

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



Poecilimon luschani ve *Isophya major*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL
MİTOKONDRIYAL GENOM KARAKTERİZASYONU

Pembe Nur ÖZTÜRK
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2018
ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



Poecilimon luschani ve *Isophya major*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL
MİTOKONDRIYAL GENOM KARAKTERİZASYONU

Pembe Nur ÖZTÜRK
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2018
ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

***Poecilimon luschani ve Isophya major*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL
MİTOKONDRIYAL GENOM KARAKTERİZASYONU**

**Pembe Nur ÖZTÜRK
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri tarafından
FYL-2017-2524 nolu proje ile desteklenmiştir.**

HAZİRAN 2018

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Poecilimon luschani ve *Isophya major*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL
MİTOKONDRIYAL GENOM KARAKTERİZASYONU

Pembe Nur ÖZTÜRK

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 21/06/2018 tarihinde jüri tarafından Oybirliği ile kabul edilmiştir.

Prof. Dr. Battal ÇIPLAK (Danışman)

Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ

Doç. Dr. Sarp KAYA

ÖZET

Poecilimon luschani ve *Isophya major* (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL MİTOKONDRIYAL GENOM KARAKTERİZASYONU

Pembe Nur ÖZTÜRK

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Haziran 2018; 77 sayfa

Son 20 yılda mitokondriyal genom (mt-genom) dizileri moleküler evrim, populasyon genetiği, filogenetik, filocoğrafik ve benzeri alanlarda kullanılan başlıca veri kaynaklarından biri olmuştur. Orthoptera takımına ait 30.000 kadar türden şimdilik sadece 149'unun total mt-genom dizileri belirlenmiş ve mt-genom karakterizasyonları yapılmıştır. Bu çalışma kapsamında Phaneropterinae (Orthoptera) familyasını temsilen iki türün mt-genom verisi yeni nesil dizileme yaklaşımları ile üretilmiş ve biyoinformatik yaklaşımlar altında karşılaştırılmalı olarak karakterize edilmiştir. Mt-genom uzunlukları *Isophya major* türünde 15.724 ve *Poecilimon luschani* türünde 15.568 baz çifti olarak belirlenmiştir. Bu iki türde tipik ökaryot mt-genomunda olduğu gibi 13 protein kodlayan gen, 2 rRNA geni, 22 tRNA geni ve bir AT'ce zengin bölgeden oluşmaktadır. Her iki türde de 37 geninin yerleşimi atasal böcek mt-genomu olarak kabul edilen Pancrustaceae mt-genomuyla birebir aynıdır. Farklı olarak *I. major* türünde *trnR* ve *trnN* tRNA genleri arasında 183 baz uzunluğunda kodlama yapmayan bir bölge belirlenmiş olup bu bölgede ardışık iki çift tekrarlı motif göstermektedir. Protein kodlayan genlerde AT/GC oranı yüzde olarak *I. major* türünde 65,4 / 34,6 ve *P. luschani* türünde ise 68,4/31,6 olarak bulunmuştur. Bu veriler ışığında şu sonuçlara varılmıştır: (i) Bu iki türün mt-genomunun uzunluk ve gen sayısı bakımından tipik çok hücreli mt-genomu karakteristiklerini gösterir, (ii) Barbitistini tribusunu temsil eden bu iki türde atasal gen yerleşimi korunmuştur, (iii) bu gen yerleşiminin Phaneropterinae altfamilyasının tamamı için geçerli değildir, (iv) her iki tür AT ağırlıklı bir genoma sahiptir ve (v) *I. major* türünde saptanan 183 baz çifti uzunluğundaki kodlama yapmayan bölge mt-genom replikasyonu sırasında oluşan hatalar sonucu oluşmuş olabilir veya transkripsiyon başlama bölgesi içeriyordur.

ANAHTAR KELİMELER: Barbitistini, *Isophya major*, Orthoptera, Phaneropterinae, *Poecilimon luschani*, yeni nesil dizileme, total mitokondriyal genom

JÜRİ: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ

Doç. Dr. Sarp KAYA

ABSTRACT

TOTAL MITOCHONDRIAL GENOME CHARACTERISTICS IN *Poecilimon luschani* and *Isophya major* (ORTHOPTERA, TETTIGONIDA)

Pembe Nur ÖZTÜRK

MSc Thesis in Biology

Supervisor: Prof.Dr. Battal ÇIPLAK

June 2018; 77 pages

Over the last 20 years, sequences of the mitochondrial genome have been one of the main sources of data used in molecular evolution, population genetics, phylogenetic and other similar fields. Of the 30.000 species belonging to the Orthoptera order, only mt-genomes of 149 have been sequenced and characterized. In this study, mt-genome of two species representing the subfamily of Phaneropterinae (Orthoptera, Tettigoniidae) were sequenced via the next generation sequencing and characterized comparatively using bioinformatics approaches. Mt-genome lengths were 15.724 and 15.568 base pairs in *Isophya major* and *Poecilimon luschani* respectively. The mt-genomes of both species are composed of 13 protein coding, 2 rRNA and 22 tRNA genes and an AT-rich region as the typical for other eukaryotes. The location of 37 genes in both species is identical to the Pantrustaceae mt-genome, which is regarded as the ancestral insect mt-genome. Different than the other a 183 base pair long non-coding region located between *trnR* and *trnN* genes was identified in *I. major*, and this region displays a double consecutively repeating motif. In the protein coding genes the AT/GC ratios were found to be 65,4/34,6 and 68,4/31,6 in *I. major* and *P. luschani* respectively. In the light of these data following conclusions were made: (i) These two species show the typical multicellular mt-genome characteristics in terms of length and number of genes in the mt-genome, (ii) The ancestral gene locations are conserved in these two species which representing the tribe Barbitistini, (iii) this gene arrangement is different that gene locations in some other lineages in Phaneropterinae subfamily, (iv) both species have an AT-rich genome, and (v) The non-coding region of the 183 base pair length detected in *I. major* species may have been generated during mt-genomic replication or contain the transcription initiation region.

KEYWORDS: Barbitistini, *Isophya major*, Orthoptera, next generation sequencing, Phaneropterinae, *Poecilimon luschani*, total mitochondrial genome

COMMITTEE: Prof. Dr. Battal IPLAK

Assoc. Prof. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ

Assoc. Prof. Dr. Sarp KAYA

ÖNSÖZ

Türler arasındaki evrimsel ilişkinin tespit edilmesinde mitokondri genomunun kullanımı 1980'lerde başlamıştır ve halen yaygın olarak kullanılmaya devam etmektedir. Mitokondri genomu anasal kalıtım ile aktarıldığından canlının atasal geçmişi hakkında bilgiler vermektedir. Bu özelliğinden dolayı moleküler evrim, populasyon genetiği, filogenetik ve benzeri alanlarda başlıca veri kaynağı olmuştur. Çalışmada üretilen verilerle hem genel hem de Orthoptera için evrimsel biyoloji, mitokondri genom yapılanması ve evrimi, fonksiyonel genomik ve taksonomi disiplinlerine evrensel düzeyde bilimsel düzeyde faydalı veriler üretilmesi amaçlanmıştır. Bu düşünce ile başladığımız çalışmada Anadolu'ya endemik olan Phaneropterinae altfamilyasının iki temsilci türü olarak *Poecilimon luschani* ile *Isophya major* türlerinin mitokondri genomları çalışılarak değinilen beklentileri karşılayabilecek verilerin edinilebilmesi amaçlanmıştır.

Lisans ve lisansüstü yaşamım boyunca üzerimde emeği geçen, her aşamasında desteğini esirgemeyen, bilgi ve tecrübeleriyle bana yol gösteren danışmanım PROF. DR. BATTAL ÇIPLAK başta olmak üzere değerli hocam YRD. DOÇ. DR SARP KAYA' ya herşey için çok teşekkür ederim.

Tez süresince yardımını esirgemeyen MEVBİL ekip arkadaşlarım UĞUR KARŞI, ÖZGÜL YAHYAOĞLU ve ONUR ULUAR'a, çalışma sırasında desteklerinden dolayı MURAT GÜLER, ÖZGÜL DOĞAN ve MESUT CİHAN AYDEMİR'e teşekkür ederim.

Lisansüstü öğrenim sürecinde tanıştığım ve destek olmaktan kaçınmayan, varlığıyla huzur veren arkadaşlarım SELAMET TURAY ve ÖZLEM SİVRİ' ye, tüm zorlukları ve mutlulukları paylaştığım ŞAHİN BAL'a çok teşekkür ederim.

Son olarak hayatımın her anında olduğu gibi bu süreçte de arkamda olan ve desteklerini esirgemeyen sevgili annem HİTOMİ TAKENO başta olmak üzere babam ERCÜMENT ÖZTÜRK ve tüm aileme teşekkür ederim.

Bu tez çalışması, yüreğinin sevgiyle dolu olduğunu bildiğim, hayatımdaki azmimi kendisinden miras aldığıma inandığım rahmetli dedem HIROSHI TAKENO' ya ithaf olunur.

Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeler Birimi FLY-2017-2524 nolu lisansüstü tez projesi tarafından desteklenmiştir.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
İÇİNDEKİLER	vi
AKADEMİK BEYAN	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
1.1. Mitokondri Organeli.....	1
1.2. Mitokondri Genomu (Mt-Genom).....	2
1.3. Böcek Mitokondri Genomu.....	4
1.3.1. Transfer RNA genleri	5
1.3.2. Ribozomal RNA genleri	5
1.3.3. Protein kodlayan genler	5
1.3.4. Kodlama yapmayan bölgeler	5
1.3.5. A+T'ce zengin bölge	5
2. KAYNAK TARAMASI	7
2.1. Orthoptera Takımı	7
2.2. <i>Isophya</i> Cinsi ve <i>I. major</i> Tür Grubu	11
2.3. <i>Poecilimon</i> Cinsi ve <i>P. luschani</i> Tür Grubu.....	11
2.4. Yeni Nesil Sekanslama ile Mitokondriyal DNA (mtDNA)	12
3. MATERYAL VE METOT	14
3.1.Örnekleme ve DNA İzolasyonu	14
3.2. Yeni Nesil Dizileme Verilerinden Mt-Genomun Eldesi ve Gen Etiketleme	15
3.3. Mt-genom Belirlenmesi (Annotasyonu).....	16
3.3.1. Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu.....	16
3.3.2. Transfer RNA genlerinin karakterizasyonu	16
3.3.3. Ribozomal RNA genlerinin karakterizasyonu.....	17
3.4. Mt-Genom İstatistikleri	17
4. BULGULAR.....	19
4.1. Edinilen Verilerin Tanımı	19

4.2. Edinilen Yeni Nesil Dizileme Ürünleri	19
4.3. Mt-Genom Karakterizasyonu	20
4.3.1. <i>Isophya major</i> türünün mt-genom karakterizasyonu	20
4.3.2. <i>Poecilimon luschani</i> türünün mt-genom karakterizasyonu	30
5. TARTIŞMA	38
5.1. Mt-genom Uzunluğu	38
5.2. Mt-Genom Organizasyonları	40
5.3. <i>I. major</i> ve <i>P.luschani</i> Genom Özellikleri	45
6. SONUÇLAR	50
7. KAYNAKLAR	52
8. EKLER	66
Ek 1. Çalışma kapsamında kullanılan Orthoptera türlerinin total mt-genom boyutlarına göre sıralaması	66
Ek 2. tRNA genlerinin sekonder yapıları	67

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “*Poecilimon luschani* ve *Isophya major* (Orthoptera, Tettigoniidae) türlerinde total mitokondriyal genom karakterizasyonu” adlı bu çalışmanın, akademik kurallar ve etik değerlere uygun olarak yazıldığını belirtir, bu tez çalışmasında bana ait olmayan tüm bilgilerin kaynağını gösterdiğimi beyan ederim.

21/06/2018

Pembe Nur ÖZTÜRK

SİMGELER VE KISALTMALAR

A	: Adenin
aa	: Amino asit
Ala	: Alanin
Arg	: Arjinin
ARWEN	: Çok hücreli hayvanların (Metazoa) mitokondriyal genom sekanslarında tRNA genlerini gösteren bir program
Asn	: Asparagin
Asp	: Aspartik asit
ATP	: Adenozin trifosfat
atp6	: ATP sentaz 6 geni
atp8	: ATP sentaz 8 geni
bç	: baz çifti
BLAST	: Basic Local Alignment Search Tool
C	: Sitozin
cox1	: Sitokrom C oksidaz 1 geni
cox2	: Sitokrom C oksidaz 2 geni
cox3	: Sitokrom C oksidaz 3 geni
Cys	: Sistein
cytb	: Sitokrom b geni
dk	: dakika
DNA	: Deoksiribonükleik asit
EDTA	: Etilen diamintetra asetik asit
G	: Guanin
GB	: Gigabayt
Genbank	: Ulusal Sağlık Enstitüsü Genetik Sekans veritabanı
Geneious	: Molecular Biology and NGS Analysis programı
Gln	: Glutamin
Glu	: Glutamik asit
Gly	: Glisin
HCl	: Hidroklorik asit
His	: Histidin
Ile	: İzolösin
J	: Ağır zincir
kb	: kilobaz
Leu	: Lösin
Lys	: Lizin
m	: metre
MEGA	: Molecular Evolutionary Genetics Analysis paket programı
Met	: Methiyonin

MEVBIL	: Moleküler Evrim ve Biyocoğrafya Laboratuvarı
mg/ml	: Miligram/mililitre
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
mtDNA	: Mitokondriyal deoksiribonükleik asit
mt-genom	: Mitokondri genomu
N	: Hafif zincir
NaCl	: Sodyum klorür
nad1	: NADH dehidrojenaz 1 geni
nad2	: NADH dehidrojenaz 2 geni
nad3	: NADH dehidrojenaz 3 geni
nad4	: NADH dehidrojenaz 4 geni
nad4l	: NADH dehidrojenaz 4l geni
nad5	: NADH dehidrojenaz 5 geni
nad6	: NADH dehidrojenaz 6 geni
NCBI	: National Center for Biotechnology Information veritabanı
ng	: Nanogram
ng/ul	: nanogram/mikrolitre
NGS	: Yeni Nesil Dizileme
ort	: Ortalama
PCR	: Polymerase chain reaction (polimeraz zincir reaksiyonu)
Phe	: Fenilalanin
PKG	: Protein kodlayan gen
Pro	: Prolin
RNA	: Ribonükleik asit
rpm	: dakikadaki devir sayısı
rRNA	: Ribozomal RNA Geni
rrnL	: 16S rRNA geni
rrnS	: 12S rRNA geni
RSCU değeri	: Göreli sinonim kodon kullanımı
SDS	: Sodyum dodesil sülfat
Ser	: Serin
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi
T	: Timin
Thr	: Treonin
Tk	: Tekrar
Tris	: Hidroksimetil aminometan
trnA	: tRNA-alanin
tRNAScanSE	: Searching for tRNA genes in genomic sequence paket programı
trnC	: tRNA-Sistein
trnD	: tRNA-Aspartat
trnE	: tRNA-Glutamat

trnF	: tRNA-Fenilalanin
trnG	: tRNA-Glisin
trnH	: tRNA-Histidin
trnI	: tRNA-İzolösin
trnK	: tRNA-Lizin
trnL	: tRNA-Lösin
trnM	: tRNA-Metiyonin
trnN	: tRNA-Asparajin
trnP	: tRNA-Prolin
trnQ	: tRNA-Glutamin
trnR	: tRNA-Arjinin
trnS	: tRNA-Serin
trnT	: tRNA-Treonin
trnV	: tRNA-Valin
trnW	: tRNA-Triptofan
trnY	: tRNA-Tirozin
Trp	: Triptofan
Tyr	: Trozin
U	: Urasil
Val	: Valin
µg/ml	: mikrogram/mililitre
µg/µl	: mikrogram/mikrolitre
µl	: Mikrolitre
µm	: Mikrometre
Ψ	: psödouridin
-	: Tire
-	: Eksi
%	: Yüzde
+	: Artı
°C	: Santigrat derece
,	: Ondalık ayıracı

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Mitokondri organeli	1
Şekil 1.2. Endosimbiyoz hipotezi	2
Şekil 4.1. <i>I. major</i> türünde mt-genom içinde bulunan tekrar bölgesi	22
Şekil 4.2. <i>I. major</i> türünün halkasal total mt-genomu	29
Şekil 4.3. <i>P. luschani</i> türünün halkasal total mt-genomu	37
Şekil 5.1. Orthoptera takımı mt-genom yerleşimi	43
Şekil 5.2. <i>I. major</i> ve <i>P. luschani</i> türlerinin atasal mt-genom ile karşılaştırılması.....	48

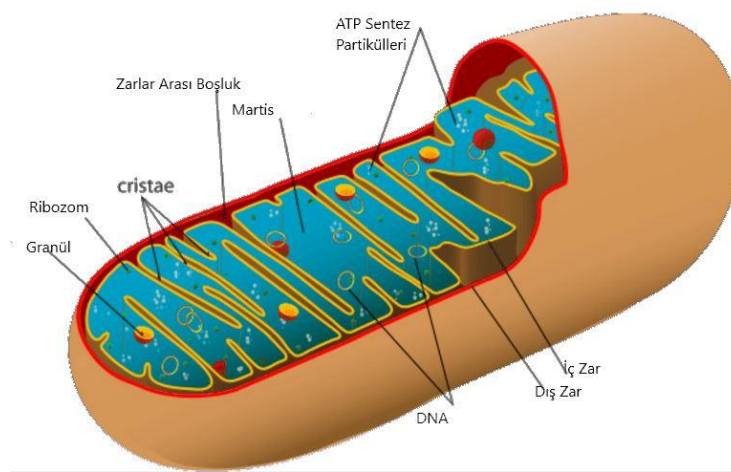
ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Farklı organizmalarda mitokondri genom boyutları	3
Çizelge 2.1. Ensifera alt takımının total mt-genom dizisi çıkarılmış türler, ilgili yayın ve dizi Genbank ulaşım numarası.....	8
Çizelge 2.2. Caelifera alt takımının total mt-genom dizisi çıkarılmış türler, ilgili yayın ve dizi Genbank ulaşım numarası.....	9
Çizelge 2.3. <i>I. major</i> türünün sistematikteki yeri.....	11
Çizelge 2.4. <i>P. luschani</i> türünün sistematikteki yeri	11
Çizelge 3.1. <i>I. major</i> ve <i>P. luschani</i> türlerinin lokalite ve örnek numaraları.....	14
Çizelge 4.1. Çalışılan örnekler ve örnek başına ölçülen DNA miktarları	19
Çizelge 4.2. GENEIOUS programı ile her bir örnek için elde edilen mt-genom uzunlukları	20
Çizelge 4.3. <i>I. major</i> türünün mt-genom özeti.....	23
Çizelge 4.4. <i>I. major</i> türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları.....	26
Çizelge 4.5. <i>I. major</i> türünde PKG'lerin aminoasit kompozisyonları	27
Çizelge 4.6. <i>I. major</i> türünde PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanımları (RSCU)...	28
Çizelge 4.7. <i>P. luschani</i> türünün mt-genom özeti.....	31
Çizelge 4.8. <i>P. luschani</i> türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları.....	34
Çizelge 4.9. <i>P. luschani</i> türünde PKG'lerin aminoasit kompozisyonları	35
Çizelge 4.10. <i>P. luschani</i> türünde PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanımları (RSCU)	36
Çizelge 5.1. Orthoptera takımına ait total mt-genomu çıkarılmış türlerin ailya bazında ortalama uzunlukları.....	39
Çizelge 5.2. <i>Tettigoniidae</i> ve <i>Acrididae</i> ailyasına ait türlerin alt ailya düzeyinde total mt-genom uzunluklarının ortalama uzunlukları.....	39
Çizelge 5.3. <i>I. major</i> ve <i>P. luschani</i> türlerinde PKG'lerin uzunlukları	45
Çizelge 5.4. <i>I. major</i> ve <i>P. luschani</i> türlerinde PKG'lerin kullandıkları başlama ve sonlanma kodonları	46
Çizelge 5.5. <i>I. major</i> ve <i>P. luschani</i> türlerinde tRNA genlerinin kullandıkları antikodon.....	46
Çizelge 5.6. <i>I. major</i> ve <i>P. luschani</i> türlerinin nükleotid kompozisyonu ve AT/GC eğri değeri	49

1. GİRİŞ

1.1. Mitokondri Organeli

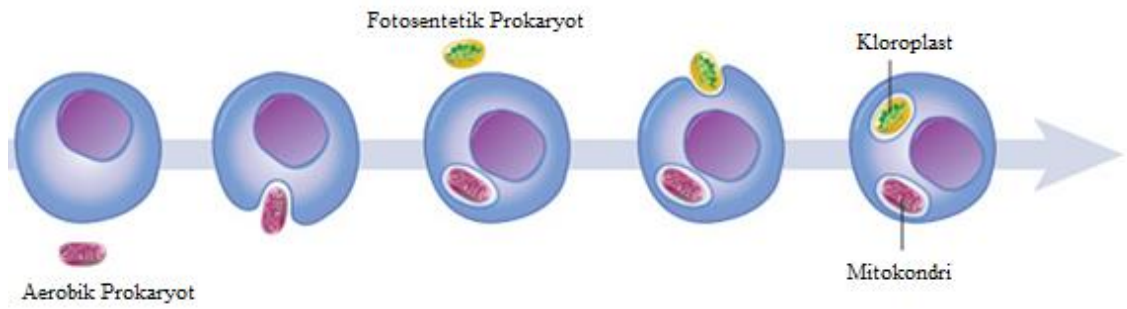
Hücrede önemli bir işleve sahip olan mitokondri ilk olarak Altmann tarafından tanımlanmıştır (Altmann 1890). Mitokondri organeli ilk olarak karaciğer hücrelerinden izole edilmiştir (Bensley ve Hoerr 1934). Işık mikroskopunun gelişmesiyle mitokondri organeli incelendiğinde granüller ve iplikler şeklinde olduğu görülmüş ve bu organel 1898 yılında Benda mitokondri adını vermiştir. Yunancada; mitos: iplik, chondrion: granül anlamına gelmektedir (Karol 2000). Mitokondri hemen hemen bütün ökaryotik canlı hücrelerinde bulunur. Bazı hücreler tek ve büyük bir mitokondri içermesine rağmen bazı hücrelerdeki mitokondri sayısı yüzlerce olabilmektedir. Bu organel yaklaşık olarak 1-10µm kadardır. Mitokondri iki zarla çevrili olup, bu zarların her biri çift katlı lipid ve kendine özgü proteinlere sahiptir. Dış zar düz olup, iç zar krista denilen kıvrımlar içermektedir. İç zar mitokondri içini iki bölmeye ayırmaktadır. Bunlar zarlar-arası bölge ve mitokondri matriksidir. Matriks, çeşitli enzimleri, mitokondri DNA'sını ve ribozomları içermektedir. Kristalar ise mitokondri iç zarının yüzey alanını arttırarak, hücre solunumunun verimini yükseltir (Campbell 2001). Mitokondri zarlar arasında bulunan bölgede ATP enerji üretimini, iç zarla çevrelenen matriks ise mitokondri içine ve dışına verimli bir şekilde aktarılması için gerekli olan elektrokimyasal proton gradiyentini oluşturur (Chandel 2014).



Şekil 1.1. Mitokondri organeli (Villarreal 2006)

Mitokondrinin ökaryotik hücrede enerji birimleri olarak evrimleşmesi süreci endosimbiyotik teori olarak tanımlanır ve bu organelin bakterinin simbiyotik akrabılığı bulunan canlı formuna yerleşmesi ve sonrasında ökaryotik hücrenin atasını oluşturması sonucunda açığa çıktığını savunur (Altmann 1890). Mitokondri, endosimbiyoz adı

verilen bu işlem ile *Bacteria* domainine ait prokaryotların ökaryotik hücreler içerisine simbiyotik birleşmeleri sonucu ortaya çıktığı savunulmaktadır (Şekil 1.2). Mitokondri prokaryotik tipte ribozoma sahiptir ve *Bacteria*'ya özgü 16S ribozomal RNA dizileri içerir. Bu kanıtlar neticesinde mitokondrinin α -proteobacteria'nın SAR11 kladı ile ortak bir atadan köken aldığı rapor edilmektedir (Gray 2012). Mitokondriler hücrenin enerji merkezi olmasının yanında birçok önemli fonksiyona sahiptir. Mitokondrinin apoptozisteki rolü 1994 yılında Newmeyer ve arkadaşları tarafından önerilmiş olup daha sonra çeşitli biyolojik sistemlerde (sinyalizasyon ve farklılaşma, yaşlanma) kanıtlanmıştır (Chandel 2014; Lopez-Otin vd. 2013; Van Blerkom 2011).



Şekil 1.2. Endosimbiyoz hipotezi (Anonymous 1)

1.2 Mitokondri Genomu (Mt-Genom)

Ökaryotik organizmalar nükleus ve organel genomları olmak üzere iki genom içerir. Bitkisel organizmalar organel genomu olarak mitokondri ve kloroplast olmak üzere iki organel genomuna sahipken hayvanlar sadece mitokondri genomuna sahiptir (Clary ve Wolstenholme 1985; Ballard ve Rand 2005; Copeland 2002).

Mitokondriyal deoksiribonükleik asit (mtDNA) 1963 yılında Nass tarafından keşfedilmiştir. Mitokondri genomunun ilk kez tüm baz dizilimi ve genom organizasyonu Bibb ve arkadaşları tarafından 1981 yılında farede, Anderson ve arkadaşları tarafından ise 1982 yılında insanda gerçekleştirilmiştir (Smith 2016).

Genel olarak çok hücreli hayvan hücresi mitokondri genomu (mt-genom) yaklaşık 16.000 baz çiftinden oluşur ve 13 protein, 2 rRNA ve 22 tRNA kodlayan 37 gen ve değişken uzunluklarda A+T'ce zengin bir kontrol bölgesinden oluşmaktadır (Clary ve Wolstenholme 1985; Boore 1999).

Mitokondri genomu uzunluk bakımından canlılar arasında karşılaştırıldığında uzunluk varyasyonu göstermektedir. Bitkilerde mtDNA büyüklükleri oldukça varyasyonel olup özellikle angiospermlerde 200 kb ile 2000 kb arasında değişmektedir (Palmer vd. 2000). Hayvanlarda ise mtDNA genellikle 37 gen içeren küçük (15-20 kb) bir genomdur (Boore 1999). Böceklerde mitokondri genom büyüklüğü 14 ile 20 kb

aralığında değişmektedir (Korkmaz vd. 2015). Bu veriler sonucunda, mt-genom büyüklüğünün 14-2000 kb arasında değişmekte olduğu söylenebilir (Çizelge 1.1).

Çizelge 1.1. Bazı organizmalarda mitokondri genom boyutları

Organizma	Mt-genom boyutu (bç)	Gen Bank Erişim Kodu	Kaynak
<i>Ruspolia dubia</i>	14.971	NC_009876	(Zhou Z. vd. 2007)
<i>Mus musculus</i> (Fare)	16.301	CM004276	(Howe ve Keane 2016)*
<i>Callithrix pygmaea</i> (Cüce İpek Maymunu)	16.520	NC_021942	(Finstermeier vd. 2013)
<i>Homo sapiens</i> (İnsan)	16.571	NC_001807	(Ingman vd. 2000)
<i>Felis catus</i> (Kedi)	17.009	NC_001700	(Lopez vd. 1996)
<i>Xenopus laevis</i> (Afrika Pençeli Kurbağası)	17.717	HM991335	(Irisarri vd. 2011)
<i>Drosophila melanogaster</i> (Meyve Sineği)	19.517	U37541	(Clary vd. 1982)
<i>Arabidopsis thaliana</i> (Hardal Bitkisi)	366.924	NC_001284	(Giege vd. 1999)
<i>Zea mays</i> (Mısır)	569.630	AY506529	(Clifton vd. 2004)
<i>Vicia faba</i> (Bakla)	588.000	KC189947	(Negruk 2013)
<i>Triticum aestivum</i> (Ekmeklik Buğday)	647.559	GU985444	(Liu vd. 2011)
<i>Cucumis melo</i>	2.428.112		(Moreno vd. 2011)

Mt-genom büyüklüğündeki farklılıklar, temelde kodlama yapmayan bölgedeki tekrarlı dizilerden, A+T'ce zengin bölgelerin biriktirilmesinden ve mt-genomdaki herhangi bir bölgenin duplikasyonu kaynaklı olabilir (Boyce vd. 1989; Smith ve Snyder 2007). Tam aksine, mt-genom büyüklüğünün ortalamadan büyük oranda azalmış olmasının ise protein kodlayan genler (PKG) ile tRNA genlerinin silinmesi ve kodlama yapmayan bölgenin küçülmesinden kaynaklandığı rapor edilmektedir (Helfenbein vd. 2004; Papillon vd. 2004). Bunun dışında; nükleotid eksilmesi (delesyon), nükleotid ilave edilmesi (insersiyon), nükleotid dönüşümleri, belirli gen bölgelerinde DNA parçalarının farklı uzunluklarda olması ve herhangi bir lokustaki nükleotid dizilimlerin de gözlenen çeşitli değişimler mtDNA molekülünde meydana gelen genetik varyasyonun temel kaynaklarını oluşturmaktadır (Moritz vd. 1986; Cornuet vd. 1991). mtDNA mutasyonlar, nokta mutasyonları ve yeniden düzenlenmeleri (delesyon ve duplikasyon) içermektedir. Nokta mutasyonları genellikle maternal geçişlidir; delesyon ve duplikasyonlar ise mt-genomda nadiren görülür (Rokas vd. 2003). Dolayısıyla mt-

genom büyüklüğündeki bu farklılıklar indirgeyici evrime maruz kaldığı ve bu nedenle genlerinin çoğunu nükleer genomuna aktarmış veya fonksiyonunu yitirmiş olduğu söylenebilir (Altun 2017).

MtDNA, yapısındaki enzimlerin replikasyonu, transkripsiyonu, translasyonu ve onarımı için nükleer genlere bağımlıdır. (Taanman 1999; Leonard ve Schapira 2000).

Mt-genom kalıtım doğası nedeniyle (anasal kalıtımı, nuklear genomu göre çok kısa olması, rekombinasyonun az olması, tek kopya olması, bir hücrede çok sayıda mitokondri olması vb.) hemen tüm hayvan gruplarında moleküler evrim, populasyon genetiği, filogeni, filoğrafya ve türleşme çalışmalarında başlıca veri kaynağı olarak kullanılmaktadır (Avisé 2009; Ma vd. 2009). Farklı canlı gruplarından gelen bu mt-genom varyasyonları nedeniyle mt-genomun orijinini, evrimini organizasyonu ve yapısal çeşitliliğini açıklayabilmek için ökaryotları temsil edebilecek daha fazla mt-genom verisine ihtiyaç duyulmuştur.

1.3. Böcek Mitokondri Genomu

Böcekler, mt-genomu dizilenmiş eklem bacaklıların yaklaşık %80'ini oluşturmaktadır (Cameron 2014a). Böceklerde mt-genom büyüklüğü 14 ile 20 kb aralığında değişmektedir (Korkmaz vd. 2015). Çoğu hayvan grubundan farklı olarak zarkanatlılar (Hymenoptera) 20 000 bp kadar uzunlukta bir genomu sahiptir (Crozier ve Crozier 1995; Korkmaz vd. 2015, 2016). Beş oksidatif fosforilasyon kompleksinden dördünü oluşturan 13 proteini kodlayan gen (PKG), 22 tRNA geni, 2 rRNA geni (Boore 1999) ve kodlama yapmayan fakat replikasyon ve transkripsiyondan sorumlu bir bölgeden oluşmaktadır (Zhang 1997). Sitokrom C oksidaz I, II ve III alt birimlerini kodlayan protein genleri *Cox1*, *Cox2* ve *Cox3* olarak; sitokrom b geni için *cytb*, NADH dehidrogenaz (1-6) alt birimleri için *nad1-nad6* nerede ise evrensel olarak kullanılan kısaltmalar olmuştur. A+T'ce zengin bölge olarak gösterilen bölgenin replikasyon orijini olduğu rapor edilmektedir (Crozier ve Crozier 1993). Diğer tüm canlı gruplarında olduğu gibi böceklerde de aynı kapsamlı çalışmaların başlıca aracı olmuştur (Cameron 2014b; Song vd. 2015). Moleküler temelli evrimsel çalışmaların yanı sıra biyoçeşitliliğin tanımlanmasının da bir aracı haline gelmiş ve sistematik biyolojinin bu yönde dönüşümünü sağlamıştır. Yakın zamana kadarki moleküler çalışmalarda mt-genoma ait belirli belirteç bölgeler çalışılmıştır. *Cox1*, *Cox2*, *Cytb*, 12S rRNA ve 16S rRNA genleri en yaygın çalışılan belirteç genler olmuştur. Keza DNA barkodlama girişimleri mt-genoma ait *Cox1* geninin bir bölgesi üzerinden gelişmiştir (Herbert vd. 2003).

MtDNA, çekirdek DNA'sına göre daha hızlı evrimleştiği için türler ve alttürlerin filogenetik çalışmalarında çok değerli bir araç olarak kabul edilir (Avisé vd. 1987) ve günümüzde birçok böcek takımının mt-genom verisine ulaşmak mümkündür. Bu mt-genom bilgisi yaygın bir şekilde böcek taksonomisini ve evrimsel tarihleri ile yaşam stratejilerini anlamada kullanılmaktadır (Cameron 2014a).

Mt-genom bilgisinden total nükleotid dizileri ve gen içeriği, genom büyüklüğü, kompozisyonel özelliklerinin yanı sıra RNA'ların ikincil yapıları, replikasyon ve transkripsiyon süreçlerindeki motifler gibi genomun yapısal özellikleri olmak üzere iki farklı açıdan yararlanmak da mümkündür (Cameron 2014a).

Mt-genomların populasyon yapısı ve filogenetik ilişkileri belirleyebilme avantajının yanı sıra, son 20 yılda evrimsel biyoloji alanında farklı yaşam biçimlerinin evriminin aydınlatılmasında da kullanışlı olduğuda rapor edilmektedir (Boore1999).

1.3.1. Transfer RNA genleri

tRNA genleri, yüksek oranda korunmuş nükleer genlerle karşılaştırıldığında daha yüksek oranda evrimleşme sergiler. Böcek mt-genomunda tRNA genlerinin tamamı mitokondri içinde işlev görmekte olup iki ya da dört kat dejenere kodonlarla etkileşmektedir. Bu sebeple aminoasitler 'super-wobble' kodon eşleşmelerle birleştirilir (Taanman 1999; Lavrov ve Lang 2005).

Mitokondriyal tRNA genleri, dihidroüridin ve TΨC kolunun dizisinde büyüklük varyasyonu gösteren, dört kollu (yonca yaprağı) sekonder yapıya katlanmaktadır (Wolstenholme vd.1992).

1.3.2. Ribozomal RNA genleri

RNA evrimini çalışmak için rRNA'lar önemli bir modeldir. Tüm türlerde rRNA geni bulunmaktadır. Bu nedenle türler arasında evrimsel ilişkileri ortaya koymak için kullanılmaktadır ve sekonder yapı diziden daha çok korunmuştur (Smith vd. 2007).

1.3.3 Protein kodlayan genler

Evrimsel çalışmalar için en sık dizilenen mitokondriyal genler arasında yer almaktadır. PKG'lerin mt-genomdaki lokasyonları genel olarak böcekler arasında korunmuştur.

1.3.4 Kodlama yapmayan bölgeler

Genler arası kodlama yapmayan bölgelerin uzunlukları ve nükleotit kompozisyonları içerdikleri tekrarlı motiflere göre değişkenlikler sergilemektedir (Boore 2009; Wei vd. 2010).

1.3.5 A+T'ce zengin bölge

Büyük bir kodlama yapmayan bölge olarak bilinir, mt-genom içerisinde tek major kodlama yapmayan bölgedir. Bu bölge adenin ve timin nükleotidlerinin oldukça fazla içermesinden dolayı A+T'ce zengin bölge olarak bilinmektedir. Bu bölgenin yüksek A+T içeriği böceklerde karakteristiktir. Böceklerde bu A+T'ce zengin kodlama yapmayan bölge genellikle tek bir tanedir.

Hem ağır hem de hafif zincir için yapısal ve fonksiyonel öneme sahip, DNA replikasyonunun kontrolü ve transkripsiyonun düzenlenmesinden sorumlu olduğundan dolayı kontrol bölgesi olarakta adlandırılmaktadır (Zhang ve Hewitt 1997).

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Orthoptera Takımı

Orthoptera takımı 28078 (Cigliano vd. 2018) tür sayısı ile yaklaşık 1,3 milyon tür içeren Hexapoda'nın tür sayı bakımından en kalabalık 6. takımıdır. Kutup bölgeleri dışında her türlü kara habitatını, sıcak bölgeler öncelikli olmak üzere, işgal eden ve ekosistemde yekpare rol oynayan böcek grubudur (Uvarov 1966; Kevan 1982; Song vd. 2015). Bu çeşitlilik bu böcekleri anatomi, fizyoloji, nörobiyoloji, biyoakustik, kimyasal ekoloji, yaşam özellikleri, türleşme araştırmaları ve evrimsel ekoloji için model sistemler olarak kullanılması araştırmacıların ilgisini çekmiştir (Uvarov 1966, 1977; Baccetti 1987; Chapman ve Joern 1990; Gangwere vd. 1997; Pener ve Simpson 2009; Song vd. 2015).

Orthoptera türleri Ensifera ve Caelifera olmak üzere iki alttakım içinde gruplanır. Caelifera alttakımı Türkiye'de, Acrididae, Pamphagidae, Tetrigidae, Pyrgomorphidae ve Tridactylidae familyaları temsil edilmektedir (Eades vd. 2016; Demirsoy 1977). Ensifera alttakımı ise 9 infratakım (16 üstfamilya) ve ikincisi 2 infratakım (12 üstfamilya) içerir ve ülkemizde 6 familya içermekte olup bunlar Tettigoniidae, Gryllidae, Gryllotalpidae, Rhabdophoridae, Mogoplistidae, Schizodactylidae ve Gryllotalpidae familyaları ile temsil edilmektedir (Çıplak vd. 1999) Ensifera takımı çok sayıda üst familya içerse de 14212 türünün yarısından fazlası (7104 türü) Tettigoniidae familyasına aittir (Song vd. 2015). Tettigoniidae familyası fosil formları hariç 15 farklı altfamilya içerir. Kökenlerinin Batı Palearktık ve hatta Doğu Akdeniz olduğu savunulan Tettigoniinae ve Phaneropterinae altfamilyaları (Çıplak 2003) familyanın türlerinin yaklaşık %75'ini içerir. Bu nedenle takımın iki ana grubu olarak kabul edilir.

Orthoptera takımına ait türlerden total mt-genom ilk olarak göçmen çekirge *Locusta migratoria* (Caelifera, Acrididae) diziletilmiş ve yayınlanmıştır (Flook vd. 1995). Devamında 2008 ve sonrasında çok sayıda türün total mt-genom dizi yayınlanmış ve günümüzde 149 türün total mt-genom dizisine ulaşılabilmektedir (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Bu 149 türün 61'i Ensifera (Çizelge 2.1) ve 88'i ise Caelifera alttakımına aittir (Çizelge 2.2). Ensifera'ya ait 61 türden 36'sı Tettigoniidae familyası ve bunlardan 10 tanesi Phaneropterinae altfamilyası temsilcileridir. Phaneropterinae birçok araştırmacı tarafından familya, Phaneropteridae, olarak kabul edilir (Heller vd. 2014; Cigliano vd. 2017) ve dünyada ki tüm biyocoğrafik bölgelerde yayılış gösterir. Otuziki tribus içeren altfamilyadan total mt-genomu diziletilmiş olan *Elimaia cheni* Elimaieini, *Sinochlora longifissa*, *Holochlora fruhstorferi*, *Sinochlora szechwanensis* ve *Ruidocollaris obscura* ise Holochrini, *Kuwayamaea brachyptera*, *Kuwayamaea chinensis* ve *Ducetia japonica* Ducetiini, *Phaneroptera gracilis* ve *Phaneroptera nigroantennata* Phaneropterini tribusuna aittir. Batı Palearktikte yayılış

gösteren ve Phaneropterinae'nin çok sayıda türünü içeren Barbitistini tribusunun şu ana kadar çalışılmış herhangi bir temsilcisi bulunmamaktadır.

Çizelge 2.1. Ensifera alt takımının total mt-genom dizisi çıkartılmış türler, ilgili yayın ve dizi GenBank ulaşım numarası

Tür İsmi	Erişim Kodu	Familya	Alt Familya	Kaynak
<i>Teleogryllus oceanicus</i>	NC_028619	Gryllidae	Gryllinae	Li Q vd. (2015)*
<i>Velarifictorus hemelytrus</i>	NC_030762			Yang vd. (2016)
<i>Teleogryllus emma</i>	NC_011823			Ye vd. (2008)
<i>Loxoblemmus doenitzi</i>	NC_033985			Zhou Z. (2017)
<i>Loxoblemmus equestris</i>	NC_030763			Yang vd. (2016)
<i>Myrmecophilus manni</i>	NC_011301		Myrmecophilinae	Fenn vd. (2008)
<i>Truljalia hibinonis</i>	NC_034797		Podoscirtinae	Li J. (2017)*
<i>Trigonidium sjostedti</i>	NC_032077		Trigonidiinae	Song N. vd. (2016)
<i>Oecanthus sinensis</i>	NC_034799		Oecanthinae	Li J. (2017)*
<i>Ruspolia dubia</i>	NC_009876		Tettigoniidae	Conocephalinae
<i>Ruspolia lineosa</i>	NC_033991	Zhou Z. (2017)		
<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	NC_033992			
<i>Pseudorhynchus crassiceps</i>	NC_033990			
<i>Conanulus piei</i>	NC_033987			
<i>Conocephalus melaenus</i>	NC_033988	Zhou Z.J.vd. (2011)		
<i>Conocephalus maculatus</i>	NC_016696	Phaneropterinae		Zhou Z. (2017)
<i>Holochlora fruhstorferi</i>	NC_033993			Liu C vd. (2013)
<i>Sinochlora longifissa</i>	NC_021424			Liu F ve Huang (2017)*
<i>Sinochlora szechwanensis</i>	NC_034994			Yang J. vd. (2016)
<i>Ruidocollaris obscura</i>	NC_028160		Zhou Z. (2017)	
<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	NC_028159		Guan B. vd. (2016)	
<i>Kuwayamaea chinensis</i>	NC_033995		Zhou Z. vd. (2010)	
<i>Ducetia japonica</i>	NC_031652		Wang vd. (2017)*	
<i>Elimaea cheni</i>	NC_014289		Qiu vd.(2017a)*	
<i>Phaneroptera gracilis</i>	NC_034756		Tettigoniinae	Zhao (2015)*
<i>Phaneroptera nigroantennata</i>	NC_034757	Zhou vd. (2008)		
<i>Uvarovites inflatus</i>	NC_026231	Zhou Z. (2017)		
<i>Gampsocleis gratiosa</i>	NC_011200	Li J. (2017)*		
<i>Metrioptera bonneti</i>	NC_033986	Fenn vd. (2007)		
<i>Metrioptera ussuriiana</i>	NC_034796	Meconematinae	Yang vd. (2012)	
<i>Anabrus simplex</i>	NC_009967		Zhou Z. (2017)	
<i>Xizicus fascipes</i>	NC_018765	Mecopodinae	Zhou Z. vd. (2013)	
<i>Decma fissa</i>	NC_033981			
<i>Pseudocosmetura anjiensis</i>	NC_033853	Bradyporinae	Zhou Z. (2017)	
<i>Pseudokuzicus piei</i>	NC_033982			
<i>Mecopoda elongata</i>	NC_021380	Pseudophyllinae	Yang vd. (2016)	
<i>Mecopoda niponensis</i>	NC_021379			
<i>Zichya baranovi</i>	NC_033984	Pseudophyllinae	Zhou (2017)*	
<i>Deracantha onos</i>	NC_011813			
<i>Phyllomimus deterrentus</i>	NC_028158	Hexacentrinae	Zhou Z. (2017)	
<i>Phyllomimus sinicus</i>	NC_033997			
<i>Pseudophyllus titan</i>	NC_034773	Lipotactinae	Li J. (2017)*	
<i>Hexacentrus japonicus</i>	NC_033983			
<i>Hexacentrus unicolor</i>	NC_033999	Anabropsinae	Song Q. (2017)*	
<i>Lipotactes tripyrga</i>	NC_033996			
<i>Pteranabropsis carli</i>	NC_035420	Anostostomatidae	Anostostomatinae	
<i>Pteranabropsis carnarius</i>	NC_035552			
<i>Pteranabropsis crenatis</i>	NC_035553			
<i>Henicus brevimucronatus</i>	NC_028063		Song H. vd. (2015)	

Çizelge 2.1.'in devamı

Tür İsmi	Erişim Kodu	Familya	Alt Familya	Kaynak
<i>Phryganogryllacris xiai</i>	NC_033994	Gryllacrididae		Zhou Z. (2017)
<i>Camptonotus carolinensis</i>	NC_028060			Song H. vd. (2015)
<i>Homogryllacris anelytra</i>	NC_033998			Zhou Z. (2017)
<i>Gryllotalpa pluvialis</i>	NC_011302	Gryllotalpidae	Gryllotalpinae	Fenn vd. (2008)
<i>Gryllotalpa unispina</i>	NC_029148			Wang vd. (2013)
<i>Gryllotalpa orientalis</i>	NC_006678			Kim vd. (2005)
<i>Troglophilus neglectus</i>	NC_011306	Rhaphidophoridae	Rhaphidophorinae	Fenn vd. (2008)
<i>Diestrammena asynamora</i>	NC_033989		Aemodogryllinae	Zhou Z. (2017)
<i>Cyphoderris monstrosa</i>	NC_028059	Prophalangopsidae		Song H. vd. (2015)
<i>Tarragoilus diuturnus</i>	NC_021397			Zhou Z. vd. (2014)
<i>Stenopelmatus fuscus</i>	NC_028058	Stenopelmatidae		Song H. vd. (2015)
<i>Comicus campestris</i>	NC_028062	Schizodactylidae		Song H. vd. (2015)

Çizelge 2.2. Caelifera alt takımının total mt-genom dizisi çıkartılmış türler, ilgili yayın ve dizi GenBank ulaşım numarası

Tür İsmi	Erişim Kodu	Familya	Alt Familya	Kaynak
<i>Acrida cinerea</i>	NC_014887	Acrididae	Acridinae	Liu N. vd. (2010)
<i>Acrida willemsi</i>	NC_011303			Fenn vd. (2008)
<i>Yunnanacris yunnaneus</i>	NC_030586		Melanoplinae	Guan D. ve Xu (2016)
<i>Tonkinacris sinensis</i>	NC_032716			Zhang X. vd. (2017)
<i>Sinopodisma houshana</i>	NC_033905			Lu vd. (2017)*
<i>Sinopodisma tsinlingensis</i>	NC_032303			Guan D. ve Xu (2017)*
<i>Sinopodisma wulingshanensis</i>	NC_033906			Qiu vd. (2017)*
<i>Qinlingacris taibaiensis</i>	NC_027187			Guan D. ve Xu (2015)*
<i>Fruhstorferiola huayinensis</i>	NC_031379			Liu F. ve Qiu (2016a)
<i>Fruhstorferiola kulinga</i>	NC_026716			Yang R. vd. (2016)
<i>Fruhstorferiola tonkinensis</i>	NC_031817			Zhang X. ve Lin (2016)
<i>Kingdonella bicollina</i>	NC_023920			Zhi vd. (2016a)
<i>Curvipennis wixiensis</i>	NC_031397			Guan ve Xu (2016)*
<i>Aiolopus thalassinus</i>	NC_034674			Zhang X. vd. (2017)
<i>Trilophidia annulata</i>	NC_027179			Guan ve Xu (2015)*
<i>Pternoscirta caliginosa</i>	NC_035227			Chang ve Huang (2017)*
<i>Oedaleus decorus asiaticus</i>	NC_011115		Ma vd. (2009)	
<i>Oedaleus infernalis</i>	NC_029327		Guo vd. (2017)	
<i>Gastrimargus marmoratus</i>	NC_011114		Ma vd. (2009)	
<i>Compsorhipis davidiana</i>	NC_029408		Oedipodinae	Zhou F. ve Huang (2016)*
<i>Angaracris barabensis</i>	NC_025558			Han vd. (2016b)
<i>Angaracris rhodopa</i>	NC_025946			Han vd. (2016a)
<i>Locusta migratoria migratoria</i>	NC_011119			Xiao vd. (2008)*
<i>Locusta migratoria</i>	NC_001712			Flook vd. (1995)
<i>Locusta migratoria tibetensis</i>	NC_015624			Zhang D.C vd. (2011)*
<i>Locusta migratoria manilensis</i>	NC_014891			Huang ve Liu (2016)*
<i>Gomphocerus licenti</i>	NC_013847			Gao ve Huang (2010)*
<i>Gomphocerus sibiricus tibetanus</i>	NC_015478			Yin vd. (2012)
<i>Gonista bicolor</i>	NC_029205			Zhang Q. vd. (2015)
<i>Ceracris kiangsu</i>	NC_019994		Jiang vd. (2013)*	
<i>Gomphocerus sibiricus</i>	NC_021103		Zhang H. vd. (2013)	
<i>Gomphocerippus rufus</i>	NC_014349		Sun vd. (2010)	
<i>Phlaeoba albonema</i>	NC_011827		Gomphocerinae	Shi H.W. vd. (2008)
<i>Phlaeoba infumata</i>	NC_031506			Liu F. ve Qiu (2016b)
<i>Phlaeoba tenebrosa</i>	NC_029150			Song W. vd. (2016)
<i>Arcyptera coreana</i>	NC_013805			Huang ve Liu (2010)*
<i>Orinhippus tibetanus</i>	NC_023467			Song W. vd. (2014)
<i>Chorthippus chinensis</i>	NC_011095			Liu Y. ve Huang (2008)
<i>Euchorthippus fusigeniculatus</i>	NC_014449			Zhao L. vd. (2010)
<i>Ceracris versicolor</i>	NC_025285			Xu vd. (2014)

Çizelge 2.2'nin devamı

Tür İsmi	Erişim Kodu	Familiya	Alt Familiya	Kaynak	
<i>Caryanda elegans</i>	NC_036750	Acrididae	Caryandinae	Qiu vd. (2018)*	
<i>Caryanda sp.</i>	NC_030165			Mao ve Hu (2016)*	
<i>Traulia minuta</i>	NC_036063			Yuan vd. (2017)*	
<i>Traulia szetschuanensis</i>	NC_013826			Huang ve Zhang (2016)*	
<i>Xenocatantops brachycerus</i>	NC_021609			Liu Y. ve Huang (2013a)*	
<i>Prumna arctica</i>	NC_013835			Sun vd. (2010)	
<i>Longchuanacris curvifurculus</i>	NC_036994			Mao ve Hu (2018)*	
<i>Ognevia longipennis</i>	NC_013701			Huang ve Zhang (2016)*	
<i>Pseudoxya diminuta</i>	NC_025765		Oxyinae	Tang vd. (2014)	
<i>Oxya chinensis</i>	NC_010219			Zhang C. ve Huang (2008)	
<i>Oxya hyla</i>	NC_032076			Song N. vd. (2016)	
<i>Hieroglyphus tonkinensis</i>	NC_030587			Chang ve Huang (2016)*	
<i>Shirakiacris shirakii</i>	NC_021610		Eyprepocnemidinae	Liu Y. ve Huang (2013b)*	
<i>Choroedocus violaceipes</i>	NC_034673			Guan D. ve Xu (2017)*	
<i>Nomadacris japonica</i>	NC_036062		Cyrtacanthacridinae	Qiu vd. (2017b)*	
<i>Chondracris rosea</i>	NC_019993			Jiang ve Qiang (2013)*	
<i>Schistocerca gregaria gregaria</i>	NC_013240			Erler vd. (2010)	
<i>Calliptamus abbreviatus</i>	NC_030626		Calliptaminae	Han vd. (2016)*	
<i>Peripolus nepalensis</i>	NC_029135			Zhi vd. (2016b)	
<i>Calliptamus italicus</i>	NC_011305			Fenn vd. (2008)	
<i>Pacris xizangensis</i>	NC_023919		Pacrinae	Zhang Y. vd. (2016)	
<i>Lithidiopsis carinatus</i>	NC_020775		Lithidiinae	Leavitt vd. (2013)	
<i>Filchnerella beicki</i>	NC_024923		Pamphagidae	Prionotropisinae	Li X.J. vd. (2014)
<i>Filchnerella helanshanensis</i>	NC_020329				Zhang H.L. vd. (2013)
<i>Pseudomethis rubimarginis</i>	NC_020330	Shi Q.Y. vd. (2016)			
<i>Sinotmethis brachypterus</i>	NC_026525	Zhang D. vd. (2011)			
<i>Thrinchus schrenkii</i>	NC_014610	Thrinchinae		Li X.J. vd. (2015)	
<i>Asiotmethis jubatus</i>	NC_025904			Zhang H.L. vd. (2013)	
<i>Asiotmethis zacharjini</i>	NC_020328			Pamphaginae	Li X.J. vd. (2016)
<i>Humphalotropsis culaishanensis</i>	NC_023535	Pyrgomorphidae		Zhao L. vd. (2010)	
<i>Mekongiana xiangchengensis</i>	NC_014450			Zhi vd. (2016)	
<i>Mekongiella kingdoni</i>	NC_023921			Zhao L. vd. (2010)	
<i>Mekongiella xizangensis</i>	NC_014451		Ding ve Huang (2011)*		
<i>Atractomorpha sinensis</i>	NC_011824	Tetrigidae	Tetriginae	Xiao vd. (2012b)	
<i>Tetrix japonica</i>	NC_018543			Xiao vd. (2012a)	
<i>Alulatettix yunnanensis</i>	NC_018542	Pneumoridae		Sheffield vd. (2010)	
<i>Physemacris variolosa</i>	NC_014491			Leavitt vd. (2013)	
<i>Tanaocerus koebelei</i>	NC_020777			Song H. vd. (2015)	
<i>Mirhipipteryx andensis</i>	NC_028065	Ripipterygidae		Leavitt vd. (2013)	
<i>Pyrgacris descampsi</i>	NC_020776	Pyrgacrididae		Sheffield vd. (2010)	
<i>Ommexecha virens</i>	NC_020778	Ommexechidae		Leavitt vd. (2013)	
<i>Ellipes minuta</i>	NC_014488	Tridactylidae		Sheffield vd. (2010)	
<i>Tristira magellanica</i>	NC_020773	Tristiridae		Leavitt vd. (2013)	
<i>Pielomastax zhengi</i>	NC_016182	Episactidae		Episactinae	Yang H. ve Huang (2011)
<i>Xyleus modestus</i>	NC_014490	Romaleidae		Romaleinae	Sheffield vd. (2010)
<i>Lentula callani</i>	NC_020774	Lentulidae	Lentulinae	Leavitt vd. (2013)	
<i>Pseudothericles compressifrons</i>	NC_028061	Thericleidae	Thericleinae	Song H. vd. (2015)	
<i>Erianthus versicolor</i>	NC_020045	Chorotypidae	Erianthinae	Wei S.Z. vd. (2016)	

2.2. *Isophya* Cinsi ve *I. major* Tür Grubu

Isophya cinsi 90'dan fazla tür dahil olmak üzere Phaneropterinae alt familyasının en kalabalık cinslerinden biridir. Tür sayısı ile *Poecilimon*'dan sonra gelen en kalabalık cinsidir ve *Isophya*'nın 40 kadar türü Anadolu'ya endemiktir (Chobanov vd. 2013, 2017; Cigliano vd. 2017). *I. major* tür grubu üçü (*I. major*, *I. mersinensis*, sp. n. ve *I. salmani*) Anadolu ve biri (*I. mavromoustakisi*) Kıbrıs'a endemik dört tür içeren bir gruptur ve cinsin primitiv gruplarından kabul edilir. (Sevgili vd. 2006; Chobanov vd. 2017).

Çizelge 2.3. *I. major* türünün sistematikteki yeri

Takım	Orthoptera
Alt Takım	Ensifera
Üst Familya	Tettigoinoidea
Familya	Tettigoniidae
Alt Familya	Phaneropterinae
Tribus	Barbitistini
Cins	<i>Isophya</i> Brunner von Wattenwyl 1878
Tür	<i>Isophya major</i> Brunner von Wattenwyl 1878

2.3. *Poecilimon* Cinsi ve *P. luschani* Tür Grubu

Barbitistini tribusuna ait *Poecilimon* cinsi 130'dan fazla türü ile hem Barbitistini, hem Phaneropterinae hem de Tettigoniidae'nin en kalabalık cinsidir ve türlerinin tamamına yakını dar yayılışlı endemik türlerdir. Bunların 80 kadarı Anadolu'da yayılış gösterir (Heller vd. 1998; Çıplak 2004; Kaya vd. 2012; Cigliano vd. 2017). Cinsin Anadolu, Yunanistan (Ege adalarını içerecek şekilde) ve Balkanların bir kısmını içeren Ege plakasında var olan bir atasal stoktan, özellikle buzul dönemlerinin etkisi ile çeşitlendiği tahmin edilmektedir (La Greca 1999; Çıplak 2004; Boztepe 2012). *Poecilimon luschani* grubu *P. luschani luschani* (Ramme 1933), *P. luschani birandi* (Karabag 1950) ve *P. luschani chobanovi* (Boztepe vd. 2013) olmak üzere 3 alt türe ayrılmaktadır.

Çizelge 2.4. *P. luschani* türünün sistematikteki yeri

Takım	Orthoptera
Alt Takım	Ensifera
Üst Familya	Tettigoinoidea
Familya	Tettigoniidae
Alt Familya	Phaneropterinae
Tribus	Barbitistini
Cins	<i>Poecilimon</i> Fischer 1853
Tür	<i>Poecilimon luschani</i> Ramme 1933

2.4. Yeni Nesil Sekanslama ile Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Populasyonlar ve türler arasındaki evrimsel ilişkilerin tespit edilmesinde mtDNA'nın kullanılmasına 1980'lerde başlanılmıştır. Yaygın olarak kullanılan mtDNA molekülü, anasal kalıtım modeliyle aktarıldığından canlının atasal geçmişi hakkında da bilgiler vermektedir. Çekirdek DNA molekülüne oranla mtDNA'nın evrim hızı, çok daha yüksek olup memeli hayvanlarda bu evrim hızı oranı, çekirdek DNA'sından 5-10 kat daha fazladır. Mitokondriyal DNA molekülünde ortalama evrimleşme oranı, bir milyon yılda % 2'dir. Bu oranın ortaya çıkmasında mtDNA'nın solunum sonucu açığa çıkan oksijen radikallerine daha fazla maruz kalması ve koruyucu, tamir mekanizmalarının bulunmaması ana faktörler olarak öngörülmektedir. Bu yüzden mtDNA molekülü, mutasyona daha açık olup üzerinde bulunan gen bölgelerinin her birinin evrim hızı da farklılık göstermektedir (Bandelt vd. 2006; Aksöyek 2015).

Mitokondrinin yoğun çalışılması bazı bilinmeyenleri de ortaya çıkarmıştır (White vd. 2008). Bunların başında mt-genomdan belirteç seçmenin bazı potansiyel yanıltıcı durumların olabileceği görülmüştür. Anasal hatta kalıtım kabulünü zaafa uğratan heteroplazmi, mt-genomdan nuklear genoma geçen numtlar ve nadir de olsa görülen mt-genomu içi rekombinasyonlar bunların başında gelmektedir. Mt-genom belirteçleri kullanışlı veriler sunsa da bu sakıncalar doğru sonuçlar edinmeyi güçleştirmektedir.

Yapılan çalışmalar daha uzun bölgeler diziletildiğinde yukarıda sayılan potansiyel sakıncaların saptanmasına ve bertaraf edilmesine olanak vermektedir. Bu nedenle mt-genom çalışmalarının en önemli sakıncasının geleneksel dizileme yöntemi olan Sanger dizileme yönteminin sınırlayıcılığından kaynaklandığı söylenebilir. Çünkü Sanger dizileme yöntemi yaklaşık 1000 bp uzunluğunda bir bölgenin iyi bir şekilde diziletilmesine olanak vermektedir. Yeni nesil dizileme (next generation sequencing) yönteminin gelişimi daha uzun DNA bölgelerinin diziletilmesine ve mitokondri genomunun tümünün çalışılmasına olanak sağlamış ve doğruluk/güvenilirlik derecesi daha yüksek veri üretimini olası kılmıştır.

Total mt-genomu dizisine sahip olma verinin daha efektif kullanımına da izin verir. Klasik yöntemle elde edilen sınırlı uzunluktaki diziler hem düşük oranda SNP varyasyonları içerir hem de daha çok karakter matrisi olarak kullanıma olanak verir. Total DNA dizisine sahip olduğundan daha yüksek SNP varyasyonlarının analiz edilmesinin yanında mt-genom genlerinin birbirlerine göre yerleşimlerini, genom içi translokasyonların olup olmadığını, varsa translokasyonların filogenetik bir özellik gösterip göstermediği, her bir lokusun evriminde komşu lokusların etkisinin olup olmadığını (Bağlantı etkisi), belli bir lokus veya alel lehine/ alehine bir seçim veya sürüklenme olup olmadığını, genler başına mutasyon oranında farklılık olup olmadığı gibi başka birçok sorunun karşılaştırmalı olarak cevaplanmasına olanak vermektedir. Bu nedenle 1980'lerin ikinci yarısında başlayan Sanger dizileme yöntemi 2005 sonrasında

belirgin olmak üzere hızla yerini yeni nesil dizileme yaklaşımı ile total mt-genom dizilemeye bırakmış ve artan sayıda canlı türünde total mt-genom dizileri yayınlanmaya başlamıştır. Son zamanlarda yeni nesil sekanslama mtDNA eldesi için alternatif bir yaklaşım haline gelmiştir. Bu hızlı ve etkili teknik sadece mt-genomun filogenetik rekonstrüksiyonuna olan ilgiyi uyandırmakla kalmamış, aynı zamanda yayınlanmış total mt-genom sekanslarının sayısında hızlı bir artışa neden olmuştur (Guo vd. 2014; Zhang ve Huang 2008).

3. MATERYAL VE METOT

3.1.Örnekleme ve DNA İzolasyonu

Total mt-genomu elde edilmesi hedeflenen *P. luschani* ve *I. major* türlerine ait %96'lık alkol içerisinde -20°C 'de derin dondurucularda saklanan örnekler kullanılmıştır. Her bir tür için beşer örnek kullanılmıştır (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. *I. major* ve *P. luschani* türlerinin lokalite ve örnek numaraları

Tür İsmi	Örnek Numarası	Lokalite
<i>Isophya major</i>	4398	Niğde, Ulukışla (2316m)
	4400	Niğde, Bolkar dağları (2206m)
	4401	Niğde, Ulukışla, Darboğaz, Karagöl yolu, Bolkar dağları
	4402	Niğde, Çamardı köyü (1552m)
	4404	
<i>Poecilimon luschani luschani</i>	3750	Antalya, Kalkan
	4407	Antalya, Demre
	4420	
<i>Poecilimon luschani chobanovi</i>	4423	Muğla, Fethiye (500m)
<i>Poecilimon luschani birandii</i>	4429	Antalya, Bakırlıdağ (1922m)

Örneklerin mitokondri organelince zengin arka femur kas dokularında tuz-izopropanol yöntemi ile total DNA izolasyonu gerçekleştirildi (Aljanabi ve Martinez 1997). Laboratuvar ortamında optimizasyonu sağlanan tuzla çöktürme yönteminin uygulama aşamaları aşağıdaki gibidir.

- 1) Doku ilk olarak 559 µl ayrıştırma tamponu (10 mM, Tris-HCl, 2 mM, EDTA, %10'luk SDS 17 µl ve Proteinaz K 25-40 µl) içerisinde 2-3 saat 56°C 'deki sıcak su banyosunda bekletilir.
- 2) Su banyosundan çıkarılan tüpe 180 µl doymuş NaCl eklenerek 12000 rpm'de 10°C 'de 15 dakika santrifüj edilecek ve santrifüj sonunda süpernatant temiz bir mikrofüj tüpüne aktarılıp üzerine 1:1 oranında izopropanol ilave edilerek -20°C 'de 20-30 dakika bekletilir.
- 3) Bu süre sonunda 13000 rpm de $+4^{\circ}\text{C}$ 'de 15 dakika santrifüj edilerek süpernatant uzaklaştırılır.
- 4) Pelet şeklinde çöktürülen DNA üzerine 300 µl %70 etanol eklenip vorteksenerek yıkanır.
- 5) $+4^{\circ}\text{C}$ 'de 12000 rpm'de 15 dakika santrifüj edilecek DNA tekrar çöktürülür.
- 6) Çöktürülen DNA kurumaya bırakılacak ve sonrasında 50µl dH₂O'de çözülür.

İzolasyon sonrasında elde edilen DNA'ların miktarı önce Nanodrop-1000 spektrofotometre ile ölçüldü. Ancak Nanodrop-1000 spektrofotometre DNA saflığını tam olarak vermediğinden her bir örnek solüsyonunda var olan saf DNA miktarı Qubit cihazı ile ölçümü olup yeterli DNA konsantrasyonu elde edilen örnekler 50 µl'lik miktarlarda hazırlanarak sekanslanması için hizmet alımı kapsamında MG Biyoinformatik (Sivas, Türkiye) firmasına gönderildi (Çizelge 4.1).

3.2. Yeni Nesil Dizileme Verilerinden Mt-Genomun Eldesi ve Gen Etiketleme

Yeni nesil dizileme yöntemi kullanılarak İllumina Hiseq 2000 cihazında elde edilen 10^6 (30x derinlik) okuması yapılmış her örnek için forward ve reverse olmak üzere fastq.gz dosyalarındaki veriler GENEIOUS v. R9 (Kearse vd. 2012) programına "paired end" işlemi ile aktarılmış olup kaliteli okumaların bulunduğu veri dosyaları için mt-genom haritalandırılması yapılmıştır. Çift yönlü olarak toplamda 2×10^6 okuma bulunan iki dosya tek dosya içerisinde birleştirilip yönler ayarlandıktan sonra okumalar içerisindeki kısa (10 bp'den az), kalitesiz (phred quality score <30), varsa primer ve problemlerin dizileri 'trim ends' işlemi yapılarak veri setinden uzaklaştırılmıştır. Dizilerin filtrasyonundan sonra mt-genomun okumalar içinden çekilmiştir.

Yeni nesil dizi veri setinden örnekler için diziler, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> sitesinden indirilen referans dizilere göre (accession no: KF379541.1 – *P. luschani* ; Boztepe vd. 2013 ve KX026782.1 – *Isophya sp.*; Chobanov vd. 2016) homoloji tabanlı çekilmiştir. Seçilen referans diziye göre ham veri setinden her bir örnek için mt-genomun çekilmeye başlanmış olup veri çekilmesi kademeli olarak uzatılarak yani başlangıçta sadece COI geni, sonra COI+NAD2, sonra COI+ NAD2 + 16S rDNA ve her seferinde yeni genler eklenerek total mt-genomu oluşturulana kadar bu işlem sürdürülmüştür. Ham veri setinden mt-genomun okumalarının çekilmesinde "map to referans" opsiyonu kullanılmıştır. Elde edilen bu ilk diziler konsensus olarak kaydedilip bir sonraki "map to referans" işleminde referans dizi olarak kullanılmıştır. Her referansa göre okumalardan dizi çekme işleminde elde edilen konsensus bir öncekine göre daha da uzatılarak ve her işlemde adım adım tüm mt-genom verisinin elde edilmesi sağlanmıştır (Çizelge 4.2). Bu şekilde kısa gen dizilerinden tüm mt-genomun elde edilmesi referans olarak seçilen tüm kısa dizilerin her biri ile ayrı ayrı gerçekleştirilmiştir. Mt-genom haritalaması sırasında "map to referans" opsiyonu "sensitivity: high sensitivity/medium", "fine tuning: iterate up to 5 times" seçenekleri ile gerçekleştirilmiştir. Her referansa göre haritalamada dizilerdeki uyumlar olası hatalı eşleşmeler kontrol edilecek ve hatalı eşleşmiş diziler oluşturulan konsensus diziden uzaklaştırıldı. Örnek başına en düşük "Pairwise Identity" değeri ise %97,5 olarak gözlemlendi. Üretilen ilgili diziler GENEIOUS v. R9 yardımı ile hizalanmış, manuel olarak karşılaştırılmış ve son olarak tek bir kontig (uyum dizisi) altında bir araya getirilmiş olup referans dizi oluşturulmuştur.

3.3. Mt-genom Belirlenmesi (Annotasyonu)

Mt-genom dizi elde edildikten sonra genom organizasyonunu belirleme işlemi gerçekleştirilmiştir. Genom belirleme (annotasyon) gen bölgelerinin başlangıç ve bitiş sınırlarını ve transkripsiyon zincirleri (ağır ya da hafif), tekrarlı bölgelerin lokasyonları, transkripsiyon ve replikasyon orijini gibi yapısal özelliklerini tanımlama olarak tanımlanır. Omurgasız mt-genomunda AT zengin bölge, 13 adet PKG, 2 adet rRNA geni ve 22 adet tRNA kodlayan gen bulunur. Her bir gen bölgesine ait başlama ve bitiş noktalarının dizi bilgileri (şimdiye kadarki çalışmalardan hareketle) mt-genom belirlenmesine olanak sağlamaktadır. GENEIOUS v. R9 programının halkasal veri seçeneği kullanılarak gerçekleştirilebilen genom sonuçları MITOS (Bernt vd. 2013) web servisi kullanılarak (<http://mitos.bioinf.uni-leipzig.de>) elde edilen veriler ile birlikte değerlendirilerek her bir genin sınırları, konumlanmaları, yönelimleri ve büyüklükleri saptanabilmiştir. Her bir türün genom haritalama ve karakterizasyonu mt-genom bölgelerinin fonksiyonları temel alınarak aşağıda detaylandırılmıştır.

3.3.1. Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu

Bu genlerin başlama ve bitiş kodonlarının konumlanması genom organizasyonunun belirlenmesinde kullanışlı ikincil bilgiler sunmaktadır. Bu amaçla MITOS ve MEGA v.7 programları kullanılacak genlerin başlama ve bitiş noktaları saptanarak yerleri belirlenmeye çalışılmıştır. MITOS programında genetik kod olarak "Invertebrate" parametresi kullanılmıştır. Bu parametreler omurgasız genomlarının belirlenmesinde yaygın olarak kullanılan değer olduğundan tercih edilmektedir. MEGA v.7 programında ise "Invertebrate Mitochondrial" seçilmiş, protein kodlayan genler için tanımlama limiti "30" ve RNA'lar için tanımlama limiti ise "55" olarak tercih edilmiştir. MITOS programında elde edilen veriler MEGA v.7 programında manuel kontrolü yapılarak her bir PKG'nin başlama ve bitiş kodonları belirlenmiştir.

3.3.2. Transfer RNA genlerinin karakterizasyonu

Omurgasızlarda sayı ve dizileri oldukça korunmuş olduklarından tRNA genlerinin yerlerinin belirlenmesi genom belirlenmesinde büyük kolaylıklar sağlar. Bu nedenle ilk adım olarak tRNAscan-SE (Lowe ve Eddy 1997) ve ARWEN (Laslett ve Canbäck 2008) programları kullanılarak tüm tRNA'ların yerleri belirlenmiştir. tRNAscan-SE programında tRNA taramasında "Mito/Chloroplast" ve "Invertebrate Mito genetic code" parametreleri tercih edilerek analizler gerçekleştirilmiştir. tRNA genlerinin uzunlukları ve mt-genom içerisindeki lokasyonları kararlı ikincil yapılarından ve antikodon dizilerinden yararlanılarak belirlenmiştir. Her bir tRNA geninin ikincil yapısının inşasında ARWEN (Laslett ve Canbäck 2008) programı kullanılmıştır.

3.3.3. Ribozomal RNA genlerinin karakterizasyonu

Gen bölgelerinin boyutundaki çeşitlilik nedeniyle rRNA genlerinin belirlenmesi diğer gen bölgelerine göre daha zordur. O yüzden ilk olarak MITOS programında rRNA genlerinin başlangıç ve bitiş noktaları saptanmış ve MEGA v.7 programına aktarılarak kontrolleri yapılmış olup bu genlerin sınırları komşu tRNA genlerinin üzerinden çıkarsanmıştır. Daha sonra ikincil bir alternatif olarak gen bölgesinin sınırları referans türlerin ilgili gen bölgeleriyle karşılaştırılarak belirlenmeye çalışılmıştır.

3.3.4. Kodlama yapmayan bölgelerin karakterizasyonu

Böcek mt-genomu içerisinde çok sayıda A+T tekrarı içerdiği için AT rich region denilmektedir. Kesin emin olmamakla birlikte bu bölgenin memelilerde ve kuşlarda daha çok D-loop bölgesi, böcekler de AT rich region denilmektedir. Bu bölgenin yerleşim yerinin belirlenmesinde uzamalara neden olan tekrarlı dizilerin varlığı MEGA v.7 programına aktarılarak aranmıştır. Ayrıca gözle A+T'ce zengin bölge içerisinde "(TA)"_n motifi içeren yapılar aranmıştır. Kodlama yapmayan A+T'ce zengin bölgenin genom içerisindeki diğer bölgelerle homoloji sergileyip sergilemediği bakılmıştır.

3.4. Mt-Genom İstatistikleri

Her bir türün mt-genom verisi total, PKG'ler, tRNA'lar, rRNA'lar ve A+T'ce zengin bölge olmak üzere farklı alt veri setlerine bölümlenmiştir. Tüm bu alt veri setlerine göre nükleotid kompozisyon istatistikleri, amino asit kompozisyonları, kodon kullanım eğilimleri ve görelî sinonim kodon kullanımı (RSCU) değerleri açısından MEGA v7.0 analiz edilmiştir. Mt-genom uzunluğu bakımından diğer tüm Orthoptera türleriyle (149 tür) karşılaştırılmış olup, PKG'ler ve tRNA genlerinin özellikleri bakımından MEGA v7.0 programı kullanılarak Çizelge 3.2'de verilen Orthoptera türleriyle karşılaştırılmıştır. Zincir asimetrisi (AT ve GC eğrileri) her bir veri seti için ayrı ayrı Hassanin vd. (2005) tarafından önerilen formülle gerçekleştirilmiştir.

$$\text{AT eğri oranı} = [\%A - \%T] / [\%A + \%T]$$

$$\text{GC eğri oranı} = [\%G - \%C] / [\%G + \%C]$$

Karakterize edilen genler aminoasit dizilerine dönüştürülerek mt-genomun total aminoasit kompozisyonu ve hangi aminoasitlerin kullanımı yönünde bir eğilim olduğu MEGA v.7 programına aktarılıp "Statistic" opsiyonu kullanılarak belirlenmiştir. Görelî sinonim kodon kullanım değerleri yine MEGA v.7 programı kullanılarak hesaplanmış ve mt-genomun kodon kullanım eğilimleri belirlenerek *P. luschani* ve *I. major* türleri karşılaştırılmıştır.

Son olarak çalışma kapsamında üretilen iki türün mt-genomuna ek olarak, Orthoptera takımına ait daha önce rapor edilen ve GenkBank veritabanında mevcut 149

türün mt-genom dizi bilgileri de içerek şekilde GENEIOUS v. R9 programına aktarılmıştır ve mt-genom annotasyonları bakımından farklılık ve/veya benzerlik olup olmadığı manuel olarak karşılaştırmalı şekilde değerlendirilmiştir.

4. BULGULAR

4.1. Edinilen Verilerin Tanımı

Her bir türün total mt-genomu için total genomik DNA izolasyonları gerçekleştirilmiştir. İzolasyon yöntemi olarak tuz-izopropanol çöktürme metodu kullanılmış olup DNA 50 µl hacminde elde edilmiştir. İzolasyonu yapılan örnek listesi, DNA konsantrasyonları, nanodrop ve qubit ölçüm değerleri Çizelge 4.1’de verilmiştir.

Yeni nesil dizileme için firma tarafından kaliteli bir dizileme hizmeti verebilmek adına talep edilen DNA miktarı 2 µg/50µl ve üzeri olmalıdır. Bu yüzden her bir tür için total DNA miktarı µg/50µl olacak şekilde ayarlanmıştır. Örnekler, qubit ölçüm değerleri dikkate alınarak seçilmiş olup 40,3 ile 200 ng/µl arasında olanlar MG Biyoinformatik firmasına kütüphane hazırlama ve dizileme işlemleri için gönderilmiştir. Okutulan ham DNA dizi kütüphanesi, örnek başına iki yönlü olmak üzere 2,2 GB ve üzeri ve toplamda 26,4 GB olacak şekilde tarafımıza iletilmiştir.

Çizelge 4.1. Çalışılan örnekler ve örnek başına ölçülen DNA miktarları

Tür İsmi	Laboratuvar Örnek Numarası	Nanodrop ölçüm ng/µl	Qubit ölçüm ng/µl	Total DNA miktarı µg/50µl
<i>Isophya major</i>	4398	8,61	200	10
	4400	139,64	47,3	2,0812
	4401	149,99	45,2	1,9888
	4402	248,44	40,3	1,7732
	4404	6,83	46,9	2,0636
<i>Poecilimon luschani luschani</i>	3750	313,97	54,7	2,4068
	4407	165,98	58,7	2,5828
	4420	2923,79	57,4	2,5256
<i>Poecilimon luschani chonanovi</i>	4423	300,24	123	5,412
<i>Poecilimon luschani birandi</i>	4429	-	78,8	3,94

4.2. Edinilen Yeni Nesil Dizileme Ürünleri

Yeni nesil dizileme uygulamalarından sonra elde edilen veri GENEIOUS v. R9 programına aktarılmıştır. *I. major* türü için *Isophya sp.* ‘nin *nad2* geni (Genbank erişim no: KX026782.1; Chobanov vd. 2016), *P. luschani* için *P.luschani chobanovi* ‘nin *cox1* geni (Genbank erişim no: KF379541.1; Boztepe vd. 2013) referans genler olarak seçilmiştir. Bu seçilen diziye göre ham veri setinden her bir örnek için mt-genomun çekilme işlemi yapıldı ve elde edilen bu ilk diziler konsensus olarak kaydedilip bir sonraki işlemde referans dizi olarak kullanılarak yapılmıştır. Her referansa göre okumalardan dizi çekme işleminde elde edilen konsensus bir öncekine göre daha da uzatılarak her işlemde adım adım mt-genoma ulaşıldı ve tümü başarıyla sonuçlandı. Her bir örnek için elde edilen mt-genom uzunlukları Çizelge 4.2’de verilmiştir.

Çizelge 4.2. GENEIOUS programı ile her bir örnek için elde edilen mt-genom uzunlukları

Tür İsmi	Laboratuvar Örnek Numarası	Total Mt-genom büyüklüğü (bç)
<i>Isophya major</i>	4398	15.726
	4400	15.738
	4401	15.725
	4402	15.731
	4404	15.724
<i>Poecilimon luschani luschani</i>	3750	15.574
	4407	15.569
	4420	15.574
<i>Poecilimon luschani chonanovi</i>	4423	15.574
<i>Poecilimon luschani birandi</i>	4429	15.571

Total mt-genom uzunluğu *I. major* türü için 15.724 bç ile 15.738 bç arasında, *P. luschani* türü için 15.569 bç ile 15.574 bç arasında değişkenlik göstermiştir. Her tür için elde edilen 5'er örnekten konsensüs mt-genom dizisi elde edilmiştir. Daha sonra elde edilen tahmini konsensüs mt-genom dizisine ulaşıldıktan sonra her bir tür için ayrı ayrı gen karakterizasyonu basamağına geçilmiştir.

4.3. Mt-Genom Karakterizasyonu

4.3.1. *Isophya major* türünün mt-genom karakterizasyonu

I. major türünün 15.724 bç uzunluğunda total mt-genomu elde edilmiştir. Genom karakterizasyonu yapılan bu türün toplamda 37 gen (13 PKG, 22 tRNA ve 2 rRNA geni) ve A+T'ce zengin bölgeden oluşmaktadır. Bu genlerin 15 tanesi hafif zincirde (N), 22 tanesi ise ağır zincirde (J) bulunmaktadır (Çizelge 4.3.).

Genlerin genom içerisindeki yerleşimleri ve transkripsiyon yönleri daha önce rapor edilen ve en yakın atasal (Pancrustaceae) mt-genom olan önemli ölçüde benzerlik sergilemiştir. Genom yerleşimleri sırasıyla *trnI*, *trnQ*, *trnM*, *nad2*, *trnW*, *trnC*, *trnY*, *cox1*, *trnL2*, *cox2*, *trnK*, *trnD*, *atp8*, *atp6*, *cox3*, *trnG*, *nad3*, *trnA*, *trnR*, *trnN*, *trnS1*, *trnE*, *trnF*, *nad5*, *trnH*, *nad4*, *nad4L*, *trnT*, *trnP*, *nad6*, *cytb*, *trnS2*, *nad1*, *trnL1*, *16S*, *rrnL*, *trnV*, *12S*, *rrnS* ve A+T'ce zengin bölge şeklindedir. *I. major* türünde gen yerleşimi ayrıca gen dizilimlerinde de atasal mt-genomla farklılık rastlanmamış olup yalnızca ek olarak tekrar eden bir bölge bulunmaktadır.

4.3.1.1. Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu

PKG'lerin toplam büyüklüğündeki 11.218 bç olduğu saptanmıştır. PKG'lerin toplamda 4.322 bç büyüklüğündeki *nad5*, *nad4*, *nad4L* ve *nad1* genleri hafif zincirden

ve 6.896 bç uzunluğunda olan *atp6*, *atp8*, *cytb*, *cox1*, *cox2*, *cox3*, *nad2*, *nad3* ve *nad6* genleri ise ağır zincirden kodlanmaktadır. Bu sınımlar sonrasında, tüm PKG'lerin başlama ve bitiş kodonları belirlenmiştir (Çizelge 4.3). Dizi bilgisi elde edilen PKG'lerden altı tanesi (*cox2*, *atp6*, *cox3*, *nad4*, *nad4l* ve *cytb*) ATG başlangıç kodonunu kullanırken, üç tanesi (*atp8*, *nad3* ve *nad6*) ATC başlangıç kodonunu, iki tanesi (*cox1* ve *nad5*) ATT başlangıç kodonunu kullanmaktadır. Ayrıca *nad2* ATA başlangıç kodonunu ve *nad1* TTG başlangıç kodonunu kullandığı görülmüştür. *nad6* ve *atp6* genleri sonlanma kodonu olarak tamamlanmamış TA kodonunu, *cox2*, *nad5* ve *nad4* genleri ise sonlanma kodonu olarak tamamlanmamış T--kodonunu kullanmaktadır. Diğer 8 PKG ise standart TAA sonlanma kodonunu kullanmaktadır (Çizelge 4.3). Tüm PKG'lerin gen yerleşimleri daha önceden rapor edilen atasal mt-genom ile benzer şekilde bulunmuştur. En kısa PKG 168 bç uzunlukta *atp8*, en uzun PKG ise 1.735 bç uzunluğu ile *nad5* geni olarak gözlenmiştir.

4.3.1.2. TransferRNA genlerinin karakterizasyonu

I. major mt-genomunda 1.457 bç uzunluğunda toplam 22 tRNA geni saptanmıştır. Bu genlerin 12 tanesi toplam 794 bç uzunluğundadır ve ağır zincirden kodlanırken, 10 tanesi toplam 663 bç uzunluğundadır ve hafif zincirden kodlanmaktadır (Çizelge 4.3).

tRNA genlerinin uzunlukları 63 bç (*trnT*) ile 71 bç (*trnV*) arasında değişkenlik göstermektedir. tRNA genleri *trnS1* hariç büyük bir çoğunluğu mitokondriyal tRNA genleri için önerilen tipik dört kollu (yonca yaprağı) ikincil yapıyı oluşturmaktadır.

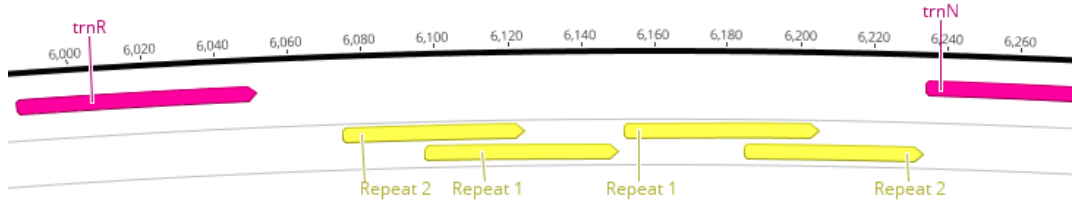
tRNA genleri ikincil yapıları totalde 28 tane yanlış eşleşme içermektedir. Bunlardan 9 tanesi, D-kolunda yer alan G-U ve U-G yanlış eşleşmeleridir. Akseptör kolda 8 (G-U ve U-G), antikodon kolunda 7 (G-U ve U-G) ve TΨC kolunda ise 4 adet (G-U ve U-G) yanlış eşleşme belirlenmiştir (Ek 2).

4.3.1.3. Ribozomal RNA genlerinin karakterizasyonu

I. major türünün mt-genomuda *rrnS* geninin 787 bç uzunluğunda ve *trnV* ile A+T'ce zengin bölge arasında olduğu tespit edilmiş olup % 67,7 A+T içeriğine sahiptir. Diğer rRNA geni olan *rrnL* geni ise 1.303 bç uzunluğunda ve *trnL1* ile *trnV* arasında olup %70,6 A+T içeriğine sahip olduğu tespit edilmiştir. Her iki mitokondriyal rRNA geni de hafif zincir tarafından kodlanmaktadır.

4.3.1.4. Kodlama yapmayan bölgelerin karakterizasyonu

I. major mt-genomunda genler arası bölgelerde toplamda 275 bç büyüklüğünde kodlama yapmayan bölge saptanmıştır. Bu bölgelerden en büyük olanı 183 bç uzunluğunda ve *trnR* ile *trnN* arasında yer almak olup % 77,6 A+T içeriğine sahiptir. Bu bölge genom içerisinde tarama yapıldığında başka bölgelerle benzerlik göstermemektedir. Bu bölge 50 ve 54 bç uzunluğunda iki tane tekrar bölgesinden oluşmaktadır (Şekil 4.1). Ayrıca BLASTSearch opsiyonu üzerinden tarama yapıldığında herhangi bir benzerlik saptanmamıştır.



Şekil 4.1. *I. major* türünde mt-genom içinde bulunan tekrar bölgesi

Çizelge 4.3. *I. major* türünün mt-genom özeti

Gen	Zincir	Başlangıç baz çifti	Bitiş baz çifti	Boyut (bç)	Sonraki genle arasındaki bölge	Başlama kodunu	Bitiş kodunu	Anti kodon
<i>trnI</i>	J	1	66	66	7			GAT
<i>trnQ</i>	N	74	141	68	7			TTG
<i>trnM</i>	J	149	215	67	3			CAT
<i>nad2</i>	J	219	1235	1017	1	ATA	TAA	
<i>trnW</i>	J	1237	1304	68	-8			TCA
<i>trnC</i>	N	1297	1361	65	2			GCA
<i>trnY</i>	N	1364	1427	64	-11			GTA
<i>cox1</i>	J	1417	2958	1542	5	ATT	TAA	
<i>trnL2</i>	J	2964	3028	65	-2			TAA
<i>cox2</i>	J	3027	3720	694	0	ATG	T--	
<i>trnK</i>	J	3721	3790	70	-1			CTT
<i>trnD</i>	J	3790	3854	65	-3			GTC
<i>atp8</i>	J	3852	4019	168	-7	ATC	TAA	
<i>atp6</i>	J	4013	4689	677	0	ATG	TA-	
<i>cox3</i>	J	4690	5478	789	4	ATG	TAA	
<i>trnG</i>	J	5483	5546	64	-3			TCC
<i>nad3</i>	J	5544	5897	354	16	ATC	TAA	
<i>trnA</i>	J	5914	5977	64	8			TGC
<i>trnR</i>	N	5986	6051	66	23			TCG
<i>Tk1</i>	J	6075	6124	50	-28			
<i>Tk2</i>	J	6097	6150	54	1			
<i>Tk2.1</i>	J	6152	6205	54	-21			
<i>Tk1.1</i>	J	6185	6234	50	0			
<i>trnN</i>	J	6235	6299	65	-5			GTT
<i>trnS1</i>	J	6295	6363	69	3			GCT
<i>trnE</i>	J	6367	6433	67	-2			TTC
<i>trnF</i>	N	6432	6495	64	-3			GAA
<i>nad5</i>	N	6493	8227	1735	0	ATT	T--	
<i>trnH</i>	N	8228	8292	65	-3			GTG
<i>nad4</i>	N	8290	9628	1339	-7	ATG	T--	
<i>nad4l</i>	N	9622	9918	297	7	ATG	TAA	
<i>trnT</i>	J	9926	9988	63	-1			TGT
<i>trnP</i>	N	9988	10053	66	-2			TGG
<i>nad6</i>	J	10052	10569	518	0	ATC	TA-	
<i>cytb</i>	J	10570	11706	1137	2	ATG	TAA	
<i>trnS2</i>	J	11709	11777	69	22			TGA
<i>nad1</i>	N	11800	12819	951	3	TTG	TAA	
<i>trnL1</i>	N	12754	12819	66	0			TAG
<i>rrnL</i>	N	12820	14122	1303	0			
<i>trnV</i>	N	14123	14193	71	0			TAC
<i>rrnS</i>	N	14194	14980	787	0			
<i>A+T</i>		14981	15724	744	0			

Bu uzun tekrar bölgesini içermesinden dolayı olası yanlış dizilenme olasılığına karşı 3 defa örnek başına ham veri setinden her bir örnek için mt-genomun çekilme işlemi ayrı ayrı yapılmış olup mt-genoma ait okumaların çekilmesi kademeli olarak uzatılarak yapılmıştır. Ancak çalışılan her 5 örnekte de kodlama yapmayan bu uzun bölge (183 bç) mt-genomda saptanmıştır.

Uzun sayılabilecek kodlama yapmayan diğer bölgeler ise biri *trnS2* ile *nad1* arasında bulunan 22 bç uzunluğunda ve ikincisi *nad3* ile *trnA* arasında 16 bç uzunluğundaki kısımlardır. Sonrasında *trnI-trnQ* (7 bç), *trnQ-trnM* (7 bç), *trnM-nad2* (3 bç), *nad2-trnW* (1bç), *trnC-trnY* (2 bç), *cox1-trnL2* (5 bç), *cox3-trnG* (4 bç), *trnA-trnR* (8 bç), *nad1-trnL1* (3 bç), *cytb-trnS2* (2 bç), *nad4l-trnT* (7 bç), *trnS1-trnE* (3 bç), *trnW-trnC* (1 bç) ve *trnM-nad2* (1bç) büyüklüğünde genler arası kodlama yapmayan bölgeler saptanmıştır.

4.3.1.5. Üst üste gelen bölgelerin karakterizasyonu

I. major mt-genomunda 14 bölgede genlerin üst üste geldiği saptanmıştır. Bu çakışan bölgeler *trnW-trnC* (8bç), *trnY-cox1* (11 bç), *trnL2-cox2* (2bç), *trnK-trnD* (1 bç), *trnD-atp8*(3 bç), *atp8-atp6* (7 bç), *trnG-nad3* (3 bç), *trnN-trnS* (5 bç), *trnE-trnF* (2 bç), *trnF-nad5* (3 bç), *trnH-nad4* (3 bç), *nad4-nad4l* (7 bç), *trnT-trnP* (1 bç) ve *trnP-nad6* (2 bç) genleri arasındadır. *trnW* ve *trnC* genleri arasında “CCTTAGTA” motifi, *trnY* ve *cox1* genleri arasında “ATTCTACCGCA” motifi, *atp8* ve *atp6* genleri arasında “ATGATAA” motifi, *trnN* ve *trnS1* genleri arasında “AGAAA” motifi, *nad4* ve *nad4l* genleri arasında “TTAACAT” motifi gözlenmiştir. 3 bazlık çakışma *trnD-atp8* ve *trnG-nad3* genleri arasında “ATC” motifi, *trnF-nad5* ve *trnH-nad4* genleri arasında “AAA” motifine rastlanmıştır. İki bazlık çakışma *trnL2-cox2* ve *trnP-nad6* genleri arasında “AT” motifi, *trnE-trnF* genleri arasında “TT” motifine rastlanmış, son olarak *trnK-trnD* genleri arasında “A” motifi, *trnT-trnP* genleri arasında “G” motifinde tek bazlık çakışma bulunmuştur.

4.3.1.6. A+T’ce zengin kodlama yapmayan bölgenin karakterizasyonu

I. major türünde A+T’ce zengin bölgesi,%78 A+T içeriğiyle 744 bç uzunluğundadır ve *trnI* ile *rrnS* arasında yerleşmiştir. Bu bölge içerisinde yer alan ve replikasyonda görevli tahmini yapılar 304.-427. bazları arasında yer almaktadır. A+T’ce zengin kodlama yapmayan bölgede tRNA kalıntıları da aranmış ancak herhangi bir tRNA kalıntısına rastlanmamıştır.

4.3.1.7. Mt-Genomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu

I. major mt-genomunun nükleotid kompozisyonu, her bir PKG için total nükleotid kompozisyonu ile 1., 2. ve 3. kodon kompozisyonları hesaplanmıştır (Çizelge 4.4). Buna göre en yüksek %AT içeriğine sahip gen *atp8* (%72,6) ve bunu *nad4l* geni (%71,0) takip etmekte olup, en düşük %AT içeriğine sahip gen ise *cox1* (%59,7)'dir. PKG'lerin ortalama %AT oranı ise %65,4 olarak bulunmuştur. Kodon pozisyonları bakımından incelendiğinde ise, PKG'lerin ortalama en yüksek %AT oranını 3. kodon pozisyonunda (%70,2) gözlenirken, bu oran 2.kodon pozisyonunda %63,6 ve 1.kodon pozisyonunda ise %62,3 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.4). Her bir PKG için aminoasit kompozisyonu belirlenerek içerdikleri aminoasitler kompozisyonel olarak hesaplanmıştır (Çizelge 4.5). Ortalama olarak en fazla kullanılan aminoasit %16,81 ile lösin iken, bu aminoasiti sırayla serin ve fenilalanin aminoasitlerinin takip ettiği saptanmıştır. En az kullanılan aminoasitler ise sırayla sistein, arjinin, aspartik asit ve lizin'dir. Bazı PKG'lerde sistein, glisin, histidin, prolin, arjinin ve tirozin aminoasitlerinin kullanılmadığı saptanmıştır. Bu PKG'lerden *atp8* geninde kullanılmayan dört (Sistein, Glisin, Histidin, Arjinin) aminoasit bulunmuştur. Diğer genler de ise *cox1* (Sistein), *nad3* (Triptofan), *nad4l* (Prolin) ve *nad1* (Histidin) genlerinde birer aminoasitin kullanılmadığı saptanmıştır.

PKG'lerin total dizisi üzerinden RSCU değeri hesaplanmış ve böylece en çok kullanılan tRNA ile en çok kullanılan kodon belirlenmiştir (Çizelge 4.6). Buna göre en çok kullanılan aminoasit yine lösin amino asitidir. Sonrasında serin, fenilalanin, izölösin ve glisin aminoasitleri en çok kullanılan aminoasitler arasında yer almaktadır.

Çizelge 4.4. *I.major* türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları (Sarı renk: Total mt-genomda ortalama %AT içeriği, Mavi renk: En yüksek AT içeriğine sahip gen ve Kırmızı renk: En az AT içeriğine sahip gen)

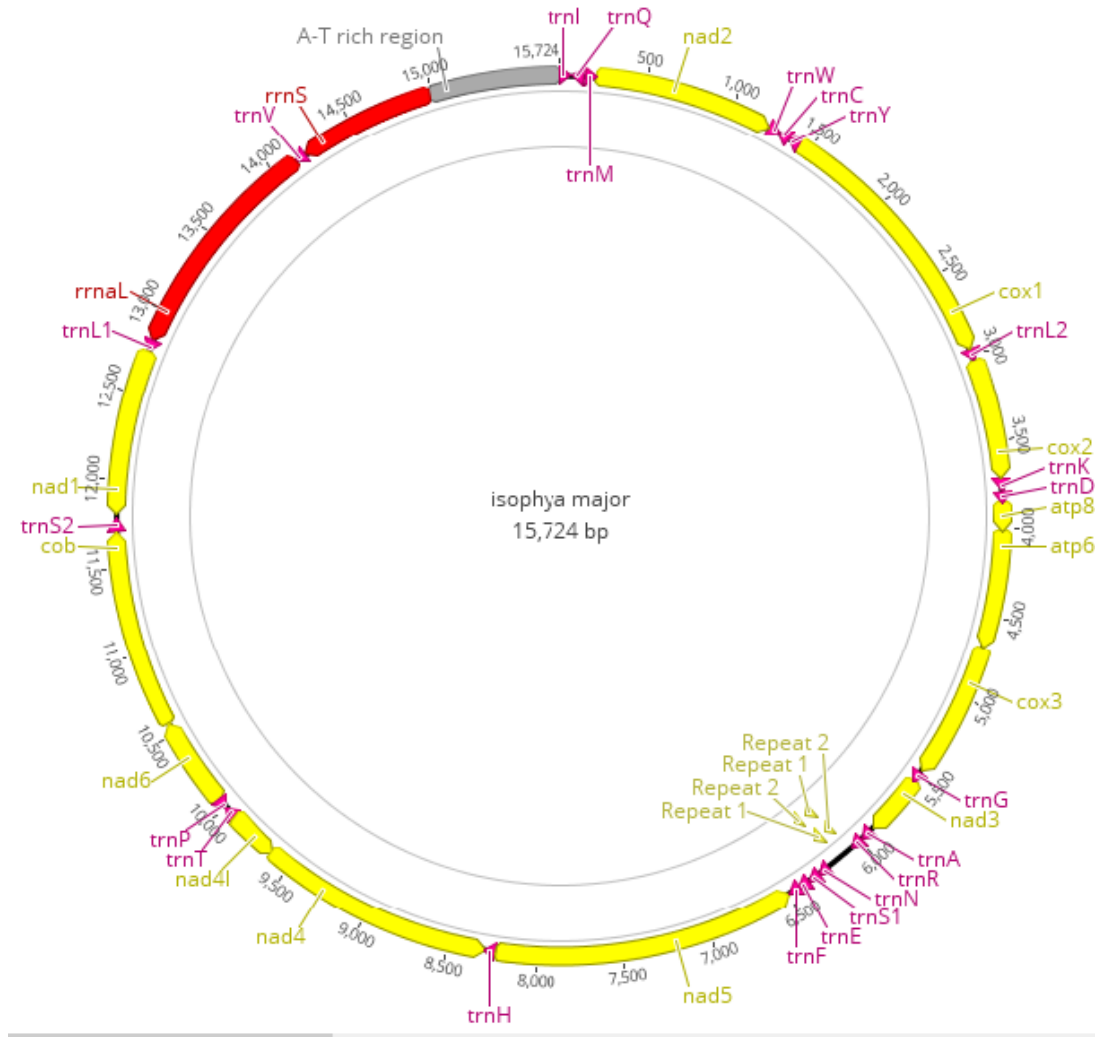
PKG	Tüm gende total					Kodonun 1.pozisyonunda					Kodonun 2.pozisyonunda					Kodonun 3.pozisyonunda				
	T %	C %	A %	G %	%AT	T-1	C-1	A-1	G-1	%AT	T-2	C-2	A-2	G-2	%AT	T-3	C-3	A-3	G-3	%AT
<i>nad6</i>	35,7	25,3	32,4	6,6	68,1	30,1	19,1	39,3	11,6	69,4	50,3	24,3	19,1	6,4	69,4	26,7	32,6	39,0	1,7	65,7
<i>nad5</i>	42,3	9,3	26,7	21,7	69,0	37,5	7,9	29,2	25,4	66,7	47,2	16,4	18,0	18,3	65,2	42,2	3,5	33,0	21,3	75,2
<i>nad4l</i>	48,1	7,7	22,9	21,2	71,0	42,4	9,1	26,3	22,2	68,7	56,6	10,1	17,2	16,2	73,8	45,5	4,0	25,3	25,3	70,8
<i>nad4</i>	45,0	8,5	24,7	21,8	69,7	44,5	8,1	24,6	22,8	69,1	48,0	14,1	17,5	20,4	65,5	42,4	3,4	32,1	22,2	74,5
<i>nad3</i>	36,7	20,6	31,1	11,6	67,8	33,1	14,4	33,1	19,5	66,2	50,0	21,2	16,9	11,9	66,9	27,1	26,3	43,2	3,4	70,3
<i>nad2</i>	34,8	24,3	30,6	10,3	65,4	33,6	19,2	33,0	14,2	66,6	46,0	26,0	17,1	10,9	63,1	24,8	27,7	41,6	5,9	66,4
<i>nad1</i>	44,9	9,1	22,7	23,2	67,6	42,3	7,3	24,0	26,5	66,3	47,9	17,4	16,7	18,0	64,6	44,5	2,8	27,4	25,2	71,9
<i>cytb</i>	33,7	25,4	28,1	12,8	61,8	27,7	21,9	28,5	21,9	56,2	42,0	22,4	22,4	13,2	64,4	31,4	31,9	33,5	3,2	64,9
<i>cox3</i>	31,6	25,6	29,2	13,7	60,8	30,4	21,3	25,1	23,2	55,5	36,9	25,9	20,5	16,7	57,4	27,4	29,7	41,8	1,1	69,2
<i>cox2</i>	30,3	23,9	33,4	12,4	63,7	21,1	22,8	34,9	21,1	56,0	37,7	25,1	25,5	11,7	63,2	32,0	23,8	39,8	4,3	71,8
<i>cox1</i>	31,9	24,7	27,8	15,6	59,7	24,7	20,2	28,0	27,0	52,7	41,1	24,9	17,7	16,3	58,8	30,0	29,0	37,7	3,3	67,7
<i>atp8</i>	36,3	20,2	36,3	7,1	72,6	44,6	14,3	33,9	7,1	78,5	41,1	19,6	26,8	12,5	67,9	23,2	26,8	48,2	1,8	71,4
<i>atp6</i>	32,6	26,6	29,4	11,4	62,0	24,3	24,8	33,2	17,7	57,5	44,7	26,5	15,5	13,3	60,2	28,9	28,4	39,6	3,1	68,5
<i>ort</i>	37,4	18,6	28,0	16,0	65,4	33,1	15,7	29,2	22,0	62,3	44,8	21,1	18,8	15,4	63,6	34,2	19,0	36,0	10,8	70,2

Çizelge 4.5. *I. major*'da PKG'lerin aminoasit kompozisyonu (Yeşil, en az kullanılan aminoasitler; Mavi, en fazla kullanılan aminoasitler; Sarı: kullanılmayan aminoasitler)

	<i>Ala</i>	<i>Cys</i>	<i>Asp</i>	<i>Glu</i>	<i>Phe</i>	<i>Gly</i>	<i>His</i>	<i>Ile</i>	<i>Lys</i>	<i>Leu</i>	<i>Met</i>	<i>Asn</i>	<i>Pro</i>	<i>Gln</i>	<i>Arg</i>	<i>Ser</i>	<i>Thr</i>	<i>Val</i>	<i>Trp</i>	<i>Tyr</i>	Total
<i>nad2</i>	4,44	0,59	0,59	2,07	7,99	4,14	1,78	7,99	2,96	20,12	7,10	4,14	3,85	2,66	0,59	12,13	8,28	2,96	2,96	2,66	338
<i>cox1</i>	7,21	0,00	2,92	1,75	7,41	9,16	3,12	9,16	1,17	13,65	4,87	3,12	5,46	2,14	1,56	7,99	7,02	6,04	2,92	3,31	513
<i>cox2</i>	3,90	0,87	4,33	3,90	6,49	3,46	3,03	8,66	1,30	12,55	4,33	6,06	4,76	3,46	3,03	5,19	12,99	5,63	2,60	3,46	231
<i>atp8</i>	1,82	0,00	1,82	1,82	10,91	0,00	0,00	10,91	3,64	14,55	3,64	9,09	5,45	5,45	0,00	16,36	1,82	1,82	7,27	3,64	55
<i>atp6</i>	6,67	0,44	0,44	1,78	7,56	4,44	2,67	6,67	1,33	19,56	6,67	5,33	5,33	1,78	1,33	11,11	8,44	4,44	2,22	1,78	225
<i>cox3</i>	7,63	0,38	1,15	2,67	9,16	7,25	5,73	8,78	0,38	11,45	3,05	3,05	5,34	3,05	1,53	8,40	7,25	4,58	4,96	4,20	262
<i>nad3</i>	5,13	0,85	2,56	4,27	11,97	2,56	0,85	14,53	3,42	13,68	5,13	3,42	3,42	1,71	2,56	9,40	5,13	5,13	4,27	0,00	117
<i>nad5</i>	5,54	1,56	2,08	2,60	7,27	7,09	1,04	6,75	1,56	16,96	8,13	3,98	2,42	2,08	1,21	11,42	2,94	8,13	2,60	4,67	578
<i>nad4</i>	4,26	2,91	1,12	2,02	7,85	7,85	1,57	4,71	2,24	20,63	7,17	2,91	2,47	1,12	1,57	9,64	2,69	7,62	3,14	6,50	446
<i>nad4l</i>	2,04	4,08	2,04	2,04	10,20	6,12	2,04	5,10	2,04	22,45	9,18	3,06	0,00	3,06	2,04	7,14	4,08	10,20	1,02	2,04	98
<i>nad6</i>	2,33	1,16	1,16	1,74	9,88	1,74	1,74	11,63	2,91	19,77	4,65	4,65	4,65	2,91	0,58	6,40	13,37	4,65	0,58	3,49	172
<i>cytb</i>	5,82	0,79	3,17	0,79	7,94	6,61	3,17	9,79	2,12	15,08	3,70	5,56	5,82	2,12	2,12	4,50	6,88	5,56	3,17	5,29	378
<i>nad1</i>	5,70	2,22	1,58	3,48	9,81	6,96	0,00	6,01	2,22	18,67	4,75	2,53	3,16	1,27	2,22	9,49	3,80	8,86	1,90	5,38	316
<i>ort</i>	5,01	1,32	1,69	2,28	8,21	6,25	2,17	7,94	1,88	16,81	5,77	4,00	4,02	2,20	1,58	8,98	6,25	6,19	2,87	4,08	286,8

Çizelge 4.6. *I.major* türünde PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanîmları (RSCU)

aa	kodon	sayı	RSCU	aa	kodon	sayı	RSCU	aa	kodon	sayı	RSCU	aa	kodon	sayı	RSCU
Phe	UUU	14,6	1,24	Ser	UCU	5.3	1,65	Tyr	UAU	8,1	1,38	Trp	UGA	7.0	1.70
	UUC	8,9	0,76		UCC	3.6	1,12		UAC	3,6	0,62		UGG	1.2	0.30
Leu	UUA	23,1	2,87		UCA	6.0	1,86	His	CAU	3,7	1,19	Arg	CGU	1,2	1,02
	UUG	8,5	1,05		UCG	0.8	0,26		CAC	2,5	0,81		CGC	0,5	0,47
Leu	CUU	4,7	0,58	Pro	CCU	5,7	1,97	Gln	CAA	5,5	1,73		CGA	1,9	1,69
	CUC	3,7	0,46		CCC	2,2	0,75		CAG	0,8	0,27	CGG	0,9	0,81	
	CUA	7,7	0,96		CCA	2,8	0,96	Asn	AAU	7,5	1,30	Ser	AGU	4,3	1,34
	CUG	0,6	0,08		CCG	0,9	0,32		AAC	4,0	0,70		AGC	0,8	0,24
Ile	AUU	14,9	1,31	Thr	ACU	5,5	1,22	Lys	AAA	3,1	1,14		AGA	4,1	1,27
	AUC	7,8	0,69		ACC	4,8	1,08		AAG	2,3	0,86	AGG	0,8	0,26	
Met	AUA	12,6	1,53		ACA	6,8	1,51	Asp	GAU	3,5	1,26	Gly	GGU	4,2	0,93
	AUG	3,9	0,47		ACG	0,8	0,19		GAC	2,1	0,74		GGC	1,9	0,43
Val	GUU	6,9	1,56	Ala	GCU	5,5	1,44	Glu	GAA	5,0	1,53		GGA	7,2	1,60
	GUC	2,7	0,61		GCC	4,8	1,24		GAG	1,5	0,47	GGG	4,7	1,05	
	GUA	6,4	1,44		GCA	3,8	0,98	Cys	UGU	2,8	1,60	Stop	UAA	0.6	2,00
	GUG	1,8	0,40		GCG	1,3	0,34		UGC	0,7	0,40		UAG	0.0	0,0



Şekil 4.2. *I. major* türünün halkasal total mt-genomu (PKG'ler sarı renk, tRNA genleri pembe renk, rRNA genleri kırmızı renk ve A+T'ce zengin bölge gri renk ile ifade edilmiştir)

4.3.2. *Poecilimon luschani* türünün mt-genom karakterizasyonu

P. luschani türü için 15.568 bç uzunluğunda bir mt-genom elde edilmiştir. Gen karakterizasyonu yapılan türün toplamda 37 gen içerdiği gözlemlenmiştir. Bunlar 13 PKG, 22 tRNA ve 2 rRNA geninden oluşmaktadır. Ayrıca A+T'ce zengin kodlama yapmayan bölgede bulunmaktadır. Bu genlerin 15 tanesi hafif zincirde (N) bulunurken, 22 tanesi ağır zincirde (J) yer almaktadır. Genlerin genom içerisindeki lokasyonları daha önce rapor edilen atasal pankrustase mt-genomuyla benzerlik göstermektedir. Genom yerleşimleri sırasıyla *trnI*, *trnQ*, *trnM*, *nad2*, *trnW*, *trnC*, *trnY*, *cox1*, *trnL2*, *cox2*, *trnK*, *trnD*, *atp8*, *atp6*, *cox3*, *trnG*, *nad3*, *trnA*, *trnR*, *trnN*, *trnS1*, *trnE*, *trnF*, *nad5*, *trnH*, *nad4*, *nad4l*, *trnT*, *trnP*, *nad6*, *cytb*, *trnS2*, *nad1*, *trnL1*, *16S*, *rrnL*, *trnV*, *12S*, *rrnS* ve A+T'ce zengin bölge şeklindedir.

4.3.2.1. Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu

PKG'lerin sınırları, başlangıç ve bitiş kodonlarının belirlenmesiyle toplamda 11.212 bç uzunluğunda olduğu saptanmıştır. PKG'lerin toplamda 4.316 bç uzunluğunda olan *nad5*, *nad4*, *nad4L* ve *nad1* genleri hafif zincirden ve toplam olarak 6896 bç uzunluğunda olan diğer dokuz PKG *nad2*, *nad3*, *nad6*, *cytb*, *cox1*, *cox2*, *cox3*, *atp6* ve *atp8* ise ağır zincir tarafından kodlanmaktadır.

Bu sınamalar sonrasında tüm PKG'lerin aminoasit dizisi başlama ve bitiş kodonları belirlenmiştir (Çizelge 4.7). Dizi bilgisi elde edilen PKG'lerden *cox1*, *atp8*, *nad3*, *nad5*, *nad6* ve *nad1* genleri ATT başlangıç kodonunu kullanırken, *cox2*, *atp6*, *cox3*, *nad4*, *nad4l* ve *cytb* genleri ATG başlangıç kodonunu kullandığı saptanmıştır. Ayrıca *nad2* geninde ATA başlama kodonu kullandığı görülmüştür. *cox2*, *nad5*, *nad4*, *nad6*, *cytb* genleri bitiş kodonu olarak tamamlanmamış T--, TT ve TA kodonlarını kullanmaktadır. *nad1* geni TAG sonlanma kodonu kullanmakta olup diğer 7 gen ise standart TAA sonlanma kodonu kullanmaktadır. Tüm PKG'lerin gen yerleşimleri daha önce rapor edilen atasal pankrustase mt-genom ile örtüşmektedir. En kısa PKG 168 bç uzunluk ile *atp8*, en uzun PKG ise 1.732 bç uzunluğu ile *nad5* genidir.

4.3.2.2. Transfer RNA genlerinin karakterizasyonu

P.luschani mt-genomunda 1.466 bç uzunluğunda toplam 22 tRNA geni elde edilerek lokasyonları belirlenmiştir. Bu genlerin 9 tanesi (594 bç) hafif zincirden, kalan 13 tanesi (872 bç) ağır zincir tarafından kodlanmaktadır. tRNA genlerinin uzunlukları 64-71 bç arasında değişkenlik göstermektedir. En uzun tRNA geni *trnV* (71 bç) ve en kısa tRNA geni olarak *trnR*, *trnF* ve *trnT* (64 bç) olarak belirlenmiştir. tRNA genleri *trnS1* hariç büyük bir çoğunluğu mitokondriyal tRNA genleri için önerilen tipik dört kollu (yonca yaprağı) ikincil yapıya sahiptir. *P. luschani* türünde alışılmamış antikodon kullanımı gözlenmemiştir. tRNA genleri ikincil yapıları totalde 26 tane yanlış eşleşme içermektedir. Bunlardan 9 tanesi, D-kolunda yer alan G-U ve U-G yanlış eşleşmeleridir. Akseptör kolda 6 (G-U ve U-G), T Ψ C kolunda 6 (G-U, U-G ve U-U) ve antikodon kolunda ise 5 adet (G-U ve U-G) yanlış eşleşme belirlenmiştir (Ek 2).

Çizelge 4.7. *P.luschani* türünün mt-genom özeti

Gen	Zincir	Başlangıç baz çifti	Bitiş baz çifti	Boyut (bç)	Sonraki genle arasındaki bölge	Başlama kodonu	Bitiş kodonu	Anti kodon
<i>trnI</i>	J	1	68	68	14			GAT
<i>trnQ</i>	N	83	150	68	10			TTG
<i>trnM</i>	J	161	226	66	4			CAT
<i>nad2</i>	J	231	1247	1017	0	ATA	TAA	
<i>trnW</i>	J	1248	1315	68	-8			TCA
<i>trnC</i>	N	1308	1372	65	3			GCA
<i>trnY</i>	N	1376	1441	66	-10			GTA
<i>coxI</i>	J	1432	2973	1542	4	ATT	TAA	
<i>trnL2</i>	J	2978	3043	66	-1			TAA
<i>cox2</i>	J	3043	3736	694	-1	ATG	T--	
<i>trnK</i>	J	3736	3805	70	-1			CTT
<i>trnD</i>	J	3805	3871	67	-2			GTC
<i>atp8</i>	J	3870	4037	168	-7	ATT	TAA	
<i>atp6</i>	J	4031	4708	678	3	ATG	TAA	
<i>cox3</i>	J	4712	5500	789	5	ATG	TAA	
<i>trnG</i>	J	5506	5570	65	-2			TCC
<i>nad3</i>	J	5569	5922	354	6	ATT	TAA	
<i>rnA</i>	J	5929	5995	67	0			TGC
<i>trnR</i>	N	5996	6059	64	19			TCG
<i>trnN</i>	J	6079	6143	65	-5			GTT
<i>trnS1</i>	J	6139	6208	70	2			GCT
<i>trnE</i>	J	6211	6277	67	-2			TTC
<i>trnF</i>	N	6276	6339	64	-2			GAA
<i>nad5</i>	N	6338	8069	1732	0	ATT	T--	
<i>trnH</i>	N	8070	8134	65	0			GTG
<i>nad4</i>	N	8135	9473	1339	-7	ATG	T--	
<i>nad4l</i>	N	9467	9763	297	6	ATG	TAA	
<i>trnT</i>	J	9770	9833	64	-1			TGT
<i>trnP</i>	N	9833	9897	65	-1			TGG
<i>nad6</i>	J	9897	10414	518	0	ATT	TT-	
<i>cytb</i>	J	10415	11550	1136	0	ATG	TA-	
<i>trnS2</i>	J	11551	11619	69	22			TGA
<i>nad1</i>	N	11642	12589	948	3	ATT	TAG	
<i>trnL1</i>	N	12593	12658	66	0			TAG
<i>rrnL</i>	N	12659	13968	1310	0			
<i>trnV</i>	N	13969	14039	71	0			TAC
<i>rrnS</i>	N	14040	14829	790	0			
A+T		14830	15568	739	0			

4.3.2.3. Ribozomal RNA genlerinin karakterizasyonu

Hem *rrnL* hem de *rrnS*'in mt-genom içerisindeki düzeni korunmuştur ve her ikisi de hafif zincirde yerleşmişlerdir. *rrnS* geni 790 bç uzunluğunda ve *trnV* ile A+T'ce zengin bölge arasında olduğu olup %70 A+T içeriğine sahiptir. Diğer rRNA geni olan *rrnL* geni ise 1.310 bç uzunluğundadır ve *trnL1* ile *trnV* arasında olup %73,5 A+T içeriğine sahip olduğu bulunmuştur.

4.3.2.4. Kodlama yapmayan bölgelerin karakterizasyonu

P. luschani mt-genomunda major kodlama yapmayan bölge dışında, genler arası bölgelerde toplamda 101 bç büyüklüğünde kodlama yapmayan bölge saptanmıştır. Bu bölgelerin uzunlukları 2 bç ile 22 bç arasında değişkenlik göstermektedir. Bu bölgelerden en büyük olanı 22 bç uzunluğunda ve *trnS2* ile *nad1* arasında saptanmıştır. Diğer kodlama yapmayan bölgeler *trnI- trnQ* (14 bç), *trnQ- trnM* (10 bç), *trnM- nad2* (4 bç), *trnC- trnY* (3 bç), *cox1- trnL2* (4 bç), *atp6-cox3* (3 bç), *cox3- trnG* (5 bç), *nad3-trnA* (6 bç), *trnR-trnN* (19 bç), *trnS1- trnE* (2 bç), *nad4l- trnT* (6 bç) ve *nad1- trnL1* (3 bç) büyüklüğünde genler arası kodlama yapmayan bölgeler saptanmıştır.

4.3.2.5. Üst üste gelen bölgelerin karakterizasyonu

P.luschani mt-genomunda 14 bölgede genlerin üst üste geldiği saptanmıştır. Bu çakışan bölgeler *trnW- trnC* (8 bç), *trnY- cox1* (10 bç), *trnL2- cox2* (1 bç), *cox2- trnK* (1 bç), *trnK- trnD* (1 bç), *trnD-atp8* (2 bç), *atp8- atp6* (7 bç), *trnG- nad3* (2 bç), *trnN-trnS1* (5 bç), *trnE- trnF* (2 bç), *trnF- nad5*(2 bç), *nad4- nad4l* (7 bç), *trnT- trnP* (1 bç) ve *trnP- nad6* (1 bç) genleri arasındadır. *trnW* ve *trnC* genleri arasında “GCCTTAGT”, *trnY* ve *cox1* genleri arasında “ATTCTACCGC” , *atp8* ve *atp6* genleri arasında “ATGATAA”, *trnN* ve *trnS1* genleri arasında “AGAAA”, *nad4* ve *nad4l* genleri arasında “TTAACAT” motiflerinde çakışma gözlenmiştir. İki bazlık çakışma olan *trnD-atp8* ve *trnG- nad3* genleri arasında “AT” motifi, *trnE- trnF* genleri arasında “CT”, *trnF- nad5* genleri arasında “AA” motifi bulunmuştur. Son olarak tek bazlık çakışma içeren *trnL2- cox2*, *trnT- trnP*, *trnP- nad6* genleri arasında “A”, *cox2- trnK* genleri arasında “T” *trnK- trnD* genleri arasında “G” motifi gözlenmiştir.

4.3.2.6. A+T'ce zengin kodlama yapmayan bölgenin karakterizasyonu

P.luschani türünde A+T'ce zengin bölgesi,%78,9 A+T içeriğiyle 739 bç uzunluğundadır ve *trnI* ile *rrnS* arasında yerleşmiştir. Bu bölge içerisinde yer alan replikasyonda görevli tahmini yapılar 20.-62. bazlar arasında ve 294.-430.bazlar arasında olduğu bulunmuştur.

4.3.2.7. Mt-Genomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu

P.luschani mt-genomunun nükleotid kompozisyonu, her bir PKG için total nükleotid kompozisyonu ile 1., 2. ve 3. kodon kompozisyonları hesaplanmıştır (Çizelge 4.8). Buna göre en yüksek %AT içeriğine sahip gen *nad4l* (%75,8) ve bunu *atp8* geni (%72,0) takip ederken, en düşük %AT içeriğine sahip gen ise *cox3* (% 62,9) geni olarak bulunmuştur. Kodon pozisyonları açısından değerlendirildiğinde, PKG'lerin ortalama en yüksek %AT oranını 3.kodon pozisyonunda (%78,5), sonrasında ise 2.kodon pozisyonunda (%64,4) içerdiği hesaplanmıştır. En düşük %AT oranı ise 1.kodon pozisyonunda (%62,7) bulunmuştur (Çizelge 4.8).

PKG'lerin her biri için aminoasit kompozisyonu belirlenerek, yapıda en çok bulunan aminoasitler hesaplanmıştır (Çizelge 4.9). Buna göre, ortalama en fazla kullanılan aminoasitin %16,61 ile lösin olduğu saptanmıştır. Sonrasında ise sırayla, treonin ve fenilalanin aminoasitlerinin takip ettiği saptanmıştır. En az kullanılan aminoasitler ise sırayla sistein, arjinin ve aspartik asit'tir. Bazı PKG'lerde sistein, glisin, histidin, prolin ve arjinin aminoasitlerinin kullanılmadığı saptanmıştır. Bu PKG'lerden *atp8* geninde kullanılmayan üç (Sistein, Glisin ve Arjinin) aminoasit bulunmuştur. Diğer genler de ise *cox1* (Sistein), *nad4l* (Prolin) ve *nad1* (Histidin) genlerinde bir aminoasit kullanılmadığı saptanmıştır.

PKG'lerin total dizisi üzerinden RSCU değeri hesaplanmış ve böylece en çok kullanılan tRNA ile en çok kullanılan kodon belirlenmiştir (Çizelge 4.10). Buna göre en çok kullanılan aminoasit yine lösin amino asitidir. Sonrasında serin, fenilalanin, izolösin ve valin aminoasitleri en çok kullanılan aminoasitler arasında yer almaktadır.

Çizelge 4.8. *P.luschani* türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları (Sarı renk: Total mt-genomda ortalama %AT içeriği, Mavi renk: En yüksek AT içeriğine sahip geni ve Kırmızı renk: En az AT içeriğine sahip gen)

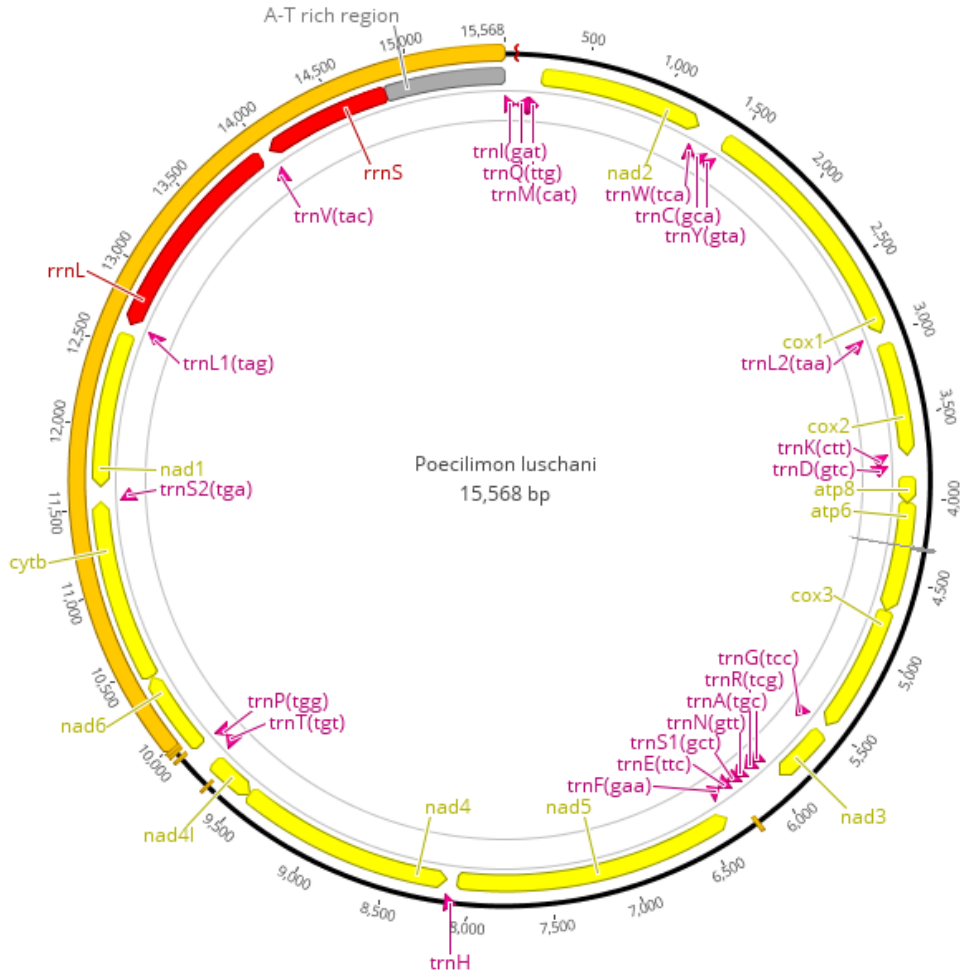
PKG	Tüm gende total					Kodonun 1.pozisyonunda					Kodonun 2.pozisyonunda					Kodonun 3.pozisyonunda				
	T %	C %	A %	G %	%AT	T-1	C-1	A-1	G-1	%AT	T-2	C-2	A-2	G-2	%AT	T-3	C-3	A-3	G-3	%AT
<i>nad6</i>	39,4	22,0	31,5	7,1	70,9	32,4	20,8	35,3	11,6	67,7	49,1	22,5	20,2	8,1	69,3	36,6	22,7	39,0	1,7	75,6
<i>nad5</i>	43,1	8,8	28,0	20,2	71,1	38,2	7,4	30,6	23,7	68,8	46,8	17,5	19,8	15,9	66,6	44,2	1,4	33,6	20,8	77,8
<i>nad4l</i>	50,2	5,7	25,6	18,5	75,8	41,4	7,1	28,3	23,2	69,7	56,6	10,1	16,2	17,2	72,8	52,5	0,0	32,3	15,2	84,8
<i>nad4</i>	45,1	8,4	26,6	19,9	71,7	43,2	9,6	24,6	22,6	67,8	48,4	14,1	17,9	19,5	66,3	43,7	1,3	37,2	17,7	80,9
<i>nad3</i>	37,6	20,3	29,9	12,1	67,5	31,4	17,8	31,4	19,5	62,8	47,5	21,2	15,3	16,1	62,8	33,9	22,0	43,2	0,8	77,1
<i>nad2</i>	38,9	20,7	31,1	9,2	70	33,3	18,9	33,6	14,2	66,9	48,4	23,6	17,4	10,6	65,8	35,1	19,8	42,2	2,9	77,3
<i>nad1</i>	45,3	8,8	25,3	20,7	70,6	43,0	7,3	25,0	24,7	68,0	47,5	17,7	18,4	16,5	65,9	45,3	1,3	32,6	20,9	77,9
<i>cytb</i>	36,0	21,6	29,4	13,0	65,4	27,2	21,4	28,0	23,5	55,2	42,0	22,4	21,9	13,7	63,9	38,9	20,9	38,4	1,9	77,3
<i>cox3</i>	34,9	23,1	28,0	14,1	62,9	30,8	20,9	24,7	23,6	55,5	38,0	24,0	20,9	17,1	58,9	35,7	24,3	38,4	1,5	74,1
<i>cox2</i>	34,3	21,0	32,7	12,0	67	25,0	21,1	31,5	22,4	56,5	39,4	22,5	26,0	12,1	65,4	38,5	19,5	40,7	1,3	79,2
<i>cox1</i>	35,6	19,9	29,1	15,4	64,7	26,1	18,5	28,4	27,0	54,5	41,2	24,5	17,9	16,3	59,1	39,5	16,7	40,9	2,9	80,4
<i>atp8</i>	39,3	19,6	32,7	8,3	72	37,5	21,4	28,6	12,5	66,1	41,1	19,6	26,8	12,5	67,9	39,3	17,9	42,9	0,0	82,2
<i>atp6</i>	36,4	21,8	30,2	11,5	66,6	27,4	19,9	33,2	19,5	60,6	45,1	26,1	15,5	13,3	60,6	36,7	19,5	42,0	1,8	78,7
<i>ort</i>	39,6	16,3	28,8	15,3	68,4	33,6	15,3	29,1	22,0	62,7	45,1	20,6	19,3	15,1	64,4	40,3	12,8	38,2	8,8	78,5

Çizelge 4.9. *P. luschani*'de PKG'lerin aminoasit kompozisyonu (Yeşil, en az kullanılan aminoasitler; Mavi, en fazla kullanılan aminoasitler; Sarı, kullanılmayan aminoasitler)

	<i>Ala</i>	<i>Cys</i>	<i>Asp</i>	<i>Glu</i>	<i>Phe</i>	<i>Gly</i>	<i>His</i>	<i>Ile</i>	<i>Lys</i>	<i>Leu</i>	<i>Met</i>	<i>Asn</i>	<i>Pro</i>	<i>Gln</i>	<i>Arg</i>	<i>Ser</i>	<i>Thr</i>	<i>Val</i>	<i>Trp</i>	<i>Tyr</i>	Total
<i>nad2</i>	3,85	0,89	0,30	2,07	9,17	4,44	1,18	9,47	2,66	20,12	6,21	5,33	3,25	2,66	0,59	10,65	7,99	3,55	2,66	2,96	338
<i>cox1</i>	7,21	0,00	2,92	1,75	7,41	9,16	2,92	9,16	1,17	13,45	5,26	3,31	5,46	2,14	1,56	7,80	6,82	6,04	2,92	3,51	513
<i>cox2</i>	4,76	0,87	4,76	3,90	6,49	3,46	2,60	9,09	1,73	13,85	4,33	5,63	4,76	3,46	3,03	6,49	8,66	5,63	2,60	3,90	231
<i>atp8</i>	3,64	0,00	5,45	1,82	9,09	0,00	3,64	9,09	3,64	18,18	3,64	7,27	7,27	1,82	0,00	10,91	1,82	1,82	9,09	1,82	55
<i>atp6</i>	7,11	0,44	0,44	1,78	8,44	4,89	2,67	8,00	1,33	17,78	5,78	4,89	5,33	1,78	1,33	9,33	8,89	5,33	2,22	2,22	225
<i>cox3</i>	6,87	0,38	1,15	2,67	9,92	7,63	5,73	8,02	0,38	11,83	3,05	3,44	5,34	3,05	1,53	7,25	7,25	5,34	4,96	4,20	262
<i>nad3</i>	5,98	1,71	2,56	4,27	10,26	2,56	0,85	14,53	2,56	17,09	1,71	1,71	3,42	1,71	2,56	11,11	5,98	4,27	4,27	0,85	117
<i>nad5</i>	5,20	1,73	2,08	2,60	7,97	5,89	0,87	6,93	2,95	15,42	8,49	4,16	2,43	2,43	1,04	10,75	3,64	7,97	2,77	4,68	577
<i>nad4</i>	3,81	2,24	0,90	2,02	7,17	8,07	1,79	5,16	1,79	21,30	6,95	3,59	2,47	1,35	1,57	10,09	2,47	7,85	2,91	6,50	446
<i>nad4l</i>	2,04	4,08	1,02	3,06	12,24	7,14	2,04	4,08	1,02	18,37	12,24	4,08	0,00	3,06	2,04	7,14	4,08	10,20	1,02	1,02	98
<i>nad6</i>	2,91	0,58	0,58	2,33	11,05	2,33	1,16	9,30	2,91	21,51	4,07	4,65	2,91	3,49	0,58	10,47	10,47	3,49	0,58	4,65	172
<i>cytb</i>	6,35	0,79	3,17	0,79	8,20	6,61	2,91	9,52	2,12	14,02	3,70	5,03	5,82	2,38	2,12	4,76	6,61	6,61	3,17	5,29	378
<i>nad1</i>	6,03	1,90	1,59	3,49	10,48	6,03	0,00	5,71	2,86	18,10	5,71	3,49	3,17	1,27	2,22	9,52	3,17	7,62	2,22	5,40	315
<i>ort</i>	5,39	1,15	1,93	2,33	8,56	6,14	2,07	8,00	2,04	16,61	5,74	4,19	3,92	2,28	1,56	8,85	5,85	6,28	2,90	4,21	286,7

Çizelge 4.10. *P. luschani*'de PKG'lerin görece sinonim kodon kullanımları (RSCU)

aa	kodon	sayı	RSCU	aa	kodon	sayı	RSCU	aa	kodon	sayı	RSCU	aa	kodon	sayı	RSCU	
Phe	UUU	15,5	1,27	Ser	UCU	7,2	2,28	Tyr	UAU	9,8	1,62	Trp	UGA	7,7	1,85	
	UUC	9,0	0,73		UCC	2,3	0,73		UAC	2,3	0,38		UGG	0,6	0,15	
Leu	UUA	24,2	3,05		UCA	5,6	1,77	His	CAU	3,9	1,32	Arg	CGU	1,3	1,17	
	UUG	7,4	0,93		UCG	0,6	0,19		CAC	2,0	0,68		CGC	0,2	0,14	
Leu	CUU	5,6	0,71		Pro	CCU	6,6	2,36	Gln	CAA	5,6		1,72	CGA	2,3	2,07
	CUC	2,5	0,31			CCC	1,8	0,63		CAG	0,9		0,28	CGG	0,7	0,62
	CUA	7,4	0,93	CCA		2,5	0,88	Asn	AAU	9,6	1,60	Ser	AGU	4,1	1,28	
	CUG	0,5	0,07	CCG		0,4	0,14		AAC	2,4	0,40		AGC	0,9	0,29	
Ile	AUU	18,5	1,61	Thr	ACU	6,8	1,61	Lys	AAA	3,2	1,08		AGA	4,6	1,45	
	AUC	4,5	0,39		ACC	2,5	0,59		AAG	2,7	0,92	AGG	0,0	0,00		
Met	AUA	12,6	1,53		ACA	6,9	1,65	Asp	GAU	4,2	1,53	Gly	GGU	4,8	1,10	
	AUG	3,8	0,47		ACG	0,6	0,15		GAC	1,3	0,47		GGC	0,7	0,16	
Val	GUU	7,6	1,69	Ala	GCU	7,2	1,85	Glu	GAA	5,5	1,66		GGA	8,5	1,92	
	GUC	1,5	0,34		GCC	2,7	0,70		GAG	1,2	0,34	GGG	3,6	0,82		
	GUA	7,5	1,68		GCA	4,9	1,27	Cys	UGU	3,0	1,81	Stop	UAA	0,5	1,75	
	GUG	1,3	0,29		GCG	0,7	0,18		UGC	0,3	0,19		UAG	0,1	0,25	



Şekil 4.3. *P. luschani* türünün halkasal total mt-genomu (PKG'ler sarı renk, tRNA genleri mavi renk, rRNA genleri kırmızı renk ve A+T'ce zengin bölge gri renk ile ifade edilmiştir)

5. TARTIŞMA

Bu çalışma kapsamında *Poecilimon* ve *Isopya* cinsleri ve bu cinslerin ait olduğu Barbistini tribusu için ve bunların dahil olduğu üst gruplar olan Phaneropterinae alt familyası (Cigliano vd. 2018’de ayrı bir familya olarak verilir), Tettigoniidae familyası, Ensifera alt takımı için total mt-genom diziletilmiş ve tanımlanmıştır. Bu veriler Orthoptera takımının mevcut diğer total mt-genom dizileri ile birlikte analiz edilerek her bir taksonomik düzey için mt-genom karakterizasyonu ve evrimi bakımından karşılaştırmalı olarak değerlendirilmiştir. Orthoptera takımı tür zenginliği bakımından önemli çeşitlilik içeren böcek gruplarından biridir. Bu tez çalışmasının başlangıç aşamasında total mt-genomu tanımlanmış tür sayısı 56 iken tezin yazım aşamasında bu sayı 149’a ulaşmıştır (NCBI Mart 2018). Bu 149 türden sadece 10 tanesi Phaneropterinae alt familyasına aittir ve *I. major* ve *P. luschani* mt-genom verisinin de eklenmesiyle bu sayı 12’ye çıkmıştır. Ancak, şu an veri tabanlarında (NCBI) mevcut olan 10 total genomdan hiç biri *Poecilimon* ve *Isophya* cinsleri ve de bu cinslerin ait olduğu Barbistini tribusuna ait değildir. Bu çalışma ile *Poecilimon* ve *Isophya* cinsleri hem de Barbistini total mt-genomu ilk defa tanımlanmıştır.

5.1. Mt-genom Uzunluğu

Orthoptera takımına ait tamamlanmış 149 mt-genom verisinden ortalama uzunluk 15.796 bç olarak hesaplanmıştır. Orthoptera takımına ait en kısa mt-genom *Ruspolia dubia* (14.971 bç), en uzun ise *Phaneroptera gracilis* (18.255 bç) olarak bulunmuştur (Ek.1). Bu 149 total mt-genom verilerinden uzunluk bakımından (bç) küçükten büyüğe doğru sıralandığında *I. major* 86. , *P. luschani* türü ise 33. sırada yer almaktadır. Bu veriler ışığında *I. major* ve *P. luschani* mt-genomları ortalama bir Orthoptera mt-genom uzunluğuna sahiptir. Orthoptera takımına ait total mt-genomu çıkarılmış 24 familyaya ait temsilci tür bulunmaktadır. Bunlar Acrididae, Anostomatidae, Chorotypidae, Episactidae, Gryllacrididae, Gryllidae, Gryllotalpidae, Lentulidae, Ommexechidae, Pamphagidae, Pneumoridae, Prophalangopsidae, Pyrgacrididae, Pyrgomorphidae, Rhabdophoridae, Ripipterygidae, Romaleidae, Schizodactylidae, Stenopelmatidae, Tetrigidae, Tettigoniidae, Thericleidae, Tridactylidae ve Tristiridae familyalarıdır ve bu familyalar için total mt-genom uzunluklarının ortalama değerleri hesaplanmış ve Çizelge 5.1’de verilmiştir. Tettigoniidae familyasının ortalaması 16.105 bç iken, *I. major* ve *P. luschani* türlerinin de mt-genom uzunluklarında eklenerek ortalama tekrar hesaplandığında 16.082 bç olarak değişmiştir. Familya üyelerine ait total mt-genomu çıkarılmış tür sayısı 1 ile 62 arasında değişkenlik göstermekte olup, tür sayısı bakımından fazla olan familyalar (Acrididae ve Tettigoniidae) alt familya düzeyinde de ortalamaları tekrar hesaplanmıştır (Çizelge 5.2).

Çizelge 5.1. Orthoptera takımına ait familyaların total mt-genomu ortalama uzunlukları (parantez içinde verilen sayılar, o familyaya ait total mt-genomu çıkarılmış tür sayısı verilmiştir)

	Familya	Total mt-genom ort (bç)		Familya	Total mt-genom ort (bç)
1	Thericleidae (1)	15.081	13	Acrididae (62)	15.690
2	Tetrigidae (2)	15.116	14	Schizodactylidae (1)	15.691
3	Ripterygidae (1)	15.307	15	Gryllidae (9)	15.722
4	Chorotypidae (1)	15.397	16	Romaleidae (1)	15.723
5	Tridactylidae (1)	15.451	17	Pyrgomorphidae (4)	15.736
6	Gryllotalpidae (3)	15.520	18	Stenopelmatidae (1)	15.767
7	Ommexechidae (1)	15.536	19	Anostomatidae (4)	15.823
8	Rhaphidophoridae (2)	15.560	20	Lentulidae (1)	15.944
9	Gryllacrididae (3)	15.598	21	Tettigoniidae (38)	16.082
10	Episactidae (1)	15.602	22	Pneumoridae (2)	16.260
11	Pyrgacrididae (1)	15.618	23	Prophalangopsidae (2)	16.367
12	Pamphagidae (8)	15.662	24	Tristiridae (1)	16.494

Çizelge 5.2. *Tettigoniidae* ve *Acrididae* familyasına ait türlerin altfamilya düzeyinde total mt-genom uzunluklarının ortalaması (parantez içinde o altfamilyaya ait total mt-genomu çıkarılmış tür sayısı verilmiştir)

	Alt Familya	Total mt-genom ort (bç)		Alt Familya	Total mt-genom ort (bç)
Tettigoniidae	Mecopodinae (2)	15.324	Acrididae	Oxyinae (4)	15.523
	Bradyporinae (2)	15.648		Caryandinae (8)	15.577
	Conocephalinae (7)	15.796		Acridinae (2)	15.600
	Hexacentrinae (2)	15.936		Pacrinae (1)	15.622
	Lipotactinae (1)	15.949		Cyrtacanthacridinae (3)	15.636
	Tettigoniinae (5)	15.953		Gomphocerinae (14)	15.641
	Pseudophyllinae (3)	15.975		Lithidiinae (1)	15.652
	Meconematinae (4)	16.102		Eyprepocnemidinae (2)	15.672
	Phaneropterinae (12)	16.592		Calliptaminae (3)	15.697
			Melanoplinae (11)	15.716	
			Oedipodinae (13)	15.876	

5.2. Mt-Genom Organizasyonları

Böceklerin evrimsel geçmişini aydınlatmak için mt-genom verilerinin primer dizi kullanımı dışında; sekonder yapılar, gen düzenlenmeleri ve genom morfolojisinin incelenmesi gerekmektedir (Fenn vd. 2008; Liu vd. 2013). *I. major* ve *P. luschani* mt-genomunda 13 PKG, 22 tRNA geni ve 2 rRNA geni saptanmış ve karakterize edilmiştir. Mt-genom organizasyonu, böcek atasal mt-genomu olarak kabul edilen Pancrustaceae mt-genomuna benzerlik göstermektedir.

Gen yeniden düzenlemeleri majör ve minör yeniden düzenlemeler olmak üzere ikiye ayrılmaktadır. Bunlardan majör yeniden düzenlenmeler genellikle PKG ve/veya rRNA genlerinin düzenlenmesi olup minör yeniden düzenlenmeler ise tRNA genlerinin yeniden düzenlenmesini içermektedir (Doğan 2015). Orthoptera takımına ait diğer türlerin genom organizasyonu GenBank veritabanından indirilerek GENEIOUS v. R9 programında karşılaştırmalı olarak incelenmiş olup Şekil 5.1'de özetlenmiştir.

Orthoptera takımında minör yeniden düzenlenmeler şöyle özetlenebilir. Caelifera alt takımına ait 3 alt familya (3 tür hariç), tüm türlerde *trnD* ile *trnK* tRNA genleri yer değiştirmiş olup *cox2* ile *atp8* genleri arasına konumlanmıştır (Şekil 5.1 b). Bu tRNA yeniden düzenlenmesinin, mt-genom filogenisinde eşlendiğinde Geç Permiyen veya Erken Triyas'taki ortak bir atadan evrimleştiği düşünülmektedir (Song vd. 2015).

Orthoptera'daki mt-genom gen düzenlemesi incelendiğinde Gryllidae ve Tettigoniidae'de bildirilen iki gen yeniden düzenlemesi durumu haricinde Ensifera alt takımının çalışılmış çoğu atasal Pancrustaceae mt-genomuna ait gen düzenini koruduğu görülmüştür (Ye vd. 2008; Liu vd. 2013).

Comicus campestris (Schizodactylidae) türünde ise *trnI* geni mt-genomda bulunmamış olup bu türde 21 tRNA genine rastlandığı rapor edilmiştir (Song H.vd. 2015) (Şekil 5.1 c).

Gryllidae familyasının total mt-genomu çıkarılmış türlerin (*Oecanthus sinensis*, *Velarifictorus hemelytrus*, *Truljalia hibinonis*, *Loxoblemmus doentzi*, *Teleogryllus emma*, *T.oceanicus* ve *T. commodus*) gen düzenlenmesinde *trnN* ile *trnE* genleri arasında yer değiştirme söz konusudur. Bu yeniden düzenlenmenin normalde ağır zincir tarafından kodlanan *trnN*, *trnS* ve *trnE* genlerinin hafif zincir tarafından kodlandığını, bu gen düzeninin tersine çevrilmesiyle sıralamanın *trnE*, *trnS*, *trnN* olarak değiştirilmesiyle sonuçlandırıldığı varsayılmıştır (Ye vd. 2008) (Şekil 5.1 d).

Trigonidium sjostedti (Gryllidae) türünde *trnE* ile *trnN* genleri arasında ve *trnV* ile *trnS* arasında da yer değiştirme söz konusudur (Şekil 5.1e)

İstisnai bir durum olarak *Cyphoderris monstrosa*'da (Prophalangopsidae) *trnA* ve *trnR* tRNA'ları arasında yer değiştirme olduğu bulunmuştur (Şekil 5.1f). Bu durumun

izole bir durum olduğunu, aynı familyaya ait *Tarragoilus diuturnus* türünde herhangi bir yeniden düzenlemeye rastlanmamış olunması ile savunulmaktadır (Zhou vd. 2014).

Pseudophyllinae alt familyasına ait 3 türde (*Pseudophyllus titan* ve *Phyllomimus sinicus*, *P. deterrentus*) atasal mt-genomdan farklı olarak *trnM-trnI-trnQ* şeklinde düzenlenme olmasıdır (Şekil 5.1g). Bu yeniden düzenlenme “*trnM-trnI-trnQ*” içeren bölgenin tandem duplikasyonu ilk basamak oluşturmuş daha sonra fazla olan genler rastgele silinmiş olduğu tahmin edilmektedir (Yang vd. 2016).

Lipotactes tripyrga (Lipotactinae) türünde atasal genomdan en farklı gen yerleşime sahip tür olduğu görülmektedir (Şekil 5.1h). Bu alt familyaya ait total mt-genomu çıkarılmış başka üyesi olmadığından ayırt edici özellik olup olmadığını söylemek zordur (Zhou vd. 2017).

Ruidocollaris obscura 'da (Tettigoniidae, Phaneropterinae, Holochlorini) 970 bp ve 672 bp uzunluğunda iki A+T'ce zengin bölge tanımlanmıştır (Şekil 5.1i) ve bu durum Orthoptera takımında ilk defa gözlemlenmiştir. A+T1, diğer Orthoptera takımına benzer şekilde *rrnS* ve *trnI* arasında bulunurken, A+T2 *trnY* ve *coxI* arasına konumlanmıştır. Çift A+T'ce zengin bölgenin bulunması daha önce kuşlarda, yılanlarda, deniz hıyarlarında, yassı balıklarda, deniz ateşlerinde ve kenelerde gözlemlenmiştir (Yang vd. 2016). Bu durumun böceklerde replikasyon orijininin A+T'ce zengin bölge içinde bulunmasından dolayı A+T'ce zengin bölgenin çift halde bulunması mt-genom üzerinde seçici bir avantaj olabileceğini (daha verimli replikasyon) tahmin edilmektedir (Yang vd. 2016).

Bir başka istisna ise *Sinochlora longifissa*, *S. retrolateralis*, *S. szechwanensis* ve *Holochlora fruhstorferi* (Tettigoniidae, Phaneropterinae, Holochlorini) türlerinde olduğu bulunmuştur. Bu türlerde *trnQ* ve A+T'ce zengin bölge *nad2* geni ile *trnW* genleri arasına yerleşmişlerdir. Bu durumun ilk olarak, A+T-*trnI-trnQ-trnM-nad2* gen kümesinin, muhtemelen A+T'ce zengin bölgede saptanan halka yapıları tarafından teşvik edilmiştir. Ardından, kopyalanmış bir kontrol dizisi içerdiği için, gen kopyasının transkripsiyonel polaritesine ve genomdaki lokasyonuna bağlı olarak, çoğaltılan genlerin tüm alt kümelerine rastgele olmayan delesyonu ile gerçekleşmiş olabilir (Lavrov vd. 2002). Yani, tekrarlayan gen kümesi *trnI-trnM-nad2* gibi aynı polariteye sahip olan gereksiz genler, replikasyon sırasında ardışık olarak silinmiştir (Liu vd. 2013) ve şimdiki gen yerleşim düzenini oluşturmuştur (Şekil 5.1j). Bu türlerin Phaneropterinae alt familyasına ait Holochlorini tribusu üyelerinde olması dikkat çekici bir durumdur.

Orthoptera'da Majör yeniden düzenlenmeler ise sınırlıdır. Gen yerleşimleri incelendiğinde *Lipotactes tripyrga* (Tettigoniidae, Lipotactinae) *nad3* geninde, *Trigonidium sjostedti* (Gryllidae, Trigonidiinae) türünde ise *rrnS* geninde majör yeniden düzenlenmesi görülmektedir.

Tez kapsamında çalışılan *I. major* ve *P. luschani* türlerinde mt-genom gen yerleşimi tipik olarak atasal Pancrustacea gen yerleşimine sahiptir ve yukarıda listelenen gen yer değiştirmelerinin hiç birine, ne minör ne de majör, rastlanılmamıştır. Bu durum hem Ensifera için hem de Ensifera'ya dahil olan Tettigoniidae familyası ve bunun bir altfamilyaları, dolayısıyla Phaneropterinae ve de Barbitistini tribusu için tipik bir gen yerleşim örüntüsü olmadığını göstermektedir. Ancak genel olarak gen yerleşimlerinin üst taksonomik grup veya soy hatlarına özgü yer değiştirmelerin olduğu genel kanısı dikkate alındığında, mevcut mt-genom verilerin birlikte değerlendirilmesi daha alt gruplara özgü sinapomorfik değişimlerin olası olabileceği görülmektedir. Bu da daha fazla temsilci grubun çalışılması gerektiğini ortaya koymaktadır.

a) Pancrustaceae

trnI	trnQ	trnM	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnV	12S rrrS	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

b) Acrididae

trnI	trnQ	trnM	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnD	trnK	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnV	12S rrrS	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

c) Schizodactylidae

Gln(Q)	trnM	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	Cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnV	12S rrrS	A+T
--------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

d) Gryllidae (Gryllinae, Podoscirtinae, Oecanthinae)

trnI	trnQ	trnM	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnE	trnS	trnN	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnV	12S rrrS	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

e) Gryllidae (Trigonidiinae)

trnI	trnQ	trnM	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnE	trnS	trnN	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	12S rrrS	trnV	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	----------	------	-----

f) Prophalangopsidae

trnI	trnQ	trnM	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnR	trnA	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnV	12S rrrS	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

Şekil 5.1. Orthoptera takımı mt-genom gen yerleşimleri

Şekil 5.1'nin devamı

g) Tettigoniidae (Pseudophyllinae)

trnM	trnI	trnQ	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnY	12S rrrS	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

h) Tettigoniidae (Lipotactinae)

trnI	trnM	trnQ	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnR	trnS	trnA	trnN	trnG	nad 3	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnY	12S rrrS	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	------	------	------	------	-------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

i) Tettigoniidae (Phaneropterinae-Holochlorini) *R. obscura*

trnI	Gln(Q)	Met(M)	nad 2	trnW	trnC	trnY	A+T 2	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnY	12S rrrS	A+T 1
------	--------	--------	-------	------	------	------	-------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-------

j) Tettigoniidae (Phaneropterinae-Holochlorini)

trnI	trnM	nad 2	A+T	trnQ	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnY	12S rrrS
------	------	-------	-----	------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------

k) *Imajor* ve *P. luschani*

trnI	trnQ	trnM	nad 2	trnW	trnC	trnY	cox 1	trnL	cox 2	trnK	trnD	atp 8	atp 6	cox 3	trnG	nad 3	trnA	trnR	trnN	trnS	trnE	trnF	nad 5	trnH	nad 4	nad4 1	trnT	trnP	nad 6	cyt b	trnS	nad 1	trnL	16S rrrL	trnY	12S rrrS	A+T
------	------	------	-------	------	------	------	-------	------	-------	------	------	-------	-------	-------	------	-------	------	------	------	------	------	------	-------	------	-------	--------	------	------	-------	-------	------	-------	------	----------	------	----------	-----

5.3. I. major ve P. luschani Genom Özellikleri

I. major ve *P. luschani* türleri karşılaştırıldığında 37 genin mt-genom yerleşimlerinin tamamı atasal böcek mt-genomu olarak kabul edilen Pancrustaceae mt-genomuyla bire bir örtüşmektedir. Böcek mt-genomları genel olarak bir ekonomizasyon eğiliminde olmasına rağmen mt-genomda farklı lokasyonlarda ve farklı uzunluklarda kodlama yapmayan bölgeler bulunmaktadır (Boore 1999). Ancak bu kodlama yapmayan bölgelerin tamamının evrimsel kökeni veya herhangi bir işleve sahip olup olmadığı henüz tam olarak bilinmemektedir. *I. major* türünde hem çalışılan diğer orthopterler hem de *P. luschani*'den farklı olarak *trnR* ve *trnN* genleri arasında 183 bç uzunluğunda bir bölgenin saptanmış olması bu tezin ilginç verilerinden biridir. Bu bölgenin olası orijinini tahmin etmek amacıyla BLAST taraması ile benzerlik aranmıştır. Ancak, bu bölgenin herhangi bir mitokondriyal ya da nükleer bölgeyle benzerliğine (homolojisine) ilişkin sonuç gözlenmemiştir. Ayrıca bu bölge içerisinde tRNA benzeri sekonder yapı oluşturan eleman da saptanmamıştır. Tekrarlı motif taramaları sonucunda bu bölgenin ardışık 2 çift tekrarlı motif içerdiği saptanmıştır. (Şekil 4.1). Benzer durumlar Lepidoptera (Camerson ve Whiting 2008), Coleoptera (Shiffeld vd. 2008) ve diğer Orthoptera (Yang 2015) takımlarından daha önce rapor edilmiştir. Orthoptera takımından *Orophyllus montanus* türünde en uzun kodlama yapmayan bölge *rrnL* ile *trnV* arasında 794 bç, *Kuwayamaea brachyptera* türünde ise *nad2* ile *trnW* arasında 649 bç olarak daha önce rapor edilmiştir (Yang 2015). Bu bölgenin mt-genom replikasyonu sırasında meydana gelen hataların sonucu veya bu bölge içerisindeki duplike diziler transkripsiyon başlama bölgesini içeriyor olabileceği ile savunulmaktadır (Liu vd. 2013; Yang 2015). Bu nedenle bu bölgenin transkripsiyon ile ilişkili ayrıca çalışmaya değerdir.

Phaneropterinae altfamilyasına ait bu 2 türün mt-genomunda gen yeniden düzenlenmelerine rastlanmamıştır. *I. major* ve *P. luschani* mt-genomlarının organizasyonları ve genlerin uzunlukları karşılaştırmalı olarak listelenmiştir (Çizelge 5.3). Bu 2 türün PKG'leri karşılaştırıldığında *atp6*, *nad5*, *cytb* ve *nad1* dışında genlerin boyutları aynıdır. Ancak, *atp6* ve *cytb* genlerinde 1 bazlık, *nad5* ve *nad1* genleri 3 bazlık farklılık söz konusudur (Çizelge 5.3).

Çizelge 5.3. *I. major* ve *P. luschani* türlerinde PKG'lerin uzunlukları (Farklı uzunlukta olanlar sarı renk ile gösterilmiştir)

	<i>nad2</i>	<i>cox1</i>	<i>cox2</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>nad3</i>	<i>nad5</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>nad1</i>
<i>I. major</i>	1017	1542	694	168	677	789	354	1735	1339	297	518	1137	951
<i>P. luschani</i>	1017	1542	694	168	678	789	354	1732	1339	297	518	1136	948

Her iki türde de protein kodlayan tüm genler tipik ATN başlangıç kodonuna sahiptirler. Ancak sonlanma kodonu bağlamında hem farklı PKG'ler ve hem de türler

arasında farklılıklar sözkonusudur (Çizelge 5.4). Altı PKG (*nad2*, *cox1*, *atp8*, *cox3*, *nad3*, *nad4l*) hem *I. major* hem de *P. lushani* türlerinde standart sonlanma kodonu olan TAA'yı kullanırlar. *I. major* türünde *cytb* geni de bu standart kodonu kullanırken *P. lushani* türü TA- kodonu kullanır. Benzer şekilde *P. lushani* türünde *atp6* geni standart kodonu kullanırken *I. major* türü TA- kodonu kullanmaktadır. Üç protein kodlayan gen ise (*cox2*, *nad5* ve *nad4*) tamamlanmamış sonlanma kodonu olan T'yi kullanmaktadır. Tamamlanmamış sonlanma kodonu kullanımı daha önce birçok Orthoptera türü için rapor edilen bir durumdur (Wei vd. 2008; Zhang vd. 2017). *nad6* geninde ise *I. major* türü TA-, *P. lushani* türünde TT- tamamlanmamış sonlanma kodonunu kullanır. Son olarak *nad1* genin de *I. major* türü standart sonlanma kodonu olan TAA'yı kullanırken *P. lushani* türü TAG kodonunu kullanmaktadır.

Çizelge 5.4. *I. major* ve *P. lushani* türlerinde PKG'lerin kullandıkları başlama ve sonlanma kodonları (sarı renk: standart sonlanma kodonu)

		<i>nad2</i>	<i>cox1</i>	<i>cox2</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>nad3</i>	<i>nad5</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>nad1</i>
<i>I. major</i>	Başlama	ATA	ATT	ATG	ATC	ATG	ATG	ATC	ATT	ATG	ATG	ATC	ATG	TTG
	Bitiş	TAA	TAA	T--	TAA	TA-	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TA-	TAA	TAA
<i>P. lushani</i>	Başlama	ATA	ATT	ATG	ATT	ATG	ATG	ATT	ATT	ATG	ATG	ATT	ATG	ATT
	Bitiş	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TT-	TA-	TAG

I. major ve *P. lushani* türlerinde belirlenen 22 tRNA geninin tamamı yerleşim açısından atasal Pancrustacea ve diğer Orthoptera mt-genomlarına benzerlik göstermektedir. tRNA genleri arasında 1 ile 3 bç arasında değişen uzunluk farklılıkları bulunmuştur. Ancak 2 türün tRNA'larının antikodon dizisinde bir farklılık olmayıp birebir örtüşmektedir (Çizelge 5.4). Bu iki türün mt-genomunda bulunan tRNA'ların sekonder yapıları metazoa tRNA'larında rapor edildiği gibi yonca yaprağı şeklindedir, sadece *trnS1*'in DHU kolunun D-sap'ı (D-stem) eksiktir. *trnS1* genindeki D sapının yokluğu diğer Orthoptera türlerinde de rapor edilmiş ve nedeninin ise ağır zincir tarafından kodlanan tRNA'ların hafif zincir tarafından kodlanan tRNA'lardan daha fazla korunmuş olması olarak gösterilmiştir (Liu ve Huang 2010). tRNA'lar arasındaki büyüklük değişiminin çoğu, TΨC'nin kolundaki ve döngüsündeki uzunluk değişimlerinden ve DHU'nun döngüsünden kaynaklanmaktadır.

Çizelge 5.5. *I. major* ve *P. lushani* türlerinde tRNA genlerinin kullandıkları antikodon

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>trnL1</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>trnG</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>trnH</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>trnS2</i>	<i>trnL2</i>	<i>trnV</i>
GAT	TTG	CAT	TCA	GCA	GTA	TAA	CTT	GTC	TCC	TGC	TCG	GTT	GCT	TTC	GAA	GTC	TGT	TGG	TGA	TAG	TAC

rRNA genlerinin sekonder yapı tahmini yapılmamış olduğundan ilgili genin uzunlukları bakımından farklı olduğu söylenebilir. İki türün rRNA genleri karşılaştırıldığında *I.major* türünün *rrnL* geninin 7 bç ve *rrnS* geninin ise 3 bç daha kısa olduğu saptanmıştır (Şekil5.2).

Ayrıca A+T'ce zengin bölge *P.luschani* türünde 739 bç ve *I. major* türünde ise 744 bç olarak bulunmuştur ve aralarında 5 bç boyunda bir farklılık saptanmıştır. . Orthoptera'nın A + T 'ce zengin bölgesinde, tandem tekrarlar sadece türe özgü olarak mt-genomda korunmadığı gibi aynı alt familyada korunmuş yapılar da gösterebilirler. Potansiyel olarak replikasyon başlangıcında yer alan sap-ilmek yapıları, tüm Ensifera ve Tettigoniidae mt-genomlarının A + T'ce zengin bölgesi içindeki benzer pozisyonlarda bulunmuştur. Mt-genom evriminde önemli parametreler olarak değerlendirilen %AT içeriği, AT- eğri değerleri ve GC- eğri değerleri her iki tür için total mt-genom verisi üzerinden hesaplanmıştır (Çizelge 5.6.). Buna göre, *I. major* ve *P. luschani* mt-genomunun nükleotid kompozisyonu baskın bir şekilde adenin ve timin yönünden eğilim göstermektedir. Bu baskın A+T eğilimi diğer Orthoptera türlerinde de görülmektedir (Liu ve Huang 2010). Bu iki tür içerisinde nükleotid kompozisyonu karşılaştırıldığında mt-genomun AT- eğri değerleri hemen hemen negatif çıkarmıştır. Bu da mt-genomlar A ve T nükleotidinden T'ye daha fazla eğilim göstermektedir. Bu türler içerisinde AT eğri değerleri kısmen birbirine yakın çıkmıştır. Bu mt-genomlar -0,276 ve -0,029 gibi bir değer aralığında A'ya eğilim göstermektedir.

a) Atasal Pancrustacea

trnI	trnQ	trnM	nad ₂	trnW	trnC	trnY	cox ₁	trnL1	cox ₂	trnK	trnD	atp ₈	atp ₆	cox ₃	trnG	nad ₃	trnA	trnR	trnN	trnS1	trnE	trnF	nad ₅	trnH	nad ₄	nad ₄ ₁	trnT	trnP	nad ₆	cyt _b	trnS2	nad ₁	trnL2	16S rrmL	trnV	12S rrmS	A+T
------	------	------	------------------	------	------	------	------------------	-------	------------------	------	------	------------------	------------------	------------------	------	------------------	------	------	------	-------	------	------	------------------	------	------------------	-------------------------------	------	------	------------------	------------------	-------	------------------	-------	----------	------	----------	-----

b) *Isophya major*

66	68	67	1017	68	65	64	1542	65	694	70	65	168	677	789	64	354	64	66	183	65	69	67	64	1735	65	1339	297	63	66	518	1137	69	951	66	1303	71	787	744
trnI	trnQ	trnM	nad ₂	trnW	trnC	trnY	cox ₁	trnL1	cox ₂	trnK	trnD	atp ₈	atp ₆	cox ₃	trnG	nad ₃	trnA	trnR	Tk	trnN	trnS1	trnE	trnF	nad ₅	trnH	nad ₄	nad ₄ ₁	trnT	trnP	nad ₆	cyt _b	trnS2	nad ₁	trnL2	16S rrmL	trnV	12S rrmS	A+T

c) *Poecilimon lushani*

68	68	66	1017	68	65	66	1542	66	694	70	67	168	678	789	65	354	67	64	65	70	67	64	1732	65	1339	297	64	65	518	1136	69	948	66	1310	71	790	739
trnI	trnQ	trnM	nad ₂	trnW	trnC	trnY	cox ₁	trnL1	cox ₂	trnK	trnD	atp ₈	atp ₆	cox ₃	trnG	nad ₃	trnA	trnR	trnN	trnS1	trnE	trnF	nad ₅	trnH	nad ₄	nad ₄ ₁	trnT	trnP	nad ₆	cyt _b	trnS2	nad ₁	trnL2	16S rrmL	trnV	12S rrmS	A+T

Şekil 5.2. *I. major* ve *P. lushani* türlerinin atasal mt-genom ile karşılaştırılması. (PKG'ler sarı renk, tRNA genleri mavi renk, rRNA genleri kırmızı renk ve A+T'ce zengin bölge yeşil renk ile ifade edilmiştir. Altı çizili olarak gösterilen genler hafif zincirden kodlanmaktadır. Ok işaretiyle gösterilen pembe renkli kısım *I. major* mt-genomunda tekrar bölgesini işaret etmektedir. Genlerin üstlerinde yazılan sayılar o bölgenin uzunluğunu (bç) göstermektedir).

Çizelge 5.6. *I. major* ve *P. luschani* türlerinin nükleotid kompozisyonu ve AT/GC eğri değerleri

	%T	%C	%A	%G	%AT	%GC	AT eğri oranı	GT eğri oranı	
<i>I. major</i>	37,4	18,6	28	16	65,4	34,6	-0,143	-0,075	PKG
<i>P. luschani</i>	39,6	16,3	28,8	15,3	68,4	31,6	-0,15	-0,032	
<i>I. major</i>	34,7	16,5	30,3	18,5	65	35	-0,068	0,057	PKG 1.Kodon pozisyonu
<i>P. luschani</i>	37,8	14,8	30,8	16,5	68,6	31,3	-0,051	0,054	
<i>I. major</i>	39,9	19,5	23,2	17,5	63,1	37	-0,265	-0,054	PKG 2.Kodon pozisyonu
<i>P. luschani</i>	40,4	15,8	27,3	16,5	67,7	32,3	-0,194	0,022	
<i>I. major</i>	37,5	19,9	30,5	12,1	68	32	-0,103	-0,244	PKG 3.Kodon pozisyonu
<i>P. luschani</i>	40,8	18,1	28,3	12,9	69,1	31	-0,181	-0,168	
<i>I. major</i>	33,1	24,7	29,9	12,3	63	37	-0,051	-0,335	PKG-J
<i>P. luschani</i>	36,5	21,1	30,1	12,3	66,6	33,4	-0,096	-0,263	
<i>I. major</i>	44,1	8,9	25	22	69,1	30,9	-0,276	0,424	PKG-N
<i>P. luschani</i>	44,7	8,4	26,8	20,1	71,5	28,5	-0,25	0,411	
<i>I. major</i>	34,7	13,9	37,2	14,3	71,9	28,2	0,035	0,014	tRNA
<i>P. luschani</i>	35,9	12,5	36,6	15	72,5	27,5	0,01	0,09	
<i>I. major</i>	37,9	8,6	31,6	21,9	69,5	30,5	-0,091	0,436	rRNA
<i>P. luschani</i>	37,9	8,3	34,3	19,5	72,2	27,8	-0,05	0,403	
<i>I. major</i>	38,8	14,1	39,2	7,8	78	21,9	0,005	-0,288	A+T
<i>P. luschani</i>	40,6	13,7	38,3	7,5	78,9	21,2	-0,029	-0,292	

6. SONUÇLAR

Bu tez kapsamında *I. major* ve *P. luschani* türlerinden beşer örneğin total mt-genom dizisi çıkarılarak her bir türün mt-genomu tanımlanmıştır. *I. major* ve *P. luschani* türlerinin mt-genomu, daha önce rapor edilen böcek genomları ile uyumlu özellikler göstermektedir. İki türün mt-genomlarının 13 protein kodlayan gen, 22 tRNA geni, 2 rRNA geni ve A+T'ce zengin bölgenin içermesi hem diğer çok hücreli ökaryot organizmalar hem de böcekler ve Orthoptera takımı için tanımlanan ile uyuşmaktadır. İçerdikleri genlerin sayısının yanında total mt-genom uzunluğu ile *I. major* ve *P. luschani* türlerinin mt-genomu diğer böcek takımları ve ait olduğu Orthoptera takımı için bilinen sınırlar içerisinde. Keza gen yerleşimleri atasal Pancrustacea mt-genomu özelliklerine sahiptir. *I. major* ve *P. luschani* türlerinin total mt-genomları genel özellikleri ile benzerlik olsa da AT oranı, örtüşen genlerarası örtüşen bölge uzunlukları, kodlama yapmayan bölgelerin uzunlukları, PKG'lerin başlama ve bitiş kodonları ve kullanılan aminoasit frekansları gibi bazı ayrıntı özellikler bağlamında farklılık göstermektedir. En önemlisi *I. major* türünde *P. luschani* türünden farklı olarak 183 bç uzunluğunda kodlama yapmayan bir bölgenin bulunmasıdır. Her iki tür de Holochirini tribusu hariç Phaneropterinae alt familyasının diğer türlerinin mt-genom özellikleri ile benzerlik göstermektedir. Bu da diğer metazoanlarda olduğu gibi mt-genom organizasyonunun yüksek oranda korunmuş olduğunu (Boore 1999) ve mt-genom genlerinin yeniden düzenlenmesi nadir olduğu görüşünü desteklemektedir (Zhou vd. 2017).

Yalnız *I. major* türünde bulunan *trnR* ve *trnN* genleri arasında 183 bç uzunluğunda kodlama yapmayan bölgenin bulunması bu çalışmanın ilginç verilerinden birisidir. Bu kodlama yapmayan bölgenin türe veya cinse özgü olup olmadığı anlaşılması için *Isophya* cinsinden daha fazla türün mt-genom verisi üretilip karşılaştırıldığında açıklığa kavuşturulabilecektir. Bu nedenle bu cinslerden total mt-genom dizilerinin çıkarılması çok yönlü kullanılabilir veriler üretme potansiyelinde olacaktır. *Isophya* cinsinin tür sayısının fazla olması (80 kadar tür tanımlanmıştır; Cigliano vd. 2018) grubun evrimine özgü bazı durumların olabileceğinin de işaretidir.

Phaneropterinae bazı kaynaklarda (bakınız Cigliano vd. 2018) ayrı bir familya olarak alınsa da halen çoğu kaynakta alt familya olarak tanımlanır. Daha önemlisi bu alt familya içerisinde 32 ayrı tribus tanımlanmaktadır (Cigliano vd. 2018) ve bunlardan çok azının total mt-geomu saptanmıştır. Bu tez ilk defa Batı Palearktik'e endemik bir tribus olan Barbitistini tribusunun total genomu saptanmıştır. *P. luschani* ve *I. major* türlerinin total mt-genom dizisi çıkarılması ile Phaneropterinae alt familyasında ait mt-genomu bilinen tür sayısı 12'ye çıkmıştır. İlk olma *Poecilimon* ve *Isophya* cinsleri için de geçerlidir. Bu iki cinsin gen merkezlerinin Anadolu olması (Çıplak 2004) bu veriyi ayrıca değerli kılmaktadır. Her iki türün mt-genom karşılaştırması ile ortaya çıkan farklılıklar cins düzeyinde karşılaştırmalarda gen yerleşim örüntülerinin değil, bunun yerine AT oranı, genlerarası örtüşen bölge uzunlukları, kodlama yapmayan bölgelerin

uzunlukları, PKG'lerin başlama ve bitiş kodonları, kodon kullanım eğilimlerinin ve kullanılan aminoasit frekansları gibi özelliklerin ayırt edici karakterler olabileceğine işaret etmektedir. Bu da sonraki dönemde yapılacak çalışmalarda dikkate alınması gereken bir husustur. Bu nitelikte veriler her bir gen için çalışıldığında genin evrimine ilişkin de çarpıcı sonuçlar üretebilir.

7. KAYNAKLAR

- Aljanabi, S.M., Martinez, I. 1997. Universal and Rapid Salt-Extraction of High Quality Genomic DNA for PCR-Based Techniques. *Nucleic Acids Research*, 25 (1): 692–693.
- Aksöyek, E. 2015. Türkiye’de yayılış gösteren üç kanid türünün (*Canis aureus*, *C.lupus*, *Vulpes vulpes*) DNA barkodlaması. Yüksek Lisans Tezi, Erciyes Üniversitesi, Kayseri, 56 s.
- Altmann, R. 1890. Die Elementarorganismen und ihre Beziehungen zu den Zellen. *Leipzig Verlag von Veit and Comp.*
- Altun, T.B. 2017. Bazı Apocrita (Hymenoptera: Insecta) familyalarında mitokondri genomunun araştırılması. Doktora tezi, Cumhuriyet Üniversitesi, Sivas, 155 s.
- Anonumous1: Endosymbiotic theory.
<https://explorebiochemistryworld.files.wordpress.com/endosymbiotic-theory>
[Son erişim tarihi: 02.04.2018].
- Avise, J.C., Arnold, J., Ball, R.M., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J.E., Reeb, C.A. and Saunders, N.C. 1987. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 18 (1): 489-522.
- Avise, J.C. 2009. Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*, 36 (1): 3-15.
- Baccetti, B.M. 1987. Evolutionary Biology of Orthopteroid Insects. *Ellis Horwood Limited*, Chichester.
- Ballard, J.W.O. and Rand, D.M. 2005. The population biology of mitochondrial DNA and its phylogenetic implications. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics*, 36 (1): 621-642.
- Benda, C. 1898. Archiv für Physiologie. In Archiv für Anatomie und Physiologie. 393-398.
- Bandelt, H. J., Macaulay, V. and Richards, M. 2006. Human mitochondrial DNA and the evolution of *Homo sapiens*. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.
- Bensley, R.R. and Hoerr N.L 1934. Studies on cell structure by the freezing-drying method. *The anatomical record*, 60 (4): 449-455.
- Bernt, M., Donath, A., Jühling, F., Externbrink, F., Florentz, C., Fritsch, G., Pütz, J., Middendorf, M. and Stadler, P.F. 2013. MITOS: Improved de novo metazoan mitochondrial genome annotation. *Elsevier*, 69 (2): 313-319.
- Boore, J.L. 1999. Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27(1): 1767–1780.
- Boyce, T.M., Zwick, M.E. and Aquadro, C.F. 1989. Mitochondrial DNA in the bark

- weevils: Size, structure and heteroplasmy. *Genetics*, 123 (1): 825-836.
- Boztepe Z. 2012. *Poecilimon luschani* tür grubu (Orthoptera, Tettigoniidae): Taksonomisi, filogenisi ve filocoğrafyası. Akdeniz Üniversitesi, Antalya, 75 s.
- Boztepe, Z., Kaya, S and Çıplak, B. 2013. Integrated systematics of the *Poecilimon luschani* species group (Orthoptera, Tettigoniidae): radiation as a chain of populations in a small heterogeneous area. *Zoological Journal*, 169 (1): 43-69.
- Cameron, S.L. 2014a. Insect mitochondrial genomics: implications for evolution and phylogeny. *Annual Review of Entomology*, 59 (1): 95-117.
- Cameron, S.L. 2014b. How to sequence and annotate insect mitochondrial genomes for systematic and comparative genomics research. *Systematic Entomology*, 39 (1): 400-411.
- Camerson, S.I. and Whiting, M.F. 2008. The complete mitochondrial genome of the tobacco hornworm, *Manduca sexta*, (Insecta: Lepidoptera: Sphingidae), and an examination of mitochondrial gene variability within butterflies and moths. *Gene*, 408: 112-123.
- Campbell, N.A. ve Reece, J.B. 2001. Biology. California, 1174 p. Gündüz, E., Demirsoy, A. ve Türkan, İ. 2010. Biyoloji. Palme Yayınları: 381, Ders Kitabı, Ankara, 1247 s.
- Chandel, N.S., 2014. Mitochondria as signaling organelles. doi:10.1186/1741-7007-12-
- Chang, H. and Huang, Y. 2016. The complete mitochondrial genome of *Hieroglyphus tonkinensis* (Orthoptera: Caelifera: Acridoidea). (Yayınlanmamış), China.
- Chang, H. and Huang, Y. 2017. The mitochondrial genome of *Locusta migratoria tibetensis* (Orthoptera: Locustidae: Oedipodidae). (Yayınlanmamış), China.
- Chapman, R.F. and Joern, A. 1990. Biology of Grasshoppers. *Joh Wiley and Sons*, Newyork.
- Chobanova, D.P. , Kaya, S., Grzywacz, B., Warchalowska-Sliwa, E. and Çıplak, B. 2017. The Anatolio-Balkan phylogeographic fault: a snapshot from the genus *Isophya* (Orthoptera, Tettigoniidae). *Zoologica Scripta*, 46 (2): 165-179.
- Chobanov, D. P., Grzywacz, B., Iorgu, I., Cıplak, B., Ilieva, M. and Warchalowska-Sliwa, E. 2013. Review of the Balkan *Isophya* (Orthoptera: Phaneropteridae) with particular emphasis on the *Isophya modesta* group and remarks on the systematics of the genus based on morphological and acoustic data. *Zootaxa*, 3658:1-81.
- Chobanov, D.P., Kaya, S., Grzywacz, B., Warchalowska-Sliwa, E. and Çıplak, B. 2016. The Anatolio-Balkan phylogeographic fault: a snapshot from the genus *Isophya* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Zoologica Scripta*, DOI:10.1111/zsc.12194.
- Cigliano, M.M., Braun, H. Eades, D.C. and Otte, D. 2017. Orthoptera Species File. Version 5.0/5.0.<http://Orthoptera.SpeciesFile.org> [25.01.2017].

- Clary, D.O., Goddard, J.M. , Martin, S.C. , Fauron, C.M.R. and Wolstenholme, D.R. 1982. *Drosophila* mitochondrial DNA: a novel gene order. *Nucleic Acids Research*, 82 (1): 6619-6637.
- Clary, D.O., Wolstenholme, D.R. 1985. The mitochondrial DNA molecule of *Drosophila yakuba*: Nucleotide sequence, gene organization and genetic code. *Journal of Molecular Evolution*, 22(1): 252-271.
- Clifton, S.W., Minx, P. , Fauron, C.M.R. , Gibson, M. , Allen, J.O. , Sun, H. , Thompson, M. , Barbazuk, W.B. , Kanuganti, S. , Tayloe, C. , Meyer, L. , Wilson, R.K. and Newton, K.J. 2004. Sequence and comparative analysis of the Maize NB mitochondrial genome. *Plant Physiology*, 136 (1): 3486-3503.
- Copeland, W.C. 2002. Mitochondrial DNA: Methods and Protocols. Humana Press Inc: 197, Totowa NJ, 414 p.
- Cornuet, J.M., Garnery, L. and Solignac, M. 1991. Putative origin function of the Intergenic region between COI and COII of *Apis mellifera* L. Mitochondrial DNA. *Genetics*, 1128 (1): 393-403. cricket, *Teleogryllus oceanicus*. (Unpublished), Yunnan, China.
- Crozier, R.H.. and Crozier Y.C. 1995. The mitochondrial genome of the honeybee *Apis mellifera*: Complete sequence and genome organization. *Genetics*, 133 (1): 97-117.
- Çıplak, B.. Yalım, B. ve Demirsoy, A. 1999. Türkiye Orthoptera (=Düzkanatlılar=Çekirge) Faunası. In: Demirsoy, A. (Ed.), Genel Zoocoğrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası. 2nd ed. Meteksan Yayınları, Ankara, 748-722 s.
- Çıplak, B. 2003. Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: the importance of the Anatolian Taurus Mountains in biodiversity and implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 12(1): 47-64.
- Çıplak, B. 2004. Biogeography of Anatolia: the marker group Orthoptera. *Memorie della Societa Entomologica Italiana*, 82 (1): 357-372.
- Demirsoy, A. 1977. Türkiye Caelifera (Insecta, Orthoptera) faunasının tespiti ve taksonomik olarak incelenmesi. Atatürk Üniv. Basımevi: Ders Kitabı, Erzurum, 252s.
- Ding, F. and Huang, Y. 2011. The complete mitochondrial genome of *Atractomorpha sinensis*. (Yayınlanmamış), China.
- Doğan, Ö. 2015. *Corynis lateralis* türünde mitokondri genomunun evrimi. Yüksek lisans tezi, Cumhuriyet Üniversitesi, Sivas, 76 s.
- Eades, D.C., Otte, D., Cigliano, M.M. and Braun, H. 2016. Orthoptera Species File Online <http://Orthoptera.SpeciesFile.org>
- Erlor, S. , Ferenz, H.J. , Moritz, R.F.A. and Kaatz, H.H. 2010. Analysis of the mitochondrial genome of *Schistocerca gregaria gregaria* (Orthoptera: Acrididae). *Biological Journal of the Linnean Society*, 99 (1): 296-305.

- Fenn, J.D. , Cameron, S.L. and Whiting, M.F. 2007. The complete mitochondrial genome sequence of the Mormon cricket (*Anabrus simplex*: Tettigoniidae: Orthoptera) and an analysis of control region variability. *Insect Molecular Biology*, 16(1): 239-252.
- Fenn, J.D. , Song, H. , Cameron, S.L, Whiting, M.F. 2008. A preliminary mitochondrial genome phylogeny of Orthoptera (Insecta) and approaches to maximizing phylogenetic signal found within mitochondrial genome data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49(1): 59-68.
- Finnila, S., Hassinen, I.E. and Majamaa, K. 2001. Phylogenetic analysis of mitochondrial DNA in patients with an occipital stroke Evaluation of mutations by using sequence data on the entire coding region. *Mutation Research Genomics*, 458 (1): 31-39.
- Fischer, L.H. 1853. Orthoptera Europaea. *sumtibus G.Engelmann*, 454 p.
- Flook, P.K. , Rowell, C.H.F. and Gellissen, G. 1995. The sequens, organization, and evolution of the *Locusta migratoria* mitochondrial genome. *Journal of MolecularEvolution*, 41 (1): 928-941.
- Gao, J. and Huang, Y. 2010. Sequencing and analysis of complete mtDNA in *Aeropus licenti* Chang. (Yayınlanmamış), China.
- Gangwere, S.K., Muralirangan, M.C., and Muralirangan, M. 1997. The Bionomics of Grasshoppers, Karydids and Their Kin. *CAB International*, Newyork.
- Giege, P. and Brennicke, A. 1999. RNA editing in *Arabidopsis* mitochondria effects 441 C to U changes in ORFs. *PNAS*, 96 (26): 15324-15329.
- Gray, M.W., 2012. Mitochondrial Evolution. *Cold Spring Harb Perspect Biol*, 4(1): 1–16.
- Guan, B. , Guo, H. and Zhou, Z. 2016. Illumina next-generation sequencing reveals the mitochondrial genome of *Duceria japonica* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Mitochondrial DNA part B:Resources*, 1 (1): 361-362.
- Guan, D. and Xu, S. 2017. The complete mitochondrial genome of a grasshopper *Choroedocus violaceipes* (Insecta: Acridoidea: Choroedocus). (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L and Xu, S.Q. 2015. The complete mitogenome of the locust *Trilophidia annulata* (Insecta: Orthoptera: Triophidia). (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L. and Xu, S.Q. 2015. Complete mitochondrial genomes of the grasshopper family *Qinlingacris taibaiensis* (Orthoptera: Acrididae: Podismini). (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L. and Xu, S.Q. 2016. Complete mitochondrial genome of the short-horned grasshopper *Curvipennis wixiensis* (Acrididae; Melonoplineae; Podismini). (Yayınlanmamış), China.

- Guan, D.L. and Xu, S.Q. 2016. The complete mitogenome of the locust *Yunnanacris yunnaneus*. (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L. and Xu, S.Q. 2017. The complete mitochondrial genome of a grasshopper *Sinopodisma tsinlingensis* (Orthoptera; Acrididae; Podismini). (Yayınlanmamış), China.
- Guo, Y., Zhao, S., Sheng, Q., Ye, F., Li, J., Lehmann, B., Pietenpol, J., Samuels, D.C. and Shyr, Y. 2014. Multi-perspective quality control of Illumina exome sequencing data using QC3. *Genomics*, 103: 323-328.
- Guo, C., Zhang, Q. and Huang, Y. 2017. The complete mitochondrial genome of the *Oedaleus infernalis* sauss (Orthoptera: Oedipodidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 28 (1): 89-90.
- Han, H., Zhou, X., Pang, B. 2016a. The complete mitochondrial genome of *Angaracris rhodopa* Fischer & Walheim (Orthoptera: Acridoidea). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(3):2127-2128.
- Han, H., Zhou, X. and Pang, B. 2016b. The complete mitochondrial genome of *Angaracris barabensis* Pallas (Orthoptera: Acridoidea). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (3):1827-1828.
- Han, H., Gao, S., Xu, L., Wang, N. and Liu, A. 2016. The complete mitochondrial genome of *Calliptamus abbreviatus* Ikonn. (Orthoptera: Acridoidea). (Yayınlanmamış), China.
- Hassanin, A., Leger, N. and Deutsch, A.J. 2005. Evidence for Multiple Reversals of Asymmetric Mutational Constraints during the Evolution of the Mitochondrial Genome of Metazoa and Consequences for Phylogenetic Inferences. *Systematic Biology*, 54: 277-298.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L. and Dewaard, J.R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *The Royal Society*, 270 (1): 313-321.
- Helfenbein, K.G., Fourcade, H.M., Vanjani, R.G. and Boore, J.L. 2004. The mitochondrial genome of *Paraspadella gotoi* is highly reduced and reveals that chaetognaths are a sister group to protostomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101 (29): 10639-10643.
- Heller, K. G., Korsunovskaya, O., Ragge, D.R., Vedenina, V., Willemse, F., Zhantiev, R.D. and Frantsevich, L. 1998. Check-list of European Orthoptera. *Articulata*, 7 (1): 1-61.
- Heller, K.G., Hemp, C., Liu, C., Volleth, M. 2014. Taxonomic, bioacoustic and faunistic data on a collection of Tettigonioidae from Eastern Congo (Insecta: Orthoptera). *Zootaxa*, 3785 (1): 343-376.
- Howe, K. and Keane, T. 2016. Genome assemblies for 16 mouse strains. (yayınlanmamış), United Kingdom.
- Huang, J., Zhang, A., Mao, S. and Huang, Y. 2013. DNA barcoding and species

- boundary delimitation of selected species of Chinese Acridoidea (Orthoptera: Caelifera). *Plos one*, 8 (12): 1-17.
- Huang, Y. and Liu, N. 2010. The mitochondrial genome of the *Arcyptera coreana* Shiraki. (Yayınlanmamış), China.
- Huang, Y. and Liu, N. 2016. Complete mitochondrial genome sequence of the *Locusta migratoria* (Acrididae: Orthoptera). (Yayınlanmamış), China.
- Huang, Y. and Zhang, C.Y. 2016. *Traulia szetschuanensis* and *Ognevia longipennis* <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/EU914849.1/> EU914848.1 [Son erişim tarihi: 26.05.2018].
- Ingman, M., Kaessmann, H., Paabo, S. and Gyllensten, U. 2000. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature*, 408 (1): 708-713.
- Irisarri, I., Vences, M., Mauro, D.S., Glaw, F. and Zardoya, R. 2011. Reversal to air-driven sound production revealed by a molecular phylogeny of tongueless frogs, family Pipidae. *Evolutionary Biology*, 114 (11): 1471-2148.
- Jiang, G.F. and Qiang, W.B. 2013. Complete mitochondrial genome of *Chondracris rosea* (Orthoptera: Acrididae). (Yayınlanmamış), China.
- Jiang, G.F., Ma, J.D. and Han, M. 2013. *Ceracris kiangsu* https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_019994.1 [Son erişim tarihi: 26.05.2018].
- Karabağ, T. 1950. Five new species of *Poecilimon* Fischer (Orthoptera: Tettigoniidae) from Turkey. *Proc R Ent Soc London*, 19: 150-155.
- Karol, S. 2000. Ankara Üniversitesi, 237-242, Ankara.
- Kaya, S., Çıplak, B., Chobanov, D.P., Heller K.G. 2012. *Poecilimon bosporicus* group (Orthoptera, Phaneropterinae): iteration of morpho-taxonomy by song characteristics. *Zootaxa*, 3225(1): 1-71.
- Kearse, M., Moir, R., Wilson, A., Stones-Havas, S., Cheung, M., Sturrock, S., Buxton, S., Cooper, A., Markowitz, S., Duran, C., Thierer, T., Ashton, B., Meintjes, P. and Drummond, A. 2012. Geneious Basic: An integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. *Bioinformatics*, 28(12): 1647-1649.
- Kevan, D.K.M. 1982. Synopsis and classification of living organisms. *McGraw-Hill Book Company*, Newyork, 352-383s.
- Kim, I., Cha, S.Y., Yoon, M.H., Hwang, J.S., Lee, S.M., Sohn, H.D. and Jin, B.R. 2005. The complete nucleotide sequence and gene organization of the mitochondrial genome of the oriental mole cricket, *Gryllotalpa orientalis* (Orthoptera: Gryllotalpidae). *Gene*, 353 (1): 155-168.
- Korkmaz, E.M., Doğan, Ö., Budak, M. and Başbüyük, H.H. 2015. Two nearly complete mitogenomes of wheat stem borers, *Cephus pygmeus* (L.) and *Cephus*

- sareptanus* Dovnar-Zapolshij (Hymenoptera: Cephidae): An unusual elongation of *rrnS* gene. *Gene*, 558 (1): 254-264.
- Korkmaz, E.M., Budak, M. , Ördek, M.N. and Başibüyük, H.H. 2016. The complete mitogenomes of *Calameuta filiformis* (Eversmann 1847) and *Calameuta idolon* (Rossi 1794) (Hymenoptera: Cephidae): The remarkable features of the elongated A+T rich region in Cephini. *Gene*, 576 (1): 404-411.
- La Greca, M. 1999. Il contributo degli Ortoteri (Insecta) alla conoscenza della biogeografia dell' Anatolia: la componente gondwaniana. *Biogeographia*, 20: 179-200.
- Lang, B.F., Gray, M.W., Burger, G., 1999. Mitochondrial genome evolution and the origin of eukaryotes. *Annual Review of Genetics*, 33(1): 351–97.
- Laslett, D. and Canback, B. 2008. ARWEN: a program to detect tRNA genes in metazoan mitochondrial nucleotide sequences. *Bioinformatics*, 24 (2): 172-175.
- Lavrov, D.V., Boore, J.L. and Brown, W.M. 2002. Complete mtDNA sequences of two millipedes suggest a new model for mitochondrial gene rearrangements: Duplication and nonrandom. *Molecular Biology Evolutions*, 19: 163-169.
- Lavrov, D.V. and Lang, B.F. 2005. Transfer RNA gene recruitment in mitochondrial DNA. *TRENDS in Genetics*, 21 (3): 129-133.
- Leavitt, R.J. , Hiatt D.K. , Whiting, F.M. and Song, H. 2013. Searching for the optimal data partitioning strategy in mitochondrial phylogenomics: A phylogeny of Acridoidea (Insecta: Orthoptera: Caelifera) as a case study. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 67 (1): 494-508.
- Leonard, J.V. and Schapira H.V. 2000. Mitochondrial respiratory chain disorders I: mitochondrial DNA defects. *The Lancet*, 355 (1): 299-304.
- Li, X.J., Zhi, Y.C. , Lang, L. and Yin, X.C. 2014. The complete mitochondrial genome of *Filchnerella beicki* Ramme, 1931 (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae). *Mitochondrial DNA*, 25 (5): 348-349.
- Li, X.J., Zhi, Y.C. , Liu, G.J. , Yin, X.C. and Zhang, D.C. 2015. The complete mitochondrial genome of *Asiotmethis jubatus* (Uvarov,1926) (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae). *Mitochondrial DNA*, 26 (5): 785-786.
- Li, X.J., Zhi, Y.C. , Yin, Z. and Yin, X.C. 2016. The complete mitochondrial genome of *Humphplotropis culaishanensis* sp. nov. (Orthoptera: Acridoidea: Pamphaginae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 132-133.
- Li, J. 2017. The complete mitochondrial genome of four species from Ensifera, Orthoptera. (Yayınlanmamış), China.
- Liu, C., Chang, J. , Ma, C. , Li, L. and Zhou, S. 2013. Mitochondrial genomes of two *Sinochlora* species (Orthoptera): novel genome rearrangements and recognition sequence of replication origin. *BMC Genomics*, 14 (114): 1471-2164.

- Liu, F. and Qiu, Z. 2016a. The complete mitochondrial genome of *Fruhstorferiola huayinensis* (Orthoptera: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1 (1): 273-274.
- Liu, F. and Qiu, Z. 2016b. The complete mitochondrial genome of *Phlaeoba infumata* (Orthoptera: Acrididae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1 (1): 293-294.
- Liu, H. , Cui, P. , Zhan, K. , Lin, Q. , Zhou, G. , Guo, X. , Ding, F. , Yang, W. , Liu, D., Hu, S. , Yu, J. and Zhang, A. 2011. Comparative analysis of mitochondrial genomes between a wheat K-type cytoplasmic male sterility (CMS) line and its maintainer line. *Genomics*, 163 (12): 1471-2164.
- Liu, N. and Huang, Y. 2010. Complete mitochondrial genome sequence of *Acrida cinerea* (Acrididae: Orthoptera) and comparative analysis of mitochondrial genomes in Orthoptera. *Comparative and Functional Genomics*, doi:10.1155.
- Liu, Y. and Huang, Y. 2008. Sequencing and analysis of complete mitochondrial genome of *Chorthippus chinensis* Tarb.. *Chinese Journal of Biochemistry and Molecular Biology*, 24 (4): 329-335.
- Liu, F. and Huang, Y. 2017. Analysis of complete mitochondrial genome of *Sinochla szechwanensis* (Orthoptera: Tettigoniidae). (Yayınlanmamış), China.
- Liu, Q., Zhou, J., Jia, Y. and Yang, X. 2015. The complete mitochondrial genome of the black field cricket, *Teleogryllus oceanicus*. (Yayınlanmamış), China.
- Liu, Y. and Huang, Y. 2013a. The complete mitochondrial genome of *Xenocatantops brachycerus*. (Yayınlanmamış), China.
- Liu, Y. and Huang, Y. 2013b. Molecular comparative analysis and phylogenetic analysis of some subfamilies of the Catantopidae Orthoptera: Catantopidae based on mitochondrial genomes. (Yayınlanmamış), China.
- Liu, Y. and Huang, Y. 2008. *Chorthippus chinensis* https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_011095 [Son erişim tarihi: 26.05.2018].
- Lu, H., Chang, H. and Huang, Y. 2017. The complete mitochondrial genomes and phylogeny of five grasshoppers, four *Sinopodisma* and one *Pedopodisma* (Orthoptera: Melanoplinae). (Yayınlanmamış), China.
- Lopez, J.V., Cevario, S. and O'Brien, S.J. 1996. Complete nucleotide sequences of the Domestic Cat (*Felis catus*) mitochondrial genome and a transposed mtDNA tandem repeat (Numt) in the nuclear genome. *Genomics*, 33 (2): 229-246.
- Lopez-Otin, C., Blasco, M.A., Partridge, L., Serrano, M., Kroemer, G., 2013. The hallmarks of aging. *Cell* 153, doi:10.1016/j.cell.2013.05.039.
- Lowe, T.M. and Eddy, S.R. 1997. tRNAscan-SE: a program for improved detection of transfer RNA genes in genomic sequence. *Nucleic Acids Research*, 25(5): 955-64.

- Ma, C. , Liu, C. , Yang, P. and Kang, L. 2009. The complete mitochondrial genomes of two band-winged grasshoppers, *Gastrimargus marmoratus* and *Oedaleus asiaticus*. *BMS Genomics*, 10 (156): 1471-2146.
- Mao, B.Y and Hu, Z. 2016. The complete mitochondrial genome of a newly discovered grasshopper *Caryanda* sp. (Acrididae; Caryandinae; Caryanda). (Yayınlanmamış), China.
- Mao, B.Y. and Hu, Z. 2018. The complete mitochondrial genome of a newly discovered grasshopper *Longchuanaceis* (Acrididae; Catantopidae; Longchuanaceis). (Yayınlanmamış), China.
- Moreno, L.R., Gonzalez, V. M. , Benjak, A. , Marti, M.C. , Puigdomenech, P. , Aranda, M. A. and Garcia-Mas, J. 2011. Determination of the melon chloroplast and mitochondrial genome sequences reveals that the largest reported mitochondrial genome in plants contains a significant amount of DNA having a nuclear origin. *BMC Genomics*, 12 (424): 1471-2164.
- Moritz, C. and Brown, W.M. 1986. Tandem duplication of D-loop and Ribosomal RNA sequences in Lizard Mitochondrial DNA. *Science*, 233 (4771): 1425-1427.
- Nass, M.K., and Nass, S. 1963. Intramitochondrial fibers with DNA characteristics. Published Online, <http://doi.org/10.1083/jcb.19.3.593>.
- Negruk, V. 2013. Mitochondrial genome sequence of the legume *Vicia faba*. *Frontiers in Plant Science*, 128 (4): 1-11.
- Newmeyer, D.D., Farschon, D.M. and Reed, J.C. 1994. Cell-free apoptosis in *Xenopus* egg extracts: inhibition by Bcl-2 and requirement for an organelle fraction enriched in mitochondria. *Cell*, 79 (1): 353-364.
- Palmer, J.D., Adams, K.L. , Cho, Y. , Parkinson, C.L. , Qiu, Y.L. and Song, K. 2000. Dynamic evolution of plant mitochondrial genomes: Mobile genes and introns and highly variable mutation rates. *Colloquim*, 97 (13): 6960-6966.
- Papillon, D., Perez, Y., Caubit, X. and Parco, Y.L. 2004. Identification of Chaetognaths as Protostomes is supported by the analysis of their mitochondrial genome. *Molecular Biology and Evolution*, 21 (11): 2122-2129.
- Pener, M.P. and Simpson, S.J. 2009. Locust phase polyphenism: an update. *Adv In Insect Phys*, 36 (1): 1-286.
- Qiu, Z., Yuan, H. and Huang, Y. 2017a. The complete mitochondrial genomes of two Phaneroptera species (Orthoptera: Tettigoniidea) and comparative analysis of mitochondrial genomes in Orthoptera. (Yayınlanmamış), China.
- Qiu, Z., Yuan, H. and Huang, Y. 2017b. The complete mitogenome of *Patanga japonica*. (Yayınlanmamış), China.
- Qiu, Z., Yuan, H., Chang, H. and Huang, Y. 2016. The complete mitochondrial genomes and phylogeny of five grasshoppers, four *Sinopodisma* and one *Pedopodisma* (Orthoptera: Melanoplinae). (Yayınlanmamış), China.

- Qiu, Z., Yuan, H., Cheng, C. and Huang, Y. 2018. The complete mitochondrial genome of the *Caryanda elegans* (Orthoptera: Acrididae). (Yayınlanmamış), China.
- Ramme, W. 1933. Revision der Phaneropterinen Gattung *Poecilimon* Fisch. (Orthoptera: Tettigonidae). *Mitt.Zool.Mus.* 19: 497-575.
- Rokas, A., Ladoukakis, E. and Zouros, E. 2003. Animal mitochondrial DNA recombination revisited. *TRENDS in Ecology and Evolution*, 18 (8): 411-417.
- Sevgili, H., Çıplak, B., Heller, K.G. and Demirsoy, A. 2006. Morphology, bioacoustics and phylogeography of the *Isophya* major group (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae): A species complex occurring in Anatolia and Cyprus. *European Journal of Entomology*, 103 (3): 657-671.
- Sheffield, N.C., Song, H., Cameron, L. and Whiting, M.F. 2008. A comparative analysis of mitochondrial genomes in Coleoptera (Arthropoda: Insecta) and genome descriptions of six new beetles. *Molecular Biology and Evolution*, 25: 2499-2509.
- Sheffield, N.C. , Hiatt, K.D. , Valentine, M.C. , Song, H. and Whiting, M.F. 2010. Mitochondrial genomics in Orthoptera using MOSAS. *Mitochondrial DNA*, 21 (3-4): 87-104.
- Shi, H.W., Ding, F.M. , Huang, Y. 2008. Complete sequencing and analysis of mtDNA in *Phlaeoba albonema*. *Chinase Journal of Biochemistry*, 24 (1): 604-611.
- Shi, Q.Y., Zheng, J.Y. , Zhi, Y.C. and Li, X.J. 2016. The complete mitochondrial genome of *Sinotmethis brachypterus* Zheng & Xi, 1985 (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae: Prionotropisinae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (6): 4063-4064.
- Smith, D.R. and Snyder, M. 2007. Complete mitochondrial DNA sequence of the scallop *Placopecten magellanicus*: Evidence of transposition leading to an uncharacteristically large mitochondrial genome. *Journal Molecular Evolution*, 65(1): 380-391.
- Smith, D.R. 2016. The past, present and future of mitochondrial genomics: have we sequenced enough mtDNAs?. *Briefings in Functional Genomics*, 15 (1): 47-54.
- Song, H. , Amedegnato, C. , Cigliano, M.M, Grandcolas, L.D. , Heads, S.W. , Huang, Y. , Otte, D. and Whiting M.F. 2015. 300 million years of diversification: elucidating the patterns of orthopteran evolution based on comprehensive taxon and gene sampling. *Cladistics*, 31 (1): 621-651.
- Song, N. , Li, H. , Song, F. and Cai, W. 2016. Molecular phylogeny of Polyneoptera (Insecta) inferred from expanded mitogenomic data. *Scientific reports*, 6 (1): 36-175.
- Song, W., Ye, B. , Cao, X. , Yin, H. and Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Phlaeoba tenebrosa* (Orthoptera: Acridoidea: Acrididae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 409-410.
- Song, W., Zhi, Y. , Liu, G. , Yin, H. and Zhang, D. 2014. The complete mitochondrial

- genome of *Orinhippus tibetanus* Uvarov, 1921 (Orthoptera: Acridoidea: Gomphoceridae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 76-77.
- Song, Q. 2017. Towards a mitogenomic phylgeny of Tettigoniidea. (Yayınlanmamış), China.
- Sun, H. , Zheng, Z. and Huang, Y. 2010. Sequence and phylgenetic analysis of complete mitochondrial DNA genomes of two grasshopper species *Gomphocerus rufus* (Linnaeus, 1758) and *Primnoa arctica* (Zhang and Jin, 1985) (Orthoptera: Acridoidea). *Mitochondrial DNA*, 21 (3-4): 115-131.
- Taanman, J.W. 1999. The mitochondrial genome: structure, transcription, translation and replication. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1410 (1): 103-123.
- Tang, M. , Tan, M. , Meng, G. , Yang, S. , Su, X. , Liu, S. , Song, W. , Li, Y. , Wu, Q. , Zhang, A. and Zhou, X. 2014. Multiplex sequencing of pooled mitochondrial genomes- a crucial step toward biodiversity analysis using mito-metagenomics. *Nucleic Acids Research*, 42 (22): 1-13.
- Taylan, M.S. ve Şirin, D. 2016. Phaselis antik kenti Orthoptera (Insecta) faunası I. Disiplinlerarası Akdeniz Araştırmaları Dergisi, 49-56. DOI: 10.18367.
- Uvarov, B.P. 1966. Grasshoppers and Locusts, Vol.1. Cambridge university Press, Cambridge.
- Uvarov, B.P. 1977. Grasshoppers and Locusts, Vol.2. Centre for Overseas Pest Research, London.
- Ünal, G. 2016. Trakya bölgesindeki bal arılarında (*Apis mellifera* L.) mtDNA sitokrom C oksidaz altbirim I (COI) geni analizi. Namık Kemal Üniversitesi, Tekirdağ, 64 s.
- Van Blerkom, J., 2011. Mitochondrial function in the human oocyte and embryo and their role in developmental competence. *Mitochondrion*, 11(1): 797–813.
- Villarreal, M.R. 2006. Animal mitochondrion diagram. https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Animal_mitochondrion_diagram_en.svg?uselang=tr[Son erişim tarihi: 02.04.2018].
- Wang, J., Qiu, Z., Yuan, H. and Huang, Y. 2017. The complete mitochondrial genomes of two Phaneroptera species (Orthoptera: Tettigoniidea) and comparative analysis of mitochondrial genomes in Orthoptera. (Yayınlanmamış), China.
- Wei, S.J., Shi, M., Chen, X.X., Sharkey, M.J., Achterberg, C.V., Ye, G.Y. and He, J.H. 2010. New views on strand asymmetry in insect mitochondrial genomes. *Plos One*, 5 (9): e12708.
- Wei, S.Z. , Huang, Y. , Zheng, Z.M. , Deng, W.A. and Lin, L.L. 2016. Complete mitochondrial genome of the groundhopper *Erianthus versicolor* (Orthoptera: Caelifera: Eumastacoidea). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (3): 1934-1935.

- White, D.J., Wolf, J.N. Pierson, M. and Gemmell, N.J. 2008. Revealing the hidden complexities of mtDNA inheritance. *Molecular Ecology*, 17 (1): 4925–4942.
- Wattenwyl, C.B. 1878. Monographie dee Phaneropterideden. Wien, F.A Brockhaus, 1823-1914.
- Wolstenholme, D.R., Okimoto, R., Macfarlane, J.L., and Clary, D.O., 1992. The mitochondrial genomes of two Nematodes, *Caenorhabditis elegans* and *Ascaris suum*. *Genetics*, 130 (1): 471-498.
- Xiao, B. , Chen, W. , Hu, C.C. and Jiang, G.F. 2012a. Complete mitochondrial genome of the groundhopper *Alulatettix yunnanensis* (Insecta: Orthoptera: Tettigoidea). *Mitochondrial DNA*, 23 (4): 286-287.
- Xiao, B. , Feng, X. , Miao, W.J. and Jiang, G.F. 2012b. The complete mitochondrial genome of grouse locust *Tetrix japonica* (Insecta: Orthoptera: Tetrigoidea). *Mitochondrial DNA*, 23 (4): 288-289.
- Xiao, L.L., Zhou, Z.J. and Huang, Y. 2008. The mitochondrial genome of *Locusta migratoria migratoria* (Orthoptera: Oedipodidae) contains three tRNA-like sequences on the N-strand. (Yayınlanmamış), China.
- Xu, Q. , Hao, Y. , Mei, K. , Yin, H. and Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Ceracris versicolor* (Orthoptera: Acridoidea: Arcyteridae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 512-513.
- Yang, H. and Huang, Y. 2011. Analysis of the complete mitochondrial genome sequence of *Pielomastax zhengi*. *Zoological Research*, 32 (1): 353-362.
- Yang, J. , Ye, F. and Huang, Y. 2016. Mitochondrial genomes of four katydids (Orthoptera: Phaneropteridae): New gene rearrangements and their phylogenetic implications. *Gene*, 575 (1): 702-711.
- Yang, M.R. , Zhou, Z.J. , Chang, Y.L. and Zhao, L.H. 2012. The mitochondrial genome of the quiet-calling katydids, *Xizicus fascipes* (Orthoptera: Tettigoniidae: Meconematinae). *Indian Academy of Sciences*, 91 (1): 141-153.
- Yang, R. , Guan, D. and Xu, S.Q. 2016. Complete mitochondrial genome of Chinese endemic grasshopper *Fruhstorferiola kulinga* (Orthoptera: Acrididae: Podismini). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(5): 3240-3241.
- Ye, W., Dang, J., Xie, L. and Huang, Y. 2008. Complete mitochondrial genome of *Teleogryllus emma* (Orthoptera: Gryllidae) with a new gene order in Orthoptera. *Zoological Research*, 29 (1): 236–244.
- Ye, W., Pan, C. and Huang, Y. 2009. The complete mitochondrial genome of the *Teleogryllus emma*. (Yayınlanmamış), China.
- Yin, H. , Zhi, Y. , Jiang, H. , Wang, P. , Yin, X. and Zhang, D. 2012. The complete mitochondrial genome of *Gomphocerus tibetanus* Uvarov, 1935 (Orthoptera: Acrididae: Gomphocerinae). *Gene*, 494 (1): 214-218.

- Yuan, H., Qiu, Z. and Huang, Y. 2017. Complete mitochondrial genome of *Traulia minuta* (Orthoptera: Acrididae). (Yayınlanmamış), China.
- Zhang, C. and Huang, Y. 2008. Complete mitochondrial genome of *Oxya chinensis* (Orthoptera, Acridoidea). *Acta Biochim Biophys*, 40 (1): 7-18.
- Zhang, D. , Zhi, Y. , Yin, H. , Li, X. and Yin, X. 2011. The complete mitochondrial genome of *Thrinchus schrenkii* (Orthoptera: Caelifera, Acridoidea, Pamphagidae). *Molecular Biology Reports*, 38 (1): 611-619.
- Zhang, D.X. and Hewitt, G.M. 1997. Insect mitochondrial control region: A review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 25 (2): 99-120.
- Zhang, H.L., Zeng, H.H. , Huang, Y. and Zheng, Z.M. 2013. The complete mitochondrial genomes of three grasshoppers, *Asiotmethis zacharjini*, *Filchnerella helanshanensis* and *Pseudotmethis rubimarginis* (Orthoptera: Pamphagidae). *Gene*, 517 (1): 89-98.
- Zhang, H.L., Zhao, L., Zheng, Z.M. and Huang, Y. 2013. Complete Mitochondrial Genome of *Gomphoceris sibiricus* (Orthoptera: Acrididae) and Comparative Analysis in Four Gomphocerinae Mitogenomes. *Zoological Science*, 30 (1): 192-204.
- Zhang, Q.. , Guo, C. and Huang, Y. 2015. The complete mitochondrial genome of *Gonista bicolor* (Haan) (Orthoptera: Acrididae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (6): 4578-4579.
- Zhang, X.M and Lin, L.L 2016. The complete mitochondrial genome of *Fruhstorferiola tonkinensis* (Orthoptera: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part B*. 1(1): 434-435.
- Zhang, X. , Li, X. , Liu, F. , Yuan, H. and Huang, Y. 2017. The complete mitochondrial genome of *Tonkinacris sinensis* (Orthoptera: Acrididae) : A tRNA-like sequence and its implications for phylogeny. *Biochemical Systematics and Ecology*, 70 (1): 147-154.
- Zhang, X.X.. , Guan, D. , Xu, S. and Wang, W. 2017. Characterization of the complete mitochondrial genome of the ecotoxicity indicator insect *Aiolopus thalassinus* (Orthoptera; Acrididae; Oedipodinae). *Conservation Genet Resour*, 9 (1): 423-426.
- Zhang, Y., Liu, B., Zhang, H., Yin, H. and Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Pacris xizangensis* (Orthoptera: Acridoidea: Gomphoceridae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 320-321.
- Zhang, D.C., Wang, J.X. and Zhi, Y.C. 2011. The mitochondrial genome of *Locusta migratoria tibetensis* (Orthoptera: Oedipodidae: Locusta). (Yayınlanmamış), China.
- Zhao, L., Zheng, Z.M., Huang, Y. and Sun, H.M. 2010. A comparative analysis of

- mitochondrial genomes in Orthoptera (Arthropoda: Insecta) and genome descriptions of three grasshopper species. *Zoological Science*, 27 (8): 662-672.
- Zhao, H.B. 2015. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_026231.1 [Son erişim tarihi: 26.05.2018].
- Zhi, Y., Dong, L., Yin, H. and Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Mekongiella kingdoni* (Uvarov, 1937) (Orthoptera: Acridoidea: Chrotogonidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 187-188.
- Zhi, Y., Liu, B., Han, G., Yin, H. and Zhang, D. 2016a. The complete mitochondrial genome of *Kingdonella bicollina* (Orthoptera: Acridoidea: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(1): 391-392.
- Zhi, Y., Zhang, N., Lu, X., Yin, H. and Zhang, D. 2016b. The complete mitochondrial genome of *Peripolus nepalensis* Uvarov, 1942 (Orthoptera: Acridoidea: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 26-27.
- Zhou, Z., Huang, Y. and Shi, F. 2007. The mitochondrial genome of *Ruspolia dubia* (Orthoptera: Conocephalidae) contains a short A+T-rich region of 70 bp in length. *Genome*, 50 (1): 855-866.
- Zhou, Z., Shi, F. and Huang, Y. 2008. The complete mitogenome of the Chinese bush cricket, *Gampsocleis gratiosa* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Journal of Genetics and Genomics*, 35 (1): 341-348.
- Zhou, Z., Huang, Y. and Shi, F. 2009. The complete mitochondrial genome of *Deracantha onos* (Orthoptera: Bradyporidae). *Molecular Biology Reports*, 36 (1): 7-12.
- Zhou, Z., Ye, H., Huang, Y. and Shi, F. 2010. The phylogeny of Orthoptera inferred from mtDNA and description of *Elimaema cheni* (Tettigoniidae: Phaneropterinae) mitogenome. *Journal of Genetics and Genomics*, 37(1): 315-324.
- Zhou, Z.J., Shang, N., Huang, Y., Shi, F.M. and Wei, S.Z. 2011. Sequencing and analysis of the mitochondrial genome of *Conocephalus maculatus* (Orthoptera: Conocephalinae). *Acta Entomologica Sinica*, 54 (5): 548-554.
- Zhou, Z., Yang, M., Chang, Y. and Shi, F. 2013. Comparative analysis of mitochondrial genomes of two long-legged katydids (Orthoptera: Tettigoniidae). *Acta Entomologica Sinica*, 56 (1): 408-418.
- Zhou, Z., Shi, F. and Zhao, L. 2014. The first mitochondrial genome for the superfamily Hagloidea and implications for its systematic status in Ensifera. *Plus One*, 9 (1): e86027.
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di J., and Shi, F. 2017. Towards a high-level Ensifera phylogeny inferred from mitogenome sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 108 (1): 22-33.
- Zhou, F. and Huang, Y. 2016. *Compsorhipis davidiana* https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_029408.1 [Son erişim tarihi: 26.05.2018].

8. EKLER

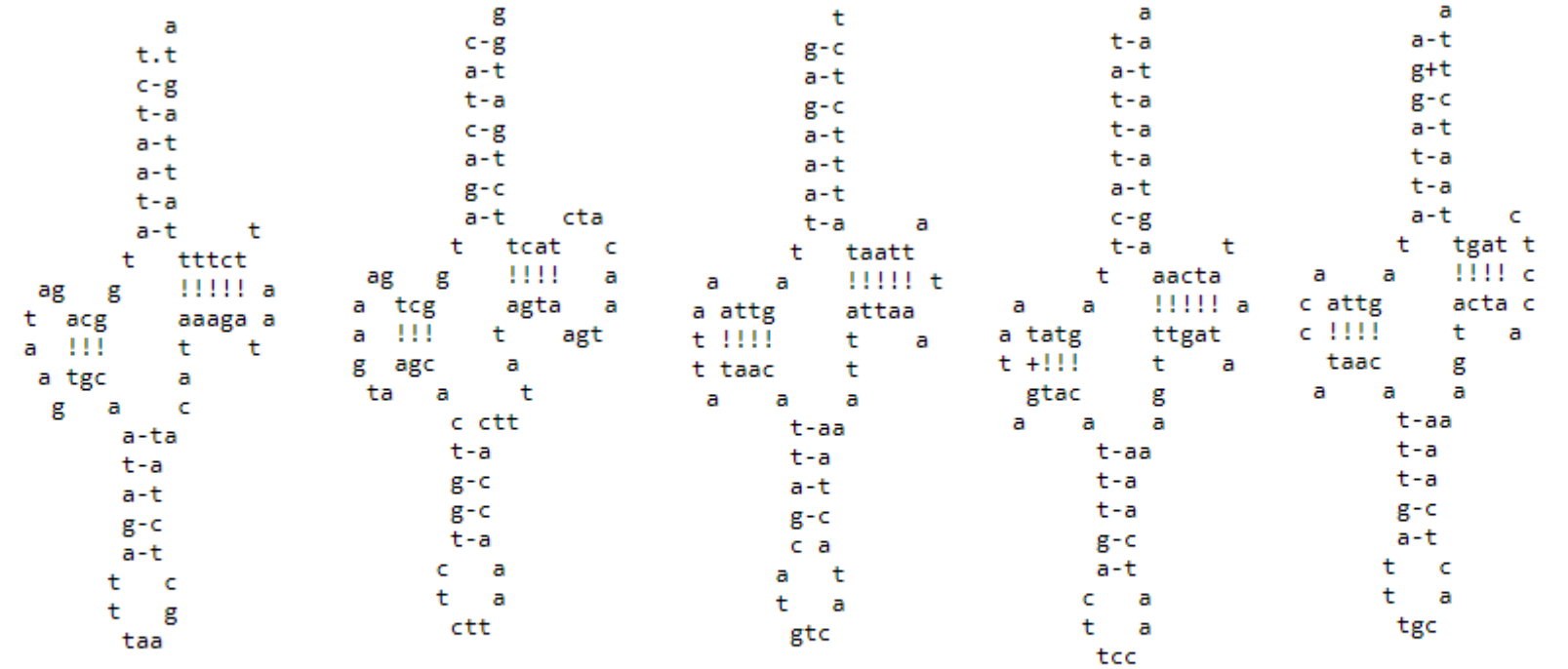
Ek 1. Çalışma kapsamında kullanılan Orthoptera türlerinin total mt-genom boyutlarına göre sıralaması

	Tür ismi	Total mt-genom uzunluğu (bp)		Tür ismi	Total mt-genom uzunluğu (bp)
1	<i>Ruspolia dubia</i>	14971	41	<i>Acrida willemsei</i>	15601
2	<i>Pseudotheticles compressifrons</i>	15081	42	<i>Pielomastax zhengi</i>	15602
3	<i>Alulatettix yunnanensis</i>	15104	43	<i>Xenocatantops brachycerus</i>	15605
4	<i>Truljalja hibinonis</i>	15120	44	<i>Orinhippus tibetanus</i>	15611
5	<i>Tetrix japonica</i>	15128	45	<i>Ceracris versicolor</i>	15616
6	<i>Henicus brevimucronatus</i>	15140	46	<i>Gonista bicolor</i>	15618
7	<i>Camptonotus carolinensis</i>	15211	47	<i>Pyrgacris descampsi</i>	15618
8	<i>Mecopoda elongata</i>	15284	48	<i>Ognevia longipennis</i>	15621
9	<i>Mirhipipteryx andensis</i>	15307	49	<i>Pacris xizangensis</i>	15622
10	<i>Diestrammena asynamora</i>	15309	50	<i>Hieroglyphus tonkinensis</i>	15625
11	<i>Myrmecophilus manni</i>	15323	51	<i>Schistocerca gregaria gregaria</i>	15625
12	<i>Mecopoda niponensis</i>	15364	52	<i>Sinopodisma tsinlingensis</i>	15627
13	<i>Loxoblemmus doenitzi</i>	15396	53	<i>Tonkinacris sinensis</i>	15627
14	<i>Erianthus versicolor</i>	15397	54	<i>Prumna arctica</i>	15628
15	<i>Oxya chinensis</i>	15443	55	<i>Kingdonella bicollina</i>	15630
16	<i>Caryanda sp.</i>	15445	56	<i>Traulia minuta</i>	15636
17	<i>Longchuanacris curvifurculus</i>	15450	57	<i>Fruhstorferiola tonkinensis</i>	15638
18	<i>Ellipes minuta</i>	15451	58	<i>Nomadacris japonica</i>	15638
19	<i>Caryanda elegans</i>	15459	59	<i>Phlaeoba infumata</i>	15642
20	<i>Yunnanacris yunnaneus</i>	15475	60	<i>Zichya baranovi</i>	15645
21	<i>Oxya hyla</i>	15483	61	<i>Chondracris rosea</i>	15646
22	<i>Gryllotalpa unispina</i>	15513	62	<i>Phlaeoba tenebrosa</i>	15648
23	<i>Tanaocerus koebelei</i>	15515	63	<i>Shirakiacris shirakii</i>	15649
24	<i>Gryllotalpa orientalis</i>	15521	64	<i>Deracantha onos</i>	15650
25	<i>Gryllotalpa pluvialis</i>	15525	65	<i>Lithidiopsis carinatus</i>	15652
26	<i>Curvipennis wixiensis</i>	15528	66	<i>Fruhstorferiola kulinga</i>	15655
27	<i>Ommexecha virens</i>	15536	67	<i>Filchnerella helanshanensis</i>	15657
28	<i>Pseudoxya diminuta</i>	15541	68	<i>Phlaeoba albonema</i>	15657
29	<i>Atractomorpha sinensis</i>	15558	69	<i>Filchnerella beicki</i>	15658
30	<i>Calliptamus abbreviatus</i>	15558	70	<i>Humphaplotropis culaishanensis</i>	15659
31	<i>Mekongiana xiangchengensis</i>	15567	71	<i>Asiotmethis zacharjini</i>	15660
32	<i>Locusta migratoria</i>	15568	72	<i>Teleogryllus oceanicus</i>	15660
33	<i>Poecilimon luschani</i>	15568	73	<i>Teleogryllus emma</i>	15660
34	<i>Gomphocerus sibiricus tibetanus</i>	15571	74	<i>Pseudotmethis rubimarginis</i>	15661
35	<i>Gomphocerus sibiricus</i>	15590	75	<i>Sinotmethis brachypterus</i>	15662
36	<i>Gomphocerus licenti</i>	15597	76	<i>Ceracris kiangsu</i>	15665
37	<i>Pternoscirta caliginosa</i>	15598	77	<i>Asiotmethis jubatus</i>	15669
38	<i>Gomphocerippus rufus</i>	15598	78	<i>Thrinchus schrenkii</i>	15672
39	<i>Acrida cinerea</i>	15599	79	<i>Calliptamus italicus</i>	15675
40	<i>Chorthippus chinensis</i>	15599	80	<i>Comicus campestris</i>	15691

Devamı arka sayfadadır.

Ek.1'in devamı

	Tür ismi	Total mt-genom uzunluğu (bç)		Tür ismi	Total mt-genom uzunluğu (bç)
81	<i>Phyllomimus sinicus</i>	15692	116	<i>Angaracris rhodopa</i>	15930
82	<i>Choroedocus violaceipes</i>	15694	117	<i>Mekongiella kingdoni</i>	15932
83	<i>Homogryllacris anelytra</i>	15706	118	<i>Pteranabropsis carli</i>	15932
84	<i>Locusta migratoria</i>	15722	119	<i>Lentula callani</i>	15944
85	<i>Xyleus modestus</i>	15723	120	<i>Lipotactes tripyrga</i>	15949
86	<i>Isophya major</i>	15724	121	<i>Uvarovites inflatus</i>	15956
87	<i>Hexacentrus unicolor</i>	15752	122	<i>Phyllomimus detersus</i>	16007
88	<i>Aiolopus thalassinus</i>	15753	123	<i>Pseudocosmetura anjiensis</i>	16044
89	<i>Trigonidium sjostedti</i>	15763	124	<i>Locusta migratoria migratoria</i>	16053
90	<i>Anabrus simplex</i>	15766	125	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	16056
91	<i>Stenopelmatus fuscus</i>	15767	126	<i>Pseudokuzicus pieli</i>	16077
92	<i>Traulia szetschuanensis</i>	15768	127	<i>Compsorhipis davidiana</i>	16085
93	<i>Euchorthippus fusigeniculatus</i>	15772	128	<i>Pteranabropsis crenatis</i>	16099
94	<i>Qinlingacris taibaiensis</i>	15774	129	<i>Ruspolia lineosa</i>	16110
95	<i>Trilophidia annulata</i>	15775	130	<i>Pteranabropsis carnarius</i>	16119
96	<i>Arcyptera coreana</i>	15783	131	<i>Hexacentrus japonicus</i>	16120
97	<i>Troglophilus neglectus</i>	15810	132	<i>Decma fissa</i>	16122
98	<i>Sinopodisma houshana</i>	15818	133	<i>Velarifictorus hemelytrus</i>	16123
99	<i>Conanalus pieli</i>	15820	134	<i>Oecanthus sinensis</i>	16142
100	<i>Elimaea cheni</i>	15831	135	<i>Tarragoilus diuturnus</i>	16144
101	<i>Conocephalus melaenus</i>	15852	136	<i>Xizicus fascipes</i>	16166
102	<i>Metrioptera ussuriana</i>	15858	137	<i>Fruhstorferiola huayinensis</i>	16227
103	<i>Peripolus nepalensis</i>	15858	138	<i>Pseudophyllus titan</i>	16227
104	<i>Pseudorhynchus crassiceps</i>	15865	139	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	16237
105	<i>Sinopodisma wulingshanensis</i>	15872	140	<i>Metrioptera bonneti</i>	16256
106	<i>Kuwayamaea chinensis</i>	15875	141	<i>Oedaleus decorus asiaticus</i>	16259
107	<i>Phryganogryllaeris xiai</i>	15876	142	<i>Ducetia japonica</i>	16276
108	<i>Mekongiella xizangensis</i>	15885	143	<i>Loxoblemmus equestris</i>	16314
109	<i>Locusta migratoria manilensis</i>	15895	144	<i>Ruidocollaris obscura</i>	16424
110	<i>Conocephalus maculatus</i>	15898	145	<i>Tristira magellanica</i>	16494
111	<i>Oedaleus infernalis</i>	15898	146	<i>Cyphoderris monstrosa</i>	16590
112	<i>Holochlora fruhstorferi</i>	15899	147	<i>Phaneroptera nigroantennata</i>	16832
113	<i>Gastrimargus marmoratus</i>	15924	148	<i>Physemacris variolosa</i>	17004
114	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	15929	149	<i>Sinochlora szechwanensis</i>	18051
115	<i>Angaracris barabensis</i>	15930	150	<i>Sinochlora longifissa</i>	18133
			151	<i>Phaneroptera gracilis</i>	18255



mtRNA-Leu(taa)
65 bases, %GC = 24.6
Sequence [2961,3025]

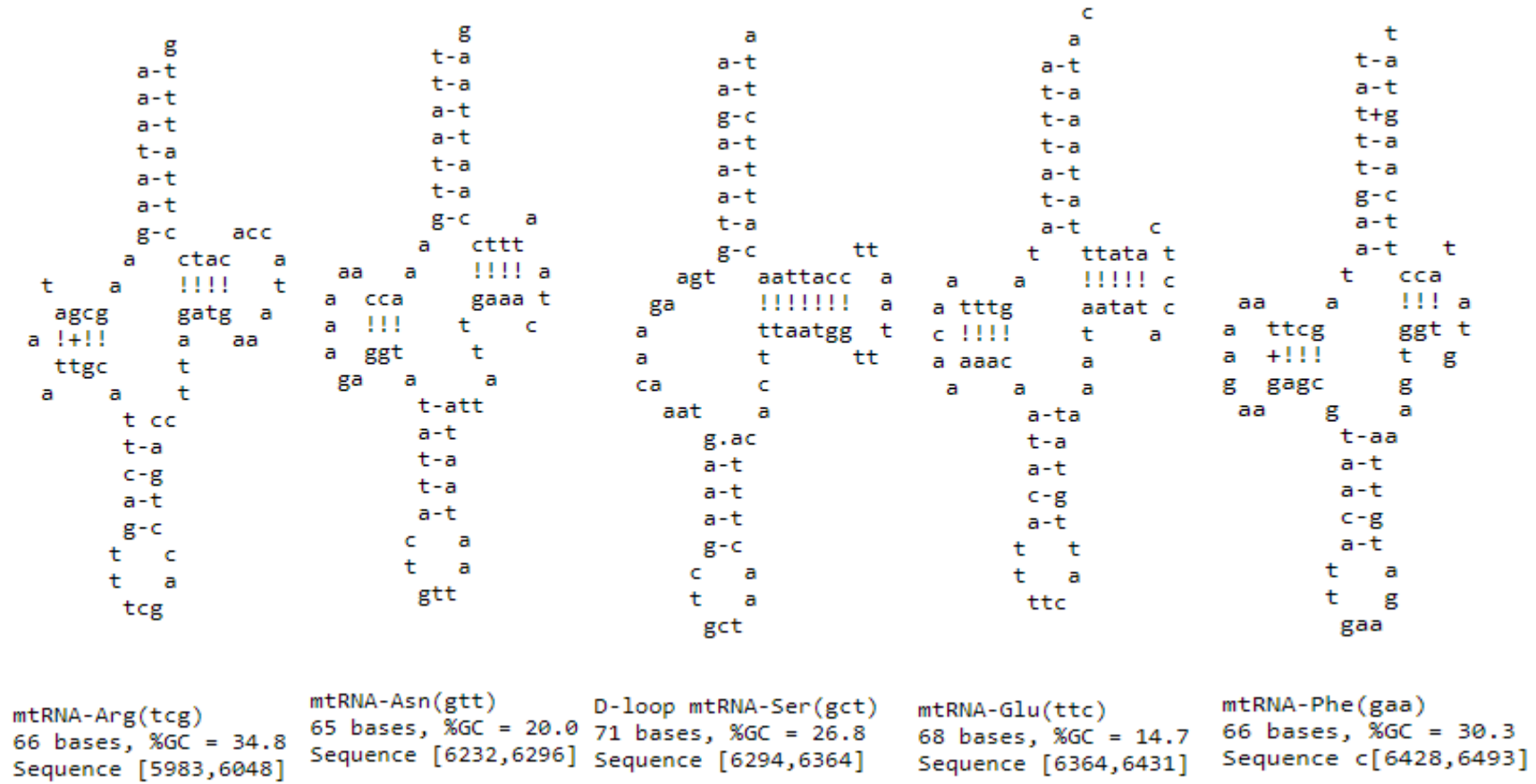
mtRNA-Lys(ctt)
70 bases, %GC = 38.6
Sequence [3718,3787]

mtRNA-Asp(gtc)
65 bases, %GC = 16.9
Sequence [3787,3851]

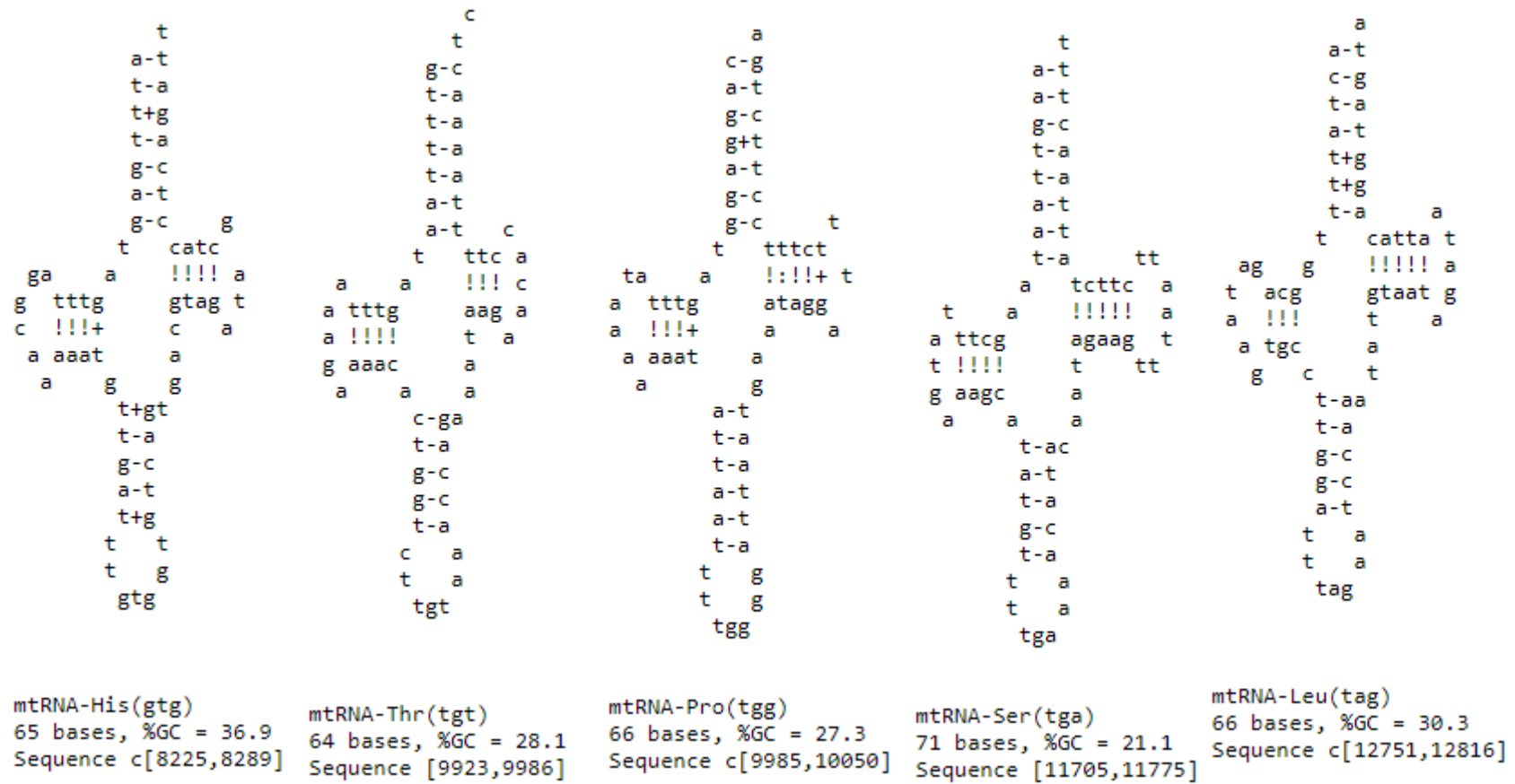
mtRNA-Gly(tcc)
66 bases, %GC = 19.7
Sequence [5479,5544]

mtRNA-Ala(tgc)
64 bases, %GC = 28.1
Sequence [5911,5974]

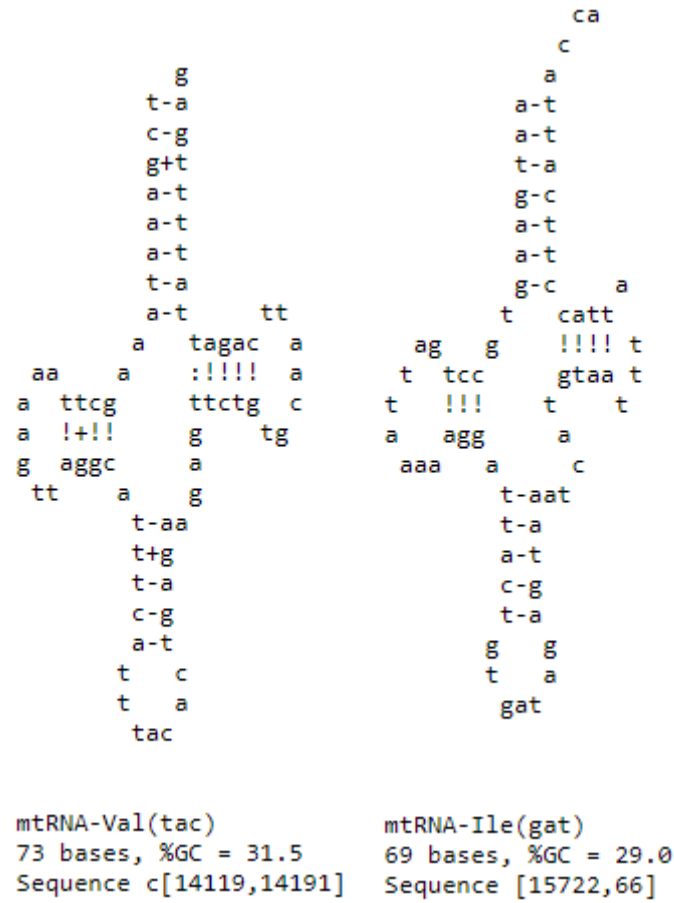
I. major mt-genomuna ait *trnL2*, *trnK*, *trnD*, *trnG* ve *trnA* genlerinin ikincil yapıları



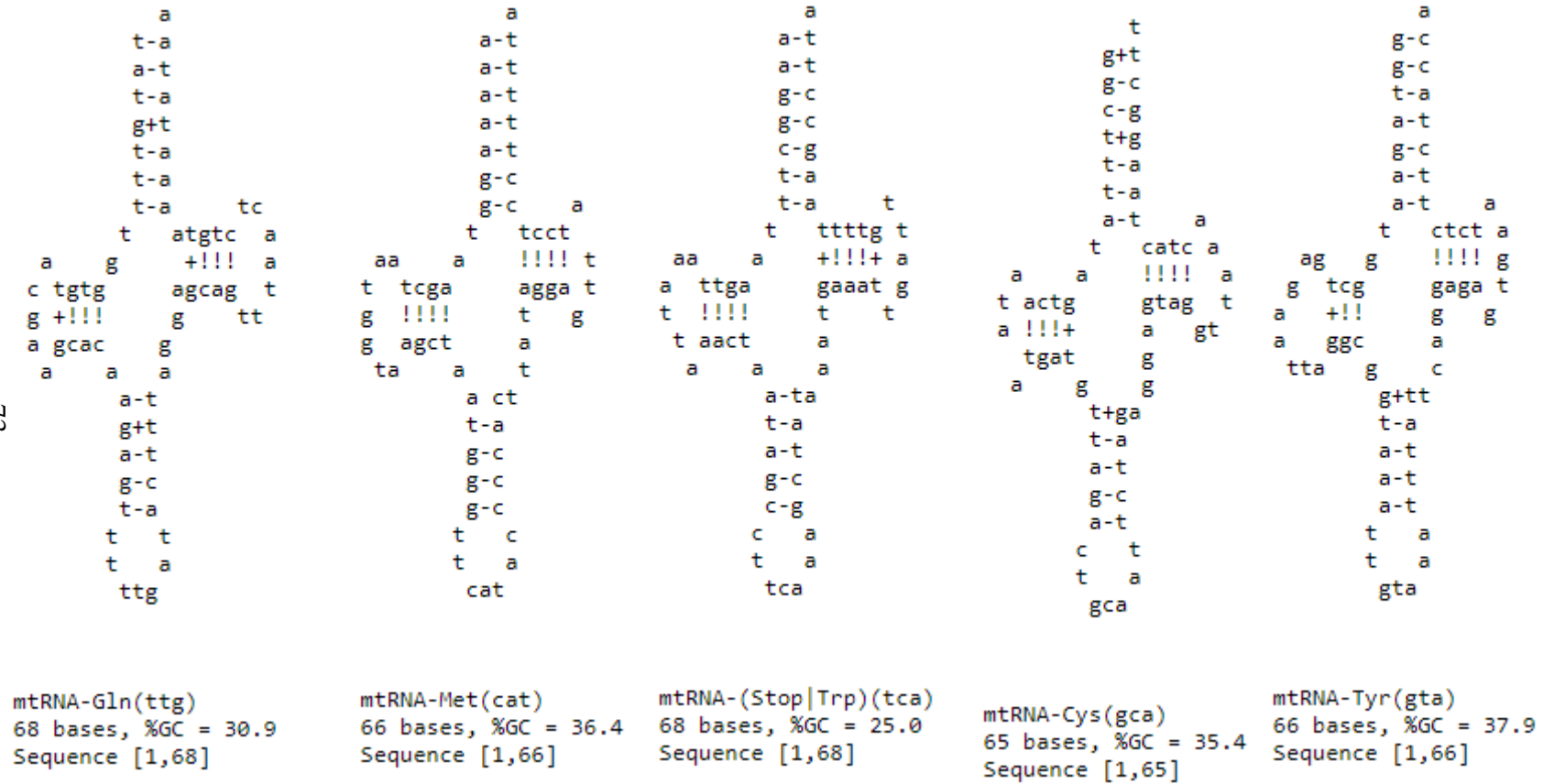
I. major mt-genomuna ait *trnR*, *trnN*, *trnS1*, *trnE* ve *trnF* genlerinin ikincil yapıları



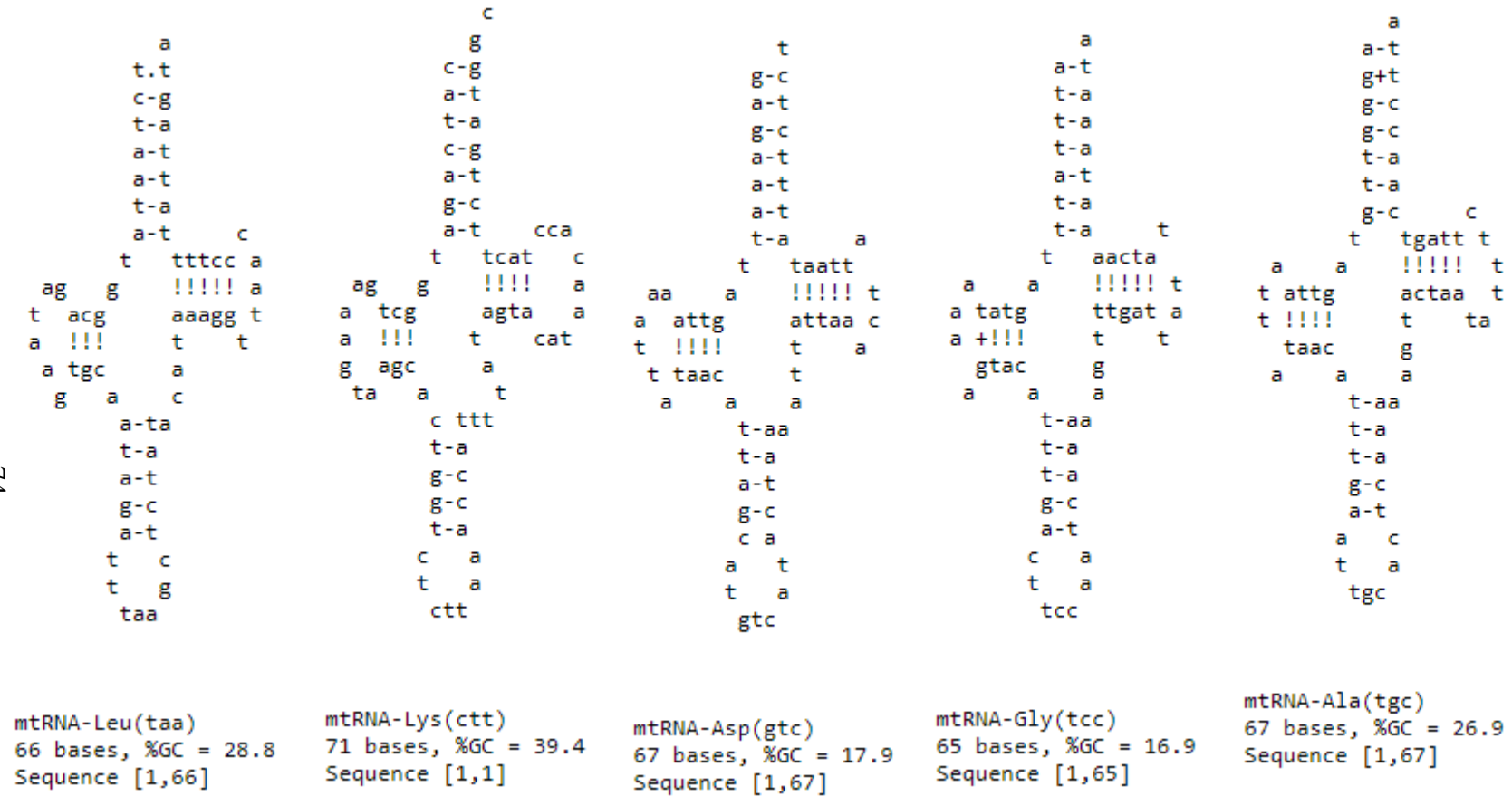
I. major mt-genomuna ait *trnH*, *trnT*, *trnP*, *trnS2* ve *trnL1* genlerinin ikincil yapıları



I. major mt-genomuna ait *trnV* ve *trnI* genlerinin ikincil yapıları



P. luschani mt-genomuna ait *trnQ trnM trnW trnC* ve *trnY* genlerinin ikincil yapıları



P. luschani mt-genomuna ait *trnL2 trnK trnD trnG* ve *trnA* genlerinin ikincil yapıları

75



mtRNA-Arg(tcg)
64 bases, %GC = 29.7
Sequence [1,64]

mtRNA-Asn(gtt)
65 bases, %GC = 20.0
Sequence [1,65]

D-loop mtRNA-Ser(gct)
68 bases, %GC = 27.9
Sequence [1,68]

mtRNA-Glu(ttc)
67 bases, %GC = 10.4
Sequence [1,67]

mtRNA-Phe(gaa)
64 bases, %GC = 34.4
Sequence [1,64]

P. luschani mt-genomuna ait *trnL2 trnR trnN trnS1 trnE* ve *trnF* genlerinin ikincil yapıları

```

      c
      a-t
      t-a
      t-a
      t-a
      a-t
      a-t
      g-c   a
    t   catct
  a   a   !!!!! a
a tttg   gtaga
a !!!+   a   a
t aaat   a
  a   g   g
    t+gt
    t-a
    g-c
    a-t
    t+g
  t   t
  t   g
  gtg

```

mRNA-His(gtg)
65 bases, %GC = 26.2
Sequence [1,65]

```

      t
      g-c
      t-a
      t-a
      t-a
      t-a
      a-t
      a-t
      a-t   t
    t   ttcc
  a   a   !!!!! t
a tttg   aagg c
a !!!!!   t   t
g aaac   a
  a   a   a
    c-ga
    t-a
    g-c
    g+t
    t-a
  c   a
  t   a
  tgt

```

mRNA-Thr(tgt)
64 bases, %GC = 26.6
Sequence [1,64]

```

      c
      a
      c-g
      a-t
      g-c
      a-t
      g-c
      g-c
      g-c
      g+t   t
    t   tttct
  a   a   !!!!!+ g
t tttg   aaagg a
a !!!+   a   a
t aaat   g
  a   a   t
    t-a
    t-a
    a-t
    a-t
    t-a
  t   g
  t   g
  tgg

```

mRNA-Pro(tgg)
66 bases, %GC = 30.3
Sequence [1,1]

```

      t
      a-t
      g-c
      t-a
      t-a
      a-t
      g-c
      a-t
      t-a   tt
    a   tcttc a
  t   a   !!!!! a
a ttcg   agaag t
t !!!!!   t   tt
g aagc   a
  a   a   a
    t-aa
    a-t
    t-a
    g-c
    t-a
  t   a
  t   a
  tga

```

mRNA-Ser(tga)
69 bases, %GC = 20.3
Sequence [1,69]

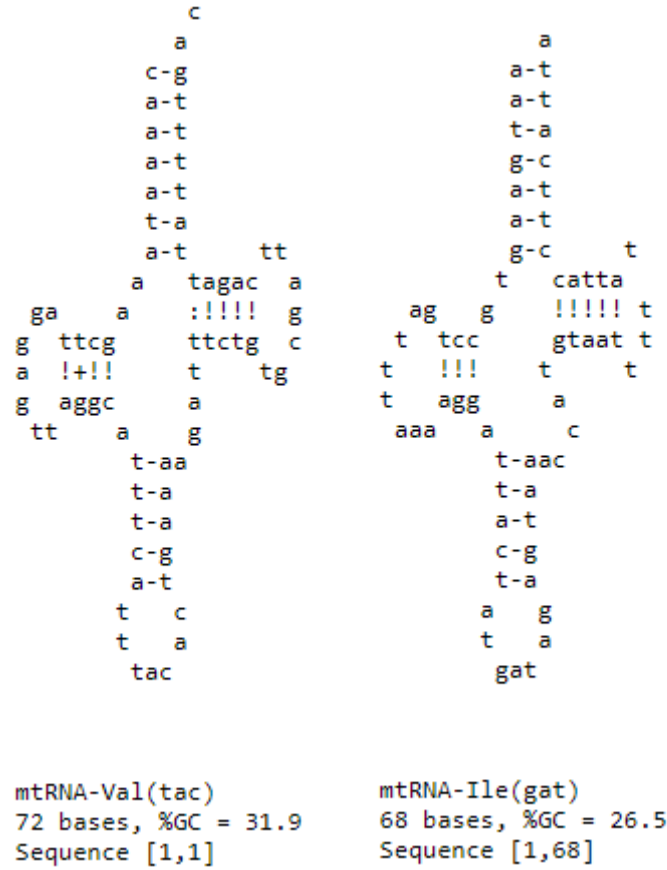
```

      a
      a-t
      c-g
      t-a
      a-t
      t-a
      t-a   a
    t   catta t
  ag   g   !!!!! g
t acg   gtaat a
a !!!   t   g
  a tgc   a
    g   c   t
    t-aa
    t-a
    a-t
    g-c
    a-t
  t   a
  t   a
  tag

```

mRNA-Leu(tag)
66 bases, %GC = 25.8
Sequence [1,66]

P. luschani mt-genomuna ait *trnH*, *trnT*, *trnP* *trnS2* ve *trnL* genlerinin ikincil yapıları



P. luschani mt genomuna ait genlerinin *trnV* ve *trnI* ikincil yapıları

ÖZGEÇMİŞ

PEMBE NUR ÖZTÜRK

lisaoztrkk@gmail.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2015-2018	Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Bölümü, Antalya
Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2011-2015	Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Antalya