolojik taksonomi sonucunu da doğrulamıştır.



Şekil 4.21. Mega X programı ile yapılan *Deltocephalus* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez alıřmada elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alınan 8 türden 17 örneğın sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluřturulan UPGMA ağacı Ŗekil 4.21’de verilmiřtir. UPGMA ağacında *Deltocephalus* cinsi iki ana dala ayrılmıřtır; birinci ana dal *D. castoreus* türünü, ikinci ana dalda kümelendiĐi *D. nigriventer*, *D. gnarus*, *D. lineatifrons*, *D. serpentinus*, *D. artemisiae*, *D. pulicaris* türlerinden ayırmaktadır.

Zhang vd. (2019), Çin’den toplanan *Deltocephalus* türlerine ait 98 örneğın (*Deltocephalus vulgaris* 88, *Deltocephalus pulicaris* 5, *Deltocephalus uncinatus* 5) tanımlanması için COI geninin 630 b barkod bölgesine ait sekans dizisi elde etmiřlerdir. alıřmada, ayrıca aedeagus yapısında farklılık gösteren 2 morfotipe sahip *D. vulgaris* popölasyonlarının genetik farklılıkları da incelenmiřtir. alıřma sonucunda, *D. vulgaris* türleri arasında ortalama genetik uzaklığı yaklaşık %0,9 ve %6,3 *Deltocephalus* ait 3 tür için bu değeri %16,4 ile %21,9 arasında bulmuřtur. DNA barkod bölgesi ile oluřturulan BI/ML ağacı ile türler arasında ayırım olduğı gözlenmiřtir. Aynı řekilde, bu tez alıřması ile de oluřturulan UPGMA ağacında *Deltocephalus* cinsine ait 8 türde, aynı türe ait örneklerin bir arada kümelendiğı ve türler arasında ayırım olduğı gözlenmiřtir (Ŗekil 4.21).

***Deltocephalus pulicaris* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya ili Konyaaltı ilçesinde portakal bahesinden toplanan *Deltocephalus pulicaris*’ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 15,263 b dizilim bilgisi elde edilmiřtir. Elde edilen mitokondriyal genomu ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiřtir.

Deltocephalus pulicaris türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda, elde edilen veriler Ŗekil 4.22 ve Ŗekil 4.23a’da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Ŗekil 4.23b’de verilmiřtir. GeSeq programı kullanarak 27 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak 13 adet protein kodlayan gen (cox1, nad2, nad1, cob, nad6, nad4l, nad4, nad5-0, nad3, cox3, atp6, atp8, cox2), 2 adet rRNA bölgesi (rrnL, rrnS) ve 22 adet tRNA bölgesi (trnY, trnC, trnW, trnM, trnQ, trnI, trnV, trnL1, trnS2, trnP, trnT, trnH, trnF, trnE, trnS1, trnN, trnR, trnA, trnG, trnD, trnK, trnL2) bulunmuřtur. Gen sıralaması, birok Cicadellidae türü ile aynı olduğunu gözlemlenmiřtir (Luo vd. 2021, Chen vd. 2021, Jiang vd. 2022, Wu vd. 2022). Bu türün NCBI gen veri tabanında tüm mitokondriyal genomuna ait dizilimine rastlanmamıřtır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez alıřması ile elde edilmiřtir.

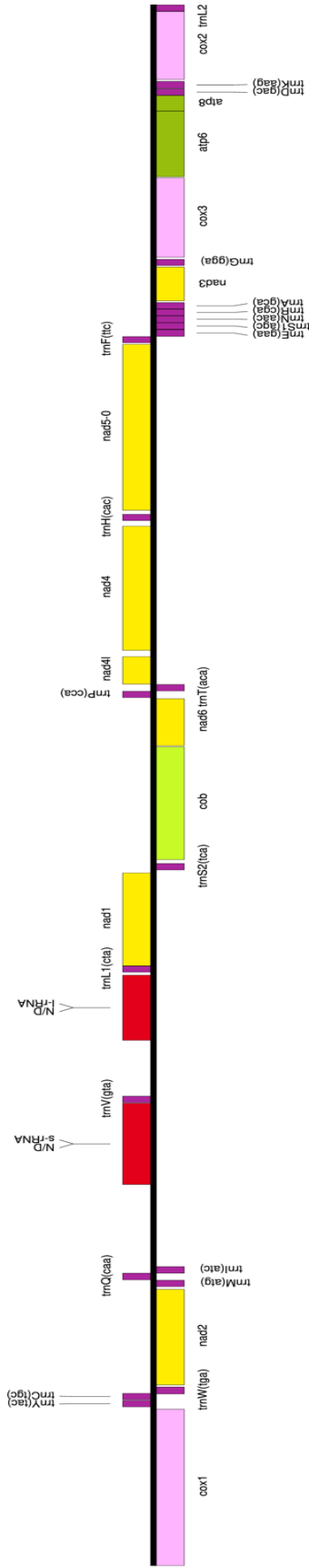
Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	1	1530	-	1530	
trnY(tac)	1551	1615	+	65	svg ps
trnC(tgc)	1621	1685	+	65	svg ps
trnW(tga)	1678	1747	-	70	svg ps
nad2	1765	2700	-	936	
trnM(atg)	2725	2789	-	65	svg ps
trnQ(caa)	2791	2859	+	69	svg ps
trnI(atc)	2857	2922	-	66	svg ps
rrnS	3723	4518	+	796	svg ps
trnV(gta)	4522	4587	+	66	svg ps
rrnL	5131	5769	+	639	svg ps
trnL1(cta)	5796	5858	+	63	svg ps
nad1	5859	6767	+	909	
trnS2(tca)	6794	6859	-	66	svg ps
cob	6895	7998	-	1104	
nad6	8007	8468	-	462	
trnP(cca)	8477	8541	+	65	svg ps
trnT(aca)	8542	8607	-	66	svg ps
nad4l	8610	8879	+	270	
nad4	8939	10153	+	1215	
trnH(cac)	10206	10270	+	65	svg ps
nad5-0	10307	11929	+	1623	
trnF(ttc)	11942	12005	+	64	svg ps
trnE(gaa)	12005	12073	-	69	svg ps
trnS1(agg)	12075	12140	-	66	svg ps
trnN(aac)	12140	12207	-	68	svg ps
trnR(cga)	12208	12272	-	65	svg ps
trnA(gca)	12273	12336	-	64	svg ps
nad3	12352	12684	-	333	
trnG(gga)	12697	12760	-	64	svg ps
cox3	12778	13554	-	777	
atp6	13563	14207	-	645	
atp8	14207	14359	-	153	
trnD(gac)	14360	14423	-	64	svg ps
trnK(aag)	14427	14497	-	71	svg ps
cox2	14514	15179	-	666	
trnL2(tta)	15180	15244	-	65	svg ps

■ tRNA gene ■ rRNA gene ■ protein coding gene

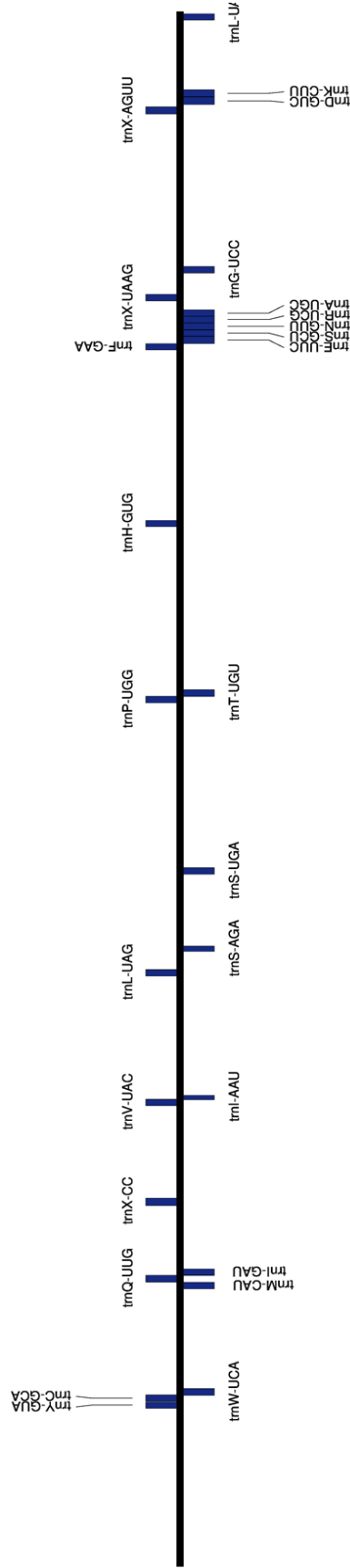
Şekil 4.22. *Deltocephalus pulicaris* türüne ait mitokondriyal genomun (15,263 bp) MITOS programı ile tahmin edilen gen içeriğine ait bilgiler

a)

15,263 bp



15,263 bp



Şekil 4.23. *Deltocephalus pulicaris* mitokondriyal genom anotasyonu 15,263 bç **a)** MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri;
b) Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Doratura homophyla* Flor, 1871

Başpınar ve Uygun (1992) ve Öztürk (2002)'ün çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Doratura homophyla* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribüs: Chiasmini Distant, 1908

Cins: *Doratura* Sahlberg, 1871

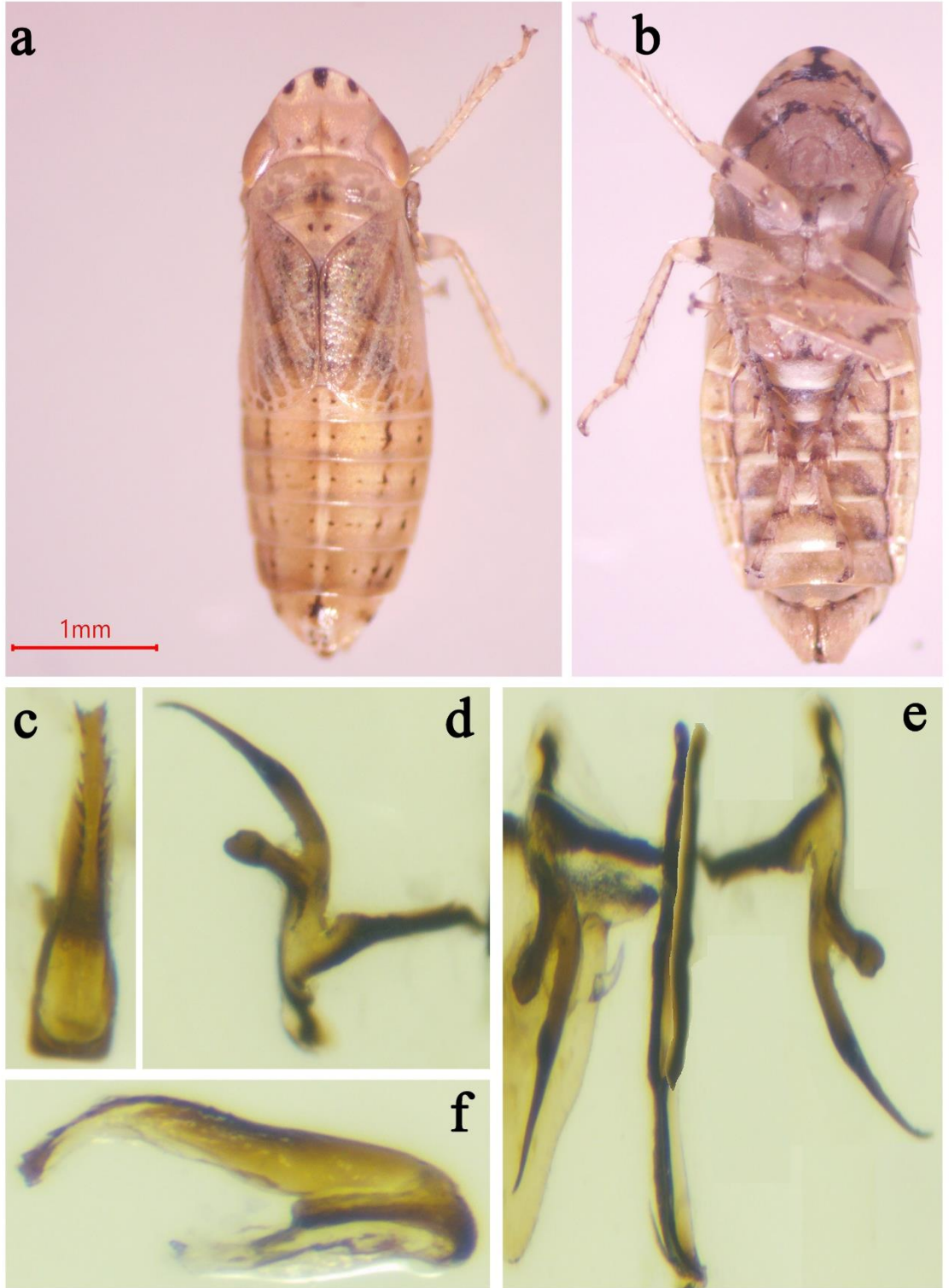
Sinonim: *Jassus (Athysanus) homophylus* Flor, 1861; *Athysanus homophylus* Sahlberg, 1868; *Jassus hmophylus* Kirschbaum, 1868; *Athysanus homophilus* Oshanin, 1870; *Doratura homophyla* Sahlberg, 1871 (Zahniser 2007).

Dünyadaki yayılışı: Almanya, Arnavutluk, Avusturya, Azerbaycan, Belçika, Bulgaristan, Çekya, Danimarka, Ermenistan, Estonya, Finlandiya, Fransa, Hollanda, Irak, İran, İsrail, İsveç, İtalya, Kazakistan, Kırgızistan, Letonya, Macaristan, Moğolistan, Moldova, Özbekistan, Polonya, Romanya, Rusya, Türkiye, Ukrayna ve Eski Yugoslavya (Demirel 2010).

Türkiye'deki Yayılışı: Adana, Amasya, Ankara, Antalya, Bolu, Diyarbakır, Eskişehir, Gaziantep, Hatay, Sinop ve Van (Demirel 2010).

Tanımı: İncelenen örnekte boyut 3,88 mm olup saman rengindedir (Şekil 4.24a). Pronotumdan daha uzun olan verteksin anteriör kenarında ortada bir büyük yanlarda iki küçük siyah benek görülür. Pronotum ve skutellum üzerinde koyu renkli lekeler bulunmaktadır (Öztürk 2002). Kanatlar brakipter tiptedir ve abdomenin dört tergasını kapatır (Demirel 2010). Kanatlardaki damarlar açık renklidir. Aedeagusun dorsal kısmında iki sıra halinde diş benzeri çıkıntılar bulunmaktadır (Öztürk 2002).

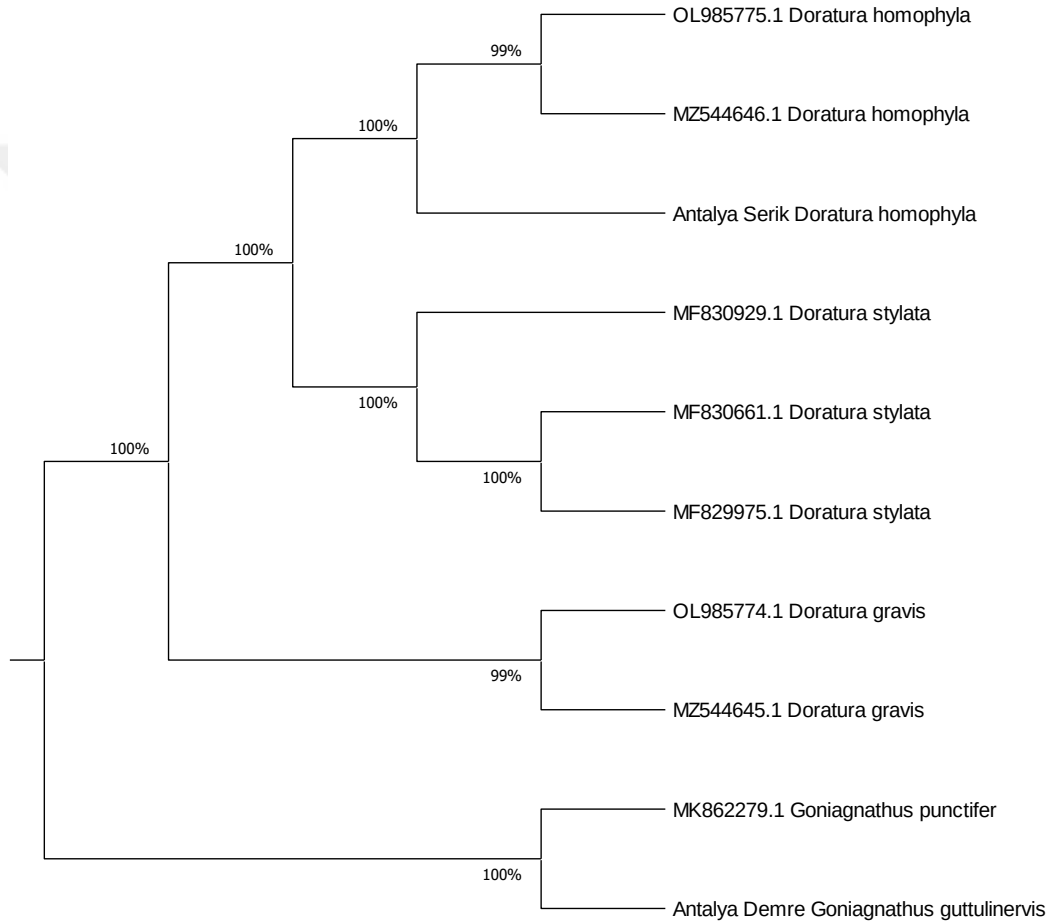
İncelenen materyal: Antalya: Akseki, 37,0444°, 31,7954°, 1♂, 1♀, 29.07.2019; 37,0328°, 31,8300°, 5♂♂, 29.07.2019; 37,0569°, 31,8068°, 3♂♂, 29.07.2019; Gündoğmuş, 36,803717°, 32,056045°, 5♂♂, 2♀♀, 30.07.2019; 36,777631°, 32,007708°, 1♀, 30.07.2019; İbradı, 37,1544°, 31,5354°, 1♂, 29.07.2019; Kaş, 36,3793°, 29,7252°, 10♂♂, 7♀♀, 08.06.2019; 36,5420°, 29,7105°, 1♂, 08.06.2019; Konyaaltı, 36,847027°, 30,596844°, 1♂, 06.06.2018; 36,882058°, 30,570972°, 3♂♂, 2♀♀, 06.06.2018; Manavgat, 36,9035°, 31,1532°, 4♂♂, 1♀, 02.08.2019; Serik, 36,9011°, 31,1432°, 1♂, 1♀, 18.06.2019; 36,9254°, 31,1115°, 5♂♂, 18.06.2019. Burdur: Altınyayla, 37,000446°, 29,517300°, 2♂♂, 02.08.2018; Bucak, 37,3062°, 30,4717°, 23♂♂, 14♀♀, 04.08.2018; 37,306141°, 30,469521°, 1♂, 04.08.2018; Çavdır, 37,1091°, 29,7515°, 4♂♂, 02.08.2018; 37,1850°, 29,6424°, 1♀, 02.08.2018; Çeltikçi, 37,529163°, 30,496367°, 6♂♂, 6♀♀, 18.05.2018; Gölhisar, 37,1256°, 29,5158°, 1♂, 02.08.2018; 37,0861°, 29,5289°, 10♂♂, 4♀♀, 02.08.2018; Karamanlı, 37,3581°, 29,8237°, 1♀, 03.08.2018; 37,3612°, 29,8446°, 2♂♂, 03.08.2018; Tefenni, 37,2024°, 29,9552°, 5♂♂, 4♀♀, 03.08.2018; 37,2479°, 29,9157°, 2♂, 03.08.2018. Isparta: Senirkent, 38,117664°, 30,561949°, 1♂, 1♀, 10.08.2018; Şarkıkaraağaç, 38,133163°, 31,316645°, 1♂, 1♀, 11.08.2018; Yalvaç, 38,185387°, 31,273384°, 3♀♀, 11.08.2018; Yenişarbademli, 37,700516°, 31,384392°, 1♂, 1♀, 09.08.2018



Şekil 4.24. *Doratura homophyla* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Aedeagusun dorsal görünüşü; **d)** Stilus **e)** Konnektif ve stilus; **f)** Aedeagusun lateral görünüşü

Doratura homophyla COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda 691 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi, GenBank'ta bulunan NC_066979.1 kayıt numaralı *Doratura homophyla* ait okuma ile %98.41, MZ544646.1 kayıt numaralı *D. homophyla* ait sekans ile %98 ve OL985775.1 kayıt numaralı *D. homophyla* ait sekans ile %98 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Elde edilmiş olan bu sonuçlar, tür seviyesinde tanımlamanın başarılı olduğunu göstermiştir. Bu açıdan COI gen bölgesinin *D. homophyla* tür tanımlamasında kullanılabileceği düşünülmektedir.



Şekil 4.25. Mega X programı ile yapılan *Doratura* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez çalışmada elde edilen dizilim ve NCBI GenBank veri tabanından alınan sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.25’de verilmiştir. UPGMA ağacında *Doratura* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *Doratura stylata* ve *Doratura homophyla* türlerini, ikinci ana dal altında kümelenen *D. gravis* türünden ayırmaktadır. *Doratura* cinsine ait 3 türün her birinin ayrı bir dalda konumlandığı ve türler arasında genetik varyasyonda bir çakışma rastlanmadığı belirlenmiştir.

***Doratura homophyla* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya İli, Serik İlçesi'nde meyve bahçesinden toplanan *Doratura homophyla* 'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 9,381 bç ve 6,214 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

Doratura homophyla örneğinin 9,381 bç dizilimine ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.26a'da, 6,214 bç dizilimine ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.26b'de, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.26c'de verilmiştir. 9,381 bç dizilim bilgisi için GeSeq programı kullanarak 21 adet tRNA bölgesi, MITOS programı kullanılarak 9 adet protein kodlayan gen (cox1, cox2, atp8, atp6, cox3, nad3, nad5, nad4, nad2) ve 18 adet tRNA bölgesi (trnL2, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnF, trnH, trnV, trnI, trnQ, trnM, trnW, trnC, trnY) bulunmuştur. 6,214 bç dizilim bilgisi için MITOS programı kullanılarak toplam 5 adet protein kodlayan gen (nad4, nad4l, nad6, cob, nad1), 6 adet tRNA bölgesi (trnT, trnP, trnS2, trnL1, trnV, trnI) ve 1 adet rRNA (rrnL) bölgesi bulunmuştur. Genlerin mitokondriyal genom sıralanışı birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğu görülmüştür (Luo vd. 2021, Chen vd. 2021, Jiang vd. 2022, Wu vd. 2022). NCBI GenBank'ta NC_066979.1 kayıt numaralı ve OK105076.1 numaralı *Doratura homophyla*'ya ait sırası ile 16,269 bç ve 16,269 bç uzunluğunda iki tüm mitokondriyal sekans verisi mevcuttur. Çalışmada elde edilen 9,381 bç ve 6,214 bç dizilim GenBank veri tabanında bulunan dizilimler ile %99,07 oranında tutarlılık göstermiştir.

Tür: *Eupelix cuspidata* Fabricius, 1775

Güçlü (1991), Başpınar ve Uygun (1990), Lin ve Yalin (2013)'den yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Eupelix cuspidata* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribüs: Eupelicini Sahlberg, 1871

Alttribüs: Eupelicina Sahlberg, 1871

Cins: *Eupelix* Germer, 1821

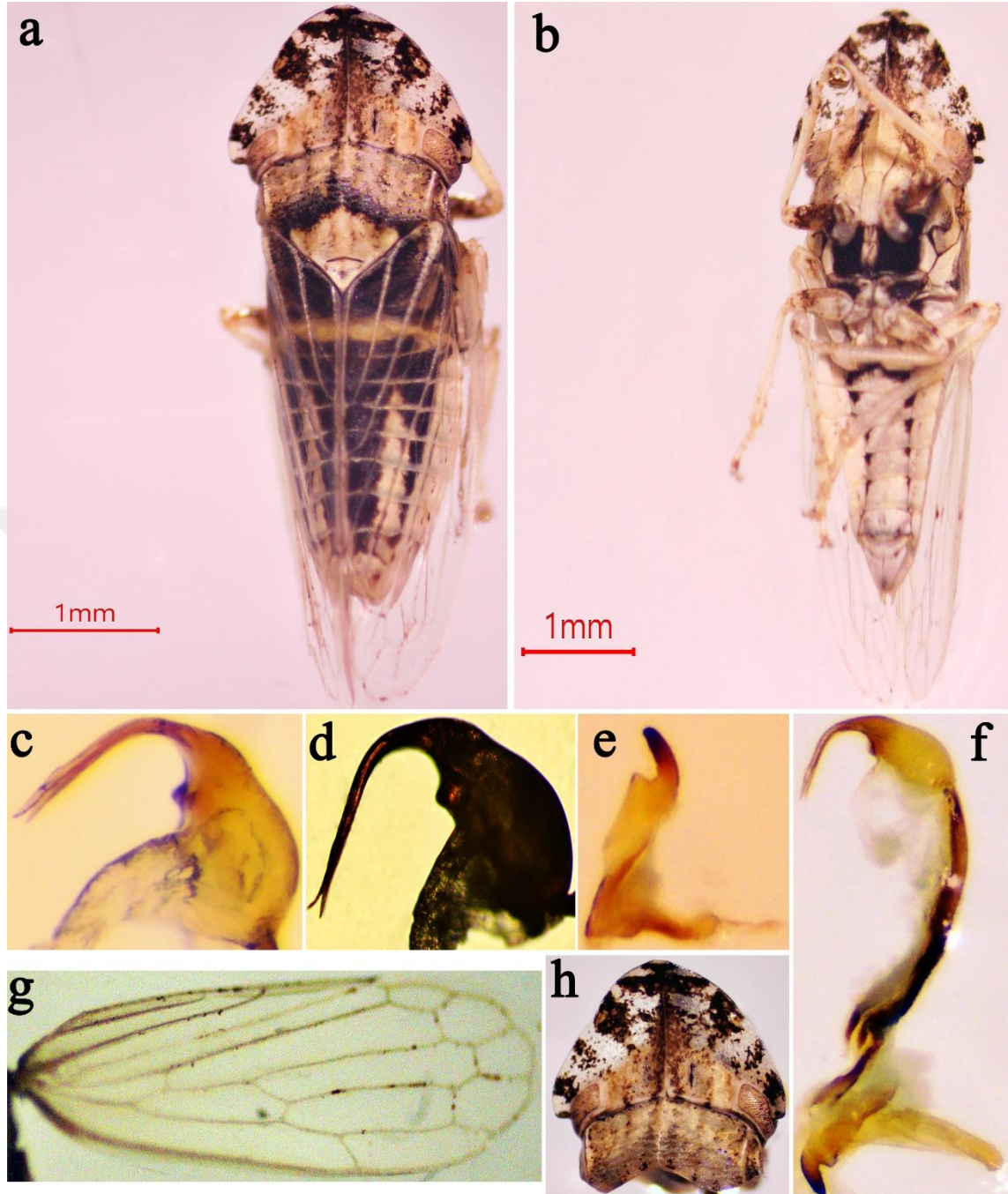
Sinonim: *Cicada porrecta* deFourcroy, 1785; *Cicada depressa* Fabricius, 1803; *Eupelix fuliginosa* Le Peletier et Serville, 1825; *Eupelix producta* Germar, 1838; *Eupelix spathulata* Germar, 1838; *Eupelix depressa marginata* Signoret, 1879; *Eupelix depressa sinuata* Lindberg, 1948 (Başpınar ve Uygun 1990).

Dünyadaki yayılışı: Almanya, Avusturya, Belçika, Cezayir, Çekya, Çin, Danmark, Ermenistan, Finlanya, Fransa, Hollanda, İngiltere, İtalya, İspanya, İsveç, Kazakistan, Kanarya Adaları, Macaristan, Norveç, Polonya, Portekiz, Romanya, Sırbistan, Slovakya, Suriye, Tunus, Türkiye (Zahniser 2007).

Türkiye'deki yayılışı: Adana, Adıyaman, Afyonkarahisar, Ankara, Artvin, Çanakkale, Diyarbakır, İçel, Erzurum, Kahramanmaraş, Konya, Malatya, Mardin, Nevşehir, Niğde, Şanlıurfa, (Dlabola 1957, 1981; Lodos ve Kalkandelen 1982; Başpınar ve Uygun 1990).

Tanımı: İncelenen örnekte boy 5,48 mm'dir (Şekil 4.27a). Genel renk gri kahverengimsidir. Yüz, vertex ve pronotumun ortasında uzunlamasına karina bulunmaktadır. Pronotumda her iki gözün arka tarafına uzunlamasına iki adet karina daha vardır (Şekil 4.27h). Baş pronotumdan daha geniş; vertex basık, yassılaştırmış, anteriörde ve gözlerin önünde yanlara doğru genişler ve hafif konkavdır (Güçlü ve Özbek 1994a). Vertexin üzerinde anterior kenara yakın ocelli gözler bulunmaktadır. Bileşik gözler ise başın lateraldeki keskin kenarının hem altında hem de üstünde, iki parça şeklinde yer almaktadır (Demirel 2010). Yüz, vertex, pronotum ve skutellum üzerinde siyah benekler bulunur. Ön kanatlar; abdomen uzunluğunda veya daha uzundur, boyuna damarlar karina şeklinde çıkıntılıdır (Şekil 4.27g). Aedeagusun uç kısmı biraz yassıdır ve uçta lateral olarak iki çıkıntı mevcuttur (Şekil 4.27c) (Güçlü ve Özbek 1994a). Konnektif uzun ve "Y" şeklindedir (Şekil 4.27f).

İncelenen materyal: Antalya: Elmalı, 36,826382°, 30,017255°, 1♂, 25.08.2019.



Şekil 4.27. *Eupelix cuspidata* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Aedeagusun stereo mikroskobu ile lateral görünüşü; **d)** Aedeagusun ışık mikroskobu ile lateral görünüşü; **e)** Stilus lateral görünüşü; **f)** Aedeagus, konnektif ve stilus; **g)** Ön kanat **h)** Baş

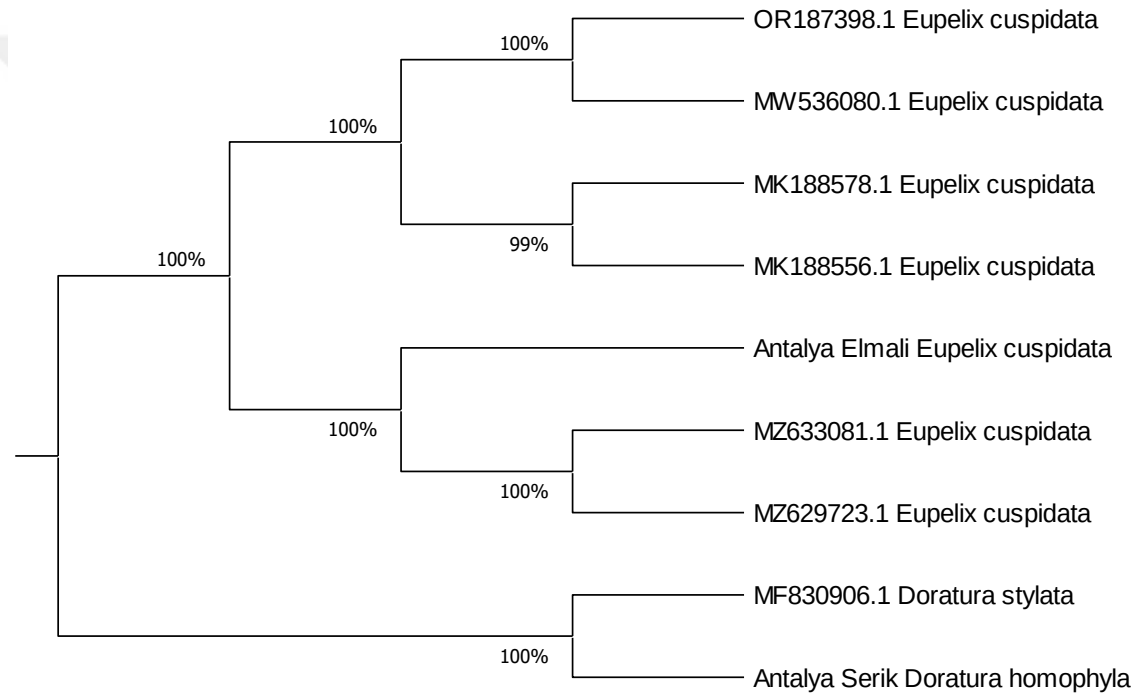
Eupelix cuspidata COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 705 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI genBankta bulunan MZ633081.1 kayıt numaralı *E. Cuspidata* ve MZ629723.1 kayıt numaralı *E.*

cuspidata'ya ait dizilim ile %98,48, MK188556.1 kayıt numaralı *E. cuspidata*'ya ait dizilim ile %92,86 MK188578.1 kayıt numaralı *E. cuspidata*'ya ait dizilim ile %92,55 MW536080.1 kayıt numaralı *E. cuspidata*'ya ait dizilim ile %92,25 OR187398.1 kayıt numaralı *E. cuspidata*'ya ait dizilim ile %92,17 oranında sekans homolojisi göstermiştir.

Sonuçlardan bir kısmı tür içi uzaklık için belirtilen %2-3 genetik mesafe eşik değerinin içerisinde bir kısmı ise dışında kalmaktadır (Cheng vd. 2023). Bu türe ait elde edilen çelişkili sonuçların doğrulanması için türe ait COI gen bölgesi ve morfolojik teşhis için kullanılan morfolojik karakterlerin birlikte incelenmesine ve revizyon yapılmasına ihtiyaç olduğu düşünülmektedir.

NCBI genBank veri tabanında *Eupelix* cinsi içerisinde sadece *E. cuspidata*'ya ait veri bulunması nedeniyle cins bazında UPGMA ağacı oluşturulamamıştır (Şekil 4.28). Oluşturulan UPGMA ağacında *E. cuspidata* türü iki kümede kümelendiği görülmüştür.



Şekil 4.28. Mega X programı ile yapılan *E. cuspidata* türlerinin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

***Eupelix cuspidata* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya İli, Elmalı İlçesinden elma bahçesinden toplanan *Eupelix cuspidata* 'ya ait mitokondriyal assembly sonucunda 14,891 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

Eupelix cuspidata'nın mitokondriyal genom gen içeriğini ve düzenini gösteren bilgiler MITOS programı kullanıldığında Şekil 4.29 ve Şekil 4.30b'de, GeSeq programı kullanıldığında Şekil 4.30c'de verilmiştir. Mevcut gen bankasında bulunan (kayıt numarası NC_085839.1) 15,702 bç *Eupelix cuspidata*'nin mitokondriyal genomunun

protein kodlayan genlerin ve tRNA bölgelerinin genel sıralanışını gösteren fiziksel harita Şekil 4.30a'da verilmiştir. GeSeq programı kullanarak 26 adet tRNA bölgesi, MITOS programı kullanılarak 14 adet protein kodlayan gen (cox1, nad2, nad4-1, nad1, cob, nad6, nad4l, nad4-0, nad5, nad3, cox3, atp6, atp8, cox2) ve 22 adet tRNA bölgesi (trnC, trnW, trnY, trnM, trnQ, trnI, trnV, trnL1, trnS2, trnP, trnT, trnH, trnF, trnE, trnS1, trnN, trnR, trnA, trnG, trnD, trnK, trnL2) bulunmuştur. Yaptığımız analiz sonucunda, gen içeriğinde böcek mitogenomunda bulunan genlerden farklı olarak fazladan nad4-1 geni görülmüştür ve bunun assembly hatası olabileceği düşünülmektedir. Nad4-1 genini içeren bölgeyi çoğaltacak spesifik primerler dizayn edilerek sanger dizileme yöntemi ile assembly hatası olup olmadığı doğrulanabilir.

Du vd. (2017) yaptıkları çalışmada, *Japananus hyalinus* türüne ait nad2 ve cox1 genleri arasında tRNA sıralanışı diğer Cicadellidae türlerinden farklı olarak trnW-trnC-trnY yerine trnY-trnW-trnC olarak sıralandığını belirlemiş ve bu sıralanışı Membracoidae için ilk defa rapor etmişlerdir. Yaptığımız çalışmada, *Eupelix cuspidata*'ya ait elde edilen nad2 ve cox1 genleri arasında tRNA sıralanışı trnY-trnW-trnC olarak elde edilmiştir. Bu sonuç, Du vd. (2017) yaptığı çalışma ile uyumluluk göstermiştir.

NCBI genBank'ta NC_085839.1 kayıt numaralı *Eupelix cuspidata*'ya ait 15,702 bp uzunluğunda bir tüm mitokondriyal sekans verisi ile bu çalışmada elde edilen 14,891 bp dizilim %93,20 oranında tutarlılık göstermiştir. GenBank'tan alınan NC_085839.1 kayıt numaralı örnekte trnK bölgesi bulunmamaktadır. Bu çalışmada ise fazladan Nad4-1 geni elde edilmiştir. Bu iki bölge haricinde genlerin sırası/dizilimi her iki sekansta aynı olduğu görülmüştür.

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	1	1518	-	1518	
trnC(tgc)	1533	1596	+	64	svg ps
trnW(tga)	1589	1659	-	71	svg ps
trnY(tac)	1672	1734	+	63	svg ps
nad2	1791	2693	-	903	
trnM(atg)	2715	2781	-	67	svg ps
trnQ(caa)	2781	2849	+	69	svg ps
trnI(atc)	2858	2922	-	65	svg ps
rrnS	3424	4171	+	748	svg ps
trnV(gta)	4173	4236	+	64	svg ps
nad4-1	4224	4694	+	471	
rrnL	4780	5422	+	643	svg ps
trnL1(cta)	5447	5513	+	67	svg ps
nad1	5514	6407	+	894	
trnS2(tca)	6458	6520	-	63	svg ps
cob	6564	7658	-	1095	
nad6	7676	8146	-	471	
trnP(cca)	8152	8218	+	67	svg ps
trnT(aca)	8219	8282	-	64	svg ps
nad4l	8285	8554	+	270	
nad4-0	8554	9846	+	1293	
trnH(cac)	9866	9927	+	62	svg ps
nad5	9952	11589	+	1638	
trnF(ttc)	11597	11661	+	65	svg ps
trnE(gaa)	11662	11725	-	64	svg ps
trnS1(agg)	11725	11791	-	67	svg ps
trnN(aac)	11791	11857	-	67	svg ps
trnR(cga)	11857	11922	-	66	svg ps
trnA(gca)	11922	11984	-	63	svg ps
nad3	11991	12332	-	342	
trnG(gga)	12342	12404	-	63	svg ps
cox3	12418	13194	-	777	
atp6	13200	13841	-	642	
atp8	13838	13987	-	150	
trnD(---)	13988	14053	-	66	svg ps
trnK(aag)	14054	14124	-	71	svg ps
cox2	14141	14806	-	666	
trnL2(tta)	14807	14871	-	65	svg ps

Şekil 4.29. *Eupelix cuspidata* mitokondriyal genomuna (14,891 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)

Tür: *Euscelidius schenckii* Kirschbaum, 1868

Kalkandelen (1974) ve Başpınar ve Uygun (1992) çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Euscelidius schenckii* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribüs: Athysanini Van Duzee, 1892

Cins: *Euscelidius* Ribault, 1942

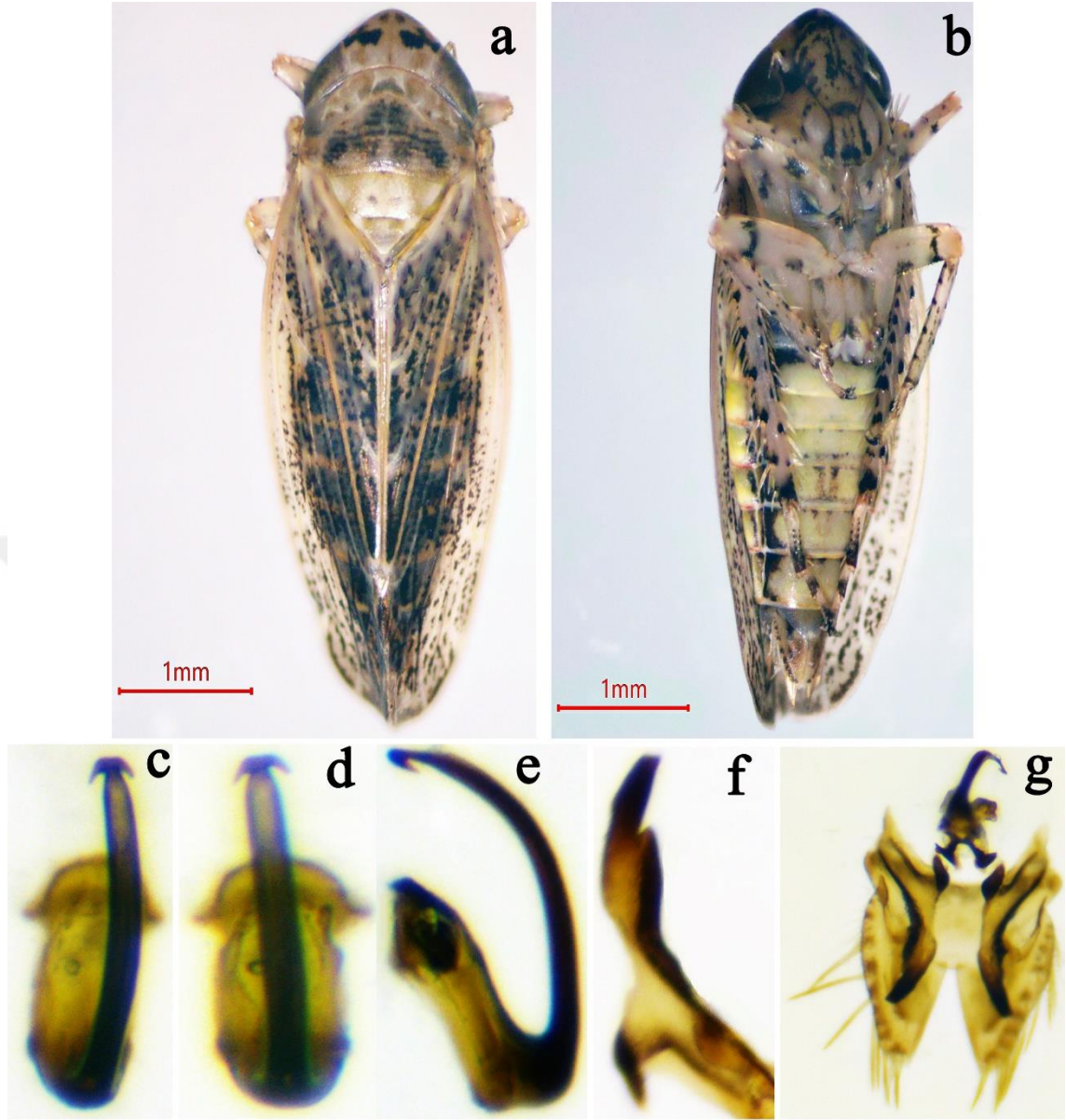
Sinonym: *Jassus* (*Athysanus*) *schenckii* Kirschbaum, 1868, *Athysanus zetterstedti* Fieber, 1872, *Jassus* (*Athysanus*) *schenki* Fieber, 1872, *Athysanus schenckii* Scott, 1875, *Athysanus schenckii* Reuter, 1880, *Athysanus zetterstedti* Melichar, 1896, *Euscelis zetterstedti* Kupka, 1925, *Euscelis schencki* Haupt, 1925, *Euscelis maculipennis* DeLong & Davidson, 1934, *Euscelis maculipennis* DeLong & Davidson, 1934, *Euscelis sordida schenckii* Haupt, 1935, *Euscelidius schenki* Ribaut, 1942, *Euscelidius maculipennis* Oman, 1949, *Euscelidius schenckii* Wagner, 1951, *Euscelis* (*Euscelidius*) *schenckii* Hamilton, 1983b (Zahniser 2007).

Dünyadaki yayılışı: Almanya, Avusturya, Azerbaycan, Bulgaristan, Çekya, Danimarka, Ermenistan, Finlandiya, Fransa, İngiltere, Irak, İsveç, İtalya, Kanarya Adaları, Kıbrıs, Macaristan, Norveç, Özbekistan, Polonya, Romanya, Rusya, Tunus, Türkiye, Ukrayna, Eski Yugoslavya ve Yunanistan (Demir 2005; Başpınar ve Uygun 1992b).

Türkiye'deki yayılışı: Adana, Ankara, Bursa, Diyarbakır, İzmir, Mersin ve Siirt (Lodos ve Kalkandelen 1987b).

Tanımı: İncelenen örnekte boy 4,5 mm'dir (Şekil 4.31a, b). Vücut genel olarak sarımsı açık kahverengidir ve üzerinde koyu lekeler bulunmaktadır. Pronotum baştan biraz daha geniştir (Kalkandelen 1974). Pronotum ve skutellum üzerinde açık kahverengi açık kahverengi küçük oval lekeler, verteks üzerinde koyu kahverengi lekeler bulunmaktadır. Kanat damarları, zemin renginde olması nedeniyle belirgin değildir (Başpınar ve Uygun 1992b). Ön kanat; abdomenden uzun, apikalde geniş yuvarlak ve üzerinde kahverengi noktalar görülmektedir. Aedeagus ince uzun yapıda olup bazalda ve yarı uzunluğunda iki defa bükülmüş ve apekte palet şeklinde bir yapı oluşturmuştur (Şekil 4.31c, d, e) (Kalkandelen 1974).

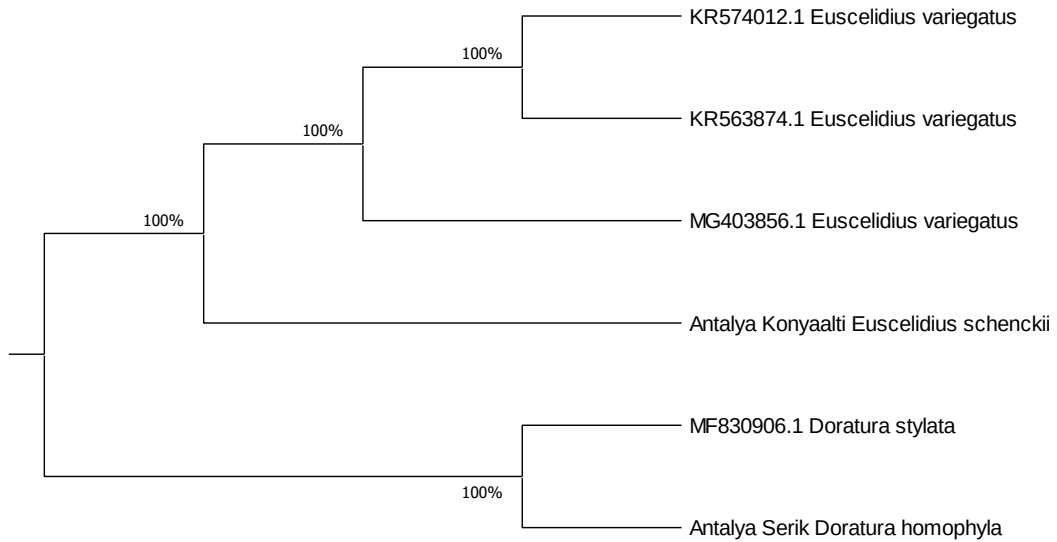
İncelenen materyal: Antalya: Alanya, 36,5480°, 32,0570°, 2♂♂, 21.06.2019; Gazipaşa, 36,266163°, 32,320720°, 2♂♂, 1♀, 21.06.2019; Gazipaşa, 36,278506°, 32,305189°, 1♂, 21.06.2019; Konyaaltı, 36,890522°, 30,618737°, 3♂♂, 3♀♀, 6.06.2018; Konyaaltı, 36,865748°, 30,622570°, 4♂♂, 7♀♀, 6.06.2018; Konyaaltı, 36,894018°, 30,582324°, 1♀, 6.06.2018; Konyaaltı, 36,895855°, 30,551021°, 1♀, 5.05.2019; Muratpaşa, 36,86994°, 30,736569°, 1♂, 7♀♀, 22.06.2018; Muratpaşa, 36,867944°, 30,746546°, 1♀, 22.06.2018.



Şekil 4.31. *Euscelidius schenckii* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c); d)** Aedeagus dorsal görünüşü; **e)** Aedeagus lateral görünüşü; **f)** Stilus lateral görünüşü; **g)** Aedeagus, konnektif ve stilus

Euscelidius schenckii COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda 701 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan KR563874.1 kayıt numaralı *Euscelidius variegatus*'a ait sekans ile %90,87 ve MG403856.1 kayıt numaralı *E. variegatus*'ya ait sekans dizilimi ile %90,72 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Sonuçlar, cins düzeyinde eşleşme göstermiştir. Bu tez çalışması ile *Euscelidius schenckii*'ye ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir.



Şekil 4.32. Mega X programı ile yapılan *Euscelidius* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez çalışmada elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alınan sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.32’de verilmiştir. GenBank veri tabanında *Euscelidius* cinsine ait sadece *E. variegatus* türü bulunması nedeniyle sadece bu tür alınarak filogenik ağaç oluşturulmuştur. UPGMA ağacında *Euscelidius* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *E. schenckii* türünü, ikinci ana dalda *E. variegatus* türlerinden ayırmaktadır.

***Euscelidius schenckii* mitokondriyal genom anotasyonu**

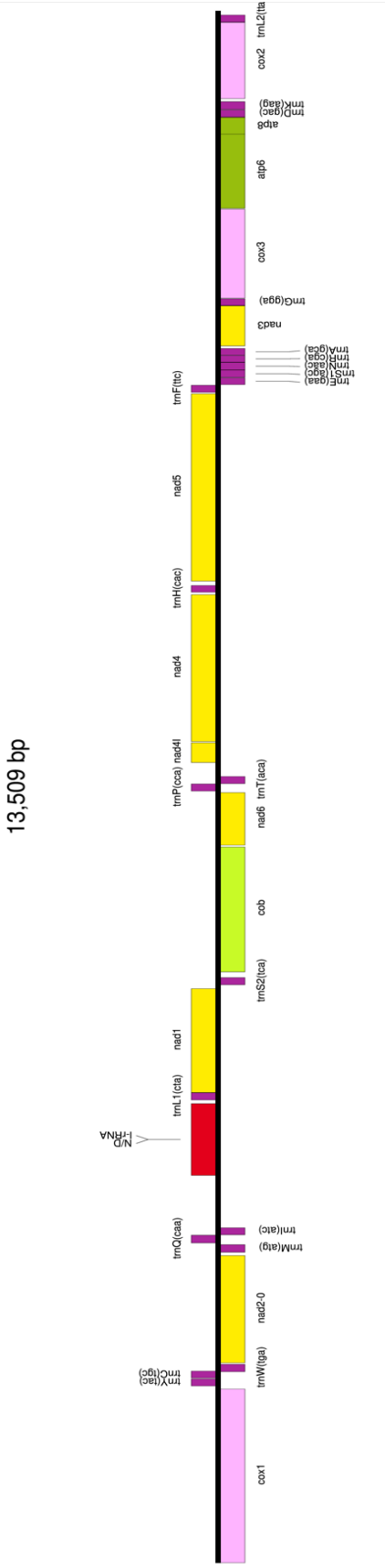
Antalya ili Konyaaltı ilçesi’nde portakal bahçesinden toplanan *Euscelidius schenckii*’ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 13,509 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

Euscelidius schenckii türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.33 ve Şekil 4.34a’da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.34b’de verilmiştir. GeSeq programı kullanarak 26 adet tRNA bölgesi bulunmuştur MITOS programı kullanılarak toplam 13 adet protein kodlayan gen, 21 adet tRNA bölgesi ve 1 adet rRNA bölgesi bulunmuştur. *Euscelidius schenckii*’ye ait mitokondriyal assembly sonucunda rrnL ve trnV bölgesi hariç, diğer tüm genlere sahip olduğu ve gen düzeninin birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğunu gözlemlenmiştir. Bu türün NCBI gen veri tabanında tüm mitokondriyal genomuna ait dizilimine rastlanmamıştır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir.

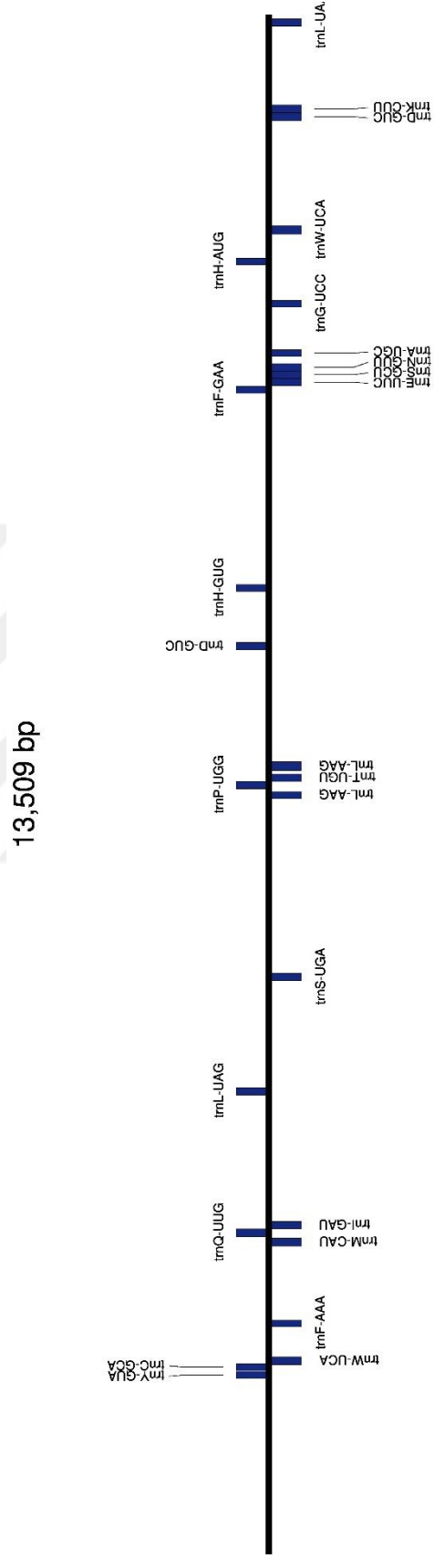
Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	1	1515	-	1515	
trnY(tac)	1540	1603	+	64	svg ps
trnC(tgc)	1609	1671	+	63	svg ps
trnW(tga)	1664	1730	-	67	svg ps
nad2-0	1741	2676	-	936	
trnM(atg)	2704	2771	-	68	svg ps
trnQ(caa)	2785	2853	+	69	svg ps
trnI(atc)	2856	2918	-	63	svg ps
rrnL	3373	3998	+	626	svg ps
trnL1(cta)	4029	4093	+	65	svg ps
nad1	4094	4999	+	906	
trnS2(tca)	5032	5095	-	64	svg ps
cob	5144	6232	-	1089	
nad6	6247	6705	-	459	
trnP(cca)	6717	6781	+	65	svg ps
trnT(aca)	6782	6846	-	65	svg ps
nad4l	6966	7139	+	174	
nad4	7148	8428	+	1281	
trnH(cac)	8448	8508	+	61	svg ps
nad5	8545	10176	+	1632	
trnF(ttc)	10187	10251	+	65	svg ps
trnE(gaa)	10255	10315	-	61	svg ps
trnS1(agc)	10318	10383	-	66	svg ps
trnN(aac)	10383	10449	-	67	svg ps
trnR(cga)	10450	10510	-	61	svg ps
trnA(gca)	10511	10571	-	61	svg ps
nad3	10592	10942	-	351	
trnG(gga)	10943	11003	-	61	svg ps
cox3	11007	11783	-	777	
atp6	11789	12436	-	648	
atp8	12433	12582	-	150	
trnD(gac)	12583	12647	-	65	svg ps
trnK(aag)	12650	12719	-	70	svg ps
cox2	12744	13409	-	666	
trnL2(tta)	13410	13473	-	64	svg ps

Şekil 4.33. *Euscelidius schenckii* mitokondriyal genomuna (13,509 bp) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)

a)

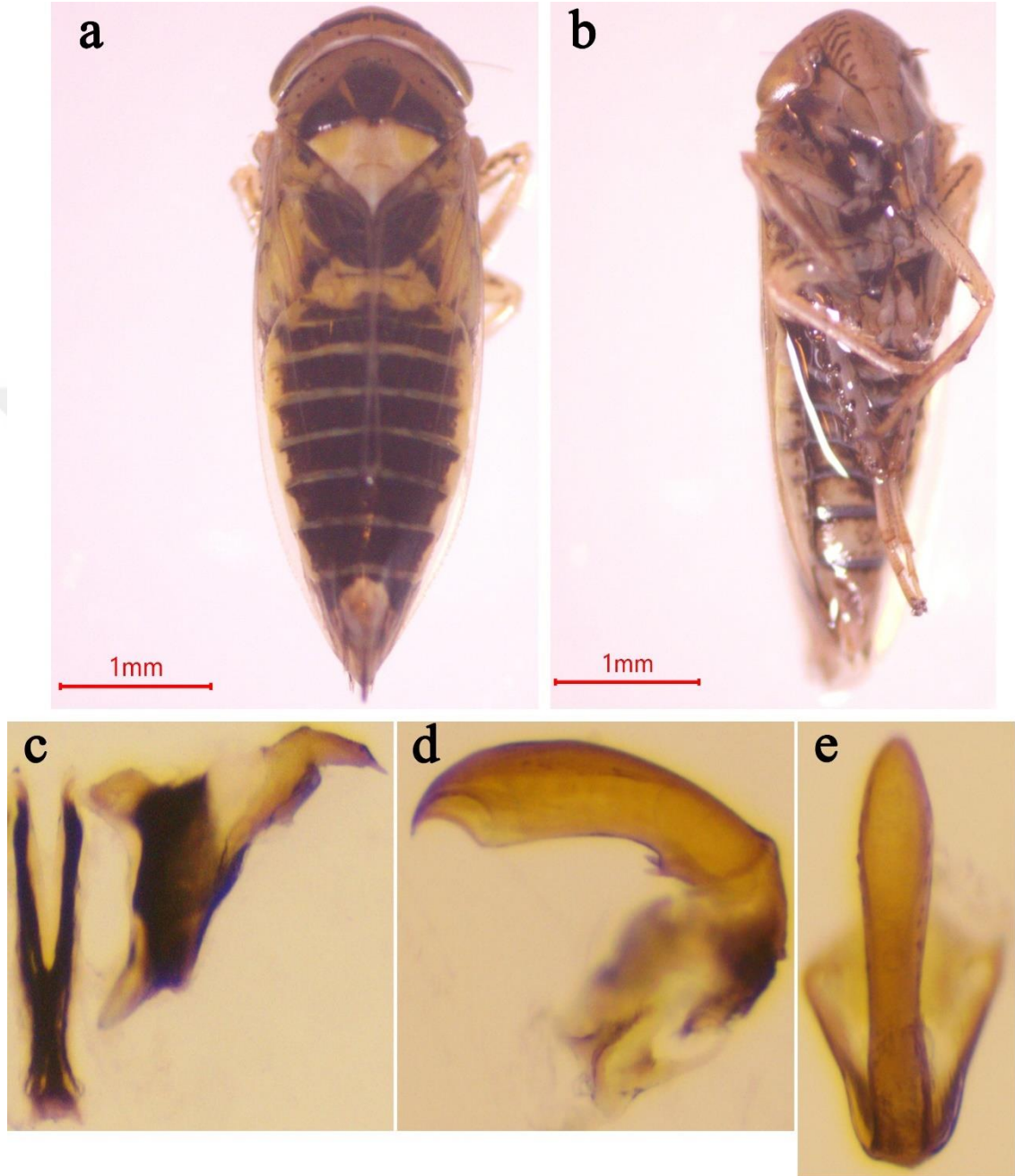


b)



Şekil 4.34. *Euscelidius schenckii* mitokondriyal genom anotasyonu 13,509 bç **a)** MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

30,794368°, 1♂, 22.06.2018; 36,856121°, 30,749192°, 3♂♂, 1♀ 22.06.2018: 36,86994°, 30,736569°, 1♀ 22.06.2018: 36,867944°, 30,746546°, 1♂, 1♀, 22.06.2018; Serik, 36,9349°, 31,1070°, 8♂♂, 6♀♀, 18.06.2019; 36,8884°, 31,1442°, 5♂♂, 1♀, 18.06.2019.

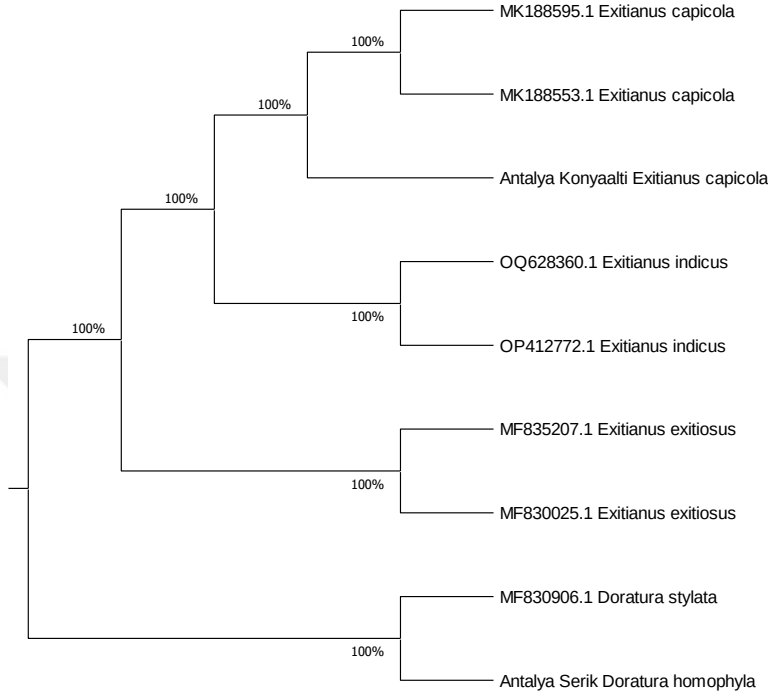


Şekil 4.35. *Exitianus capicola* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Konnektif ve stilus görünüşü; **d)** Aedeagus lateral görünüşü; **e)** Aedeagus dorsal görünüşü

Exitianus capicola COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 704 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi

tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan MK188553.1 kayıt numaralı *Exitianus capicola*'ya ait sekans ile %99, MK188595.1 kayıt numaralı *E. capicola*'ya ait sekans dizilimi ile %99 ve LC775130.1 kayıt numaralı *E. capicola*'ya ait sekans dizilimi ile %99 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Bu sonuç, tür seviyesinde tanımlamanın başarılı olduğunu göstermiştir.



Şekil 4.36. Mega X programı ile yapılan *Exitianus* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

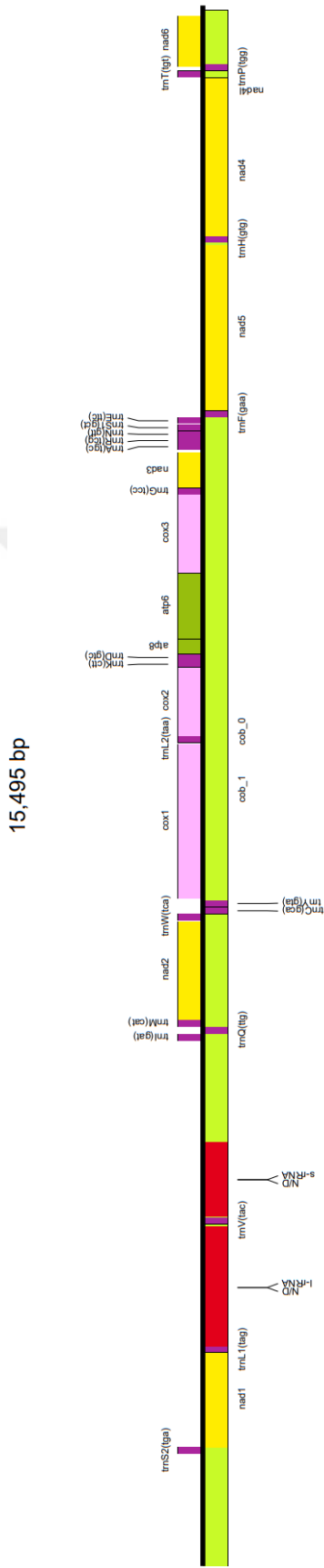
Exitianus cinsi için COI barkodları kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.36'de verilmiştir. UPGMA ağacında *Exitianus* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *E. capicola* ve *E. indicus*'u kapsamaktadır. İkinci ana dal ise *E. exitiosus*'u içermektedir. Oluşturulan UPGMA ağacı ile türlerin ayrımı gösterilmiştir.

***Exitianus capicola* mitokondriyal genom anotasyonu**

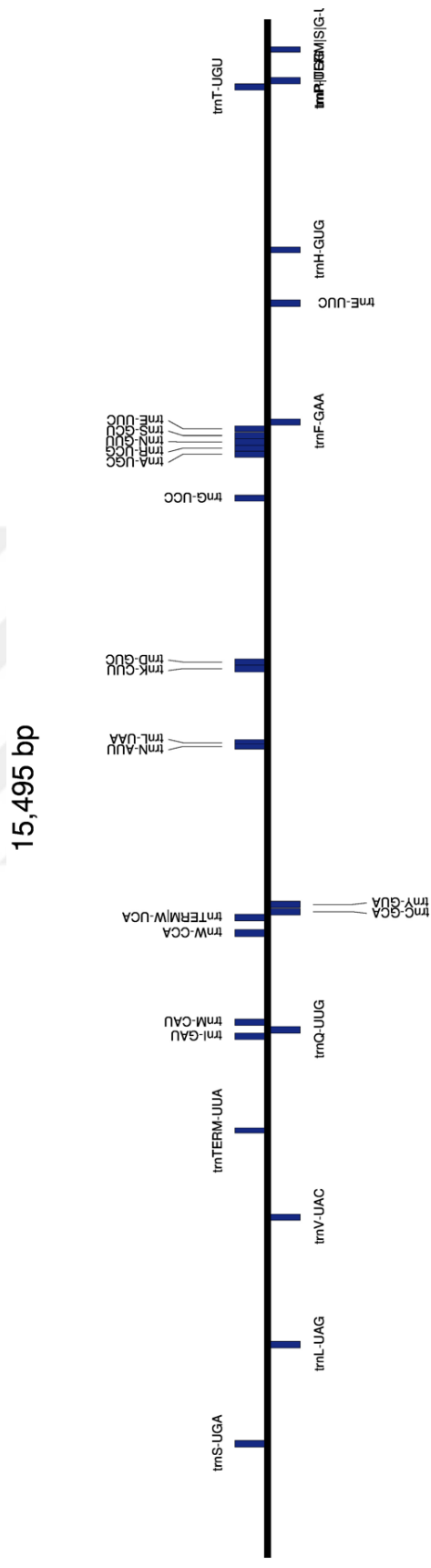
Antalya İli Konyaaltı İlçesi'nde portakal bahçesinden toplanan *Exitianus capicola*'ya ait mitokondriyal assembly sonucunda, 15,495 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. *Exitianus capicola* türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.37a'da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.37b'de verilmiştir.

GeSeq programı kullanarak 27 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak toplam 13 adet protein kodlayan gen, 22 adet tRNA gen ve 2 adet rRNA gen bölgesi bulunmuştur. Gen düzeninin birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğu gözlemlenmiştir. Bu türün NCBI gen veri tabanında mitogenoma ait dizilimine rastlanmamıştır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir.

a)



(b)



Şekil 4.37. *Exitianus capicola* mitokondriyal genom anotasyonu 15,495 bç **a)** MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Fieberiella macchiae* Linnavuori, 1962

Dlabola (1971) ile Demir (1998)'dan yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Fieberiella macchiae* türü olduđu düşünölmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribüs: Fieberiellini Wagner, 1951

Cins: *Fieberiella* Signoret, 1880

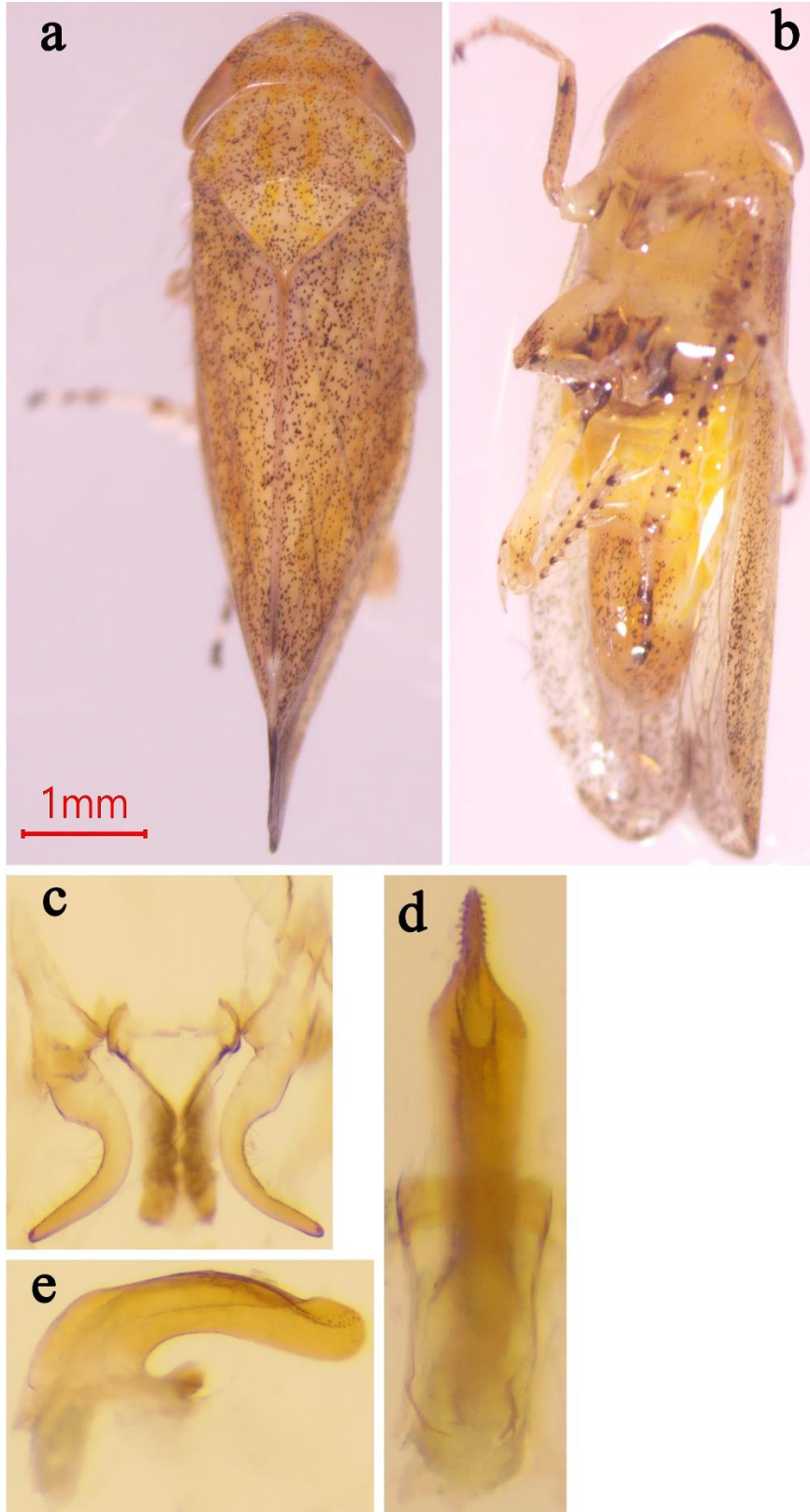
Sinonim: *Fieberiella septentrionalis* Wagner, 1963 (Demirel 2010).

Dünyadaki Yayılışı: Bulgaristan, Çin, Çekya, Güney Rusya, Gürcistan, İsrail, Kazakistan, Kırgızistan, Letonya, Lübnan, Özbekistan, Polonya, Romanya, Türkiye ve Ukrayna (Demirel 2010).

Türkiye'deki yayılışı: Adana, Antalya, Denizli, Kütahya, Mersin, Muğla, Nevşehir, Niğde ve Zonguldak (Demirel 2010).

Tanımı: İncelenen materyal 6,43 mm olup vücudun genel rengi sarıdır (Şekil 4.38a). Vücut küçük siyah noktalarla kaplıdır. Aedeagusun sap kısmı bükölerek zemine paralel olarak uzanır. Dorsal görünümde orta kısmı daha geniştir. Apeks ince sivri ve küçük testereye benzeyen dişler bulunur; hemen altında oval bir açıklık bulunmaktadır. Lateralde apeksin uç kısmı yuvarlak görünümdeyir (Demir 1998).

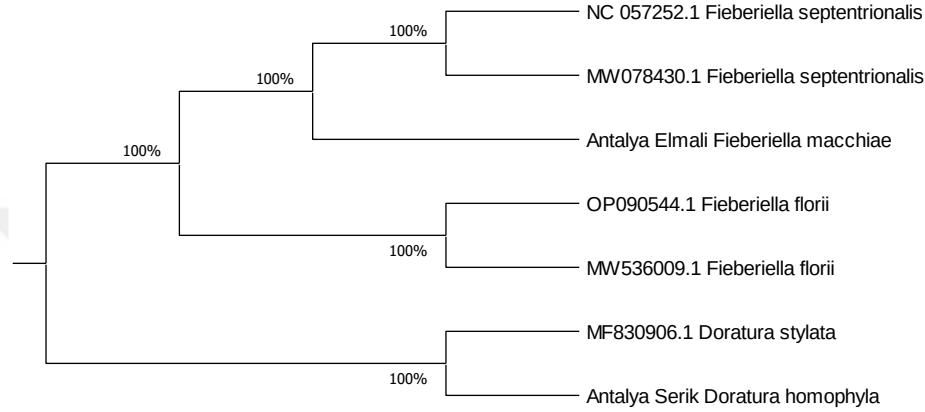
İncelenen materyal: Antalya: Elmalı, 36,7284°, 29,9014°, 1♂, 25.08.2019; Döşemealtı, 37,014582°, 30,555074°, 1♀, 5.05.2020; Burdur: Ağlasun, 37.648129°, 30.550943°, 1♀, 04.08.2018.



Şekil 4.38. *Fieberiella macchiae* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Konnektif ve stilus; **d)** Aedeagus dorsal görünüşü; **e)** Aedeagus lateral görünüşü

Fieberiella macchiae COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 430 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI genbankta bulunan NC_057252.1 kayıt numaralı *Fieberiella septentrionalis* ile %90 eşleşme sağlamıştır. Ancak, veri tabanında *Fieberiella macchiae* türünün COI barkoduna ilişkin referans kayıt bulunmaması nedeniyle eşleşme sağlanamamıştır. Bu tez çalışması ile *Fieberiella macchiae* 'ye ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir.



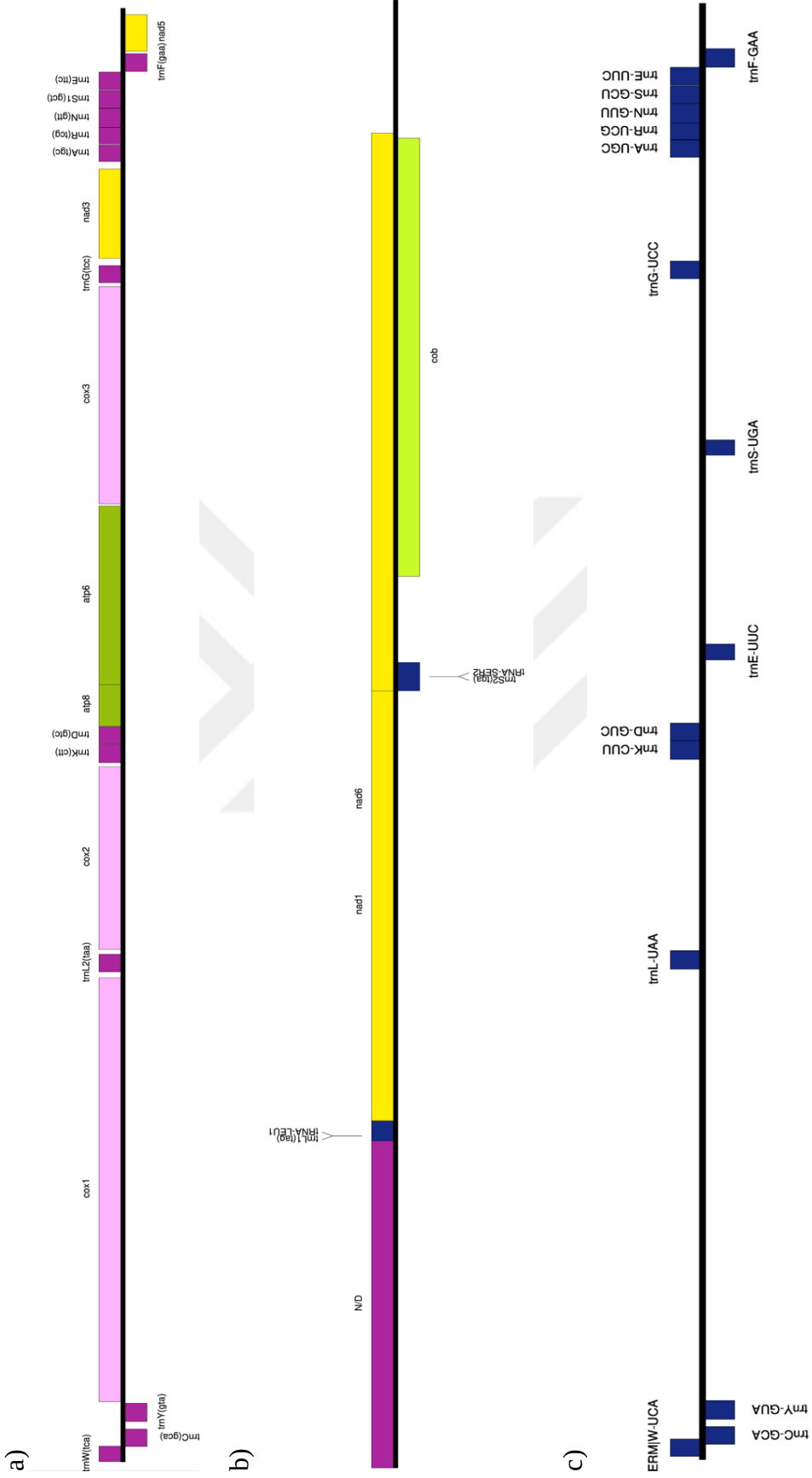
Şekil 4.39. Mega X programı ile yapılan *Fieberiella* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez kapsamında elde edilen ve NCBI Genbank veri tabanından alınan sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.39'te verilmiştir. UPGMA ağacında *Fieberiella* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci dal altında kümelenen *Fieberiella macchiae* ve *F. septentrionalis* türlerini, ikinci ana dal *F. florii* türünden ayrılmaktadır.

Fieberiella macchiae mitokondriyal genom anotasyonu

Antalya İli Elmalı İlçesi'nde elma bahçesinden toplanan *Fieberiella macchiae* 'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 5,190 bç ve 3,187 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

Fieberiella macchiae örneğinin 5,190 bç dizilimine ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.40a'da, 3,187 bç dizilimine ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.40b'de, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.40c'de verilmiştir. 5,190 bç dizilim bilgisi için MITOS programı kullanılarak toplam 7 adet protein kodlayan gen (Cox1, cox2, atp8, atp6, cox3, nad3, nad5) ve 13 adet tRNA bölgesi (trnW, trnC, trnY, trnL2, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnF) bulunmuştur. 3,187 bç dizilim bilgisi için MITOS programı kullanılarak toplam 3 adet protein kodlayan gen (nad1, nad6, cob), 2 adet tRNA (trnS2, trnL1) bölgesi ve 1 adet rRNA bölgesi bulunmuştur. 5,190 bç dizilim bilgisi GeSeq programı kullanarak 15 adet tRNA bölgesi tahmin edilmiştir.



Şekil 4.40. *Fiebertiella macchiaie* mitokondriyal genom anotasyonu **a)** 5,190 bç dizilime ait MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** 3,187 bç dizilime ait MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **c)** 5,190 bç dizilime ait GeSeq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Goniagnathus guttulinervis* Kirschbaum, 1868

Demirel (2010) ve Khatrı (2011)'nin çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Goniagnathus guttulinervis* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Subfamily: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribe: Goniagnathini Wagner, 1951

Cins: *Goniagnathus* Fieber 1866

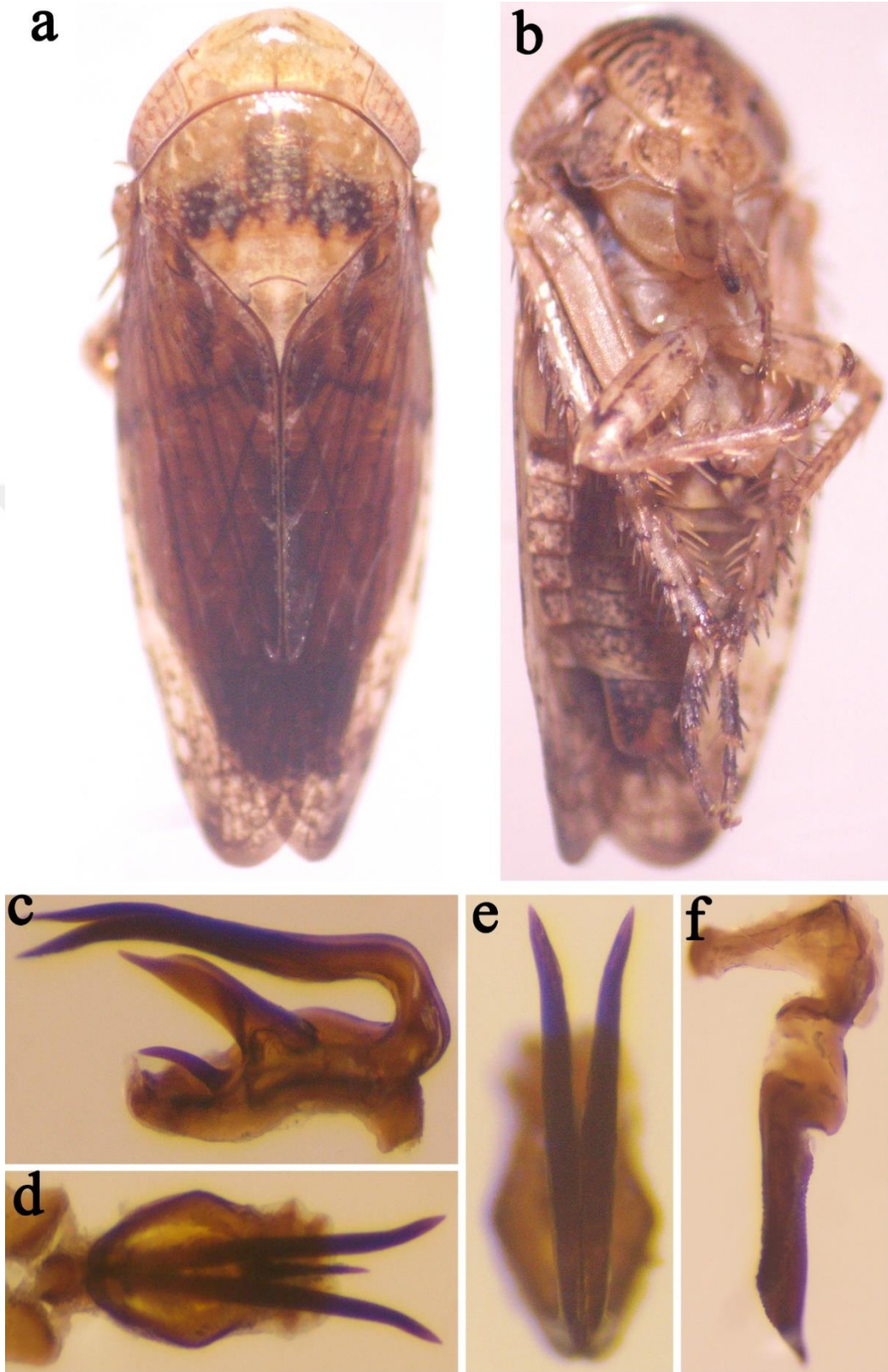
Sinonim: *Jassus* (*Athysanus*) *guttulinervis* Kirschbaum, 1868; *Goniagnathus guttulinervis* Fiebe, 1872, *Thamnotettix putoni* Lethierry, 1874; *Goniagnathus laminatus* Ivanoff, 1885; *Goniagnathus laminatus* Ivanoff, 1885; *Goniagnathus ocellatus* Jacobi, 1910; *Goniagnathus guttatinervis* Melichar, 1922; *Goniagnathus ferganensis* Kusnezov, 1929; *Goniagnathus ferganensis* Kusnezov, 1929; *Goniagnathus guttinervis* Servadei, 1952; *Goniagnathus bifurcatus* Ahmed & Qadeer, 1988; *Goniagnathus* (*Epistagma*) *guttulinervis* Emeljanov, 1999 (Zahniser 2007).

Dünyadaki Yayılışı: Afganistan, Cezayir, Çin (Sincan), Ermenistan, Etiyopya, Fas, Fransa, Güney Rusya, Irak, İran, İspanya, İsrail, İtalya, Kanarya Adaları, Kazakistan, Macaristan, Mısır, Özbekistan, Portekiz. Tunus, Türkiye, Ukrayna ve Ürdün (Demirel 2010)

Türkiye'deki yayılışı: Antalya, Diyarbakır, Mersin ve Konya (Demir 2004; Mutlu vd. 2008; Ersin Demirel 2010;)

Tanımı: Boyutları yaklaşık olarak 3 ile 4 mm arasındadır (Şekil 4.41a). Vücut kahverengidir. Tepe kısmının ön kenarı dış bükey iken arka kenarı iç bükeydir. Yüzde hem kalın hem de ince siyah bantlar vardır, ayrıca orta kısımda beyaz lekeler bulunur (Demirel 2010). Kanatlarda kahverengi lekeler bulunmaktadır. Bacaklarda ve abdomende koyu renkli desenler görülür (Demirel 2010).

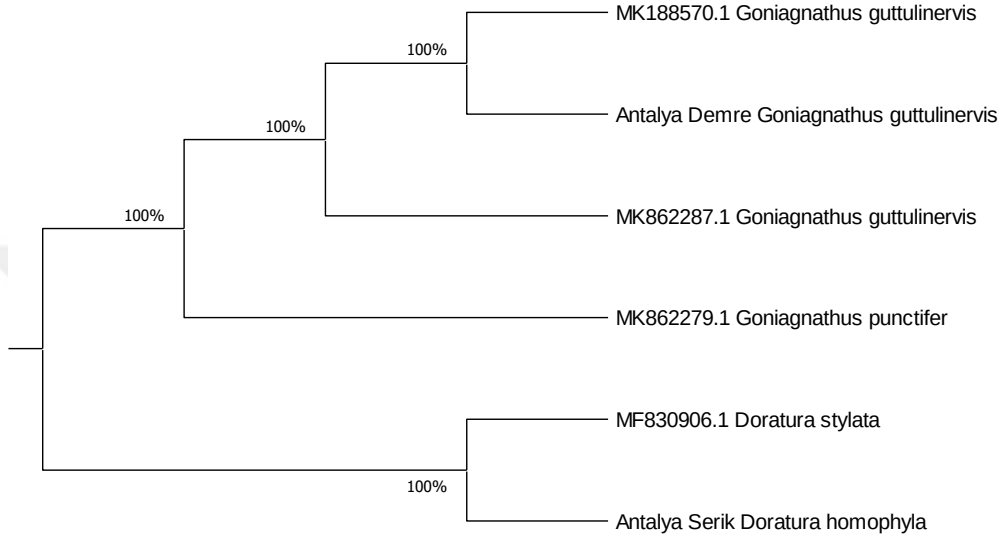
İncelenen materyal: Antalya: Demre, 36,274613°, 30,053812°, 1♂, 1.08.2019; Konyaaltı, 36,882058°, 30,570972°, 1♀, 6.06.2018; Kumluca, 36.3677°, 30.2945°, 1♀, 19.06.2019.



Şekil 4.41. *Goniagnathus guttulinervis* a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c); d); e) Aedeagus; f) Stilus

Goniagnathus guttulinervis COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda 707 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan MK188570.1 kayıt numaralı *Goniagnathus guttulinervis*'a ait sekans ile %100 oranında eşleşme göstermiştir. Bu sonuç, tür seviyesinde tanımlamanın başarılı olduğu göstermektedir ve oluşturulan UPGMA ağacı ile desteklenmektedir (Şekil 4.42).



Şekil 4.42. Mega X programı ile yapılan *Goniagnathus* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez çalışmada elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alında sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.42'da verilmiştir. UPGMA ağacında *Goniagnathus* cinsi iki ana dala ayrılmıştır.

Goniagnathini guttulinervis mitokondriyal genom anotasyonu

Antalya ili Konyaaltı ilçesi'nde portakal bahçesinden toplanan *Goniagnathus guttulinervis*'e ait mitokondriyal assembly sonucunda 15,435 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genomu ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

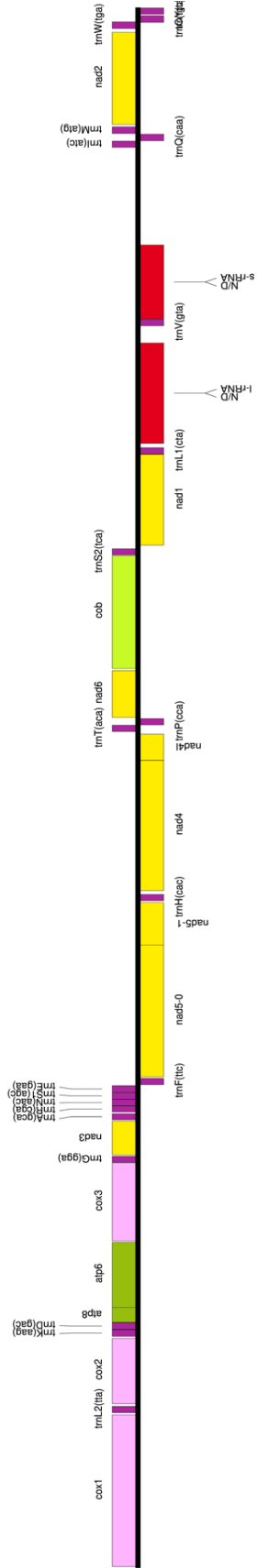
Goniagnathus guttulinervis'in mitokondriyal genom gen içeriğini ve düzenini gösteren bilgiler MITOS programı kullanıldığında Şekil 4.43 ve Şekil 4.44a'da, GeSeq programı kullanıldığında Şekil 4.44b'de verilmiştir. GeSeq programı kullanarak bu türe ait 27 adet tRNA bölgesi, MITOS programı ile anotasyonu sonucunda, tüm genlere sahip olduğu ve gen düzeninin birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğunu gözlemlenmiştir. Bu türün NCBI gen veri tabanında tüm mitokondriyal genomuna ait dizilimine rastlanmamıştır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir.

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	13	1515	+	1503	
trnL2(tta)	1535	1599	+	65	svg ps
cox2	1624	2271	+	648	
trnK(aag)	2288	2357	+	70	svg ps
trnD(gac)	2358	2427	+	70	svg ps
atp8	2428	2577	+	150	
atp6	2574	3221	+	648	
cox3	3231	4007	+	777	
trnG(gga)	4010	4073	+	64	svg ps
nad3	4083	4421	+	339	
trnA(gca)	4431	4494	+	64	svg ps
trnR(cga)	4509	4570	+	62	svg ps
trnN(aac)	4570	4636	+	67	svg ps
trnS1(agg)	4636	4702	+	67	svg ps
trnE(gaa)	4704	4771	+	68	svg ps
trnF(ttc)	4778	4844	-	67	svg ps
nad5-0	4858	6162	-	1305	
nad5-1	6155	6583	-	429	
trnH(cac)	6599	6662	-	64	svg ps
nad4	6699	7988	-	1290	
nad4l	7988	8248	-	261	
trnT(aca)	8272	8336	+	65	svg ps
trnP(cca)	8337	8402	-	66	svg ps
nad6	8411	8875	+	465	
cob	8895	10013	+	1119	
trnS2(tca)	10018	10082	+	65	svg ps
nad1	10116	11015	-	900	
trnL1(cta)	11016	11082	-	67	svg ps
rrnL	11122	12117	-	996	svg ps
trnV(gta)	12286	12350	-	65	svg ps
rrnS	12352	13086	-	735	svg ps
trnI(ata)	14050	14114	+	65	svg ps
trnQ(caa)	14116	14183	-	68	svg ps
trnM(atg)	14187	14255	+	69	svg ps
nad2	14277	15191	+	915	
trnW(tga)	15226	15294	+	69	svg ps
trnC(tgc)	15287	15353	-	67	svg ps
trnY(tac)	15366	15431	-	66	svg ps

Şekil 4.43. *Goniagnathusi guttulinervis* mitokondriyal genomunun (15,435 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)

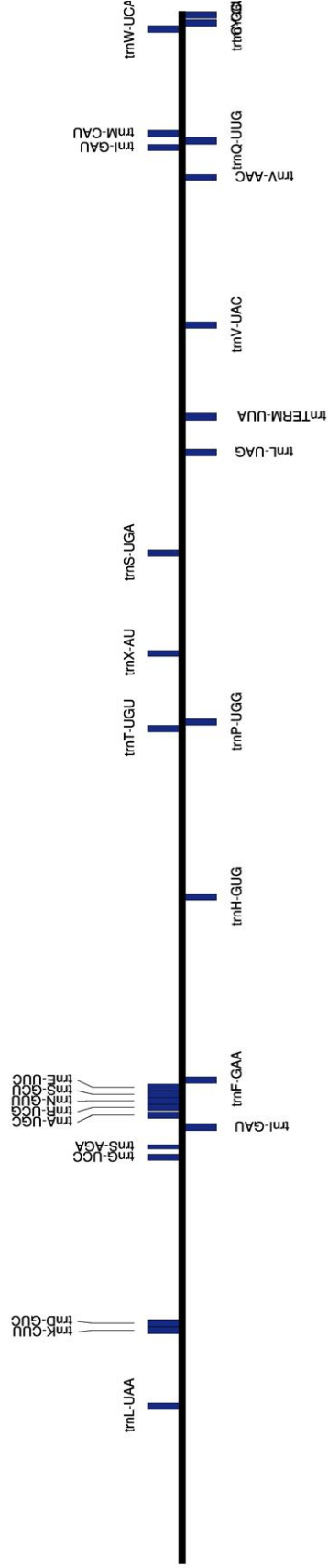
a)

15,435 bp



b)

15,435 bp



Şekil 4.44. *Goniagnathus guttulinervis* mitokondriyal genom anotasyonu 15,433 bç **a)** MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Neoliturus fenestratus* Herrich- Schäffer, 1834

Başpınar ve Uygun (1991b) ile Rayeni ve Seraj (2016)'ın çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Neoliturus fenestratus* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae

Tribüs: Opsiini Emeljanov, 1962

Alttribüs: Circuliferina Emeljanov, 1962

Cins: *Neoliturus* Distant, 1918

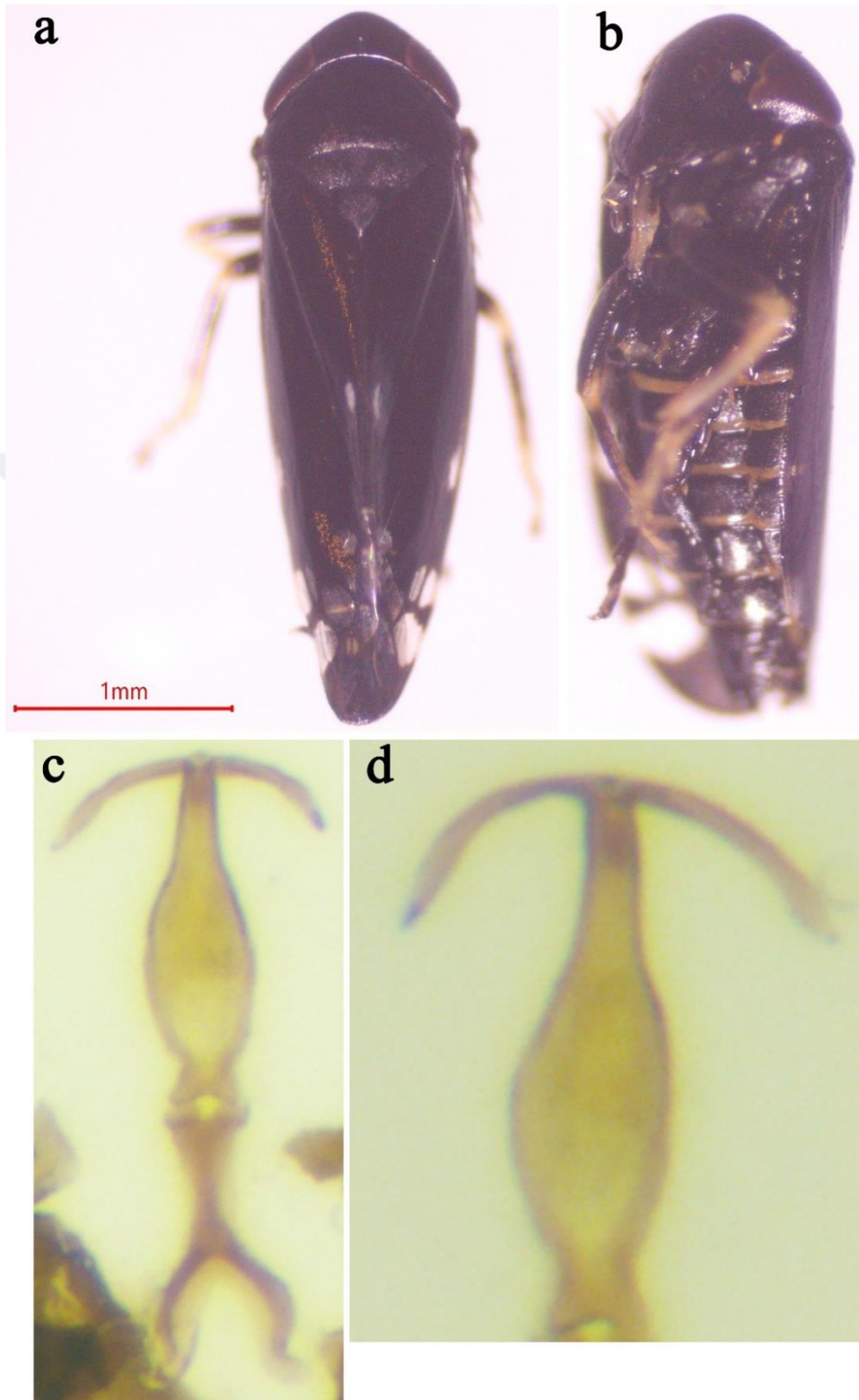
Sinonim: *Jassus (Deltocephalus) guttulatus* Kirschbaum, 1868; *Thamnotettix fenestata transversalis* Puton, 1881; *Thamnotettix fenestratus fasciata* Ferrari, 1885; *Thamnotettix fenestratus venosa* Fieber, 1885; *Bothrognathus hui* Chang, 1938; *Circulifer guttulatus laeta* Ribaut, 1952 (Güçlü ve Özbek 1994c)

Dünyadaki Yayılışı: Almanya, Afganistan, Arnavutluk, Avusturya, Belçika, Bulgaristan, Cezayir, Çekya, Çin, Danimarka, Fas, Fransa, Hollanda, Irak, İran, İspanya, İsrail, İsviçre, İtalya, Kanarya Adaları, Kıbrıs, Libya, Macaristan, Mısır, Moğolistan, Polonya, Portekiz, Romanya, Suriye, Tunus, Türkiye, Eski Yugoslavya ve Yunanistan (Güçlü ve Özbek 1994c)

Türkiye'deki Yayılışı: Adana, Ağrı, Ankara, Bitlis, Bolu, Çorum, Diyarbakır, Erzincan, Erzurum, Mersin, Iğdır, İzmir, Karaman, Kayseri, Muş, Nevşehir, Siirt, Sivas, Şanlıurfa, Şırnak, Tokat, Van (Güçlü ve Özbek 1994c).

Tanımı: İncelenen örnek 3.09 mm'dir (Şekil 4.45a). Vücut rengi siyahtır. Verteks protonumdan daha kısa olup anterior kenarı dik açığa yakın bir geniş açı oluşturmuştur (Başpınar ve Uygun 1991b). Yüz ve skutellum mattır. Pronotum ve ön kanatlar parlak görünümündedir (Kalkandelen 1974) Ön kanatta beyaz şeffaf lekeler bulunmaktadır. Arka bacak siyah renktedir. Aedeagus kolları dorsale doğru az kıvrılarak yarım daire çizer (Kalkandelen 1974).

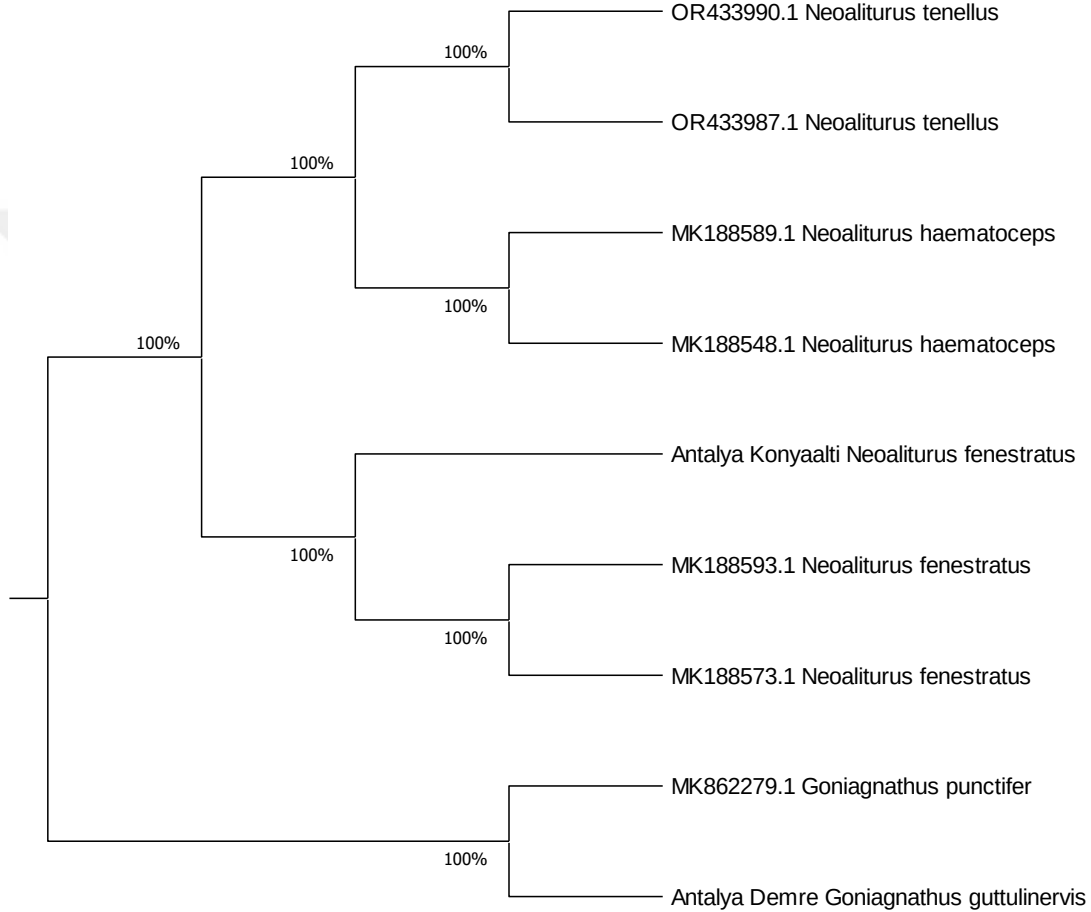
İncelenen materyal: Antalya: Döşemealtı, 37,011731°, 30,563279°, 2♂♂, 5.05.2020; Finike, 36,3208°, 30,1457°, 1♀, 19.06.2019; Gündoğmuş, 36,8154°, 31,9976°, 1♂, 2♀♀, 30.07.2019; 36,777631°, 32,007708°, 1♀, 1♂, 30.07.2019; İbradı, 37,0955°, 31,5964°, 1♀, 2♂♂, 29.07.2019; 37,1544°, 31,5354°, 1♂, 29.07.2019; Kaş, 36,2075°, 29,6217°, 1♂, 8.06.2019; Konyaaltı, 36,893456°, 30,655585°, 1♀, 12.04.2018; 36,880892°, 30,620924°, 1♂, 60.06.2018; 36,855885°, 30,605600°, 1♀, 06.06.2018; 36,834619°, 30,584323°, 3♀♀, 3♂♂, 06.06.2018; 36,890122°, 30,662764°, 1♂, 06.06.2018; Manavgat, 36,910969°, 31,169806°, 1♀, 1♂, 2.08.2019; Muratpaşa, 36,86994°, 30,736569°, 1♀, 1♂, 22.06.2018. Burdur: Çavdır, 37,0163°, 29,8204°, 1♂, 02.08.2018; Çeltikçi 37,529163°, 30,496367°, 1♂, 18.05.2018; Merkez, 37,519386°, 30,052677°, 1♂, 19.05.2018. Isparta: Aksu, 37,799213°, 31,048828°, 1♀, 09.08.2018; Yenişarbademli, 37,712620°, 31,395672°, 3♂♂, 09.08.2018; 37,7146°, 31,3293°, 2♀♀, 09.08.2018; Uluborlu, 38,079357°, 30,483435°, 1♂, 10.08.2018; Gelendost, 38,090839°, 30,999119°, 1♀, 3♂♂, 11.08.2018.



Şekil 4.45. *Neoliturus fenestratus* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Aedeagus ve konnektif görünüşü; **d)** Aedeagus ventral görünüşü

Neoliturus fenestratus COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 663 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan MK188593.1 kayıt numaralı *Neoliturus fenestratus*'a ait sekans ile %97 ve MK188573.1 kayıt numaralı *N. fenestratus*'a ait sekans dizilimi ile %97 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Bu sonuç, tür seviyesinde tanımlamanın başarılı olduğunu göstermiştir. Oluşturulan UPGMA ağacı ile türlerin ayırımı gösterilmiştir (Şekil 4.46).



Şekil 4.46. Mega X programı ile yapılan *Neoliturus* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Neoliturus cinsi için COI gen bölgesi kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.46'de verilmiştir. UPGMA ağacında *Neoliturus* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *N. tenellus* ve *N. haematoceps*'i kapsamaktadır. İkinci ana dal ise *N. fenestratus*'u içermektedir.

Neoliturus fenestratus mitokondriyal genom anotasyonu

Antalya ili Konyaaltı ilçesi'nde portakal bahçesinden toplanan *Neoliturus fenestratus*'a ait mitokondriyal assembly sonucunda, 6,983 bp dizilim bilgisi elde

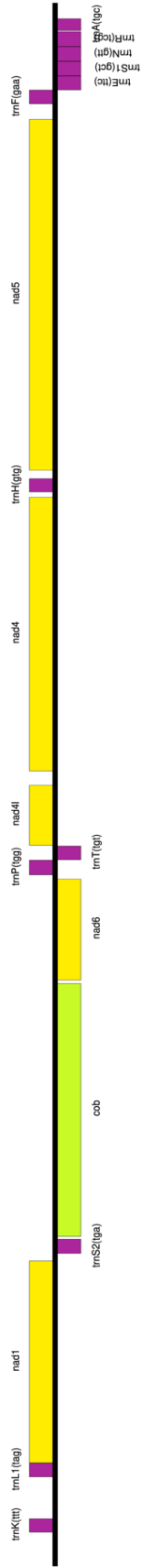
edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

Neoliturus fenestratus türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.47a’da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.47b’de verilmiştir. GeSeq programı kullanarak 10 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak 6 adet protein kodlayan gen (nad1, cob, nad6, nad4l, nad4, nad5) ve 12 adet tRNA bölgesi (trnK, trnL1, trnS2, trnP, trnT, trnH, trnF, trnE, trnS1, trnN, trn R, trn A) bulunmuştur. Gen sıralamasında trnK geninin diğer Cicadellidae türlerine ait sıralamadan farklı bir yerde yer aldığı görülmüştür bu assembly hatası olabileceği düşünülmektedir.



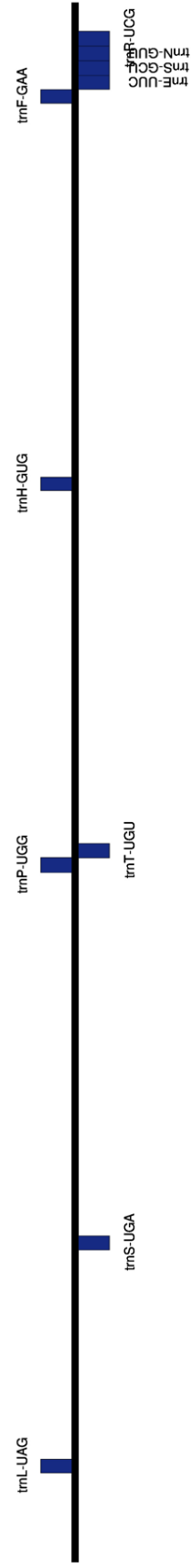
a)

6,983 bp



b)

6,983 bp



Şekil 4.47. *Neoduliturus fenestratus* mitokondriyal genom anotasyonu 6,983 bç **a)** MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Orosius albicinctus* Distant, 1918

Demir (2005), Fletcher vd. (2016) ve El-Sonbatı vd. (2019)'nin çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Orosius albicinctus* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribe: Opsiini Emeljanov, 1962

Cins: *Orosius* Distant, 1918

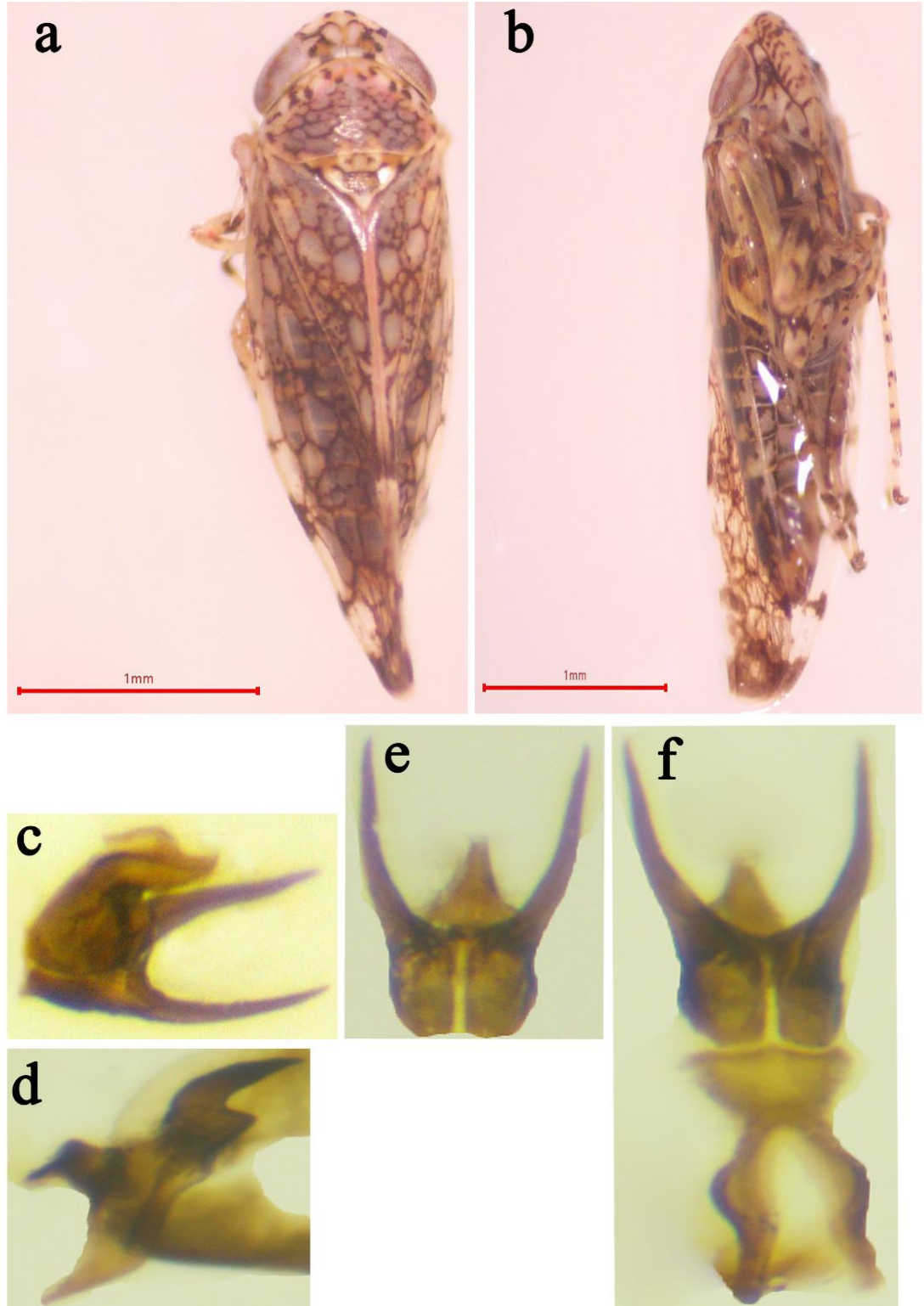
Sinonim: *Orosius albicinctus* Metcalf, 1967; *Orosius albicinctus* Dlabola, 1979; *Thamnotettix filigranus* Haupt 1927; *Orosius filigranus* Metcalf 1967; *Nesophrosyne filigranus* Dlabola 1963; *Nesophrosyne (Orosius) filigranus* Linnavuori, 1964 (El-sonbatı vd. 2019).

Dünyadaki yayılışı: Etiyopya, Fas, Irak, İsrail, Mısır, Pakistan ve Türkiye (Demir 2005).

Türkiye'deki yayılışı: Adana, Antalya, Mersin (Demir 2005)

Tanımı: İncelenen örnekte boy 2,89 mm'dir. Vücut genel olarak soluk sarımsı renkte olup üzerinde bulunan koyu kahverengi, siyah benek ve şeritler ile desenli bir görünüme sahiptir (Şekil 4.48a). Verteks anterior ve posterior kenarda ikişer adet benek ve coronal dikişin her iki yanında ters V şekli bulunmaktadır (Rathod vd. 2017). Aedeagusun bazalından itibaren yanlara doğru birbirinden uzaklaşan bir çift apofiz çıkmıştır (Şekil 4.48e). Apofizlerin apeksleri sivridir ve birbirine dönüktür (Şekil 4.48c) (Demir 2005). Dorsalde bulunan apodema apofizlerin yarısı kadar uzunluktadır (Rathod vd. 2017).

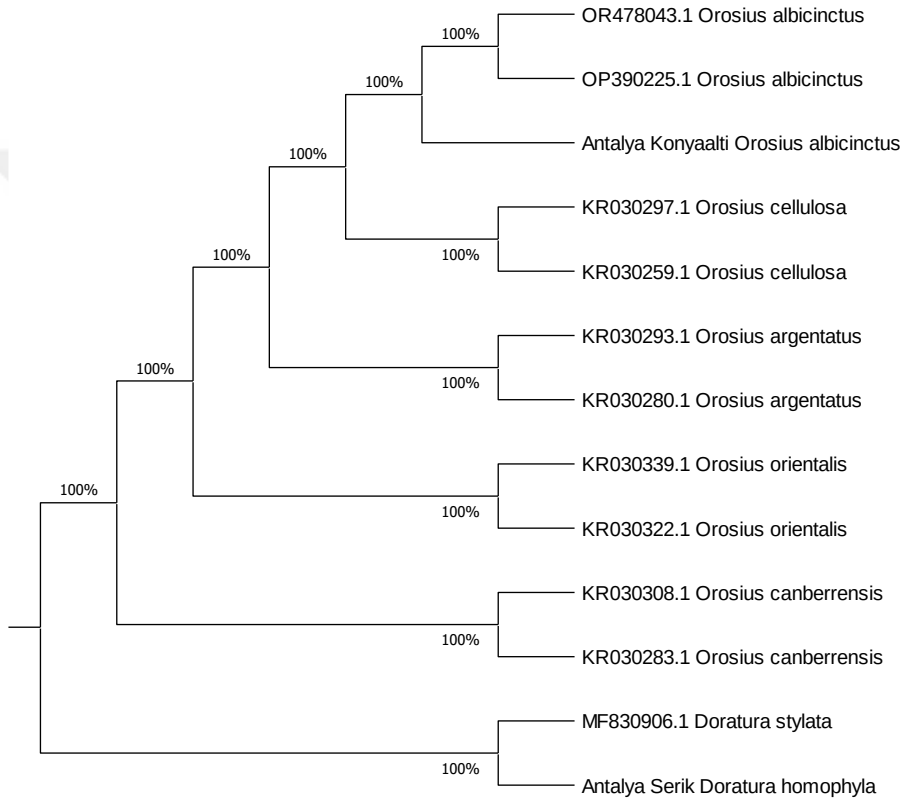
İncelenen materyal: Antalya: Konyaaltı, 36,895855°, 30,551021°, 2♂♂, 1♀, 10.06.2020; Muratpaşa, 36,867944°, 30,746546°, 1♀, 22.06.2018.



Şekil 4.48. *Orosius albicinctus* a) Erkek birey dorsal görünüşü; b) Erkek birey ventral görünüşü; c) Aedeagus; d) Stilus; e) Aedeagus; f) Aedeagus ve konnektif

Orosius albicinctus COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 707 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan OR478043.1 kayıt numaralı *Orosius albicinctus*'a ait sekans ile %99,49, OP390225.1 kayıt numaralı *O. albicinctus*'ya ait sekans dizilimi ile %99,44 ve OP390168.1 kayıt numaralı *O. albicinctus*'a ait sekans dizilimi ile %99,39 oranında sekans homolojisi göstermiştir. DNA dizi karşılaştırmasında elde edilen %99 benzerlik oranı; tür seviyesinde tanımlamanın başarılı olduğunu göstermiştir. Yapılan analiz, morfolojik taksonomi sonucunu da doğrulamıştır.



Şekil 4.49. Mega X programı ile yapılan *Orosius* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez çalışmada elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alınan 5 türden 10 örneğin sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.49'de verilmiştir. UPGMA ağacında *Orosius* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *O. canberrensis* türünü, ikinci ana dalda kümelenmiş *O. orientalis*, *O. argentatus*, *O. cellulosa* ve *O. albicinctus* türlerinden ayırmaktadır. Oluşturulan UPGMA ağacında *Orosius* cinsine ait 5 türün herbirinin ayrı bir dalda konumlanması ile türler arasında ayırımın olduğu belirlenmiştir. Bu ayırım, özellikle *O. albicinctus* ve *O. orientalis* türlerinin sinonim olarak kullanılmasına rağmen, Flechter vd. (2016)'nin de belirttiği gibi farklı türler olduğu ortaya konulmuştur.

Fletcher vd. (2016), Ishihara'nın 1982'deki çalışmasında *O. orientalis* ve *O. albicinctus*'un sinonim olduğunu öne sürdüğünü, bu nedenle Orta Doğu ve Orta Asya'da yayınlanan çalışmalarda *O. albicinctus* yerine *O. orientalis* kullanıldığını belirtmiştir. Ancak aynı çalışmada, bu iki türün morfolojik teşhisi ve DNA barkodlama yöntemi ile birbirinden farklı türler olduğunu ortaya koymuşlardır. Çalışmalarında yer verdikleri morfolojik teşhis anahtarında, *O. albicinctus* ventral görünümde aedeagus'un bazalda birbirinden ayrılan bağımsız iki kolunun apikalde birbirinden uzaklaştığını, *O. orientalis*'te ise ventral görünümde aedeagus'un birinden ayrılan bağımsız iki kolunun apikalde hafif dalgalı ve apikalde birbirinden çok az uzaklaşmış olduğunu belirtmişlerdir.

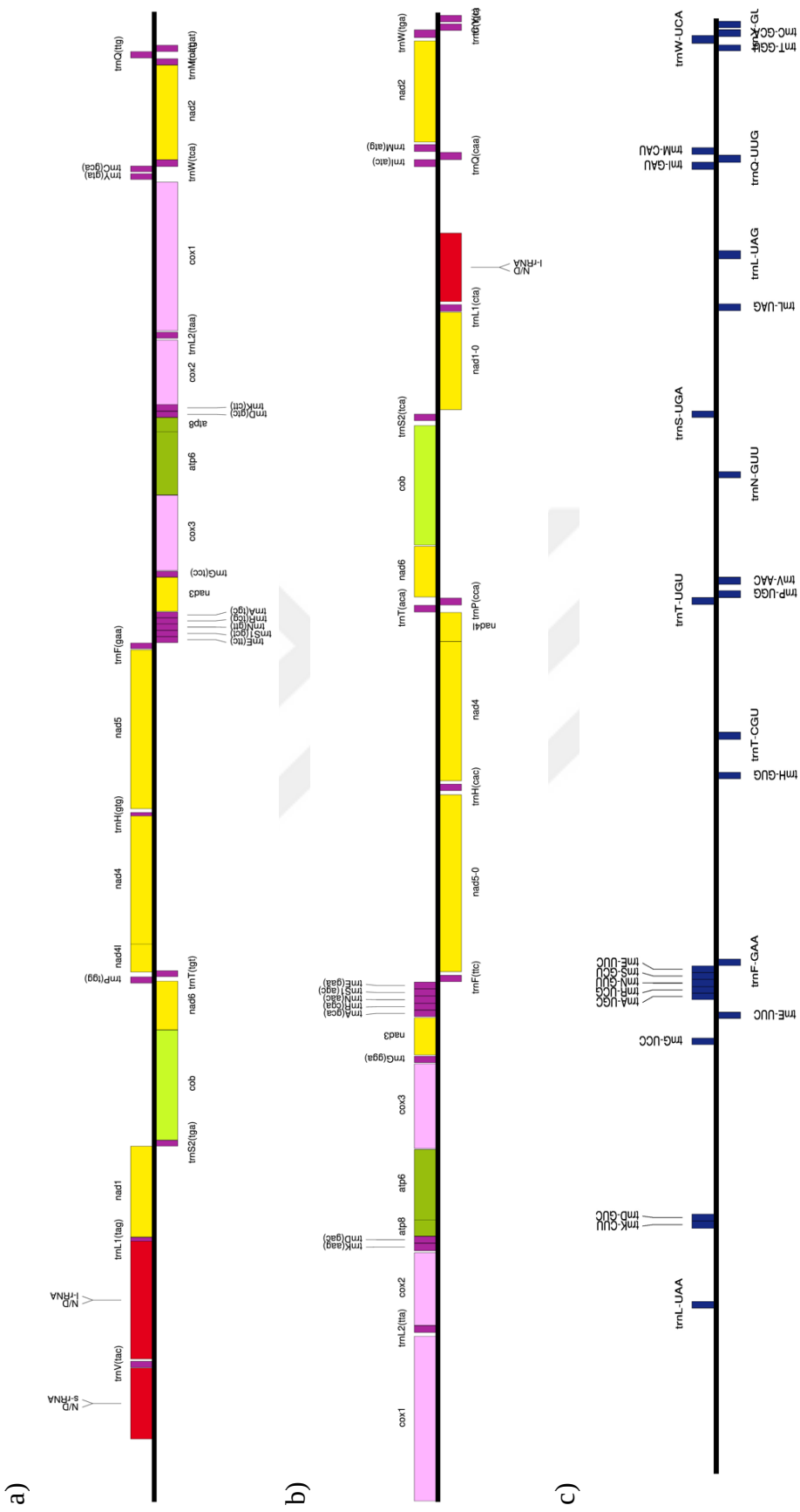
***Orosius albicinctus* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya ili Konyaaltı ilçesi'nde portakal bahçesinden toplanan *Orosius albicinctus*'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 13,620 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genomu ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

Orosius albicinctus'un mitokondriyal genom gen içeriğini ve düzenini gösteren bilgiler MITOS programı kullanıldığında Şekil 4.50 ve Şekil 4.51b'da, GeSeq programı kullanıldığında Şekil 4.51c'de verilmiştir. Mevcut gen bankasında bulunan (kayıt numarası NC_066176.1) 15,374 bç *O. albicinctus*'un mitokondriyal genomunun protein kodlayan genlerin ve tRNA bölgelerinin genel sıralanışını gösteren fiziksel harita Şekil 4.51a'da verilmiştir. GeSeq programı kullanılarak 26 adet tRNA bölgesi, MITOS programı kullanılarak 13 adet protein kodlayan gen (*cox1*, *cox2*, *atp8*, *atp6*, *cox3*, *nad3*, *nad5-0*, *nad4*, *nad4l*, *nad6*, *cob*, *nad1-0*, *nad2*), 1 adet rRNA bölgesi (*rrnL*) ve 21 adet tRNA bölgesi (*trnL2*, *trnK*, *trnD*, *trnG*, *trnA*, *trnR*, *trnN*, *trnS1*, *trnE*, *trnF*, *trnH*, *trnT*, *trnP*, *trnS2*, *trnL1*, *trnI*, *trnQ*, *trnM*, *trnW*, *trnC*, *trnY*) bulunmuştur. Gen sıralamasının birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğu gözlemlenmiştir. Çalışmada elde edilen 13,620 bç dizilim NC_066176.1 kayıt numaralı *Orosius* sp. ait 15,374 bç dizilim ile %99,52 oranında tutarlılık göstermiştir. Bu tez çalışmasında, NC_066176.1 kayıt numaralı *Orosius* sp. örneğinde bulunan *rrnS* ve *trnV* bölgeleri elde edilememiştir. Ancak, geri kalan genlerin sırası/düzeninin aynı olduğu görülmüştür.

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	7	1515	+	1509	
trnL2(tta)	1549	1613	+	65	svg ps
cox2	1614	2279	+	666	
trnK(aag)	2296	2365	+	70	svg ps
trnD(gac)	2366	2429	+	64	svg ps
atp8	2430	2579	+	150	
atp6	2576	3223	+	648	
cox3	3231	4007	+	777	
trnG(gga)	4016	4077	+	62	svg ps
nad3	4087	4428	+	342	
trnA(gca)	4437	4497	+	61	svg ps
trnR(cga)	4498	4559	+	62	svg ps
trnN(aac)	4559	4626	+	68	svg ps
trnS1(agg)	4626	4691	+	66	svg ps
trnE(gaa)	4691	4754	+	64	svg ps
trnF(ttc)	4756	4816	-	61	svg ps
nad5-0	4848	6467	-	1620	
trnH(cac)	6504	6565	-	62	svg ps
nad4	6594	7868	-	1275	
nad4l	7868	8134	-	267	
trnT(aca)	8137	8200	+	64	svg ps
trnP(cca)	8201	8266	-	66	svg ps
nad6	8275	8739	+	465	
cob	8749	9843	+	1095	
trnS2(tca)	9887	9948	+	62	svg ps
nad1-0	9987	10880	-	894	
trnL1(cta)	10887	10950	-	64	svg ps
rrnL	10976	11603	-	628	svg ps
trnI(atc)	12209	12276	+	68	svg ps
trnQ(caa)	12274	12342	-	69	svg ps
trnM(atg)	12348	12413	+	66	svg ps
nad2	12435	13361	+	927	
trnW(tga)	13390	13462	+	73	svg ps
trnC(tgc)	13455	13516	-	62	svg ps
trnY(tac)	13534	13595	-	62	svg ps

Şekil 4.50. *Orosius albicinctus* mitokondriyal genomuna (13,620 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)



Şekil 4.51. *Orosius albicinctus* mitokondriyal genomunun anotasyonu **a)** Genbankasından alınan NC_066176.1 kayıt numaralı *Orosius albicinctus* örneğine ait tüm mitokondriyal genomunun protein kodlayan genlerin ve tRNA bölgelerinin genel sıralanışını gösteren fiziksel harita. Mevcut çalışmada elde edilen dizilimin 13,620 bç; **b)** MITOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **c)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

Tür: *Phlepsius intricatus* Herrich-Schäffer, 1838

Zahniser ve Dietrich (2013)'in çalışmasından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Phlepsius intricatus* olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Subfamily: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribüs: Phlepsiini Zahniser and Dietrich, 2013

Cins: *Phlepsius* Fieber, 1866

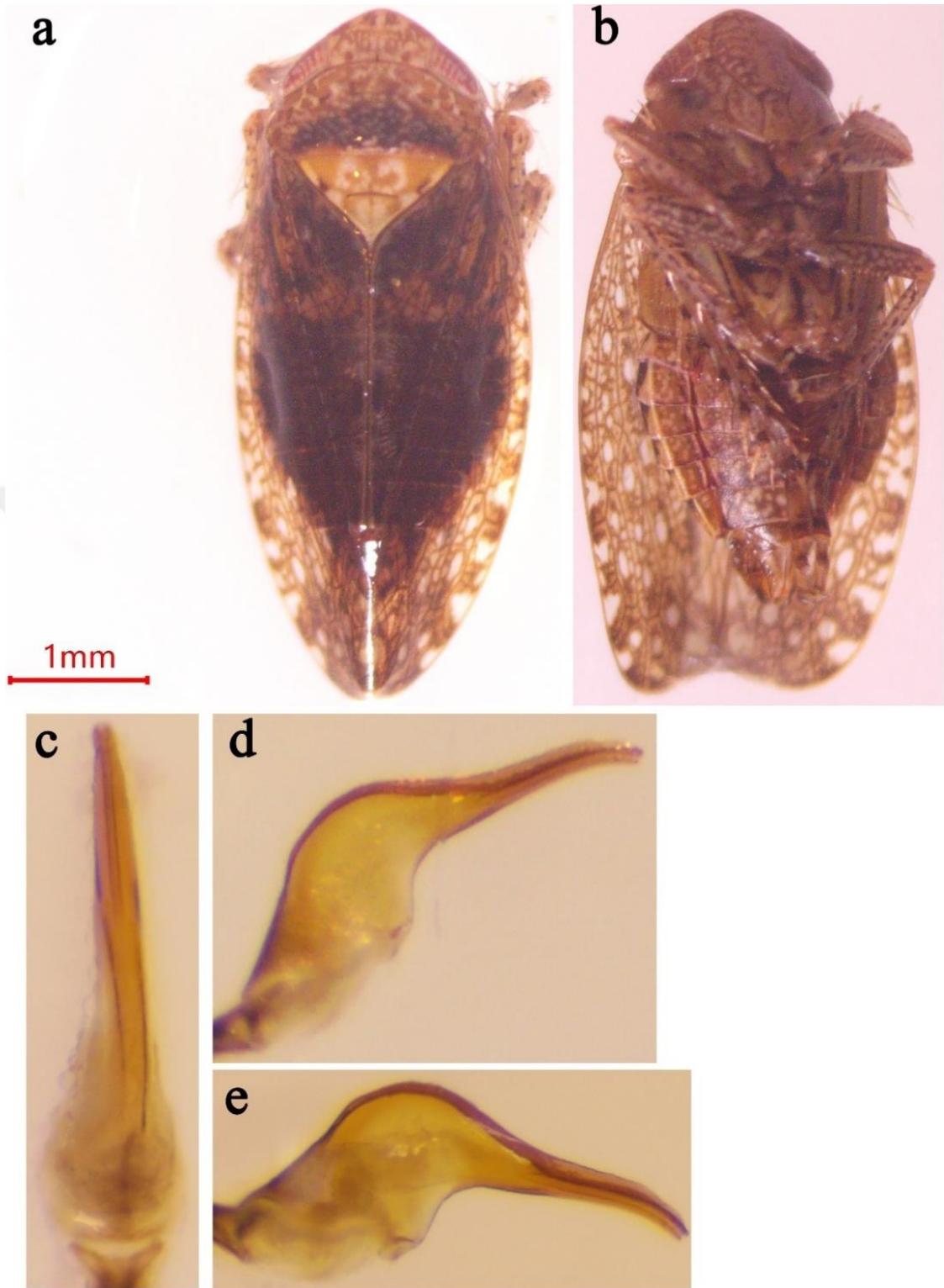
Sinonim: *Jassus intricatus* Herrich-Schäffer, 1838; *Jassus (Jassus) 8-punctatus* Burmeister, 1838; *Jassus (Jassus) octopunctatus* Burmeister, 1838; *Phlepsius maculatus* Fieber, 1866, *Jassus (Thamnotettix) intricatus* Kirschbaum, 1868, *Phlepsius intricatus* Fieber, 1872; *Phlepsius ornatus* Nast, 1972 (Zahniser 2007).

Dünyadaki Yayılışı: Afganistan, Almanya, Arnavutluk, Avusturya, Azerbaycan, Bulgaristan, Cezayir, Çekya, Ermenistan, Fas, Filistin, Fransa, Hırvatistan, Irak, İran, İspanya, İtalya, Kazakistan, Kıbrıs, Kırgızistan, Tacikistan, Macaristan, Moldova, Özbekistan, Polonya, Portekiz, Romanya, Rusya, Sırbistan, Slovakya, Suriye, Tunus, Türkiye, Türkmenistan, Ukrayna, Ürdün, Eski Yugoslavya ve Yunanistan (Zahniser 2007).

Türkiye'deki Yayılışı: Amasya, Elazığ, Mardin, Samsun, Trabzon (Özgen 2008; Zeybekoğlu 1998)

Tanım: İncelenen örnekte vücut uzunluğu 4,37 mm'dir (Şekil 4.52a). Vücut rengi kırmızı kahverengidir (Demir 1998). Baş öne doğru meyilli ve pronotumdan dardır. Verteksin orta kısmı yan kısımlardan daha uzundur. Ön kanatlarda üzerinde beyaz yuvarlak lekeler bulunmaktadır (Güçlü 1991). Aedeagusun taban kısmı (phallobase) az gelişmiş ve aedeagus dorsale doğru yay şeklinde uzanır (Başpınar ve Uygun 1992b).

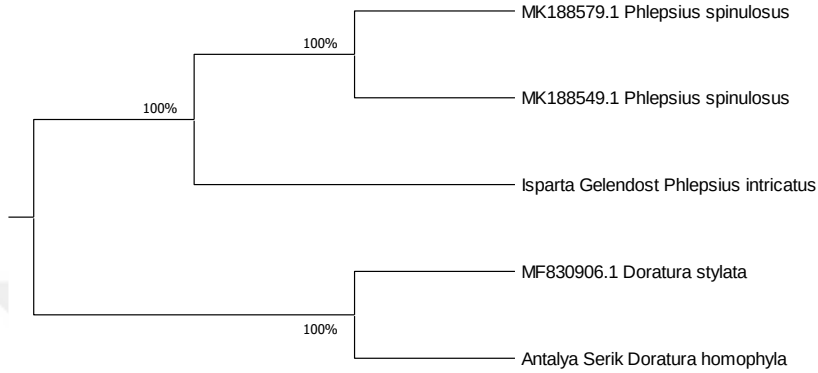
İncelenen materyal : Antalya: Elmalı, 36,7326°, 29,8653°, 1♀, 1♂, 25.08.2019; 36,7099°, 29,8022°, 1♂, 25.08.2019; Gündoğmuş, 36,8154°, 31,9976°, 1♀, 30.07.2019; 36,798638°, 31,847276°, 1♂, 30.07.2019; İbradı, 37,114313°, 31,579719°, 1♀, 29.07.2019; 37,107304°, 31,584329°, 1♂, 1♀ 29.07.2019; Konyaaltı, 36,900739°, 30,651253°, 1♂, 6.06.2018; 36,893456°, 30,655585°, 1♂, 12.04.2018; 36,895855°, 30,551021°, 1♀, 5.05.2019; Korkuteli, 37,068617°, 30,185958°, 1♀, 16.05.2018; 37,07011°, 30,184532°, 1♂, 2♀, 23.05.2018; 37,08083°, 30,168941°, 1♀, 23.05.2018; Kumluca, 36,3489°, 30,2996°, 1♀, 19.06.2019; Manavgat, 36,910969°, 31,169806°, 1♂, 2.08.2019. Burdur : Ağlasun, 37,645065°, 30,571411°, 1♂, 04.08.2018; Bucak, 37,3062°, 30,4717°, 1♂, 04.08.2018; Karamanlı, 37,3448°, 29,8107°, 1♂, 03.08.2018; Tefenni, 37,2024°, 29,9552°, 1♂, 03.08.2018. Isparta: Eğirdir, 37,8680°, 30,8028°, 3♂♂, 1♀, 09.08.2018; Gelendost, 38,090839°, 30,999119°, 5♀♀, 10♂♂, 11.08.2018; Senirkent, 38,117664°, 30,561949°, 1♂, 10.08.2018; 38,127228°, 30,588127°, 1♂, 10.08.2018; Uluborlu, 38,079357°, 30,483435°, 1♂, 1♀, 10.08.2018; Yalvaç, 38,206188°, 31,278746°, 1♀, 11.08.2018.



Şekil 4.52. *Phlepsius intricatus* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Aedeagus dorsal görünüşü **d), e)** Aedeagus lateral görünüşü

Phlepsius intricatus COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda, 657 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. BLAST analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan MK188549.1 ve MK188579.1 kayıt numaralı *Phlepsius spinulosus*'a ait sekans ile %86 oranında eşleşme göstermiştir. Bu tez çalışması ile *P. intricatus*'ye ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir.

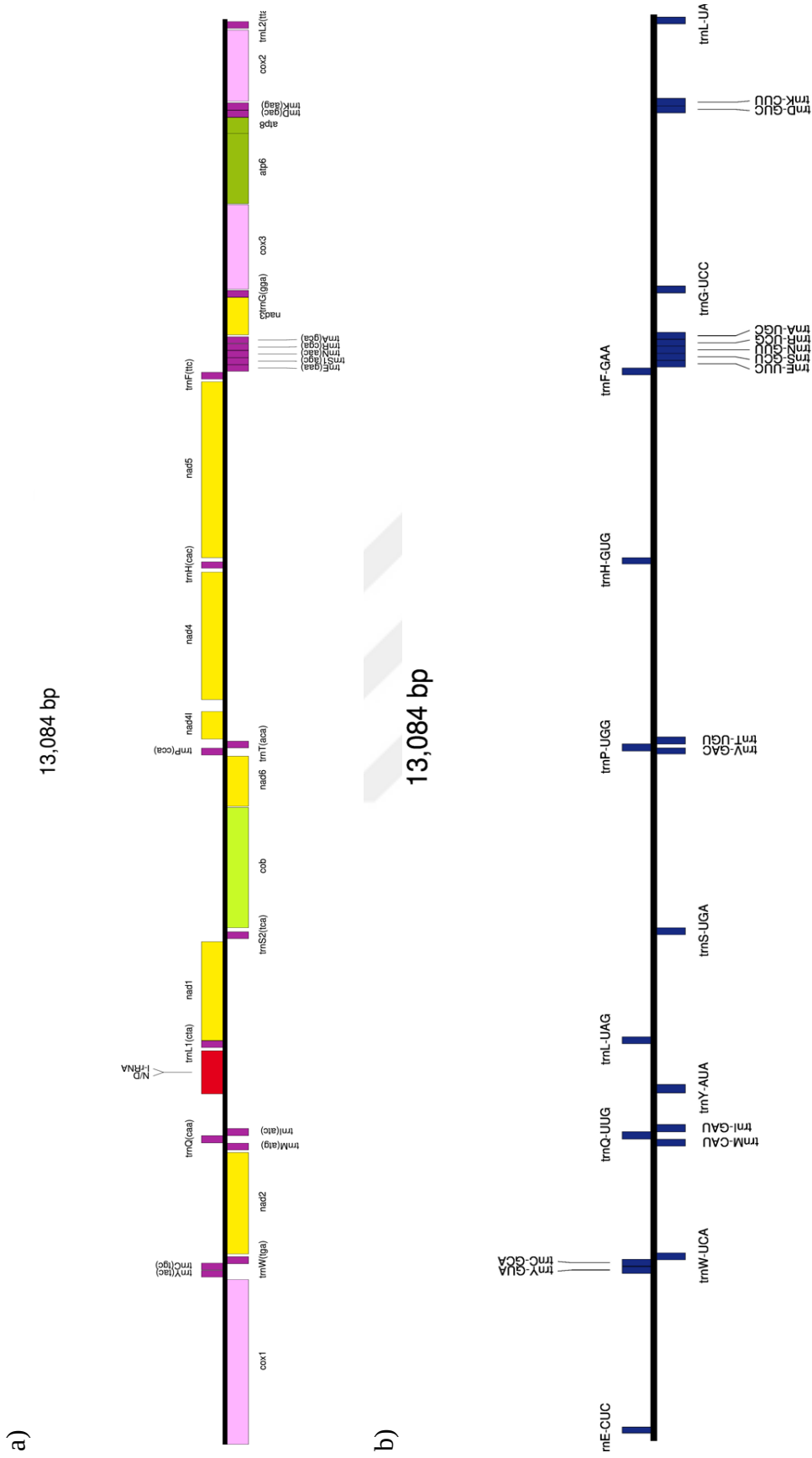


Şekil 4.53. Mega X programı ile yapılan *Phlepsius* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Exitianus cinsi için COI barkodları kullanılarak oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.53'de verilmiştir. UPGMA ağacında *Phlepsius* cinsi iki ana dala ayrılmıştır.

Phlepsius intricatus mitokondriyal genom anotasyonu

Isparta ili Gelendost ilçesi'nde portakal bahçesinden toplanan *Phlepsius intricatus*'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda, 13,084 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. *Phlepsius intricatus* türüne ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.54a'da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.54b'de verilmiştir. GeSeq programı kullanarak 24 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak rrnS ve trnV bölgesi hariç, diğer tüm genlere bulunmuştur. Genlerin mitokondriyal genom sıralanışı birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğunu göstermiştir. Bu türün NCBI gen veri tabanında mitogenoma ait dizilimine rastlanmamıştır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir.

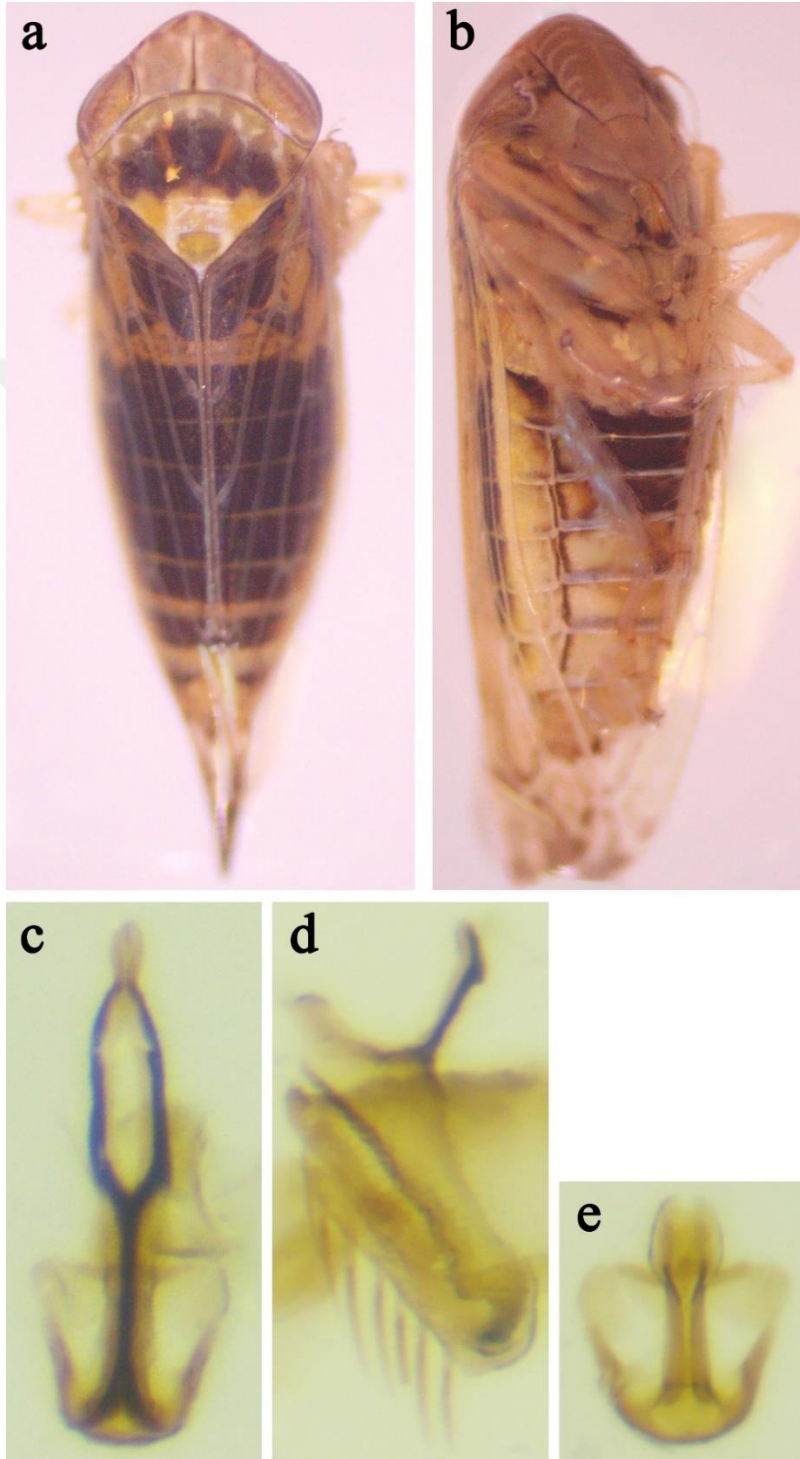


Tür: *Psammotettix* sp. Haupt, 1929

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae

Tribüs: Paralimnini Distant, 1908

Subtribes: *Paralimnina* Distant, 1908



Şekil 4.55. *Psammotettix* sp. **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Konnektif; **d)** stilus; **e)** Aedeagus

***Psammotettix* sp. COI gen bölgesi**

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda 702 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI Genbank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Çalışmada elde edilen dizilim, NCBI GenBank'ta bulunan MZ519872.1, MZ519870.1 ve MZ519869.1 kayıt numaralı *Psammotettix* sp. ile %99 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Cins bazındaki eşleşmelerden sonra en çok *Psammotettix confinis* türüne ait dizilimler ile %99 oranında benzerlik göstermiştir.

Tez kapsamında morfolojik tanımlamada *Psammotettix* sp. olarak verilen örneğin *Psammotettix striatus* ya da *P. provincialis* türü olabileceği düşünülmüştür. Ancak kesin teşhis yapılmadığı için cins düzeyinde tanımlanmıştır. Kalkandelen (1974) *P. striatus* ve *P. provincialis* türlerinin dış görünüşüne göre ayırım yapmanın imkansız olduğunu ancak phallus şekline göre birbirinden ayırılabilirdiğini, bu farkın ise çok bariz olmadığını ve dikkatli olunması gerektiğini belirtmiştir. *Psammotettix striatus* türünde aedeagus spatülü apeksde oyuk değil düz, köşeleri sivridir, *P. provincialis* aedeagus saptülü apeksde konkav ve köşeleri yuvarlaktır (Başpınar ve Uygun 1992).

Bazı çalışmalarda bu iki türe ait birey sayıları farklı şekillerde verilmiştir. Yılmaz vd. (2007) Aydın, İzmir ve Manisa illeri Mısır üretim alanlarından tespit ettikleri türlerden *P. provincialis* ve *P. striatus*'un ayırımının sadece erkek bireylerin eşey organlarından yapıldığını belirterek her iki türe ait ergin birey sayılarını toplam olarak verilmişlerdir. Akmeşe ve Sertkaya (2021), Doğu Akdeniz Bölgesi'ndeki mısır alanlarından topladıkları *P. provincialis* ve *P. striatus* örneklerinden her yıl için 20 erkek bireyin genital preparasyonlarını baz alarak birey sayılarını hesaplamışlardır.

Psammotettix sp.'ye ait COI sekans dizilimini, GenBank veri tabanına girilen sekanlar ile karşılaştırılması sonucunda, *Psammotettix* sp. ile %99 oranında sekans homolojisi göstermesinden sonra cins bazındaki eşleşmelerden sonra en çok *Psammotettix confinis* türüne ait dizilimler ile %99 oranında benzerlik göstermiştir. OQ608830.1 kayıt numaralı *P. alienus* ile %99, MK862281.1 kayıt numaralı *P. emarginatus* ile %98 oranında benzerlik göstermiştir.

Kalkandelen (1974), *Psammotettix confinis*'un dış görüşünün tamamen *P. striatus*'a benzediğini, ancak phallus yapısının diğer türlerden oldukça farklı olduğunu belirtmiştir. Güçlü ve Özbek (1995), *Psammotettix* türlerine ait verdikleri teşhis anahtarında; *P. confinis* aedeagus yapısının dorso-ventral olarak yassı ve oldukça geniş olduğunu belirtmişlerdir. Tez çalışması ile elde edilen *Psammotettix* sp. aedeagus yapısı incelendiğinde, bu türün *P. confinis* olarak tanımlanamayacağı görülmüştür.

Ayrıca *P. striatus* ya da *P. provincialis* olduğu düşünülen bu örneğin COI gen bölgesinin, veri tabanında *Psammotettix striatus* türüne ait MT709329.1 kayıt numaralı örnek ile %83,93 oranında benzerlik göstermiştir ancak *Psammotettix provincialis*'ye ait veri bulunmaması nedeniyle eşleşme sonucu elde edilememiştir.

Sonuçlarda *Psammotettix* cinsine ait *P. confinis*, *P. alienus* ve *P. emarginatus* türleri yakın sonuçlar göstermiştir. Bu nedenle çelişkili sonuçların doğrulanması için türe ait COI gen bölgesi ve morfolojik teşhis için kullanılan morfolojik karakterlerin birlikte incelenmesine ve revizyon yapılmasına ihtiyaç olduğu düşünülmektedir.

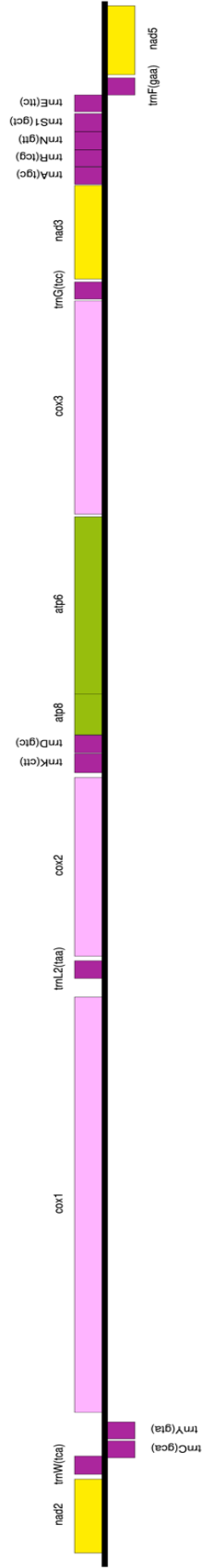
***Psammotettix* sp. mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya ili Konyaaltı ilçesi'nde portakal bahçesinden toplanan *Psammotettix* sp.'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda, 5,692 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. *Psammotettix* sp.'ye ait MITOS programı ile analiz sonucunda elde edilen veriler Şekil 4.56a'da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.56b'de verilmiştir. MITOS programı kullanılarak toplam 8 adet protein kodlayan gen, 13 adet tRNA gen bölgesi, GeSeq programı kullanarak 16 adet tRNA gen bölgesi bulunmuştur.



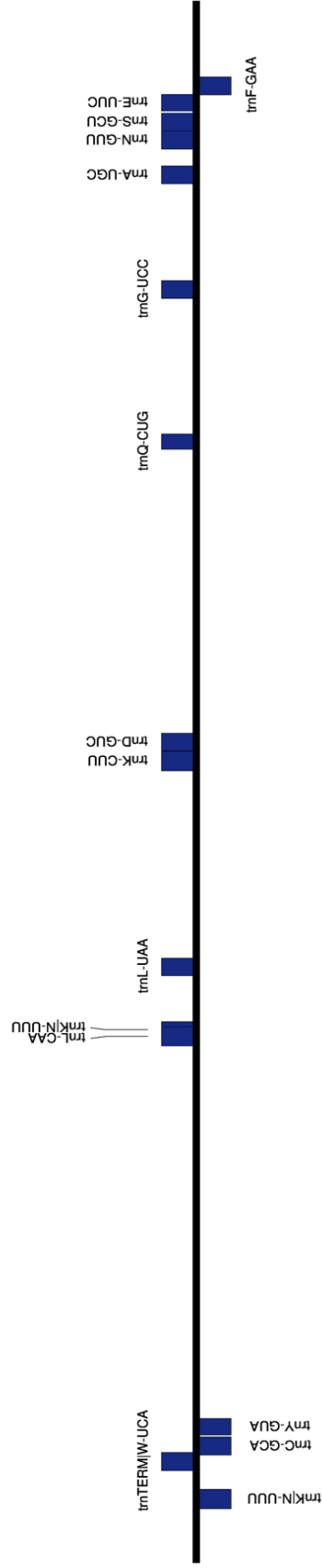
a)

5,692 bp



b)

5,692 bp



Şekil 4.56. *Psammotettix* sp. mitokondriyal genom anotasyonu 5,692 bç **a)** MITOS programı ile tahmin edilen protein kodlayan gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin tRNA bölgeleri

Tür: *Selenocephalus ankarae* Dlabola,1957

Zeybekoğlu (2000)'dan yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Selenocephalus ankarae* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae

Tribüs: Athysanini Van Duzee, 1892

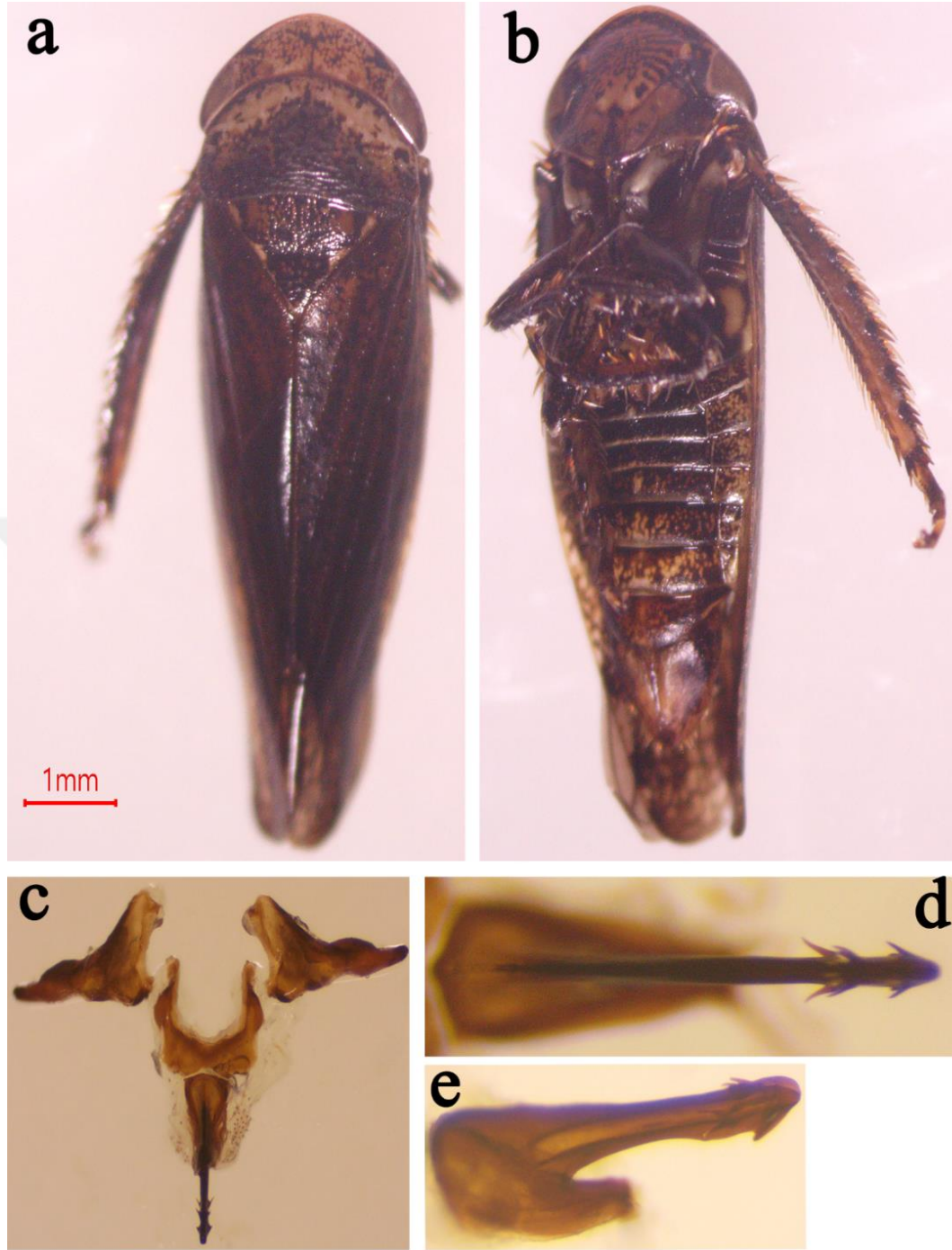
Cins: *Selenocephalus* Germar, 1833

Dünyadaki Yayılışı: Türkiye (Demirel 2010)

Türkiye'deki Yayılışı: Amasya, Ankara, Antalya, Muğla ve Tokat (Dlabola 1957, Kalkandelen 1974, Lodos ve Kalkandelen 1986c, Zeybekoğlu 1998, Demir 2004b).

Tanımı: Koyu kahverengi rengindedir (Şekil 4.57). Verteks ön kısmı dış bükeydir, ortada pronotumun yarısı kadardır (Zeybekoğlu 1998; Öztürk 2002). Verteks, pronotum ve skutellum üzerinde noktalar ve bantlar bulunmaktadır. Ön kanatlarda koyu renkli lekeler vardır (Dlabola 1957). Aedeagus kısa ve geniştir. Dlabola (1957) aedeagus üzerinde üç çift çıkıntı (denticle) bulunduğunu belirtmiştir. Kalkandelen (1974) tarafından incelenen materyalde ise dört çift büyük, bir çift küçük çıkıntı tespit etmiştir (Ahmed 2008). Zeybekoğlu (1998) incelediği materyalde aedeagus yapısında Dlobola (1957)'nin tarifinden farklı sayıda çıkıntı tespit etmiştir.

İncelenen materyal: Antalya: Gündoğmuş, 36,828224°, 32,026623°, 1♂, 30.07.2019.

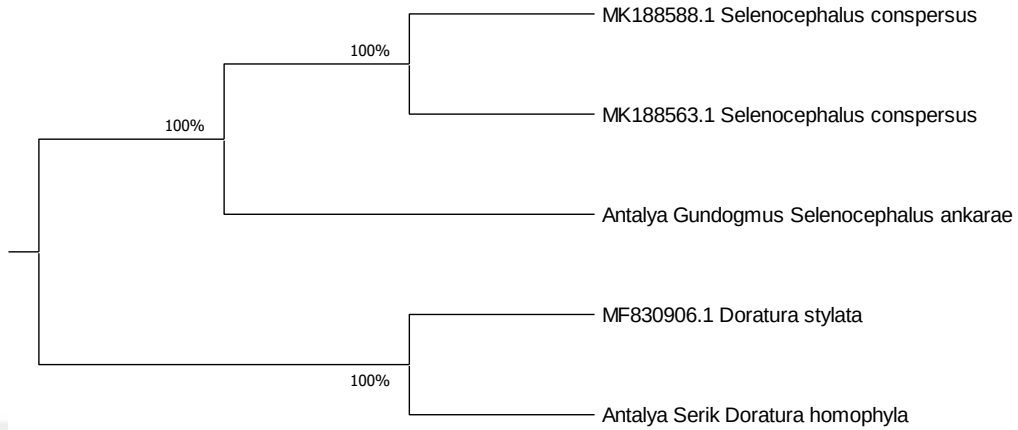


Şekil 4.57. *Selenocephalus ankarae* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c)** Konnektif, stilus ve aedeagus; **d)** Aedeagus dorsal görünüşü; **e)** Aedeagus lateral görünüşü

Selenocephalus ankarae COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda 687 bp uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI GenBank'ta bulunan MK188563.1 kayıt numaralı *Selenocephalus conspersus*'a ait sekans ile %93,92

oranında eşleşme göstermiştir. Sonuçlar cins düzeyinde eşleşme göstermiştir. Bu tez çalışması ile *S. ankaræ*’ye ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir. Dlabola’nın (1957) makalesinde ilk kez yayınladığı bu tür Türkiye’ye endemik bir türdür.



Şekil 4.58. Mega X programı ile yapılan *Selenocephalus* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Tez çalışmada elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alınan sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.58’te verilmiştir. GenBank veri tabanında *Selenocephalus* cinsine ait sadece *Selenocephalus conspersus* türü bulunması nedeniyle sadece bu tür alınarak filogenik ağaç oluşturulmuştur.

***Selenocephalus ankaræ* mitokondriyal genom anotasyonu**

Antalya ili Konyaaltı ilçesi’nde portakal bahçesinden toplanan *Selenocephalus ankaræ*’ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 14,603 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genomu ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir.

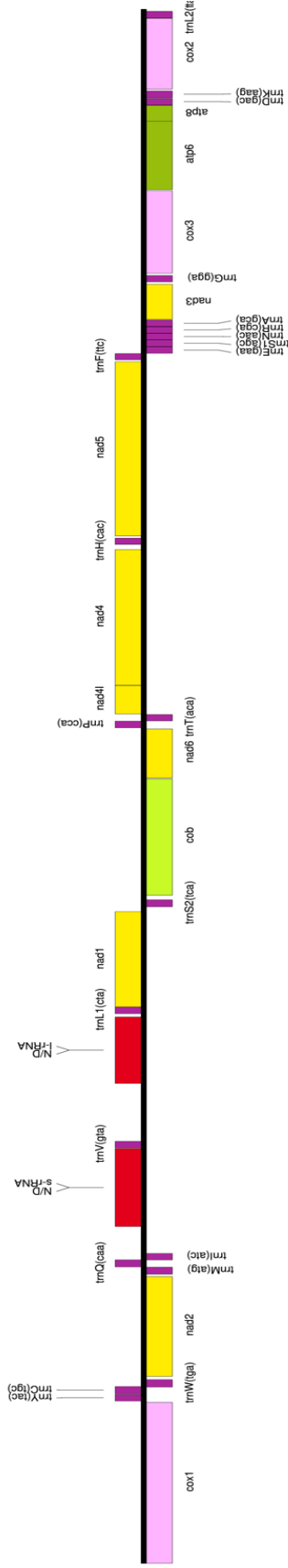
Selenocephalus ankaræ’nin mitokondriyal genom gen içeriğini ve düzenini gösteren bilgiler MITOS programı kullanıldığında Şekil 4.59 ve Şekil 4.60a’da, GeSeq programı kullanıldığında Şekil 4.60b’de verilmiştir. GeSeq programı kullanılarak 24 adet tRNA gen bölgesi, MITOS programı kullanılarak 13 adet protein kodlayan gen (cox1, nad2, nad1, cob, nad6, nad4l, nad4, nad5, nad3, cox3, atp6, atp8, cox2), 2 adet rRNA bölgesi (rrnL, rrnS) ve 22 adet tRNA bölgesi (trnY, trnC, trnW, trnM, trnQ, trnI, trnV, trnL1, trnS2, trnP, trnT, trnH, trnF, trnE, trnS1, trnN, trnR, trnA, trnG, trnD, trnK, trnL2) bulunmuştur. Genlerin mitokondriyal genom sıralanışının birçok Cicadellidae türü ile aynı olduğunu gözlemlenmiştir (Luo vd. 2021, Chen vd. 2021, Jiang vd. 2022, Wu vd. 2022). Bu türün NCBI gen veri tabanında tüm mitokondriyal genomuna ait dizilimine rastlanmamıştır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir.

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	1	1515	-	1515	
trnY(tac)	1526	1589	+	64	svg ps
trnC(tgc)	1594	1664	+	71	svg ps
trnW(tga)	1657	1728	-	72	svg ps
nad2	1758	2696	-	939	
trnM(atg)	2718	2785	-	68	svg ps
trnQ(caa)	2786	2854	+	69	svg ps
trnI(atc)	2852	2914	-	63	svg ps
rrnS	3165	3900	+	736	svg ps
trnV(gta)	3904	3967	+	64	svg ps
rrnL	4510	5135	+	626	svg ps
trnL1(cta)	5165	5231	+	67	svg ps
nad1	5220	6125	+	906	
trnS2(tca)	6169	6235	-	67	svg ps
cob	6278	7372	-	1095	
nad6	7380	7841	-	462	
trnP(cca)	7850	7915	+	66	svg ps
trnT(aca)	7916	7977	-	62	svg ps
nad4l	7980	8249	+	270	
nad4	8249	9526	+	1278	
trnH(cac)	9573	9634	+	62	svg ps
nad5	9653	11290	+	1638	
trnF(ttc)	11307	11367	+	61	svg ps
trnE(gaa)	11368	11431	-	64	svg ps
trnS1(agc)	11431	11496	-	66	svg ps
trnN(aac)	11496	11558	-	63	svg ps
trnR(cga)	11558	11620	-	63	svg ps
trnA(gca)	11621	11682	-	62	svg ps
nad3	11688	12017	-	330	
trnG(gga)	12039	12100	-	62	svg ps
cox3	12120	12896	-	777	
atp6	12904	13551	-	648	
atp8	13548	13700	-	153	
trnD(gac)	13701	13765	-	65	svg ps
trnK(aag)	13770	13835	-	66	svg ps
cox2	13852	14517	-	666	
trnL2(tta)	14518	14582	-	65	svg ps

Şekil 4.59. *Selenocephalus ankarae* türüne ait mitokondriyal genoma (14,603 bç) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)

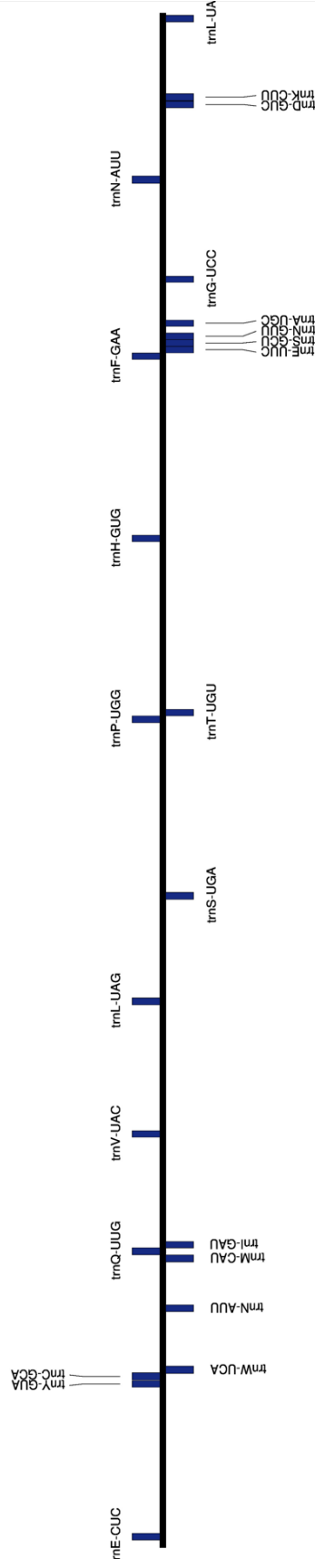
a)

14,603 bp



b)

14,603 bp



Şekil 4.60. *Selenocephalus ankaræ* mitokondriyal genom anotasyonu 14,603 bç **a)** MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA gen bölgeleri

Tür: *Thamnotettix zelleri* Kirschbaum, 1868

Başpınar ve Uygun (1992b)'un çalışmalarından yararlanılarak yapılan morfolojik tanımlama ile örneğin *Thamnotettix zelleri* türü olduğu düşünülmektedir.

Taksonomi: Altfamilya: Deltocephalinae Dallas, 1870

Tribüs: Athysanini Van Duzee, 1892

Cins: *Thamnotettix* Zettersted 1838

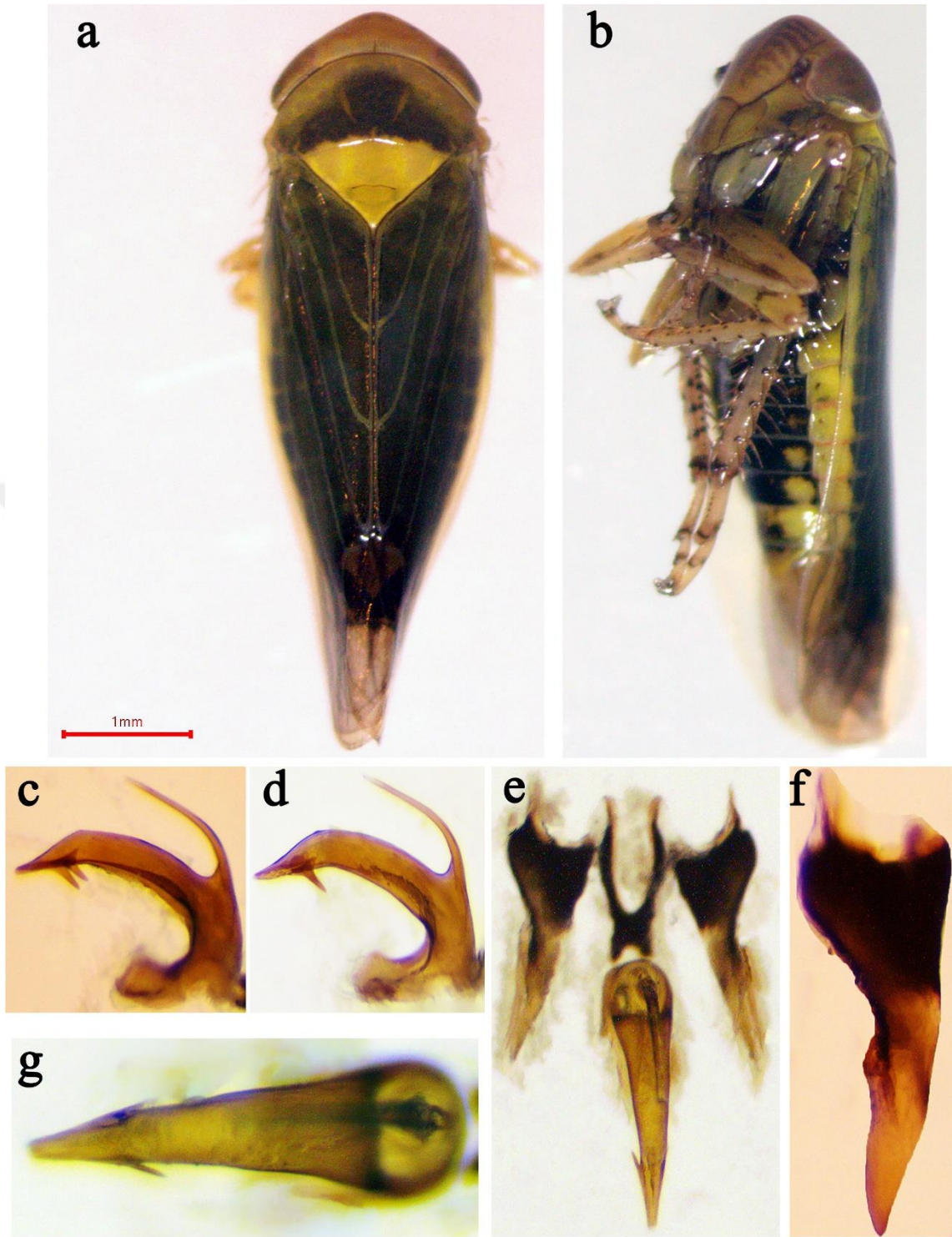
Sinonim: *Jassus* (*Thamnotettix*) *zelleri* Kirschbaum, 1868; *Athysanus zelleri* Fieber, 1872; *Iassus* (*Thamnotettix*) *zelleri* Douglas & Scott, 1876; *Thamnotettix zelleri* Edwards, 1888; *Thamnotettix* (*Thamnotettix*) *zelleri* Ribaut, 1952 (Zahniser 2007).

Dünyadaki yayılışı: Fransa, İsrail, İtalya, Kıbrıs, Suriye, Türkiye ve Eski Yugoslavya (Başpınar ve Uygun 1992b).

Türkiye'deki yayılışı: Adana, Antalya, Aydın, Burdur, Bursa, Çanakkale, Çorum, Edirne, Hatay, İçel, İzmir, Kırklareli, Manisa, Muğla ve Tekirdağ (Başpınar ve Uygun 1992b; Lodos ve Kalkandelen 1987a).

Tanımı: Örnekte incelenen bireyin uzunluğu 6,11 mm'dir, renk sarımsı yeşildir (Şekil 4.61a). Baş pronotumdan çok kısadır. Kanatlar uzun, boyuna damarlar belirgindir. Aedeagus dar açı yapacak şekilde kıvrılmıştır, lateralinden çıkmış olan subapikal çıkıntılar dış benzeri olup apeks uca doğru daralır (Şekil 4.61c). Basaldan aedeagusun yarısına kadar uzanan dal benzeri yapı bulunmaktadır (Şekil 4.61d). Konnektif kısa ve kalındır (Şekil 4.61e) (Başpınar ve Uygun 1992b).

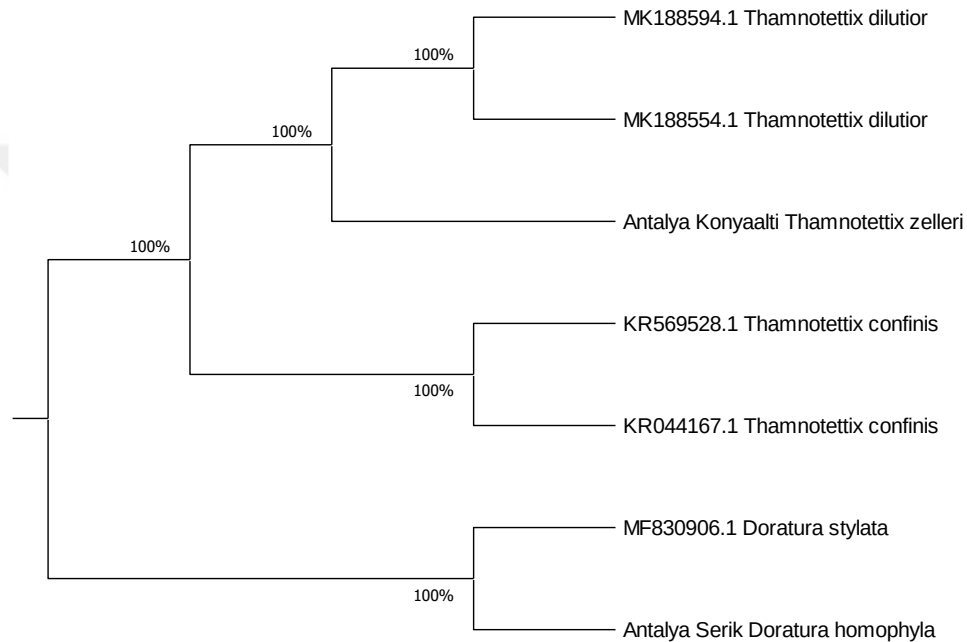
İncelenen Materyal: Antalya: Konyaaltı, 36,895855°, 30,551021°, 9♀, 12♂♂, 10.04.2020.



Şekil 4.61. *Thamnotettix zelleri* **a)** Erkek birey dorsal görünüşü; **b)** Erkek birey ventral görünüşü; **c); d)** Aedeagus lateral görünüşü; **e)** Aedeagus, konnektif ve stilus; **f)** Stilus; **g)** Aedeagus dorsal görünüşü

Thamnotettix zelleri COI gen bölgesi

COI gen bölgesine ait assembly sonucunda 692 bç uzunluğunda dizilim elde edilmiştir. Sekans dizilimi NCBI GenBank veri tabanında BLAST analizine tabi tutulmuştur. Analiz sonucunda, çalışmada elde edilen sekans dizilimi NCBI genBank'ta bulunan MK188554.1 kayıt numaralı *Thamnotettix dilutior*'ya ait sekans ile %87, MK188594.1 kayıt numaralı *Thamnotettix dilutior*'ya ait sekans dizilimi ile %87 ve KR569528.1 kayıt numaralı *Thamnotettix confinis*'e ait sekans dizilimi ile %84 oranında sekans homolojisi göstermiştir. Sonuçlar, cins düzeyinde eşleşme göstermiştir. NCBI veri tabanının *T. Zelleri*'ye ait COI barkod bölgesi için bilgi bulunmamaktadır. Bu tez çalışması ile *T. zelleri* 'ye ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir.



Şekil 4.62. Mega X programı ile yapılan *Thamnotettix* cinsine ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

Bu tez çalışmasında elde edilen ve NCBI GenBank veri tabanından alınan sekans dizilimleri ile COI gen bölgesine ait oluşturulan UPGMA ağacı Şekil 4.62’de verilmiştir. UPGMA ağacında *Thamnotettix* cinsi iki ana dala ayrılmıştır; birinci ana dal *T. confinis* türünü, ikinci ana dal altında kümelenen *T. dilutior* ve *T. zelleri* türlerinden ayırmaktadır. Oluşturulan UPGMA ağacı ile türlerin ayırımı gösterilmiştir.

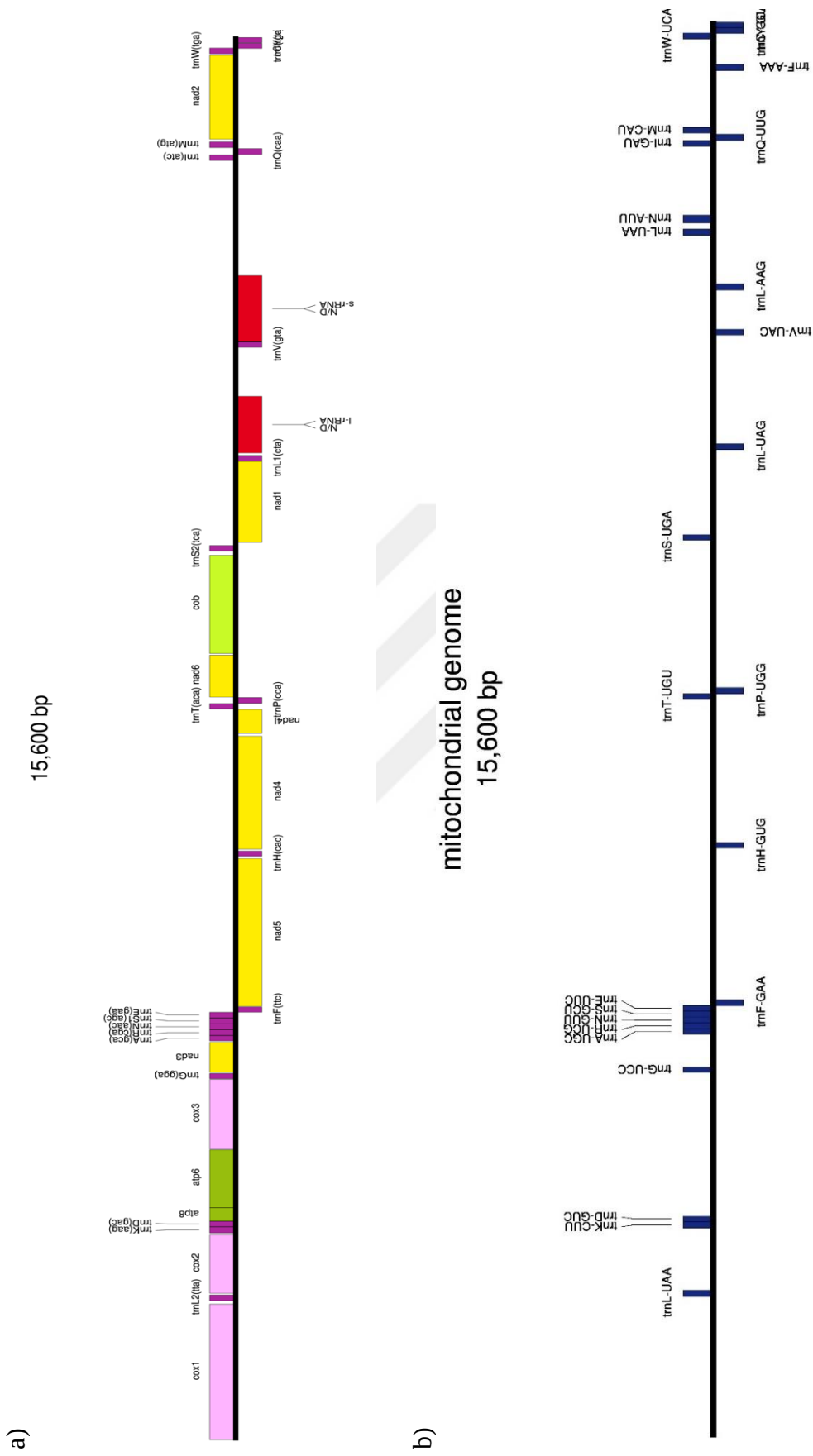
Thamnotettix zelleri mitokondriyal genom anotasyonu

Antalya ili Konyaaltı ilçesi'nde portakal bahçesinden toplanan *Thamnotettix zelleri*'ye ait mitokondriyal assembly sonucunda 15,600 bç dizilim bilgisi elde edilmiştir. Elde edilen mitokondriyal genoma ait genler ve dizilim yerleri, MITOS ve GeSeq olmak üzere, 2 farklı anotasyon programı kullanarak belirlenmiştir. MITOS analizi sonucu elde edilen mitokondriyal genoma ait gen içeriğini ve düzenini gösteren bilgileri Şekil 4.63 ve Şekil 4.64a'da, GeSeq programı kullanıldığında elde edilen veriler Şekil 4.64b'de verilmiştir.

GeSeq programı kullanılarak 26 adet tRNA bölgesi, MITOS programı kullanılarak 13 adet protein kodlayan gen (cox1, cox2, atp8, atp6, cox3, nad3, nad5, nad4, nad4l, nad6, cob, nad1, nad2), 2 adet rRNA (rrnL, rrnS) ve 22 adet tRNA (trnL2, trnK, trnD, trnG, trnA, trnR, trnN, trnS1, trnE, trnF, trnH, trnT, trnP, trnS2, trnL1, trnV, trnI, trnQ, trnM, trnW, trnC, trnY) bulunmuştur. Gen sıralaması birçok Cicadellidae türü aynı olduğunu gözlemlenmiştir (Luo vd. 2021, Chen vd. 2021, Jiang vd. 2022, Wu vd. 2022). Bu türün NCBI veri tabanında tüm mitokondriyal genomuna ait dizilim bulunmamaktadır, türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir.

Name	Start	Stop	Strand	Length	Structure
cox1	7	1515	+	1509	
trnL2(tta)	1553	1619	+	67	svg ps
cox2	1635	2285	+	651	
trnK(aag)	2305	2374	+	70	svg ps
trnD(gac)	2375	2436	+	62	svg ps
atp8	2437	2586	+	150	
atp6	2586	3230	+	645	
cox3	3236	4012	+	777	
trnG(gga)	4018	4078	+	61	svg ps
nad3	4088	4426	+	339	
trnA(gca)	4439	4499	+	61	svg ps
trnR(cga)	4500	4564	+	65	svg ps
trnN(aac)	4565	4629	+	65	svg ps
trnS1(agc)	4629	4694	+	66	svg ps
trnE(gaa)	4695	4758	+	64	svg ps
trnF(ttc)	4757	4818	-	62	svg ps
nad5	4823	6466	-	1644	
trnH(cac)	6491	6550	-	60	svg ps
nad4	6570	7826	-	1257	
nad4l	7856	8122	-	267	
trnT(aca)	8128	8189	+	62	svg ps
trnP(cca)	8190	8256	-	67	svg ps
nad6	8259	8726	+	468	
cob	8743	9837	+	1095	
trnS2(tca)	9881	9944	+	64	svg ps
nad1	9977	10879	-	903	
trnL1(cta)	10880	10945	-	66	svg ps
rrnL	10971	11602	-	632	svg ps
trnV(gta)	12144	12205	-	62	svg ps
rrnS	12206	12943	-	738	svg ps
trnI(atc)	14220	14283	+	64	svg ps
trnQ(caa)	14286	14354	-	69	svg ps
trnM(atg)	14364	14429	+	66	svg ps
nad2	14457	15392	+	936	
trnW(tga)	15405	15472	+	68	svg ps
trnC(tgc)	15465	15525	-	61	svg ps
trnY(tac)	15528	15589	-	62	svg ps

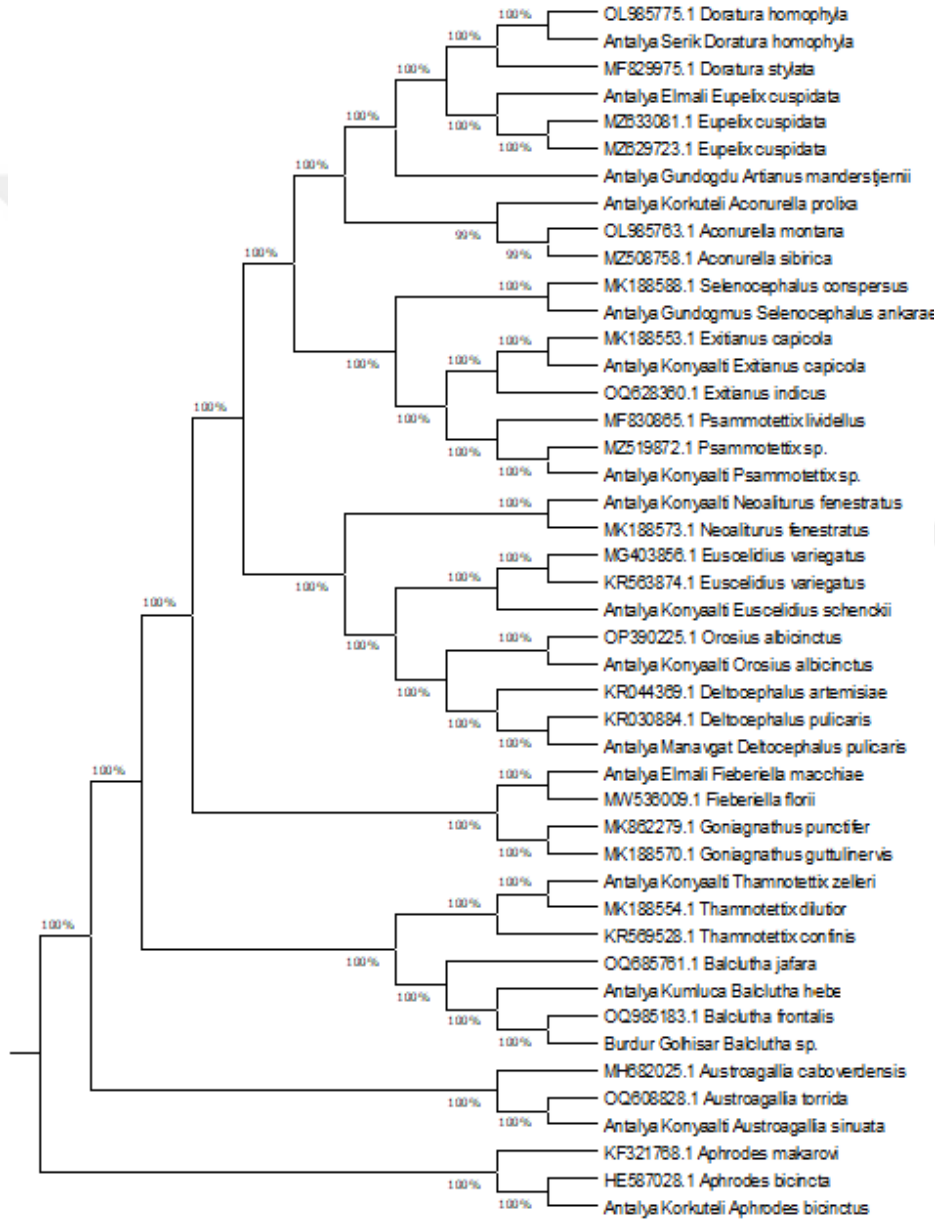
Şekil 4.63. *Thamnotettix zelleri* mitokondriyal genomuna (15,600 bp) ait gen içeriği ve düzeni (MITOS programı ile tahmin edilen)



Şekil 4.64. *Thamnotetix zelleri* mitokondriyal genom anotasyonu 15,600 bç **a)** MİTOS programı ile tahmin edilen gen bölgeleri; **b)** Geseq programı ile tahmin edilen tRNA bölgeleri

4.2. Tez Çalışmasında Elde Edilen Türler ile GenBank'tan Alınan Örneklerin Filogenetik Analizi

Çalışmada elde edilen farklı cicadellid türlerine ait bireylerin akrabalık ilişkilerini belirlemek için MEGA X programına yüklenmiştir. Elde edilen sekans verileri NBI'dan sağlanan farklı sekansla desteklenmiştir. UPGMA dendrogramı Kimura 2-parameter modeli kullanılarak 1000 bootstrap tekrarı ile filogenetik ağaçları çizilmiştir (Kimura 1980). Morfolojik olarak tanısı yapılmış olan cicadellid türlerine ait örneklerin filogenetik analiz sonucunda, GenBank'taki benzer türleri ile aynı gruplarda yer aldığı görülmüştür (Şekil 4.65).



Şekil 4.65. Mega X programı ile yapılan Cicadellidae familyasına ait türlerin COI gen bölgesine göre UPGMA filogenetik ağacı

5. SONUÇLAR

Bu tez çalışması ile Batı Akdeniz Bölgesi'nden toplanan Cicadellidae familyasına ait bireylerin hem morfolojik hem de moleküler olarak teşhis edilmesi ve elde edilen bu sonuçlar ile genetik veri tabanı oluşturulması hedeflenmiştir. Bu çalışma, 2018-2020 yılları arasında Antalya, Isparta ve Burdur illerinden toplanan Cicadellidae örnekleri üzerinde gerçekleştirilmiştir. Cicadellidae familyasına ait, 2801'i erkek, 3088'i dişi olmak üzere toplam 5889 birey toplanmıştır. Antalya'nın 18 ilçesinden 3232, Burdur'un 10 ilçesinden 1482 ve Isparta'nın 9 ilçesinden 1175 adet birey toplanmıştır. Bu tez çalışmasında *Aconurella prolixa*, *Aphrodes bicinctus*, *Artianus manderstjernii*, *Austroagallia sinuata*, *Balclutha hebe*, *Balclutha* sp., *Deltocephalus pulicaris*, *Doratura homophyla*, *Eupelix cuspidata*, *Euscelidius schenckii*, *Exitianus capicola*, *Fieberiella macchiaie*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Neoaliturus fenestratus*, *Orosius albicinctus*, *Phlepsius intricatus*, *Psammotettix* sp., *Selenocephalus ankarae* ve *Thamnotettix zelleri* olmak üzere 19 türe yer verilmiştir. Çalışmada türlere ait morfolojik taksonomik bilgiler ile COI barkod bölgesi ve mitokondriyal genoma ait bilgiler yer almaktadır.

Aconurella prolixa ve *Eupelix cuspidata* türleri için elde edilen sonuçların veri tabanında bulunan örnekler ile %92-99 arasında eşleştiği görülmüştür. Türler için COI gen bölgesi ve morfolojik teşhis için kullanılan karakterler birlikte incelenerek bu türler için sistematik bir revizyon yapılmasına ihtiyaç olduğu düşünülmektedir. Böylece veri tabanında bulunan sekans bilgilerinin de doğrulanması sağlanabilecektir.

Sonuçlarda *Psammotettix* sp. örneğinin morfolojik tanımlama ile *P. striatus* ya da *P. provincialis* türü olabileceği düşünülmüştür. Moleküler sonuçlar ise örneğin *P. confinis*, *P. alienus*, *P. emarginatus* türlerine yakın olduğunu göstermiştir. *Balclutha* sp. örneği ise *B. frontalis*, *B. abdominalis* ve *B. rosea* ile yakın sonuçlar göstermektedir. Bu nedenle çelişkili sonuçların doğrulanması için cinse ait türlerin morfolojik ve moleküler verilerinin birlikte incelenmesine ve sistematik revizyona ihtiyacı olduğu düşünülmektedir.

Çalışmada, COI barkod bölgesi elde edilen *Deltocephalus pulicaris*, *Doratura homophyla*, *Exitianus capicola*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Neoaliturus fenestratus* ve *Orosius albicinctus* türlerine ait BLAST analizi sonucunda, elde edilen dizilimin veri tabanında tür düzeyinde diğer çalışmalar ile tutarlılık göstermesi, COI gen bölgesinin bu türlerin tanımlamasında kullanılabileceğini göstermektedir.

Bu tez çalışması ile *Artianus manderstjernii*, *Euscelidius schenckii*, *Fieberiella macchiaie*, *Phlepsius intricatus*, *Selenocephalus ankarae* ve *Thamnotettix zelleri* türlerine ait ilk kez COI barkod bölgesi elde edilmiştir. LC775124.1 kayıt numaralı *Austroagallia sinuata* örneği oluşturulan UPGMA ağacında, veri tabanından alınan dizilimin *Austroagallia caboverdensis* ile kümelendiği görülmüştür. Elde edilen BLAST analizi sonucunda ise dizilimin 18 adet *Austroagallia caboverdensis* örneği ile %100 benzerlik gösterdiği belirlenmiştir. LC775124.1 kayıt numaralı *Austroagallia sinuata*'nın yanlış tanımlama ile veri tabanına yüklendiği düşünülmektedir. Bu nedenle, *Austroagallia sinuata* türüne ait COI barkod bölgesi ilk kez elde edildiği söylenebilir.

Aphrodes bicinctus'a ait elde edilen COI barkod bölgesinin BLAST analizi sonucunda veri tabanında bulunan *A. bicincta* ve *A. bicinctus* türlerine ait sekans ile %98-

%99 oranında eşleşme göstermiştir. *Aphrodes bicinta* ve *Aphrodes bicinctus* türlerinin hem moleküler hem de morfolojik çalışmalarının benzerlik göstermesi nedeniyle bu türün sinonim olabileceği düşünülmektedir. *Balclutha hebe*'ye ait elde edilen COI barkod bölgesinin BLAST analizi sonucunda veri tabanında bulunan *Balclutha incisa*'ya ait 28 farklı sekans dizilimi ile %99-100 oranında eşleşme sağlanmıştır. Bu iki türün de sinonim olduğu düşünülmektedir.

Artianus manderstjernii, *Balclutha* sp., *Deltocephalus pulicaris*, *Euscelidius schenckii*, *Exitianus capicola*, *Goniagnathus guttulinervis*, *Phlepsius intricatus*, *Selenocephalus ankaræ* ve *Thamnotettix zelleri* türleri için NCBI gen veri tabanında tüm mitokondriyal genoma ait sekans dizilimine rastlanmamıştır. Türe ait tüm mitokondriyal dizilim bilgisi ilk kez bu tez çalışması ile elde edilmiştir. *Austroagallia sinuata*, *Balclutha hebe*, *Fieberiella macchiaie*, *Neoliturus fenestratus* ve *Psammotettix* sp. türlerine ait ise parçalı mitokondriyal genom bilgisi elde edilmiştir.

Eupelix cuspidata örneğine ait mitokondriyal genomda böcek mitogenomunda bulunan genlerden farklı olarak fazladan nad4-1 geni bulunmuştur. *Aphrodes bicinctus*'a gen sıralamasında trnI ve trnQ geninin diğer Cicadellidae türlerine ait sıralamadan farklı bir yerde yer aldığı ve fazladan nad4-1 ve nad 6-1 genlerinin bulunduğu görülmüştür. *Neoliturus fenestratus* türüne ait sekans diziliminde trnK geninin diğer Cicadellidae türlerine ait sıralamasından farklı olduğu görülmüştür. Bu üç tür için elde edilen sonuçların assembly hatası olduğu düşünülmüştür. Bu bölgeleri çoğaltacak spesifik primerler dizayn edilerek sanger dizileme yöntemi ile assembly hatası olup olmadığı doğrulanabilir.

Çalışmada elde edilen veriler tür tanımlamasının yanı sıra popülasyon genetiği çalışmalarında ve tür içi varyasyonunun ortaya konulması içinde bir alt yapı oluşturmaktadır. Ayrıca, üretilen verilerden elde edilecek primer ve sekonder endosimbiyontların varlığı tespit edilebilir. Bu endosimbiyontların tespitinde PCR temelli çalışmalar ile çok sayıda örneğin taranabileceği bir alt yapı oluşturulmuştur. Diğer taraftan, türlere ait filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için etkili bir yöntem olan mitokondriyal genomlarının sekanslarının elde edilmesi farklı gen bölgeleri kullanılması için olanak sağlamaktadır.

6. KAYNAKLAR

- Abdollahi, T., Jalalizand, A.R., Mozaffarian, F. and Wilson, M. 2015. A faunistic study on the leafhoppers of northwestern Iran (Hemiptera, Cicadellidae). *ZooKeys.*, 496: 27-51.
- Ahmed, E. 2008. Meram (Konya) İlçesinde Solanaceae Familyasına Ait Sebzelerde Zararlı Cicadellidae ve Cixiidae (Homoptera) Türleri. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniversitesi, 83s.
- Ahmed, S., S. 2022. DNA Barcoding in Plants and Animals: A Critical Review. Preprints, 2022010310.
- Akmeşe, V. ve Sertkaya, E. 2021. Doğu Akdeniz Bölgesi'ndeki mısır alanlarında Cicadellidae (Hemiptera) türlerinin belirlenmesi. *Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 26 (2): 497-505.
- Asokan, R., Chaitanya, B.N., Rebijith, K.B., Krishna Kumar N.K., Viraktamath, C.A. and Ramamurthy, V.V. 2015. COI based molecular identification of mango leaf hoppers (Hemiptera: Cicadellidae) in India. *Indian J. Biotechnol.*, 14: 260-263.
- Başpınar, H. ve Uygun, N. 1990. Doğu Akdeniz Bölgesi turuncgil bahçelerindeki Cicadellidae türleri üzerinde faunistik ve sistematik çalışmalar I. *Türk. Entomol. Derg.*, 15 (2): 89-106.
- Başpınar, H. ve Uygun, N. 1991a. Doğu Akdeniz Bölgesi turuncgil bahçelerindeki Cicadellidae türleri üzerinde faunistik ve sistematik çalışmalar II. *Türk. Entomol. Derg.*, 15 (3): 157-172.
- Başpınar, H. ve Uygun, N. 1991b. Doğu Akdeniz Bölgesi turuncgil bahçelerindeki Cicadellidae türleri üzerinde faunistik ve sistematik çalışmalar III. *Türk. Entomol. Derg.*, 15 (4): 203-222.
- Başpınar, H. ve Uygun, N. 1992a. Doğu Akdeniz Bölgesi turuncgil bahçelerindeki Cicadellidae türleri üzerinde faunistik ve sistematik çalışmalar IV. *Türk. Entomol. Derg.*, 16 (1): 47-64.
- Başpınar, H. ve Uygun, N. 1992b. Doğu Akdeniz Bölgesi turuncgil bahçelerindeki Cicadellidae türleri üzerinde faunistik ve sistematik çalışmalar V. *Türk. Entomol. Derg.*, 16 (2): 99-114.
- Bernt, M., Donath, A., Jühling, F., Externbrink, F., Florentz, C., Fritzsche, G., Pütz, J., Middendorf, M. And Stadler, P. F. 2013. MITOS: improved de novo metazoan mitochondrial genome annotation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 69 (2): 313-319.
- Bluemel, J., K. King, R., A., Virant-Doberlet, M. and William, O.C. 2011. Primers for identification of type and other archived specimens of Aphrodes leafhoppers (Hemiptera, Cicadellidae). *Molecular Ecology Resources*, 11: 770–774.
- Bluemel, J.K., Derlink, M., Pavlovčić, P., Russo, I.-R.M., King, R.A., Corbett, E., Sherrard-Smith, E., Blejec, A., Wilson, M.R., Stewart, A.J.A., Symondson, W.O.C. and Virant-Doberlet, M. 2014. Integrating vibrational signals, mitochondrial DNA and morphology for species determination in the genus Aphrodes (Hemiptera: Cicadellidae). *Systematic Entomology*, 39: 304–324.

- Cameron, S.L. 2014. How to sequence and annotate insect mitochondrial genomes for systematic and comparative genomics research. *Systematic Entomology*, 39:400–411.
- Cao, Y., Dietrich, C.H., Zahniser, J.N. and Dmitriev, D.A. 2022. Dense sampling of taxa and characters improves phylogenetic resolution among deltocephaline leafhoppers (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae). *Systematic Entomology*, 47(3): 430-444.
- Chen, X., Yuan, Z., Li, C., Dietrich, C.H. and Song, Y. 2021. Structural features and phylogenetic implications of Cicadellidae subfamily and two new mitogenomes leafhoppers. *PLoS ONE*, 16(5): e0251207.
- Cheng, Z., Li, Q., Deng, J., Liu, Q. and Huang, X. 2023. The devil is in the details: Problems in DNA barcoding practices indicated by systematic evaluation of insect barcodes. *Front. Ecol. Evol.*, 11:1149839.
- Dede, O. Karavin, M. and Çalışkan, E. 2017. An Investigation on Cicadellidae (Insecta, Hemiptera) Fauna of Boğazköy-Alacahöyük National Park and Its Surrounding, Turkey. *International Journal for Research in Applied Science & Engineering Technology (IJRASET)*. 5(XII): 2801- 2805.
- Demir, E. 1998. Kızılcahamam Auchenorrhyncha faunası üzerine araştırmalar (Insecta, Homoptera). Yüksek lisans tezi, Gazi Üniversitesi, Ankara, 113 s.
- Demir, E., 2004. *Goniagnathus guttulinervis* (Kirschbaum, 1868) new to Turkey, with data on distribution of the Genus in Antalya (Homoptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae). *Acta Entomologica Slovenica Ljubljana*, 12 (2): 77-80.
- Demir, E. 2005. Antalya İlinin Auchenorrhyncha (Homoptera) fauna ve taksonomisi üzerine araştırmalar. Doktora tezi, Gazi Üniversitesi, Ankara, 235 s.
- Demir, E. 2006a. Contributions to the knowledge of Turkish Auchenorrhyncha with twelve new records (Homoptera: Cicadellidae). *Munis Entomology & Zoology*, 1 (2): 215-236.
- Demir, E. 2006b. A New Species of *Thamnotettix* Zetterstedt, 1840 (Homoptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae) from Turkey. *Journal of the Kansas entomological society*, 79 (3): 283-287.
- Demir, E. 2006c. "*Bobacella* (Homoptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae): A new genus record for Turkey. *Entomological News*, 117(4): 455-456.
- Demir, E. 2008. The Fulgoromorpha and Cicadomorpha of Turkey. Part I: Mediterranean region (Hemiptera). *Munis Entomology & Zoology*, 3 (1): 447-522.
- Demir, E. 2016. Deltocephalinae (Hemiptera, Cicadellidae) species in Southwestern Turkey with new records. *Entomologica romanica* 20: 49-55.
- Demir, E. 2019. Biodiversity and Zoogeography of Cicadomorpha (excl. Deltocephalinae) Species From Southwestern Turkey (Insecta: Hemiptera). *Munis Entomology and Zoology*, 14(1): 236-243.
- Demir, E. and Demirsoy, A. 2008. Some Interesting and New Records of Cicadellidae (Insecta: Hemiptera) From Eastern Turkey. *Zoology in the Middle East*, 45 (1): 116-117.

- Demirel, E. 2010. Bolkar Dağları'nın Auchenorrhyncha'ları (Hemiptera). Doktora tezi, Gazi Üniversitesi, Ankara, 566 s.
- Della Giustina, W. 1989. Homopte'res Cicadellidae. Vol. 3. Complé'ments aux ouvrages d'Henri Ribaut. Faune de France, 73.
- Dmitriev, D.A. 2003. 3I Interactive Keys and Taxonomic Database. <http://dmitriev.speciesfile.org/index.asp> [Son erişim tarihi: 25.11.2023]
- Dietrich, C.H. 2005. Keys to the families of Cicadomorpha and subfamilies and tribes of Cicadellidae (Hemiptera: Auchenorrhyncha). *Florida Entomologist*, 88 (4): 502-517.
- Dietrich, C.H. 2013. Overview of The Phylogeny, Taxonomy and Diversity of the Leafhopper (Hemiptera: Auchenorrhyncha: Cicadomorpha: Membracoidea: Cicadellidae) Vectors of Plant Pathogens. *Proceedings of the 2013 International Symposium on Insect Vectors and Insect - Borne Diseases*, 47-70.
- Dlabola, J., 1957. Results of the zoological expedition of the National Museum in Prague to Turkey, 20. Homoptera Auchenorrhyncha. *Acta Entomologica Musei Nationalis Pragae*, 31 (469): 19-68.
- Dlabola, J. 1963. A Revision of the Leafhopper Genus *Macropsidius* Rib. (Homoptera, Auchenorrhyncha). *Casopis Ceskoslovenske Solecnosti Entomologicke* 60(1-2): 115-124.
- Dlabola, J. 1971a. Taxonomische und chorologische Ergänzungen zur Turkishchen und Iranischen Zikaden fauna (Homoptera, Auchenorrhyncha). *Acta faun. ent. Mus. Nat. Pragae*. 14: 115-138.
- Dlabola, J. 1971b. Taxonomische und chorologische Ergänzungen der Zikadenfauna von Anatolien, Iran, Afganistan und Pakistan (Homoptera, Auchenorrhyncha). *Acta ent. Bohemoslovaca*. 68: 377-396.
- Dlabola, J. 1974. Zur Taxonomie und Chorologie einiger Mediterraner Zikaden (Homoptera, Auchenorrhyncha). *Acta Zoologica Academia Scientiarum Hungaricae* 20(3- 4): 289-308.
- Dlabola, J. 1974. Übersicht der Gattungen *Anoplotettix*, *Goldeus* und *Thamnotettix* mit Beschreibungen von 7 neuen mediterranen Arten (Homoptera, Auchenorrhyncha). *Acta faun. ent. Mus. Nat. Pragae*, 15: 103-130
- Dlabola, J. 1979. Neue Zikaden aus Anatolien, Iran und aus Südeuropäischen Landern (Homoptera, Auchenorrhyncha). *Acta Zoologica Academia Scientiarum Hungaricae* 25(3- 4): 235-257.
- Dlabola, J. 1981. Ergebnisse der Tschechoslowakisch-Iranischen Entomologischen Expeditionen Nach dem Iran (1970 und 1973). *Acta Ent. Mus. Nat. Pragae*, 40: 127-311
- Dlabola, J. 1985. Zwei neue Fieberiella-Arten aus der Türkei und Spanien (Homoptera, Cicadellidae). *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 9: 75-78.
- Doyle, J.J. ve Doyle, J.L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue.

- Du, Y., Zhang, C., Dietrich, C.H., Zhang, Y. and Dai, W. 2017. Characterization of the complete mitochondrial genomes of *Maiestas dorsalis* and *Japananus hyalinus* (Hemiptera: Cicadellidae) and comparison with other Membracoidea. *Scientific Reports*, 7: 14197.
- Duan, Y. and Zhang, Y. 2012. A taxonomic review of the grassland leafhopper genus *Aconurella* Ribaut (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae: Chiasmini) from China with the description of two new species. *Zootaxa*, 3397: 28–44.
- Dworakowska, I. 1969. On the Genera *Zyginella* Löw and *Limasolla* Dlab. (Cicadellidae, Typhlocybinae). *Bulletin de L'Academie Polonaise des Sciences* 17(7): 433-438.
- Dworakowska, I. 1970. On the Genus *Arboridia* Zachv. (Auchenorrhyncha, Cicadellidae, Typhlocybinae). *Bulletin de L'Academie Polonaise des Sciences*, 18 (10): 607-615.
- Dworakowska, I. 1971. On the genera related to *Tamaricella* Zachv. and some other Erythroneurini (Hom., Cicadellidae, Typhlocybinae). *Annales Entomologica Fennica*, 37 (2): 99-121.
- Dworakowska, I. 1972. On some Species of the Genus *Eupteryx* Curt. (Auchenorrhyncha, Cicadellidae, Typhlocybinae). *Bulletin de L'Academie Polonaise des Sciences*, 20 (10): 727- 734.
- Dworakowska, I. 1976. *Kybos* Fieb., subgenus of *Empoasca* Walsh (Auchenorrhyncha, Cicadellidae, Typhlocybinae) in Palaearctic. *Polska Akademia Nauk*, 21(13): 387-463.
- Dworakowska, I. 1982. Typhlocybini of Asia. *Entomologische Abhandlungen*, 45(6): 99-181.
- El-sonbatı, S.A., Wilson, M.R. and Al Dhafer, H.M. 2019. Revision of the leafhopper genus *Orosius* Distant, 1918 (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae: Opsiini) in the Arabian Peninsula with the description of a new species. *Zootaxa* 4565 (1): 037–048.
- Ercan, B. 2006. Konya İlinde mısırdaki zararlı Cicadellidae (Homoptera: Auchenorrhyncha) türlerinin tespiti ve popülasyon gelişimi üzerine araştırmalar. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniversitesi, Konya, 43 s.
- Evans, J.W. 1977. The leafhoppers and froghoppers of Australia and New Zealand (Homoptera: Cicadelloidea and Cercopoidea) Part 2. Records of the Australian Museum 31(3): 83–129.
- Fahringer, J. 1922. Eine Rhynchoten Ausbeute aus der Türkei, Kleinasien und den benachbarten Gebieten. *Konowia*, 1: 296-307.
- Fletcher, M., Löcker, H., Mitchell, A. and Gopurenko, D. 2016. A revision of the genus *Orosius* Distant (Hemiptera: Cicadellidae) based on male genitalia and DNA barcoding. *Austral Entomology*, 56: 198-217
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., and Vrijenhoek, R. 1994, DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome C oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol Mar Biol Biotechnol*, 3: 294–299.
- Freytag, P.H. and Sharkey, M.J. 2002. A preliminary list of the leafhoppers (Homoptera:

- Cicadellidae) of Colombia. *Biota Colombiana*, 3(2): 235-283.
- Guo, M., Yuan, C., Tao, L., Cai, Y. and Zhang, W. 2022. Life barcoded by DNA barcodes. *Conservation Genetics Resources*, 14 (4):351–365.
- Güçlü, Ş. 1991. Erzurum ve yöresinde Cicadellidae (Homoptera: Auchenorrhyncha) türleri üzerinde faunistik ve sistematik çalışmalar. Doktora Tezi, Atatürk Üniversitesi, Erzurum, 292 s.
- Güçlü, Ş. 2010. *Verdanus artvinensis* (Hemiptera: Cicadellidae), a new leafhopper species from northeastern Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 34 (1): 45-48.
- Güçlü, Ş. ve Özbek, H. 1992. Erzurum yöresinde Cicadellidae (Homoptera, Auchenorrhyncha) türleri üzerine faunistik ve sistematik çalışmalar I. Agallinae, Macropsinae ve Ulopinae. *Türkiye II. Entomoloji Kongresi*, Adana, 607-620.
- Güçlü, Ş. ve Özbek, H. 1994a. Erzurum yöresinde Cicadellidae (Homoptera, Auchenorrhyncha) türleri üzerine faunistik ve sistematik çalışmalar II. Idiocerinae, Iassinae, Dorycephalinae, Aphridinae ve Cicadellinae. *Türk Entomol. Derg.*, 15 (2): 103-117.
- Güçlü, Ş. ve Özbek, H. 1994b. Erzurum yöresinde Cicadellidae (Homoptera, Auchenorrhyncha) türleri üzerine faunistik ve sistematik çalışmalar III. Typhlocybinae. *Atatürk Ü. Zir. Fak. Der.*, 25 (1): 78-93.
- Güçlü, Ş. ve Özbek, H. 1994c. Erzurum yöresinde Cicadellidae (Homoptera, Auchenorrhyncha) türleri üzerine faunistik ve sistematik çalışmalar IV. Deltocephalinae (*Grypotini*, *Goniagnathini*, *Opsiini*, *Deltocephalini*, *Doraturini*). *Atatürk Ü. Zir. Fak. Der.*, 25 (2): 167-179.
- Güçlü, Ş. ve Özbek, H. 1994d. Erzurum yöresinde Cicadellidae (Homoptera, Auchenorrhyncha) türleri üzerine faunistik ve sistematik çalışmalar V. Deltocephalinae (Macrostelini). *Atatürk Ü. Zir. Fak. Der.*, 25 (3): 354-366.
- Güçlü, Ş. ve Özbek, H. 1994e. Erzurum yöresinde Cicadellidae (Homoptera, Auchenorrhyncha) türleri üzerine faunistik ve sistematik çalışmalar VI. Deltocephalinae (Athysanini, Kısım I). *Atatürk Ü. Zir. Fak. Der.*, 25 (3): 367-379.
- Güçlü, Ş. ve Özbek, H. 1995. Erzurum yöresinde Cicadellidae (Homoptera, Auchenorrhyncha) türleri üzerine faunistik ve sistematik çalışmalar VIII. Deltocephalinae (Paralimnini). *Atatürk Ü. Zir. Fak. Der.*, 26 (3): 336-354.
- Gök, A. 1995. Isparta çevresi deltocephalinae (Homoptera, Auchenorrhyncha, Cicadellidae) altfamilyası faunası üzerine bir araştırma. Yüksek Lisans tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Samsun, 48s.
- Haupt, H. 1930. Ein neuer Paralimnus Mats. Aus Kleinasien (Homopt. Cicad.). *Deutsche Entomologische Zeitschrift* : 207-208.
- He, H., Li, H. and Yang, M. 2019. Complete mitochondrial genome sequence of *Mileewa albivittata* (Hemiptera: Cicadellidae: Mileewinae). *Mitochondrial DNA B Resources*, 2(1) :740-741.
- Hebert, P., Cywinska, A., Ball, S. L. and Dewaard, J. R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270 (1512), 313–321.

- Jiang, Y., Li, H., Yu, X. and Yang, M. 2022. Comparative Analysis of Mitochondrial Genomes among Twelve Sibling Species of the Genus *Atkinsoniella* Distant, 1908 (Hemiptera: Cicadellidae: Cicadellinae) and Phylogenetic Analysis. *Insects*, 13 (3): 254.
- Kalkandelen, A. 1972. Orta Anadolu Cicadellidae: Euscelinae Faunasından Dört Yeni Tür ve Bir Alttür. *İstanbul Üniversitesi Fen Fakültesi Mecmuası* 37(3-4): 153-163.
- Kalkandelen, A., 1974. Orta Anadolu'da (Hom., Cicadellidae) Türlerinin Taksonomileri Üzerine Araştırmalar. *Zirai Mücadele ve Karantina Genel Müdürlüğü, Araştırma Eserleri Serisi*, Ankara, 221 s.
- Kalkandelen, A. 1980. Contributions to the families Delphacidae and Cicadellidae (Homoptera) from Turkey. *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 4(3): 147-154.
- Kalkandelen, A. 1985. Four new species of genus *Zyginidia* (*Zyginidia*) Haupt (Homoptera; Cicadellidae) and with notes on the taxonomy and distributions of the species of this genus in Turkey, *Türk. Bit. Kor. Derg.*, 9: 13- 25.
- Kamitani, S. 2011. DNA barcodes of Japanese leafhoppers. *Esakia* 50: 81-88.
- Karavin, M. 2006. Rize İli Deltocephalinae (Homoptera, Auchenorrhyncha, Cicadellidae) altfamilya türlerinin faunistik yönden incelenmesi. *Yüksek Lisans Tezi*, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Samsun, 30 s.
- Karavin, M., Zeybekoğlu, Ü. and Kartal, V. 2011. First Record of *Bilusius valiko* Logvinenko, 1974 (Hemiptera, Cicadomorpha, Cicadellidae) from Turkey, with Redescription of the Species. *Türk J Zool.*, 35 (6): 893-895.
- Kartal, V. 1981. Neue Homopteren aus der Türkei-I. *Priamus* 1(1): 24-30.
- Kartal, V. 1983. Neue Homopteren aus der Türkei II (Homoptera Auchenorrhyncha). *Marburger Entomologische Publikation* 1(8): 235-248.
- Kaya, K. ve Başpınar, H. 2020. Doğu Akdeniz Bölgesi kiraz üretim alanlarında Cicadellidae (Hemiptera) familyasına ait türlerin belirlenmesi. *Türk Tarım Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 8 (7): 1502-1507.
- Kerville, H.G. 1939. Recit Sommaire du Voyage en Liste Methodique des Invertebres et des Vertebres Recoltes en Asie-Mineure. *Voyage Zoologique D'Henri Gadeau de Kerville en Asie-Mineure* (Avril-Mai, 1912). Paul Le Chevalier, Paris. 148 pp.
- Keskin, E. ve Atar, H., H. 2013. DNA Barkodlama: Mitokondriyal COI Geni Kullanılarak Moleküler Tanımlama. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 6 (2): 01-08
- Khif, K., Labaioui, Z., Koledenkova, K., Mokri, F., Sbaghi, M., Zaid, A., Brostaux, Y. and El Rhaffari, L. 2023 Population dynamics of the leafhopper *Jacobiasca lybica* (Hemiptera: Cicadellidae) within vineyards and citrus orchards of Morocco. *All Life*, 15 (1): 434-441.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. and Tamura, K. 2018. Mega X: molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35 (6): 1547-1549.
- Larsen, M.L. and Walter, G.H. 2007. Intraspecific variation within *Orosius argentatus* Evans (Hemiptera: Cicadellidae): colour polymorphisms, morphometric analyses and host associations. *Aust. J. Entomol.*, 46 (3): 207-216.

- Linnavuori, R., 1965, Studies on the South ve East-Mediterranean Hemipterous fauna. *Acta Entomologica Fennica*, Helsinki, 21: 1-70.
- Lin, L. and Yalin, Z. 2013. Leafhopper subtribe Eupelicina (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae) a new record from China. *Entomotaxonomia*, 35(1): 29–347.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1981. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey. VII. Family Cicadellidae: Ulopinae, Megophthalminae, Ledrinae, Macropsinae and Agallinae. *Türk. Bit. Kor. Derg.*, 5 (4): 215-230.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1982. Preliminary List of Auchenorrhyncha With Notes on Distribution and Importance of Species in Turkey. IX. Family Cicadellidae: Jassinae Penthiminae Dorycephalinae, Hecalinae and Aphrodinae. *Türk. Bit. Kor. Derg.*, 6 (3): 147-159.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1982a. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey VIII. Family Cicadellidae: Idiocerinae. *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 6(1): 15-28.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1982b. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey IX. Family Cicadellidae: Iassinae, Penthiminae, Dorycephalinae, Hecalinae and Aphrodinae. *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 6: 147-159.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1983a. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey X. Family Cicadellidae: Xestocephalinae, Stegelytrinae and Cicadellinae. *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 7: 23-28.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1983b. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey XI. Family Cicadellidae, Typhlocybinae: Alebrini and Dikraneurini. *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 7: 107-115.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1983c. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey XII. Family Cicadellidae, Typhlocybinae: Empoascini. *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 7: 153-165.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1984a. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey XIII. Family Cicadellidae, Typhlocybinae: Typhlocybini (Part I-II). *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 8: 33-44; 87-97.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1984c. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey XV. Family Cicadellidae, Typhlocybinae: Erythroneurini (Part I-II). *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 8: 159-168; 201-210.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1984. Primeliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XVI Family Cicadellidae: Typhlocybinae: Erythroneurini: (Part II). *Türk Bit. Kor. Derg.*, 8: 201-210.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1985a. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XVII. Family-Cicadellidae:

- Deltocephalinae: Grypotini, Goniagnatbini and Opsiini (Part I). *Türk Bit. Kor. Derg.*, 9: 79-90.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1985b. Preliminary list of Auchenorrhycha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XVIII. Family Cicadellidae: Deltocephalinae: Macrostelini: (Part II). *Türk Bit. Kor. Derg.*, 9 (3): 147-161.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1985c. Preliminary list of Auchenorrhycha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XIX. Family Cicadellidae: Deltocephalinae: Deltocephalini, Scaphytopiini, Doraturini. *Türk Bit. Kor. Derg.*, 9: 207-215.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1986. Preliminary list of Auchenorrhycha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XX. Family Cicadellidae: Deltocephalinae: Fieberiellini, Stirellini and Tetartostyliini. *Türk Bit. Kor. Derg.*, 10 (1): 25-32.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1986b. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey XXI. Family Cicadellidae, Deltocephalinae: Athysanini (Part I-IV). *Türkiye Bitki Koruma Dergisi* 10 (3-4): 131-139; 203-211, 11 (1-2): 29- 40.; 97-109.
- Lodos, N. and A. Kalkandelen, 1987a. Preliminary list of Auchenorrhycha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XXIII. Family Cicadellidae: Deltocephalinae: Athysanini (Part III). *Türk. Entomol. Derg.*, 11 (1): 29-40.
- Lodos, N. and A. Kalkandelen, 1987b. Preliminary list of Auchenorrhycha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XXIV. Family Cicadellidae: Deltocephalinae: Athysanini (Part IV). *Türk. Entomol. Derg.*, 11 (2): 97-109.
- Lodos, N. and Kalkandelen, A. 1987c. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey XXV. Family Cicadellidae, Deltocephalinae: Paralimnini Distans (Part I-II). *Türkiye Entomoloji Dergisi* 11 (3-4): 151- 162; 195-202.
- Lodos, N. ve Kalkandelen, A. 1987d. Preliminary list of Auchenorrhyncha with notes on distribution and importance of species in Turkey. XXIV. Family: Cicadellidae: Deltocephalinae; Athysanini (Part IV). *Türk. Entomol. derg.* 11 (2): 97-109.
- Lodos, N. ve Kalkandelen, A. 1988. Preliminary list of Auchenorrhyncha with note on distribution and importance of Turkey. XXVII. (Addenda and Corrigenda). *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 12 (1): 11-22.
- Luo, H., Wang, Y., Di, XC., Shan, LC. and Wang, SS. The complete mitochondrial genome of *Fieberiella septentrionalis* (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae). *Mitochondrial DNA B Resour.*, 6(4):1426-1428.
- Mao, M., Yang, X. and Bennett, G. 2017. The complete mitochondrial genome of *Macrosteles quadrilineatus* (Hemiptera: Cicadellidae). *Mitochondrial DNA B Resources*, 2(1):173-175.
- Manurung, B., Hasairin, A. and Daulae, A.H. 2020. Genetic Analysis of White Leafhopper *Cofana spectra* (Distant) from Samosir Island, Indonesia Based on DNA Barcode. *Journal of Physics: Conference Series*, 1819: 012025.10.

- Meiklejohn, K., A., Damaso, N., Robertson. 2019. Assessment of BOLD and GenBank – Their accuracy and reliability for the identification of biological materials. Plos One, 14 (6): e0217084.
- Meshram, N.M., Rai, S., Rajgopal, N. and Ramya, N. 2018. Two new species of tribe Agalliini (Hemiptera: Cicadellidae: Megophthalminae) with note on intraspecific variations. *Zootaxa*, 4378 (3): 442-450.
- Mutlu, Ç. 2007. Diyarbakır İli II. ürün Mısır Ekiliş alanlarındaki Cicadellidae (Homoptera) türleri ve popülasyon değişimlerinin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Mustafa Kemal Üniversitesi, Antakya, 65 s.
- Mutlu, Ç., Sertkaya, E. Ve Güçlü, Ş. 2008. Diyarbakır ili ikinci ürün mısır alanlarında bulunan Cicadellidae (Homoptera) türleri ve yayılış alanları. *Türk. Entomol. Derg.* 32 (4): 281-301.
- Mutlu, Ç., Duman, M., Karaca, V., Bayram, Y. ve Süer, E. 2016. Karacadağ çeltiğinde Cicadellidae, Cixiidae ve Delphacidae (Hemiptera) türleri ile bunların popülasyonuna yabancıotların etkisi. 2016. *Türk. Entomol. Bült.*, 6 (4): 279-289.
- Güz, N. ve Kılınçer, N. 2012. Böcek sistematğinde moleküler markörlerin kullanımı. *Türk. entomol. bült.*, 2 (2): 125-145.
- Oliveira, C.M., Lopes, Jo. R.S., Dias, C.T.D.S. and Nault, L.R. 2004. Influence of Latitude and Elevation on Polymorphism Among Populations of the Corn Leafhopper, *Dalbulus maidis* (DeLong and Wolcott) (Hemiptera: Cicadellidae), in Brazil. *Environ. Entomol.*, 33 (5): 1192-1199
- Ossiannilsson, F. 1981. The Auchenorrhyncha (Homoptera) of Fennoscandia and Denmark. Part 2: Families Cicadidae, Cercopidae, Membracidae and Cicadellidae (excl. Deltocephalinae). *Fauna Entomologica Scandinavica*, 7: 223–593.
- Özgen, İ. 2008. Diyarbakır, Elâzığ ve Mardin İlleri Bağ Alanlarında bulunan Cicadellidae (Homoptera) Familyası türleri, yayılış alanları, önemlilerin popülasyon değişimleri ve savaşım yöntemlerinin iyileştirilmesi üzerine araştırmalar. Doktora Tezi, Ege Üniversitesi, İzmir, 127 s.
- Öztürk, Ş. 2002. Batı Akdeniz Bölgesi Cicadellidae (Homoptera) Faunası ve Sistematığı. Yüksek Lisans Tezi, Gazi Üniversitesi, Ankara, 212 s.
- Önder, F., Tezcan, S., Karsavuran, Y. ve Zeybekoğlu, Ü. 2011. Türkiye Cicadomorpha, Fulgoromorpha ve Sternorrhyncha (Insecta: Hemiptera) Kataloğu. Meta Basım Matbaası, İzmir, 168.
- Rayeni, P.F. and Seraj, A.A. 2016. Review of the leafhopper genus *Neoliturus* Distant (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae) from Iran. *Journal of Insect Biodiversity and Systematics*, 2 (4): 381–394.
- Ribaut, E. 1936. Homopte`res Auché`norhynques I (Typhlocybidae). *Faune de France*, 31: 1–231.
- Rai, S. and Meshram, N.M. 2019. A new leafhopper species of the genus *Anagonalia* from India (Hemiptera, Cicadellidae, Cicadellinae). *ZooKeys*, 1004: 141-148.

- Rajgopal, N.N., Stuti, R., Meshram, N. and Shashank, P.R. 2018. DNA barcoding and description of new species of *Paradorydium* Kirkaldy (Cicadellidae: Deltocephalinae: Eupelicini) from India. *J. Asia-Pac. Entomol.*, 21: 1059-1063.
- Rakitov, R. 2002. What are brochosomes for? An enigma of leafhoppers (Hemiptera, Cicadellidae). *Denisia*. 04: 411-432.
- Rathod, S., Meshram, N., and Rai S. 2017. On the diagnosis of brown leafhopper, *Orosius albicinctus* Distant (Cicadellidae: Hemiptera). Conference: "National Conference on Harmony with Nature in Context of Environmental Issues and Challenges.
- Sagarbarria, M.G.S., Taylo, L.D. and Hautea, D.M., 2020. Morphological and molecular analyses of Leafhopper, *Amrasca biguttula* (Ishida) (Hemiptera: Cicadellidae) infesting eggplant (*Solanum melongena* L.) in Luzon Island, Philippines. *J. Asia-Pac. Entomol.*, 23 (2): 260-268.
- Sreejith, K. and Sebastian, C.D. 2015. Molecular phylogeny of *Thaia subrufa* (Hemiptera: Cicadellidae) based on the Mitochondrial Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) gene. *J Entomol Zool Stud*, 3 (3): 135-139.
- Tanyeri, R. and Zeybekoğlu, Ü. 2022. Contributions of the Cicadellidae (Hemiptera: Cicadomorpha) Fauna of Sinop and Black Sea Region of Turkey. *KSU J. Agric. Nat.*, 25 (2): 292-296.
- Tanyeri, R., Zeybekoğlu, Ü. And Özden, D., E. 2023. *Aphrodes diminuta* Ribaut, 1952 (Hemiptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae): a new record for Turkish leafhoppers. *Biological Diversity and Conservation*, 16(3): 218-223).
- Tezcan, S., Pehlivan, E., Karsavuran, Y. and Zeybekoğlu, Ü. 2003. A short note on light trap collected Deltocephalinae (Homoptera: Cicadellidae) species from the Mediterranean Region of Turkey. *Ege Üniv. Ziraat Fak. Derg.*, 40 (1):65-70.
- Tillich, M., Lehwark, P., Pellizzer, T., Ulbricht-Jones, E. S., Fischer, A., Bock, R. and Greiner, S. 2017. GeSeq—versatile and accurate annotation of organelle genomes. *Nucleic Acids Research*, 45: 6-11.
- Tishechkin, D.Y. 1998. Acoustic signals and morphological characters of leafhoppers belonging to *Aphrodes bicinctus* group (Homoptera, Cicadellidae) from European Russia. *Entomological Review*, 78, 370–377.
- Utku, E. 1992. Tokat çevresi Deltocephalinae (Homoptera Auchenorrhyncha Cicadellidae) altfamilyası türleri üzerine faunistik bir araştırma. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Samsun, 48s.
- Wang, Y. Nansen, C. and Zhang, Y. 2015. Integrative insect taxonomy based on morphology, mitochondrial DNA, and hyperspectral reflectance profiling. *Zool. J. Linn. Soc.*, 177 (2): 378-394.
- Wu, K., Yana, M., Zhanga, Y., Dietrichb, C.H. and Duan Y. 2022. The complete mitochondrial genome of *Aconurella prolixa* (Lethierry 1885) (Hemiptera: Cicadellidae: Deltocephalinae: Chiasmini). *Mitochondrial DNA Part B*, 7 (1): 81-83.
- Yan. M., Bao, J., Luo, M., Gao, Y., Dietrich, C. H. and Duan, Y. 2022. Phylogenetic analyses and species delimitation of *Aconurella* Ribaut (Hemiptera: Cicadellidae:

- Deltocephalinae: Chiasmini) in China based on molecular data. *Zootaxa*, 5205 (3):281-296.
- Yatkın, G. ve Güz, N. 2018. Entomolojide DNA Barkodlama Tekniğinin Kullanımı. *Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 28 (1): 126-134.
- Yazıcı, B.A., Mutlu, Ç. and Zeybekoğlu, Ü. 2023. Determination of leafhopper (Hem.: Cicadellidae) species and population dynamics of important species in second crop maize in Şırnak province, Türkiye. *Harran Tarım ve Gıda Bilimleri Dergisi*, 27(3): 372-386.
- Yılmaz, E. 2006. Aydın, İzmir ve Manisa İlleri mısır ekiliş alanlarında görülen Cicadellidae (Homoptera) familyasına bağlı türlerin saptanması ve popülasyon değişimlerinin belirlenmesi üzerine araştırmalar. Yüksek Lisans Tezi, Ege Üniversitesi, İzmir, 77 s.
- Zachvatkin, A.A. 1937. Deux Zyginidia novellus des Turquie (Homoptera, Eupterygidae). *Soc. Nat. Moscou (Sect. Biol.) Bull.* 46: 317-322.
- Zachvatkin, A.A. 1946. Studies on the Homoptera of Turkey. *Trans. R. Ent. Soc. London* 97(6): 149-176.
- Zahniser, J.N. 2007. An online interactive key and search able database of Deltocephalinae (Hemiptera: Cicadellidae). <http://zahniser.speciesfile.org/> [Son erişim tarihi: 11.01.2024].
- Zahniser, J.N. and Dietrich, C.H. 2013. A review of the tribes of Deltocephalinae (Hemiptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae). *European Journal of Taxonomy*, 45: 1-211.
- Zeybekoğlu, Ü. 1991. Orta Karadeniz Bölgesi Deltocephalinae (Homoptera, Auchenorrhyncha, Cicaedllidae) altfamilyası türlerinin taksonomik yönden incelenmesi. Doktora Tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Samsun, 103 s.
- Zeybekoğlu, Ü. 1998. The species of Deltocephalinae (Homoptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae) found in the Middle and East Black Sea Regions. *Türkiye Entomoloji Dergisi* 22(1): 37-45.
- Zeybekoğlu, Ü. 2000. Morphological variations in the *Selenocephalus* Germar, 1833 species in the Black Sea Region of Turkey (Homoptera: Auchenorrhyncha: Cicadellidae: Deltocephalinae). *Acta entomologica slovenica*, 8 (1): 49-58.
- Zeybekoğlu, Ü. 2010. A new species of the bug genus *Cicadula* Zetterstedt, 1838 from Turkey. *Zoology in the Middle East*, 50 (1): 107-110.
- Zhang, H., Zhang, Y. and Duan, Y. 2019. DNA barcoding of *Deltocephalus* Burmeister leafhoppers (Cicadellidae, Deltocephalinae, Deltocephalini) in China. *ZooKeys*, 867: 55-71.

ÖZGEÇMİŞ

Esra BÖLÜCEK

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Doktora 2010-2024	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki Koruma Anabilim Dalı, Antalya
Yüksek Lisans 2007-2010	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki Koruma Anabilim Dalı, Antalya
Lisans 2002-2006	Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitkisel Üretim Bölümü, Antalya

MESLEKİ VE İDARİ GÖREVLER

Mühendis 2013-Devam Ediyor	Antalya Su ve Atıksu İdaresi Genel Müdürlüğü
Araştırma Görevlisi 2009-2013	Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Antalya