



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



**ANKARA İLİ KALECİK İLÇESİ MISIR ÜRETİM
ALANLARINDA ZARARLI, *Ostrinia nubilalis*
(Lepidoptera: Crambidae)'İN YUMURTA
PARAZİTOİDİ, *Trichogramma* (Hymenoptera:
Trichogrammatidae) TÜRLERİNİN MOLEKÜLER
TANIMLANMASI**

BAŞAK YAPICI

YÜKSEK LİSANS

KIRŞEHİR

2026



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



**ANKARA İLİ KALECİK İLÇESİ MISIR ÜRETİM
ALANLARINDA ZARARLI, *Ostrinia nubilalis*
(Lepidoptera: Crambidae)'İN YUMURTA
PARAZİTOİDİ, *Trichogramma* TÜRLERİNİN
MOLEKÜLER TANIMLANMASI**

BAŞAK YAPICI

YÜKSEK LİSANS

DANIŞMAN

Prof. Dr. Fahriye ERCAN

KIRŞEHİR

2026

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

Kırőehir Ahi Evran Üniversitesi Bilimsel Araőtırma ve Yayın Etięi Yönergesini okuduęumu ve anladığımı ve Kırőehir Ahi Evran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmasında;

- Tez içinde sunduęum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettięimi,
- Tüm bilgi, belge, deęerlendirme ve sonuçları bilimsel etik kurallarına uygun olarak sunduęumu,
- Tez çalışmasında yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi,
- Kullanılan verilerde ve ortaya çıkan sonuçlarda herhangi bir deęişiklik yapmadığımı,
- Tez olarak sunduęum bu çalışmanın özgün olduęunu,

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

22/01/2026

Baőak YAPICI

İÇİNDEKİLER DİZİNİ

İÇİNDEKİLER DİZİNİ	I
TEŞEKKÜR.....	II
ÖZET.....	III
ABSTRACT	IV
TABLolar DİZİNİ	V
ŞEKİLLER DİZİNİ	VI
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	VII
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Amaç.....	3
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	5
2.1. Genel Bilgiler	5
2.1.1. <i>Ostrinia nubilalis</i> (Mısır Kurdu)	5
2.1.2. <i>Trichogrammatidae</i>	6
2.1.3. Moleküler sistematik ve moleküler belirteçlerin kullanımı	10
2.1.4. <i>Trichogramma</i> 'nın sistematüğinde kullanılan karakterler.....	14
2.2. Literatür Taraması	17
3. MATERYAL VE METOT	21
3.1. <i>Trichogramma</i> Örneklerinin Toplanması	21
3.2. Moleküler Çalışmalar	22
3.2.1. DNA izolasyonu.....	22
3.2.2. ITS2-PCR ve örneklerin dizi analizi için hazırlanması	23
3.2.3. Filogenetik analiz.....	25
3.2.4. ITS2 dizilerinin ikincil yapısı	26
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	27
4.1. Bulgular	27
4.2. Tartışma	35
5. SONUÇ VE ÖNERİLER	39
KAYNAKLAR.....	41
EKLER.....	49
EK-1. Kongre Katılım Belgesi	49
ÖZGEÇMİŞ.....	51

TEŐEKKÜR

Bu tez alıőmasının planlanması, yrtlmesi ve sonulandırılması srecinde bilgi ve deneyimleriyle bana yol gsteren, her aőamada yapıcı eleőtirileri ve deęerli katkılarıyla alıőmamın gelişmesine önemli katkılar saęlayan saygıdeęer hocam **Prof. Dr. Fahriye ERCAN**'a en iten teőekkrlerimi sunarım. Akademik bakıő aısı, bilimsel disiplini ve teővik edici yaklaőımı, bu alıőmanın nitelikli bir biimde tamamlanmasında belirleyici olmuőtur.

rneklelerin toplanmasında yardımcı olan saygıdeęer **ęr. Gr. őahin TATLI** ve **Yksek Ziraat Mhendisi İsmail ATAY** hocalarıma katkılarından dolayı ok teőekkr ederim.

Tez srecim boyunca sabırları, anlayıőları ve manevi destekleriyle her zaman yanımda olan aileme teőekkrlerimi sunarım.

őubat, 2026

Baőak YAPICI

ÖZET

YÜKSEK LİSANS

ANKARA İLİ KALECİK İLÇESİ MISIR ÜRETİM ALANLARINDA ZARARLI, *Ostrinia nubilalis* (LEPIDOPTERA: CRAMBIDAE)'İN YUMURTA PARAZİTOİDİ, *Trichogramma* TÜRLERİNİN MOLEKÜLER TANIMLANMASI

Başak YAPICI

KIRŞEHİR AHI EVRAN ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLER ENSTİTÜSÜ BİTKİ KORUMA ANABİLİM DALI

Danışman: Prof. Dr. Fahriye ERCAN
Yıl: 2026 Sayfa: 47
Jüri: Prof. Dr. Fahriye ERCAN
Doç. Dr. Gamze PEKBEY
Dr. Öğr. Üyesi Hayriye Didem
SAĞLAM ALTINKÖY

Tarımsal ekosistemlerde kimyasal pestisit kullanımını azaltma hedefiyle, biyolojik mücadele uygulamalarında önemli yere sahip olan *Trichogramma* spp. (Hymenoptera: Trichogrammatidae), tarımsal zararlıların popülasyon kontrolünde kritik bir rol oynamaktadır. Doğal düşmanların doğru şekilde tanımlanması biyolojik mücadele yöntemlerinin temelini oluşturmaktadır. Bu amaçla ITS2 (Internal Transcribed Spacer 2) dizilerinin sistematik çalışmalarda kullanılabilirdiği ve *Trichogramma* türlerinin ayırımında güvenilir sonuçlar verdiği bilinmektedir. Bu çalışmada, Ankara ili Kalecik ilçesinden toplanan *Trichogramma* örneklerinin rDNA-ITS2 dizileri GenBank verileriyle karşılaştırılmış ve ITS2 gen bölgesi hem güvenilir tür teşhisi hem de genetik çeşitliliğin belirlenmesinde bir barkod olarak değerlendirilmiştir. Dizi analizleri sonucunda, incelenen tüm örneklerin *Trichogramma euproctidis* (Girault, 1911) olduğu belirlenmiştir. K1 ile K3 numaralı örneklerin dizileri tamamen aynı bulunmuş; aynı şekilde K2 ve K4 numaralı örneklerin dizilerinin de birbiriyle birebir örtüştüğü tespit edilmiştir. Ayrıca tüm örneklerin ITS2 dizi uzunluğunun 398 baz çifti olduğu görülmüştür. Diziler Clustal W ile hizalanmış; genetik uzaklıklar ve filogenetik ilişkiler MEGA V7.0 programı kullanılarak hesaplanmıştır. Çalışmada kullanılan örnekler ek olarak, GenBank'ta doğrulanarak 17 *Trichogramma* örneğine ait rDNA-ITS2 dizileri de analizlere dahil edilmiştir. ITS2 dizilerinin ikincil yapıları ise Mfold web sunucusu yardımıyla tahmin edilmiş ve tüm yapı analizleri 37°C'de, RNA sürüm 2.3'ün varsayılan ayarlarıyla gerçekleştirilmiştir. Hızlı evrimleşen ve aynı zamanda korunmuş gen bölgelerini içeren moleküler belirteçler, yakın akraba türleri ayırt etmede oldukça etkilidir. Bu çalışmada, ITS2 bölgesinin *Trichogramma* türlerinin ayırımında güvenilir bir moleküler araç olduğu açıkça ortaya konulmuştur.

Anahtar Kelimeler: *Trichogramma*, ITS2, Biyolojik mücadele, İkincil yapı, Moleküler teşhis

ABSTRACT

MASTER'S THESIS

MOLECULAR IDENTIFICATION OF *Trichogramma* EGG PARASITOIDS ASSOCIATED WITH *Ostrinia nubilalis* (LEPIDOPTERA: CRAMBIDAE) IN MAIZE FIELDS OF KALECİK DISTRICT, ANKARA

Başak YAPICI

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

Supervisor: Prof. Dr. Fahriye ERCAN
Year: 2026 Pages: 47
Juries: Prof. Dr. Fahriye ERCAN
Assoc. Prof. Dr. Gamze PEKBEY
Assist. Prof. Dr. Hayriye Didem
SAĞLAM ALTINKÖY

Trichogramma spp., (Hymenoptera: Trichogrammatidae) which hold an important place in biological control applications aimed at reducing the use of chemical pesticides in agricultural ecosystems, play a critical role in controlling the populations of agricultural pests. The correct identification of natural enemies forms the basis of biological control programmes. ITS2 (Internal Transcribed Spacer 2) sequences are known to be useful in studies and to provide reliable results indistinguishing *Trichogramma* species. In this study, rDNA-ITS2 sequences of *Trichogramma* samples collected from the Kalecik district (Ankara, Türkiye) were compared with GenBank data, and the ITS2 gene region was evaluated as a barcode for both reliable species identification and determination of genetic diversity. As a result of the sequence analyses, all examined samples were identified as *Trichogramma euproctidis*. (Girault, 1911). The sequences of samples K1 and K3 were found to be completely identical; similarly, the sequences of samples K2 and K4 matched each other perfectly. Furthermore, the ITS2 sequence length of all samples was found to be 398 base pairs. The sequences were aligned using Clustal W, and genetic distances and phylogenetic relationships were calculated using the MEGA V7.0 programme. In addition to the samples used in the study, rDNA-ITS2 sequences from 17 confirmed *Trichogramma* samples in GenBank were also included in the analyses. The secondary structures of the ITS2 sequences were predicted using the Mfold web server, and all structural analyses were performed at 37°C with the default settings of RNA version 2.3. Molecular markers that evolve rapidly while containing conserved gene regions are highly effective for distinguishing closely related species. This study clearly demonstrated that the ITS2 region is a reliable molecular tool for separating *Trichogramma* species.

Keywords: *Trichogramma*, ITS2, Biological control, Secondary structure, Molecular identification

TABLolar DİZİNİ

Sayfa No

Tablo 4.1. 2025 yılı Ankara İli Kalecik ilçesinde mısır üretim alanlarından toplanan parazitoit örnekleri.....	27
Tablo 4.2. İzole edilen DNA'ların miktar ve saflık değerleri.	27
Tablo 4.3. K1/K3 örnekleri ile <i>Trichogramma euproctidis</i> (JF920443) 'in ITS2 dizi eşleştirmesi Atlamalar (-) delesyonlara karşılık gelmektedir. (T.e K1 ve K3 kodlu örneklerin en yüksek benzerlik oranı gösterdiği NCBI da kayıtlı JF920443 kodlu örneğe ait ITS2 dizisidir).....	30
Tablo 4.4. K2/K4 örnekleri ile <i>Trichogramma euproctidis</i> (JF920443)'in ITS2 dizi eşleştirmesi Atlamalar (-) delesyonlara karşılık gelmektedir. (T.e K2 ve K4 kodlu örneklerin en yüksek benzerlik oranı gösterdiği NCBI da kayıtlı JF920443 kodlu örneğe ait ITS2 dizisidir).....	31

ŞEKİLLER DİZİNİ

	Sayfa No
Şekil 2.1. <i>Trichogramma</i> örneklerinin teşhisinde kullanılan bazı morfolojik karakterler.....	9
Şekil 3.1. Parazitoit surveyi	21
Şekil 3.2. Parazitoit surveyi	22
Şekil 4.1. ITS2 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jel görüntüsü. M: 100 bç DNA moleküler ağırlık belirteci, P: Pozitif kontrol (<i>T. embryophagum</i>).....	28
Şekil 4.2. <i>Trichogramma</i> örneklerine ait ITS2 dizi analizine göre MEGA 7 programında Kimura 2-Parametre (K2P) mesafe modeline göre hesaplanmış genetik uzaklık ilişkisini gösteren dendogram.....	29
Şekil 4.3. K1/K3 örneklerine ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.....	32
Şekil 4.4. K2/K4 örneklerine ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.....	32
Şekil 4.5. <i>Trichogramma euproctidis</i> (JF920443)'e ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.....	33
Şekil 4.6. <i>Trichogramma brassicae</i> (JF920451)'ye ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.....	33
Şekil 4.7. <i>Trichogramma pintoi</i> (DQ137262)'ye ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.....	34

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler	Açıklama
<i>dk</i>	: Dakika
<i>mm</i>	: Milimetre
μ l	: Mikrolitre
<i>sn</i>	: Saniye
°C	: Santigrat Derece
Kısaltmalar	Açıklama
Bp	: Baz çifti
DNA	: Deoksiribonükleik asit
dNTP	: Deoksinükleotid trifosfat
ITS	: Internal Transcribed Spacer (=genler arası bölge)
LB	: Luria Broth besi yeri
COI	: Mitochondrial cytochrome oxidase subunit I (=Mitokondriyal Sitokrom Oksidaz Altünite I)
PCR	: Polimerase Chain Reaction (=Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA (=Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA)
rDNA	: Ribizomal deoksiribonükleik asit
TAE	: Tris-Asetik asit- Etilendiamintetraasetik asit ve pH-8 olan tampon
28SD2	: 28S Domain 2
IPM	: Entegre Zararlı Yönetimi
AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism (=Amplifiye Edilmiş Parça Uzunluğu Polimorfizmleri)
SSR	: Mikrosatellit
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeat (=Basit Dizi Tekrarları Arası)
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism (=Tek Nükleotid Polimorfizmi)

1. GİRİŞ

Biyolojik mücadele, doğal düşmanların kullanımıyla tarımsal ürün zararlılarını kontrol etmenin bir yolu olarak kimyasal mücadelenin önemli bir alternatifidir. Pestisit kullanımını azaltarak ekosistem dengesini korur ve biyoçeşitliliği destekler. Ayrıca, bu yöntem tarımsal verimliliği artırarak gıda güvenliğine katkı sağlar. Biyolojik mücadele, predatörler, parazitoitler ve entomopatojenler gibi doğal düşmanların zararlı organizmalar üzerinde kullanılmasıyla gerçekleşir. Doğal düşmanların kullanımı, ekosistem dengesini sağlamada etkili olurken, zararlılara karşı direnç gelişimini de engelleyebilir. Tarımda bu yöntemlerin uygulanması, sürdürülebilir tarım uygulamalarının temel taşlarından biridir ve kimyasal bağımlılığı azaltarak çevre olan olumsuz etkileri minimize eder (Van Lenteren, 2012).

Doğal düşmanlar, biyolojik mücadele ajanları olarak bilinir ve bunların içerisinde parazitoidler en önemli gruplardan biridir. Bir biyolojik mücadele programı için en önemli evre uygun doğal düşmanın seçimi ve doğru tür tanımlamasıdır. Biyolojik mücadele kapsamında, uygulama bölgesindeki doğal düşmanlar korunabilir, artırılabilir veya uygulama alanına dışarıdan getirilebilir.

Hymenoptera takımının Chalcidoidea üstfamilyasına ait olan Trichogrammatidae, ilk kez 1865 yılında Arnold Foerster tarafından tanımlanmıştır. Bundan 50 yıl sonra Ashmead tarafından iki alt familyaya ayrılmıştır. Girault tarafından 1910 yılında familyaya ait cinsler ve türler özetlenmiş, 14 cins ve 32 tür daha bu familyaya eklenmiştir. Bu parazitoitler biyolojik mücadelede çok önemli rol oynamaktadır. Bu parazitik arılar özellikle tarımsal alanlarda zararlı böcek popülasyonlarına karşı çok etkili kontrol ajanlarından biridir. *Trichogramma* ise Trichogrammatidae'de bulunan 83 cins içerisinde en fazla tür çeşitliliğine sahip olan cinstir (Pinto, 2006). Biyolojik mücadelenin doğru ve kontrollü bir şekilde yapılabilmesi için doğal düşman türünün iyi belirlenmesi ve doğru seçilmesi gerekmektedir. Dolayısıyla, *Trichogramma* türleri kullanılacak bir biyolojik mücadele programında doğru türün belirlenmesi önemli bir aşamadır. Bununla birlikte bu parazitik arıların morfolojik teşhisleri küçük boyutları sebebiyle oldukça zordur. Ergin arıcıkların boyutu 0.3-1.2 mm civarındadır ve yumurta bırakma boruları olan ovipozitoru ile en fazla 1.8 mm boylarına ulaşabilmektedirler (Oztemiz ve ark., 2013).

Erginlerinin düşük sıcaklıklarda kahverengiden siyaha kadar değişen renkleri, yüksek ısılarda ise limon sarısı renklerinde görülmektedir. Baş kısımları vücut bölgelerine göre daha koyu renktedir. Erginler zar şeklinde iki çift kanada sahiptir. Arka

kanatlar; kısa, ince ve uzundur. Ön kanatları ise kenarlarında bir sıra şeklinde ince tüylere sahip ve iyi gelişmiştir. *Trichogramma* ergin bireylerinin beş segmentli ve vücut tabanına uygun renkte antenleri vardır (Sümer, 2009). Anten yapısı bakımından eşeyssel dimorfizm görülen bir cinstir. Dişilerde az sayıda kısa kıllara sahip antenleri varken, erkeklerde çok sayıda uzun kılları olan anten yapısı görülmektedir. Yumurtalar; uzunca, orta kısmı geniş, iki ucu yuvarlak şekilli ve yarı saydamdır. Pupaları serbest pupa iken, larvaları küresel ve silindirik bir yapıya sahiptir. *Trichogramma* türleri ergin olmadan önceki dönemlerini konukçusunun yumurtasında geçirdikleri için o dönemlerde çıplak gözle görülüp ayırt edebilmeleri mümkün değildir (Bueno ve ark., 2020).

Günümüzde teşhiste vücut rengi, kanat damarlanması ve anten özellikleri tür ayrımı açısından destekleyici karakterlerdir. Ancak bunlar tek başına yeterli değildir. Özellikle dişiler sadece bu özelliklere dayanarak aynı güvenilirlikte teşhis edilememektedir. Bu nedenle, teşhis için koleksiyonların erkek bireyleri içermesi gerekmektedir. Fiziksel karakteristikler, üreme uygunluğu ile ilgili çalışmalar ve üreme şekli, türlerin teşhisi için oldukça önemli sonuçlar sağlasa da türlerin taksonomisiyle ilgili tartışmalar hala devam etmektedir. Bununla beraber, bütün türlerin bu şekilde teşhisi kolay değildir. Erkek bireylerin bulunamaması durumunda üreme telitoki şeklinde gerçekleşir ve bu durumda *Trichogramma* türlerinin teşhisi zorlaşır. Bu sebeple kesin tür teşhisi için başka alternatif yöntemler gereklidir (Almeida ve Stouthamer, 2003).

Morfolojik özelliklerin tek başına bilinmesi teşhis konusunda yeterli olmadığından farklı yöntemler aranmış ve yakın taksonları ayırt edebilmek amacıyla biyokimyasal ve moleküler yöntemler geliştirilmiştir. Bu araştırmalardan yola çıkılarak *Trichogramma* türlerinin belirlenebilmesi için kullanılan yöntemlerden birisi enzimatik analiz olmuştur. İzoenzim analizleri, özellikle esteraz elektroforezi, *Trichogramma* cinsi içindeki varyasyonları belirlemek için kullanışlı bir yöntemdir (Smith & Hubbes 1986). Ancak, analizin doğru sonuçlar vermesi için örneğin taze ya da sıvı azot içinde saklanmış olması gerekmektedir ve tek bir izoenzim en fazla 2-5 farklı alleli ayırt edebilir. *Trichogramma* dişileriyle morfolojik teşhis yapılamadığından ve biyokimyasal analizlerde sınırlılıklar olduğundan, araştırmacılar bu sorunu çözmek için moleküler yöntemlere yönelmiştir. Böylece rDNA'nın ITS2 lokusuna dayalı dizi analizi tabanlı teknikler, *Trichogramma* teşhisinde etkili bir şekilde kullanılmaya başlanmıştır (Stouthamer ve ark., 1999).

Çok uzun zamandır *Trichogramma* türleri araştırmacılar tarafından üretimi yapılarak özellikle Lepidoptera zararlılarına karşı salımı yapılan ve etkinliği yüksek

görülen önemli bir yumurta parazitoitidir. Biyolojik mücadele stratejilerinin başarısı, büyük ölçüde kullanılan doğal düşmanın doğru biçimde tanımlanmasına bağlıdır. Çünkü doğal düşmanların görev aldığı biyolojik kontrol programlarında, hedef zararlıya en uygun türün seçilmesi, doğrudan saha başarısını ve zararlı popülasyonunun baskılanma düzeyini etkilemektedir. Özellikle *Trichogramma* cinsi, yumurta parazitoiti olarak kısa yaşam döngüsü, yüksek üreme kapasitesi ve kitlesel üretime uygunluğu sayesinde IPM programlarında öncelikli tercih edilen biyolojik mücadele ajanlarından biridir. Türkiye’de *Trichogramma* türleriyle ilgili sistematik, konukçu ilişkileri ve moleküler tanı yöntemlerine dair yapılan güncel araştırmalar, özellikle ITS2 gen bölgesinin tür düzeyinde doğru tanımlamada kullanılabilirliğini ortaya koymaktadır (Ercan ve ark., 2022, Ercan ve Öztemiz 2025).

Bu cinsin yüksek taksonomik çeşitliliği ve geniş konukçu aralığı, onu tarımsal zararlıların sürdürülebilir yönetimi açısından stratejik bir araç haline getirmektedir. Ancak, her *Trichogramma* türü belirli bir ekolojik niş içerisinde optimum başarı gösterdiğinden, kullanılacak türün hedef zararlıya, iklim koşullarına, tarımsal üretim sistemine ve kitle üretim potansiyeline uygun olarak seçilmesi gerekmektedir. Ayrıca türler arasında genetik varyasyonların bulunması, bazı tür veya ırkların belirli zararlılara karşı daha etkili adaptasyonlar geliştirebilmesini sağlamaktadır. Bu nedenle tür tayini yapılırken sadece morfolojik değil, moleküler düzeyde kesin tür teşhisleri, biyolojik mücadele uygulamalarının başarısını arttıran en temel faktörlerden biridir. *Trichogramma* cinsi, biyolojik mücadele programları kapsamında hem temel araştırmalar hem de uygulamalı entomoloji açısından büyük bir öneme sahiptir. Doğru tür seçimiyle desteklenen bu uygulamalar, pestisit kullanımını azaltarak çevresel sürdürülebilirliğe katkı sağlamakta ve agroekosistemlerin uzun vadeli dengesinin korunmasına yardımcı olmaktadır.

1.1. Amaç

Bu çalışmada, önemli bir tarımsal zararlı olan *O. nubilalis* (mısır kurdu)’in yumurtalarını parazitleyen *Trichogramma* türlerinin moleküler yöntemlerle tanımlanması amaçlanmıştır. *O. nubilalis*, özellikle mısır, ayçiçeği ve darı gibi önemli kültür bitkilerinde ciddi ekonomik zararlara yol açmakta ve bu nedenle entegre zararlı yönetim programlarında öncelikli kontrol hedeflerinden biri olarak değerlendirilmektedir (Meissle ve ark., 2010). Biyolojik mücadele ajanlarından biri olan *Trichogramma* türlerinin *O. nubilalis* yumurtalarına yönelik etkinliği, mücadele kapsamında büyük bir potansiyel

sunmaktadır. Ancak, bu potansiyelin etkin şekilde deęerlendirilebilmesi iin sahada bulunan parazitoit trlerinin doęru ve hassas bir ekilde tanımlanması gereklidir. Bu baęlamda, rDNA'nın ITS2 gen blgesine dayalı dizi analizleri kullanılarak gerekleřtirilen molekler teřhis, morfolojik olarak ayırt edilmesi g olan *Trichogramma* trlerinin gvenilir ve doęru ekilde tanımlanmasına olanak tanımaktadır. Ayrıca bu alıřma, Kalecik ilesi mısır retim alanlarında doęal olarak bulunan parazitoit trlerinin belirlenmesi ve gelecekteki biyolojik mcadele uygulamalarına temel oluřturması bakımından nemli bir ilk adım nitelięindedir.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. Genel Bilgiler

2.1.1. *Ostrinia nubilalis* (Mısır Kurdu)

Ostrinia nubilalis (Lepidoptera: Crambidae), dünya genelinde mısır (*Zea mays* L.) başta olmak üzere birçok kültür bitkisinde önemli ekonomik kayıplara neden olan, yaygın ve polifag bir zararlıdır. Tür, özellikle Kuzey Amerika, Avrupa ve Asya'nın ılıman bölgelerinde geniş bir yayılım göstermekte olup, tarımsal ekosistemlerde anahtar zararlılardan biri olarak kabul edilmektedir (Kadzamira ve ark., 2022). Zararlıının biyolojisi çevresel koşullara güçlü biçimde bağlıdır. *O. nubilalis* yılda birden fazla döl verebilmekte; döl sayısı sıcaklık, fotoperiyot ve rakıma göre değişiklik göstermektedir. Dişiler yumurtalarını genellikle mısır yapraklarının alt yüzeyine kümeler halinde bırakır. Yumurtadan çıkan larvalar kısa sürede bitki dokusuna girerek sap, koçan ve püskül gibi kısımlarda beslenir. Bu beslenme davranışı bitkide mekanik zayıflamaya, iletim dokularının zarar görmesine ve ikincil patojen enfeksiyonlarına zemin hazırlamaktadır (Mason ve ark., 2018). Mısır kurdu larvalarının bitki içerisinde gizli yaşam sürmesi, kimyasal mücadeleyi zorlaştıran en önemli faktörlerden biridir. Özellikle larvaların sap içine girmesinden sonra uygulanan insektisitlerin etkinliği ciddi oranda düşmektedir. Bu durum, biyolojik mücadele etmenlerinin, özellikle yumurta parazitoitlerinin önemini artırmaktadır. Ekolojik açıdan *O. nubilalis*, farklı mısır ekotiplerine ve konukçu bitkilere uyum sağlayabilen genetik varyasyonlar sergilemektedir. Bu durum, zararlıının popülasyon dinamiklerinin bölgesel ölçekte değişmesine ve mücadele stratejilerinin lokal olarak planlanması gerekliliğine işaret etmektedir. Son yıllarda yapılan çalışmalar, *O. nubilalis*'in iklim değişikliğine bağlı olarak yayılım alanını genişletebileceğini ve daha yüksek rakımlarda dahi ekonomik zarar seviyelerine ulaşabileceğini göstermektedir. Bu bağlamda, sürdürülebilir mücadele yaklaşımlarının geliştirilmesi ve özellikle biyolojik mücadele programlarının desteklenmesi büyük önem taşımaktadır (Dopman ve ark., 2010).

Ostrinia nubilalis'in tarımsal ekosistemlerde yumurta döneminde parazitlenmesi, biyolojik mücadele stratejileri açısından kritik bir öneme sahiptir. Bu bağlamda *Trichogramma* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) türleri, *O. nubilalis* yumurtalarına karşı yaygın olarak kullanılan ve etkinliği kanıtlanmış yumurta parazitoitleri arasında yer almaktadır. Dişi *Trichogramma* bireyleri, konukçu yumurtasını ovipozitörleri aracılığıyla parazitleyerek embriyonik gelişimi engellemekte ve zararlıının bitki dokusuna girmeden

baskılanmasını sağlamaktadır. Bu erken dönem müdahale, *O. nubilalis* larvalarının sap ve koçan içine girerek kimyasal mücadeleden kaçınmasını önlemesi bakımından büyük avantaj sunmaktadır (Smith, 1996). Bu nedenle, *O. nubilalis*'e karşı *Trichogramma* temelli biyolojik mücadele programlarının, bölgesel ekolojik koşullar ve hedef zararlının fenolojisi dikkate alınarak planlanması gerekmektedir.

2.1.2. Trichogrammatidae

Trichogrammatidae familyası, Hymenoptera takımının Chalcidoidea üst familyasında yer alan ve parazitik yaşam tarzı benimsemiş çok küçük boyutlu arıların oluşturduğu önemli bir gruptur (Pinto, 2006). Familya, taksonomik açıdan ilk kez Foerster (1865) tarafından tanımlanmış olup, sonrasında sistematik çalışmaların yoğunlaşmasıyla Ashmead (1904) tarafından iki alt familyaya ayrılmıştır. Bu ayırım, morfolojik ve biyolojik karakteristiklerin detaylı incelenmesine dayanmakta ve Trichogrammatidae'nin taksonomik yapısına temel oluşturmaktadır. Familya, morfolojik olarak Eulophidae familyası ile bazı benzerlikler taşısa da, filogenetik olarak daha genç bir soy olduğu düşünülmektedir. Özellikle eşeyssel dimorfizm ve partenogenez gibi evrimsel gelişmeler bakımından önemli adaptasyonlar sergilemesi, bu gurubun uzun ve karmaşık bir evrimsel geçmişe sahip olduğunu göstermektedir (Gibson, 1997).

Trichogramma (Hymenoptera: Trichogrammatidae) türleri, çok küçük vücut boyutları ve türler arası yüksek morfolojik benzerlik nedeniyle teşhisi zor olan yumurta parazitoitleridir. Dişi bireyler genellikle erkeklere kıyasla daha iri bir vücut yapısına sahiptir. Erkek bireylerde antenlerin flagellum segmentleri daha uzun olup, feromon algısında görev alan sensilla sayısı daha fazladır. Erkek genital kapsülünün şekli, aedeagus ve paramerlerin morfolojisi türler arasında anlamlı farklılıklar göstermekte ve bu yapılar tür teşhisinde temel taksonomik karakterler olarak kullanılmaktadır. Buna karşılık, dişi genital yapılar sınırlı varyasyon gösterdiğinden yalnızca dişi bireylere dayalı morfolojik teşhis çoğu zaman yetersiz kalmaktadır. Kanatlar her iki eşeyde de dar ve az damarlaşmaya sahip olup, vücut rengi genellikle açık sarıdan kahverengiye kadar değişmektedir. Ancak bu karakterlerin tür ve eşey ayırımındaki tanısal değeri sınırlıdır. Ayrıca konak yumurta büyüklüğü ve çevresel koşullar, bireylerin morfolojik özelliklerinde önemli varyasyonlara neden olabilmektedir (Bernardo ve ark., 2018). Bu nedenlerle, *Trichogramma* türlerinin güvenilir teşhisi için erkek genital morfolojisine dayalı klasik yaklaşımların moleküler yöntemlerle birlikte kullanılması önerilmektedir (Sümer, 2009).

Bugüne kadar familyaya ait herhangi bir fosil türü keşfedilmemiştir. Bunun temel nedeni, türlerin ortalama boyutlarının 0.2–1 mm arasında değişmesi ve bu küçüklüğün fosilleşme olasılığını azaltmasıdır. Trichogrammatidae üzerine yapılan ilk kapsamlı taksonomik çalışma, 1910 yılında Girault tarafından gerçekleştirilmiştir; bu çalışmada 14 cins ve 32 tür familyaya dahil edilmiştir. Ancak devam eden sistematik analizlerde bazı cinsler (örneğin *Pentharthron* Riley ve *Westwoodella* Ashmead) sinonim kabul edilmiştir. Ayrıca 15 cins ve 20 yeni türün daha eklenmesiyle familya genişlemiştir. Bunu takiben, Perkins tarafından 3 yeni tür, Girault tarafından ise 3 yeni cins ve 24 tür daha tanımlanmıştır. Böylece 1911 yılı itibarıyla Trichogrammatidae familyası 30 cins ve yaklaşık 75 tür içerecek şekilde genişlemiştir (Girault, 1911). Girault'un sınıflandırması, özellikle dişi bireylerin anten segmentleri, kanat damarlanması ve genital yapılarına dayandırılmıştır. Bu çalışma, familyanın taksonomik tanımlamasında dönemin en önemli referanslarından biri olmuştur. Daha sonra, Doutt ve Viggiani (1968) tarafından familyaya yönelik yapılan kapsamlı bir sistematik çalışma, tip türlerin yeniden gözden geçirilmesini sağlamış, sinonim ilişkileri ortaya konmuş ve familya için detaylı bir teşhis anahtarı hazırlanmıştır. Bu çalışmayı takiben Viggiani tarafından geliştirilen sistematik sınıflandırma ile familya iki ana alt familyaya ayrılmıştır: Trichogrammatinae; *Trichogrammatini* ve *Paracentrobini*, Oligositinae; *Oligositini* ve *Chaetostrichini* (Sümer, 2009).

Trichogrammatidae sistematigi üzerine yapılan ilk ayrıntılı sınıflandırmalardan biri, erkek bireylerin genital kapsül morfolojisine dayanılarak önerilmiştir. Ancak bu yaklaşım, erkek bireyleri bilinmeyen bazı cinsler (örneğin *Xenufens*) için yetersiz kalmakta ve bu nedenle tüm familyayı kapsama açısından sınırlı güvenilirlik taşımaktadır (Pinto, 2006). Alternatif olarak, Girault (1918) sınıflandırmayı anten morfolojisine dayandırmıştır; bu yaklaşım özellikle Trichogrammatinae alt familyasında bulunan, Lathromerinae'de olmayan funikulus segmentlerine odaklanmıştır. Her iki sistematik düzenleme de monotetik karakterlere dayanmakta olup, kapsamlı bir revizyon için morfolojik karakterlerin yanı sıra moleküler verilerin de değerlendirilmesi gerekliliği ortaya konmuştur (Pinto, 2006).

Pinto'nun daha güncel sınıflandırma önerisine göre Trichogrammatidae familyası iki alt familyaya ayrılmaktadır: Trichogrammatinae, yalnızca *Trichogrammatini*'yi içerirken; Oligositinae, *Paracentrobini*, *Chaetostrichini* ve *Oligositini*'yi kapsamaktadır. Pinto aynı zamanda familyaya *Adelogramma*, *Pseuduscaua*, *Thanatogramma* ve *Viggianiella* olmak üzere dört yeni cins kazandırmıştır (Pinto, 2006). 1968 yılından

günümüze kadar birçok yeni cins tanımlanmış olsa da, familyadaki taksonomik çeşitlilik halen büyük ölçüde açıklığa kavuşturulamamıştır. Mevcut literatürde yalnızca birkaç cins üzerine detaylı çalışmalar yapılmış ancak hiçbir cins tam anlamıyla kapsamlı bir revizyondan geçmemiştir (Yousuf ve Shafee, 1987).

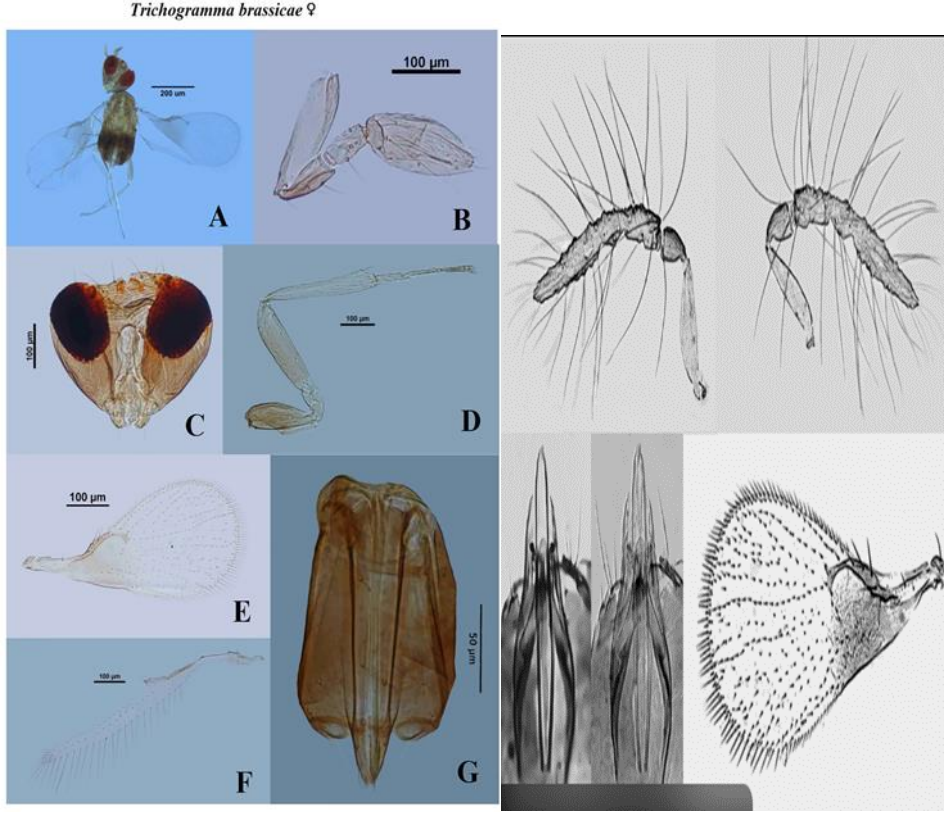
Bu eksikliklerin temel nedeni, Trichogrammatidae türlerinin mikroskobik boyutları nedeniyle yeterli koleksiyon materyali toplanamaması ve özellikle tropikal kuşaklarda yetersiz örnekleme yapılmış olmasıdır. Ayrıca birçok cinsin diğerlerinden türevlenmiş olduğu ve taksonomik olarak muhtemel sinonim oldukları ileri sürülmektedir (Polaszek, 2010). Bu durum familyadaki taksonomik karmaşıklığı daha da artırmaktadır.

Buna karşın, familya içinde yalnızca 14 cinsin ondan fazla tür içerdiği tespit edilmiştir. Bu gruplar arasında en geniş tür sayısına sahip iki büyük cins öne çıkmaktadır: *Trichogramma* ve *Oligosita* (Polaszek, 2010). Bu iki cins hem taksonomik zenginlikleri hem de özellikle biyolojik mücadele programlarındaki rolleri açısından yoğun olarak çalışılmıştır. *Trichogramma* cinsi, tarımsal zararlılarla mücadelede yaygın olarak kullanılan yumurta parazitoitleri arasında yer almakta ve dünya genelinde birçok biyolojik mücadele programının temelini oluşturmaktadır (Smith, 1996).

Trichogramma cinsinin biyocoğrafik yayılımı, Yousuf ve Shafee (1987) tarafından detaylandırılmıştır. *Trichogrammatoidea* dışındaki büyük cinslerin çoğu kozmopolit dağılım göstermektedir. Aynı zamanda pek çok küçük cins de geniş bir coğrafyada temsil edilmektedir (Pinto, 2006).

Taksonomik teşhis açısından Trichogrammatidae familyasının üyeleri genel olarak aşağıdaki morfolojik özelliklerle tanımlanır, bazı morfolojik özelliklerine ait görsel Şekil 2.1’de verilmiştir.

- Vücut uzunluğu genellikle 0.3–1.2 mm arasında, ovipositor ile bu uzunluk 1.8 mm’ye kadar ulaşabilir.
- Renkleri genellikle metalik olmayan, soluk sarımsı tonlardadır.
- Anten yapılarında funikulus segment sayısı 2’yi geçmez, tarsi ise 3 segmentlidir.
- Yumurtalarını doğrudan konukçuların yumurtalarına bırakan primer parazitoit türlerdir (Doutt ve Viggiani, 1968).



Şekil 2.1. *Trichogramma* örneklerinin teşhisinde kullanılan bazı morfolojik karakterler. (Khan ve ark., 2020)

Familya bugün itibariyle yaklaşık 83 cins ve 839 tür içermektedir. Tüm üyeleri böcek yumurtalarında parazitoitlik yaparken, istisnai olarak *Lathromeris* ve *Oligosita* türleri, Diptera takımı üyelerinin larvalarında da parazitoit olarak gelişebilmektedir.

Trichogramma'ya ait türler, biyolojik mücadele uygulamalarında en yaygın kullanılan yumurta parazitoitleri arasında yer almaktadır. Bu küçük arılar özellikle Lepidoptera takımına ait güve ve kelebeklerin yumurtalarını hedef alarak parazitlerler. Parazitizm süreci, dişi bireyin ovipositoru aracılığıyla kendi yumurtasını doğrudan konukçu yumurtası içine bırakmasıyla başlar. Bu işlem sonucunda, konukçu organizmanın embriyonal gelişimi durdurulurken, *Trichogramma*'nın larvası yumurta içinde beslenmeye başlar ve gelişimini burada tamamlar (Smith, 1996; Hassan, 1993). Konukçu yumurtasının dış yüzeyi olan korion, parazitlenmenin yaklaşık 24–48 saat sonrasında tipik olarak koyu kahverengi ya da siyahımsı bir renk alır. Bu renk değişimi, *Trichogramma* larvasının prepupa evresine geçtiğini gösteren morfolojik bir göstergedir ve sahadaki gözlemlerde yaygın olarak parazitlenme düzeyini belirlemek için kullanılır (Zhang ve ark., 2023). Her bir dişi *Trichogramma* bireyi, yaşam süresi boyunca ortalama 80–120 konukçu yumurtasını parazitleyebilir; bu sayı tür, çevresel koşullar ve besin

bulunabilirliđi gibi faktörlere bađlı olarak deđiřkenlik gösterebilir. Parazitizm sırasında yalnızca yumurtaya yerleřtirilen larvalar deđil, aynı zamanda eriřkin diřiler de konukçu yumurtasını beslenme amacıyla delip tahrip edebilir; bu durum konukçu popülasyonlarının baskılanmasında önemli rol oynar (Hassan, 1993; Consoli ve ark., 2010).

Trichogramma türlerinin biyolojik yařam döngüsü oldukça kısadır. Optimal kořullar altında gelişim süresi genellikle 8–10 gün arasında tamamlanır. Yumurtadan çıkan eriřkin bireyler kısa sürede çiftleřir ve yeni yumurtalara yönelerek populasyon artışı hızla sürdürebilirler. Bu hızlı döngü, özellikle entegre zararlı yönetimi (IPM) uygulamalarında kısa sürede etkili sonuçlar elde edilmesine olanak sađlar (Consoli ve ark., 2010). Bu cinsin üyeleri insanlara, evcil hayvanlara veya tarımsal ürünlere doğrudan herhangi bir zarar vermezler, bu da onları ekolojik olarak güvenli biyolojik mücadele ajanları haline getirir. Ek olarak, *Trichogramma* türleri üzerinde yapılan fizyolojik çalışmaları, bu arıların pro-ovijenik olduklarını, yani yumurtadan çıktıktan hemen sonra maksimum yumurta üretim kapasitesine ulařtıklarını göstermiştir. Dolayısıyla eriřkin bireylerin ilk 24 saati, üreme açısından son derece kritiktir (Zhang ve ark., 2021). Besin desteđi (örneğin bal veya řeker çözeltilisi) bulunmadığında eriřkinlerin ömür uzunluđu anlamlı düzeyde azalır; bu nedenle saha uygulamalarında besin kaynaklarının sađlanması, parazitoit performansını önemli ölçüde artırabilir. *Trichogramma* türlerinin kullanımında başarı, konukçu-yumurta uygunluđu, çevresel faktörler (sıcaklık, nem, ışık), serbest bırakma zamanı ve miktarı gibi birçok biyotik ve abiyotik faktöre bađlıdır. Bununla birlikte, farklı *Trichogramma* türleri arasında konukçu seçiciliđi ve davranıřsal özellikler bakımından önemli farklılıklar bulunduđu da bildirilmektedir (Hassan, 1993; Desneux ve ark., 2007). Bu bağlamda, sahaya salınmadan önce uygun tür-seçimi yapılması ve yerel kořullara adaptasyonu test edilmiş populasyonların kullanılması önerilmektedir.

2.1.3. Moleküler sistematik ve moleküler belirteçlerin kullanımı

Sistematik, organizmaların çeřitliliđini tanımlayan, bu çeřitliliđi sınıflandıran ve aralarındaki evrimsel iliřkileri anlamaya yönelik bilimsel bir disiplindir. Bu bağlamda sistematik; türlerin tanımlanması, adlandırılması, sınıflandırılması ve iliřkisel olarak gruplanmasını kapsayan daha geniř bir çerçevedir. Taksonomi ise sistematığın temel taşlarından biridir ve esas olarak organizmaların teorik ve pratik sınıflandırma ilkeleri üzerinde yoğunlařır. Her ne kadar bu iki terim sıklıkla birbirinin yerine kullanılsa da,

taksonomi genellikle sınıflama sürecinin normatif ve uygulamalı yönünü, sistematik ise bu sınıflandırmaların filogenetik temelleri ile ilişkisini temsil eder.

Sistematik biliminde temel amaçlardan biri, organizmaların doğru şekilde karakterize edilmesi ve bu karakterlere dayalı olarak güvenilir bir sınıflandırma sistemi oluşturulmasıdır. Doğru tanımlanmış taksonomik gruplar, hem biyolojik verilerin tutarlı şekilde organize edilmesini hem de tanılama süreçlerinde kullanılacak teşhis anahtarlarının oluşturulmasını mümkün kılar (Dayrat, 2005). Ayrıca bu gruplar, evrimsel, ekolojik ve genetik araştırmalar için çerçeve sunar.

Son yıllarda, moleküler tekniklerin gelişmesi, türlerin evrimsel geçmişinin ve filogenetik ilişkilerinin aydınlatılmasında devrim yaratmıştır. DNA dizileme teknolojilerindeki ilerlemeler, artık türler arası farklılıkların yalnızca morfolojik karakterlere değil, doğrudan genomik düzeydeki verilere göre de değerlendirilmesine olanak sağlamaktadır (Hebert ve ark., 2003). Bu gelişmeler sayesinde birçok taksonun evrimsel pozisyonu yeniden ele alınmış ve bazı geleneksel sınıflandırmalar revize edilmiştir.

Organizmalar arası DNA benzerlikleri, filogenetik analizlerde temel veri kaynağını oluşturur. Yakın akraba türler yüksek oranda DNA benzerliği gösterirken, uzak akrabalık ilişkisine sahip türler arasında bu benzerlik oranı belirgin şekilde düşüktür. Örneğin, aynı cins içinde yer alan türlerin belirli gen bölgelerinde %90'ların üzerinde benzerlik göstermesi olağan iken, farklı familyalardan türlerde bu oran %50'nin altına ineabilmektedir (Avisé, 2004). Bu tür karşılaştırmalarda sıklıkla COI (sitokrom oksidaz I), 18S rRNA, ITS ve 28S rDNA gibi genetik bölgeler kullanılmaktadır ve bunların her biri farklı taksonomik seviyelere duyarlıdır (Kress ve ark., 2015).

Bu DNA bölgeleri bazen dizilim farklılıklarıyla, bazen de gen uzunluklarındaki varyasyonlarla tür ayırımına olanak sağlar. Özellikle DNA barkodlama yaklaşımı, kısa bir genetik dizinin tür tayininde etkin bir şekilde kullanılmasına imkân tanımıştır. Bu yöntem, hızlı ve güvenilir tür teşhisi yapabilme avantajı sayesinde hem klasik taksonomiye destek sunmakta hem de kriptik türlerin ortaya çıkarılmasında kullanılmaktadır (Hebert ve ark., 2003).

Filogeni, yani türler arası evrimsel ilişki haritası, bu moleküler verilerin matematiksel ve istatistiksel yöntemlerle analiz edilmesiyle elde edilmektedir. Bu amaçla DNA dizileri hizalanmakta (alignment) ve her bir karakter pozisyonu üzerinden benzerlik oranları hesaplanmaktadır. Elde edilen veriler, filogenetik ağaçlar biçiminde görselleştirilerek taksonlar arasındaki varsayımsal evrimsel yol ayrımları ortaya

konmaktadır. Bu analizlerde sıklıkla Neighbor-Joining, Maximum Parsimony, Maximum Likelihood ve Bayesyen İnfersans gibi yöntemlerden yararlanır. Bu süreçlerde *MEGA*, *BioEdit*, *PAUP*, *MrBayes*, *RAxML** gibi yazılımlar aktif şekilde kullanılmaktadır (Hall, 2004). Filogenetik ağaçların yönlendirilmesi için ise genellikle gruba ait olmayan, outgroup adı verilen bir referans takson seçilir. Bu takson, grubun evrimsel başlangıç noktası hakkında bilgi verir ve ağacın doğru şekilde köklenmesini sağlar.

Moleküler sistematik çalışmalardaki temel hedefler arasında; hedef popülasyonların yapısının netleştirilmesi, tür sınırlarının belirlenmesi, türler arası ve tür içi genetik farklılıkların analiz edilmesi yer alır. Bu analizler için kullanılan moleküler belirteçler, organizmaların genomlarında doğal olarak meydana gelen nükleotid polimorfizmlerine dayanmaktadır. Bu polimorfizmler, türler arasındaki evrimsel ayrışmanın izlerini taşır ve genetik çeşitliliğin nicel olarak ölçülmesini mümkün kılar. Günümüzde yaygın olarak kullanılan moleküler belirteç sistemleri arasında SSR, AFLP, RAPD, SNP ve ISSR gibi yöntemler yer almaktadır. Bu belirteçler hem evrimsel ilişkilerin aydınlatılmasında hem de tarımsal, ekolojik ve koruma biyolojisi uygulamalarında genetik farklılıkların değerlendirilmesinde oldukça değerli araçlardır (Avice, 2004).

Böceklerin olağanüstü morfolojik ve ekolojik çeşitliliği, evrimsel biyoloji ve genetik alanlarında önemli bir araştırma nesnesi olarak öne çıkmalarına neden olmuştur. Bu çeşitliliğin çözümlenmesine yönelik ilk girişimler, klasik genetik yaklaşımlar çerçevesinde şekillenmiş, özellikle göz rengi, kılların yoğunluğu ve yeri, kanat morfolojisi ve anten yapıları gibi kolayca gözlemlenebilir fenotipik karakterler, böceklerin kalıtsal özelliklerini ve davranışsal varyasyonlarını anlamada birincil belirteçler olarak değerlendirilmiştir (Sollai ve Solari, 2022).

Ancak fenotipik belirteçlerin uygulanabilirliği, bazı temel sınırlılıklarla sahiptir. Özellikle fenotiplerin çevresel faktörlere duyarlılığı, nadir gözlenmeleri ve laboratuvar koşullarında kontrollü mutasyon üretiminin zorluğu, bu belirteçlerin popülasyon genetiği çalışmalarında yaygın ve hassas kullanılmasını güçleştirmiştir. Ayrıca, haritalama çalışmaları için yeterli fenotipik çeşitliliğin sağlanamaması, genetik düzeyde daha kesin ve tekrarlanabilir verilerin aranmasına yol açmıştır (Avice, 2004).

Bu bağlamda, biyokimyasal belirteç sistemleri, özellikle izoenzim analizleri, DNA teknolojilerinin yaygınlaşmasından önceki dönemde popülasyon düzeyinde genetik çeşitliliğin incelenmesinde etkili bir araç olarak kullanılmıştır. İzoenzimler, genetik olarak kodlanan fakat farklı alleller tarafından kontrol edilen, aynı biyolojik işlevi

sürdüren ancak elektroforetik hareketlilikleri farklı olan protein varyantlarıdır. Elektroforez teknikleri aracılığıyla bu izoenzimlerin bant desenleri çözümlenerek, bir popülasyon içerisindeki heterozigotluk düzeyi, allel frekansları ve genetik uzaklık gibi parametreler hesaplanabilmektedir (Nei, 1972).

Her ne kadar izoenzimler, erken dönemlerde entomolojik taksonomi ve popülasyon genetiğinde geniş uygulama alanı bulmuş olsa da DNA düzeyinde gerçekleştirilen analizlerin yüksek çözünürlüğü, bu belirteçlerin yerini büyük oranda DNA tabanlı moleküler belirteç sistemlerine bırakmasına neden olmuştur. Zira DNA, fenotipik ve proteomik yapılara kıyasla daha stabil, her dokudan izole edilebilir ve çok sayıda nükleotid düzeyinde varyasyon barındırabilir (Avisé, 2004).

Geliştirilen moleküler belirteç sistemleri; SNPs, SSR, RAPD, AFLP ve spesifik-PCR teknikleri gibi çok çeşitli ve yüksek çözünürlüklü analizler sunmaktadır. Bu belirteçler, böceklerde tür tanımlama, filogenetik analiz, popülasyon yapısı çözümlemesi, adaptif evrim çalışmaları ve hatta davranışsal ekolojinin moleküler düzeyde değerlendirilmesinde kullanılmaktadır (Behura ve ark., 2011).

Özellikle RAPD-PCR tekniği, bilinen dizi bilgisine ihtiyaç duymadan birçok DNA bölgesinin aynı anda çoğaltılmasına olanak tanımakta ve türler arası karşılaştırmalarda hızlı bir yöntem sunmaktadır. Ancak RAPD, düşük tekrarlanabilirliği nedeniyle taksonomik düzeyde hassas ayrımların yapılması gereken çalışmalarda sınırlı kullanım alanına sahiptir. Buna karşın, spesifik (targeted) PCR teknikleri, belirli gen bölgelerine yönelik yüksek özgüllükte primerler ile çalışılarak yüksek düzeyde güvenilir, tekrarlanabilir ve hızlı sonuçlar üretmektedir. Bu teknik, özellikle biyolojik mücadele ajanlarının (parazitoit ve predatörlerin) teşhisinde yaygın bir biçimde kullanılmaktadır (Jurado-Rivera ve ark., 2009).

Böceklerde parazitizm oranlarının belirlenmesi gibi zorlayıcı ekolojik çalışmalarda, genetik belirteçler morfolojik benzerliklerin aşılmasında kritik bir rol üstlenmektedir. Özellikle parazitik Hymenoptera gibi küçük ve morfolojik olarak ayrımı zor tür gruplarında, izoenzim profillemeye ya da nükleik asit tabanlı yaklaşımlar, popülasyonlar arası farklılıkların ve tür içi varyasyonun değerlendirilmesini mümkün kılmıştır (Pinto ve Stouthamer, 1994).

Son yıllarda entomolojide moleküler verilerin kullanımı, yalnızca taksonomik sınıflandırmalarla sınırlı kalmamış; aynı zamanda filogenetik ağacın yeniden yapılandırılması, popülasyonların genetik izlenebilirliği, türler arası gen akışı ve habitat bağlantısallığı gibi konulara da katkı sağlamıştır. Moleküler verilerin sunduğu yüksek

çözünürlük, klasik yöntemlerle gözden kaçan kriptik türlerin teşhisini ve evrimsel süreçlerin daha derinlemesine anlaşılmasını mümkün kılmaktadır (Packer ve ark., 2009).

2.1.4. *Trichogramma*'nın sistematığında kullanılan karakterler

Taksonomik karakterler, biyolojik taksonların birbirinden ayırt edilmesini mümkün kılan özellikler bütünüdür ve bu özellikler morfolojik, fizyolojik, moleküler, ekolojik, davranışsal ve üreme biyolojisi gibi çok boyutlu kategorilere ayrılır. Günümüzde sadece dış görünüme dayalı sınıflandırmalar yerini, çok katmanlı veri setlerinin bir arada analiz edildiği entegre taksonomiye bırakmaktadır (Padial ve ark., 2010). Bu kapsamda, farklı veri türlerinin (morfometrik ölçümler, moleküler dizilimler, ekolojik uyumlar) birlikte değerlendirilmesi türlerin doğru tanımlanması ve evrimsel ilişkilerin çözülmesinde kritik öneme sahiptir (Padial ve ark., 2010).

Trichogramma cinsi, küçük boyutları ve morfolojik benzerliklerinin fazlalığı nedeniyle tür teşhisinde zorluk yaşanan önemli biyolojik mücadele ajanlarıdır. Özellikle doğada genellikle yalnızca dişi bireylerin gözlemlenmesi, erkek genital morfolojisi esaslı geleneksel tanımlamaların uygulanabilirliğini kısıtlamaktadır. Ayrıca, çevresel değişkenlerin fenotipi belirgin biçimde etkilediği bu grupta, klasik morfolojik karakterlerin güvenilirliği azalmaktadır. Bu durum, *Trichogramma* türlerinin sistematik çalışmalarında çoklu karakter setlerinin ve moleküler araçların entegrasyonunu zorunlu kılmıştır (Oztemiz ve ark., 2013).

Erken dönem sınıflandırmalarda anten ve kanat yapısındaki mikromorfolojik özellikler ile erkek üreme organlarının morfolojik detayları temel alınmıştır. Ancak bu morfolojik karakterlerin yüksek derecede plastisite göstermesi, sınıflandırmanın kesinliğini düşürmüştür. Bu tür mikromorfolojik belirteçler, özellikle moleküler verilerle desteklendiğinde teşhis doğruluğunu artırmaktadır. Morfometrik analizler, *Trichogramma* içindeki yakın türlerin ayırımında sınırlı kalmakta, bazı tür çiftlerinin sinonimleştirilmesine neden olmaktadır (Rohi ve Pintureau, 2003). Rohi ve Pintureau'nun (2003) rapor ettiği gibi, *T. bourarachae* ve *T. buesi* gibi türler arasındaki farklılıklar, yalnızca birkaç morfometrik parametreye dayandığında belirsizdir. Bu, moleküler tekniklerin zorunlu tamamlayıcı araç olduğunu ortaya koymaktadır. Günümüzde, mitokondriyal COI gen dizilemesi ve nükleer DNA işaretleyicilerinin kullanımı, kriptik türlerin keşfedilmesinde ve filogenetik analizlerde standart yöntemler haline gelmiştir (Hebert ve ark., 2003).

Querino ve Zucchi (2019) tarafından yapılan çalışmada, Güney Amerika'da 43 *Trichogramma* türü için tanımlanmış, konukçular ve dağılımları içeren bir kontrol listesi sunulmuştur. Ayrıca, Güney Amerika türlerinin tanımlanması için erkek bireylerin dış morfolojisi ve genital yapısı temel alınarak bir tanı anahtarı verilmiştir. Bu çalışmada *T. koehleri* Blanchard, şüpheli tür olarak sınıflandırılmıştır. Ayrıca, Owen ve Pinto (2004) yeni bir cins olan *Pachamama*'yı anten ve kanat morfolojisindeki özgün yapısal farklılıklar üzerinden tanımlamış, bu bulgu biyolojik mücadelede yeni potansiyel ajanların keşfi açısından önemlidir.

Çevresel faktörlerin morfolojik karakterler üzerindeki etkisi, özellikle pigmentasyon, seta uzunluğu ve kanat kenar yapılarında belirgindir. Firake ve Khan (2014), farklı konukçularda yetiştirilen *Trichogramma* populasyonlarında gözlenen morfolojik varyasyonların büyük oranda sıcaklık ve nem gibi çevresel koşullara bağlı olduğunu göstermiştir. Bu durum, taksonomik çalışmaların karşılaştırılabilirliği için standart laboratuvar koşullarının ve homojen konukçu seçiminin zorunluluğunu ortaya koymaktadır.

Son yıllarda, entegre taksonomi yaklaşımları, klasik morfolojik yöntemlerle moleküler ve ekolojik verilerin birlikte analiz edilmesini önermekte; bu yaklaşım *Trichogramma* gibi kompleks tür gruplarında tanımlama hatalarını minimize etmektedir (Dayrat, 2005). Ayrıca, genomik düzeyde uygulanan yöntemler ile tür içi ve türler arası genetik varyasyonlar yüksek çözünürlükle ortaya konmakta, bu da evrimsel ilişkilerin ve biyolojik mücadele ajanlarının biyolojik çeşitliliğinin daha iyi anlaşılmasını sağlamaktadır. *Trichogramma*, morfolojik olarak yüksek benzerlik gösteren ve tür düzeyinde ayırt edilmesi oldukça güç olan yumurta parazitoitlerinden oluşur. Bu zorluk, özellikle biyolojik mücadele uygulamalarında doğru türün hedefe yönelik olarak kullanılmasını engelleyen ciddi bir sınıflandırma problemi yaratmaktadır. Geleneksel morfolojik tanımlama yöntemlerinin yetersiz kaldığı durumlarda, moleküler taksonomi yöntemleri kritik öneme sahiptir.

İlk moleküler ayrımlar, izoenzim temelli tekniklere dayansa da, bu yöntemlerin sınırlı polimorfizm düzeyi ve numune saklama koşullarına duyarlılığı kullanım alanlarını daraltmıştır. Örneğin, esteraz elektroforezi, bazı *Trichogramma* türlerinin ayırımında kısmi başarı sağlamış olsa da, esteraz lokusundaki düşük varyasyon seviyesi nedeniyle yalnızca belirli birkaç türün ayırımını mümkün kılabilmektedir (Sümer ve ark., 2008). Ayrıca, enzimlerin biyokimyasal stabilitesinin sağlanabilmesi için örneklerin taze olması

veya -70°C 'de muhafaza edilmesi gerekliliđi, bu yöntemin pratik kullanımını kısıtlamaktadır.

Bu nedenlerle, arařtırmacılar daha yüksek çözünürlük ve uygulama kolaylıđı sunan DNA temelli moleküler belirteçlere yönelmiştir. Günümüzde *Trichogramma* türlerinin teşhisinde yaygın olarak kullanılan moleküler yaklaşımlar arasında RAPD, COI mikrosatellit belirteçler ve ribozomal DNA'nın Internal Transcribed Spacer (ITS) bölgeleri öne çıkmaktadır. Bu belirteçlerin her biri, spesifik arařtırma amacına ve analiz düzeyine göre avantaj ve sınırlılıklar içermektedir. Özellikle mtDNA kökenli COI geni, "DNA barkodlama" yönteminde standardize edilmiş bir bölge olarak, tür düzeyinde ayırt edici tanımlamaların yapılmasında kullanılmaktadır. ITS2 bölgesi hem filogenetik analizlerde hem de tür teşhisinde yaygın olarak kullanılan, tür içi korunmuş dizilere sahip olması nedeniyle PCR tabanlı teşhislerde oldukça güvenilir bir hedef bölgedir (Stouthamer ve ark., 1999).

Moleküler sistematik çalışmalarında karşılaşılan en temel sorunlardan biri, belirteç seçiminin uygulamaya uygun şekilde yapılmasıdır. Belirteç tercihi; hedef organizmalar arasındaki genetik mesafe, kullanılabilir laboratuvar altyapısı, analiz süresi, maliyet ve elde edilmek istenen veri tipi gibi faktörlere bađlı olarak deđişkenlik göstermektedir. Örneđin, mikrosatellit belirteçler yüksek polimorfizm sağlaması nedeniyle popülasyon genetiđi çalışmalarını için idealdir; buna karşın filogenetik ilişkilerin ortaya konmasında ITS2 gibi daha korunmuş bölgeler tercih edilmektedir (Heimpel ve ark., 2003).

Morfolojik karakterler, uzun yıllar boyunca taksonomik ayırımların temelini oluşturmuş olsa da gen ekspresyonunun çevresel koşullardan doğrudan etkilenmesi nedeniyle bu karakterler çođu zaman yeterli tanımlayıcılıđı sağlayamamaktadır. Pigmentasyon, vücut oranları ve mikroskobik yapılar gibi özellikler, sıcaklık, nem, besin kaynađı gibi çevresel faktörlere bađlı olarak deđişim gösterebilmektedir. Bu nedenle, fenotipik plastisiteye sahip tür gruplarında moleküler veriler, doğru ve tutarlı tür teşhisi açısından vazgeçilmez hale gelmiştir. rDNA-ITS2 bölgesi, türler arası filogenetik mesafenin hesaplanmasında kullanılmasının yanı sıra, PCR temelli hızlı tanımlama sistemleri için de uygun primerlerin tasarlanmasına olanak sağlamaktadır. Bu tür moleküler tanımlama sistemleri, hem laboratuvar ölçeğinde üretim yapan entomoloji laboratuvarlarında hem de doğrudan uygulama sahasında IPM stratejilerinin optimize edilmesinde kullanılabilir hale gelmiştir.

Biyolojik mücadele, kimyasal pestisitlere olan bağımlılığı azaltan ekosistem sağlığını koruyan ve sürdürülebilir tarım uygulamalarının temel taşlarından biri olan kimyasal mücadeleye alternatif bir yöntemdir. Doğal düşmanların kullanımıyla zararlı popülasyonlarının kontrol altına alınması, çevresel zararın minimize edilmesi ve tarımsal verimliliğin artırılması açısından büyük önem taşımaktadır. Bu kapsamda, özellikle yumurta parazitoitleri sınıfına giren *Trichogramma* türleri, entegre zararlı yönetim programlarında etkinliği kanıtlanmış, dünya genelinde yaygın olarak kullanılan biyolojik mücadele ajanlarıdır. *Trichogramma* türlerinin doğru teşhisi, biyolojik kontrolün başarısı için kritik bir gerekliliktir. Bu bağlamda, mevcut tez çalışmamızda, Ankara ili Kalecik ilçesinde mısır üretimi yapılan alanlarda önemli bir zararlı olan *O. nubilalis* (Lepidoptera: Crambidae)'in yumurta parazitoidi *Trichogramma* türlerinin moleküler yöntemlerle teşhisi amaçlanmıştır.

2.2. Literatür Taraması

Stouthamer ve ark. (1999) yaptıkları çalışmada, *Trichogramma*'nın türlerini ayırt etmek için, ITS2 gen bölgesinin kullanımını araştırmışlar ve bu bölgenin *Trichogramma* tür teşhisinde güvenilir bir şekilde kullanılabileceğini ortaya koymuşlardır.

Almeida ve Stouthamer (2003) yaptıkları çalışmada, Trichogrammatidae'nin moleküler tanımlanmasını yapmayı amaçlamışlar ve ITS2 gen bölgesinin *Trichogramma* türlerinin güvenilir bir şekilde tanımlanması için yararlı ve hızlı bir yöntem olduğunu ifade etmişlerdir.

Thomson ve ark. (2003) yaptıkları çalışmada Avustralya'da bulunan *Trichogramma* türlerini tanımlamayı amaçlamışlardır ve bu çalışma sonucunda ITS2 tekniğini kullanarak tür tanımlanmasını doğru bir şekilde yapabilmüşlerdir.

Li, (2007) yaptığı bir çalışmada, Çin'de sıklıkla görülen dört *Trichogramma* türünün moleküler farklılaşmasını ITS2 gen bölgesini kullanarak belirlemiştir.

Wahner ve ark. (2008) yaptıkları çalışmada, *Trichogrammatoidae lutea* ve *Tr. cryptophlebiae*'nin moleküler tanımlanmasını ITS2 gen bölgesini kullanarak yapmışlardır.

Sümer (2009) yaptığı çalışmada, Akdeniz çevresinde bulunan tarımsal ortamlarda yaygın olarak var olan *Trichogramma* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) türlerinin tanımlanabilmesi için moleküler yöntemler kullanmışlardır. ITS2, COI ve 28SD2 gen bölgelerini kullanarak *Trichogramma* türlerin ayırt edebilmüşlerdir.

Ercan ve ark. (2011) yaptıkları çalışmada iki *Trichogramma* türünü rDNA ITS2 bölgesinin dizi analizine göre teşhis etmeyi amaçlamışlar ve *T. euproctidis* ve *T. brassicae* olmak üzere iki tür tespit etmişlerdir.

Sayed ve ark. (2011) yaptıkları çalışmada, Suudi Arabistan'ın batısında bulunan Trichogrammatidae türlerinin teşhisini moleküler bir yöntem olan ITS2 gen bölgesini kullanarak yapmışlardır.

Ercan ve ark. (2012) yaptıkları çalışmada, Türkiye'de yayılış gösteren iki *Trichogramma* türünde RAPD-PCR yöntemi ile genetik polimorfizmi belirlemeyi amaçlamışlardır. Yapılan çalışmada, *T. brassicae* ve *T. euproctidis* türlerini temsil eden üç farklı laboratuvar kültüründeki polimorfizmi RAPD-PCR yöntemi ile karşılaştırmışlar ve 15 primerden 13'ünün polimorfik olduğunu tespit etmişlerdir. Bu çalışmanın sonuçları, RAPD-PCR yönteminin *Trichogramma* türlerinin genetik çeşitliliğinin iyi anlaşılması için kullanılma potansiyelini ortaya koymuşlardır.

Karimi ve ark. (2012) yaptıkları çalışmada İran'ın altı ilinde bulunan *Trichogramma* türlerini ITS2 gen bölgesini kullanarak kimlik tespitini yapmışlardır.

Oztemiz ve ark. (2013) yaptıkları çalışmada, Türkiye'deki *Trichogramma* türlerini, konukçularını ve sistematikteki gelişmeleri derlemişlerdir. On bir türden yedisinin sinonimlerinin olduğu ve dolayısıyla, Türkiye'de *Trichogramma*'ya bağlı olarak sekiz türün bulunduğu belirtilmiştir.

Ávila-Rodríguez ve ark. (2013) yaptıkları çalışmada, COII, ITS2 ve 18S moleküler işaretleyicilerine dayalı olarak Meksika'da Trichogrammatidae'nin farklılaşmasını ve filogenisini çıkarmışlardır.

Seo ve ark. (2014) yaptıkları çalışmada, Asya mısır kurdu *Ostrinia furnacalis*'in *Trichogramma* yumurta parazitoitlerinin ITS2 dizi analizine dayalı moleküler tanımlanmasını yapmışlardır.

Santos ve ark. (2015) yaptıkları çalışmada, ITS2 gen bölgesinin dizilimini kullanarak Brezilya'daki bölgelerden *Trichogramma* türlerinin moleküler tanımlanmasını yapmışlardır.

Sumer ve ark. (2009) yaptıkları çalışmada, Akdeniz bölgesinde yaygın bulunan *Trichogramma* türlerinin güvenilir şekilde ayırt edilebilmesi için DNA temelli bir moleküler tanı anahtarı geliştirilmiştir.

Çelik ve ark. (2017), farklı coğrafi bölgelerden toplanan *Trichogramma* örneklerinde ITS2 gen bölgesi kullanılarak tür teşhisi gerçekleştirilmiştir. Çalışma sonucunda *T. brassicae*, *T. evanescens* ve *T. cacoeciae* türlerinin yaygın olarak

bulunduđu belirlenmiř, tŒrler arası genetik varyasyonun bŒlgelere gŒre farklılık gŒsterdiđi tespit edilmiřtir.

Koca ve ark. (2018) DŒzce bŒlgesinden toplanan *T. brassicae* popŒlasyonları Œzerinde yapılan ITS2 temelli genetik varyasyon alıřmasında, tŒrler arası genetik homojenlik gŒzlenmiřtir. ITS2'nin hem tŒr tanımlamada hem de genetik yapı analizi iin ideal bir marker olduđunu desteklemektedir.

Viana ve ark. (2021) yaptıkları alıřmada, *Trichogramma* tŒrlerinin tanımlanması ve genetik eřitliliđin deđerlendirilmesi iin ITS2 gen bŒlgesinin dizi analizini yapmıřlardır.

Ercan ve ark. (2022), Adana ilinden toplanan Œrneklerde ITS2 gen bŒlgesi kullanılarak molekŒler tŒr teřhisi yapılmıř ve *T. brassicae* ile *T. turkestanica* tŒrleri gŒvenilir biimde tanımlanmıřtır. Arařtırma, rDNA-ITS2 bŒlgesinin *Trichogramma* tŒr ayırımı iin etkili bir molekŒler belirte olduđunu ortaya koyarak, TŒrkiye'deki yerel popŒlasyonların genetik dŒzeyde karakterize edilmesine Œnemli katkı sađlamıřtır.

Ercan ve Œztemiz (2025) yaptıkları alıřmada, Sakarya ilinde mısır Œretim alanlarında yayılıř gŒsteren *O. nubilalis* yumurtalarından elde edilen *Trichogramma* tŒrleri molekŒler yŒntemlerle tanımlanmıř ve bŒlgede zararlıya karřı dođal biyolojik mŒcadelede rol oynayan tŒrlerin hangileri olduđu belirlenmiřtir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. *Trichogramma* Örneklerinin Toplanması

Arazi çalışması aşamasında Kırşehir yöresinde 2024 ve 2025 yılları Haziran-Eylül ayları arasında (parazitoitin arazi koşullarında bulunabileceği aylar) belirlenen mısır tarlalarında her tarladan farklı yöneyleerde bulunan 100 bitkinin yapraklarına bakmak suretiyle örnekleme çalışması yapılmıştır (Şekil 3.1, Şekil 3.2). Çalışma sırasında seçilen mısır bitkilerinin yaprak altları ve tüm yaprakları dikkatlice incelenmiştir. İki sene devam eden surveyler neticesinde, Boztepe, Kaman, Mucur ve Çiçekdağ bölgelerinde mısır ekim alanlarında zararlı, *O. nubilalis*'e ve doğal düşmanı *Trichogramma* örneklerine rastlanamamıştır. Bu sebeple Kalecik ilçesinde Öğr. Gör. Şahin TATLI ve Yüksek Ziraat Mühendisi İsmail ATAY'ın yapmış olduğu arazi çalışmaları ile yine mısır üretim alanlarında zararlı *O. nubilalis* yumurtalarından elde edilen *Trichogramma* örneklerinin moleküler karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir.



Şekil 3.1. Parazitoit surveyi (10.07.2024)



Şekil 3.2. Parazitoit surveyi (22.06.2025)

3.2. Moleküler Çalışmalar

3.2.1. DNA izolasyonu

Örneklerden DNA izolasyonu Chelex yöntemi kullanılarak, tek bir bireyden (cinsiyet ayrımı yapılmaksızın) yapılmıştır. Alkolde muhafaza edilen örnekler, alkol tamamen uzaklaştırıldıktan sonra ezme işleminin yapılacağı tüplere dikkatlice aktarılmıştır. Ardından, 14.000 rpm’de 2 dakika santrifüj edilerek örneğin tüpün dibine çökmesi sağlanmıştır. Ezme işlemi steril cam çubuk kullanılarak gerçekleştirilmiş ve her tüpe 2 µl Proteinase K eklenerek işlem sürdürülmüştür. Sonrasında, her bir tüpe 60 µl Chelex çözeltisi eklenip karıştırılmıştır. Karışım 55°C’de bir saat, ardından 99°C’de 10 dakika inkübe edildikten sonra 14.000 rpm’de 4 dakika santrifüj edilerek Chelex’in çökmesi sağlanmıştır. Üstte kalan süpernatant dikkatlice alınarak temiz bir ependorf tüpe aktarılmıştır. Elde edilen süpernatant, sonraki aşamalarda kalıp DNA olarak kullanılmış ve kullanım zamanına kadar -20°C’de saklanmıştır. Örneklerle ait DNA’nın miktarı ve saflığı Nanodrop spektrofotometre ile (Jenway Genova Nano Micro-volume) 260 ve 280 nm’de optik yoğunluk (OD) ölçümleri alınarak belirlenmiş ve saflık OD260/OD280 oranı üzerinden değerlendirilmiştir.

3.2.2. ITS2-PCR ve örneklerin dizi analizi için hazırlanması

Örneklerin ITS-2 bölgesini çoğaltıp karşılaştırmak için ITS-2 forward (5'TGTGAACTGCAGGACACATG3') ve reverse (5'GTCTTGCCTGCTCTGAG3') primerleri kullanılarak PCR kurulumu yapılmıştır (Sümer, 2009).

ITS2-PCR reaksiyon karışımı

Genomik DNA:	2.0 µl
ITS2 forward primer:	0.5 µl
ITS2 reverse primer:	0.5 µl
10X PCR tamponu:	2.5 µl
1 mM dNTPs:	5.0 µl
ddH ₂ O:	14.3 µl
Taq DNA Pol:	0.2 µl
Reaksiyon hacmi:	25.0 µl

ITS-2 PCR döngüsü

İşlem	Süre	Sıcaklık	
Ön denaturasyon	3 dk	95 °C	
Denaturasyon	45 sn	92 °C	} 33 döngü
Bağlanma	45 sn	53 °C	
Uzama	45 sn	72 °C	
Son uzama	3 dk	72 °C	

Reaksiyon sonucunda hedeflenen dizinin çoğalıp çoğalmadığını kontrol etmek amacıyla %1'lik agaroz jel elektroforezi kullanılmıştır. Jel boyama işlemi için Ethidium Bromide jel içerisine eklenerek jel hazırlanmıştır. Her bir numuneye 25 µl PCR ürününe ek olarak 5 µl yükleme boyası (%0.025 ksilen siyanol, %0.025 bromfenol mavisi ve %40 sukroz) ilave edilmiştir. Hazırlanan örnekler, sabit 95 V voltaj altında yaklaşık 30–40 dakika yürütülmüştür. Koşma tamponu olarak 1X TAE tercih edilmiştir. Çoğalma

gözlenen örneklerin bir sonraki işlemlerde kullanılabilmesi için PCR ürünleri yıkamaya alınmıştır.

Yıkanmış DNA örneklerinin klonlanabilmesi için besiyeri hazırlanmıştır. Bunun için 10 g Bacto-tryptone, 5 g Bacto-Yeast Extract ve 5 g NaCl içeren LB medium oluşturulmuş, besiyerinin pH'sı NaOH ile 7'ye ayarlanmıştır. Ligasyon aşaması için DNA Ligase 2X Buffer, Pgem-T veya Pgem-T Easy Vector ve T4 DNA Ligase içeren bir ligasyon karışımı hazırlanmıştır. Her bir örnek için ayrılan tüplere önce 3.5 µl ligasyon karışımı, ardından önceki aşamada temizlenen DNA'dan 2.5 µl eklenmiş ve ligasyonun gerçekleşmesi için tüpler 4°C'de bir gece inkübasyona bırakılmıştır. Sonraki aşamada hazırlanan ligasyonlar kompetan hücrelere aktarılmıştır. Her örneğin tüpüne 2 µl ligasyon eklenmiş, üzerine 20 µl kompetan hücre ilave edilmiş ve tüpler 20 dakika buz üzerinde bekletilmiştir. Bu sürenin ardından tüpler 42°C'de 45–50 saniye ısı şokuna tabi tutulmuş ve tekrar buza alınarak 2 dakika bekletilmiştir. Daha sonra her tüpe 380 µl LB eklenmiş ve tüpler 37°C'de 200 rpm'de 2 saat inkübe edilmiştir. Bu sırada ekim yapılacak besiyeri hazırlanmıştır. 3.75 g bakteriyel agar tartılarak 250 ml LB ile karıştırılmış; 250 ml'lik hacim için 625 µl IPTG, 400 µl X-Gal ve 250 µl Ampisilin eklenmiştir. Hazırlanan besiyeri petri kaplarına dökülmüştür. İnkübasyondan çıkan örnekler 1000 rpm'de 4 dakika santrifüj edilmiş, 200 µl üst faz uzaklaştırılmış ve kalan 100 µl petri kaplarına yayılmıştır. Ekim yapılan petri kapları 37°C'de bir gece inkübe edilmiştir.

İnkübasyon sonunda petri kaplarındaki koloniler değerlendirilmiş ve her örneğe ait kaplardan beyaz koloniler seçilmiştir. Her petriden en az üç farklı beyaz koloni alınarak içerisinde 50 µl ddH₂O bulunan tüplere aktarılmıştır. Beyaz koloniler ddH₂O içinde çözündürülmüş ve M13 primeri ile yapılan PCR'da kalıp DNA olarak kullanılmıştır (Sümer, 2009).

M13 PCR Döngüsü

Her bir örneğe ait klonlanmış ITS-2 dizisinin çoğaltılabilmesi için M13 forward (5'TGTAACGACGGCCAGT3') ve reverse (5'GAAACAGCTATGACCATGAT3') primerleri ile PCR yapılmıştır (Sümer, 2009).

M13-PCR reaksiyon karışımı

Kalıp DNA: 2.0 µl

M13 forward primer: 0.5 µl

M13 reverse primer: 0.5 µl

10X PCR tamponu:	2.5 µl
1 mM dNTPs:	5.0 µl
ddH ₂ O:	14.3 µl
Taq DNA Pol:	0.2 µl
Reaksiyon hacmi:	25.0 µl

M13-PCR Döngüsü

İşlem	Süre	Sıcaklık	
Ön denaturasyon	4 dk	94 °C	
Denaturasyon	30 sn	94 °C	} 33 döngü
Bağlanma	30 sn	55 °C	
Uzama	1 dk	72 °C	
Son uzama	5 dk	72 °C	

Reaksiyon sonucunda klonlanan bölgenin çoğaltılıp çoğaltılmadığını değerlendirmek için yine %1'lik agaroz jel elektroforezi kullanılmıştır. Her bir örneğe ait 25 µl PCR ürününe 5 µl yükleme boyası eklenmiş ve örneklerin tamamı sabit 95 V voltaj altında yaklaşık 30–40 dakika yürütülmüştür. Koşurma tamponu olarak 1X TAE kullanılmıştır. Referans olarak ise 100 bp DNA ladder yüklenmiştir (Sümer, 2009).

3.2.3. Filogenetik analiz

Dizi analizleri, BMLabosis BMLab. Sist. Ltd. Şti. tarafından hizmet alımı yoluyla yaptırılmıştır. Dizi sonuçları National Center for Biothecnology Information (NCBI) sitesinde mevcut türlere ait diziler arasında değerlendirilerek belirlenmiştir. Hizalanmış diziler, genetik çeşitlilik indeksini ve tür içi–türler arası nükleotit farklılıklarını belirlemek amacıyla Mega 7 programında Kimura 2-Parametre (K2P) mesafe modeli (Kimura, 1980) kullanılarak analiz edilmiştir (Kumar ve ark., 2016). Nükleotit dizilerindeki polimorfizme göre en olası filogenetik ağacın belirlenmesinde Maksimum Olabilirlik (ML) analizi uygulanmıştır. Maksimum Olabilirlik analizlerinde dizi değişimi için en uygun modeli belirlemek amacıyla, en düşük AIC (Akaike Bilgi Kriteri) değerine sahip model jModelTest v.0.1.1 programı ile seçilmiştir (Posada, 2008). Ayrıca, oluşturulan filogenetik ağaçların güvenilirliği 1000 tekrarlı Bootstrap testi ile kontrol edilmiştir (Kumar ve ark., 2016).

3.2.4. ITS2 dizilerinin ikincil yapısı

ITS2 dizilerinin ikincil yapıları ve ΔG (Gibbs serbest enerjisi) hesaplamaları, Mfold web sunucusu (<http://unafold.rna.albany.edu/?q=mfold/RNA-Folding-Form2.3>) kullanılarak tahmin edilmiş ve hesaplanmıştır. Bu tahminler, programın varsayılan RNA sürüm 2.3 parametreleri kullanılarak 37 °C'de yapılmıştır (Zuker, 2003).

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. Bulgular

Kalecik ilçesinde mısır üretim alanlarında zararlı *O. nubilalis* yumurtalarından elde edilen *Trichogramma* örneklerinin moleküler karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. Örneklere ait lokalite bilgisi Tablo 4.1’de verilmiştir.

Tablo 4.1. 2025 yılı Ankara İli Kalecik ilçesinde mısır üretim alanlarından toplanan parazitoit örnekleri

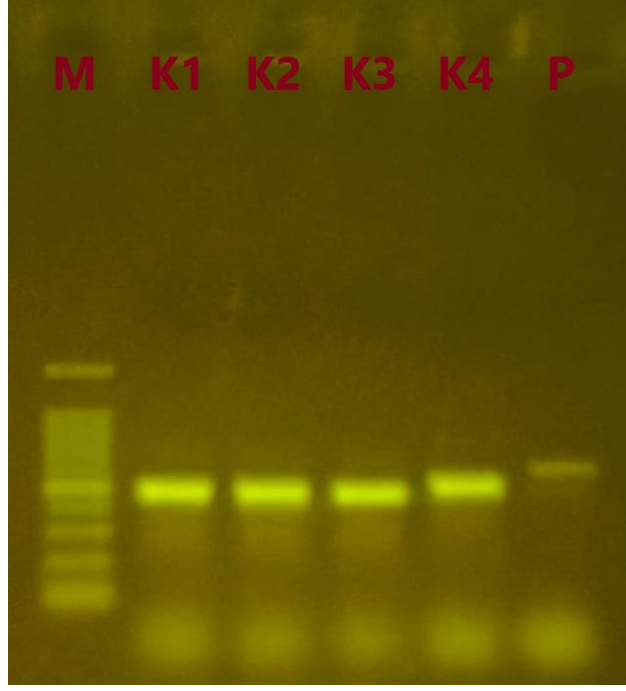
Popülasyon Kodu	Lokalite/Bölge	Konukçu	Toplandığı tarih
K1	Kalecik	<i>O. nubilalis</i>	Ağustos 2025
K2	Kalecik	<i>O. nubilalis</i>	Ağustos 2025
K3	Kalecik	<i>O. nubilalis</i>	Ağustos 2025
K4	Kalecik	<i>O. nubilalis</i>	Ağustos 2025

DNA izolasyonu sonrası K1-K4 kodlu örneklere ait DNA miktarları ve saflık dereceleri Tablo 4.2’de gösterilmiştir.

Tablo 4.2. İzole edilen DNA’ların miktar ve saflık değerleri.

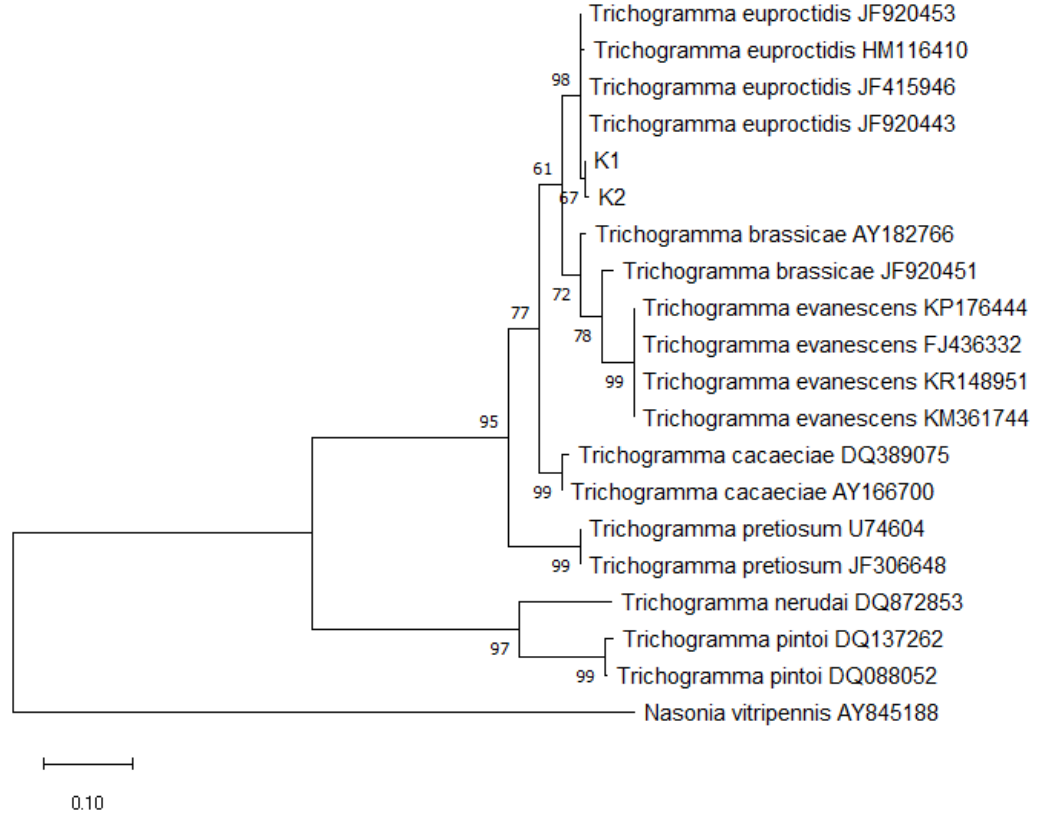
Örnek	Konsantrasyon (ng/μl)	Saflık (A_{260}/A_{280} oranı)
K1	13,28	1,70
K2	14,20	1,74
K3	14,58	1,70
K4	14,47	1,66

Trichogramma örneklerine ait ITS2 gen bölgesi spesifik primer çiftleri kullanılarak elde edilen PCR ürünleri jel görüntüsü Şekil 4.1’de gösterilmiştir.



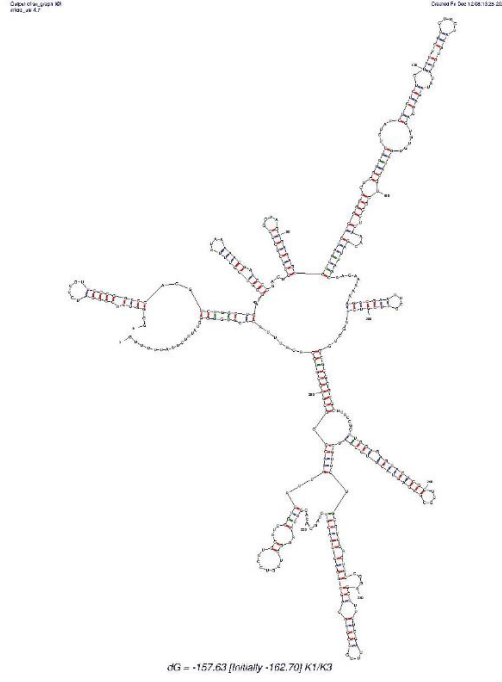
Şekil 4.1. ITS2 primeri kullanılarak elde edilen PCR ürünlerinin agaroz jel görüntüsü. M: 100 bç DNA moleküler ağırlık belirteci, P: Pozitif kontrol (*T. embryophagum*)

NCBI’da yapılan karşılaştırma sonucuna göre 4 örneğin de *T. euproctidis* olduğu belirlenmiştir. Buna göre K1 ile K3, K2 ile K4 kodlu örneklerin dizileri birbiriyle %100 benzerdir. Dolayısıyla örnekler arasındaki filogenetik ilişkiyi gösteren dendrogram oluşturulurken sadece K1 ve K2 kodlu örnekler kullanılmıştır. Buna göre NCBI’da kayıtlı örnekler ile karşılaştırmalı dendrogram sonucu Şekil 4.2’de verilmiştir.

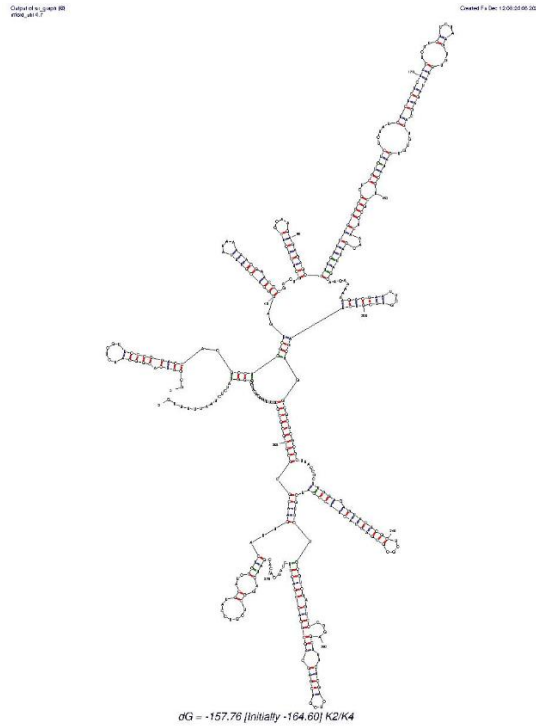


Şekil 4.2. *Trichogramma* örneklerine ait ITS2 dizi analizine göre MEGA 7 programında Kimura 2-Parametre (K2P) mesafe modeline göre hesaplanmış genetik uzaklık ilişkisini gösteren dendrogram

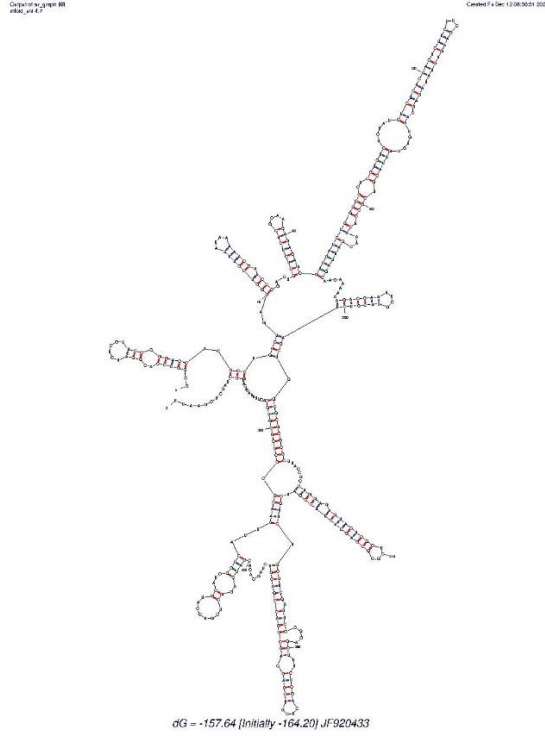
GenBank'dan elde edilen farklı *Trichogramma* türlerine ait ITS2 dizileri kullanılarak oluşturulan dendrogramda örneklerin (K1 ve K2) *T. euproctidis* türleri ile aynı grupta yer aldığı görülmektedir. Çalışma kapsamında dört örneğin moleküler teşhisi yapılmıştır ancak K1-K3 ile, K2-K4 ile aynı diziyeye sahip olduğu için dendrogramda sadece K1 ve K2 kodlu örneklerle yer verilmiştir. Buna göre tüm örneklerin ITS2 dizilerinin uzunluğu 398 bp olarak belirlenmiştir. İki örnek grubu arasında (K1/K3 ile K2/K4) örneklerin nükleotid dizilerinde bazı farklılıklar bulunmaktadır. Buna göre, 138. Nükleotid K1/K3'de A nükleotidi iken K2/K4'de bu pozisyonda G nükleotidi görülmektedir. 364. Nükleotid ilk grupta T nükleotidi iken ikinci grupta C nükleotidi bulunmaktadır. 367. pozisyonda sırasıyla ilk grupta A, ikinci grupta G nükleotitleri yer almaktadır. Son farklılık 377. nükleotitte tespit edilmiştir. Bu pozisyonda ilk grupta G nükleotidi varken ikinci grupta A nükleotidinin yer aldığı görülmektedir. K1/K3 ve K2/K4 örnekleri ile *T. euproctidis* (JF920443)'in ITS2 dizi eşleştirmesi Tablo 4.3 ve Tablo 4.4'de verilmiştir. Her iki örnek grubu da JF920443 kodlu



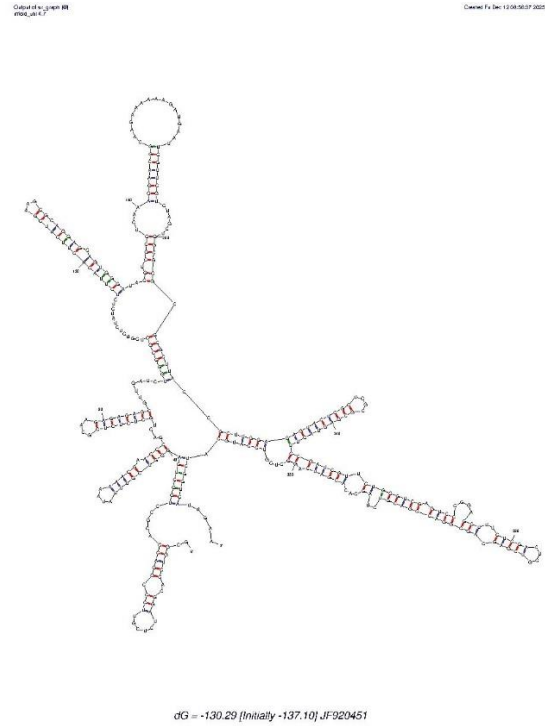
Şekil 4.3. K1/K3 örneklerine ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.



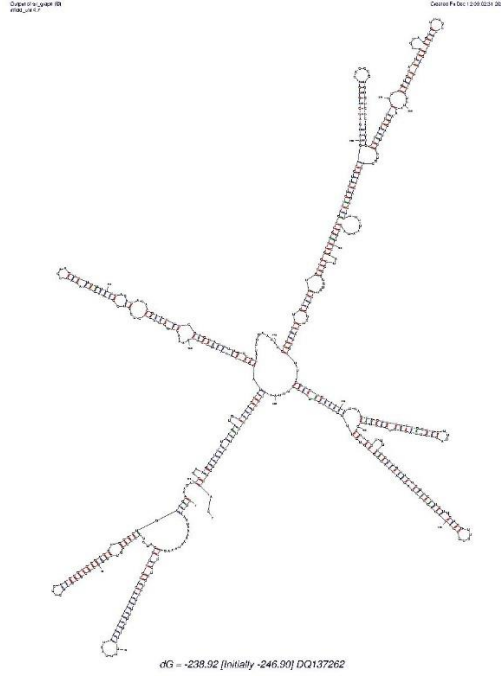
Şekil 4.4. K2/K4 örneklerine ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.



Şekil 4.5. *Trichogramma euproctidis* (JF920443)'e ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.



Şekil 4.6. *Trichogramma brassicae* (JF920451)'ye ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.



Şekil 4.7. *Trichogramma pintoi* (DQ137262)'ye ait ITS2 dizisi ikincil yapı tahminleri ile ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri (altta verilen) mFOLD web sunucusunda hesaplanmış ve analiz edilmiştir.

T. euproctidis olduğunu belirlediğimiz K1, K2, K3 ve K4 örneklerine ait ITS2 dizisi ikincil yapıları mFold web sunucusu kullanılarak tahmin edilmiştir (Şekil 4.3 ve Şekil 4.4). K1 kodlu örnek ile K3, K2 kodlu örnek ile K4 aynı sekansa sahip olduğu için ikincil yapı analizlerinde de grup olarak değerlendirilmişlerdir. Bunun yanı sıra her iki grubun da en yüksek oranda benzerlik gösterdiği *T. euproctidis* (JF920443)'e ait ITS2 dizisi ikincil yapısı (Şekil 4.5), filogenetik analize göre örneklerle en yakın farklı tür olan *T. brassicae* (JF920451)'ye ait ITS2 dizisi ikincil yapısı (Şekil 4.6) ve filogenetik analize göre örneklerle en uzak farklı tür olan *T. pintoi* (DQ137262)'ye ait ITS2 dizisi ikincil yapısı (Şekil 4.7) da karşılaştırma amacı ile analiz edilmiştir.

Oluşturulan filogenetik ağaçtaki benzerlik ve farklılıklar, türler arasındaki heliksler ve açılarla ITS2'nin ikincil yapı formuna da yansımıştır. Bu nedenle, mFold programı parametreleri kullanılarak *Trichogramma* türleri için ikincil yapıdaki heliks ve açılara dayalı olarak Termodinamik hesaplamalar (Santa Lucia, 1998) ile elde edilen ΔG (Gibbs) serbest enerji değerleri türlere göre farklılık göstermiştir. Bu değerler sırasıyla; K1/K3, K2/K4, *T. euproctidis* (JF920443), *T. brassicae* (JF920451), *T. pintoi* (DQ137262) örnekleri için; -157.63 kcal/mol, -157.76 kcal/mol, -157.64 kcal/mol, -130.29 kcal/mol ve -238.92 kcal/mol olarak hesaplanmıştır. Dolayısıyla, ITS2 bölgesinin ikincil yapı formu, nükleotit dizilerinin açık biçimde görselleştirilebilmesi sayesinde

türlerin karşılaştırılmasında kullanılabilir morfolojik bir karakter gibi hizmet edebilmektedir.

4.2. Tartışma

Günümüz tarımsal üretiminde, zararlılarla mücadelede kullanılan kimyasal pestisitlerin çevre ve insan sağlığı üzerindeki olumsuz etkileri, biyolojik mücadeleyi sürdürülebilir tarımsal üretimin ayrılmaz bir bileşeni hâline getirmiştir (Van Lenteren, 2012). Kimyasal mücadelenin neden olduğu direnç gelişimi, biyolojik çeşitlilik kaybı ve tarımsal ürünlerde kalıntı problemleri, alternatif ve çevre dostu mücadele stratejilerine olan ihtiyacı giderek artırmaktadır. Bu bağlamda, biyolojik mücadele, doğrudan hedef zararlılara yönelik seçiciliği, ekosistem üzerindeki minimal etkisi ve uzun vadeli sürdürülebilirliği ile ön plana çıkmaktadır (Nchu, 2024).

Biyolojik mücadelenin temel aktörlerinden biri olan yumurta parazitoitleri, zararlı popülasyonlarını erken evrede baskılayarak etkili kontrol sağlar. Özellikle *Trichogramma*'ya ait türler, başta lepidopter zararlıları olmak üzere birçok ekonomik öneme sahip türün yumurtalarını parazitleyerek biyolojik kontrolün başarısında kilit rol oynamaktadır (Smith, 1996). Doğal düşmanlar arasında öne çıkan *Trichogramma*, yüksek üretilirlik kapasitesi, geniş konukçu spektrumu ve adaptasyon yeteneği sayesinde hem laboratuvar koşullarında kitlesel üretime uygundur hem de açık alan salımlarında etkinliği kanıtlanmıştır. Ancak etkili bir biyolojik mücadele programı için kullanılacak parazitoit türünün doğru tanımlanması büyük önem taşımaktadır.

Trichogramma cinsi, 200'ün üzerinde tür ile dünyanın pek çok bölgesinde yayılım gösteren ve başta Lepidoptera olmak üzere çok sayıda zararlının yumurtasında parazitlenme yeteneğine sahip etkili biyolojik mücadele ajanlarını içermektedir (Hassan, 1993). Ancak bu türlerin büyük bölümü morfolojik olarak birbirine son derece benzemekte, hatta bazıları kriptik tür kompleksleri oluşturmaktadır. Bu durum, özellikle lokal adaptasyon gösteren ve biyolojik mücadelede kullanılacak türlerin doğru tanımlanmasını zorlaştırmaktadır (Smith, 1996). Türkiye gibi biyolojik çeşitliliği yüksek coğrafyalarda, aynı tarımsal ekosistemde birden fazla *Trichogramma* türünün bir arada bulunabilmesi, parazitoitlerin ekolojik rollerinin anlaşılması açısından detaylı moleküler analizleri zorunlu kılmaktadır. Bu çalışmada olduğu gibi, ITS2 gibi moleküler belirteçlerin kullanılması, morfolojik olarak ayırt edilmesi güç olan türlerin ayırımında yüksek doğruluk sağlamaktadır. Bu türlerin her birinin konukçu tercihi, gelişim süresi, sıcaklık toleransı ve yumurta parazitlenme oranları gibi biyolojik özellikleri farklılık

gösterdiğinden, doğru tür teşhisi yalnızca akademik bilgi üretimi açısından değil, sahada uygulanacak biyolojik mücadele stratejilerinin başarısı için de yaşamsal önemdedir (Sumer ve ark., 2009).

Bu tez çalışmasında, Ankara ili Kalecik ilçesi mısır üretim alanlarında zararlı, *Ostrinia nubilalis*'in yumurta parazitoidi, *Trichogramma* türlerinin moleküler yöntemlerle tanımlanması hedeflenmiştir. Moleküler düzeyde tür tayini, özellikle morfolojik olarak birbirine son derece benzeyen taksonlar söz konusu olduğunda büyük önem arz etmektedir. Bu bağlamda, nükleer ribozomal DNA'nın internal transcribed spacer (ITS) bölgeleri, *Trichogramma* gibi kriptik tür komplekslerinin ayırımında güvenilir bir moleküler belirteç olarak öne çıkmaktadır (Stouthamer ve ark., 1999; Sumer ve ark., 2009). ITS1 ve ITS2 bölgeleri, hızlı evrimsel değişim göstermeleri sayesinde yakın akraba türler arasında bile ayırt edici dizisel farklılıklar sunar. Bu çalışmada kullanılan ITS2 sekans analizleri, Ankara ili Kalecik ilçesi mısır alanlarında bulunan *Trichogramma* örneklerinin tür düzeyinde doğru ve güvenilir bir şekilde tanımlanmasına olanak sağlamıştır. Özellikle biyolojik mücadele programlarında kullanılacak yerel parazitoid türlerinin net bir şekilde tanımlanması, mücadele etkinliğinin artırılması ve hedef dışı etkilerin önlenmesi açısından kritik öneme sahiptir. Bu nedenle ITS2 temelli moleküler tanımlama, klasik morfolojik yöntemlerin ötesinde tamamlayıcı değil, çoğu durumda belirleyici bir araç olarak değerlendirilmelidir. Moleküler düzeyde yapılan bu tanımlamalar, yalnızca tür ayırımını kolaylaştırmakla kalmamakta; aynı zamanda yerel popülasyonların genetik yapısının analiz edilmesine, biyolojik mücadelede kullanılacak hatların seçilmesine ve salım sonrası saha takibinin yapılmasına da imkân tanımaktadır.

Stouthamer ve ark. (1999) yaptıkları çalışmada, *Trichogramma*'nın türlerini ayırt etmek için, ITS2 gen bölgesinin kullanımını araştırmışlar ve ITS2 bölgesinin *Trichogramma* tür teşhisinde güvenilir bir şekilde kullanılabileceğini ortaya koymuşlardır. Klasik yöntemlerin güvenilir olmaması daha güvenilir kaynak arayışını beraberinde getirmiştir ve bu arayış sonucunda daha güvenilir bir yöntem olan ITS2 gen bölgesinin kullanımı yaygınlaşmıştır.

Tez çalışması kapsamında, Ankara ili Kalecik ilçesi mısır üretim alanlarında doğal düşman olarak tespit edilen *Trichogramma* türlerinin ITS2 bölgesi kullanılarak yapılan moleküler tanımlamaları sonucunda, elde edilen örneklerin *T. euproctidis* olduğu tespit edilmiştir. *T. euproctidis*'in biyolojik mücadeledeki etkinliği, farklı çalışmalarda konak tercihi, parazitlenme başarısı ve çevresel faktörlere yanıtı açısından değerlendirilmiştir. Yapılan bir çalışma, özellikle genç *Helicoverpa armigera* yumurtalarının, *T.*

euproctidis'in geliřimi, üremesi ve yařam tabloları aısından daha uygun olduđunu ve türün kitlesel üretimi için genç yumurtaların kullanımının avantajlı olabileceđini göstermektedir. (Atashi ve ark., 2021).

Morfolojik aıdan *T. euproctidis*, *Trichogramma* cinsi içerisinde yer alan diđer türlerle yüksek benzerlik göstermekte olup, güvenilir tür teřhisi çođunlukla erkek genital morfolojisi ve moleküler belirtelerin birlikte kullanılmasıyla mümkün olmaktadır. Bu bađlamda moleküler alıřmalar, *T. euproctidis*'in yakın türlerden ayırımında etkili sonuçlar sunmuřtur (Ercan ve ark., 2011). Sonuç olarak, literatür verileri *T. euproctidis*'in uygun ekolojik kořullar altında etkili bir yumurta parazitoiti olduđunu ve entegre mücadele programlarında deđerlendirilmesinin mümkün olduđunu göstermektedir. Ancak türün sahadaki performansının bölgesel ekolojik faktörlere bađlı olarak deđiřebileceđi dikkate alınmalıdır.

in'de yürütölen alıřmalarda, *T. dendrolimi*, *T. ostrinae*, *T. confusum* ve *T. evanescens* gibi morfolojik olarak ayırt edilmesi güç türlerin ITS2 bölgelerinin yalnızca klasik amplifikasyonla tam olarak ayırıştırılamadıđı, bu nedenle ITS2-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) veya tür-spesifik primerlerin kullanılmasının zorunlu olduđu vurgulanmıřtır (Li, 2007). Bu bađlamda, Kalecik örneklerinden elde edilen ITS2 verilerinin, tür ayırımında yüksek benzerlik göstermesine rađmen bazı örneklerde gözlenen dizisel varyasyonlar, potansiyel kriptik tür varlıđına iřaret edebilir ve tür teřhisinde daha hassas moleküler yöntemlerin kullanım gerekliliđini gündeme getirmektedir. Bu alıřmada elde edilen bulgular, hem Türkiye'de yapılan önceki alıřmalarla örtüřmekte hem de uluslararası literatürde moleküler tanımlama yöntemlerine yönelik vurgulanan teknik gereksinimleri desteklemektedir. Kalecik ilçesi özelinde yapılan bu alıřma, mevcut tür dađılımı ve genetik eřitliliđin ortaya konulması aısından bölgeye özgü biyolojik mücadele stratejilerinin geliřtirilmesine dođrudan katkı sađlamaktadır.

Türkiye genelinde yapılan alıřmalar, farklı iklim ve tarım kořullarının etkisiyle *Trichogramma* tür dađılımının bölgelere göre deđerkenlik gösterdiđini ortaya koymaktadır. Örneđin, Oztemiz ve ark. (2009) tarafından Adana ili ukurova Bölgesi'nde yapılan arařtırmada, pamuk tarlalarına salımı yapılan *T. evanescens*'in dođal popülasyonlarda da yaygın olarak bulunduđu ve *H. armigera* yumurtalarında %86'ya varan dođal parazitlenme oranlarına ulařıldıđı bildirilmiřtir.

Türkiye'de gerekleřtirilen bir alıřmada, Ege Bölgesi'nde üzüm yetiřtiriciliđi yapılan organik bir bađda, *T. euproctidis*'in *Lobesia botrana* (Lepidoptera: Tortricidae)

üzerindeki etkinliđi ve en uygun salım dozu araştırılmıřtır. Sonular *T. euproctidis*'in en etkili salım dozunun belirlenmesini sađlayarak, trn organik ve entegre zm yetiřtiriciliđinde kullanım potansiyelini ortaya koymuřtur (Gven ve ark., 2023).

Tez alıřması kapsamında, *T. euproctidis*'in tespit edilmiř olması, bu blgede *O. nubilalis* yumurtaları zerinde bu trn parazitlenme yeteneđine sahip olabileceđi ve mısır agroekosistemlerinde potansiyel bir biyolojik kontrol ajanı olarak deđerlendirilmesinin mmkn olabileceđini ortaya koymaktadır. Bu alıřmada molekler temelli tanımlama yaklařımının kullanılması, *T. euproctidis*'in varlıđının gvenilir biimde ortaya konulmasına olanak sađlamıř ve *Trichogramma* tr eřitliliđine iliřkin mevcut bilgi birikimine katkı sunmuřtur. Trkiye'nin farklı blgelerinden elde edilen bu verilerin karřılařtırmalı olarak deđerlendirilmesi, biyolojik mcadele programlarında her blge iin en uygun *Trichogramma* trnn seilmesine katkı sađlayacaktır.

5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışma kapsamında elde edilen bulgular, çalışılan bölgede biyolojik mücadele ajanı olarak görev yapan *T. euproctidis*'in varlığını moleküler düzeyde ortaya koymuştur. Bu doğrultuda, çalışmamızdan elde edilen veriler ışığında aşağıdaki öneriler geliştirilmiştir.

Öncelikle, *Trichogramma* türlerinin teşhisinde yalnızca morfolojik karakterlere dayalı yaklaşımların yetersiz kaldığı; ITS2 gibi nükleer ribozomal DNA bölgelerine dayalı moleküler yöntemlerin tür düzeyinde güvenilir tanımlama sağladığı bu çalışma ile bir kez daha doğrulanmıştır. Ancak bazı örneklerde gözlemlenen dizisel varyasyonlar, ITS2 belirtecinin tek başına her durumda yeterli olmayabileceğini göstermektedir. Bu nedenle, ileride yapılacak çalışmalarda ITS2 analizlerinin, mitokondriyal COI gen bölgesine dayalı DNA barkodlama ve ITS2-RFLP gibi yöntemlerle desteklenmesi önerilmektedir. Çoklu moleküler belirteçlerin birlikte kullanılması, özellikle kriptik tür kompleksleri içerisinde yer alan *Trichogramma* türlerinin daha yüksek doğrulukla ayrıştırılmasına olanak sağlayacaktır.

Yerel *Trichogramma* popülasyonlarının türlerinin belirlenmesi, biyolojik mücadele uygulamalarında dış kaynaklı tür veya hatların kullanılmasına kıyasla daha başarılı ve çevreyle uyumlu sonuçlar sağlayabilir. Bu nedenle, moleküler tanımlaması yapılan yerel türlerin kitle üretim potansiyellerinin, parazitlenme başarılarının ve çevresel toleranslarının deneysel çalışmalarla değerlendirilmesi önerilmektedir. Özellikle hedef zararlı olan *O. nubilalis* üzerindeki parazitlenme etkinliğinin kontrollü koşullarda karşılaştırmalı olarak test edilmesi, saha uygulamalarına doğrudan katkı sağlayacaktır. Bununla birlikte, *Trichogramma* türlerinin dağılımı ve baskınlık durumlarının, iklimsel faktörler, konukçu yoğunluğu ve tarımsal uygulamalarla olan ilişkilerinin uzun dönemli izleme çalışmaları ile değerlendirilmesi gerekmektedir. Bu tür çalışmalar, tür kompozisyonundaki zamansal değişimlerin ortaya konulmasına ve biyolojik mücadele programlarının bölgesel koşullara göre optimize edilmesine olanak tanıyacaktır.

Bu çalışma kapsamında Ankara ili Kalecik ilçesinden toplanan *Trichogramma* örnekleri moleküler yöntemler kullanılarak analiz edilmiş ve elde edilen veriler doğrultusunda popülasyonun *T. euproctidis* türüne ait olduğu belirlenmiştir. Elde edilen bulgular, bölgedeki *Trichogramma* türlerinin doğru ve güvenilir biçimde tanımlanmasında moleküler belirteçlerin etkinliğini ortaya koymaktadır. Tür düzeyinde gerçekleştirilen bu doğrulama, biyolojik mücadele programlarında kullanılacak faydalı

türlerin doğru seçilmesi açısından önemli bir temel oluşturmaktadır. Ayrıca bu çalışma, Türkiye’de *Trichogramma* türlerinin yayılışı ve moleküler karakterizasyonuna yönelik yapılacak ileri araştırmalara katkı sağlayabilecek niteliktedir.

KAYNAKLAR

- Almeida, R. P. de, & Stouthamer, R. (2003). Molecular identification of *Trichogramma cacoeciae* Marchal (Hymenoptera: Trichogrammatidae): A new record for Peru. *Neotropical Entomology*, 32(2), 269–272.
- Atashi, N., Shishehbor, P., Seraj, A. A., Rasekh, A., Hemmati, S. A., & Riddick, E. W. (2021). Effects of *Helicoverpa armigera* egg age on development, reproduction, and life table parameters of *Trichogramma euproctidis*. *Insects*, 12(7), 569. <https://doi.org/10.3390/insects12070569>.
- Ávila-Rodríguez, V., Alvarado-Gómez, O. G., González-Hernández, A., & Nava-Camberos, U. (2013). Differentiation and phylogeny of Trichogrammatidae (Hymenoptera: Chacidoidea) from Mexico based on ITS2 and 18S molecular markers of rDNA and COII of the mDNA. *Southwestern Entomologist*, 38(2), 299-312.
- Avise, J. C., (2004). Molecular Markers, Natural History, and Evolution. 2nd Edition. Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Behura, S. K., Haugen, M., Flannery, E., Sarro, J., Tessier, C. R., Severson, D. W., & Duman-Scheel, M. (2011). Comparative genomic analysis of *Drosophila melanogaster* and vector mosquito developmental genes. *PloS one*, 6(7), e21504.
- Bernardo, U., Monti, M. M., Nappo, A. G., Gebiola, M., Russo, A., & Pedata, P. A. (2018). Species status of two populations of *Trichogramma* parasitoids revealed by molecular markers. *Bulletin of Entomological Research*, 108(3), 316–327. <https://doi.org/10.1017/S0007485317000836>.
- Bueno, R. C. O. F., Bueno, A. F., Parra, J. R. P., & Vieira, S. S. (2020). *Trichogramma* spp. in biological control programs: advances and perspectives. *Neotropical Entomology*, 49, 1–14.
- Consoli, F. L., Parra, J. R., & Zucchi, R. A. (Eds.). (2010). Egg parasitoids in agroecosystems with emphasis on *Trichogramma*. Progress in Biological Control (PIBC, volume 9) 1st edition. Springer Science & Business Media.
- Çelik, M., Yıldız, M., & Kaya, H. (2017). Molecular characterization of *Trichogramma* species collected from different regions of Turkey using ITS2 marker. *Turkish Journal of Entomology*, 41(1), 45–55.
- Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85(3), 407–417.

- Desneux, N., Decourtye, A., & Delpuech, J. M. (2007). The sublethal effects of pesticides on beneficial arthropods. *Annual Review of Entomology*, 52(1), 81-106.
- Dopman, E. B., Robbins, P. S., & Seaman, A. (2010). Components of reproductive isolation between North American pheromone strains of the European corn borer. *Evolution*, 64(4), 881–902. <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2009.00883.x>
- Doutt, R. L., & Viggiani, G. (1968). The classification of the Trichogrammatidae (Hymenoptera: Chalcidoidea). *Proceedings of the California Academy of Sciences*, 35(20), 477–586. <https://doi.org/10.5281/zenodo.16689360>.
- Ercan, F. S., Öztemiz, S., Tunçbilek, A. Ş., & Stouthamer, R. (2011). Sequence analysis of ribosomal DNA ITS2 region of two *Trichogramma* species. *Archives of Biological Sciences*, 63(4), 949–954.
- Ercan, F. S., Öztemiz, S., Özcan, S., & Tunçbilek, A. Ş. (2012). Detection of genetic polymorphism by RAPD-PCR in two *Trichogramma* species (Hymenoptera: Trichogrammatidae) in Turkey. *Turkish Journal of Entomology*, 36(2), 177–182.
- Ercan, F. S., Ateş, M. A., & Öztemiz, S. (2022). rDNA-ITS2 characterization of *Trichogramma* species (Hymenoptera: Trichogrammatidae) in Turkey. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 32, 50. <https://doi.org/10.1186/s41938-022-00549-z>.
- Ercan, F. S. & Öztemiz, S. (2025). Molecular identification of *Trichogramma* Westwood, 1833 species as egg parasitoids of *Ostrinia nubilalis* (Hübner, 1796) in corn production areas of Sakarya province in Türkiye (Insecta: Lepidoptera, Hymenoptera). *SHILAP Revista de lepidopterología*, 53 (211): 543-550.
- Firake, D. M., & Khan, M. A. (2014). Alternating temperatures affect the performance of *Trichogramma* species. *Journal of Insect Science*, 14(1), 41.
- Gibson, G. A. P. (1997). Morphology and higher-level classification of Chalcidoidea. *Journal of Natural History*, 31(7), 1123–1191.
- Girault, A. A. (1911). Descriptions of nine new genera of the chalcidoid family Trichogrammatidae. *Transactions of the American Entomological Society*, 37, 1–42.
- Girault, A. A., (1918). New and old West Indian and North-American chalcid-flies. *Entomological News*, 29: 127.
- Güven, B., Özsemerci, F., Altındışli, F. Ö., Mihçı, B., Keskin, N., & Aşçıoğlu, O. (2023). Determination of *Trichogramma euproctidis* efficacy against the key pest, European grapevine moth, *Lobesia botrana* (Lepidoptera: Tortricidae) in the

- Aegean region vineyards, Turkey. *Plant Protection News*, 106(4), 201–209. <https://doi.org/10.31993/2308-6459-2023-106-4-16092>.
- Hall, B. G. (2004). *Phylogenetic trees made easy: A how-to manual* (2nd ed.). Sinauer Associates.
- Hassan, S. A. (1993). The mass rearing and utilization of *Trichogramma* to control lepidopterous pests. *Pesticide Science*, 37(4), 387–391.
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B*, 270(1512), 313–321.
- Heimpel, G. E., Neuhauser, C., & Hoogendoorn, M. (2003). Effects of parasitoid fecundity and host resistance on indirect interactions in host-parasitoid population dynamics. *Ecology Letters*, 6, 556–566. <https://doi.org/10.1046/j.1461-0248.2003.00480.x>
- Jurado-Rivera, J. A., Vogler, A. P., Reid, C. A. M., Petitpierre, E., & Gómez-Zurita, J. (2009). DNA barcoding insect–host plant associations. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 276(1657), 639–648. <https://doi.org/10.1098/rspb.2008.1410>
- Kadzamira, M. A. T. J., Chaudhary, M., Williams, F., & Dutta, N. (2022). A non-linear approach to the establishment of local biological control agent production units: A case study of fall armyworm in Bangladesh. *CABI Agriculture and Bioscience*, 3(1), Article 48. <https://doi.org/10.1186/s43170-022-00115-5>
- Karimi, J., Darsouei, R., Hosseini, M., & Stouthamer, R. (2012). Molecular characterization of Iranian *Trichogrammatids* (Hymenoptera: *Trichogrammatidae*) and their *Wolbachia* endosymbiont. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, 15(1), 73–77. <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2011.08.004>
- Khan S, Yousuf M, & Ikram M (2020). Morphometric based differentiation among *Trichogramma* spp. *PLoS ONE*, 15(8): e0236422. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236422>
- 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.
- Koca, A. S., İmren, M., & Kütük, H. (2018). Determination of the genetic variation within the egg parasitoid, *Trichogramma brassicae* Bezdenko (Hymenoptera: *Trichogrammatidae*) populations in Düzce Province, Turkey. *Uluslararası Tarım*

- ve *Yaban Hayati Bilimleri Dergisi*, 4(1), 26–32.
<https://doi.org/10.24180/ijaws.395438>
- Kress, W. J., García-Robledo, C., Uriarte, M., & Erickson, D. L. (2015). DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 30(1), 25–35. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.10.008>
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016). MEGA7. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870–1874.
- Li, Z. X. (2007). Molecular differentiation of the four most commonly occurring *Trichogramma* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) species in China. *European Journal of Entomology*, 104(3).
- Mason, P. G., Cock, M. J. W., Barratt, B. I. P., Klapwijk, J. N., van Lenteren, J. C., Brodeur, J., Hoelmer, K. A., & Heimpel, G. E. (2018). Best practices for the use and exchange of invertebrate biological control genetic resources relevant for food and agriculture. *BioControl*, 63(2), 149–154. <https://doi.org/10.1007/s10526-017-9810-3>.
- Meissle, M., Mouron, P., Musa, T., Bigler, F., Pons, X., Vasileiadis, V. P., Otto, S., Antichi, D., Kiss, J., Pálincás, Z., Dorner, Z., van der Weide, R., Groten, J., Czembor, E., Adamczyk, J., Thibord, J. B., Melander, B., Cordsen Nielsen, G., Poulsen, R. T., Zimmermann, O., Verschwele, A., & Oldenburg, E. (2010). Pests, pesticide use and alternative options in European maize production: Current status and future prospects. *Journal of Applied Entomology*, 134(5), 357-375.
- Nei, M. (1972). Genetic distance between populations. *The American Naturalist*, 106(949), 283-292.
- Nchu, F. (2024). Sustainable Biological Control of Pests: The Way Forward. *Applied Sciences*, 14(7), 2669. <https://doi.org/10.3390/app14072669>.
- Owen, A. K., & Pinto, J. D. (2004). *Pachamama*, an uncommon and distinctive new genus of Trichogrammatidae (Hymenoptera: Chalcidoidea) from tropical America. *Zootaxa*, 664(1), 1-8.
- Oztemiz, S., Ercan, F. S., & Tunçbilek, A. Ş. (2013). *Trichogramma* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) species, their hosts and recent developments in systematic in Turkey. *Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Fen Bilimleri Dergisi*, 29(3), 240-246.
- Oztemiz, S., Karacaoglu, M., & Yarpuzlu, F. (2009). Parasitization rate of *Helicoverpa armigera* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) eggs after field releases of

- Trichogramma evanescens* Westwood (Hymenoptera: Trichogrammatidae) in cotton in Cukurova region of Turkey. *Journal of the Kansas Entomological Society*, 82(2), 183-193.
- Packer, L., Gibbs, J., Sheffield, C., & Hanner, R. (2009). DNA barcoding and the mediocrity of morphology. *Molecular Ecology Resources*, 9(1), 42–50.
- Padial, J. M., Miralles, A., De la Riva, I., & Vences, M. (2010). The integrative future of taxonomy. *Frontiers in Zoology*, 7, 16. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-7-16>
- Pinto, J. D. (2006). A review of the New World genera of Trichogrammatidae (Hymenoptera). *Journal of Hymenoptera Research*, 15(1), 38–163.
- Pinto, J. D., & Stouthamer, R. (1994). Systematics of the Trichogrammatidae with emphasis on *Trichogramma*. In E. Wajnberg & S. A. Hassan (Eds.), *Biological control with egg parasitoids* (pp. 1–36). CAB International.
- Polaszek, A. (2010). Species diversity and host associations of *Trichogramma* in Eurasia. In *Egg parasitoids in agroecosystems with emphasis on Trichogramma* (pp. 237-266). Dordrecht: Springer Netherlands.
- Posada, D. (2008). jModelTest: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25(7), 1253-1256.
- Querino, R. B., & Zucchi, R. A. (2019). Annotated checklist and illustrated key to the species of *Trichogramma* Westwood (Hymenoptera: Trichogrammatidae) from South America. *Zootaxa*, 4656(2), 201-231.
- Rohi, L., & Pintureau, B. (2003). Reassessment of *Trichogramma euproctidis* (Girault, 1911) (Hymenoptera: Trichogrammatidae). *Russian Entomological Journal*, 12(4), 373-379.
- Santa Lucia J (1998) A unified view of polymer, dumbbell, and oligonucleotide DNA nearest-neighbor thermodynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 95(4), 1460-1465.
- Santos, N. R., Almeida, R. P., Padilha, I. Q. M., Araújo, D. A. M., & Creão-Duarte, A. J. (2015). Molecular identification of *Trichogramma* species from regions in Brazil using the sequencing of the ITS2 region of ribosomal DNA. *Brazilian Journal of Biology*, 75(2), 391-395.
- Sayed, S. M., El-Shehawi, A. M., & Al-Otaibi, S. A. (2011). Molecular and biological characterization of *Trichogramma turkestanica* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) which inhabits Taif governorate at the west of Saudi Arabia.

- African Journal of Biotechnology*, 10(46), 9467–9472.
<https://doi.org/10.5897/AJB11.868>
- Seo, B. Y., Jung, J. K., Park, K. J., Cho, J. R., Lee, G.-S., & Jung, C. R. (2014). Molecular identification of *Trichogramma* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) egg parasitoids of the Asian corn borer *Ostrinia furnacalis* (Lepidoptera: Crambidae) based on ITS2 rDNA sequence analysis. *Korean Journal of Applied Entomology*, 53(3), 247–260. <https://doi.org/10.5656/KSAE.2014.06.0.012>
- Smith, S. M. (1996). Biological Control with *Trichogramma*: Advances, Successes, and Potential of Their Use. *Annual Review of Entomology*, 41, 375–406.
- Smith, S. M. & Hubbes, M. (1986). Isoenzyme patterns and biology of *Trichogramma minutum* as influenced by rearing temperature and host. *Entomologia Experimentalis et Applicata*. 42: 249-258, 1986
- Sollai, G., & Solari, P. (2022). An overview of “insect biodiversity”. *Diversity*, 14(2), 134.
- Stouthamer, R., Hu, J., van Kan, F. J. P. M., Platner, G. R., & Pinto, J. D. (1999). The utility of internally transcribed spacer 2 DNA sequences of the nuclear ribosomal gene for distinguishing sibling species of *Trichogramma*. *BioControl*, 43, 421–440.
- Sumer, F., Tuncbilek, A. S., Oztemiz, S., Pintureau, B., Rugman-Jones, P., & Stouthamer, R. (2009). A molecular key to the common species of *Trichogramma* of the Mediterranean region. *BioControl*, 54(5), 617-624.
- Sümer, F., Özcan, S., Öztemiz, S., & Tunçbilek, A. (2008). *Trichogramma* (Hymenoptera: Trichogrammatidae) popülasyonları arasındaki esteraz varyasyonunun elektroforez ile belirlenmesi. *Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi*, 1(1), 49–51.
- Sümer, F. (2009). Çukurova bölgesi’ndeki *Trichogramma* türlerinin (Hymenoptera, Trichogrammatidae) teşhisinde moleküler yöntemlerin kullanımı (Doctoral dissertation, Doktora tezi, Erciyes Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Kayseri) p 141.
- Thomson, L. J., Rundle, B. J., Carew, M. S., & Hoffmann, A. A. (2003). Identification and characterization of *Trichogramma* species from south-eastern Australia using the internal transcribed spacer 2 (ITS-2) region of the ribosomal gene complex. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 106(3), 235-240.

- Van Lenteren, J. C. (2012). The state of commercial augmentative biological control. *BioControl*, 57, 1–20.
- Viana, J. B. V., Querino, R. B., Carvalho, L. C. B., & Lima, P. S. C. (2021). Sequence analysis of the internal transcribed spacer 2 (ITS2) region of rDNA for identifying *Trichogramma* species and evaluating genetic diversity. *Brazilian Journal of Biology*, 81(4), 928–933. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.232362>
- Wahner, N., Addison, M. F., & Timm, A. E. (2008). DNA sequence analysis of the internal transcribed spacer 2 (ITS 2) region as tool for molecular identification of *Trichogrammatoidea lutea* (Girault) and *Trichogrammatoidea cryptophlebiae* (Nagaraja) (Hymenoptera: Trichogrammatidae). *African Plant Protection*, 14(1), 8-14.
- Yousuf, M., & Shafee, S. A. (1987). Taxonomy of Indian Trichogrammatidae (Hymenoptera: Chalcidoidea). *Indian Journal of Systematic Entomology*, 4(2), 55–200.
- Zhang, J., Tang, R., Fang, H., Liu, X., Michaud, J. P., Zhou, Z., Zhang, Q., & Li, Z. (2021). Laboratory and field studies supporting augmentation biological control of oriental fruit moth, *Grapholita molesta* (Lepidoptera: Tortricidae), using *Trichogramma dendrolimi* (Hymenoptera: Trichogrammatidae). *Pest Management Science*, 77(6), 2795–2803. <https://doi.org/10.1002/ps.6311>
- Zhang, Y. H., Xue, J. Z., Tariq, T., Li, T. H., Qian, H. Y., Cui, W. H., ... & Zang, L. S. (2023). Parasitism and suitability of *Trichogramma chilonis* on large eggs of two factitious hosts: *Samia Cynthia Ricini* and *Antheraea Pernyi*. *Insects*, 15(1), 2.
- Zuker, M. (2003). Mfold web server for nucleic acid folding and hybridization prediction. *Nucleic Acids Research*, 31, 3406–3415.

EKLER

EK-1. Kongre Katılım Belgesi



ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER	
Adı Soyadı:	Başak YAPICI
Uyruğu:	TC
Orcid Numarası:	0009-0008-3135-3809

EĞİTİM BİLGİLERİ	
Lisans	
Üniversite:	Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi
Fakülte:	Fen Edebiyat Fakültesi
Bölümü:	Moleküler Biyoloji ve Genetik
Mezuniyet Yılı:	2022
Yüksek Lisans	
Üniversite:	Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi
Enstitü:	Fen Bilimleri Enstitüsü
Anabilim Dalı:	Bitki Koruma
Mezuniyet Yılı:	

Tezden Üretilen Makaleler ve Bildiriler
Yapıcı, B., Torun, E., Ö., Ercan, F., Hızal, E., Sacer, S. (2023). Comparasion of Three Methods of DNA Isolation From <i>Xylosandrus compactus</i> (Eichhoff) (Insecta: Coleoptera: Curculionidae: Scolytinae). <i>Ahi Evran 3rd International Conference on Scientific Research</i> , May 3-4, 2023, Odlar Yurdu University, Baku, Azerbaijan, 318-321.