



T.C.  
KIRŞEHİR AHI EVRAN ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI



**İSTANBUL İLİ ORMAN ALANLARINDA  
ZARARLI, *Pochazia shantungensis* (Chou and Lu,  
1977) (HEMIPTERA: RİCANIIDAE)'İN  
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

**ELİF ÖZLEM TORUN**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**KIRŞEHİR**

**2026**



T.C.  
KIRŞEHİR AHI EVRAN ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI



**İSTANBUL İLİ ORMAN ALANLARINDA  
ZARARLI, *Pochazia shantungensis* (Chou and Lu,  
1977), (HEMIPTERA: RİCANIIDAE)'İN  
MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU**

**ELİF ÖZLEM TORUN**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**DANIŞMAN**

**Prof. Dr. Fahriye ERCAN**

**KIRŞEHİR**

**2026**

**KIRŐEHİR AHİ EVRAN ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**  
**YÜKSEK LİSANS TEZ ÇALIŐMASI**  
**ETİK BEYANI**

Kırőehir Ahi Evran Üniversitesi Bilimsel AraŐtırma ve Yayın Etiđi Yönergesini okuduđumu ve anladığımı ve Kırőehir Ahi Evran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmasında;

- Tez içinde sunduđum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiđimi,
- Tüm bilgi, belge, deđerlendirme ve sonuçları bilimsel etik kurallarına uygun olarak sunduđumu,
- Tez çalışmasında yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiđimi,
- Kullanılan verilerde ve ortaya çıkan sonuçlarda herhangi bir deđerliklik yapmadığımı,
- Tez olarak sunduđum bu çalışmanın özgün olduđunu,

bildirir, aksi bir durumda bu konuda hakkımda yapılacak tüm yasal işlemleri ve aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiđimi beyan ederim.

18/05/2026  
Elif Özlem TORUN

# İÇİNDEKİLER DİZİNİ

Sayfa No

<b>İÇİNDEKİLER DİZİNİ</b> .....	<b>I</b>
<b>TEŞEKKÜR</b> .....	<b>II</b>
<b>ÖZET</b> .....	<b>III</b>
<b>ABSTRACT</b> .....	<b>IV</b>
<b>TABLolar DİZİNİ</b> .....	<b>V</b>
<b>ŞEKİLLER DİZİNİ</b> .....	<b>VI</b>
<b>SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ</b> .....	<b>VII</b>
<b>1. GİRİŞ</b> .....	<b>1</b>
1.1. Genel Bilgiler .....	2
<b>2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR</b> .....	<b>9</b>
<b>3. MATERYAL VE METOT</b> .....	<b>11</b>
3.1. Materyal.....	11
3.1.1. Veri toplama araçları.....	11
3.1.2. Örneklerden genomik DNA izolasyonu.....	11
3.1.3. gDNA miktar tayinlerini yapılması .....	12
3.1.4. <i>Pochazia shantungensis</i> mitokondriyal cytochrome oxidase subunit I (COI) ve internal transcribed spacer 2 (ITS2) bölgelerinin amplifikasyonu .....	12
3.1.5. Gen Sekans Analizleri ve Filogenetik Analiz .....	13
<b>4. BULGULAR VE TARTIŞMA</b> .....	<b>15</b>
4.1. Bulgular .....	15
4.2. Tartışma .....	19
<b>5. SONUÇ VE ÖNERİLER</b> .....	<b>25</b>
<b>KAYNAKLAR</b> .....	<b>27</b>
<b>EKLER</b> .....	<b>31</b>
EK-1: Kongre Katılım Belgesi .....	31
<b>ÖZGEÇMİŞ</b> .....	<b>33</b>

## TEŐEKKÜR

Lisans eđitimim ve yksek lisans eđitim srecine baŐladığım gnden bu yana gsterdiği sakin ve sabırlı hali ile her zaman bana rnek olmasının yanı sıra bu konuyu tez alıŐması olarak vererek her zaman yardım eden, ynlendiren ve destekleyen, bu zamana kadar alanımda yetiŐmem ve geliŐmemde katkısı bulunan deđerli danıŐmanım Prof. Dr. Fahriye ERCAN'a byk bir itenlikle teŐekkr ederim.

Tez srecim boyunca desteđini hibir zaman esirgemeyen, Őphesiz her konuda yardım eden Do. Dr. Nuri ERCAN'a ok teŐekkr ederim. Tezimin Őekillenmesinde ve nihai hale gelmesinde byk katkıları olan deđerli jri yelerim Do. Dr. Gamze PEKBEY ve Dr. đr. yesi Hayriye Didem SAĐLAM ALTINKY'e teŐekkrlerimi itenlikle sunarım.

Tez kapsamında alıŐılan rneklerin arazi alıŐması ve temini konusundaki yardımlarından dolayı Prof. Dr. Erdem HIZAL'a teŐekkr bir bor bilirim.

Mayıs, 2026

Elif zlem TORUN

## ÖZET

### YÜKSEK LİSANS TEZİ

## İSTANBUL İLİ ORMAN ALANLARINDA ZARARLI, *Pochazia shantungensis* (Chou and Lu, 1977), (HEMIPTERA: RICANIIDAE)'İN MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

Elif Özlem TORUN

### KIRŞEHİR AHI EVRAN ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

**Danışman:** Prof. Dr. Fahriye ERCAN  
Yıl: 2026 Sayfa: 33  
**Jüri:** Prof. Dr. Fahriye ERCAN  
Doç. Dr. Gamze PEKBEY  
Dr. Öğr. Üyesi Hayriye Didem SAĞLAM ALTINKÖY

Bu çalışmada, İstanbul ilinde bulunan orman vejetasyonlarından tespit edilen *Pochazia shantungensis* (Chou ve Lu, 1977) (Hemiptera: Ricaniidae) örneklerinin çoklu gen bölgeleri temelli moleküler karakterizasyonu amaçlanmıştır. *Pochazia*, Ricaniidae içerisinde yer almaktadır. Bu familyada yer alan böcekler genellikle ormanlık alanlardan tarım arazilerine kadar geniş bir yelpazede yaşam alanına sahiptirler. Bu tür, orman ekosistemlerinde ciddi sorunlara yol açan istilacı bir türdür. Bitki özsuyunu emerek zarara sebep olur ve bitkileri zayıflatır. *P. shantungensis*, belirli bir süre *Ricania shantungensis* olarak tanımlanmış ancak yapılan sistematik çalışmalar ile *Pochazia* cinsine transfer edilmiştir. *P. shantungensis* ilk olarak Çin'de tespit edilmiş olup sonrasında Avrupa ve Türkiye'ye de yayılmıştır. Ülkemizde ilk olarak İstanbul ilinin Avrupa yakasında kaydedilmiştir. Ricaniidae familyasında yer alan türlerin morfolojik tanımlamaları kriptik türlerin varlığı ve uzmanlık gerektirmesinden dolayı oldukça zordur. Bu çalışma ile ilk kez Türkiye' de İstanbul İlinde orman vejetasyonlarından tespit edilen ve morfolojik olarak *P. shantungensis* olarak tanımlanan bu istilacı türün mtDNA COI gen bölgesi kullanılarak moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Tez kapsamında, mtDNA COI gen bölgesi ile ITS2 gen bölgeleri hedef bölgeler olarak seçilmiş, ancak sadece COI gen bölgesi başarılı olarak çoğaltılmıştır. Yapılan COI dizi analizi sonrasında toplanan örneklerin moleküler olarak *P. shantungensis* olduğu tespit edilmiştir.

**Anahtar Kelimeler:** *Pochazia shantungensis*, İstilacı tür, COI, ITS2, Moleküler karakterizasyon

## ABSTRACT

### MASTER'S THESIS

## MOLECULAR CHARACTERIZATION OF THE PEST, *Pochazia shantungensis* (Chou and Lu, 1977), (HEMIPTERA: RICANIIDAE) IN FOREST AREAS OF İSTANBUL PROVINCE

Elif Özlem TORUN

### KIRŞEHİR AHI EVRAN UNIVERSITY INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES DEPARTMENT OF PLANT PROTECTION

**Supervisor:** Prof. Dr. Fahriye ERCAN  
**Year:** 2026 **Pages:** 33  
**Juries:** Prof. Dr. Fahriye ERCAN  
Assoc. Prof. Dr. Gamze PEKBEY  
Asst. Prof. Dr. Hayriye Didem SAĞLAM ALTINKÖY

This study aim to perform a multi-gene region-based molecular characterization of *Pochazia shantungensis* (Chou & Lu, 1977) (Hemiptera: Ricaniidae) specimens identified from forest vegetation in Istanbul Province (Türkiye). The genus *Pochazia* belongs to Ricaniidae. Insects within this family generally inhabit a wide range of environments, from forest to agricultural lands. This species is an invasive pest that causes serious problems in forest ecosystems. It damages plants by sucking sap and weakens them. *P. shantungensis* was previously described as *Ricania shantungensis* for a certain period, but subsequent systematic studies reassigned it to the genus *Pochazia*. It was first recorded in China and later spread to Europe and Türkiye. In Türkiye, it was first recorded on the European side of Istanbul. Morphological identification of species within the Ricaniidae family is quite difficult due to the presence of cryptic species and the requirement for specialized expertise. In this study, for the first time in Türkiye, molecular characterization of this invasive species-identified morphologically as *P. shantungensis* from forest vegetation in Istanbul-was conducted using the mtDNA COI gene region. Within the scope of the thesis, the mtDNA COI and ITS2 gene regions were selected as target regions; however, successful amplification was achieved only for the COI gene region. Following COI sequence analysis, the collected specimens were molecularly confirmed to be *P. shantungensis*.

**Keywords:** *Pochazia shantungensis*, Invasive species, COI, ITS2, Molecular characterization

## TABLolar DİZİNİ

### Sayfa No

<b>Tablo 1.1.</b> Dünya genelinde <i>Pochazia shantungensis</i> ' in bazı konukçuları.....	<b>5</b>
<b>Tablo 3.1.</b> Arazi çalışmaları sonucunda elde edilen <i>Pochazia shantungensis</i> örneklerine ait lokalite bilgileri .....	<b>11</b>
<b>Tablo 4.1.</b> İzole edilen DNA'ların miktar ve saflık değerleri .....	<b>15</b>

## ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 1.1. <i>Pochazia shantungensis</i> morfolojik görünümü .....	3
Şekil 1.2. <i>Pochazia shantungensis</i> 'in yaprakların altındaki erginleri ve daldaki beyaz mumla kaplı yumurtaları .....	4
Şekil 1.3. <i>Pochazia shantungensis</i> 'in zarar şekli .....	4
Şekil 1.4. <i>Pochazia shantungensis</i> 'in predatörü <i>Zelus renardii</i> .....	6
Şekil 3.1. <i>Pochazia shantungensis</i> 'in %70 Etil alkol içerisindeki ergin ve nimf görünümleri .....	12
Şekil 3.2. Alkolde saklanan örneklerden DNA izolasyon ve PCR çalışmaları.....	13
Şekil 4.1. COI primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jel görüntüsü .....	15
Şekil 4.2. Sanger dizileme yöntemi ile elde edilen P1 örneğine ait DNA kromatogramı.....	16
Şekil 4.3. <i>Pochazia</i> ve <i>Ricania</i> izolatlarının COI gen bölgesine ait Maximum Likelihood (ML) filogenetik ağacı.....	17
Şekil 4.4. <i>Pochazia shantungensis</i> Türkiye izolatu ile GenBank veritabanında kayıtlı <i>Pochazia</i> ve <i>Ricania</i> izolatları arasındaki genetik uzaklık matrisi.....	18

## SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

<b>Simgeler</b>	<b>Açıklama</b>
$\mu l$	: Mikrolitre
$mm$	: Milimetre
$^{\circ}C$	: Santigrat Derece

<b>Kısaltmalar</b>	<b>Açıklama</b>
AIC	: Akaike Information Criterion
Bp	: Baz Çifti
dk	: Dakika
dNTP	: Deoksinükleotidtrifosfat
DNA	: Deoksiribonükleik asit
gDNA	: Genomik DNA
mtDNA	: Mitokondriyal DNA
COI	: Mitokondriyal sitokrom oksidaz alt birimi I
PCR	: Polimerase Chain Reaction (=Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
sn	: Saniye
TAE	: Tris-Asetat-EDTA tamponu

## 1. GİRİŞ

Uluslararası ticaret hacmindeki artış, insan hareketliliğinin hızlanması ve iklim değişikliği gibi faktörler, istilacı türlerin yeni biyocoğrafik bölgelere yayılım hızını önemli ölçüde artırmaktadır. Bu türlerin hızlı yayılışı, beraberinde ciddi ekolojik, ekonomik ve maddi kayıpları da getirmektedir. Bu bağlamda, Hemiptera takımına ait türlerin istilacı potansiyelleri ve yaygınlıkları dikkat çekici düzeyde artış göstermiştir (Kim ve ark., 2015).

*Pochazia shantungensis* Chou ve Lu, 1977 (Hemiptera: Ricaniidae), tarım ve orman ekosistemlerinde önemli zararlara yol açan istilacı bir böcek türüdür. Bu tür, Ricaniidae familyası içerisinde yer almakta olup bu familyaya ait türler genellikle ormanlık alanlardan tarımsal üretim sahalarına kadar uzanan geniş bir habitat aralığında yaşamlarını sürdürebilmektedir (Park ve ark., 2021). Söz konusu tür, bitki öz suyunu emerek beslenmekte ve bu süreçte konukçu bitkilerde fizyolojik zayıflamaya neden olmaktadır. Beslenme sırasında alınan yüksek şeker içerikli öz suyun fazlası, “fumajin” olarak dışarı atılmakta ve bu durum bitki yüzeyinde birikime yol açmaktadır. Fumajin birikimi, yüzeyde koyu renkli isli küf oluşumunu teşvik ederek bitkinin fotosentetik kapasitesini ve genel fizyolojisini olumsuz yönde etkilemektedir (Hızal ve ark., 2019).

*Pochazia shantungensis*, belirli bir dönem boyunca *Ricania shantungensis* olarak tanımlanmış ve literatürde bu isimle yer almıştır (Chou ve ark., 1985; Shen ve ark., 2007; Kwon ve ark., 2017; Hızal ve ark., 2019; Park ve Jung, 2021; Kang ve ark., 2020). Türün doğal yayılış alanı Çin’in Zhejiang ve Shandong eyaletleri olup, özellikle Zhejiang bölgesinde yüksek zarar potansiyeline sahip olduğu bildirilmektedir (EPPO, 2016). Çin’de tanımlanmasının ardından tür; Kore, Türkiye ve Avrupa’ya yayılım göstermiştir.

*Ricania shantungensis* üzerinde gerçekleştirilen sistematik çalışmalar sonucunda, söz konusu türün *Pochazia* cinsi içerisine transfer edildiği ortaya konulmuştur (Rahman ve ark., 2012; Kim ve ark., 2015; Bourgoïn ve ark., 2020; Stroiński ve ark., 2022; Zhang ve ark., 2022). Bu iki cins arasındaki morfolojik benzerlikler; bireylerin koyu renkli vücut yapıları ve ön kanatlarında yer alan belirgin beyaz lekeler ile karakterize edilmektedir (EPPO, 2016). Bununla birlikte, söz konusu morfolojik benzerlikler tür düzeyinde güvenilir teşhis için çoğu zaman yeterli olmamaktadır. Nitekim tür tanımındaki belirsizlikler nedeniyle birçok araştırmacı örnekleri *Pochazia sp.* olarak değerlendirmiştir. Bu taksonomik karışıklığın giderilmesine yönelik olarak, Lee ve ark. (2024) tarafından yapılan çalışmada, *P. shantungensis* ile *P. cihensis sp. nov.* arasındaki

ayrımın; erkek bireylerde genital yapılarıdaki apikal diken ile fallus uzunluğu oranı, dişi bireylerde ise ön kanat üzerindeki kostal, apikal ve kenar uzunlukları gibi morfometrik karakterler temel alınarak yapılabileceği bildirilmiştir. Ayrıca aynı çalışmada gerçekleştirilen moleküler karşılaştırmalar sonucunda, *P. chinensis sp. nov.* ile *P. shantungensis* arasında COI gen dizilerine dayalı olarak %9,26 oranında genetik farklılık tespit edilmiştir (Lee ve ark., 2024).

Bu çalışmanın temel amacı, söz konusu önemli istilacı türün moleküler teknikler kullanılarak doğru bir şekilde teşhis edilmesidir. İstilacı türlerin yayılımının kontrol altına alınması ve bu zararlılara karşı etkili mücadele stratejilerinin geliştirilmesi, öncelikle doğru ve güvenilir tür teşhisine bağlıdır. Tür teşhisi, zararlılarla mücadelede en kritik ve belirleyici aşamalardan birini oluşturmaktadır. Morfolojik karakterlerin türler arasında yüksek benzerlik göstermesi ve bazı durumlarda yetersiz kalması, moleküler yöntemlerin kullanımını kaçınılmaz hale getirmektedir. Bu kapsamda, bu çalışma ile Türkiye’de ilk kez İstanbul ilinde orman vejetasyonundan elde edilen ve morfolojik olarak *P. shantungensis* olarak tanımlanan bu istilacı türün çoklu gen bölgelerine dayalı moleküler karakterizasyonunun gerçekleştirilmesi amaçlanmıştır.

## 1.1. Genel Bilgiler

### • Tanımı ve Yaşayışı

*Pochazia shantungensis*’in dünya genelindeki ilk kaydı 1977 yılında Çin’de gerçekleştirilmiştir (Bourgoin ve ark., 2020). Türün doğal yayılış alanı Çin olup, burada ve Kore’de farklı generasyon sayıları gözlenmektedir. Nitekim, Kore’de yılda bir döl verirken, Çin’de uygun çevresel koşullar altında yılda iki döl oluşturabilmektedir. Türün 2018 yılında Türkiye’nin Marmara Bölgesi’ne giriş yaptığı, 2021 yılında ise Fransa ve Almanya’da da tespit edilerek Avrupa’daki yayılışını genişlettiği bildirilmiştir. Türkiye’de özellikle İstanbul ilinin hem Avrupa hem de Asya yakasında varlığı kayıt altına alınmış olup, ülkemiz koşullarında yılda iki nesil verdiği belirlenmiştir (Hızal ve ark., 2019).

### • Morfolojik Özellikleri

Morfolojik açıdan *P. shantungensis*, tüylü ve üçgenimsi vücut yapısı ile karakterize edilmekte ve bu özellikleri sayesinde diğer türlerden ayırt edilebilmektedir. Erkek ergin bireylerin vücut uzunluğu yaklaşık 7.5–7.8 mm arasında değişirken, dişi bireylerde bu uzunluk 8.3–8.8 mm olup dişilerin erkeklerden daha büyük olduğu gözlenmiştir. Antenler kısa ve kıvrımlı yapıdadır. Kanatlar yarı saydam olup üzerlerinde

belirgin koyu lekeler bulunmaktadır. Türün genel vücut rengi koyu kahverengiden siyaha kadar değişiklik göstermektedir (Bourgoin ve ark., 2020). Baş bölgesinde yer alan tepe (vertex), alın (frons), tırnaklar ve gözler kahverengiden koyu kahverengiye kadar farklı tonlarda görülmektedir. Bacaklar kahverengi renkte olup, abdomen segmentleri arka kısımlar hariç koyu kahverengi ile sarımsı tonlar arasında değişmektedir. Genital segment ise koyu kahverengiden siyaha kadar uzanan renk varyasyonları sergilemektedir (Hızal ve ark., 2019) (Şekil 1.1).



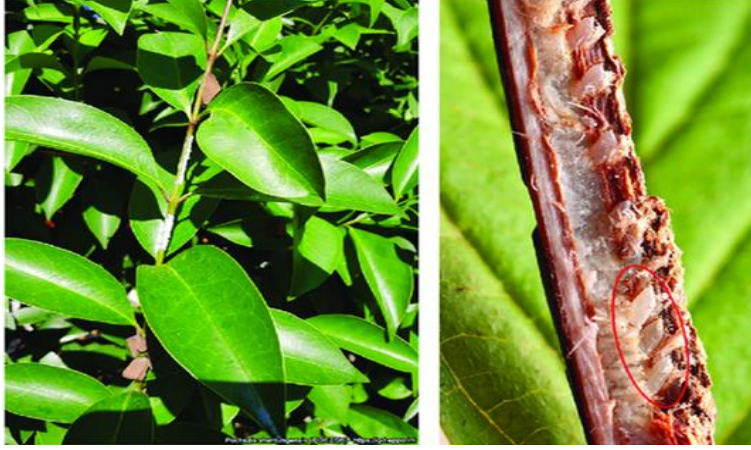
Şekil 1.1. *Pochazia shantungensis* morfolojik görünümü (EPPO, 2026)

- **Yaşam Döngüsü**

Zararlı türün yaşam döngüsü incelendiğinde, kışı yalnızca ağaçlar üzerinde yumurta evresinde geçirdiği görülmektedir. Yumurtalar, dış etkenlere karşı koruyucu işlev gören beyaz, mumsu filamentlerle kaplıdır. Kışı geçiren yumurtaların Kore’de mayıs ayı itibarıyla açılmaya başladığı bildirilmiştir. Yumurtadan çıkan nimflerin, odunsu bitkiler yerine daha çok otsu bitkileri tercih ettiği gözlenirken, ergin bireylerin ise temmuz ayında ortaya çıktığı belirtilmektedir (EPPO, 2016).

Türün doğal yayılım dinamiklerine ilişkin veriler sınırlı olmakla birlikte, ergin bireylerin uçabilme yeteneğine sahip olması nedeniyle tüm gelişim evreleri arasında en yüksek hareket kabiliyetine sahip oldukları bilinmektedir. Nimf evreleri de aktif hareket yeteneği göstermektedir. Bununla birlikte, uzun mesafeli yayılımın özellikle konukçu bitkilerin taşınması yoluyla, zararlının yumurta evresinde taşınması ile gerçekleştiği değerlendirilmektedir. *Pochazia shantungensis* dişileri, yumurtalarını genç ve ince dallar üzerinde açtıkları yarıklar içerisine genellikle çift sıra halinde bırakmaktadır (Şekil 1.2). Yumurtalar, beyaz renkli mumsu salgılar ile örtülerek korunmakta ve bu evreden sonra

beş nimf dönemi geçirdiği bildirilmektedir (Hızal ve ark., 2023). *Pochazia shantungensis*'in farklı gelişim evrelerinde, rüzgâr ve yağış gibi çevresel faktörlere bağlı olarak konukçu tercihinde değişiklikler gözlenebilmektedir (Hızal ve ark., 2023). Türün ergin bireyleri genellikle temmuz ayı içerisinde ortaya çıkmakta ve bu dönemde aktif olarak beslenmektedir.



**Şekil 1.2.** *Pochazia shantungensis*'in yaprakların altındaki erginleri ve daldaki beyaz mumla kaplı yumurtaları (EPPO, 2026; Bregard ve ark., 2023)

- **Zarar Şekli**

Ergin *P. shantungensis* bireyleri, bitki özsuyunu emerek konukçu bitkilerde zarara neden olmaktadır (Kobayashi ve ark., 2024). Beslenme faaliyetleri sırasında bitkilerin iletim dokularını olumsuz etkileyerek, su ve besin maddesi taşınımını engelleyebilmekte ve bu durum bitkide fizyolojik stresin artmasına yol açmaktadır (Şekil 1.3).



**Şekil 1.3.** *Pochazia shantungensis*'in zarar şekli (EPPO, 2026)

- **Konukçuları**

*Pochazia shantungensis*, polifag bir tür olup oldukça geniş bir konukçu spektrumuna sahiptir. Türün 81 farklı familyaya ait 200'den fazla bitki türünü konukçu

olarak kullanabildiği bildirilmiştir. Bu geniş konukçu dizisi içerisinde elma, yaban mersini, şeftali, kestane, hurma ile çeşitli orman ve süs bitkileri yer almakta olup, türün tarımsal ve ekolojik açıdan önemli bir tehdit oluşturduğu ifade edilmektedir (EPPO, 2026a). Ana konukçu bitkiler arasında *Ligustrum lucidum* ve *Olea europaea* türleri öne çıkmakta olup, bugüne kadar toplam 57 bitki türünün konukçu olarak kaydedildiği rapor edilmiştir. Aşağıda *P. shantungensis*'in bazı konukçu bitkileri listelenmiştir (Tablo 1.1.).

**Tablo 1.1.** Dünya genelinde *Pochazia shantungensis* 'in bazı konukçuları (EPPO, 2026a).

<b>Konukçu</b>	<b>Türkçe Adı</b>
<i>Ligustrum japonicum</i>	Japon kurtbağrı
<i>Alnus glutinosa</i>	Kızılağaç
<i>Berberis aquifolium</i>	Sarı boya çalısı
<i>Cucurbita moschata</i>	Bal kabağı
<i>Hibiscus syriacus</i>	Ağaç hatmi
<i>Magnolia grandiflora</i>	Manolya
<i>Olea europaea</i>	Zeytin
<i>Prunus persica</i>	Şeftali
<i>Vitis sp.</i>	Üzüm asmaı
<i>Rumex crispus</i>	Kıvırcık labada
<i>Vaccinium corymbosum</i>	Mavi yemiş
<i>Helianthus annuus</i>	Ayçiçeği
<i>Juglans regia</i>	Ceviz
<i>Malus domestica</i>	Elma

#### • Doğal düşmanları ve Mücadelesi

*Pochazia shantungensis*'in yaşam döngüsünde, Mayıs ayında nimf evresiyle ortaya çıktığı, Temmuz ayında erginleştiği ve Eylül–Ekim aylarında yeni yumurta bıraktığı bildirilmektedir. Bu türle mücadelede öncelikli olarak enfekte bitki materyallerinin sahadan uzaklaştırılması önerilmektedir. Ardından, özellikle yumurta ve nimf dönemlerini hedefleyen insektisit uygulamaları tavsiye edilmekle birlikte, türün geniş konukçu yelpazesine sahip olması kontrolünü zorlaştıran önemli bir faktör olarak değerlendirilmektedir. Biyolojik mücadele kapsamında ise türün doğal düşmanlarına yönelik çalışmalar devam etmektedir (EPPO, 2016). Hızal ve ark. (2023) tarafından *P. shantungensis*'in predatörü olarak *Zelus renardii* (Hemiptera: Reduviidae) tespit edilmiştir (Şekil 1.4). *Zelus renardii*'nin, diğer Reduviidae türlerinde olduğu gibi, zararlı

böcek popülasyonlarının baskılanmasında etkili olduğu ve biyolojik mücadelede önemli bir faydalı tür olarak değerlendirildiği belirtilmiştir (Parlak, 2022).



Şekil 1.4. *Pochazia shantungensis*'in predatörü *Zelus renardii* (Anonim, 2015)

Birçok Arthropoda türünde olduğu gibi, Ricaniidae familyasına ait türlerin morfolojik olarak teşhisi, kriptik türlerin varlığı ve uzman taksonomik bilgi gereksinimi nedeniyle oldukça güçtür. DNA sekanslama teknolojilerinde yaşanan gelişmeler, tür tanımlamalarında yalnızca morfolojik karakterlerin değil, aynı zamanda moleküler tekniklerin de yaygın biçimde kullanılmasına olanak sağlamıştır. “Barkodlama” olarak da ifade edilen moleküler karakterizasyon çalışmalarında, COI gen bölgesi, böceklerde en yaygın kullanılan DNA barkodlama markörlerinden biri olarak öne çıkmaktadır (Piper ve ark., 2019).

Kwon ve ark. (2017), Güney Kore’de 16 farklı lokaliteden toplanan *R. shantungensis* ergin ve nimf örnekleri üzerinde gerçekleştirdikleri nükleer ve mitokondriyal temelli barkodlama çalışmaları sonucunda, *Ricania* ve *Pochazia* cinslerinin filogenetik olarak ayrı gruplar olduğunu ortaya koymuşlardır. Benzer şekilde, Lee ve ark. (2024) tarafından 18 farklı lokaliteden elde edilen örneklerin morfolojik ve moleküler analizleri sonucunda bazı bireyler *P. chinensis sp. nov.* olarak tanımlanmıştır.

Yeni türlerin tanımlanmasında morfolojik, anatomik, moleküler ve ekolojik veriler birlikte değerlendirilmektedir. Ancak bu verilerin yetersiz kaldığı durumlarda, türler arasındaki ince morfolojik farklılıklar ayırt edici kriter olarak kullanılabilir (Lee ve ark., 2024). *Pochazia shantungensis*, sahip olduğu yüksek zarar potansiyeli ve geniş konukçu yelpazesi nedeniyle hem ülkemiz hem de türün tespit edildiği diğer ülkeler açısından önemli bir biyotik risk oluşturmaktadır. Bu nedenle türün doğru ve güvenilir bir şekilde teşhis edilmesi, özellikle morfolojik olarak birbirine oldukça benzeyen türlerle

karışabilme ihtimali göz önünde bulundurulduğunda, büyük önem taşımaktadır. Moleküler karakterizasyon yöntemleri, kriptik türlerin ayrımında yüksek çözünürlük sağlaması ve taksonomik belirsizlikleri azaltması nedeniyle, bu türün doğru tanımlanması ve yayılımının izlenmesinde kritik bir rol oynamaktadır. Bu bağlamda, *P. shantungensis*'in moleküler düzeyde tanımlanması hem erken teşhis hem de etkili mücadele stratejilerinin geliştirilmesi açısından temel bir gereklilik olarak değerlendirilmektedir.



## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Rahman ve ark., (2012) yaptıkları çalışmada *Pochazia* cinsinin iki türü, *P. albomaculata* ve *P. shantungensis*'i Kore'de yeniden tanımlamışlardır.

Hızal ve ark., (2019) yaptıkları çalışmada, *Ricania shantungensis* adlı istilacı böceği ilk kez İstanbul'da tespit etmişlerdir ve Türkiye ile Avrupa için yeni bir istilacı tür olduğu ortaya konulmuştur. Türün ayrıntılı morfolojik tanımı Ayrıca Güney Kore'deki ilk kaydıyla birlikte Rahman ve ark., (2012) tarafından *P. shantungensis* adı altında verilmiştir. Ancak, türün *Ricania* cinsinden *Pochazia* cinsine aktarılmasına ilişkin resmi bir taksonomik işlem bulunmamasından ötürü morfolojik olarak *Pochazia* cinsine ait olması gerektiği düşünülse de son moleküler veriler ile bu türün *Ricania* cinsine ait olduğunu doğrulamışlardır.

Bourgoin ve ark., (2020) yaptıkları çalışma ile, *P. shantungensis*, Çin 'in Zhejiang eyaletinde önemli ekonomik polifag bir zararlı olarak kaydedilmiş ve zarar şekli gözlemlenmiştir. Böceğin 200'den fazla konukçusu olduğu bildirilmiştir.

Stroinski ve ark., (2022) yaptıkları çalışmada, *P. shantungensis*' in taksonomik yerleşimini kısaca özetleyip, taksonun adını doğrulamışlardır.

Hızal ve ark., (2023) yaptıkları çalışmada, *P. shantungensis*'in İstanbul'daki yaşam döngüsünü (fenoloji), konukçu bitkilerini ve yumurta bırakma davranışını incelemişlerdir.

Bragard ve ark., (2023) yaptıkları çalışmada, *P. shantungensis*'i Avrupa'ya girebilecek potansiyel bir zararlı olarak tanımlamışlardır.

Kobayashi ve ark., (2024) yaptıkları çalışmada, yakın ilişkili *P. shantungensis* ile *P. sublimata*'nın türünü tanımlamak için genital yapıları karşılaştırılarak yeniden değerlendirmişlerdir.

Lee ve ark., (2024) yaptıkları çalışmada, Güney Kore'den *P. shantungensis*'in taksonomik karışıklığının yeni bir türle karşılaştırılarak tanımlanması ile ilgili çalışmalar yapmışlardır.

Mevcut tez çalışması kapsamında, konuya ilişkin daha önce gerçekleştirilmiş bilimsel çalışmalar geçmişten günümüze sistematik bir şekilde incelenmiştir. Yapılan literatür taraması ve değerlendirmeler sonucunda, *P. shantungensis* ile ilgili küresel ölçekte mevcut kaynakların sınırlı olduğu ve tür teşhisinde önemli taksonomik belirsizliklerin bulunduğu anlaşılmıştır. Buna ek olarak, ülkemizde tür üzerine gerçekleştirilen çalışmaların da oldukça sınırlı sayıda olması, türün ilk olarak *R.*

*shantungensis* adıyla rapor edilmiş olmasına rağmen tanımlama sürecinde çeşitli belirsizliklerin devam ettiğini ortaya koymaktadır. Bu bağlamda, Türkiye’de ilk kez İstanbul ili ormanlık vejetasyonlarından elde edilen örneklerin değerlendirilmesiyle, söz konusu türün moleküler düzeyde tanımlanması bu çalışma kapsamında gerçekleştirilmiştir. Böylece, hem tür teşhisindeki belirsizliklerin giderilmesine katkı sağlanması hem de ülkemizdeki istilacı tür çalışmalarına bilimsel bir temel oluşturulması amaçlanmıştır.

### 3. MATERYAL VE METOT

Bu bölümde arařtırmada kullanılan yöntem, desen, alıřma grubu, örnekleme yöntemi, veri toplama araçları, verilerin analizi ve veri toplama süreci detaylı bir şekilde sunulmuřtur.

#### 3.1. Materyal

##### 3.1.1. Veri toplama araçları

Tez kapsamında alıřılan örnekler 2023 yılı Ekim ayında, İstanbul ilinde dört farklı lokaliteden toplanmıřtır (Tablo 3.1).

**Tablo 3.1.** Arazi alıřmaları sonucunda elde edilen *Pochazia shantungensis* örneklerine ait lokalite bilgileri

Örnek Kodu	Tarih	Evre	Konum	Koordinat
P1	02.10.2023	Ergin	Yıldız Korusu	41 02' 43, 16''K 29 00' 51,18'' D
P2	03.10.2023	Nimf	Beykoz Korusu	41 08'00,04'' K 29 05'47,91'' D
P3	18.10.2023	Ergin	Özgürlük Parkı	40 58'47,67'' K 29 03'24,38'' D
P4	18.10.2023	Ergin-Nimf	Göztepe 60. Yıl Parkı	40 58'17,67'' K 29 03'31,62'' D

##### 3.1.2. Örneklerden genomik DNA izolasyonu

%70 Etil alkol içerisinde laboratuvara getirilen örneklerden bireysel genomik DNA izolasyonu uygun ticari kit kullanılarak yapılmıřtır (Şekil 3.1). İzolasyon etkinliğini artırmak amacıyla kit protokolünde bazı modifikasyonlar yapılmıřtır. Elde edilen izolatlar sonraki kullanımlar için -20 °C' de stoklanmıřtır.



**Şekil 3.1.** *Pochazia shantungensis*'in %70 Etil alkol içerisindeki ergin ve nimf görünümleri (Orijinal, Elif Özlem TORUN)

### 3.1.3. gDNA miktar tayinlerini yapılması

Elde edilen gDNA izolatlarında izolasyon etkinliğini belirlemek amacıyla Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi Tıp Fakültesi Tıbbi Farmakoloji Anabilim Dalında bulunan Nanodrop cihazında gDNA (ng/µl) ölçümleri yapılmıştır.

### 3.1.4. *Pochazia shantungensis* mitokondriyal cytochrome oxidase subunit I (COI) ve internal transcribed spacer 2 (ITS2) bölgelerinin amplifikasyonu

Elde edilen gDNA izolatlarında, mtDNA COI gen bölgesini kısmi olarak amplifiye eden “C1-J-1718: GGAGGATTTGGAAATTGATTAGT” ve “C1-N-2191: CAGGTAAAATTTAAAATATAAACTTCTGG” primer çifti kullanılarak PCR amplifikasyonu gerçekleştirilmiştir (Dallas ve ark., 2003). PCR protokolü kapsamında başlangıç denatürasyonu 95 °C’de 4 dakika olarak uygulanmış, ardından 35 döngü boyunca 94 °C’de 30 saniye denatürasyon, 50 °C’de 30 saniye bağlanma ve 72 °C’de 1 dakika uzama aşamaları gerçekleştirilmiştir. Son uzama basamağı ise 72 °C’de 7 dakika süreyle yürütülmüştür. ITS2 gen bölgesinin amplifikasyonu için ITS2-F2814 ve ITS2-R3295 primer çiftleri kullanılmıştır (Song ve ark., 2008). Bu gen bölgesi için PCR koşulları başlangıçta 95 °C’de 4 dakika denatürasyon, ardından 35 döngü boyunca 95 °C’de 45 saniye, 60 °C’de 45 saniye ve 72 °C’de 1 dakika şeklinde uygulanmış; son uzama aşaması ise 72 °C’de 10 dakika olarak tamamlanmıştır.

PCR reaksiyon karışımları toplam 25 µl hacim olacak şekilde hazırlanmış olup, ticari DreamTaq Green PCR Master Mix, 0,4 µM primer çifti, 10–20 ng gDNA ve



MEGA 12 programı kullanılarak analiz edilmiştir (Kumar ve ark., 2024). Bu kapsamda, Kimura 2-parametre (K2P) mesafe modeli uygulanmış olup (Kimura, 1980), genetik uzaklıkların hesaplanmasında ve karşılaştırmalı analizlerde bu model esas alınmıştır. Nükleotit dizilerinde gözlenen polimorfizme dayalı olarak, filogenetik ilişkilerin ortaya konulabilmesi amacıyla Maksimum Olabilirlik (Maximum Likelihood, ML) analizi gerçekleştirilmiştir. ML analizinde, en uygun nükleotit substitüsyon modelinin belirlenmesi için model test işlemi uygulanmış ve en düşük Akaike Bilgi Kriteri (AIC) değerine sahip model, jModelTest v.0.1.1 yazılımı kullanılarak seçilmiştir (Posada, 2008).

#### 4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Bu bölümde araştırma sürecinde elde edilen veriler analiz edilerek tablo ve grafikler şeklinde sunulmuştur. Aşağıda sırasıyla önce nicel daha sonra nitel verilerden elde edilen verilerin analizinden elde edilen bulgular sunulmuştur.

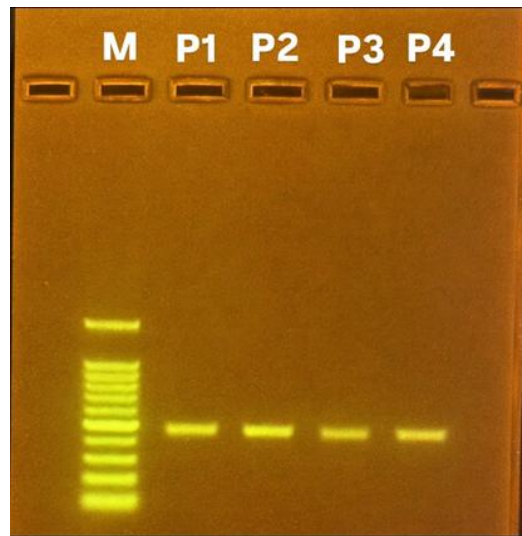
##### 4.1. Bulgular

Arazi çalışması sonucu dört farklı lokaliteden toplanan örnekler, morfolojik özelliklerine göre Prof. Dr. Erdem Hızal tarafından *P. shantungensis* olarak tanımlanmıştır. DNA izolasyonu sonrası örneklere ait DNA miktarları ve saflık dereceleri Tablo 4.1’de gösterilmiştir.

**Tablo 4.1.** İzole edilen DNA’ların miktar ve saflık değerleri

Örnek	Konsantrasyon (ng/μl)	Saflık ( $A_{260}/A_{280}$ oranı)
P1	22,24	1,77
P2	24,10	1,75
P3	22,59	1,70
P4	22,77	1,76

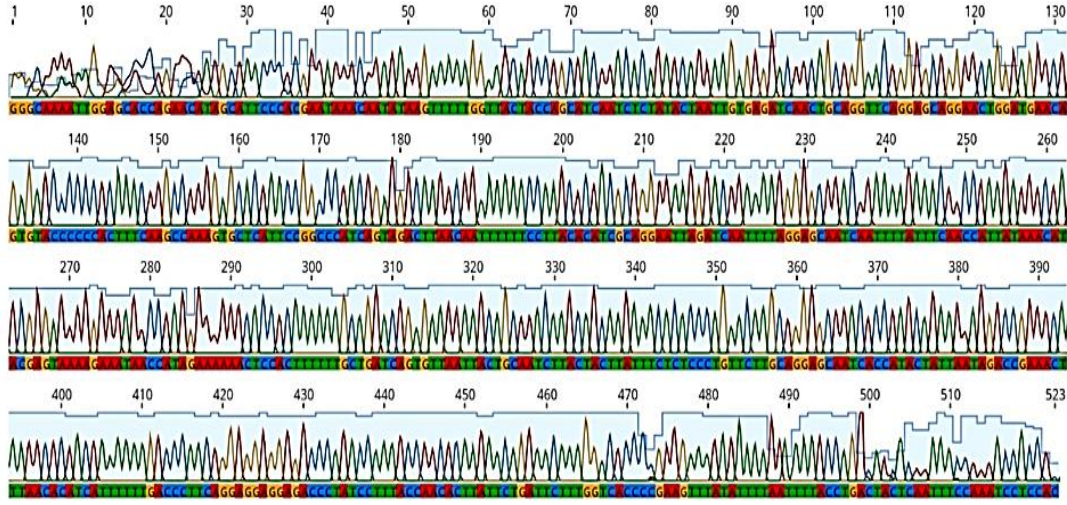
*P. shantungensis* örneklerine ait COI gen bölgesi spesifik primer çiftleri kullanılarak elde edilen PCR ürünleri jel görüntüsü Şekil 4.1’de gösterilmiştir.



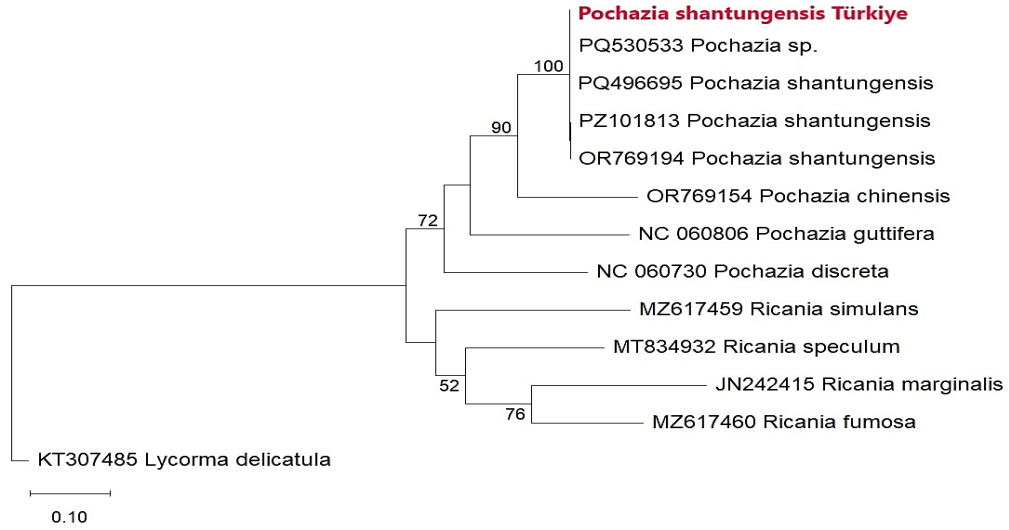
**Şekil 4.1.** COI primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jel görüntüsü.

(M: 100 bp DNA moleküler ağırlık belirteci)

Örneklere ait ITS2 bölgesi yapılan PCR sonucunda çoğaltılamamıştır. COI gen bölgesi ise başarılı şekilde çoğaltılmış ve dizi analizi gerçekleştirilmiştir (Şekil 4.2). NCBI’da yapılan karşılaştırma sonucuna göre 4 örneğin de *P. shantungensis* olduğu belirlenmiştir. Buna göre P1, P2, P3 ve P4 kodlu örneklerin dizileri birbiriyle %100 benzerdir. Dolayısıyla örnekler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren dendrogram oluşturulurken sadece P1 kodlu örnek Pochazia shantungensis Türkiye adı ile kullanılmıştır. NCBI’da kayıtlı örnekler ile karşılaştırmalı dendrogram sonucu Şekil 4.3’de verilmiştir.



**Şekil 4.2.** Sanger dizileme yöntemi ile elde edilen P1 örneğine ait DNA kromatogramı. Renkli pikler adenin (A), timin (T), sitozin (C) ve guanin (G) bazlarını temsil etmekte olup her bir pik ilgili nükleotid pozisyonundaki floresan sinyal yoğunluğunu göstermektedir.



**Şekil 4.3.** *Pochazia* ve *Ricania* izolatlarının COI gen bölgesine ait Maximum Likelihood (ML) filogenetik ağacı. (Bu çalışmada belirlenen genotip kırmızı renkle işaretlenmiştir. Düğüm noktalarındaki sayılar bootstrap destek değerlerini göstermektedir; 60'ın altındaki değerler gösterilmemiştir. Ölçek çubuğu, bölge başına nükleotid değişim sayısını göstermektedir. Ağaçta outgroup olarak *Lycorma delicatula* kullanılmıştır.)

Filogenetik ağaca göre “*Pochazia shantungensis Türkiye*” örneği, *P. shantungensis* referans dizileri ile aynı ana klad içerisinde yer almaktadır. Özellikle PQ530533, PQ496695, PZ101813 ve OR769194 kodlu *P. shantungensis* sekansları ile birlikte tek bir grup oluşturduğu görülmektedir. Bu grubun bootstrap destek değeri 100 olup, bu durum kladın filogenetik olarak son derece güçlü ve güvenilir olduğunu göstermektedir. Bu sonuç, Türkiye’den elde edilen örneğin moleküler olarak *P. shantungensis* ile birebir uyumlu olduğunu güçlü biçimde desteklemektedir. *P. shantungensis* kladına en yakın tür olarak *P. chinensis* (OR769154) yer almaktadır. Bu tür, kardeş grup konumunda olup *P. shantungensis* ile yakın evrimsel ilişki göstermektedir. Ancak iki grup arasındaki ayrım net olup türler ayrı kladlarda konumlanmıştır. Bu ayrım, türler arası genetik farklılığın bulunduğunu ve taksonomik olarak ayrı değerlendirilmeleri gerektiğini göstermektedir.

*Pochazia discreta* ve *P. guttifera* ise daha alt bir alt klad içerisinde yer almakta ve bootstrap değeri 62 olan bir grup oluşturmaktadır. Bu değer, söz konusu grubun orta düzeyde desteklendiğini ve *Pochazia* içi ilişkilerin daha kompleks bir yapı sergilediğini

göstermektedir. Ağaçta *Pochazia* türleri ile *Ricania* türleri belirgin şekilde iki ayrı ana gruba ayrılmaktadır. *Ricania simulans*, *R. speculum*, *R. fumosa* ve *R. marginalis* türleri ayrı bir klad oluşturmakta ve *Pochazia* grubundan net şekilde ayrılmaktadır. Bu ayrım, cinsler arası filogenetik uzaklığın belirgin olduğunu ortaya koymaktadır.

Tez kapsamında çalışılan örnek ile ilgili türler arasındaki genetik uzaklık Şekil 4.4'de gösterilmiştir.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1. PQ496695 <i>Pochazia shantungensis</i>	-										
2. PZ101813 <i>Pochazia shantungensis</i>	0.000000000	-									
3. OR769194 <i>Pochazia shantungensis</i>	0.000000000	0.000000000	-								
4. <i>Pochazia shantungensis</i> Türkiye	0.000000000	0.000000000	0.000000000	-							
5. OR769154 <i>Pochazia chinensis</i>	0.1440814672	0.1440814672	0.1440814672	0.1497784669	-						
6. PQ530533 <i>Pochazia</i> sp.	0.0015819683	0.0016204186	0.0020613046	0.0022161192	0.1469913214	-					
7. MZ617459 <i>Ricania simulans</i>	0.2510485044	0.2481385943	0.2570972213	0.3069093224	0.2582188187	0.2589042473	-				
8. MZ617460 <i>Ricania fumosa</i>	0.2021569824	0.2061405719	0.2265497913	0.2184636193	0.2531410297	0.2088969225	0.2553935828	-			
9. JN242415 <i>Ricania marginalis</i>	0.2511718483	0.2495305463	0.2607410395	0.2741134242	0.3119737800	0.2461228460	0.2382188765	0.1720165185	-		
10. MT834932 <i>Ricania speculum</i>	0.2102025573	0.2149746630	0.2061037147	0.2244166266	0.2094418318	0.2069922161	0.2293893641	0.2198037770	0.2316137312	-	
11. NC 060730 <i>Pochazia discreta</i>	0.1891335937	0.1883272151	0.2208606298	0.2209863131	0.2361972488	0.1785070960	0.2563280006	0.2283885979	0.2515605895	0.2333041973	-
12. NC 060806 <i>Pochazia guttifera</i>	0.1987998727	0.1980673150	0.2124104504	0.2535530225	0.2387549614	0.2015124615	0.2428275035	0.2151706011	0.2485688930	0.2447958205	0.1823815548

Şekil 4.4. *Pochazia shantungensis* Türkiye izolatu ile GenBank veritabanında kayıtlı *Pochazia* ve *Ricania* izolatları arasındaki genetik uzaklık matrisi

*Pochazia shantungensis* örnekleri (PQ496695, PZ101813, OR769194 ve Türkiye örneği) kendi aralarında neredeyse sıfır genetik uzaklığa sahiptir. Bu durum bu örneklerin aynı tür içinde yer aldığını göstermektedir. Türkiye örneği de bu gruba tamamen dahildir ve tür düzeyinde herhangi bir ayrım göstermemektedir. *Pochazia chinensis*, *P. shantungensis* grubuna göre belirgin şekilde daha uzaktır. Genetik uzaklık değerleri yaklaşık 0.144–0.150 arasındadır. Bu sonuç, iki türün aynı cins (*Pochazia*) içinde yer aldığını ancak farklı türler olduğunu açıkça gösterir. *Ricania simulans*, *R. fumosa*, *R. marginalis* ve *R. speculum* türleri *Pochazia* grubuna göre daha yüksek genetik uzaklık değerlerine sahiptir (yaklaşık 0.21–0.31 aralığı). Bu durum bu türlerin farklı bir cins (*Ricania*) altında yer aldığını ve *Pochazia* türlerinden daha uzak akraba olduklarını gösterir.

*Pochazia discreta* ve *P. guttifera* ise *P. shantungensis*'e orta düzeyde uzaklık göstermektedir (yaklaşık 0.18–0.25). Bu türler aynı cins içinde yer almakla birlikte *P. shantungensis* ile aynı tür kompleksinde değildir ve daha eski bir evrimsel ayrımı temsil eder. Genel olarak bu genetik uzaklık matrisi, *Pochazia shantungensis* Türkiye örneğinin referans *P. shantungensis* örnekleriyle tamamen aynı genetik grup içinde olduğunu, *P.*

*chinensis*'in ayrı bir tür olduğunu, *Ricania* türlerinin ise belirgin şekilde farklı bir cins olarak ayrıldığını göstermektedir.

#### 4.2. Tartışma

Morfolojik teşhisin moleküler verilerle desteklenmesi, özellikle Ricaniidae gibi taksonomik olarak karmaşık gruplarda tür teşhisinin doğruluğunu artıran önemli bir yaklaşımdır. Nitekim bu çalışmada elde edilen moleküler bulgular, örneklerin genetik olarak *P. shantungensis* ile yüksek benzerlik gösterdiğini ortaya koyarak morfolojik teşhisi doğrulamıştır. Bu durum, literatürde türün sınıflandırılmasına ilişkin geçmişte yaşanan belirsizliklerin (örneğin *Ricania–Pochazia* ayrımı) güncel moleküler verilerle büyük ölçüde netleştiğini desteklemektedir.

COI geni, mitokondriyal DNA (mtDNA) üzerinde yer almakta olup hemen hemen tüm hayvan gruplarında bulunur. Mitokondriyal genomun hücre içerisinde yüksek kopya sayısına sahip olması, özellikle bozulmuş veya düşük miktarda DNA içeren örneklerden bile genetik veri elde edilmesini kolaylaştırmaktadır. Bu durum, böcekler gibi küçük organizmaların çalışılmasında önemli bir avantaj sağlamaktadır. COI geninin böcek barkodlamasında tercih edilmesinin temel nedenlerinden biri, uygun mutasyon hızına sahip olmasıdır. Bu gen bölgesi, türler arasında yeterli düzeyde farklılaşma gösterecek kadar hızlı evrimleşirken, aynı tür içerisindeki bireyler arasında görece korunmuş kalmaktadır. Bu özellik, “barkod boşluğu” olarak adlandırılan, tür içi ve türler arası genetik mesafelerin belirgin şekilde ayrılmasını mümkün kılar. Nitekim birçok çalışmada türler arası genetik uzaklığın, tür içi varyasyondan kat kat fazla olduğu gösterilmiş ve bu durum COI geninin ayırt edici gücünü ortaya koymuştur (Hebert ve ark. 2003).

Böceklerde DNA barkodlama çalışmalarında genellikle COI geninin yaklaşık 600–700 baz çifti uzunluğundaki bir bölgesi kullanılmaktadır. Bu kısa ve standart sekans, türlerin hızlı ve güvenilir şekilde teşhis edilmesini sağlamakta ve aynı zamanda yeni türlerin keşfinde de etkin bir araç olarak kullanılmaktadır. Ayrıca bu bölgenin her iki ucunda yer alan korunmuş diziler, evrensel primerlerin geliştirilmesine olanak tanımakta, böylece çok geniş bir böcek grubunda aynı PCR protokolü ile amplifikasyon yapılabilmektedir (Ratnasingham ve Hebert, 2007).

COI temelli moleküler barkodlama, özellikle morfolojik olarak ayırt edilmesi zor olan kriptik türlerin belirlenmesinde büyük önem taşımaktadır. Bunun yanı sıra larva, pupa gibi morfolojik teşhisin zor olduğu yaşam evrelerinde de tür tanımlaması yapılabilmesine olanak sağlamaktadır. Günümüzde bu yaklaşım; biyoçeşitlilik

arařtırmaları, ekolojik izleme alıřmaları, istilacı trlerin tespiti ve adli entomoloji gibi birok alanda yaygın olarak kullanılmaktadır (Hajibabaei ve ark., 2007). Bununla birlikte COI geninin kullanımında bazı sınırlılıklar da bulunmaktadır. En nemli problemlerden biri, gvenilir ve kapsamlı referans veri tabanlarının eksikliėidir. Yanlıř tanımlanmıř referans diziler veya yetersiz veri, tr teřhisinde hatalara yol aabilmektedir.

COI geninin bceklerde molekler barkodlama alıřmalarında kullanımı, modern taksonominin en nemli molekler yaklařımlarından biri olarak kabul edilmektedir. Bu gen blgesi hem yapısal zellikleri hem de evrimsel dinamikleri nedeniyle tr dzeyinde ayırım yapmaya son derece elveriřli bir belirtetir. Bu alıřmada da COI geni kullanılarak nemli bir istilacı tr olan *P. shantungensis*'in tr teřhisi doėrulanmıřtır. Benzer řekilde, Zang ve ark., (2022) tarafından istilacı bir tr olan *Ricania shantungensis* zerine yapılan mitogenom alıřmalarında, COI genini de ieren mitokondriyal DNA verileri kullanılarak trn filogenetik konumu analiz edilmiřtir.

Ricaniidae familyasında COI temelli barkodlama alıřmalarının sınırlı olmasına karřın, aynı takım ierisinde yer alan yakın familyalarda bu gen blgesinin yaygın ve bařarılı bir řekilde kullanıldıėı grlmektedir. zellikle Hemiptera takımına ait Aphididae, Miridae, Pentatomidae ve Pseudococcidae gibi familyalarda gerekleřtirilen alıřmalar, COI geninin tr teřhisindeki etkinliėini aık biimde ortaya koymaktadır (Footit ve ark., 2008). rneėin, Aphididae familyasında zellikle *Aphis gossypii* ve *Myzus persicae* gibi trlerde COI temelli alıřmalar, kriptik tr komplekslerinin ortaya ıkarılmasında etkili olmuřtur (Footit ve ark., 2008). Benzer řekilde, Pseudococcidae'ye ait unlu bitlerde, morfolojik karakterlerin sınırlı ve evresel kořullara baėlı olarak deėiřken olması nedeniyle tr teřhisi olduka zordur. Bu grupta *Planococcus citri* gibi trlerde COI dizileri, gvenilir tr ayırımı saėlamıř ve yanlıř teřhisleri azaltmıřtır. Ayrıca, Lepidoptera takımında yer alan Noctuidae ve Geometridae gibi familyalarda da COI geninin yaklařık 650 baz ifti uzunluėundaki blgesi, kriptik trlerin belirlenmesinde ve trler arası ayırımın yapılmasında yksek bařarı gstermiřtir (Hebert ve ark., 2003). Yapılan kapsamlı DNA barkodlama alıřmaları, morfolojik olarak teřhisi zor olan trlerde COI geninin yksek ayırt edici gce sahip olduėunu gstermiřtir. 566 rnek ve 125 morfortr zerinde yapılan gncel bir alıřmada, COI dizilerine dayalı analizler sonucunda trlerin yaklařık %30'unda kriptik eřitlilik tespit edilmiř ve bu durum morfolojik teřhisin tek bařına yetersiz kalabileceėini ortaya koymuřtur (Khang ve ark., 2026).

Diğer bir önemli örnek, Miridae familyası üzerinde gerçekleştirilen çalışmalardır. Bu grupta morfolojik teşhisin zor ve zaman alıcı olduğu bilinmektedir. COI barkodlama kullanılarak 100'den fazla türün incelendiği bir çalışmada, türlerin büyük çoğunluğunun kendine özgü COI dizilerine sahip olduğu ve türler arası genetik mesafenin tür içi varyasyona kıyasla çok daha yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu durum, COI geninin güçlü bir tanısal karakter sunduğunu ve taksonomik revizyonlara katkı sağlayabileceğini göstermektedir. Bu çalışmalar birlikte değerlendirildiğinde, Hemiptera takımındaki birçok familyada COI geninin tür düzeyinde yüksek ayırt edici güce sahip olduğu, kriptik türleri ortaya çıkarabildiği, morfolojik teşhisi destekleyici ve tamamlayıcı bir araç olduğu, filogenetik ilişkilerin çözümünde güvenilir veri sağladığı açıkça görülmektedir (Hebert ve ark., 2003). Dolayısıyla, Ricaniidae gibi moleküler verisi sınırlı olan gruplarda COI gen bölgesinin kullanımı, yakın akraba familyalarda elde edilen bu güçlü sonuçlar göz önüne alındığında son derece umut verici bir yaklaşım olarak değerlendirilebilir.

Mevcut literatür, bu familya için COI temelli DNA barkodlama çalışmalarının artırılmasının hem tür teşhisinin doğruluğunu yükselteceğini hem de olası kriptik çeşitliliğin ortaya çıkarılmasına katkı sağlayacağını güçlü biçimde desteklemektedir. Sonuç olarak, Ricaniidae familyasında COI gen bölgesinin kullanıldığı çalışmalar mevcut olmakla birlikte, bunlar çoğunlukla mitokondriyal genom ve filogenetik analiz odaklıdır. Buna karşın, klasik anlamda COI barkodlama çalışmalarının sınırlı olması, bu grup için önemli bir araştırma açığı oluşturmaktadır. Gelecekte yapılacak çalışmaların, özellikle COI temelli DNA barkodlama veritabanlarının geliştirilmesine odaklanması, Ricaniidae içerisindeki tür sınırlarının netleştirilmesi ve olası kriptik çeşitliliğin ortaya çıkarılması açısından büyük önem taşımaktadır.

İç Transkripsiyon Aralığı 2 (Internal Transcribed Spacer 2, ITS2), nükleer ribozomal DNA içerisinde 5.8S ve 28S ribozomal RNA genleri arasında yer alan kodlamayan bir bölgedir. ITS2 bölgesi, yüksek kopya sayısına sahip olması ve türler arasında nispeten hızlı evrimleşmesi nedeniyle moleküler taksonomi, filogenetik analizler ve tür teşhis çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Aynı tür içerisindeki bireylerde genellikle düşük düzeyde varyasyon göstermesine karşın, farklı türler arasında belirgin farklılıklar sergilemesi nedeniyle güvenilir bir moleküler belirteç olarak kabul edilmektedir (Marinho ve ark., 2011; Sümer Ercan ve ark., 2022). Böceklerde ITS2 bölgesi özellikle morfolojik olarak birbirine oldukça benzeyen veya kriptik tür kompleksleri oluşturan taksonların ayırımında önemli bir rol oynamaktadır. Diptera, Hemiptera, Lepidoptera ve Hymenoptera takımlarında gerçekleştirilen çok sayıda

çalışmada ITS2 dizilerinin tür düzeyinde başarılı sonuçlar verdiği bildirilmiştir. Ayrıca ITS2 belirteci, yakın akraba türlerin evrimsel ilişkilerinin belirlenmesinde ve tür sınırlarının ortaya konulmasında etkili bir araç olarak kullanılmaktadır (Wiemers ve ark., 2009).

Bununla birlikte ITS2 bölgesinin kullanımında bazı sınırlılıklar da bulunmaktadır. Primer bağlanma bölgelerindeki mutasyonlar, türler arasındaki uzunluk farklılıkları ve bölgenin yüksek değişkenlik göstermesi PCR amplifikasyonunun başarısını azaltabilmektedir. Özellikle bazı böcek gruplarında ITS2 bölgesinin sekonder yapısındaki farklılıklar ve dizisel varyasyonlar nedeniyle amplifikasyon veya dizileme aşamalarında sorunlar yaşanabilmektedir (Marinho ve ark.,2011). Bu nedenle ITS2 verileri çoğu zaman COI gibi mitokondriyal belirteçlerle birlikte değerlendirilmekte ve tür teşhislerinin doğruluğu farklı moleküler belirteçlerle desteklenmektedir (Bakmaz ve ark., 2025).

Bu çalışmada *P. shantungensis* örneklerinde COI gen bölgesi başarıyla amplifiye edilmiş ve filogenetik analizlerde kullanılmıştır. Buna karşılık, ITS2 bölgesinin amplifikasyonu için kullanılan ITS2-F2814 ve ITS2-R3295 primer çifti ile hedef bölgeye ait PCR ürünü elde edilememiştir. ITS2 bölgesi, ribozomal DNA'nın kodlamayan bölgelerinden biri olup türler ve popülasyonlar arasında yüksek düzeyde dizi varyasyonu gösterebilmektedir. Bu durum, primer bağlanma bölgelerinde farklılıklara yol açarak amplifikasyon verimini etkileyebilmektedir. Ayrıca ITS2 bölgesinin uzunluk polimorfizmleri ve ikincil yapı oluşumları da PCR etkinliğini sınırlandırabilmektedir. Buna karşın, mitokondriyal COI gen bölgesinin daha korunumlu primer bağlanma bölgelerine sahip olması, bu bölgenin başarılı şekilde amplifiye edilmesini kolaylaştırmaktadır. Elde edilen sonuçlar, kullanılan DNA örneklerinin moleküler analizler için uygun kalitede olduğunu göstermektedir. Bununla birlikte, *P. shantungensis* için ITS2 dizilerine ilişkin verilerin sınırlı olması ve bu türe özgü primerlerin bulunmaması, amplifikasyon sonucunu etkileyen faktörlerden biri olabilir. Gelecekte farklı ITS2 primer setlerinin kullanılması ve türe özgü primer tasarımlarının gerçekleştirilmesi, bu bölgenin moleküler karakterizasyonuna katkı sağlayabilir.

Bu çalışma *P. shantungensis*'in Türkiye'deki varlığını moleküler verilerle doğrulayarak önemli bir katkı sunmaktadır. Ancak türün yayılım potansiyeli, genetik yapısı ve ekolojik etkileri göz önüne alındığında, gelecekte yapılacak çalışmaların daha geniş örneklemeler, ileri moleküler analizler ve disiplinlerarası yaklaşımlarla desteklenmesi gerekmektedir. Özellikle erken teşhis ve izleme programlarında moleküler

yöntemlerin aktif olarak kullanılması, istilacı türlerle mücadelede önemli bir avantaj sağlayacaktır.



## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Moleküler düzeyde gerçekleştirilen çalışmalar, türlerin doğru bir şekilde ayrımında ve sistematik konumlarının belirlenmesinde son derece önemli veriler sunmaktadır. Ancak, mevcut genetik veri tabanlarının sınırlı olması ve referans dizilerin yetersizliği, özellikle benzer morfolojik özellikler sergileyen türlerin teşhisinde önemli güçlükler yaratmaktadır. Bu durum, türler arası sınırların net bir şekilde ortaya konulmasını zorlaştırmakta ve yanlış tanımlama riskini artırmaktadır. Nitekim, *P. shantungensis*'in genetik çeşitliliği, popülasyon içi varyasyonları ve yakın akraba türlerle olan filogenetik ilişkileri hakkında mevcut veriler oldukça sınırlıdır ve bu alanda daha kapsamlı moleküler çalışmalara ihtiyaç duyulmaktadır (Lee ve ark., 2024). Özellikle morfolojik karakterlerin çevresel faktörlere bağlı olarak değişkenlik gösterebilmesi ve türler arasında yüksek derecede benzerlik bulunması, yalnızca morfolojiye dayalı teşhis yaklaşımlarını yetersiz kılmaktadır.

Bu çalışmada türün moleküler karakterizasyonunda ITS2 bölgesinin de kullanılması amaçlanmıştır. Ancak gerçekleştirilen PCR analizleri sonucunda ITS2 bölgesine ait herhangi bir amplifikasyon ürünü elde edilememiştir. Bu durumun, kullanılan primerlerin hedef DNA bölgesine yeterli düzeyde bağlanamaması, PCR koşullarının uygun olmaması, DNA örneklerinin kalitesi veya ITS2 bölgesindeki yüksek genetik varyasyondan kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir. Bu nedenle ITS2 bölgesi çalışmada değerlendirilememiş, moleküler karakterizasyon analizleri COI bölgesinden elde edilen sekans verileri üzerinden yürütülmüştür.

Bu bağlamda, *P. shantungensis*'in doğru ve güvenilir bir şekilde tanımlanabilmesi için moleküler tekniklerin kullanımı kaçınılmaz hale gelmiştir. DNA barkodlama yaklaşımı kapsamında yaygın olarak kullanılan COI gen bölgesinin dizilenmesi, tür düzeyinde ayırım yapmada yüksek çözünürlük sunmaktadır. Bunun yanı sıra, PCR ile hedef gen bölgelerinin çoğaltılması ve elde edilen dizilerin filogenetik analizler aracılığıyla değerlendirilmesi, türler arasındaki evrimsel ilişkilerin ortaya konulmasına olanak sağlamaktadır. Sonuç olarak, COI gen dizilemesi, PCR amplifikasyonu ve ileri düzey filogenetik analizlerin birlikte kullanılması, *P. shantungensis*'in doğru teşhisi ve benzer türlerden ayrımında etkili ve güvenilir bir metodolojik çerçeve sunmaktadır. Bu tür moleküler yaklaşımların yaygınlaştırılması hem taksonomik doğruluğun artırılmasına hem de biyolojik çeşitliliğin daha iyi anlaşılmasına önemli katkılar sağlayacaktır.



## KAYNAKLAR

- Anonim. (2015). *Harpactorini-Zelus renardii*. BugGuide. <https://www.bugguide.net/node/view/1160987> Erişim Tarihi:01.04.2026
- Bourgoin, T., Gros, P., & Stroinski, A. (2020). *Pochazia shantungensis* (Chou & Lu, 1977), an important Asiatic invasive pest on fruit trees, first time reported from France (Hemiptera, Fulgoromorpha, Ricaniidae). *Bulletin de la Societe Entomologique de France*, 125(3), 271-272.
- Bragard, C., Baptista, P., Chatzivassiliou, E., Di Serio, F., Gonthier, P., Macleod, A., & EFSA Panel on Plant Health (PLH). (2023). Pest categorisation of *Pochazia shantungensis*. *EFSA Journal*, 21(10), e08320. doi: 10.2903/j.efsa.2023.8320
- Bakmaz, D., Sönmez, S., & Korkmaz, E. M. (2025). *Evaluating COI and ITS2 dual barcoding for molecular delimitation and taxonomic insights in Arenosetella Wilson, 1932 (Harpacticoida: Ectinosomatidae) along Turkish coasts*. *PeerJ*, 13, e19870. <https://doi.org/10.7717/peerj.19870>
- Chou, I., & Lu, C. (1977). On the Chinese Ricaniidae with descriptions of eight new species. *Acta Entomologica Sinica*, 20(3), 314-322.
- Chou, I., Lu, J. S., Huang, J., & Wang, S. (1985). *Economic insect fauna of China, Fasc. 36. Homoptera Fulgoroidea*. Science Press, Beijing, China, pp: 152.
- Dallas, J. F., Cruickshank, R. H., Linton, Y. M., Nolan, D. V., Patakakis, M., Braverman, Y., & Mordue, A. J. (2003). Phylogenetic status and matrilineal structure of the biting midge, *Culicoides imicola*, in Portugal, Rhodes and Israel. *Medical and Veterinary Entomology*, 17(4), 379-387.
- EPPO. (2016). *Pochazia shantungensis*. European and Mediterranean Plant Protection Organization Global Database. <https://gd.eppo.int/taxon/POCZSH/distribution> Erişim Tarihi: 01.04.2026
- EPPO. (2026). *Pochazia shantungensis*. European and Mediterranean Plant Protection Organization Global Database, Photos. <https://gd.eppo.int/taxon/POCZSH/photos> Erişim Tarihi: 01.04.2026
- EPPO. (2026a). *Pochazia shantungensis*. European and Mediterranean Plant Protection Organization Global Database. <https://gd.eppo.int/taxon/POCZSH/hosts> Erişim Tarihi: 01.04.2026

- Footitt, R. G., Maw, H. V., Von Dohlen, C. D., & Hebert, P. D. N. (2008). Species identification of aphids (Insecta: Hemiptera: Aphididae) through DNA barcodes. *Molecular Ecology Resources*, 8(6), 1189-1201.
- Hajibabaei, M., Singer, G. A. C., Hebert, P. D. N., & Hickey, D. A. (2007). DNA barcoding: How it complements taxonomy, molecular phylogenetics and population genetics. *Trends in Genetics*, 23(4), 167-172.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & De Waard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.
- Hizal, E., Oztemiz, S., & Gjonov, I. (2019). *Ricania shantungensis* (Chou & Lu, 1977) (Hemiptera: Fulgoromorpha: Ricaniidae) a new invasive insect species in European Turkey. *Fresenius Environmental Bulletin*, 28(12), 9816-9820.
- Hizal, E., Oztemiz, S., & Gjonov, I. (2023). Phenology and host preferences of the invasive *Pochazia shantungensis* (Chou & Lu, 1977) (Hemiptera: Ricaniidae), a risk for agriculture and forest areas in the West-Palaeartic region. *Acta Zoologica Bulgarica*, 75(2), 251-258.
- Kang, J. Y., An, I., & Park, S. (2020). The complete mitochondrial genome of *Ricania shantungensis* (Hemiptera: Ricaniidae) in Korea. *Mitochondrial DNA Part B*, 5(4), 3813-3814.
- Kang, Y., Lee, H., Park, D. K., Akimoto, S., Hong, K. J., & Lee, W. (2026). High utility of DNA barcoding for species identification and cryptic diversity in Korean aphids (Hemiptera: Aphididae). *Scientific Reports*, 16, 9307
- Kim, D. E., Lee, H., Kim, M. J., & Lee, D. H. (2015). Predicting the potential habitat, host plants, and geographical distribution of *Pochazia shantungensis* (Hemiptera: Ricaniidae) in Korea. *Korean Journal of Applied Entomology*, 54(3), 179-189.
- Kimura, M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16(2), 111-120.
- Kobayashi, S., Suzuki, M., Kuwahara, R., Park, J., Yamada, K., & Jung, S. (2024). Reevaluation of taxonomic identity of the recently introduced invasive planthopper, *Pochazia shantungensis* (Chou & Lu, 1977) (Hemiptera: Fulgoroidea: Ricaniidae) in Japan. *Zootaxa*, 5446(2), 151-178.

- Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024). MEGA12: molecular evolutionary genetic analysis version 12 for adaptive and green computing. *Molecular biology and evolution*, *41*(12), 1-9.
- Kwon, D. H., Kim, S. J., Kang, T. J., Lee, J. H., & Kim, D. H. (2017). Analysis of the molecular phylogenetics and genetic structure of an invasive alien species, *Ricania shantungensis*, in Korea. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, *20*(3), 901-906.
- Lee, H., Lee, G. S., Li, Y., & Lee, W. (2024). Resolving taxonomic confusion of *Pochazia shantungensis* (Hemiptera: Fulgoromorpha: Ricaniidae) from South Korea, with one new species. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, *27*(2), 100-110.
- Marinho, M. A. T., Junqueira, A. C. M., & Azeredo-Espin, A. M. L. (2011). Evaluation of the internal transcribed spacer 2 (ITS2) as a molecular marker for phylogenetic inference using sequence and secondary structure information in blow flies (Diptera: Calliphoridae). *Genetica*, *139*(9), 1189–1207. <https://doi.org/10.1007/s10709-011-9621-x>
- Park, J. J., Kim, J. G., & Lee, S. (2021). Biology and management of *Ricania shantungensis*. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, *24*(1), 1-10.
- Park, J., & Jung, S. (2021). Taxonomic review of the family Ricaniidae (Hemiptera: auchenorrhyncha: Fulgoroidea) from Korea. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, *24*(4), 1286-1300.
- Parlak, S. (2022). *Zelus renardii* (Kolenati, 1857) (Heteroptera, Reduviidae) can be used in biological control against seed pest *Leptoglossus occidentalis* (Heidemann, 1910). *Artvin Çoruh University Journal of Forestry Faculty*, *23*(1), 190-201.
- Piper, A. M., Batovska, J., Cogan, N. O., Weiss, J., Cunningham, J. P., Rodoni, B. C., & Blacket, M. J. (2019). Prospects and challenges of implementing DNA metabarcoding for high-throughput insect surveillance. *GigaScience*, *8*(8), 1-22.
- Posada, D. (2008). jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, *25*(7), 1253-1256.
- Rahman, M. A., Kwon, Y. J., Suh, S. J., Youn, Y. N., & Jo, S. H. (2012). The genus *Pochazia* Amyot and Serville (Hemiptera: Ricaniidae) from Korea, with a newly recorded species. *Journal of Entomology*, *9*(5), 239-247.
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System. *Molecular Ecology Notes*, *7*(3), 355-364.

- Shen, Q., Wang, J. Y., Liu, J. D., Chen, Y. F., Fan, X. H., & Zhu, Y. Q. (2007). Bionomics and control of *Ricania shantungensis*. *Chinese Bulletin of Entomology*, 44(1), 116-119.
- Sümer Ercan, F., Öztemiz, S., & Tunçbilek, A. S. (2022). rDNA-ITS2 characterization of *Trichogramma* species distributed in Türkiye. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 32(1), 1–8. <https://doi.org/10.1186/s41938-022-00549-z>
- Song, Z., Wang, X., & Liang, G. (2008). Species identification of some common necrophagous flies in Guangdong province, southern China based on the rDNA internal transcribed spacer 2. *Forensic Science International*, 175(1), 17-22.
- Stromski, A., & Bourgoin, T. (2022). On the taxonomic position of *Pochazia shantungensis* (Chou & Lu, 1977) (Hemiptera, Fulgoromorpha, Ricaniidae). *Bulletin de la Societe Entomologique de France*, 127(3), 272-274.
- Zhang, H., Fang, W., Zhao, X., Jiang, X., Stroiński, A., & Qin, D. (2022). Comparative analysis of the complete mitochondrial genomes of five species of Ricaniidae (Hemiptera: Fulgoromorpha) and phylogenetic implications. *Biology*, 11(1), 92.
- Wiemers, M., Keller, A., & Wolf, M. (2009). ITS2 secondary structure improves phylogeny estimation in a radiation of blue butterflies of the subgenus *Agrodiaetus* (Lepidoptera: Lycaenidae: Polyommatus). *BMC Evolutionary Biology*, 9, 300. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-9-300>

## EKLER

### EK-1: Kongre Katılım Belgesi





## ÖZGEÇMİŞ

<b>Kişisel Bilgiler</b>	
<b>Adı Soyadı</b>	Elif Özlem TORUN
<b>Uyruğu</b>	T.C.
<b>Orcid Numarası</b>	0009-0003-1189-5874

<b>Eğitim Bilgileri</b>	
<b>Lisans</b>	
<b>Üniversite</b>	Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi
<b>Fakülte</b>	Ziraat Fakültesi
<b>Bölümü</b>	Bitki Koruma Bölümü
<b>Mezuniyet Yılı</b>	2023
<b>Yüksek Lisans</b>	
<b>Üniversite</b>	Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi
<b>Enstitü Adı</b>	Fen Bilimleri Enstitüsü
<b>Anabilim Dalı</b>	Bitki Koruma Anabilim Dalı
<b>Bilim Dalı</b>	Entomoloji Bilim Dalı
<b>Mezuniyet Tarihi</b>	2026

<b>Bilimsel Yayınlar</b>
<p><u>Torun, E. Ö., Koçak, M. E., Kayra, B., Ercan, F., &amp; Yalcin, S. (2026). Green Synthesis of Silver Nanoparticles with Black chokeberry [<i>Aronia melanocarpa</i> (Michx.) Elliot] Leaf Extract and Evaluation of Insecticidal Activity on the Greater Wax Moth [<i>Galleria mellonella</i> (Lepidoptera: Pyralidae)]. <i>Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi</i>, 23(1), 9-20.</u></p> <p><u>Torun, E. Ö., Koçak, M. E., Kayra, B., Ercan, F., &amp; Yalcin, S. (2023). <i>Galleria mellonella</i>'nın enzimatik savunma sistemi elemanları, glutatyon peroksidaz (GPx) ve glutatyon-S-transferaz (GST) enzimleri üzerine oktadekanoik asit, oleik asit ve n-hekzadekanoyik asitin etkilerinin in silico gösterilmesi. <i>Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi</i>, 3(2), 190-199.</u></p>