

Liriomyza sativae Blanchard, 1938 (Diptera: Agromyzidae)'nin DNA Barkodlaması

Cem DAYAN¹, Eyüp Mennan YILDIRIM*¹

¹ Aydın Adnan Menderes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Aydın/TÜRKİYE

Öz: Bu çalışmada İncirliova ve Koçarlı ilçelerinde (Aydın) sebze alanlarından toplanmış *Liriomyza sativae*' nin DNA barkodlaması 2020-2022 yılları arasında yapılmıştır. Morfolojik olarak tür teşhisi yapıldıktan sonra; örneklerin COI gen bölgesinin çoğaltılması için HCO/ LCO evrensel primerler kullanılmış ve 612 bp COI bölgesi elde edilmiştir. Örneklerin sekans analizi Triogen Biyoteknoloji (İstanbul-Türkiye) tarafından yapılmıştır. Örnekler NCBI'da bulunan BLAST aracılığıyla kontrol edildiğinde türlerin *L. sativae* (% 99-100) ve *L. trifolii* (%97-99) olduğu görülmüştür. Örnekler Genbank'a kaydedilmiştir. Çalışma sonucunda genetik çeşitlilik düşük bulunmuştur.

Anahtar Kelimeler: COI, DNA barkodlama, *Liriomyza. sativae*, Tür tanımlama

DNA Barcoding of *Liriomyza Sativae* Blanchard Agromyzidae, 1938 (Diptera: Agromyzidae)

Abstract: In this study, DNA barcoding of *Liriomyza sativae* collected from vegetable areas in Incirliova and Koçarlı districts (Aydın) was performed between 2020-2022. After the morphological diagnosis of *L. sativae*, HCO/LCO universal primers were used to reproduce the COI gene region of the samples and 612 bp COI regions were obtained. The sequence analysis of the samples was performed by Triogen Biotechnology (Istanbul, Türkiye). When the samples were checked through the BLAST located at NCBI, it was found that the species were *L. sativae* (99-100%) and *L. trifolii* (97-99%). The samples were registered to Genbank. As a result of the study, genetic diversity was found to be low.

Keywords : COI, DNA barcoding, *Liriomyza. sativae*, identification

GİRİŞ

Yaprak galerisineklere polifag olup tüm yıl boyunca zarar yapabilmektedir. Larvaları yaprağın iki epidermisi arasında galeri açarak yaprak alanında %98'e kadar kayıplara yol açabilmekte ve bitkinin klorofil içeriğinde de azalmalara neden olabilmektedir (Yıldırım ve ark., 2010). Erginlerin yapraklarda yumurta koyma davranışı nedeniyle dolaylı olarak zarar vererek virüslerin taşınmasına da yol açabilmektedir (Costa ve ark.,1988; Civelek ve Önder, 1997). Dünyada 27 cinse ait yaklaşık 2700, Avrupa' da ise 776 türü bulunan Agromyzidae familyasına ait Türkiye'de şimdiye kadar 165 tür saptanabilmektedir (Spencer, 1972, 1976, 1990; Giray, 1970; Uygun ve ark., 1995; Deeming ve Civelek, 1997; Civelek ve Ulusoy, 2000; Civelek, 2002, 2003; Çıkman ve Uygun, 2003; Civelek, 2004, Mart ve ark., 2005; Çıkman ve Civelek, 2005, Civelek ve ark., 2007). Yaprak galerisineklere'nin tür teşhisleri dış morfolojik özelliklerinden (renk, kıl dağılımı ve sayıları vb.) ve aedeagus'larından yararlanılarak yapılmaktadır. Boylarının çok küçük olması ve türler arası teşhis özelliklerinin birbirine çok benzer olması ve aynı zamanda bu konuda yeterli uzmanın bulunmaması gibi nedenler teşhiste morfolojik tekniklere yönelmeyi gerektirmektedir. COI gen bölgesi çoğu hayvan gurubunda olduğu gibi böceklerle yapılan çalışmalarda da tanımlama markörü olarak kullanılabilir. Diğer protein kodlayan genlerle kıyaslandığında geniş filogenetik veriye sahip olabilmesi ve işlem kolaylığı gibi birçok önemli avantaja sahiptir (Polat ve ark., 2018). Bu nedenlerden dolayı bu çalışmada Aydın ilinin iki farklı ilçelerinden toplanan yaprak

galerisineklere'nin morfolojik olarak teşhis edilerek bu türlerin gen barkodlama ve filogenetik uzaklıklarının belirlenmesi amaçlanmıştır.

MATERYAL ve YÖNTEM

Örneklerin toplanması

Örnekler Aydın iline ait İncirliova ve Koçarlı ilçelerinden 2020 yılının Haziran-Eylül ayları arası toplanmış olup koordinatlar Çizelge 1 de verilmiştir. Erginler atrap yardımıyla ve ilaveten galerili yaprakların laboratuvarında kültüre alınmasıyla elde edilmiştir.

Laboratuvar çalışmaları

Örnek teşhisleri Prof. Dr. Hasan Sungur CİVELEK (Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü) tarafından yapılmıştır. DNA izolasyonunda QiAGEN DNA izolasyon kiti protokolünde belirtildiği şekilde kullanılmıştır. COI bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan evrensel HCO/LCO primerler Çizelge 1'de verilmiştir (Amin ve ark., 2014; Polat ve ark., 2018).

Çizelge 1. Çalışmada kullanılan evrensel primerler

LCO 1490	GGTCAACAAATCATAAAGATATTGG
HCO2198	TAAACTTCAGGTGACCAAAAATCA

*Sorumlu Yazar: emyildirim@adu.edu.tr

Bu çalışma Yüksek Lisans tez ürünüdür ve Aydın Adnan Menderes Üniversitesi BAP Birimi tarafından ZRF-20004 proje numarasıyla desteklenmiştir.

Geliş Tarihi: 14 Mayıs 2023

Kabul Tarihi: 1 Haziran 2023

PZR döngüsü Çizelge 2'de belirtildiği şekliyle yapılmıştır. Çalışmaya ait örneklerin dizi analizi Triogen Biyoteknolojide ABI 3730XL DNA sequencer (Applied Biosystems) kullanılarak yapılmıştır. PZR'da kullanılan primer çifti dizilemede de

kullanılmıştır. Her iki pirimerle elde edilen diziler Bioedit, Clustal X yazılımı (Hall, 1999) kullanılarak hizalanmış ve ortak bir dizi elde edilmiştir.

Çizelge 2. PZR koşulları

Aşamalar	Sıcaklık/Zaman	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	94 °C / 4 dk	1
Basamaklar	Denatürasyon Primer Bağlanması Uzama (1 kbç/dk)	36 36 36
Son Uzama	72 °C / 10 dk	1

BULGULAR ve TARTIŞMA

Örneklerin PZR sonrası bant görüntüleri Şekil 1'de verilmiştir. Örneklerle ait COI DNA dizileri NCBI GenBank Blast yazılımı kullanılarak *Liriomyza* spp. ile benzerlik oranları karşılaştırıldığında; türlerin *L. sativae* ve *L. trifolii* olduğu saptanmıştır. Sonuçlar

incelendiğinde; *L. sativae*'de %99-100 arasında sonuç verdiği *L. trifolii* de ise %97-100 arasında sonuç verdiği saptanmıştır. Örneklerle ait NCBI GenBank erişim numarası alınmış olup bu numaralar ve lokalite bilgileri Çizelge 3'de verilmiştir.



Şekil 1. Örneklerin PZR bant görüntüleri

Çizelge 3. Örneklerin erişim numaraları ve lokalite bilgileri

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

Çalışmamıza ait diziler ile NCBI'dan elde edilen *Liriomyza* spp.'ye ait COI gen dizileri MEGA10 programına yüklenerek modelleme yöntemleri ve mesafeleri belirlenmiştir. Neighbor joining metodu, Tamura-Nei Modeli (1993), Bootstrap 1000'de filogenetik ağaçları oluşturulmuştur (Felsenstein,1985). NCBI genom veri bankasından örnek

erişim numaraları alınmıştır. Daha sonra Örneklerin DnaSP programına (Librado ve Rozas, 2009) DNA COI gen dizileri aktarıldıktan sonra tür içi hesaplamalar yapılmıştır. *L. sativae*'nin mtDNA COI gen bölgesinin DNA nükleotid dizisi ile yapılan BLAST analiz sonucu Şekil 2'de, *L. trifolii*'nin mtDNA BLAST analiz sonucu ise Şekil 3' de verilmiştir.

```

Query 1 GGATCAAAAAATGATGTATTAATAATTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCTCCAGCT 60
      |||
Sbjct 641 GGATCAAAAAATGATGTATTAATAATTCGATCTGTTAATAATATAGTAATTGCTCCAGCT 582

Query 61 AGCACAGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTAATACTGATCACACAAATAAA 120
      |||
Sbjct 581 AGCACAGGCAATGATAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTAATACTGATCACACAAATAAA 522

Query 121 GGTATTCGATCAAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAATAATTGTTGTAATAAAATTT 180
      |||
Sbjct 521 GGTATTCGATCAAAACTAATTCCTGTTGATCGTATATTAATAATTGTTGTAATAAAATTT 462

Query 181 ACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCAGCTAAATGGAGAGAAAAATAGCTAAATCTACT 240
      |||
Sbjct 461 ACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCAGCTAAATGGAGAGAAAAATAGCTAAATCTACT 402

Query 241 GAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAGAAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCA 300
      |||
Sbjct 401 GAAGCACCACCATGTGCAATAATTGAAGAAAGTGGAGGGTAAACCGTTCATCCTGTCCCA 342

Query 301 GCCCATTCTTCTACTATACTGCTTATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAAATAATCAA 360
      |||
Sbjct 341 GCCCATTCTTCTACTATACTGCTTATTAATAAAAGAGTTAAAGCAGGGGGTAAATAATCAA 282

Query 361 AAACCTATATTATTATTTCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAAGGAACT 420
      |||
Sbjct 281 AAACCTATATTATTATTTCGAGGAAATGCTATGTCTGGAGCTCCTAATATTAAAGGAACT 222

Query 421 AATCAATTACCAAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAaaaaaaaaTTATAATAAAA 480
      |||
Sbjct 221 AATCAATTACCAAATCCTCCAATTATAATAGGTATAACTATAAAAAAAAAATTATAATAAAA 162

Query 481 GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATGT 540
      |||
Sbjct 161 GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAAGCACCCGGATGT 102

Query 541 CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCAGGCTCCA 600
      |||
Sbjct 101 CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCAGGCTCCA 42

Query 601 AATATAAAATAT 612
      |||
Sbjct 41 AATATAAAATAT 30

```

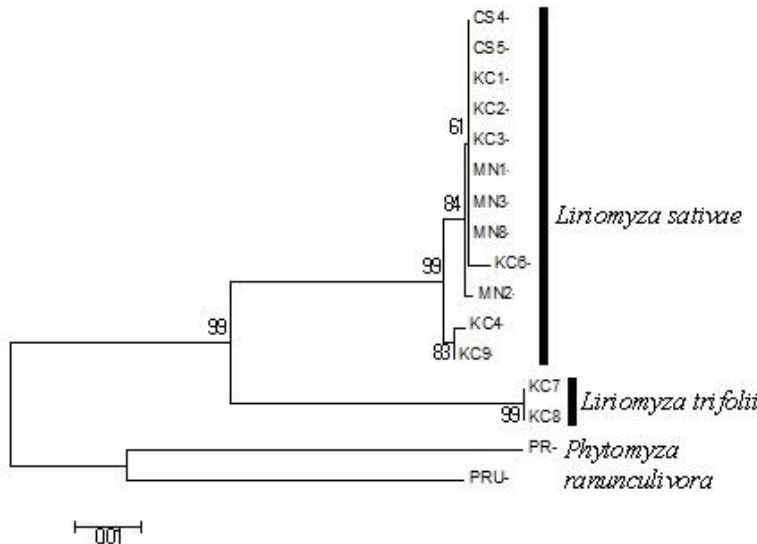
Şekil 2. *L. sativae*'nin mtDNA COI gen bölgesinin DNA nükleotid dizisi ile yapılan BLAST analiz sonucu

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

Query	1	GGGTCAAAAAATGATGTATTAATAATTCGGTCTGTTAATAGTATTGTAATTGCTCCAGCT	60
Sbjct	623	GGGTCAAAAAATGATGTATTAATAATTCGGTCTGTTAATAGTATTGTAATTGCTCCAGCT	564
Query	61	AAAACGGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTAACACAGATCAAACAAATAAA	120
Sbjct	563	AAAACGGGCAATGATAAAAAGTAATAATACAGCAGTAATTAACACAGATCAAACAAATAAA	504
Query	121	GGTATTCGGTCAAAATTAATCCCGTTGATCGTATATTAATAATTGTTGTAATAAAAAATTT	180
Sbjct	503	GGTATTCGGTCAAAATTAATCCCGTTGATCGTATATTAATAATTGTTGTAATAAAAAATTT	444
Query	181	ACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCTGCTAAATGTAAGGAAAAAATGCTAAATCAACT	240
Sbjct	443	ACTGCCCTAAAATAGAAGAAATTCCTGCTAAATGTAAGGAAAAAATGCTAAATCAACT	384
Query	241	GAAGCTCCACCATGTGCAATAATTGAGGAAAGGGGAGGGTAAACGGTTCATCCTGTACCA	300
Sbjct	383	GAAGCTCCACCATGTGCAATAATTGAGGAAAGGGGAGGGTAAACGGTTCATCCTGTACCA	324
Query	301	GCTCCGTTTTCTACTATTCCTGCTTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCGGGGGTAATAACCAA	360
Sbjct	323	GCTCCGTTTTCTACTATTCCTGCTTATTAATAAAAAGAGTTAAAGCGGGGGTAATAACCAA	264
Query	361	AAGCTTATGTTATTTATTCGAGGGAAAGCTATATCTGGGGCTCCTAATATTAAGGGGACT	420
Sbjct	263	AAGCTTATGTTATTTATTCGAGGGAAAGCTATATCTGGGGCTCCTAATATTAAGGGGACT	204
Query	421	AATCAATTTCCAAATCCTCCAATTATAATAGGCATAACTATAaaaaaaaaTTATAATAAAA	480
Sbjct	203	AATCAATTTCCAAATCCTCCAATTATAATAGGCATAACTATAAAAAAAAAATTATAATAAAA	144
Query	481	GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAGGGCACCGGGGTGC	540
Sbjct	143	GCATGAGCAGTTACAATAACATTATAAATTTGGTCATCACCAATTAGGGCACCGGGGTGC	84
Query	541	CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCAAGCACCA	600
Sbjct	83	CCTAATTCTGCTCGAATAAGAATTCTAAGAGAAGTTCCTACTATTCCAGCTCAAGCACCA	24
Query	601	AATATAAAATAT	612
Sbjct	23	AATATAAAATAT	12

Şekil 3. *L. trifolii*'nin mtDNA COI gen bölgesinin DNA nükleotid dizisi ile yapılan BLAST analiz sonucu

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



Şekil 4. Örneklerin filogenetik analiz

Liriomyza spp.' nin tanınmasında DNA barkodlamanın önemli bir şekilde kullanılabilirdiği bilinmektedir (Bhuiya ve ark.,2011; Nakamura ve ark., 2013; Liang ve ark.,2023). Bizim çalışmamızda elde edilen örnekler Genbank sonuçlarıyla karşılaştırıldığında bu türlerin *Liriomyza sativae* (% 99-100) ve *L. trifolii* (%97-99) olduğu saptanmıştır. Daha önceki çalışmalarda da benzer sonuçlar elde edilmiştir (Amin ve ark., 2014). Bizim çalışmamızda örneklerin 612 bc dizi analizi değerlendirildiğinde 45 parsimonik bilgi verici alan 49 polimorfik alan gözlenmiş ve çeşitliliğin düşük olduğu saptanmıştır. Önceki birçok çalışmada da genetik çeşitliliğin düşük olduğu ve özellikle coğrafi mesafenin bunda bir etkisinin olmadığı bildirilmiştir (Ferreira ve ark.,2017; Tang ve ark.,2016) Çalışmamızda ilçeler arasındaki benzerlik %99 bulunmuş olup, ilçeler arasındaki geçişin yüksek olduğu gözlenmiştir. Çalışmamızda haplotip gen çeşitliliği 0.648, olarak saptanmış, belirlenen 6 haplotip'in polimorfizm değeri ($P>0,10$) olarak bulunmuştur. Haplotip ortalama değeri 0,01790 olarak hesaplanmıştır. Tajim D testi -0,93891 olarak bulunmuş, dolayısıyla ilçeler arasında genetik farklılığın önemli olmadığı sonucuna ulaşılmıştır (Tajima, 1989). Çalışmamızda elde edilen örneklerin tür içi varyans analizi yapıldığında ortalama değer 0,0000871 olarak bulunmuştur. Bu da örneklerin tür içi varyasyonunun düşük olduğunu göstermektedir. Önceki çalışmalarda da bu değerlerin %0-1.9 arasında olduğunu dair çalışmalar bulunmaktadır (Scheffer, 2006).

Çalışmamızın sonucunda oluşturulan filogenetik ağaç incelendiğinde 3 ana soy hattı gözlenmektedir. Bu örneklerden CS4, CS5 KC1, KC2, KC3, MN1, MN3, MN8, örneklerinin kardeş grupken, MN2 örneğinin ise yakın akraba olduğu belirlenmiştir. KC4, KC9 örneklerinin ise KC7 ve KC8 örnekleriyle yakın akraba olduğu görülmüştür (Şekil 4).

SONUÇ

Yaprak galerisinekleri'nin küçük yapılı bir böcek olması ve bu konuda çalışan uzman sayısının az olması gibi nedenlerden dolayı, hem daha hızlı bir tanılama yapılabilmesi hem de tanılamada güvenilirliğin artırılması için DNA barkod çalışmaları daha etkin olarak kullanılabilir. Çalışmamızda Aydın ilinin iki farklı ilçesinde sebze alanlarından elde edilen böceklerin *L. sativae* ve *L. trifolii* olduğu belirlenerek Genbank erişim kayıtları alınmıştır. İlçeler arasındaki genetik çeşitlilik düşük bulunmuştur.

Türlerin evrimsel ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi hem zararlıları daha iyi tanımamıza hem de bundan sonraki çalışmalarda nasıl bir durumla karşılaşabileceğimizi anlamamıza yardımcı olabilmektedir. Aynı zamanda bu tarz çalışmaların çok yüksek düzeyde kesin sonuçlar vermesi önemini arttırmaktadır. Bununla beraber; DNA barkod çalışmaları diğer moleküler yöntemlere göre nispeten daha ucuz ve daha hızlı olsa da artan ekonomik maliyetler ve dövizdeki dalgalanmalar bu konuda çalışma yapmayı

zorlaştırmaktadır. Önümüzdeki yıllarda bu kaynaklara daha çok ulaşılması bu tarz çalışmaların artmasına ve böylece biyolojik çeşitliliği daha iyi anlamamıza yardımcı olacaktır.

TEŞEKKÜR

Çalışmanın yürütülmesindeki desteklerinden dolayı Dr. Öğr. Üyesi Ferhat KİREMİT'e ve Prof. Dr. Hasan Sungur CİVELEK'e teşekkür ederiz.

KAYNAKLAR

- Amin S, Scheffer SJ, Lewis ML, Pasha MK, Bhuiya BA (2014) DNA barcoding of the vegetable leafminer *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) in Bangladesh. DNA Barcodes, 2: 29-33.
- Andersen A, Nordhus E, Vu TTA, Ha QH, Hofsvang T (2002) Polyphagaous *Liriomyza* species (Diptera: Agromyzidae) in vegetables in Vietnam. Tropical Agriculture, 79: 241-246.
- Bhuiya BA, Amin S, Mazumdar S (2011) First report of vegetable Leafminer *Liriomyza sativae* Blanchard (Diptera: Agromyzidae) through DNA barcoding. From Bangladesh. Journal of Taxonomy & Biodiversity Research, 5: 15-17.
- Civelek HS, Önder F (1997) Bitki hastalık etmenlerinin taşınmasında galerisineklerinin (Diptera: Agromyzidae) rolü üzerinde bir inceleme. Türkiye Entomoloji Dergisi, 3: 233-241.
- Civelek HS, Ulusoy MR (2000) Türkiye galerisinekleri (Diptera: Agromyzidae) için yeni bir kayıt: *Ophiomyia phaseoli* (Tryon, 1895). Türkiye Entomoloji Dergisi, 24: 163-166.
- Civelek HS, Tonguç A, Özgül O, Dursun O (2007) Contributions to The Turkish (Diptera: Agromyzidae) Fauna from Anatolian Part of Turkey, with sixteen New Records Mitteilungen Des Internationalen Entomologischen Vereins, 32(3-4): 151- 160.
- Civelek HS (2002) New records for the Turkish (Diptera: Agromyzidae) from Mugla Province, Western Turkey. Insecta Mundi, 16: 49-55
- Civelek HS (2003) Checklist of Agromyzidae (Diptera) Family of Turkey, with a New Record. Phytoparasitica. 31:132-138.
- Civelek HS (2004) Two new records for the Turkish Agromyzidae (Diptera) fauna. Türkiye Entomoloji Dergisi, 28: 1-10.
- Costa AS, Silva DM, Duffus JE (1988) Plant virus transmission by leafminer fly. Virology, 5(1): 145- 149
- Çıkman E, Uygun N (2003) The determination of leafminers (Diptera:Agromyzidae) from Turkey, with four new records. Phytoparasitica, 33(4): 391-396.
- Çıkman E, Civelek HS (2005) Contributions to the Leafminer Fauna (Diptera: Agromyzidae) from Turkey, with Four New Records. Phytoparasitica, 33(4): 391-396.

- Çıkman E, Civelek HS (2007) Does *Liriomyza cicerina* Affect the Yield of Chickpeas (*Cicer arietinum*), *Phytoparasitica*, 35(2): 116-118.
- Deeming JC, Civelek HS (1997) Türkiye Agromyzidae (Diptera) familyası için yeni kayıtlar. Türkiye 3. Entomoloji Kongresi Bildirileri, Türkiye, Ankara, 526-533.
- Felsenstein J (1985) Confidence limits on the phylogenies an approach using the bootstrap. *Evolution*, 39(4): 783-791.
- Ferreira ECB, Freitas MTDS, Sombra KDDS, Siqueira HÁAD, Araujo ELD, Balbino VDQ (2017) Molecular Identification of *Liriomyza* sp. in the Northeast and Southeast Regions of Brazil. *Revista Caatinga*, 30(4): 892-900.
- Giray H (1970) *Liriomyza cicerina* Rond. (Diptera: Agromyzidae)'nin morfolojik karakterleri, kısa biyolojisi ve zarar şekli üzerinde araştırmalar. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi No:171, Bornova, 34s.
- Liang YX, Du SJ, Zhong YJ, Wang QJ, Zhou Q, Wan FH, Guo JY, Liu WX (2023) Molecular phylogeny and identification of Agromyzid leafminers in China, with a focus on the worldwide genus *Liriomyza* (Diptera: Agromyzidae). *Journal of Integrative Agriculture*. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2095311923001004> (Erişim tarihi: Mayıs 2023).
- Librado P, Rozas J (2009) DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*. 25: 1451-1452.
- Mart C, Tursun AÖ, Civelek HS (2005) Contributions to (Diptera: Agromyzidae) Fauna of Turkey. *Journal of Turkish Zoology*, 29(3): 57-359.
- Nakamura S, Masuda T, Mochizuki A, Konishi K, Tokumaru S, Ueno K, Yamaguchi T (2013) Primer design for identifying economically important *Liriomyza* species (Diptera: Agromyzidae) by multiplex PCR. *Molecular Ecology Resources*, 13(1): 96-102.
- Polat F, Serkan DE, Bingöl G, Kekillioglu A (2018) Kocaeli'de Yayılış Gösteren Bazı Böcek Türlerinin Mitokondrial Sitokrom Oksidaz Alt Ünite 1 Geni ile Filogenetik Analizi. *Kocaeli Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 1(2): 62-66.
- Spencer KA (1972) Agromyzidae from Southern Spain (Insecta: Diptera). *Zoological Museum University of Copenhagen*, 2(6): 91-104.
- Spencer KA (1973) Diptera:Agromyzidae of economic importance. The Pitman Press, G.Britain, 418 s.
- Spencer KA (1976) The (Diptera: Agromyzidae) of Fennoscandia and Denmark. *Fauna Entomologica Scandinavica*, 5(1-2): 1-606.
- Spencer KA (1990) Host specialization in the world (Diptera: Agromyzidae). Kluwer Academic Publishers, Netherland, 444 s.
- Scheffer SJ, Lewis ML, Joshi RC (2006) DNA Barcoding Applied to Invasive Leafminers (Diptera: Agromyzidae) in the Philippines, *Annual Entomological Society of America*. 99(2): 204- 210.
- Tang XT, Ji Y, Chang YW, Shen Y (2016) Population genetic structure and migration patterns of *Liriomyza sativae* in China: moderate subdivision and no Bridgehead effect revealed by microsatellites.
- Tajima F (1989) Statistical methods to test for nucleotide mutation hypothesis by DNA polymorphism. *Genetics*, 123: 585-595.
- Tamura K, Nei M (1993) Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10(3): 512-526.
- Uygun N, Polatöz Z, Başpınar H (1995) Doğu Akdeniz Bölgesi Agromyzidae (Diptera) familyası türleri üzerinde sistematik araştırmalar. *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 19(2): 123-136.
- Yıldırım EM, Ünay A, Civelek HS (2010) The effect of *Liriomyza trifolii* (Burgess) (Diptera: Agromyzidae) on some leaf characteristics of bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Food, Agriculture Environment*, 8(3&4): 839-841.
- Wang J, Qiao GX (2009) DNA barcoding of genus Toxoptera Koch (Hemiptera: Aphididae) identification and molecular phylogeny inferred from mitochondrial COI sequences. *Insect Science*, 16(6): 475-584.