

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**SAGİNAE VE BRADYPORİNAE (ORTHOPTERA,
TETTİGONİİDAE) MİTOGENOMU: TAKIM VE FAMİLYA
İÇİNDE KARŞILAŞTIRMALI KARAKTERİZASYONU**

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2023

ANTALYA

**T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ**



**SAGİNAE VE BRADYPORİNAE (ORTHOPTERA,
TETTİGONİİDAE) MİTOGENOMU: TAKIM VE FAMİLYA
İÇİNDE KARŞILAŞTIRMALI KARAKTERİZASYONU**

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HAZİRAN 2023

ANTALYA

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

**SAGİNAE VE BRADYPORİNAE (ORTHOPTERA,
TETTİGONİİDAE) MİTOGENOMU: TAKIM VE FAMILYA
İÇİNDE KARŞILAŞTIRMALI KARAKTERİZASYONU**

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS / DOKTORA TEZİ

**Bu tez Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri tarafından
FYL- 2022-5887 nolu proje ile desteklenmiştir**

HAZİRAN 2023

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**SAGİNAE VE BRADYPORİNAE (ORTHOPTERA,
TETTİGONİİDAE) MİTOGENOMU: TAKIM VE FAMILYA
İÇİNDE KARŞILAŞTIRMALI KARAKTERİZASYONU**

Müşerref Yasemin KARAKAŞ
BİYOLOJİ

ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez 20/08/2023 tarihinde jüri tarafından Oybirliği / Oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

Prof.Dr. Battal ÇIPLAK

[imza]

Prof.Dr. Aysun ÖZKAN

[imza]

Dr. Öğr. Üyesi Özgül DOĞAN

[imza]

ÖZET

SAGINAE VE BRADYPORINAE (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) MITOGENOMU: TAKIM VE FAMILYA İÇİNDE KARŞILAŞTIRMALI KARAKTERİZASYONU

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

HAZİRAN 2023; 67 sayfa

Mitokondri, ökaryotik hücrelerin enerji üretim merkezi olarak görev yapar ve ökaryotik organizmaların bir organel ve bir nükleer olmak üzere iki genomu bulunur. Animalia aleminde mitokondri genomu tek organel genomudur. Mitokondri genomları, özgün kalıtım özellikleri ve prokaryot tipi organizasyonlarıyla yapısal ve evrimsel olarak ilgi çekici bir araştırma konusudur.

Bu tez çalışmasında, Orthoptera takımına ait mitogenomu bilinmeyen Saginae ve yetersiz olarak bilinen Bradyporinae altfamilyalarına (Ensifera, Tettigoniidae) ait birer türün mitokondriyal genomlarının üretilmesi, genomların anotasyonlarının yapılması ve özelliklerinin belirlenmesi hedeflenmiştir. Ayrıca, bu genomların diğer Tettigoniidae familyası mitogenomlarıyla filogenetik olarak değerlendirilmesi amaçlanmıştır. Tez kapsamında Saginae altfamilyasına ait *Saga natoliae* türünün mitogenomunun toplam uzunluğu 15.806 bp olarak belirlenmiş olup, atasal pankrustase mitogenomuna göre minör gen düzenlemeleri ve *trnR* zincir değişiklikleri tespit edilmiştir. Aynı şekilde, Bradyporini tribusuna ait *Bradyporus latipes* türünün toplam mitogenom uzunluğu 15.778 bp olarak değerlendirilmiştir.

Oluşturulan Tettigoniidae mitogenom veri seti Bayes çıkarımı ve maksimum olasılık algoritmaları kullanılarak analiz edilmiş ve Tettigoniidae familyasının monofilisini desteklemiştir. BI ağacı Mecopodinae, Pseudophyllinae ve Phaneropterinae altfamilyalarını bir klad (faneropterid klad) ve Conocephalinae, Bradyporinae, Tettigoniinae, Listrosclidinae, Meconematinae ve Saginae altfamilyalarını düşük bir destek değeri ile ikinci klad (tettigoniid klad) olarak önermiştir. ML ağacı ise faneropterid kladını desteklerken, tettigoniid kladının monofilisini desteklememiştir. Tettigoniid kladı içinde Bradyporinae + Tettigoniinae monofilisi BI ve ML ağaçlarınca desteklenirken Saginae, Conocephalinae, Listrosclidinae ve Meconematinae bağımsız dallar olarak yer almaktadır.

ANAHTAR KELİMELE: Bradyporini, *Bradyporus latipes*, Orthoptera, *Saga natoliae*, Saginae, total mitogenom, yeni nesil dizileme

JÜRİ:

Prof.Dr. Battal ÇIPLAK

Prof.Dr. Aysun ÖZKAN

Dr. Öğr. Üyesi Özgül DOĞAN



ABSTRACT

SAGINAE AND BRADYPORINAE (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) MYTOGENOM: COMPARATIVE CHARACTERIZATION IN TEAM AND FAMILY

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

MSc Thesis in Biology

Supervisor: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

JUNE 2023; 67 pages

Mitochondria serve as the energy production center of eukaryotic cells, and eukaryotic organisms have two genomes, one organelle and one nuclear. In the Animalia kingdom, the mitochondrial genome is the only organelle genome. Mitochondrial genomes are an interesting research topic, structurally and evolutionarily, with their unique inheritance characteristics and prokaryotic organization.

In this thesis, it is aimed to produce mitochondrial genome of one species per Saginae and Bradyporinae, the subfamilies of Tettigoniidae (Orthoptera, Ensifera) mitogenome of which unknown, and to annotate and to determine their properties. Additionally, it is aimed to evaluate these mitogenomes phylogenetically, together with mitogenomes representing other subfamilies of Tettigoniidae. Within the scope of the thesis, the total length of the mitogenome of the *Saga natoliae* representing Saginae subfamily was determined as 15 806 bp and with minor gene rearrangements of tRNA compared to the ancestral pancrustacea mitogenome. Likewise, the total length of the mitogenome of *Bradyporus latipes* representing Bradyporini tribe of Bradyporinae is 15 778 bp.

The generated Tettigoniidae mitogenome dataset was analyzed using Bayesian inference (BI) and maximum likelihood (ML) phylogenetic algorithms. Obtained tree supported monophyly of the Tettigoniidae. The BI tree suggested two clades, the first including the subfamilies Mecopodinae, Pseudophyllinae and Phaneropterinae (phaneropterid clade) and the second the subfamilies Conocephalinae, Bradyporinae, Tettigoniinae, Listrosclidinae, Meconematinae and Saginae. The ML tree, on the other hand, supported monophyly of the phaneropterid clade, but not that of the second. Both of BI and ML trees supported Bradyporinae + Tettigoniinae, while Saginae, Conocephalinae, Listrosclidinae and Meconematinae are occurred as independent branches.

KEYWORDS: Orthoptera, Saginae, *Saga natoliae*, Bradyporini, *Bradyporus latipes*, next generation sequencing, total mitogenome

COMMITTEE:

Prof.Dr. Battal ÇIPLAK

Prof.Dr. Aysun ÖZKAN

Dr. Öğr. Üyesi Özgül DOĞAN

ÖNSÖZ

Bu önsözde, "Saginae ve Bradyporinae (Orthoptera, Tettigoniidae) Mitogenomu: Takım ve Familya İçinde Karşılaştırmalı Karakterizasyonu" adlı tezimi sizlere sunmanın büyük bir mutluluk ve gururunu yaşamaktayım. Bu tez çalışması, Saginae ve Bradyporinae alt familyalarına ait mitokondriyal genomların karakterizasyonu ve filogenetik analizi üzerine odaklanarak evrimsel süreçlerin anlaşılmasına katkı sağlamayı amaçlamaktadır.

Bu çalışmanın amacı, daha önce literatüre kazandırılmamış olan Saginae alt familyasının bir temsilcisi ve Bradyporini tribusunun bir temsilcisini literatüre kazandırarak, karmaşık evrimsel süreçlerin anlaşılmasına dair önemli bir cevap sunmaktır. Başlangıçta, çalışmanın ne kadar anlamlı ve önemli olduğunu tam olarak kavramakta zorluk çektiğimi itiraf etmeliyim. Ancak, tezin tamamlanmasıyla birlikte, elde edilen bulguların ve çalışmanın katkılarının değerini çok daha iyi anlamaya başladım.

Tez çalışması sürecinde, zaman zaman motivasyon kaybı yaşadığım ve hatalar yaptığım dönemler oldu. Ancak, bu süreçte en zorlu dönemlerden biri, Türkiye'de yaşanan 6 Şubat Maraş depremi sırasında Hatay'da bulunmam ve bu döndükten sonra yönümü kaybetmiş bir şekilde kendimi bulmam oldu. Bu süreçte boyunca benimle çalışmanın kolay olmadığının ve desteklenmeye ihtiyaç duyduğumun farkındayım; ancak, şanslıydım ki başta Danışmanım Prof. Dr. Battal ÇIPLAK olmak üzere laboratuvar arkadaşlarım Dr. Özgül YAHYAOĞLU ve Onur ULUAR, her sorumda cevaplarıyla bana destek olup ve tez çalışmalarımı sürdürmem için her zaman yanımda oldular.

Bu noktada, Danışmanım Prof. Dr. Battal ÇIPLAK'a sabrı ve danışmanlığı için derin bir teşekkür borçluyum. Birlikte çalışma şansına sahip olduğum Onur ULUAR ve Özgül YAHYAOĞLU başta olmak üzere tüm MEVBİL ekibine, her ihtiyacım olduğunda yanımda oldukları ve desteğe hazır oldukları için minnettarım.

Aynı şekilde, Jüri üyelerim Prof. Dr. Aysun ÖZKAN ve Dr. Öğr. Üyesi Özgül DOĞAN'a da değerli katkılarından dolayı içten teşekkürlerimi iletmek istiyorum.

Berkay DEMİRBAŞ, Özge YILDIZ, Işıl EROL, Doğa HARMANCI, Berkay DEMİRBAŞ, İnci TOPÇUOĞLU, Özgür GÜR, Ayşegül DANIŞMAZ ve ismini buraya sığdıramadığım birçok arkadaşına da her zaman yanımda oldukları için teşekkürlerimi sunmak istiyorum. Ayrıca, beni her kararımda destekleyen ve her zaman yanımda olan annem Tevhide GEDİKLİ ve kardeşim Mert KARAKAŞ'a teşekkür ederim.

Bu tez çalışması, birçok destekçinin yardımları ve katkılarıyla gerçekleşmiştir. Her birine derin bir minnettarlık duyduğumu belirtmek isterim. Sizlerin desteği olmadan bu çalışmayı tamamlamak mümkün olmazdı.

Saygılarımla,

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	ii
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ.....	iv
AKADEMİK BEYAN	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xi
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. Giriş.....	1
1.1. Mitokondri.....	1
1.2. Mitogenom	3
1.3. Böcek Mitokondrisi ve Mitogenomu	4
2. KAYNAK TARAMASI	6
2.1. Orthoptera'nın Genel Özellikleri.....	6
2.2. <i>Saga natoliae</i> ve <i>Bradyporus latipes</i> türü	9
2.3. Yeni Nesil Sekanslama ile Mitokondriyal DNA (mtDNA)	11
3. MATERYAL VE METOD	13
3.1. Örneklerin Eldesi ve DNA İzolasyonu	13
3.2. Yeni Nesil Sekanslama ve Gen Etiketlenmesi	13
3.3. Annotasyon.....	14
3.3.1. Protein kodlayan genlerin annotasyonu.....	15
3.3.2. tRNA genlerinin annotasyonu	15
3.3.3. rRNA genlerinin annotasyonu	15
3.3.4. Kodlama yapmayan bölgelerin annotasyonu.....	15
3.4. Mitogenom İstatistikleri	15
3.5. Filogenetik Analizler İçin Veri Setinin Hazırlanması	16
3.6. Filogenetik Ağaçların Eldesi	18
4. BULGULAR	19
4.1. Elde Edilen Verilerin Özellikleri.....	19
4.2. Edinilen NGS verileri	19
4.3. Mitogenom Karakterizasyonu	19
4.3.1. <i>Saga natoliae</i> türünün mitogenom özellikleri	19

4.3.1.1. PKG karakterizasyonu	19
4.3.1.2. tRNA genleri karakterizasyonu	21
4.3.1.3. rRNA genleri karakterizasyonu	21
4.3.1.4 Kontrol bölgesi ve kodlama yapmayan bölgelerin karakterizasyonu.	21
4.3.1.5 Çakışan bölgelerin karakterizasyonu	21
4.3.1.6 Mitokondriyal genomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu	22
4.3.2. <i>Bradyporus latipes</i> türünün mitogenom özellikleri	27
4.3.2.1. PKG karakterizasyonu	27
4.3.2.2. tRNA genleri karakterizasyonu	31
4.3.2.3. rRNA genleri karakterizasyonu	33
4.3.2.4 Kontrol bölgesi ve kodlama yapmayan bölgelerin karakterizasyonu.	33
4.3.2.5 Çakışan bölgelerin karakterizasyonu	33
4.3.2.6 Mitokondriyal genomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu	33
4.4. Saginae ve Bradyporinae Mitogenomunun Karşılaştırılmalı Tanımı	38
4.5. Saginae ve Bradyporinae Alt familyalarının Filogenetik yeri	39
5. TARTIŞMA	43
5.1. Gen Organizasyonu	43
5.1.1. Protein kodlayan genlerin özellikleri	44
5.1.2. tRNA genlerinin özellikleri	46
5.1.3. rRNA genlerinin özellikleri	46
5.1.4. Kontrol bölgesi (replikasyon orijini) karakterizasyonu	47
5.2. Tettigoniidae Mito-Filogenisi	48
5.3. Bradyporinae Alt familyası Karşılaştırmalı Karakterizasyonu	49
6. SONUÇLAR	52
7. KAYNAKLAR	54
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “**Saginae ve Bradyporinae (Orthoptera, Tettigoniidae) Mitogenomu: Takım Ve Familya İçinde Karşılaştırmalı 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.

21/06/2023

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

SİMGELER VE KISALTMALAR

Simgeler

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
Genban	: Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
k	
Geneiou	: Molecular Biology and NGS Analysis programı
s	
Gln	: Glutamin
Glu	: Glutamik asit
Gly	: Glisin
HCl	: Hidroklorik asit
His	: Histidin
Ile	: İzolösün
J	: Ağır zincir
kb	: kilobaz
Leu	: Lösün
Lys	: Lizin
m	: metre
MEGA	: Molecular Evolutionary Genetics Analysis paket programı

MEVBİL	: Moleküler Evrim ve Biyocoğrafya Laboratuvarı
mg/ml	: Miligram/mililitre
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
mtDNA	: Mitokondriyal deoksiribonükleik asit
mitogenom	: Mitokondri genomu
N	: Hafif zincir
NaCl	: Sodyum klorür
<i>nad1</i>	: NADH dehidrojenaz 1 geni
<i>nad2</i>	: NADH dehidrojenaz 2 geni
<i>nad3</i>	: NADH dehidrojenaz 3 geni
<i>nad4</i>	: NADH dehidrojenaz 4 geni
<i>nad4l</i>	: NADH dehidrojenaz 4l geni
<i>nad5</i>	: NADH dehidrojenaz 5 geni
<i>nad6</i>	: 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
<i>rrnL</i>	: 16S rRNA geni
<i>rrnS</i>	: 12S rRNA geni
RSCU	: Göreli sinonim kodon kullanımı
değeri	
SDS	: Sodyum dodesil sülfat
Ser	: Serin
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi
T	: Timin
Thr	: Treonin
Tk	: Tekrar
Tris	: Hidroksimetil aminometan
<i>trnA</i>	: tRNA-alanin
tRNAScanS	: Searching for tRNA genes in genomic sequence paket programı
E	
<i>trnC</i>	: tRNA-Sistein
<i>trnD</i>	: tRNA-Aspartat
<i>trnE</i>	: 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 ayırıcı

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1.1. Mitokondri yapısı.....	2
Şekil 1.2. Endosimbiyoz teorisi	2
Şekil 4.1. <i>Saga natoliae</i> türünün halkasal mitogenomu	26
Şekil 4.2. <i>Bradyporus latipes</i> türünün halkasal mitogenomu	30
Şekil 4.3. Tettigoniidae veri setiyle hazırlanan Bayes ağacı	41
Şekil 4.3. Tettigoniidae veri setiyle hazırlanan Maksimum olasılık ağacı	42
Şekil 5.1 <i>Bradyporus latipes</i> ve <i>Saga natoliae</i> <i>trnS1</i> ikincil yapısı	46



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1.1. Bazı örnek organizmalarda mitokondri genom büyüklükleri.....	3
Çizelge 1.2. Bazı böcek takımlarında mitokondri genom büyüklükleri	5
Çizelge 2.1. Mitogenomu tanımlanmış olan Tettigoniidae familyasına ait türler	8
Çizelge 2.2. <i>Saga natoliae</i> türünün sistematikteki yeri	10
Çizelge 2.3. <i>Bradyporus latipes</i> türünün sistematikteki yeri	10
Çizelge 3.1. <i>Saga natoliae</i> ve <i>Bradyporus latipes</i> türlerinin lokaliteleri.....	13
Çizelge 3.2. Filogenetik analiz için hazırlanan veri setine dahil edilen diziler	17
Çizelge 3.3. PartitionFinder tarafından önerilen modeller	18
Çizelge 4.1. <i>Saga natoliae</i> türünün mitogenom özeti.....	20
Çizelge 4.2. <i>Saga natoliae</i> türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları	23
Çizelge 4.3. <i>Saga natoliae</i> türünde PKG'lerin göreceli sinonim kodon kullanımları (RSCU).....	24
Çizelge 4.4. <i>Saga natoliae</i> PKG'lerin aminoasit kompozisyonu	25
Çizelge 4.5. <i>Bradyporus latipes</i> türünün mitogenom özeti	28
Çizelge 4.6. <i>Bradyporus latipes</i> türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları	29
Çizelge 4.7. <i>Bradyporus latipes</i> türünde PKG'lerin göreceli sinonim kodon kullanımları (RSCU).....	30
Çizelge 4.8. <i>Bradyporus latipes</i> PKG'lerin aminoasit kompozisyonu	32
Çizelge 4.9. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin PKG'lerde start kodon kullanımları	35
Çizelge 4.10. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin PKG'lerde dur kodon kullanımları.....	36
Çizelge 4.11. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin uzunlukları.....	37
Çizelge 4.12. Temsilci türlere ait total AT oranları	39
Çizelge 5.1. Veri setinde kullanılan temsilci türlere ait PKG uzunlukları ve AT oranları	45

Çizelge 5.2. Veri setinde kullanılan temsilci türlere ait rRNA uzunlukları ve AT oranları	46
Çizelge 5.3. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin AT zengin bölge uzunlukları ve AT oranları	48
Çizelge 5.4. Bradyporinae alt familyası üyelerinin uzunluk ve AT oranları kıyaslaması	50
Çizelge 5.5. Bradyporinae alt familyasına ait türlere ait gen uzunlukları (sol tarafta) ve genler arası kodlama yapmayan/çakışan bölge uzunlukları.....	51



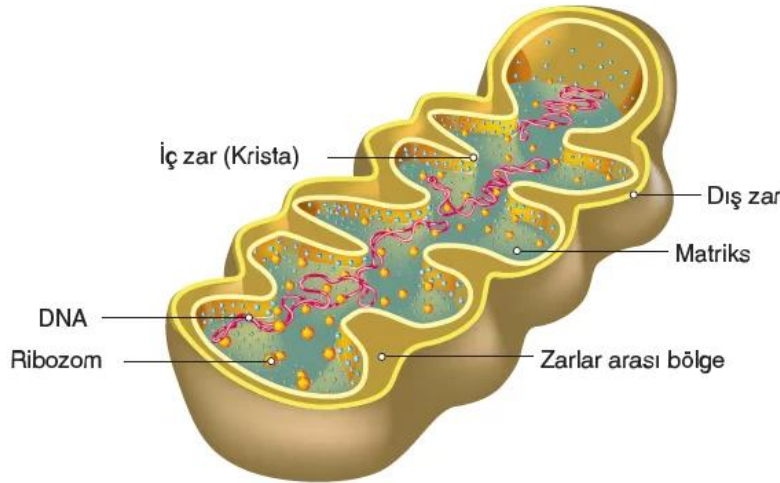
1. GİRİŞ

1.1. Mitokondri

Mitokondri tarihte ilk defa karaciğer dokusundan izole edilmiştir (Bensley ve Hoerr 1934). Mitokondri hakkındaki ilk eserlerden biri 1946'da Albert Claude ve arkadaşlarının mitokondrinin yapısını elektron mikroskobu görüntüleri ile tanımlayan makalesidir (Claude vd. 1946). Yunancada mitos kelimesi iplik, chondrion kelimesi ise granül anlamına karşılık gelmektedir (Karol 2000). Mitokondriye neredeyse tüm ökaryotik canlı hücrelerinde rastlanır. Bazı hücrelerde bir tane büyük boyutlu mitokondri bulunurken, bazı hücrelerde mitokondri sayısı yüzün üstüne çıkabilmektedir. Mitokondrinin boyutu yaklaşık olarak 1-10 µm olarak ölçülmüştür. Bu organel, matrisi çevreleyen bir dış ve bir iç zardan oluşan çift zarlı bir yapıya sahiptir. Dış zar, küçük moleküller için geçirgen iken, iç zar elektron taşıma zinciri yoluyla ATP sentezi için geniş bir yüzey alanı sağlayan krista adı verilen katlanmış yapılara sahiptir (Frey vd. 2002).

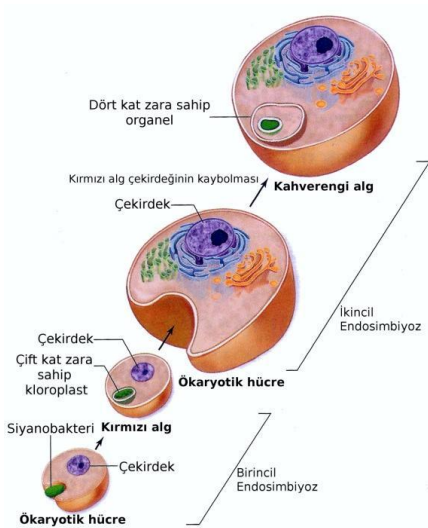
Mitokondriyal matris, sitrik asit döngüsünde ve yağ asitlerinin oksidasyonunda yer alan enzimleri içerir. Oksidatif fosforilasyon sürecinde, mitokondri içinde gerçekleşen ve ATP üretilmesiyle sonuçlanan bir dizi reaksiyon, elektronların NADH ve FADH₂ gibi moleküllerden mitokondri iç zarında bulunan bir dizi elektron taşıyıcı moleküle transferini içerir. Bu elektron transferi, protonların iç zar boyunca pompalanmasına neden olur ve bu da bir proton gradyanı oluşturur. İç zarda bulunan bir enzim olan ATP sentaz, ATP'yi sentezlemek için bu gradyandan gelen enerjiyi kullanır. Bu süreçler ilk Mitchell tarafından bir teori olarak önerilmiş (Mitchell 1961) ve daha sonra deneysel kanıtlarla doğrulanmış olan bu çalışma Mitchell'e 1978'de Nobel Kimya Ödülü getirmiştir. Ökaryotik hücrelerde hücresel solunum ve enerji üretiminde rol oynayan mitokondri, aerobik solunum sürecinde ATP (adenozin trifosfat) üreterek hücrenin "enerji santralleri" olarak iş görür.

Mitokondri, apoptoz ve kalsiyum sinyali gibi diğer hücresel süreçlerde de önemli roller oynar. Hücresel sinyalleşme, apoptoz ve kalsiyum düzenlemesindeki rolleri dahil olmak üzere mitokondrinin çeşitli yönleri hala incelemektedir. Mitokondriyal disfonksiyon, Parkinson ve Alzheimer hastalığı gibi nörodejeneratif bozukluklar, kanser ve diyabet gibi metabolik bozukluklar ve yaşa bağlı hastalıklar dahil olmak üzere çok çeşitli hastalıklarla ilişkilendirilmiştir (Picca vd. 2021).



Şekil 1.1 Mitokondri yapısı (<https://www.fikir.gen.tr/mitokondri-nedir-mitokondrinin-gorevi-nedir/> [Erişim tarihi: 29.03.2023])

Mitokondrinin yaşamsal önemi dışında onu farklı kılan bir diğer özelliği de nükleer genomdan farklı olarak kendi genetik materyaline sahip olmasıdır. Bilim insanları bu farklılığın sebebini, mitokondrinin, erken ökaryotik hücreler tarafından yutulan endosimbiyotik bakterilerden köken almasıyla ilişkilendirmektedir (Gray 2012). Endosimbiyoz teorisi, mitokondri ve kloroplast organellerinin erken ökaryotik hücreler tarafından yutulan ve zamanla simbiyotik bir ilişki kuran serbest yaşayan bakterilerden kaynaklandığını ileri sürer. Bu teori ilk olarak 1960'larda Lynn Margulis tarafından önerilmiş ve o zamandan beri mitokondriyal ve bakteriyel DNA arasındaki benzerlikler ve mitokondriyi çevreleyen çift zarın varlığı dahil olmak üzere çeşitli kanıtlarla desteklenmiştir (Chesner vd. 2021).



Şekil 1.2 Endosimbiyoz teorisi (<https://ibta.thunderforge.top/eyes-robot/?pl=wyqwliui3U-oMKNOFTV6Dg&sm> [Erişim tarihi: 24.07.2023])

1.2. Mitogenom

Ökaryotik organizmalarda çekirdek ve organellerin genomları şeklinde iki ayrı genom bulunur. Bitkilerde organel genomu mitokondri ve kloroplast olmak üzere iki organel genomu şeklindeyken, hayvansal organizmalarda organel genomu olarak sadece mitokondri genomuna rastlanır (Clarly ve Wolstenholme 1985; Ballard ve Rand 2005; Copeland 2002).

Mitokondriyal DNA (mtDNA) Nass tarafından 1963 yılında literatüre kazandırılmıştır (Nass 1963). Mitokondriyal genomun tüm baz dizilimi ve genom organizasyonu ilk kez Bibb vd. (1981) tarafından farelerde yapılan bir çalışmayla tanımlanmıştır. Anderson vd. (1981) tarafından ise insan mitogenomunu tanımlanmıştır.

Mitokondri genomu, hücre çekirdeği genomlarından farklı olarak daha küçük boyutlu, dairesel DNA molekülleri şeklindedir. Hayvanlarda mitokondriyal genomun büyüklüğü genellikle 15-20 bin baz çifti (bç) arasında değişmektedir. Fakat bazı durumlarda genom büyüklüğü değişebilir, örneğin; Amfibik canlılarda 42 256 baz çifti (Romanova vd. 2021) olabildiği, Taraklılar şubesine ait *Mnemiopsis leidyi* 'nin ise 10 326 baz çifti (Formaggioni 2021) olabildiği tespit edilmiştir.

Çizelge 1.1. Bazı örnek organizmalarda mitokondri genom büyüklükleri.

Organizma adı	Uzunluğu (bç)	Kaynak
İnsan (<i>Homo sapiens</i>)	16 569	Andrews vd. (1999)
Meyve sineği (<i>Drosophila melanogaster</i>)	19 517	Clary vd. (1982)
Ev faresi (<i>Mus musculus</i>)	16 308	Babiker ve Tautz (2015)
Maya (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>)	95 658	Strope vd. (2015)
Nematod (<i>Caenorhabditis elegans</i>)	13 794	Okimoto vd. (1990)
Kabuklu (<i>Pseudoniphargus stocki</i>)	14 697	Stokkan vd. (2018)
Taraklı (<i>Mnemiopsis leidyi</i>)	10 326	Formaggioni (2021)
Çekirge (<i>Poecilimon luschani</i>)	15 568	Çıplak ve Öztürk (2019)
Zebra balığı (<i>Danio rerio</i>)	16 596	McConnel vd. (2016)
Sığır (<i>Bos taurus</i>)	16 341	Chung vd. (2006)
Dev panda (<i>Ailuropoda melanoleuca</i>)	16 846	Arnason vd. (2007)

Ökaryotik hayvan hücrelerinde bulunan mitokondri genomu (mitogenom) yaklaşık 16000 baz çifti uzunluğunda olup; iki rRNA, 13 protein ve 22 tRNA kodlayan 37 gen bölgesine ve ek olarak farklı uzunluklarda AT'ce zengin bir replikasyon orijini veya kontrol bölgesine sahiptir (Clary ve Wolstenhome 1985; Boore 1999).

MtDNA dişi ebeveyn üzerinden yavrulara aktarılır. Bunun nedeni, yumurta hücresinin, mitokondri de dahil olmak üzere, gelişmekte olan embriyonun sitoplazmasının çoğuna katkıda bulunmasıdır. Nadiren babadan mtDNA aktarımı vakaları olsa da bunların daha sonra gelişmekte olan embriyodan elimine edilen babaya ait mtDNA'daki mutasyonlardan kaynaklandığı düşünülmektedir (Wei vd. 2020).

Mitokondriyi bu kadar iyi bir çalışma aracı yapan bazı özellikleri arasında mitokondrilerin hücre bölünmesi sırasında dağılması sayılabilir (Van Blerkom 2009).

Mitokondriyal genomların mutasyon oranı, takson ve incelenen spesifik lokusa bağlı olarak büyük ölçüde değişebilir. Örneğin, yüksek değişkenliği nedeniyle filogenetik çalışmalarda sıklıkla kullanılan mitokondriyal kontrol bölgesinin mutasyon oranının, primatlarda milyon yılda pozisyon başına %2-5 (pozisyon/mutasyon/milyon yıl; p/m/my) arasında değiştiği tahmin edilmektedir (Ingman vd. 2000). Bazı balık türlerinde 12% p/m/my olabilmektedir (Cantatore vd. 1989). MtDNA'sındaki protein kodlayan genlerin mutasyon oranı genellikle kontrol bölgesininkinden daha düşüktür. Ancak yine de yukarıda bahsedilen faktörler nedeniyle nükleer genlerden daha yüksek olabilir. Ek olarak, mitokondriyal DNA (mtDNA), hücre başına birden fazla kopya halinde bulunur ve hücre başına yalnızca iki kopya halinde bulunan nükleer DNA'ya (nDNA) kıyasla genetik varyasyonun saptanmasında daha fazla hassasiyet sağlar. Mitokondriyal DNA'nın, koruyucu histonların ve etkin DNA onarım mekanizmalarının olmaması ve ayrıca mtDNA'nın mitokondride oksidatif fosforilasyon sırasında üretilen reaktif oksijen türlerine (ROS) daha fazla maruz kalması nedeniyle, daha yüksek bir mutasyon oranına sahip olduğu düşünülmektedir (Kang ve Hamasaki 2002). Bu faktörler, belirli bir soyun evrimsel tarihini anlamak için kullanılabilen mtDNA'da zaman içinde daha yüksek mutasyon birikimine katkıda bulunur.

1.3. Böcek Mitokondrisi ve Mitogenomu

Böcekler, mitokondriyal genomu dizilenmiş eklem bacaklıların çok büyük kısmını oluşturmaktadır (Cameron 2014a). Böceklerde mitogenom uzunluğu 14 ile 20 kb çifti arasında değişmektedir (Korkmaz vd. 2015). Mitokondriyal DNA'nın tam dizileri olan mitogenomların boyutları, farklı taksonlar arasında büyük farklılıklar gösterebilir ve boyutu 14 kilobaz (kb) ile 30 kb arasında olabilir (Wei vd. 2010; Cameron 2014a). Örneğin, Hymenoptera takımında mitogenom boyutunun evrim hızıyla negatif korelasyon gösterdiği gösterilmiştir. Bu da daha küçük mitogenomların hızla gelişen soylarda seçici olarak tercih edilebileceğini düşündürmektedir (Cameron 2014a). Mitogenomların boyut değişimi, gen içeriğindeki farklılıklar, kodlama yapmayan bölgelerin varlığı ve genler arası ayırıcıların (spacer) değişken uzunluğu dahil olmak üzere bir dizi faktöre bağlıdır.

Böcek MtDNAsı diğer hayvanlarda olduğu gibi tipik olarak, oksidatif fosforilasyonda görev alan 13 protein kodlayan gen (PKG), 22 transfer RNA (tRNA) geni, iki ribozomal RNA (rRNA) geni ve AT'ce zengin replikasyon orijini veya kontrol bölgesi olarak adlandırılan bölge olmak üzere 38 gen içeren çift sarmallı ve dairesel, yapıda bir DNA molekülüdür. Bu gen kombinasyonu çoğu hayvan mitokondriyal genomunda oldukça korunmuş olarak bulunur (Boore 1999).

Bu genlerden tRNA'lar genel olarak varyasyona daha açık olsa da çoğunlukla yonca yaprağı yapısını oluşturacak şekilde korunmuş olarak gözlemlenir (Wolstenholme vd. 1992). Yonca yaprağın ucundaki anti-kodonlar, kodonlar ile eşleştirilir ve yakın türlerde yonca yaprağının boyutları değişse de anti-kodon genellikle korunmuş olur. Ribozomal RNA'lar ise, küçük alt birim ve büyük alt birim olmak iki gen olarak bulunur ve çoğunlukla sekonder yapısı korunmuştur (Buckley vd. 2000). Replikasyon orijini ya da kontrol bölgesi olarak kullanılan bu bölge çok büyük kısmı kodlama yapan mitogenom

içinde kodlama yapmaması ile diğerlerinden ayrılır ve Adenin ve Timin bazlarının ağırlıkta olması böceklerde tipiktir (Cameron 2014b).

Çizelge 1.2. Bazı böcek takımlarında mitokondri genomu büyüklükleri.

Takım	Tür	Genome büyüklüğü (bç)	Kaynak
Blattodea	<i>Blattella germanica</i>	15 025	Xiao vd. (2012); Cameron vd. (2014b)
Mantodea	<i>Tenodera aridifolia</i>	15 371	Wang vd. (2022)
Orthoptera	<i>Locusta migratoria</i>	16 057	Ma vd. (2012)
Phasmatodea	<i>Extatosoma tiaratum</i>	16 537	Komoto vd. (2011)
Dermaptera	<i>Challia fletcheri</i>	20 456	Wan vd. (2012)
Lepidoptera	<i>Spodoptera frugiperda</i>	30 656	Gao vd. (2019)
Mantophasmatodea	<i>Tamolanica tamolana</i>	16 055	Cameron vd. (2006)
Plecoptera	<i>Neuroperla schedingi</i>	18 882	Ding vd. (2019)
Coleoptera	<i>Haliphus immaculatus</i>	21 581	Linard vd. (2015)
Mallophaga	<i>Falcolipeurus suturalis</i>	16 659	Nei vd. (2021)

Protein kodlayan genler (PKG), NADH dehidrogenaz alt birimleri 1-6 (*nad1-nad6*), sitokrom b (*cytb*), sitokrom oksidaz alt birimleri I-III (*cox1-cox3*) ve ATP sentaz alt birimleri 6 ve 8'i (*atp6* ve *atp8*) kodlarlar. Böceklerde gen yerleşim konumları, uzunlukları ve bulundukları zincir gibi özellikleri gen yerleşim sırası büyük oranda benzer ve çoğunlukla tipik pankrustase mitogenomunun mimarisi ile aynıdır (Korkmaz vd. 2015; Song vd. 2015; Öztürk ve Çıplak 2019).

Mitokondriyal genomlar genellikle farklı organizma grupları arasında karşılaştırmalı analizleri kolaylaştıran taksonlar arasında korunmuş bir gen düzenine ve yapısına sahiptir (Avisé 2009). Mitokondriyal genler, nükleer genlerle karşılaştırıldığında göreceli olarak hızlı bir oranda mutasyon biriktirdikleri için; evrimsel zaman ve filogenetik akrabalıkları araştırmada daha kullanışlıdır. Bu nedenle omurgalılar, omurgasızlar ve bitkiler dahil olmak üzere çeşitli organizmaları arasındaki filogenetik ilişkileri anlamak için mitokondriyal genomları başarıyla kullanmıştır (Pons vd. 2006). Gerçekleştirilen bu tez çalışmasında, mitogenomun bu özelliklerinden yararlanarak daha önce çalışılmamış Saginae ve az çalışılmış Bardyporinae (Orthoptera, Tettigoniidae) alt familyalarından birer temsilcinin mitogenom özelliklerinin ve de filogenetik yerlerinin saptanması amaçlanmıştır.

2. KAYNAK TARAMASI

2.1. Orthoptera'nın Genel Özellikleri

Orthoptera veya düzkanatlılar çok çeşitli habitatlarda bulunan çayır çekirgelerini, cırcır böceklerini ve çalı çekirgelerini içerir. Hâlâ yeni türler keşfedilip tanımlanmakta olduğundan, kaç Orthoptera türünün var olduğuna dair kesin bir sayı vermek zor olsa da, Orthoptera Tür Veri Tabanına (Orthoptera Species File2; Cigliano vd. 2023) göre, Mayıs 2023 itibarıyla, tanımlanmış 29.400'ün üzerinde Orthoptera türü listelenmiştir. Bununla birlikte, gerçek tür sayısının çok daha fazla, muhtemelen >50.000, olabileceği tahmin edilmektedir. Orthoptera takımı 29.000'in üzerinde tanımlanmış tür ile 1,3 milyon türe sahip Hexapoda alt şubesinin, Polyneoptera bölümünün (yarı başkalaşımly yeni kanatlılar) en çok türe sahip takımıdır (Cigliano vd. 2021). Orthoptera, karmaşık bir taksonomiye sahiptir. Son araştırmalar, Orthoptera'nın sınıflandırmasını iyileştirmek için moleküler tekniklerin kullanılmasına odaklanmıştır. Orthoptera taksonomisinin yanı sıra, içsel filogeninin çözülmesi için de moleküler teknikler sıklıkla kullanılmaktadır. Ancak bugüne kadar yapılan genetik tanımlamalar zengin Orthoptera takımını temsil etmekten çok uzaktır. Şimdiye kadar mitogenomu literatüre kazandırılan Orthoptera türleri tüm takım içindeki türlerin ancak %1,9'unu oluşturmaktadır (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>).

Orthoptera takımı Caelifera ve Ensifera olmak üzere iki alttakımdan oluşur ve her biri türlerin yaklaşık yarısını içerir. Caelifera alttakımının Pamphagidae, Acrididae, Tetrigidae, Tridactylidae ve Pyrgomorphidae familyalarının örneklerine Türkiye'de rastlanmaktadır (Eades vd. 2016; Demirsoy 1977). Ensifera alttakımına ait 9 infratakimden beşi fosil formlar içerirken Gryllidea, Rhaphidophoroidea, Schizodactyloidea ve Tettigoniidea yaşayan formlar içerir. Bunlardan sonuncusuna ait olan Tettigoniidae, Tettigoniidea süper ailesine ait yaşayan türleri içeren tek familyadır. Bu familya 7100'den fazla türü ile Orthoptera takımının en fazla tür içeren familyasıdır ve fosil formları hariç 19 farklı alt familyadan oluşur (Song vd. 2015; Cigliano vd. 2021). Bu alt familyaların kökenlerinin Batı Palearktık hatta daha da spesifik olarak Doğu Akdeniz olduğu tahmin edilmektedir. Tettigoniinae ile Phaneropterinae alt familyaları (Çıplak 2003) tanımlanmış türlerin yaklaşık %75'ine sahiptir. Bu sebeple bu iki alt familya, takımın iki temel grubu olarak sayılabilir.

Orthoptera takımının en kalabalık familyası olan Tettigoniidae, üçü fosil olmak üzere, 22 alt familya içerir (Cigliano vd. 2023). Güncel canlı temsilcisi olan 19 alt familyanın tür sayısı kalabalık olan Phaneropterinae, Pseudophyllinae, Conocephalinae ve Tettigoniinae temsilcileri en fazla olmak üzere toplam dokuz alt familyayı temsilen 86 türün mitokondri genomları tanımlanmış ve filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde kullanılmıştır (Çizelge 2.1). Ancak, kalan 10 alt familyanın mitogenomları henüz bilinmemektedir.

Çizelge 2.1. Mitogenomu tanımlanmış olan Tettigoniidae familyasına ait türler¹

Alt Familya	Tür İsmi	Erişim No	Kaynak
Conocephalinae	<i>Pseudorhynchus crassiceps</i> (Haan 1843)	NC_033990	Zhou vd. (2017)
	<i>Ruspolia</i> sp. (Schulthess 1898)	KX057717.1	
	<i>Ruspolia dubia</i> (Redtenbacher 1891)	NC_009876	Zhou vd. (2007)
	<i>Ruspolia yunnana</i> Lian ve Liu 1992)	MZ128147	Liu ve Bian (2021)
	<i>Ruspolia lineosa</i> (Walker 1869)	NC_033991.1	Zhou (2018)
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i> (Redtenbacher 1891)	NC_033992.1	
	<i>Conocephalus gladius</i> (Redtenbacher, 1891)	MT849265	Yuan vd. (2020)
	<i>Conanalus pili</i> (Tinkham 1943)	NC_033987	Zhou vd. (2018)
	<i>Anelytra obtusa</i> (Liu ve Bian 2021)	MZ403755	Bian ve Liu (2021)
	<i>Anelytra multicurvata</i> (Shi ve Qiu 2009)	MZ403754	
	<i>Palaeograecia brunnea</i> (Ingrisch, 1998)	OK638186	
	<i>Euconocephalus pallidus</i> (Karny 1907)	MW009066	Li N. (2020)
	<i>Euconocephalus nasutus</i> (Thunberg 1815)	MN183101.1	Gao vd. (2020)
	<i>Conocephalus differentus</i> (Shi ve Liang 1997)	MF347703.1	Liu ve Huang (2017)
	<i>Conocephalus melaenus</i> (Haan 1843)	NC_033988	Zhou (2017)
	<i>Conocephalus maculatus</i> (Le Guillou 1841)	NC_016696	Zhou vd. (2011)
Phanopterinae	<i>Holochlora fruhstorferi</i> (Stål 1873)	NC_033993	Zhou (2017)
	<i>Sinochlora longifissa</i> (Matsumura ve Shiraki 1908)	NC_021424	Liu vd. (2013)
	<i>Sinochlora szechwanensis</i> (Tinkham 1945)	NC_034994	Liu ve Huang (2017)
	<i>Ducetia</i> sp. (Stål 1874)	KX673198.1	Song vd. (2016)
	<i>Ducetia japonica</i> (Thunberg, 1815)	NC_031652	Guan vd. (2016)
	<i>Elimaea berezovskii</i> (Bey-Bienko 1951)	MT849266	Yuan vd. (2020)
	<i>Elimaea cheni</i> (Kang ve Yang 1992)	NC_014289	Zhou vd. (2010)
	<i>Phaneroptera gracilis</i> (Burmeister 1838)	NC_034756	Wang vd. (2017)
	<i>Phaneroptera nigroantennata</i> (Brunner von Wattenwyl 1878)	NC_034757	Qiu vd. (2017)
	<i>Phaneroptera falcata</i> (Poda, 1761)	KY458227.1	Liu ve Huang (2020)
	<i>Poecilimon cretensis</i> (Werner 1903)	OQ427618	Karakaş vd. (2022)
	<i>Poecilimon luschni</i> (Ramme 1933)	MK_757458	Öztürk ve Çıplak (2019)
	<i>Ispohya major</i> (Brunner von Wattenwyl 1878)	MK_759880	
	<i>Sinochlora retrolateralis</i> (Liu ve Kang, 2007)	KC467056.1	Liu ve Chang (2013)
	<i>Sinochlora sinensis</i> (Tinkham 1945)	MK903598.1	Chang (2020)
	<i>Deflorita</i> sp. (Brunner von Wattenwyl 1878)	KX057719.1	Zhou vd. (2017)

¹ (Devamı Arkada)

Çizelge 2.1. Devam Ediyor²

Alt Familya	Tür İsmi	Erişim No	Kaynak
Phaneropterinae	<i>Ruidocollaris sinensis</i> (Liu ve Kang 2014)	MT849268	Yuan vd. (2020)
	<i>Ruidocollaris convexipennis</i> (Caudell 1935)	MN083188.1	Chang vd. (2020)
	<i>Ruidocollaris obscura</i> (Liu ve Jin 1999)	NC_028160	Yang vd. (2016)
	<i>Kuwayamaea brachyptera</i> (Gorochov ve Kang 2002)	NC_028159	
	<i>Kuwayamaea chinensis</i> (Brunner von Wattenwyl 1878)	NC_033995	Zhou (2017)
Tettigoniinae	<i>Uvarovites inflatus</i> (Uvarov 1924)	NC_026231	Zhao (2014)
	<i>Gampsocleis gratiosa</i> (Brunner von Wattenwyl 1862)	NC_011200	Zhou vd. (2008)
	<i>Metrioptera bonneti</i> (Bolivar, 1890)	NC_033986	Zhou (2017)
	<i>Metrioptera ussuriensis</i> (Uvarov 1926)	NC_034796	Li (2017)
	<i>Atlanticus</i> sp. (Scudder 1894)	KX057730.1	Zhou vd. (2018)
	<i>Atlanticus sinensis</i> (Uvarov 1924)	MK903557.2	Chang vd. (2020)
	<i>Gampsocleis sedakovii</i> (Fischer von Waldheim 1846)	MK903561.2	
	<i>Gampsocleis gratiosa gratiosa</i> Brunner von Wattenwyl 1862)	MW092767.1	Zhou ve Ma (2020)
	<i>Tettigonia chinensis</i> (Willemse 1933)	KX057727.1	Zhou vd. (2017)
	<i>Anabrus simplex</i> (haldeman 1852)	NC_009967	Fenn vd. (2007)
	<i>Anterastes babadaghi</i> (Uvarov 1939)	MN_138365	Karşı & Çıplak (2019a)
	<i>Psorodonotus venosus</i> (Brunner von Wattenwyl 1861)	MK_951778	Karşı & Çıplak, (2019b)
Meconematinae	<i>Xizicus maculatus</i> (Xia 1993)	MG779499.1	Yang vd. (2012)
	<i>Xizicus fascipes</i> (Bey-Bienko 1955)	NC_018765	
	<i>Xizicus howardi</i> (Tinkham 1956)	KY458226.1	Liu ve Huang (2017)
	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i> (Tinkham 1944)	MH198673.1	Mao vd. (2018)
	<i>Microconema clavata</i> (Uvarov 1933)	MT849272	Yuan vd. (2020)
	<i>Acosmetura nigrogeniculata</i> (Liu 1998)	MK801775.1	Han vd. (2019)
	<i>Shoveliteratura triangula</i> (Shi 2011)	MN395747.1	Mao vd. (2020)
	<i>Grigoriora cheni</i> (Bey-Bienko 1955)	OM892710	Li ve Bian (2022)
	<i>Teratura megafurcula</i> (Tinkham, 1944)	MT767744.1	Shan vd. (2021)
	<i>Alloxiphidiopsis emarginata</i> (Tinkham 1944)	NC_065298	Mao vd. (2019)
	<i>Nipponomeconema sinica</i> (Liu 1998)	MK903580.1	Chang vd., (2020)
	<i>Phlugiolopsis punctata</i> (Wang 2012)	OM892709	Liang ve Bian (2022)
	<i>Phlugiolopsis tuberculata</i> (Xia 1993)	OM892715	
	<i>Phlugiolopsis brevis</i> (Xia 1993)	OM913480	
	<i>Paraphlugiolopsis jiangi</i> (Bian 2014)	OM892712	
	<i>Chandozhinskia hastaticercus</i> (Tinkham 1936)	OM892711	
	<i>Acosmetura nigrogeniculata</i> (Liu 1998)	MK801775.1	Mao (2019)
	<i>Decma fissa</i> (Xia 1993)	NC_033981	
	<i>Pseudocosmetura anjiensis</i> (Shi 1998)	NC_033853	Zhou vd. (2013)
	<i>Pseudokuzicus pieli</i> (Tinkham 1943)	NC_033982	

² (Devamı Arkada)

Çizelge 2.1. Devam Ediyor

Alt Familya	Tür İsmi	Erişim No	Kaynak
Bradyporinae	<i>Zichya tenggerensis</i> (Zheng 1986)	MT849271	Yuan vd. (2020)
	<i>Zichya baranovi</i> (Bey-Bienko 1933)	NC_033984	Zhou (2017)
	<i>Deracantha onos</i> (Pallas 1772)	NC_011813	Zhou vd. (2009)
Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus deterrentus</i> (Walker 1869)	NC_028158	Yang vd. (2015)
	<i>Phyllomimus</i> sp. (Stål 1873)	KX057722.1	Zhou vd. (2017)
	<i>Phyllomimus sinicus</i> (Beier 1954)	NC_033997	Zhou (2017)
	<i>Phyllozelus siccus siccus</i> (Walker 1869)	OM937880	He (2022)
	<i>Tympanophyllum maximum</i> (Rehn 1906)	OM966853	
	<i>Spinus spinus</i> (Scudder 1894)	OM994954	He (2022)
	<i>Pseudophyllus titan</i> (White 1846)	NC_034773	Li, (2017)
	<i>Tegra novaehollandiae</i> (Haan 1843)	KX057715.1	
	<i>Orophyllus montanus</i> (Beier 1954)	KX057714.1	
Listroscelidinae	<i>Hexacentrus japonicus</i> (Karny. 1907)	NC_033983	Zhou vd. (2017)
	<i>Hexacentrus unicolor</i> (Serville 1831)	NC_033999	
Lipotactinae	<i>Lipotactes tripyrga</i> (Chang 2005)	NC_033996	

Tettigoniidae familyası için mitokondriyal genomların karşılaştırmalı analizi ve evrimsel ilişkileri araştıran çalışmalar önemli bilgiler sağlamıştır. Bu çalışmalar, farklı alt ailelerin mitogenomlarını inceleyerek Phaneropterinae, Maconematinae, Mecopodinae, Conocephalinae ve Tettigoniinae gibi başlıca alt aileler arasındaki filogenetik ilişkileri aydınlatmıştır (Shi vd. 2016; Zhou vd. 2017; Öztürk ve Çıplak, 2019). Ayrıca, Tettigoniidae içerisindeki korunmuş gen içeriği ve düzeni üzerine yapılan çalışmalar, farklı türler arasında yüksek oranda korunmuş mitokondriyal genlerin bulunduğunu ortaya koymuştur (Zhang vd. 1995). Bu durum, mitogenomik mimarinin Tettigoniidae içinde istikrarlı olduğunu ve bu genlerin güçlü işlevsel ve evrimsel kısıtlamalara tabi olduğunu göstermektedir (Cameron 2014a; Öztürk ve Çıplak 2019). Bu korunmuş gen düzenlemeleri, türler arasında doğru karşılaştırmalar yapabilmek ve güvenilir filogenetik ağaçlar oluşturabilmek için önemli bir temel sağlamıştır.

2.2. *Saga natoliae* ve *Bradyporus latipes* Türleri

Saginae, Tettigoniidae'nin mitogenomu henüz tanımlanmamış 10 alt familyasından biridir. Toplamda beş cinse ait 45 tür içeren bu alt familyanın *Clonia*, *Cloniella* ve *Perigueyella* cinslerine ait 23 türü Sahraaltı Afrika'da yayılış gösterir. Dördüncü cins olan monotipik *Emptera* tropik Hindistan'dan rapor edilmişse de orijinal tanımdaki tek örnekten bu yana rastlanılmamıştır. Alt familyanın tip cinsi olan *Saga* 17 türü ile Ege Kıtası türevi olan Anadolu, Yunanistan ve Balkanların bir kısmında yayılış gösterir (Cigliano vd. 2023; Çıplak 2004). Gondwana kökenli olduğu düşünülen alt familyanın sadece Türkiye'de yayılış gösteren türleri *Saga cappadocica* (Werner 1903), *Saga hakkarica* (Şirin ve Taylan 2019), *Saga longicaudata* (Krauss, 1879), *Saga puella* (Werner, 1901), *Saga beieri* (Kaltenbach 1967) olarak sıralanabilir. Bu türlere ek olarak Türkiye dışında da yayılış gösteren *S. natoliae* (Serville, 1838), *S. syriaca* (Lucas 1864), *S. rhodiensis* (Salfi, 1929) ve *S. ephippigera* (Fischer von Waldheim 1846) olmak üzere

Saginae, Türkiye ve komşu Ege adalarında 9 türle temsil edilmektedir. Ayrıca, Yunanistan ve Balkanlarda yayılış gösteren sekiz türü vardır, bunlar: *S. campbelli* Uvarov, 1921; *S. gracilis* Kis, 1962; *S. hellenica* Kaltenbach, 1967; *S. ledereri* Saussure, 1888; *S. ornata* Burmeister, 1838; *S. pedo* (Pallas, 1771); *S. quadrisignata* Philippi, 1863 ve *S. rammei* Kaltenbach, 1965.

Saginae alt familyasındaki çekirgelerin mitokondriyal genomlarını tanımlayan bir çalışma bulunmamaktadır. Bununla birlikte, Mugleston vd. (2018)'in dört nükleer gen ve kısa bir mitokondriyal *cox2* geni dizisi kullanarak gerçekleştirdiği bir filogenetik analizde Saginae + (Zaprochilinae + (Phasmodinae + Tympanophorinae)) akrabalık ilişkisi ile bir klad oluşturmakta ve bu klad diğer tettigoniidlerin tümünü içeren klada kardeş grup olarak yer almaktadır. Yakın zamanda yayınlanan kapsamlı bir Orthoptera filogenisi Song vd. (2015) tarafından yayınlanmış, ancak bu analizde herhangi bir Saginae temsilcisine yer verilmemiştir. Yine, yakın zamanda Ensifera için mitogenom filogenisi üretilmiş (Zhou vd. 2017), ancak bu çalışmada da herhangi bir Saginae temsilcisi yer almamıştır. Bu nedenle, tez kapsamında *Saga natoliae* türü (Çizelge 2.2) kullanılarak bu açıklığın giderilmesi iki ana modülden birini oluşturmaktadır.

Çizelge 2.2. *Saga natoliae* türünün sistematikteki yeri

Takım	Orthoptera
Alt Takım	Ensifera
Üst Familya	Tettigonoidea
Familya	Tettigoniidae
Alt Familya	Saginae
Cins	<i>Saga</i> Charpentier, 1825
Tür	<i>Saga natoliae</i> Serville, 1838

Bradyporinae alt familyasının Tettigoniidae familyası içindeki filogenetik yeri açık değildir. Mugleston vd. (2018)'nin iki temsilci türle (*Deracantha* sp. ve *Ephippiger ephippiger*) analizlerine dahil ettikleri Bradyporinae alt familyası bağımsız bir klad olarak çıkmamıştır. Yakın zamanda Ensifera alttakımının mitofilogenisini yayınlayan Zhou vd. (2017) bu alt familyadan hem *Zichya baranovi* ve *Deracantha onos* türlerinin mitokondriyal genomlarını tanımlamış ve filogenetik analizlerine dahil etmişlerdir. Zhou vd. (2017)'de verilen ağaçta bu iki türün oluşturduğu kladın, diğer familyaların içerisinde çıkmayarak bağımsız olduğu ve Tettigoniinae alt familyasına kardeş grup olarak yer aldığı görülür. Yakın zamanda *Zichya tenggerensis* türünün mitogenomu tanımlanmış (Yuan vd. 2020) olsa da henüz bir filogenetik analize dahil edilmemiştir.

Bradyporinae ilginç bir yayılışa sahiptir. Üç tribustan oluşan bu alt familyanın Zichyini tribusu Doğu Palearktike (Mancurya) endemiktir. Ephippigerini İberya ve Kuzey Afrika'da yayılış gösterirken Bradyoporini tribusuna ait *Pycnogaster* cinsi İberya-Kuzeybatı Afrika ve *Bradyporus* cinsi ise yine Ege kıtası kökenli Anadolu, Yunanistan'da yayılış gösterir. Tropik Asya'ya özgü Zichyini tribusundan üç türün total mitogenomları çıkarılmış ve yayınlanmış olmasına karşın, yayılışı ile ilginçlik arz eden Bradyoporini ve Ephippigerini tribuslarından herhangi bir temsilcinin mitogenomu bilinmemektedir. Bu nedenle bu tez çalışmanın ikinci ana kısmı olarak Bradyoporini tribusundan bir temsilcinin, *Bradyporus latipes*, mitogenomunun tanımlanması ve üretilen mitogenom dizilerini

kullanarak hem Uzakdoğu yayılımı olan Zichyini tribusu ile filogenetik ilişkisini ortaya koymak, hem de Tettigoniidae içerisinde Bradyporinae alt familyasının filogenetik yerini saptamak amaçlanmıştır

Çizelge 2.3. *Bradyporus latipes* türünün sistematikteki yeri

Takım	Orthoptera
Alt Takım	Ensifera
Üst Familya	Tettigoinoidea
Familya	Tettigoniidae
Alt Familya	Bradyporinae
Tribus	Bradyporini
Cins	<i>Bradyporus</i> Charpentier, 1825
Tür	<i>Bradyporus latipes</i> , Stål, 1875

2.3. Yeni Nesil Sekanslama ile Mitokondriyal DNA (mtDNA)

Populasyonlar ve türler arasındaki evrimsel ilişkileri belirlemede mtDNA'nın kullanımı 1980'lerde başlamıştır (Moritz vd. 1987). Araştırmalarda yaygın olarak kullanılan mtDNA, sadece anneden kalıtıldığı için herhangi bir rekombinasyona uğramaz, bu yüzden organizmaların atalarının geçmişi hakkında bilgi sağlarken daha avantajlıdır (Avdeyev vd. 2016). Memeli hayvanlarda mtDNA'nın evrim hızı, nükleer DNA'dan çok daha (5-10 kat) yüksektir (Brown vd. 1982). Mitokondriyal DNA'daki ortalama evrim oranı milyon yılda %2'dir (Shields ve Wilson 1987). Bu oran, mtDNA'nın solunum sırasında üretilen oksijen radikallerine maruz kalmasından ve koruyucu ve onarım mekanizmalarının yokluğundan etkilenir (Pamplona 2011) ve nükleer genom ile evrim hızları farklıdır (Brown vd. 1982).

Mitokondri üzerine yapılan yoğun araştırmalar, bazı bilinmeyen yönleri ortaya çıkarmıştır (Anderson 1981). Mitogenomdan belirteçlerin seçilmesindeki ana zorluklardan biri, yanıltıcı koşulların potansiyel varlığıdır (Ekblom ve Galindo 2010). Heteroplazmi, nükleer genomdan aktarılan nükleer mitokondriyal psödogenler (numts) ve nadir mitokondriyal genom rekombinasyon olayları, sonuçlarda karmaşaya yol açabilen zorluklar arasındadır (Kaya ve Çıplak 2018; Tavares ve Baker 2008; Wallace 1994). Mitogenom belirteçleri yararlı veriler sağlarken, bu sınırlamalar doğru sonuçların elde edilmesini zorlaştırmaktadır (Gaziev ve Shaikhaev 2010)

Çalışmalar, yukarıda belirtilen potansiyel zorlukların tespit edilmesinin ve aşılmasının, daha uzun bölgelerin dizilenmesi ile mümkün olduğunu göstermiştir (Kaya ve Çıplak 2018). Bu nedenle, mitogenom çalışmalarının ana sınırlaması, geleneksel Sanger sıralama yönteminin kısıtlamalarına bağlanabilir (Kircher ve Kelso 2010). Sanger dizileme yöntemi, bir bölgenin yaklaşık 1000 baz çiftinin güvenilir dizilemesine izin verir (Rokas vd. 2003; Kaya ve Çıplak 2018). Yeni nesil dizileme (NGS) tekniklerinin geliştirilmesi, daha uzun DNA bölgelerinin dizilenmesini ve tüm mitokondriyal genomun incelenmesini sağlayarak veri üretiminin daha yüksek doğruluğu ve güvenilirliği ile sonuçlanmıştır (Guo vd. 2012; Wallace 2016).

Mitogenom dizisinin tamamına sahip olmak, verilerin daha etkili bir şekilde kullanılmasına izin verir (Zervas vd. 2019). Klasik yöntem kullanılarak elde edilen diziler, düşük sayıda SNP varyasyonu içerir ve sınırlı bir karakter matrisi sağlar (Zervas vd. 2019). Toplam DNA dizisine sahip olmak, daha yüksek SNP varyasyonlarının analizi, mitogenom genlerinin düzenlenmesi, genomik translokasyonların varlığı/yokluğu, translokasyonların varsa filogenetik bir özellik gösterip göstermediği, komşu lokusların DNA üzerindeki etkisi gibi çeşitli konuların karşılaştırmalı olarak araştırılmasına olanak sağlar (Taanman 1999). Bu nedenle, 1980'lerin sonunda başlayan Sanger dizileme yöntemi, hızla yerini toplam mitogenom dizileme yöntemine bırakmış ve artan sayıda türde toplam mitogenom dizilerinin yayınlanması başlamıştır (Fenn vd. 2007).

Son zamanlarda, yeni nesil dizileme, özellikle Illumina dizileme, mtDNA elde etmek için alternatif bir yaklaşım haline geldi (Weissensteiner vd. 2016). Bu hızlı ve etkili teknik, yalnızca mitogenomların filogenetik yeniden yapılanmada kullanımına ilgi uyandırmakla kalmadı, aynı zamanda yayınlanan toplam mitogenom dizilerinin sayısında da hızlı bir artışa yol açtı. NGS, geleneksel Sanger dizilemesine kıyasla mitokondriyal genom araştırmasında devrim yaratarak sayısız avantaj sunuyor. Daha kısa sürede ve daha düşük maliyetle büyük miktarda veri üreterek yüksek verimli analizlere olanak sağlar (Yang vd. 2020). Bu, tüm mitokondriyal genomun (toplam mitogenom) daha verimli bir şekilde dizilenmesine izin vererek, yapısı ve varyasyonunun kapsamlı bir şekilde anlaşılmasını sağlar (Hert vd. 2008).

NGS, nadir varyantların ve heteroplazmik mutasyonların tanımlanmasını sağlayarak Sanger dizilemesinin sınırlamalarının üstesinden gelir (Guo vd. 2014). Ayrıca NGS, mitokondriyal genomdaki linkaj dengesizliği, gen düzenlemeleri, translokasyonlar ve seçim baskılarının analizini kolaylaştırarak daha yüksek doğruluk ve kapsam derinliği sağlar (Zhang ve Huang 2008). Bu ilerlemeler, yayınlanan toplam mitogenom dizilerinin sayısında hızlı bir artışla sonuçlandı ve evrimsel ilişkiler ve populasyon genetiği anlayışımızı önemli ölçüde geliştirdi (Schlötterer vd. 2016). Bu kullanışlılığından hareketle yukarıda tanımlandığı gibi, Saginae ve Bradyporinae alt familyalarından birer temsilcinin mitogenomlarının tanımlanması ve bu alt familyaların filogenetik yerlerinin belirlenmesinde kullanılması için NGS yaklaşımı ile veri üretimi amaçlanmıştır.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Örneklerin Eldesi ve DNA İzolasyonu

Tez kapsamında çalışılması planlanan *Saga natoliae* ve *Bradyporus latipes* türlerinin aynı lokasyondan toplanan ikişer örneğinden (çizelge 3.1.) DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Bu işlem için PureLink Genomic DNA kiti (Invitrogen, ThermoFisher Scientific), üretici firma tarafından önerilen protokol izlenerek kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. *Saga natoliae* ve *Bradyporus latipes* türlerinin çalışılan örneklerinin alındığı lokaliteler

Tür ismi	Lokasyonu
<i>Bradyporus latipes</i>	Antalya, Bey Dağları, Güzle Mah., N:36.88782 E:30.3033 1777 m, 16/06/2021, Leg. BÇ, MYK, OU, ÖY, Det. B. Çıplak
<i>Saga natoliae</i>	Antalya, Döşemealtı Ahırtaş Mah. N:37.19506 E: 30.72732, 412m 16/06/2021, Leg. BÇ, MYK, OU, ÖY Det. B. Çıplak

Arka femur dokusundan yaklaşık 25 mg kas dokusu tüplere alınarak, üzerlerine 20 ul proteinaz K ve 180 ul genomik sindirim tamponu eklenmiş, üzerleri parafinle kapatıldıktan sonra 55 °C’da 1-4 saat arası inkübe edilmiştir. İnkübasyon sırasında tüpler belli aralıklarla vortekslenerek kimyasalların iyice karışması sağlanmıştır. İnkübasyonu tamamlanan dokuların bulunduğu likit kısım santrifüjlenerek tüpün içindeki partiküllerin oturtulması sağlanmış, ardından üstte kalan sıvı kısım yeni ve temiz tüplere aktarılıp üzerlerine RNaz A eklenerek RNA parçalarının sindirilmesi hedeflenmiştir. Ardından, tüplere %96’lık etanol eklenerek iyice vortekslenerek karıştırılmıştır. Bu adımdan sonra saflaştırma adımına geçilerek DNA istenmeyen artık maddelerden arındırılarak yeni nesil sekanslamaya uygun hale getirilmiştir. Yeterli DNA konsantrasyonu elde edilen örnekler 2-5 µg/50 µl çözelti halinde hazırlanarak hizmet alımı yoluyla yeni nesil sekanslamasının yapılması için ilgili firmaya gönderilmiştir. Illumina HiSeq 2000 teknolojisi ile yeni nesil dizileme yöntemi ile diziletilen eşli uç okumalardan her bir örneğin dizileri indirilmiş ve ayrı ayrı dosyalar olarak kaydedilmiştir.

3.2 Yeni Nesil Sekanslama ve Gen Annotasyonu

Teslim alınan diziler Linux sisteminde “concatenate” komutu ile birleştirilerek, “fq.gz” zip dosyalarından çıkartılıp “.fq” uzantılı dosya haline getirilip, assembly için işlemlere başlanmıştır. *Bradyporus latipes*’e ait okumalar, veriyi online olarak kullanmayı sağlayan bir server platformu olan Galaxy portalına yüklenmiş (<https://usegalaxy.eu/>), bu ortamda Bowtie2 (Langmead ve Salzberg 2012) programı ile okumalar assembly programlarına yüklenmeye uygun consensus dizileri haline getirilmiştir.

Bu işlem için “veri tek yönlü mü iki yönlü mü? (is this single or paired library)” seçeneği eldeki veriler iki uçtan okumaya sahip olduğu için “iki yönlü (paired end)” seçeneği seçilerek dizi 1 ve dizi 2 FASTA/Q file #1 ve #2 numaraya yüklenmiş, “yükleme geçmişinizden bir referans genomu mu seçeceksiniz yoksa yerleşik bir dizin mi

kullanacaksınız? (will you select a reference genome from your history or use a built-in index?) seçeneği için “yükleme geçmişinizden bir referans genom seç (Use a genom from history and build index)” seçilmiş ve yüklenmiş *Bradyporus latipes* için *Psorodonotus venosus* (MK_951778; Karşı ve Çıplak 2019) referans olarak seçilmiştir. Varsayılan analiz modları arasından “çok duyarlı-lokal (very sensitive local)” seçeneği işaretlenmiştir. Çıktı dosyalarını Sequence Alignment Map (SAM)/ Binary Alignment Map (BAM) olarak aktive edilip ve “hızalanamayan okumalar için SAM kayıtlarını gizle (suppress SAM records for reads that failed to align)” seçeneklerine evet denilerek geriye kalan tüm ayarlar varsayılan olarak bırakılmıştır. Alınan “.sam” uzantılı dosyalar GENEIOUS v.11.0.3 (Kearse vd. 2012) programı ile kontrol edilerek içlerindeki düşük kaliteli dizileri fast.qz dosyalarındaki skorlar göz önüne alınarak elenmiş, sonunda bir *Saga natoliae* bir *Bradyporus latipes* olmak üzere iki temsilcinin dizileri ile çalışılmaya karar verilmiştir. Elde edilen sam dosyası GENEIOUS v.11.0.3. (Kearse vd. 2012) programına yüklenerek konsensus diziler elde edilmiştir.

Saga natoliae için; okumalar GENEIOUS v.11.0.3 (Kearse vd. 2012) programına yüklenmiş ve “Map to reference” özelliği ile hâlihazırda tanımlanmış kısa gen bölgelerinden dizinin tamamına ulaşılmıştır. Bu işlem için; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/> sitesinden *Saga natoliae* için bu türe ait KX446660 erişim numaralı olan *cox2* geni dizisi (Mugleston 2018) seçilmiş, ayarlar “duyarlılık orta/yüksek (sensitivity high sensitivity/medium” ve “hassas ayarlarda 5 defaya kadar yineleyin (fine tuning: iterate up to 5 times)” olarak seçilmiş kalanlar varsayılan olarak bırakılmıştır. Her bir döngü tamamlandığında elde edilen okumaların konsensus dizisi bir sonraki çekme işlemi için referans olarak alınarak yeni bir döngü başlatılmış, halkasal yapı tamamlanana kadar *cox2* geninin etrafındaki genlerden başlayarak tüm protein kodlayan genler, tRNA, rRNA genleri ve AT zengin bölge elde edilmiştir.

3.3. Genom Annotasyonu

Konsensus dizilerden gen yerleşimlerinin belirlenmesi (annotasyonu), genlerin başlangıç ve bitiş nükleotidleri, örtüşen ve kodlama yapmayan diziler, tekrarlı bölgelerin pozisyonları, AT zengin bölge (replikasyon ve transkripsiyon orijini), genlerin ağır ve hafif zincirdeki yerleşimi MITOS web ortamının (<http://mitos.bioinf.uni-leipzig.de/index.py>) (Bernt vd. 2013) yardımıyla belirlenmiştir. MITOS ile analiz yapılırken “genetic code” parametresi için “invertebrate” seçeneği seçilerek analizler gerçekleştirilmiştir. Halkasal yapısı tamamlanan konsensus dizileri .fasta dosyası olarak çıktı alınmış ve MITOS arayüzüne yüklenmiştir. Alınan “.gff” uzantılı anotasyon haritası GENEIOUS v.11.0.3 (Kearse vd. 2012) üzerinden .fasta dosyasıyla birleştirilerek genlerin anotasyonları için temel oluşturmuştur.

Mitokondriyal genomun anotasyon işlemi gerçekleştirilmiştir. Bu işlem sırasında protein kodlayan genlerin (toplam 13 gen), tRNA genlerinin (toplam 22 gen), ribozomal RNA genlerinin yerleşim yerlerine (toplam iki gen), PKGlerin başlangıç ve bitiş kodonlarına, ağır ya da hafif zincirde yer almalarına, birbirleriyle örtüşen bölgelere, aralarına giren kodlama yapmayan bölgelere ve AT’ce zengin replikasyon orijini bölgesinin yerleşim yerine karar verilmiştir. İşlemler GENEIOUS v.11.0.3. (Kearse vd. 2012) programı üzerinden omurgasız mitogenomu seçeneği seçilerek gen ifadelerine bakılarak manuel olarak gerçekleştirilmiştir.

3.3.1. Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu

Protein kodlayan genlerin başlangıç ve bitiş kodonları, uzunlukları, ağır ya da hafif zincirde bulunmaları gibi bilgiler genomun karakteri için ayırt edici bilgiler sunmaktadır. Bu özelliklerin tanımlanması için MITOS (Bernt vd. 2013) online arayüzünden “omurgasız” seçeneği seçilerek analiz başlatılmış, elde edilen veriler temel alınmış, ardından böcek mitogenomuna uygunluğu kontrol edilmiş, standart başlangıç ve bitiş kodonları verilen dizi içerisinde aratılmıştır. Protein kodlayan genlerde dizi arasında stop kodon bulunma ihtimali olmadığı varsayarak MITOS’tan alınan verilerin gen çerçevelerine uyup uymadığı test edilmiş ve çerçeve kaymalarının önüne geçilmiştir. Bazı durumlarda tam “sonlandırma” kodonuna rastlanmadığı için uzun verilen genler “T” ya da “TA” gibi eksik stop kodonların tespiti ile etiketlenmesi yapılmıştır. Yapılan etiketlemeler MEGA v. 7 (Kumar vd. 2016) programında omurgasız seçeneği ile tekrar kontrol edilmiş, başlangıç ve bitiş kodonlarına karar verilmiştir. Başlama ve bitiş kodonları ve toplam amino asit dizisi karşılaştırmalı olarak belirlenen genlerin anotasyonunun tamamlandığı düşünülmüştür.

3.3.2. tRNA genlerinin anotasyonu

tRNA genleri böceklerde iyi korunmuş olarak karakterize edilmiştir. Gen etiketlenmesi sırasında bu özellikleri gözetilerek başlangıç ve bitiş noktaları, uzunlukları ve yerleşimlerine karar verilmiştir. Diziler ARWEN (Laslet ve Cänbeck 2008) tRNAscan-SE (Lowe ve Eddy 2007) programlarına yüklenerek tRNA’ların yerleri MITOS programından alınan yerleşimler ile kıyaslanarak teyit edilmiştir. ARWEN programında tRNA genlerinin kararlı yonca yaprağı yapısını gösterip göstermediği kontrol edilmiş, anti-kodon kullanımlarına karar verilmiştir.

3.3.3. rRNA genlerinin anotasyonu

rRNA genleri, tipik olarak tRNA genleri ile uç uca eklenmiş fakat kesişmeyen yapıda olmalarıyla karakterizedir ve tek başına yerleşimlerine karar vermek oldukça zordur. Bu nedenle, komşu tRNA genlerinin yerleşimi referans alınarak rRNA bölgelerinin yerleşimine karar verilmiştir.

3.3.4. Kodlama yapmayan bölgenin anotasyonu

Kodlama yapmayan ve özellikle AT bakımından zengin bölgenin karakterizasyonu yapılmıştır. Bu işlem için diziler MEGA v. 7 (Kumar vd. 2016) programına aktarılmış, *rrnS* bölgesinin bitişinden tRNA kodlayan diğer gen bölgesi arasındaki bölge AT zengin bölge olarak kabul edilmiştir.

3.4. Mitogenom İstatistikleri

Elde edilen dizilerde ve GenBanktan indirilen temsilci türlerde bulunan 13 PKG, 22 tRNA, iki rRNA ve AT zengin bölgenin her birisinin ayrı olarak matrisleri oluşturulmuş ve toplamda 38 ayrı matris elde edilmiştir. Bu veri setlerinden protein kodlayan genler için; başlangıç ve bitiş kodonları veri setinden uzaklaştırılmış, kodon kullanma eğilimleri, bulundurduğu amino asit içeriği ve göreceli sinonim kodon kullanımı (RSCU) MEGA v. 7 (Kumar vd. 2016) üzerinden analiz edilmiştir.

Perna ve Kocher (1995) tarafından önerilen formül kullanılarak her veri seti için ayrı ayrı zincir asimetri analizi yapılmış ve AT ve GC eğrilerini içeren sonuçlar elde edilmiştir. Bu işlem için aşağıdaki denklem kullanılmıştır:

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

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

Karakterize edilen genler aminoasit dizilerine dönüştürülerek mitogenomun total aminoasit kompozisyonu ve hangi aminoasitlerin kullanımı yönünde bir eğilim olduğu MEGA v. 7 (Kumar vd. 2016) programına aktarılıp “Statistics” opsiyonu kullanılarak belirlenmiştir. Göreli sinonim kodon kullanım değerleri yine MEGA v.7 (Kumar vd. 2016) programı kullanılarak hesaplanmış ve mitogenomun kodon kullanım eğilimleri belirlenerek veri setine dahil edilen türler ile karşılaştırılmıştır.

Son olarak çalışma kapsamında üretilen iki türün mitogenomuna ek olarak, Orthoptera takımına ait daha önce rapor edilen ve GenBank veritabanında mevcut 169 türün mitogenom dizi bilgileri de GENEIOUS v.11.0.3. (<https://www.geneious.com>) (Kearse vd. 2012) programına aktarılmıştır ve mitogenom anotasyonları bakımından farklılık ve/veya benzerlik olup olmadığı manuel olarak karşılaştırmalı şekilde kontrol edilmiştir.

3.5. Filogenetik Analizler İçin Veri Setinin Hazırlanması

Çalışılan Bradyporinae ve Saginae alt familyalarının temsilcilerinin filogenetik yerinin belirlenmesi için Tettigoniidae familyasında yer alan her bir alt familyaya ait temsilci diziler seçilerek veri matrisi oluşturulmuş ve analiz edilmiştir. Veri tabanlarında kamuya açık dizisi olan 11 alt familyayı (3’ü dış gruplara ait) temsilen 36 dizi indirilerek veri matrisinin oluşturulmasında kullanılmıştır (Çizelge 4.1).

GenBanktan indirilen fasta ve “.gff” uzantılı veriler birleştirilerek literatüre geçmiş (bakınız tablodaki referanslar) anotasyonları elde edilmiştir. Diziler ve anotasyonları rRNA, tRNA, AT zengin bölge ve protein kodlayan genlerin tekil verileri GENEIOUS v.11.0.3. (<https://www.geneious.com>) (Kearse vd. 2012) üzerinden ayrı olarak seçilmiş ayrı bir dosya olarak elde edilmiş, programdan fasta dosyası olarak çıktısı alınmıştır. Alınan dosyalar MAFFT version 7 (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) üzerinden “alışılmadık sembollere izin ver (Selenocysteine "U", Inosine "I", alfabetik olmayan karakterler, vb.) (allow unusual symbols (Selenocysteine "U", Inosine "I", non-alphabetical characters, etc.)) parametresi seçilmiş, büyük harf/küçük harf için “girdiyle aynı seçeneklerinden (Same as input)” parametresi işaretlenmiş, dizilerin yönüne karar verilmiş ve çıktıların hizalanmış (aligned) olması istenmiştir.

Çizelge 3.2. Tettigoniidae familyasına ait alt familyaların filogenetik analizi için hazırlanan veri setine dahil edilen diziler

Alt familya	Tür	Erişim No	Referans
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	-	BU ÇALIŞMA
Bradyporinae	<i>Bradyporus latipes</i>	-	BU ÇALIŞMA
	<i>Zichya baranovi</i>	NC_033984	Zhou (2017)
	<i>Deracantha onos</i>	NC_011813	Zhou vd. (2009)
Tettigoniinae	<i>Metrioptera ussuriana</i>	NC_033986	Zhou (2017)
	<i>Metrioptera ussuriana</i>	NC_034796	Li (2017)
	<i>Anterastes babadaghi</i>	MN_138365	Karşı ve Çıplak (2019a)
	<i>Atlanticus sinensis</i>	MK903557.2	Chang vd. (2020)
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	NC_011200	Zhou vd. (2008)
	<i>Uvarovites inflatus</i>	NC_026231	Zhao (2014)
	<i>Psorodonotus venosus</i>	MK_951778	Karşı ve Çıplak, (2019b)
	<i>Tettigonia chinensis</i>	KX057727.1	Zhou vd. (2017)
Conocephalinae	<i>Conocephalus differentus</i>	MF347703.1	Liu ve Huang (2017)
	<i>Conocephalus maculatus</i>	NC_016696	Zhou vd. (2011)
	<i>Conanalis piei</i>	NC_033987	Zhou (2018)
	<i>Ruspolia dubia</i>	NC_009876	Zhou vd. (2007)
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	NC_033992.1	Zhou (2018)
Mecopodinae	<i>Mecopoda niponensis</i>	NC_021380	Zhou vd. (2013)
	<i>Mecopoda elongata</i>	NC_021379	Zhou vd. (2012)
Meconematinae	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	MH198673.1	Mao vd. (2018)
	<i>Shoveliteratura triangula</i>	MN395747.1	Mao vd. (2020)
	<i>Decma fissa</i>	NC_033981	Zhou (2017)
Phaneropterinae	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	NC_028159	Yang vd. (2016)
	<i>Ducetia</i> sp.	KX673198.1	Song vd. (2016)
	<i>Ducetia japonica</i>	NC_031652	Guan vd. (2016)
	<i>Deflorita</i> sp.	KX057719.1	Zhou vd. (2017)
	<i>Elimaea cheni</i>	NC_014289	Zhou vd. (2010)
	<i>Phaneroptera gracilis</i>	NC_034756	Wang vd. (2017)
	<i>Poecilimon luschani</i>	MK_757458	Öztürk ve Çıplak, (2019)
	<i>Isophya major</i>	MK_759880	
	<i>Ruidocollaris obscura</i>	NC_028160	Yang vd. (2016)
	<i>Sinochlora retrolateralis</i>	KC467056.1	Liu ve Chang (2013)
Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus deterrentus</i>	NC_028158	Yang vd. (2016)
	<i>Orophyllus montanus</i>	KX057714.1	Zhou vd. (2017)
Listroscelidianae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	NC_033999	Zhou vd. (2017)
Dişgrup	<i>Oecanthus sinensis</i>	KY783908.1	Zhou ve Ma (2020)
	<i>Comicus campestris</i>	KM657337.1	Song vd. (2014)
	<i>Diestrammena asynamora</i>	KX057726	Zhou vd. (2017)

Elde edilen hizalanmış, 37 gen bölgesini içeren veri seti MEGA v. 7 (Kumar vd. 2016) programına yüklenmiş, hizalama sekmesinden yeni dosya oluşturulmuş ve dosyalar yüklenmiştir. Yüklenen dosyalarda protein kodlayan genler için “protein ifadeleri çevrilmiş (translated protein sequences)” protein kodlayan genlerin çerçeveye oturup oturmadığı tespit edilmiş, yine protein kodlayan genler için başlangıç ve bitiş kodonları veri setinden uzaklaştırılmıştır.

3.6. Filogenetik Ağaçların Eldesi

Saga natoliae ve *Bradyoporus latipes*’in filogenilerini belirlemek için Bayes çıkarımı (BI) ve maksimum olasılık (ML) olmak üzere iki farklı yöntem kullanılmıştır. BI analizi için, model parametrelerinin dağılımlarını hesaplamak için Markov Chain Monte Carlo (MCMC) yöntemini kullanan MrBayes v.3.2.7 (Ronquist vd. 2012) yazılımı seçilmiştir. PartitionFinder 2.1.1. (Lanfear vd. 2017) programından elde edilen ve protein kodlayan genler için kodon başına hesaplanan baz değişim modelleri analizde kullanılmıştır her bir pozisyon için (birinci, ikinci ve üçüncü) ayrı analizler yapılmıştır. Analizlerde Schizodactylidae (Blanchard, 1845) ailesine ait *Comicus campestris* (Irish 1986), Rhabdophoridae (Walker, 1869) ailesine ait *Diestrammena asynamora* (Adelung 1902) ve Oecanthidae (Blanchard 1845) ailesine ait *Oecanthus sinensis* (Walker, 1869) dış grup olarak matrise eklenmiştir. BI analizi, 1.000.000 MCMC tekrar ile 4 zincir akış içerecek şekilde seçilmiş ve her 1.000 tekrar ağacı kaydedilecek ve üretilen ağaçların ilk %25’lik kısmı atılacak (yakılacak) şekilde kodlanmıştır. Bayes istatistiklerinin parametre değerleri, özellikle analiz çıktısından .lp ve .2p dosyaları TRACER (Rambaut vd. 2018) programı incelenerek değerlendirilmiştir. Etkin örneklem büyüklüğü 200’ün üzerinde olması güvenilir analiz için yeterli kabul edildiğinden, örneklem büyüklüğü bu değerlere ulaşana kadar analiz izlenmiştir.

Çizelge 3.3. PartitionFinder tarafından önerilen modeller. (PKG’lerin yanında parantez içinde verilen sayılar kaçınıcı pozisyonuna ait olduğunu göstermektedir)

Gruplar	En iyi model	# Pozisyon	Gen bölgeleri
1	GTR+I+G	1762	<i>cox1</i> (1), <i>nad3</i> (1), <i>atp6</i> (1), <i>cox2</i> (1), <i>cytb</i> (1), <i>cox3</i> (1), <i>nad6</i> (1)
2	GTR+I+G	3120	<i>nad4L</i> (2), <i>nad1</i> (2), <i>nad5</i> (2), <i>nad2</i> (2), <i>atp6</i> (2), <i>nad3</i> (2), <i>cox3</i> (2), <i>cox1</i> (2), <i>cox2</i> (2), <i>cytb</i> (2)
3	GTR+I+G	2168	<i>nad2</i> (3), <i>cytb</i> (3), <i>nad3</i> (3), <i>nad6</i> (2), <i>atp8</i> (3), <i>atp6</i> (3), <i>cox2</i> (3), <i>cox3</i> (3), <i>cox1</i> (3)
4	HKY+I+G	663	<i>nad6</i> (3), <i>atp8</i> (2), <i>atp8</i> (1)
5	GTR+I+G	3991	<i>rrnL</i> , <i>rrnS</i> , <i>trnP</i> , <i>trnY</i> , <i>trnF</i> , <i>trnL1</i> , <i>trnH</i> , <i>trnV</i> , <i>nad4L</i> (1), <i>nad1</i> (1), <i>nad5</i> (1)
6	GTR+I+G	1453	<i>nad1</i> (3), <i>nad4</i> (3), <i>nad5</i> (3), <i>nad4L</i> (3)
7	GTR+I+G	1603	<i>nad2</i> (1), <i>trnC</i> , <i>trnW</i> , <i>trnQ</i> , <i>trnK</i> , <i>trnA</i> , <i>trnM</i> , <i>trnN</i> , <i>trnR</i> , <i>trnE</i> , <i>trnD</i> , <i>trnT</i> , <i>trnI</i> , <i>trnS1</i> , <i>trnG</i> , <i>trnL2</i> , <i>trnS2</i>
8	GTR+I	895	<i>nad4</i> (1), <i>nad4</i> (2)

Maksimum olasılık hesaplamasına dayalı filogenetik ağaçlar oluşturmak için, IQ-TREE2 (Minh vd. 2020) programı, 1000’lik bir seç-bağla tekrarı kullanılarak belirlenen dış gruplarla beraber analiz edilmiştir. IQ-TREE2’deki (Minh vd. 2020) Modelfinder işlevi, kodon başına evrimsel baz değişim modellerini hesaplamak için kullanılmış ve ardından ağaçlar oluşturulmuştur.

4. BULGULAR

4.1. Elde Edilen Verilerin Özellikleri

Örneklerin total mitokondriyal dizilerini elde edebilmek için hizmet alımı yapılmış ve firmadan elektronik ortam üzerinden gönderilen veriler indirilmiştir. Firma tarafından gönderilen verilerin okuma sayısı yaklaşık 30×10^6 olup, her bir örnek için veri büyüklüğü yaklaşık 2.2 GB boyutundadır.

4.2. Edinilen NGS Verileri

Yeni nesil dizileme teknolojileri ile elde edilen veriler, GENEIOUS v.11.0.3 programına aktarılmıştır. *Saga natoliae* türü için referans olarak kendi türüne ait *cox2* geni (Genbank erişim no KX446660; Mugleston vd. 2016) ve *Bradyporus latipes* için *Psorodonotus venosus*'a ait total mitogenom (Genbank erişim no: MK_951778; Karşı ve Çıplak 2019b) seçilmiştir. Bu referans genlere göre, her örneğin mitogenomu çekilmiş ve elde edilen ilk diziler konsensus olarak kaydedilmiştir. Bu konsensus dizileri, bir sonraki aşamada referans dizi olarak kullanılarak işlem tekrarlanmıştır. Her aşamada, her referansa bağlı olarak mitogenomun daha da uzatılmasıyla adım adım tam bir mitogenoma ulaşılmış ve tüm işlemler başarıyla tamamlanmıştır. Ardışık okuma çekmelerden elde edilen mitogenom uzunlukları *Saga natoliae* için 15806 bç ve *Bradyporus latipes* için 15778 bç olarak tespit edilmiştir.

4.3 Mitogenom Karakterizasyonu

4.3.1. *Saga natoliae* türünün mitogenom özellikleri

Saga natoliae türünün elde edilen toplam mitogenomu 15806 bç uzunluğundadır. Annotasyonu sonucunda mitogenomun 13 PKG, 22 tRNA, iki rRNA ve kontrol bölgesi (replikasyon orijini) olmak üzere 37 gen bölgesi ve AT zengin bölgeye sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu gen bölgelerinden 14 tanesinin hafif zincirde ve 23 tanesinin ağır zincirde bulunduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.1)

Diğer orthopterlerle yapılan karşılaştırmalar sonucu elde edilen *Saga natoliae* türünün gen yerleşimi ve genlerin bulunduğu zincirin *trnR* geni haricinde literatürde tanımlı atasal pankrustase mitogenomuyla aynı olduğu saptanmıştır.

4.3.1.1. PKG karakterizasyonu

Protein kodlayan 13 genin toplam uzunluğu hesaplanmıştır. Bu genlerden *nad5* (1.716 bç), *nad4* (1.336 bç), *nad4L* (297 bç) ve *nad1* (951 bç) genleri hafif zincirde yer alırken kalan PKG'ler olan *nad2*, *cox1*, *cox2*, *atp6*, *atp8*, *cox3*, *nad3*, *nad6* ve *cytb* (uzunlukları sırasıyla; 1.032, 1.539, 691, 162, 675, 789, 1354) ağır zincirde konumlanmışlardır. Hafif zincir (4.300 bç) ve ağır zincir (6.242 bç) toplamı 10.542 bç olmaktadır ve toplam AT oranı %66,3'tür. (Çizelge 5.1.)

Çizelge 4.1. *Saga natoliae* türünün mitogenom özeti

Gen	Zincir	Başlangıç baz pozisyonu	Bitiş baz pozisyonu	Uzunluk	Bir sonraki genle arasındaki bölge	Başla kodonu	Sonlanma kodonu	Anti-kodon
<i>trnI</i>	J	74	138	65	0			GAU
<i>trnQ</i>	N	139	207	69	23			UUG
<i>trnM</i>	J	231	296	66	-3			CAU
<i>nad2</i>	J	294	1325	1032	-2	TTA	TAA	
<i>trnW</i>	J	1324	1390	67	-8			UCA
<i>trnC</i>	N	1383	1444	62	0			GCA
<i>trnY</i>	N	1445	1509	65	-2			GUA
<i>cox1</i>	J	1508	3046	1539	-5	CCG	TAA	
<i>trnL2</i>	J	3042	3107	66	0			UAA
<i>cox2</i>	J	3111	3801	691	0	ATG	T--	
<i>trnK</i>	J	3802	3871	70	-1			CUU
<i>trnD</i>	J	3871	3936	66	0			GUC
<i>atp8</i>	J	3937	4098	162	-7	ATC	TAA	
<i>atp6</i>	J	4092	4766	675	-17	ATG	TAA	
<i>cox3</i>	J	4750	5538	789	0	ATG	TAA	
<i>trnG</i>	J	5538	5602	65	0			UCC
<i>nad3</i>	J	5603	5956	354	12	ATT	TAA	
<i>trnA</i>	J	5969	6033	65	0			UGC
<i>trnR</i>	N	6034	6097	64	19			UCG
<i>trnN</i>	J	6117	6182	66	19			GUU
<i>trnS1</i>	J	6202	6268	67	12			GCU
<i>trnE</i>	J	6281	6347	67	-2			UUC
<i>trnF</i>	N	6346	6412	67	10			GAA
<i>nad5</i>	N	6423	8138	1716	0	ATT	TAG	
<i>trnH</i>	N	8139	8204	66	3			GUG
<i>nad4</i>	N	8208	9543	1336	-7	ATG	T--	
<i>nad4l</i>	N	9537	9833	297	2	ATG	TAA	
<i>trnT</i>	J	9836	9899	64	-1			UGU
<i>trnP</i>	N	9899	9963	65	1			UGG
<i>nad6</i>	J	9965	10492	528	-1	ATT	TAA	
<i>cytb</i>	J	10492	11625	1134	7	ATC	TAA	
<i>trnS2</i>	J	11631	11698	68	16			UGA
<i>nad1</i>	N	11715	12665	951	0	TTG	TAA	
<i>trnL1</i>	N	12666	12730	65	0			UAG
<i>rrnL</i>	N	12731	14034	1304	0			
<i>trnV</i>	N	14035	14105	71	0			UAC
<i>rrnS</i>	N	14106	14885	780	0			
AT Zengin Bölge		14886	15806	921				

Annotasyonu yapılan PKG'lerden en uzununu 1.715 bç uzunluğundaki *nad5* geni iken en kısası 162 bç uzunluğundaki *atp8* genidir. Protein kodlayan genlerden *cytb*, *cox2*, *cox3*, *atp6*, *nad4* ve *nad4L* "ATG" başlama kodonuna; *nad2*, *nad3* ve *atp8* "ATC" başla kodonuna; *nad5* "ATT", *nad1* "TTA" ve *cox1* geni ise "CCG" başla kodonuna sahiptir. PKG'lerden *nad1*, *nad4L*, *nad6*, *cox1*, *cox3*, *atp6*, *atp8* ve *cytb* "TAA" sonlanma kodonuna; *nad3* ve *nad5* "TAG" sonlanma kodonuna ve *cox2*, *nad2* ve *nad4* ise "T--" eksik sonlanma kodonuna sahiptir (Çizelge 4.6).

4.3.1.2. tRNA genlerinin karakterizasyonu

Saga natoliae türü için yapılan mitogenom annotasyon işlemi sonucunda toplam 1.498 bç uzunluğunda 22 adet tRNA saptanmıştır ve AT oranı %71,2'dir. Bu tRNA'lardan 13 tanesi ağır zincirde yer alırken dokuz tanesi hafif zincirde yer almaktadır. Ağır zincirden kodlanan tRNA genlerinin toplam uzunluğu 968 bç iken hafif zincirden kodlanan tRNA genlerinin uzunluğu toplam 530 baz çiftidir (Çizelge 4.1).

Saga natoliae'ye ait annotasyonu yapılan tRNA genlerinin boyutları en uzununu 71 bç uzunluğunda *trnV*, en kısası ise 62 bç uzunluğunda *trnC* olmak üzere 71-62 bç arasında değişkenlik göstermiştir. *trnS1* dışında kalan tRNA genlerinin tamamı mitokondriyal tRNA genlerinde beklenen ikincil yapıya (dört kollu yonca yaprağı) katlanmaktadır. *trnS1*'de ise DHU kolunun D-sap'ı (D-stem) eksiktir.

4.3.1.3. rRNA genlerinin karakterizasyonu

Ribozomal RNA genlerinin ikisi de hafif zincirde yer almakta ve yerleşim olarak atasal mitokondriyal genom ile uyumluluk göstermektedir. Küçük alt ünite geni *rrnS*'in uzunluğu 780 bç olup *trnV* ile replikasyon orijini arasında yer alır. Büyük alt ünite rRNA geni olan *rrnL* ise 1304 bç uzunluğunda olup *trnL1* ve *trnV* arasında yer alır. Nükleotit kompozisyonlarına bakıldığında *rrnL* geninde %31,5 GC, %68,5 oranında AT nükleotidi, *rrnS*'de ise %34,1 GC, %65,9 AT nükleotidi bulundurduğu tespit edilmiştir.

4.3.1.4. Kontrol bölgesi ve kodlama yapmayan bölgelerin karakterizasyonu

Saga natoliae mitogenomunda uzunluğu 1 ile 23 baz çifti arasında değişen ve toplam uzunluğu 124 baz çifti olan 11 kodlama yapmayan bölge tespit edilmiştir. Kodlama yapmayan bölgeler şunlardır: *trnQ-trnM* (23 bç), *nad3-trnA* (12 bç), *trnR-trnN* (19 bç), *trnN-trnS1* (19 bç), *trnS1-trnE* (12 bç), *nad5-trnF* (10 bç), *nad4-trnH* (3 bç), *cytb-trnS2* (7 bç), *nad4L-trnT* (2 bç) *trnP-nad6* (1 bç), ve *trnS2-nad1* (16bç).

AT'ce-zengin bölgenin *Saga natoliae* mitogenomunda 921 bç uzunluğunda olduğu görülmüştür. A ve T bazlarının yoğunlukta olmasıyla karakterize olan bu bölgede AT oranı %74,2 olarak hesaplanmıştır.

4.3.1.5. Çakışan bölgelerin karakterizasyonu

Yapılan analizler sonucunda *Saga natoliae* mitogenomunda toplam uzunluğu 56 bç olan 12 çakışma bölgesi tespit edilmiştir. Bunlardan en uzun olanı toplam 17 bç uzunluğundaki (ATGTCAACACACGCTAA) *atp6* ve *cox3* arasındaki bölgede görülmüştür. Diğer çakışan bölgeler şunlardır: *trnW-trnC* (8 bç), *trnY-cox1* (2 bç), *trnL2-*

cox2 (5 bç), *trnK-trnD* (1 bç), *trnM- nad2* (3 bç), *atp8-atp6* (7 bç), *trnW- nad2* (2 bç), *trnE- trnF* (2 bç), *nad4- nad4l* (7 bç), *trnT- trnP* (1 bç) ve *cytb- nad6* (1 bç).

4.3.1.6. Mitokondriyal genomun nükleotid ve amino asit kompozisyonu

Saga natoliae mitokondri genomunun nükleotid bileşimi, her bir PKG (protein kodlayan gen) için toplam nükleotid bileşimi ile 1., 2. ve 3. kodon pozisyonlarına göre hesaplanmıştır (Tablo 4.2). Bu analize göre, en yüksek AT içeriğine sahip gen *atp8* (%83,75)'dir ve bunu *nad4l* (%75,26) geni takip etmektedir. En düşük AT içeriğine sahip gen ise *cox3* (%58,43) genidir. Kodon pozisyonlarına bakıldığında, PKG'lerin ortalama en yüksek AT oranının 3. kodon pozisyonunda (%73,43) olduğu ve bunu 2. kodon pozisyonunun (%63,84) izlediği bulunmuştur. En düşük AT oranı ise 1. kodon pozisyonunda (%61,64) tespit edilmiştir (Tablo 4.2).

PKG'lerin her biri için amino asit bileşimi belirlenmiş, sonrasında en yaygın bulunan amino asitler hesaplanmıştır (Tablo 4.4). Bu analizlere göre, ortalama olarak en sık kullanılan amino asidin %16,7 ile lösin olduğu görülmüştür. Ardından sırasıyla serin ve izolösin amino asitleri gelmektedir. En az kullanılan amino asitler ise sırasıyla sistein, aspartik asit ve arjinindir. Bazı PKG'lerde sistein, glisin, glutamik asit, histidin, prolin, valin ve tirozin amino asitlerinin kullanılmadığı gözlemlenmiştir. Bunlardan *atp8* geninde kullanılmayan dört amino asit (sistein, glutamin, aspartik asit ve valin) bulunmaktadır. Diğer genlerden *nad2* (aspartik asit), *cox1* (sistein), *nad3* (tirozin), *nad4L* (prolin) ve *nad1* (histidin) genlerinde bir amino asit kullanılmadığı tespit edilmiştir.

PKG'lerin toplam dizisi üzerinden görel kodon kullanma eğilimleri (RSCU, Relative Synonymous Codon Usage) değeri hesaplanmış ve böylece en sık kullanılan kodonlar belirlenmiştir (Tablo 4.3). Daha sonra en çok kullanılan kullanılan kodonların analizleri yapılmış ve türün mitogenomunun kodon eğilimlerinin UUG (Leu), UUU (Phe) ve AUU (Ile) kodonları yönünde olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.2 *Saga natoliae* türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları

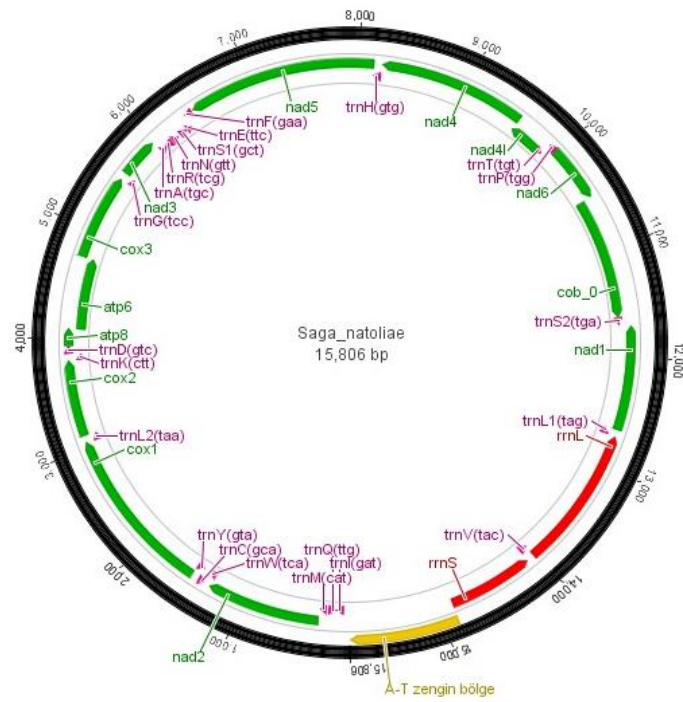
	Tüm Gende Toplam				Kodonun 1. pozisyonunda				Kodonun 2. pozisyonunda				Kodonun 3. pozisyonunda			
PKG	%A	%C	%T	%G	%A1	%C1	%T1	%G1	%A2	%C2	%T2	%G2	%A3	%C3	%T3	%G3
<i>nad1</i>	26,65	9,66	45,54	18,15	27,71	8,60	40,13	23,57	16,88	17,83	49,04	16,24	35,35	2,55	47,45	14,65
<i>nad2</i>	28,10	25,48	36,14	10,27	33,72	18,60	33,43	14,24	16,86	26,45	45,35	11,34	33,72	31,40	29,65	5,23
<i>nad3</i>	29,38	26,27	33,62	10,73	31,36	21,19	28,81	18,64	15,25	22,03	49,15	13,56	41,53	35,59	22,88	0,00
<i>nad4</i>	28,69	7,87	45,77	17,68	28,76	7,64	43,60	20,00	16,85	14,16	49,21	19,78	40,45	1,80	44,49	13,26
<i>nad4L</i>	28,18	6,87	47,08	17,87	24,74	9,28	41,24	24,74	19,59	10,31	54,64	15,46	40,21	1,03	45,36	13,40
<i>nad5</i>	28,48	9,47	43,04	19,01	29,81	8,84	37,44	23,92	19,24	16,29	47,31	17,16	36,40	3,29	44,37	15,94
<i>nad6</i>	30,11	29,73	33,33	6,82	38,64	26,70	23,30	11,36	21,02	25,00	47,16	6,82	30,68	37,50	29,55	2,27
<i>cytb</i>	29,35	21,13	37,14	12,38	28,91	20,95	27,32	22,81	21,75	22,55	42,44	13,26	37,40	19,89	41,64	1,06
<i>cox1</i>	26,58	25,02	32,42	15,98	27,29	22,22	22,61	27,88	17,93	25,15	40,74	16,18	34,50	27,68	33,92	3,90
<i>cox2</i>	30,72	25,07	31,16	13,04	32,17	22,17	23,04	22,61	25,65	23,48	37,83	13,04	34,35	29,57	32,61	3,48
<i>cox3</i>	26,62	26,74	31,81	14,83	24,71	23,95	27,38	23,95	20,91	23,57	37,26	18,25	34,22	32,70	30,80	2,28
<i>atp6</i>	45,137	27,41	32,15	13,789	36,44	24,00	24,00	15,56	16,44	24,44	46,22	32,843	37,33	33,78	26,22	24,504
<i>atp8</i>	44,955	30,86	35,80	11,780	45,131	31,48	40,74	25,628	22,22	29,63	38,89	46,266	40,74	31,48	27,78	0,00
<i>total</i>	28,35	19,07	37,95	14,63	29,87	17,01	31,77	21,35	18,97	21,03	44,87	15,14	36,22	19,18	37,21	7,39

Çizelge 4.3. *Saga natoliae* türünde PKG'lerin göreceli sinonim kodon kullanımları (RSCU)

KODON	AAA	AAG	AAC	AAU	UCA	UCC	UCG	UCU	AGA	AGC	AGG	AGU	AUG	AUA
Amino asit	Lys		Asn		Ser								Met	
total	49	25	51	104	67	61	7	81	71	25	1	34	46	178
total RSCU	1,32	0,68	0,66	1,34	1,54	1,41	0,16	1,87	1,64	0,58	0,02	0,78	0,41	1,59
KODON	CCA	CCC	CCG	CCU	CGA	CGC	CGG	CGU	CUA	CUC	CUG	CUU	UUA	UUG
Amino asit	Pro				Arg				Leu					
total	36	25	5	81	23	6	4	24	103	69	7	90	269	70
total RSCU	0,98	0,68	0,14	2,2	1,61	0,42	0,28	1,68	1,02	0,68	0,07	0,89	2,65	0,69
KODON	GCA	GCC	GCG	GCU	GGA	GGC	GGG	GGU	GUA	GUC	GUG	GUU	UAC	UAU
Amino asit	Ala				Gly				Val				Tyr	
total	62	53	5	85	95	20	41	73	98	25	16	74	50	110
total RSCU	1,21	1,03	0,1	1,66	1,66	0,35	0,72	1,28	1,84	0,47	0,3	1,39	0,62	1,38
KODON	AUC	AUU	CAA	CAG	CAC	CAU	GAA	GAG	GAC	GAU	ACA	ACC	ACG	ACU
Aminoasit	Ile		Gln		His		Glu		Asp		Thr			
total	98	216	69	10	32	51	63	15	22	50	71	57	9	80
total RSCU	0,62	1,38	1,75	0,25	0,77	1,23	1,62	0,38	0,61	1,39	1,31	1,05	0,17	1,47
KODON	UGA	UGG	UGC	UGU	UUC	UUU								
Amino asit	Trp		Cys		Phe									
total	24,38	4,02	1,61	9,64	31,07	53,58								
total RSCU	1,72	0,28	0,29	0,69	1,71	1,27								

Çizelge 4.4. *Saga natoliae* PKG'lerin amino asit kompozisyonu (Yeşil, en çok kullanılan amino asitler; Sarı, kullanılmayan amino asitler)

	<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>ortalama</i>
<i>Ala</i>	5,2	7,8	5,2	3,7	5,3	6,8	5,1	5,6	5,2	3,0	3,4	5,8	7,3	5,8
<i>Cys</i>	0,9	0,0	0,9	0,0	0,9	0,8	0,8	1,9	2,0	3,0	0,6	0,8	1,6	1,0
<i>Asp</i>	0,0	2,9	3,9	0,0	0,4	1,1	2,5	1,9	1,1	1,0	1,7	3,2	1,6	1,5
<i>Glu</i>	2,6	1,8	3,9	0,0	1,3	2,7	4,2	2,8	1,6	4,0	1,1	0,8	3,2	2,1
<i>Phe</i>	8,4	7,8	6,1	11,1	7,6	9,5	9,3	6,1	7,4	11,1	7,4	8,5	11,0	8,1
<i>Gly</i>	4,4	9,0	3,5	0,0	4,4	8,0	2,5	7,9	8,8	6,1	2,3	6,6	7,3	5,9
<i>His</i>	1,5	2,9	3,0	7,4	3,1	5,7	0,8	0,9	1,3	2,0	1,1	3,2	0,0	2,0
<i>Ile</i>	10,2	8,6	7,8	1,9	10,2	7,6	13,6	7,5	4,9	4,0	12,5	9,8	6,0	8,3
<i>Lys</i>	2,6	1,2	1,3	3,7	0,9	0,4	3,4	1,4	2,7	1,0	2,8	1,9	2,2	1,7
<i>Leu</i>	19,2	13,1	13,0	18,5	17,8	12,5	17,8	17,7	20,4	19,2	19,9	12,4	17,0	16,7
<i>Met</i>	5,5	4,9	4,8	7,4	6,7	2,3	4,2	6,8	7,4	6,1	4,5	5,3	5,4	5,4
<i>Asn</i>	4,4	3,1	7,0	1,9	6,2	3,0	1,7	3,7	2,2	3,0	6,3	5,6	2,2	3,4
<i>Pro</i>	2,9	5,5	4,8	7,4	4,4	4,9	3,4	2,1	2,5	0,0	5,1	5,8	3,2	4,1
<i>Gln</i>	2,3	2,3	3,0	3,7	1,8	3,0	1,7	1,9	1,1	4,0	2,8	2,1	1,6	2,4
<i>Arg</i>	0,6	1,6	3,0	0,0	1,8	1,5	2,5	0,9	1,3	2,0	0,6	2,1	2,2	1,6
<i>Ser</i>	13,1	7,8	8,3	16,7	9,3	6,5	11,9	12,2	10,8	9,1	8,5	5,6	8,5	9,5
<i>Thr</i>	8,1	6,8	8,3	5,6	8,9	8,4	5,1	3,5	3,1	3,0	10,2	5,8	3,8	6,5
<i>Val</i>	2,0	6,4	6,1	0,0	4,0	5,3	4,2	8,0	6,7	13,1	2,8	6,3	7,6	5,1
<i>Trp</i>	2,6	2,9	2,6	5,6	2,2	4,9	4,2	2,6	3,1	2,0	1,1	3,2	1,9	2,6
<i>Tyr</i>	3,2	3,5	3,5	3,7	2,2	4,6	0,0	4,4	6,1	2,0	4,5	5,0	6,3	3,7



Şekil 4.1. *Saga natoliae* türünün halkasal total mitogenom haritası

4.3.2. *Bradyporus latipes* türünün mitogenom özellikleri

Bradyporus latipes türünün elde edilen toplam mitogenom uzunluğu 15778 bç uzunluğundadır. Yapılan çalışmalar sonucunda türün 13 PKG, 22 tRNA, iki rRNA olmak üzere 37 gen bölgesine ve bir AT zengin bölgeye sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu gen bölgelerinden 13 tanesinin hafif zincirde 24 tanesinin ağır zincirde bulunduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.5.). *Bradyporus latipes* türünün gen yerleşim sırasının atasal panktustaselerdeki gibi olduğu saptanmıştır.

4.3.2.1. PKG karakterizasyonu

Protein kodlayan 13 genin toplam uzunluğu 10576 bç olarak hesaplanmıştır ve total AT oranı %70.4'tür. Bu genlerden *nad5*, *nad4*, *nad4L* ve *nad1* genleri hafif zincirde yer alır ve uzunlukları sırasıyla 1755, 1339, 297, 918 ve toplamda 4.309 bç uzunluğunda iken kalan protein kodlayan genler olan *nad2*, *cox1*, *cox2*, *atp6*, *atp8*, *cox3*, *nad3*, *nad6* ve *cytb*'nin uzunlukları sırasıyla 1029, 1545, 691, 162, 714, 789, 1337 bç olan bu genler ağır zincirde konumlanmışlardır.

Annote edilen PKG'lerden en uzununu 1755 bç uzunluğundaki *nad5* geni iken en kısası 162 bç uzunluğundaki *atp8* genidir. Protein kodlayan genlerden *cytb*, *cox2*, *cox3*, *atp6*, *nad4* ve *nad4L* ATG; *nad2* ve *atp8* ATC *nad5* ve *nad6* ATT; *nad1* TTA ve *cox1* CCG başla kodonuna sahiptir. Sonlanma kodonları *nad1*, *nad4L*, *nad6*, *cox3*, *atp6*, *atp8* ve *cytb*'de TAA; *cox3*, *nad3* ve *nad5*'te TAG sonlanma kodonuna sahip iken *nad4*, *cox1*, *cox2* ve *nad2* ise T-- eksik sonlanma kodonuna sahiptir.

4.3.2.2. tRNA genlerinin karakterizasyonu

Bradyporus latipes türü için yapılan mitogenom anotasyonu sonucunda toplam 1456 bç uzunluğunda 22 adet tRNA geni saptanmıştır. Bunlardan 14 tanesi ağır zincirde ve diğer 8 tanesi hafif zincirde yer almaktadır. Ağır zincirde kodlanan tRNA genlerinin toplam uzunluğu 926 bç iken hafif zincirde kodlananları ise 530 baz çiftidir. *Bradyporus latipes*'e ait annotate edilen tRNA genlerinin en uzununu 71 bç ile *trnV*, en kısası ise 62 bç ile *trnC* olmak üzere, 22 genin uzunlukları 71-62 bç arasında değişir. *trnS1* dışında kalan tRNA genlerinin tamamı mitokondriyal tRNA genlerinde beklenen ikincil yapıyı (dört kollu yonca yaprağı) meydana getirmektedir.

Çizelge 4.5. *Bradyporus latipes* türünün mitogenom özeti

Gen	Zincir	Başlangıç baz pozisyonu	Bitiş baz pozisyonu	Uzunluk	Bir sonraki genle arasındaki bölge	Başla kodonu	Sonlanma kodonu	Anti-kodon
<i>trnI</i>	J	1	65	65	0			GAU
<i>trnQ</i>	N	66	134	69	23			UUG
<i>trnM</i>	J	158	223	66	0			CAU
<i>nad2</i>	J	224	1252	1029	-2	ATC	T--	
<i>trnW</i>	J	1251	1317	67	-8			UCA
<i>trnC</i>	N	1310	1371	62	0			GCA
<i>trnY</i>	N	1372	1436	65	-2			GUA
<i>cox1</i>	J	1435	2979	1545	-5	CCG	T--	
<i>trnL2</i>	J	2975	3040	66	3			UAA
<i>cox2</i>	J	3044	3734	691	0	ATG	T--	
<i>trnK</i>	J	3735	3804	70	-1			CUU
<i>trnD</i>	J	3804	3869	66	0			GUC
<i>atp8</i>	J	3870	4031	162	-8	ATC	TAA	
<i>atp6</i>	J	4025	4738	714	-14	ATG	TAA	
<i>cox3</i>	J	4725	5513	789	-1	ATG	TAA	
<i>trnG</i>	J	5513	5577	65	0			UCC
<i>nad3</i>	J	5578	5934	357	10	ATA	TAA	
<i>trnA</i>	J	5945	6009	65	0			UGC
<i>trnR</i>	J	6010	6073	64	19			UCG
<i>trnN</i>	J	6093	6158	66	19			GUU
<i>trnS1</i>	J	6178	6244	67	12			GCU
<i>trnE</i>	J	6257	6323	67	-2			UUC
<i>trnF</i>	N	6322	6388	67	10			GAA
<i>nad5</i>	N	6399	8150	1752	0	ATT	TAA	
<i>trnH</i>	N	8151	8216	66	0			GUG
<i>nad4</i>	N	8217	9555	1339	-7	ATG	T--	
<i>nad4l</i>	N	9549	9845	297	2	ATG	TAA	
<i>trnT</i>	J	9848	9911	64	-1			UGU
<i>trnP</i>	N	9911	9975	65	1			UGG
<i>nad6</i>	J	9977	10504	528	-1	ATA	TAA	
<i>cytb</i>	J	10504	11640	1137	-1	ATG	TAA	
<i>trnS2</i>	J	11640	11707	68	16			UGA
<i>nad1</i>	N	11724	12647	924	0	TTA	TAA	
<i>trnL1</i>	N	12648	12712	65	0			UAG
<i>rrnL</i>	N	12713	14016	1304	0			
<i>trnV</i>	N	14017	14087	71	0			UAC
<i>rrnS</i>	N	14088	14861	774	0			
AT Zengin Bölge		14862	15778	917				

4.3.2.3. rRNA genlerinin karakterizasyonu

Ribozomal RNA genlerinin ikisi de hafif zincirde yer alır. Küçük alt üniteyi kodlayan *rrnS*'in uzunluğu 780 bç olup *trnV* ile kontrol bölgesi arasında yer alır. Büyük alt üniteyi kodlayan rRNA geni olan *rrnL* ise toplam 1304 bç uzunluğunda olup *trnL1* ve *trnV* arasında yer alır. Nükleotit kompozisyonlarına bakıldığında *rrnL* geninde %31,5 GC, %68,5 oranında AT nükleotidi, *rrnS*'de ise %34,2 GC, %65,8 AT nükleotidi bulundurduğu tespit edilmiştir.

4.3.2.4. Kontrol bölgesi ve kodlama yapmayan bölgelerin karakterizasyonu

Bradyporus latipes mitogenomunda uzunluğu 1 ile 23 bç arasında değişen ve toplam uzunluğu 115 bç olan 10 kodlama yapmayan bölge tespit edilmiştir. Bu bölgelerden en uzununu *trnM-trnQ* arasındaki 23 bç'lik bölgedir. Kodlama yapmayan diğer ara bölgeler şunlardır; *trnQ-trnM* (23 bç), *trnL2-cox2* (3 bç), *nad3- trnA* (10 bç), *trnR-trnN* (19 bç), *trnN- trnS1* (19 bç), *trnS1- trnE* (12 bç), *nad5- trnF* (10 bç), *nad4l- trnT* (2 bç) *trnP-nad6* (1 bç), ve *trnS2-nad1* (16 bç). AT zengin bölgenin *Bradyporus latipes*'te 914 bç uzunluğunda olduğu ve AT oranının %74,3 olduğu kaydedilmiştir.

4.3.2.5. Çakışan bölgelerin karakterizasyonu

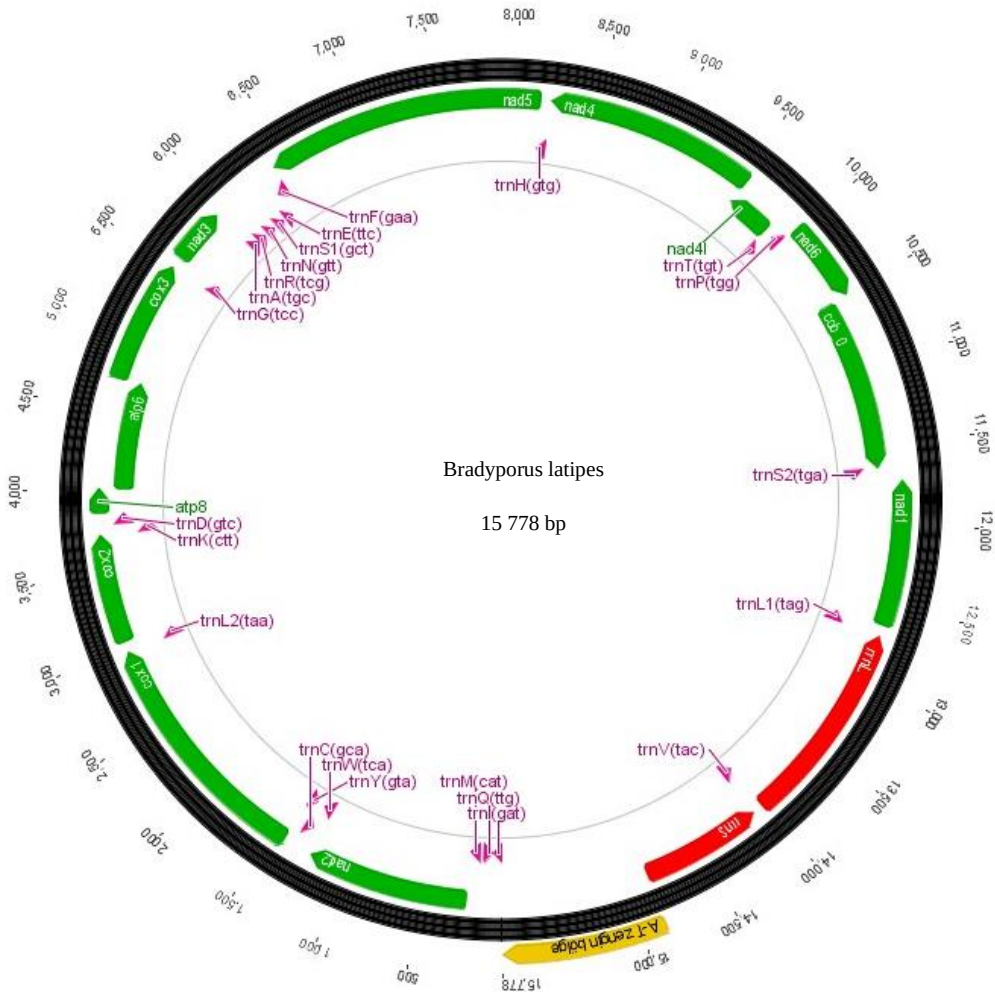
Mitogenom anotasyonu sonucunda toplam uzunluğu 56 bç olan 13 adet çakışan bölge tespit edilmiştir. Bunlardan en uzun olanı toplam 14 bç uzunluğundaki *atp6* ve *cox3* genlerinin çakışmasıdır. Diğer çakışan bölgeler şunlardır: *trnW-nad2* (2 bç), *trnW-trnC* (8 bç), *trnY-cox1* (2 bç), *trnL2- cox2* (5 bç), *trnK-trnD* (1 bç), *trnM- nad2* (3 bç), *atp8-atp6* (7 bç), *trnG- cox3* (1 bç), *trnE- trnF* (2 bç), *nad4- nad4l* (7 bç), *trnT- trnP* (1 bç), *cytb- trnS2* (1 bç) ve *cytb- nad6* (1 bç).

4.3.2.6. *Bradyporus latipes* mitokondriyal genomunun nükleotid ve amino asit kompozisyonu

Bradyporus latipes mitokondri genomunun nükleotid bileşimi, her bir PKG (protein kodlayan gen) için toplam nükleotid bileşimi ile 1., 2. ve 3. kodon pozisyonlarına göre hesaplanmıştır (Çizelge 4.6.). Bu analize göre, en yüksek AT içeriğine sahip gen *atp8* (%76,54) ve bunu *nad4l* (%75,42) geni takip etmektedir. En düşük AT içeriğine sahip gen ise *nad2* (%64,27) genidir. Kodon pozisyonlarına bakıldığında, PKG'lerin ortalama en yüksek AT oranının 3. kodon pozisyonunda (%78,82) olduğu ve bunu 1. kodon pozisyonunun (%67,28) izlediği bulunmuştur. En düşük AT oranı ise 2. kodon pozisyonunda (%65,09) tespit edilmiştir (Çizelge 4.9).

PKG'lerin her biri için amino asit bileşimi belirlenmiş ve en yaygın bulunan amino asitler hesaplanmıştır (Çizelge 4.8.). Bu analize göre, ortalama olarak en sık kullanılan amino asidin %16,5 ile lösin olduğu görülmüştür. Ardından sırasıyla serin ve izolösin amino asitleri gelmektedir. En az kullanılan amino asitler ise sırasıyla sistein, aspartik asit ve arjinindir. Bazı PKG'lerde sistein, glutamik asit, histidin ve aspartik asit amino asitlerinin kullanılmadığı gözlemlenmiştir. Bunlardan *atp8* geninde kullanılmayan üç amino asit (sistein, glutamin, aspartik asit) bulunmaktadır. Diğer genlerden ise *cox1* (sistein) ve *nad1* (histidin) genlerinde bir amino asit kullanılmadığı tespit edilmiştir.

PKG'lerin toplam dizisi üzerinden göreceli kodon kullanma eğilimleri (RSCU, Relative Synonymous Codon Usage) değeri hesaplanmış ve böylece en sık kullanılan tRNA ve kodon belirlenmiştir (Çizelge 4.7.). Bu analize göre, en çok kullanılan amino asit yine lösin amino asididir. Onu serin, fenilalanin, izolösin amino asitleri izlemektedir. Daha sonra en çok kullanılan kodonların analizleri yapılmış ve türün mitogenomunun kodon eğilimlerinin UUC (Leu), UUU (Phe) ve AUU (Ile) kodonları yönünde olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 4.2. *Bradyporus latipes* türünün halkasal total mitogenomu

Çizelge 4.6. *Bradyporus latipes* türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları

	Tüm Gende Toplam				Kodonun 1. pozisyonunda				Kodonun 2. pozisyonunda				Kodonun 3. pozisyonunda			
PKG	%A	%C	%T	%G	%A1	%C1	%T1	%G1	%A2	%C2	%T2	%G2	%A3	%C3	%T3	%G3
<i>nad1</i>	21,24	10,46	44,12	24,18	23,86	10,13	39,54	26,47	16,99	18,30	47,06	17,65	22,88	2,94	45,75	28,43
<i>nad2</i>	18,37	39,36	18,36	26,72	13,99	34,40	14,58	28,57	23,32	48,69	8,45	31,78	17,78	34,99	2,04	19,83
<i>nad3</i>	33,05	19,89	36,13	10,92	34,45	18,49	29,41	17,65	17,65	21,85	47,90	12,61	47,06	19,33	31,09	2,52
<i>nad4</i>	28,70	7,85	45,74	17,71	28,92	7,62	43,50	19,96	16,82	14,13	49,33	19,73	40,36	1,79	44,39	13,45
<i>nad4L</i>	28,62	6,73	46,80	17,85	25,25	9,09	41,41	24,24	20,20	10,10	54,55	15,15	40,40	1,01	44,44	14,14
<i>nad5</i>	29,46	9,17	42,96	18,40	30,77	8,21	37,61	23,42	19,49	16,75	47,35	16,41	38,12	2,56	43,93	15,38
<i>nad6</i>	37,31	17,23	38,64	6,82	47,16	16,48	26,70	9,66	23,30	19,32	49,43	7,95	41,48	15,91	39,77	2,84
<i>cytb</i>	29,46	21,02	37,12	12,40	29,02	20,84	27,44	22,69	21,90	22,43	42,48	13,19	37,47	19,79	41,42	1,32
<i>cox1</i>	29,26	17,99	37,54	15,21	27,57	17,09	28,16	27,18	18,25	24,66	41,17	15,92	41,94	12,23	43,30	2,52
<i>cox2</i>	34,78	17,25	36,23	11,74	35,22	19,13	26,52	19,13	27,39	20,87	38,70	13,04	41,74	11,74	43,48	3,04
<i>cox3</i>	29,91	19,39	36,63	14,07	27,76	22,05	28,52	21,67	21,29	22,05	38,40	18,25	40,68	14,07	42,97	2,28
<i>atp6</i>	31,09	19,05	39,64	10,22	36,55	17,23	31,09	15,13	15,55	26,89	44,96	12,61	41,18	13,03	42,86	2,94
<i>atp8</i>	36,42	17,28	40,12	6,17	37,04	12,96	42,59	7,41	27,78	22,22	40,74	9,26	44,44	16,67	37,04	1,85
<i>total</i>	30,10	14,97	40,30	14,63	32,27	12,87	35,01	19,85	21,98	18,28	43,11	16,63	36,05	13,78	42,77	7,41

Çizelge 4.7. *Bradyporus latipes* türünde PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanımları (RSCU)

KODON	AAA	AAG	AAC	AAU	UCA	UCC	UCG	UCU	AGA	AGC	AGG	AGU	AUG	AUA
Amino asit	Lys		Asn		Ser								Met	
total	15,99	6,39	9,06	45,3	23,98	8,26	2,93	17,59	14,39	5,6	6,13	13,86	9,33	45,83
total RSCU	1,43	0,57	0,33	1,67	2,07	0,71	0,25	1,52	1,24	0,48	0,53	1,2	0,34	1,66
KODON	CCA	CCC	CCG	CCU	CGA	CGC	CGG	CGU	CUA	CUC	CUG	CUU	UUA	UUG
Amino asit	Pro				Arg				Leu					
total	10,92	4,53	0,8	17,59	5,86	1,33	1,6	3,46	18,92	4,8	0,8	20,25	73,54	12,52
total RSCU	1,29	0,54	0,09	2,08	1,91	0,43	0,52	1,13	0,87	0,22	0,04	0,93	3,37	0,57
KODON	GCA	GCC	GCG	GCU	GGA	GGC	GGG	GGU	GUA	GUC	GUG	GUU	UAC	UAU
Amino asit	Ala				Gly				Val				Tyr	
total	10,39	7,99	1,33	18,65	26,91	5,6	10,13	20,78	22,92	4,26	2,93	27,18	10,13	39,97
total RSCU	1,08	0,83	0,14	1,94	1,7	0,35	0,64	1,31	1,6	0,3	0,2	1,9	0,4	1,6
KODON	AUC	AUU	CAA	CAG	CAC	CAU	GAA	GAG	GAC	GAU	ACA	ACC	ACG	ACU
Amino asit	Ile		Gln		His		Glu		Asp		Thr			
total	19,72	73,27	16,52	0,53	5,86	14,92	15,45	4,26	4,26	15,45	23,18	11,46	1,87	21,32
total RSCU	0,42	1,58	1,94	0,06	0,56	1,44	1,57	0,43	0,43	1,57	1,6	0,79	0,13	1,47
KODON	UGA	UGG	UGC	UGU	UUC	UUU								
Amino asit	Trp		Cys		Phe									
total	24,51	7,99	5,86	12,26	29,04	65,81								
total RSCU	1,51	0,49	0,65	1,35	0,61	1,39								

Çizelge 4.8. *Bradyporus latipes* PKG'lerin aminoasit kompozisyonu (Yeşil, en çok kullanılan aminoasitler; Sarı, kullanılmayan ya da en az kullanılan aminoasitler).

	<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>ortalama</i>
<i>Ala</i>	2,9	7,0	5,2	3,7	5,0	5,3	5,0	5,1	5,2	3,0	3,4	5,8	7,1	5,1
<i>Cys</i>	0,6	0,0	0,9	0,0	0,8	0,8	0,8	1,9	2,0	3,0	0,6	0,8	1,6	0,9
<i>Asp</i>	0,3	2,9	3,9	0,0	1,3	1,1	2,5	2,6	1,1	1,0	1,7	3,2	1,6	1,6
<i>Glu</i>	2,6	1,7	3,9	0,0	1,7	2,7	4,2	2,1	1,6	4,0	1,1	0,8	2,9	2,2
<i>Phe</i>	8,5	7,8	6,1	11,1	7,6	8,7	8,4	7,4	7,4	1,1	7,4	8,4	11,4	7,9
<i>Gly</i>	4,4	8,9	3,5	0,0	4,2	7,2	3,4	6,7	8,7	6,1	2,3	6,6	7,1	5,5
<i>His</i>	1,2	2,9	3,0	7,4	3,8	5,7	0,8	1,0	1,3	2,0	1,1	3,2	0,0	2,3
<i>Ile</i>	10,8	8,5	7,8	1,9	11,3	8,0	16,0	7,2	4,9	4,0	12,5	10,0	5,8	8,6
<i>Lys</i>	2,6	1,2	1,3	3,7	0,8	1,1	3,4	3,3	2,7	1,0	2,8	1,8	2,3	2,0
<i>Leu</i>	17,2	13,0	13,0	18,5	15,5	12,5	16,8	16,8	20,6	19,2	19,9	12,4	17,2	16,5
<i>Met</i>	7,9	5,0	4,8	7,4	6,3	3,8	4,2	8,9	7,4	6,1	4,5	5,3	5,2	5,6
<i>Asn</i>	6,4	3,3	7,0	1,9	5,0	3,4	2,5	3,9	2,2	3,0	6,3	5,5	2,3	4,0
<i>Pro</i>	2,9	5,6	4,8	7,4	5,5	4,9	4,2	2,4	2,5	0,0	5,1	5,8	3,2	4,3
<i>Gln</i>	2,3	2,3	3,0	3,7	1,3	3,0	1,7	1,9	1,1	4,0	2,8	2,1	1,6	2,2
<i>Arg</i>	0,6	1,6	3,0	0,0	1,3	1,5	2,5	0,9	1,3	2,0	0,6	2,1	2,3	1,6
<i>Ser</i>	9,3	8,0	8,3	16,7	10,5	7,2	9,2	10,6	10,8	9,1	8,5	5,5	8,4	9,1
<i>Thr</i>	8,7	6,8	8,3	5,6	9,7	8,0	5,9	3,1	3,1	3,0	10,2	5,8	3,9	6,4
<i>Val</i>	4,4	6,6	6,1	0,0	3,4	5,3	2,5	7,0	6,7	13,1	2,8	6,3	7,5	5,4
<i>Trp</i>	2,3	2,9	2,6	5,6	2,1	4,9	3,4	2,6	3,1	2,0	1,1	3,2	1,9	2,7
<i>Tyr</i>	3,8	3,7	3,5	3,7	2,5	4,2	1,7	4,6	6,1	2,0	4,5	5,0	6,2	4,3

4.4 Saginae ve Bradyporinae Mitogenomunun Karşılaştırılmalı Tanımı

Uzunluk, başlama kodonu ve sonlanma kodonu ile ilgili alt familyalar bazında belirgin herhangi bir örüntüye rastlanmamıştır.

Saginae alt familyası temsilcisi iki eksik sonlanma kodonuna, *Bradyporus latipes* ise üç eksik sonlanma kodonuna sahiptir. Diğer alt familya temsilcileri genellikle dört ya da daha fazla eksik sonlanma kodonuna sahip olarak gözlemlenmiştir. Bu durumda Saginae temsilcisi diğer alt familyalardan daha az eksik sonlanma kodonu miktarına sahiptir.

Saga natoliae türü diğer alt familyaların temsilcilerinden farklı olarak *cytb* için ATC başlama koduna sahiptir diğer alt familya temsilcilerinde *cytb* için bu başlama kodonuna rastlanmamıştır, fakat diğer protein kodlayan genlerde çoğunluktan ayrılmamıştır. *Bradyporus latipes* kendi alt familyası içinde *nad2* ve *nad6* için farklı start kodona sahip olsa da genellikle kendi alt familyasına benzerdir ve diğer temsilcilerden çok farklı bir örüntü göstermemiştir.

Saginae alt familya temsilcisi diğer alt familyaların temsilcileri ile kıyaslandığında *nad1* için diğer alt familyaların temsilcilerinin oldukça altında bir uzunluğa sahipken (10 amino asit daha az), *nad5* için ise hayli üstünde bir uzunluğa sahiptir (5 aminoasit daha fazla). *Cox1*, *cox2* ve *nad2* için ise diğer temsilcilerin genelinden 1 amino asit daha fazla *cox3*, *cytb*, *atp6* ve *atp8* için ise diğer temsilcilerden daha az amino asite (1 amino asit) sahiptir.

Bradyporus latipes ve diğer Bradyporinae temsilcileri ise kendi içlerinde varyasyonel olsa da *cox1*, *atp6* ve *nad2* için diğer alt familyaların temsilcilerinin genelinden daha uzun, *cytb* ve *atp8* için ise daha kısa gen uzunluğuna sahiptir. Uzunluk, başlama kodonu ve sonlanma kodonu ile ilgili alt familyalar bazında belirgin herhangi bir örüntüye rastlanmamıştır.

AT zengin bölge için diğer temsilci türler ile yapılan kıyaslamalarda Meconomantinae üyelerinin genellikle 1000 bp'den uzun AT bölgesine, Conocephalinae alt familyasının ise genellikle diğer alt familya üyelerinden kısa (700 bp'den kısa) AT zengin bölgeye sahip olduğu gözlemlenmiştir. Bu iki durum dışında AT zengin bölge uzunluğu varyasyonel olup 1548 ile 382 bp arasında değişmektedir. AT zengin bölgelerin uzunluğu alt familyalar bazında genel çerçevede benzerlik göstermiştir. *Bradyporus latipes* ve *Saga natoliae* diğer temsilci türlere yakın uzunlukta AT zengin bölge uzunluğuna sahiptir ve ekstrem bir farklılık göstermemiştir.

AT oranlarına bakıldığında alt familyalardan Saginae temsilcisi en düşük AT oranlarından birine sahiptir (%65,8). Diğer alt familya temsilcilerine bakıldığında AT oranları varyasyonel olsa da aynı alt familya üyelerinin benzerlik oranlarının diğer alt familyalar ile benzerliğinden fazla olduğu göze çarpmaktadır. Örneğin, Conocephalinae alt familyası temsilcileri genellikle Tettigoniinae alt familyası temsilcilerinden daha yüksek AT oranına sahip görünmektedir (Çizelge 4.12).

Bu açıdan incelendiğinde *Bradyporus latipes* düşük AT oranına sahip temsilcilere daha çok benzemektedir (%68.5). En düşük AT oranına sahip tür Tettigonidae alt familyasına ait *Gampsocleis gratiosa* iken Tettigonidae içinden seçilen türlerden en yüksek AT oranına sahip tür Meconematinae alt familyasına üye *Decma fissa* olarak kaydedilmiştir.

Çizelge 4.9. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin PKG’lerde başlangıç kodon kullanımları (farklı olanlar sarı ile gösterilmiştir)³

Alt familya	Genes/species	nad5	nad1	nad4	nad4l	nad3	cox1	cox2	cox3	atp6	cytb	atp8	nad2	nad6
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATC	ATC	TTA	ATT
Bradyporinae	<i>Deracantha onos</i>	ATT	ATT	ATG	ATG	ATA	CCG	ATG	ATT	ATG	ATG	ATT	ATT	ATT
	<i>Zichya baranovi</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATC	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATC	ATT	ATT
	<i>Bradyporus latipes</i>	ATT	TTA	ATG	ATG	ATA	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATC	ATC	ATA
Tettigoniinae	<i>Metrioptera bonneti</i>	ATT	ATG	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATC	ATC	ATT
	<i>Metrioptera ussuriiana</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATC	TTG	ATT
	<i>Anterastes babadaghi</i>	ATT	GTG	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATA
	<i>Atlanticus sinensis</i>	ATT	ATA	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATC	ATA	ATT
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	ATT	ATG	ATG	ATG	ATC	CCG	ATG	ATG	ATA	ATG	ATG	ATC	ATT
	<i>Uvarovites inflatus</i>	ATT	ATA	ATG	ATG	ATA	CCG	ATG	ATG	ATA	ATG	ATA	ATT	ATT
	<i>Psorodonotus venosus</i>	ATT	ATG	ATG	ATG	ATC	ATT	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATC	ATT
	<i>Tettigonia chinensis</i>	ATT	ATT	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATC	ATT	ATT
	<i>Conocephalus differentus</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	ACC	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATG	ATT
Conocephalinae	<i>Conocephalus maculatus</i>	ATT	ATT	ATG	ATG	ATA	ATC	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATC	ATT
	<i>Conanalis pيلي</i>	ATT	ATA	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATC	ATC
	<i>Ruspolia dubia</i>	ATT	ATT	ATG	ATG	ATC	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATT
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	ATT	GTG	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATT	ATG	ATG	ATT	ATC	ATA
Listrosclidianae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	ATA	ATA	ATG	ATG	ATC	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATT
Meconematinae	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATC	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATA
	<i>Shoveliteratura triangula</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATA
	<i>Decma fissa</i>	ATA	ATA	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATA	ATG	ATG	ATT	ATT	ATC
Phaneropterinae	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATA	ATC	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	GTG	ATT
	<i>Ducetia sp.</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATC	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATC	ATT
	<i>Ducetia japonica</i>	ATT	ATA	ATG	ATG	ATT	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATA
	<i>Deflorita sp.</i>	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATG	ATT

³(Devamı Arkada)

Çizelge 4.9. Devam Ediyor

Alt familya	Genes/species	nad5	nad1	nad4	nad4l	nad3	cox1	cox2	cox3	atp6	cytb	atp8	nad2	nad6
	<i>Elimaea cheni</i>	ATT	ATA	ATG	ATG	ATA	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATT
	<i>Phanoptera gracilis</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATG	ATT
	<i>Poecilimon luschni</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATA
	<i>Isophya major</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	TTG	ATT
	<i>Ruidocollaris obscura</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATA	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	GTG	ATT
	<i>Sinochlora retrolateralis</i>	ATA	ATT	ATG	ATA	ATC	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATA	ATA	CTG
Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus detersus</i>	ATT	ATT	ATG	ATG	ATA	ATC	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATG
	<i>Orophyllus montanus</i>	ATT	ATG	ATG	ATG	ATT	CAA	ATG	ATA	ATG	ATG	ATA	TTG	ATT
Mecopodinae	<i>Mecopoda niponensis</i>	ATT	ATG	ATG	ATG	ATT	CAA	ATG	ATA	ATG	ATG	ATA	TTG	ATT
	<i>Mecopoda elongata</i>	ATT	TTG	ATG	ATA	ATT	CCG	ATG	ATA	ATG	ATG	ATC	TTG	ATT
Diş grup	<i>Comicus campestris</i>	ATT	TTG	ATG	ATG	ATT	CCG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATA	ATT	ATA
	<i>Diestrammena asynamora</i>	ATT	ATG	ATG	ATG	ATT	TGT	ATG	ATA	ATA	ATG	ATC	ATA	ATG
	<i>Oecanthus sinensis</i>	ATT	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATA	ATG	ATG	ATG	ATT	ATT	ATT

Çizelge 4.10. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin PKG'lerde sonlanma kodon kullanımları (farklı olanlar sarı ile gösterilmiştir)⁴

Alt familya	Genes/species	nad5	nad1	nad4	nad4l	nad3	cox1	cox2	cox3	atp6	cytb	atp8	nad2	nad6
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	TAG	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
Bradyporinae	<i>Deracantha onos</i>	TAG	TAA	T--	TAA	TAG	T--	T--	TAG	TAA	TAA	TAA	T--	TAA
	<i>Zichya baranovi</i>	T--	TAA	T--	TAA	TAG	T--	T--	TA-	T--	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Bradyporus latipes</i>	T--	TAA	T--	TAA	T--	T--	T--	T--	TAA	T--	TAA	TAA	T--
Tettigoniinae	<i>Metrioptera bonneti</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAG	T--	T--	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Metrioptera ussuriensis</i>	T--	TAA	T--	TAA	TAG	TAA	T--	T--	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Anterastes babadaghi</i>	T--	TAG	TAA	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Atlantius sinensis</i>	T--	TAG	TAG	TAA	TAG	T--	T--	TAA	T--	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAA	T--	T--	T--	TA-	TAG	TAA	TAA	TAA

⁴ (Devamı Arkada)

Çizelge 4.10. Devam Ediyor

Alt familya	Genes/species	nad5	nad1	nad4	nad4l	nad3	cox1	cox2	cox3	atp6	cytb	atp8	nad2	nad6
	<i>Uvarovites inflatus</i>	T--	TAA	T--	TAA	T--	T--	T--	T--	T--	T--	TAA	TAA	TAA
	<i>Psorodonotus venosus</i>	T--	TAA	T--	T--	TAA	T--	T--	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Tettigonia chinensis</i>	T--	TAA	T--	TAA	TAG	T--	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
Conocephalinae	<i>Conocephalus differentus</i>	TAG	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Conocephalus maculatus</i>	T--	TAA	T--	T--	TAA	T--	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Conanalis pieli</i>	T--	TAA	T--	TAA	TAA	T--	T--	T--	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Ruspolia dubia</i>	T--	TAA	T--	TAA	T--	T--	T--	T--	T--	T--	TAA	TAA	TAA
	<i>P. acuminatus</i>	T--	TAA	T--	TAA	TAA	T--	T--	T--	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
Listroscelidianae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAG	T--	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
Meconematinae	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Shoveliteratura triangula</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAA	T--	TAA	T--	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Decma fissa</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAA	T--	T--	TA-	TAA	TAA	TAA	TAA	T--
Phaneropterinae	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Ducetia sp.</i>	T--	TAA	T--	TAA	TAA	T--	T--	TAA	T--	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Ducetia japonica</i>	T--	TAA	T--	TAA	TAA	T--	TAA	T--	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Deflorita sp.</i>	TAA	TAG	T--	T--	TAA	T--	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Elimaea cheni</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAA	T--	T--	T--	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Phanoptera gracilis</i>	T--	TAA	T--	T--	TAA	T--	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Poecilimon luschani</i>	T	TAG	T--	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
	<i>Isophya major</i>	T	TAG	T--	TAA	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Ruidocollaris obscura</i>	T	TAA	T--	TAA	T--	TAA	T--	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA
	<i>Sinochlora retrolateralis</i>	T	TAG	T--	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA
Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus deterrentus</i>	T	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Orophyllus montanus</i>	TAG	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAG	TAA	TAA	TAA
Mecopodinae	<i>Mecopoda niponensis</i>	T--	TAG	T--	T--	TAA	T--	T--	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	TAA
	<i>Mecopoda elongata</i>	T--	TAG	T--	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	T--
Diş grup	<i>Comicus campestris</i>	TAA	TAA	T--	TAA	TAA	T--	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Diestrammena asynamora</i>	T--	TAA	T--	T--	TAA	T--	TAG	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
	<i>Oecanthus sinensis</i>	T--	TAA	T--	T--	T--	T--	TAA	T--	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA

Çizelge 4.11. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin PKGlerinin uzunlukları (Sarıya boyanmış değer en düşük, mora boyanmış değer en yüksek değeri göstermektedir.)⁵

Alt familya	Genes/species	<i>nad5</i>	<i>nad1</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>nad3</i>	<i>cox1</i>	<i>cox2</i>	<i>cox3</i>	<i>atp6</i>	<i>cytb</i>	<i>atp8</i>	<i>nad2</i>	<i>nad6</i>
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	1748	951	1339	297	354	1539	691	789	672	1137	162	1027	528
Bradyporinae	<i>Deracantha onos</i>	1714	1024	1339	297	355	1540	691	787	693	1135	168	1029	523
	<i>Zichya baranovi</i>	1732	1029	1339	297	354	1534	691	788	676	1137	162	1044	528
	<i>Bradyporus latipes</i>	1752	924	1339	297	354	1551	691	789	714	1137	162	1029	528
Tettigoniinae	<i>Metrioptera bonneti</i>	1732	1032	1339	297	354	1534	691	789	676	1137	162	1029	523
	<i>Metrioptera ussuriana</i>	1732	945	1339	297	354	1540	691	789	676	1155	162	1029	528
	<i>Anterastes babadaghi</i>	1732	1029	1339	297	354	1542	691	787	676	1137	162	1029	528
	<i>Atlanticus sinensis</i>	1732	1047	1339	297	354	1540	691	789	676	1137	165	1029	528
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	1732	1.027	1339	297	354	1540	691	787	674	1137	162	1020	528
	<i>Uvarovites inflatus</i>	1732	1032	1339	297	357	1540	691	787	673	1138	162	1027	522
	<i>Psorodonotus venosus</i>	1732	1017	1339	297	354	1540	691	789	678	1137	168	1029	531
	<i>Tettigonia chinensis</i>	1732	1023	1341	297	354	1534	691	789	676	1137	162	1032	534
Conocephalinae	<i>Conocephalus differentus</i>	1737	1029	1339	297	352	1534	688	789	675	1137	162	1029	498
	<i>Conocephalus maculatus</i>	1732	948	1339	297	357	1536	691	789	673	1140	159	1032	522
	<i>Conanalisieli</i>	1732	1026	1339	297	354	1534	691	787	678	1137	162	1029	528
	<i>Ruspolia dubia</i>	1732	1027	1341	297	357	1534	691	787	675	1137	162	1027	528
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	1732	1026	1339	303	354	1537	691	790	678	1137	159	1023	519
Listrosclidianae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	1732	1044	1339	297	354	1534	691	789	681	1137	165	1023	531
Meconematinae	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	1732	1023	1339	297	354	1540	685	789	678	1137	165	1029	528
	<i>Shoveliteratura triangula</i>	1735	1029	1339	297	354	1540	684	787	678	1137	162	1029	522
	<i>Decma fissa</i>	1732	1020	1339	297	354	1534	684	787	678	1137	165	1032	528
Phaneropterinae	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	1729	1026	1339	297	357	1543	691	789	675	1140	162	1020	537
	<i>Ducetia sp.</i>	1732	1029	1336	297	354	1542	691	789	678	1146	165	1023	519
	<i>Ducetia japonica</i>	1732	1029	1339	297	354	1540	691	789	675	1140	162	1029	519
	<i>Deflorita sp.</i>	1732	1029	1336	297	354	1534	691	789	675	1137	162	1014	522
	<i>Elimaea cheni</i>	1732	1020	1342	300	357	1534	691	787	675	1140	159	1026	528

⁵ (Devamı Arkada)

Çizelge 4.7. Devam Ediyor

Alt familya	Genes/species	nad5	nad1	nad4	nad4l	nad3	cox1	cox2	cox3	atp6	cytb	atp8	nad2	nad6
	<i>Phanoptera gracilis</i>	1732	951	1336	297	354	1536	691	789	678	1140	165	1.029	519
	<i>Poecilimon luschni</i>	1732	1017	1339	297	354	1536	691	789	678	1137	168	1023	519
	<i>Isophya major</i>	1732	1029	1339	297	354	1536	691	789	678	1137	168	1014	519
	<i>Ruidocollaris obscura</i>	1729	1027	1339	297	353	1536	691	801	675	1135	165	1020	513
	<i>Sinochlora retrolateralis</i>	1717	1026	1336	297	354	1516	691	801	675	1135	162	1029	522
Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus detersus</i>	1740	1029	1339	297	357	1545	690	787	672	1149	162	1029	518
	<i>Orophyllus montanus</i>	1743	1032	1339	297	354	1534	691	789	684	1143	168	1026	543
Mecopodinae	<i>Mecopoda niponensis</i>	1732	951	1339	297	354	1528	691	798	678	1156	162	1.023	519
	<i>Mecopoda elongata</i>	1732	1032	1339	300	354	1528	691	798	678	1152	165	1027	523
Diş grup	<i>Comicus campestris</i>	1741	969	1339	301	354	1548	691	801	675	1140	165	993	537
	<i>Diestrammena asynamora</i>	1737	954	1339	294	354	1540	691	789	678	1137	159	1.029	528
	<i>Oecanthus sinensis</i>	1705	927	1333	297	352	1542	679	787	678	1137	162	1.017	510

Çizelge 4.12. Tettigoniidae verisetine dahil edilen alt familya temsilci türlere ait total AT oranları (Sarıya boyanmış değer en düşük, mora boyanmış değer en yüksek oranı göstermektedir.)⁶

Alt familya	Genes/species	AT oranı	Alt familya	Genes/species	AT oranı
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	65,8	Meconematinae	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	67,5
Bradyporinae	<i>Bradyporus latipes</i>	68,5		<i>Shoveliteratura triangula</i>	70,4
	<i>Zichya baranovi</i>	71,8		<i>Decma fissa</i>	74,9
	<i>Deracantha onos</i>	69,2	Phaneropterinae	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	71,7
Tettigoniinae	<i>Metrioptera bonneti</i>	67,8		<i>Ducetia sp.</i>	72,5
	<i>Metrioptera ussuriensis</i>	69,9		<i>Ducetia japonica</i>	74
	<i>Anterastes babadaghi</i>	70,8		<i>Deflorita sp.</i>	70,2
	<i>Atlanticus sinensis</i>	68,8		<i>Elimaea cheni</i>	72,6
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	65,1		<i>Phanoptera gracilis</i>	71,2
	<i>Uvarovites inflatus</i>	67		<i>Poecilimon luschni</i>	69,9

⁶ (Devamı Arkada)

Çizelge 4.12. Devam Ediyor

Alt familya	Genes/species	AT oranı	Alt familya	Genes/species	AT oranı
	<i>Psorodonotus venosus</i>	69,5		<i>Isophya major</i>	67,3
	<i>Tettigonia chinensis</i>	70,9		<i>Ruidocollaris obscura</i>	73,5
	<i>Conocephalus differentus</i>	74,2		<i>Sinochlora retrolateralis</i>	70,1
	<i>Conocephalus maculatus</i>	72,1	Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus deterus</i>	71,7
Conocephalinae	<i>Conanalis pieli</i>	74,3		<i>Orophyllus montanus</i>	68,4
	<i>Ruspolia dubia</i>	70,9	Listrosceidinae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	70
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	71,7		<i>Comicus campestris</i>	75
Mecopodinae	<i>Mecopoda niponensis</i>	72,4	Dış grup	<i>Diastrammena asynamora</i>	69,2
	<i>Mecopoda elongata</i>	71,8		<i>Oecanthus sinensis</i>	77,4

4.5. Saginae ve Bradyporinae Alt familyalarının Filogenetik Yeri

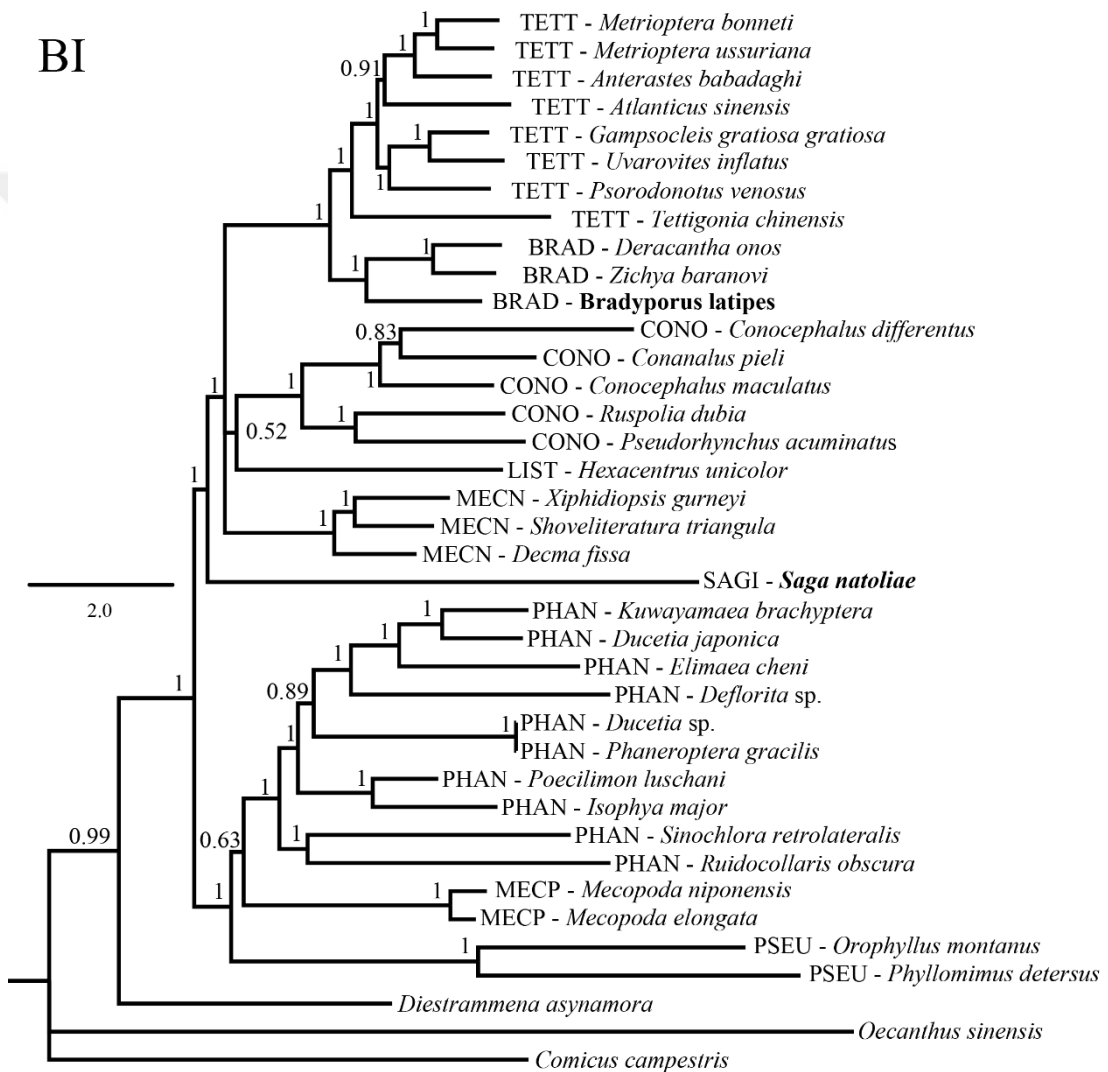
Bu çalışmada oluşturulan Tettigoniidae veri seti iki farklı yaklaşımla analiz edilerek ağaçlar oluşturulmuştur. Bayes çıkarımı (Bayesian inference, BI) ve maksimum olasılık (maximum likelihood, ML) yöntemlerinin her ikisi kısmen benzer ağaç topolojileri ile sonuçlanmıştır. *Comicus campestris*, *Diastrammena asynamora* ve *Oecanthus sinensis* dizilerinin dış grup olarak seçildiği BI ve ML ağaçları Tettigoniidae'nin monofilisini tam destek değeri ile seç bağla (SB)/son olasılık(SO) desteklemiştir.

BI ağacı Tettigoniidae familyası içinde iki ana klad önermiş ve bu kladlardan biri Mecopodinae, Pseudophyllinae ve Phaneropterinae alt familyalarını (faneropterid klad) içerirken diğeri Conocephalinae, Bradyporinae, Tettigoniinae, Listrosceidinae, Meconematinae ve Saginae alt familyalarını (tettigoniid klad) içerir. ML ağacı faneropterid kladı desteklerken ikincisinin monofilisini desteklememiştir. BI ve ML ağaçları faneropterid kladının iç filogenisi konusunda da uyuşmamaktadır. BI ağacı Pseudophyllinae + (Phaneropterinae + Mecopodinae) akrabalığını önerirken ML ağacı Mecopodinae +(Pseudophyllinae + Phaneropterinae) akrabalığını önermiştir. BI ve ML ağaçları faneropterid klad içerisindeki Pseudophyllinae, Meconematinae ve Phaneropterinae alt familyalarının her birisinin monofilisini desteklemiştir.

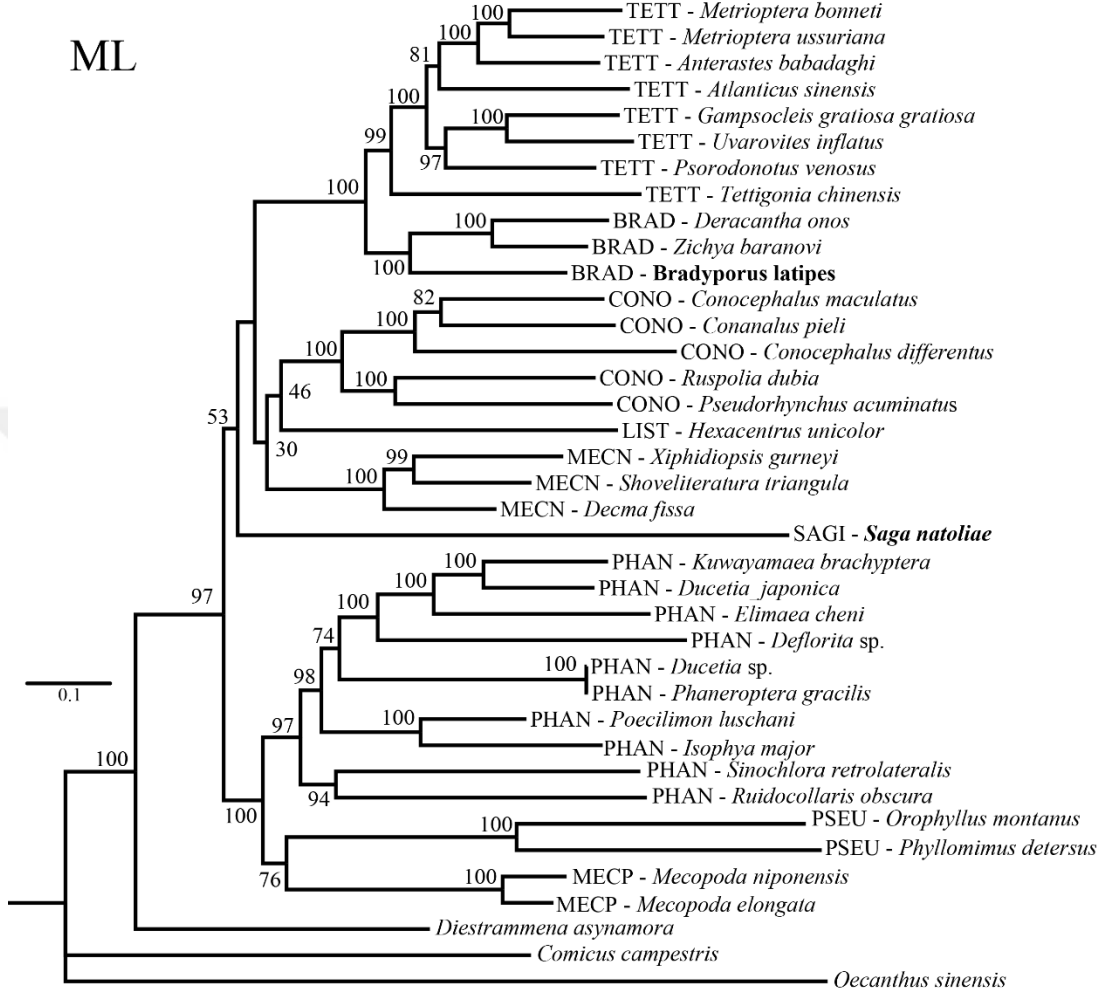
BI ağacının önerdiği (ML ağacının desteklemediği) diğer kladda Saginae temsilcisi diğer beş alt familyayı içeren klada kardeş grup olarak yer alır ve diğer klada olan SO destek değeri tamdır. Conocephalinae, Listrosceidinae, Bradyporinae Tettigoniinae ve Meconematinae alt familyalarını içeren bu ikinci kladda 0,80 SO destekleri düşünüldüğünde, dört dallı bir bazal politomi görülmektedir. Bu dört kladdan biri Bradyporinae+Tettigoniinae (tam SO destek değeri ile) monofiletik iken diğer her bir

alt familya ayrı bir klad oluşturur. Her bir alt familyanın monofilisi tam SO destek değeri ile monofilettir.

ML ağacı tettigoniid kladı desteklemediğinden, kabul edilebilir destek değerleri (>80 SB destek değeri) Tettigoniidae familyasının altı dallı bir bazal politomi ile şekillendiği görülmektedir. Bunlardan biri, yukarıda belirtildiği gibi phaneropterid kladdır. Diğer beşi ise şunlardır (i) Saginae, (ii) Conocephalinae, (iii) Listrosclidinae, (iv) Meconematinae ve (v) Bradyporinae + Tettigoniinae. ML ağacı alt familyalar arası filogenetik ilişkiyi çözmemiş olsa da her bir alt familyanın monofilisini desteklemiştir.



Şekil 4.3. Tettigoniidae veri seti ile hesaplanan Bayes ağacı



Şekil 4.4. Tettigoniidae veri seti ile hesaplanan maksimum olasılık ağacı

5. TARTIŞMA

Bu tez kapsamında, *Bradyporus* ve *Saga* cinslerine ait temsilci türlerin ve bunların ait olduğu üst kladlar olan Bradyporinae ve Saginae alt familyaları için mitogenom dizileri üretilmiş ve ait oldukları üst kladlardan olan Tettigoniidae familyası için bilinenlerle karşılaştırarak mitogenom karakterizasyonu ve evrimi bakımından değerlendirilmiştir. Bu tez çalışmasının başlangıcında, Tettigoniidae için 149 türün mitogenomu biliniyor iken tezin tamamlanması aşamasında bu sayı 169'a yükselmiştir. Bu 169 tür arasında Saginae alt familyasına ait bir temsilci bulunmamaktadır. Bradyporinae alt familyasına ait sadece 3 temsilci türün mitogenomu tanımlanmış olsa da, bunlar arasında Bradyporini tribusuna ait bir temsilci bulunmamaktadır. *Bradyporus latipes* mitogenom verisinin eklenmesiyle bu sayı 4'e çıkmış ve Bradyporini tribusuna ve Saginae alt ailesine ait bir mitogenom verisi ilk defa NCBI veri tabanında tanımlanacaktır.

5.1. Gen Organizasyonu

Böceklerin filogenetik ilişkilerini anlamak için mitogenom verilerinin yanı sıra, sekonder yapılar, gen düzenlemeleri ve genom morfolojisinin araştırılması önemlidir (Fenn vd. 2008; Liu vd. 2013). Bu çalışmada, *Bradyporus latipes* ve *Saga natoliae*'nin mitogenomlarının 13 PKG, 22 tRNA ve iki rRNA geni ile replikasyon orijin bölgesinin belirlendiği ve karakteristik özellikleri taşıdığı görülmüştür. Bu iki türde Pancrustacea mitogenomu olarak kabul edilen atasal gen sırası olan *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*, *rrnL*, *trnV*, *rrnS* ve KB (replikasyon orijini) gen sırası varlığı gözlemlenmiştir.

Genlerin yeniden düzenlenmesi, majör ve minör yeniden düzenlemeler olmak üzere iki kategoride incelenebilir. Majör yeniden düzenlemeler genellikle PKG ve/veya rRNA genlerinin düzenlenmesini içerirken, minör yeniden düzenlemeler tRNA genlerinin yeniden düzenlenmesini içerir (Doğan 2015). Bu çalışmanın yeni bir bulgusu, Saginae alt familyasına ait örnekte minör yeniden düzenlemenin olduğu gözlemlenmesidir. *Bradyporus latipes*'te, diğer alt familyalardaki gibi, böcek atasal mitogenomunda olduğu gibi *trnR* geni ağır zincirde kodlanırken, *Saga natoliae*'de hafif zincirde kodlanmaktadır.

Böcek mitogenomunun yüksek AT oranı da dikkate değer bir özelliktir (Wei vd. 2010). Saginae temsilcisi, diğer alt familya üyelerine kıyasla düşük bir AT oranına (%65,8) sahip iken, Tettigoniinae üyesi *Gampsocleis gratiosa gratiosa*'dan (%65,1) sonra en düşük AT oranına sahip olarak kaydedilmiştir. *Bradyporus latipes* ise diğer temsilcilerden belirgin bir şekilde ayrılmayan toplam %68,5 AT oranına sahiptir. Conocephalinae üyelerinin diğer alt familyalara göre göreceli olarak daha yüksek AT oranına sahip olduğu ve seçilen tüm temsilcilerin %70,9'un üzerinde AT oranına sahip olduğu gözlemlenmiştir. Tettigoniinae üyelerinin çoğunlukla %70 AT oranının altında kaldığı belirtilmiştir. Diğer alt familyalara ait yeterli temsilci olmadığı için Listroscolidinae, Pseudophyllinae, Meconematinae ve Mecopodinae alt familyaları hakkında bir değerlendirme yapılamamıştır.

Bu çalışmanın sonuçları, böcek mitogenomlarının genetik organizasyonu, gen düzenlemeleri ve AT oranı gibi özelliklerinde alt familyalar arasında küçük farklılıklar olsa da genel örüntü olarak benzer oldukları görülmüştür (Çizelge 4.12). Bu bulgular, böcek mitogenomlarının evrimsel ve filogenetik analizlerinde kullanılabilecek önemli bilgiler sunmaktadır.

Genom uzunluklarına bakıldığında alt familyaların mitogenom uzunlukları 15-16 bin arasında oldukları ve bu uzunluğun diğer tettigoniid ve orthopterlerle benzer olduğu görülmektedir (Fenn vd. 2007; Leavitt vd. 2013; Öztürk ve Çıplak 2019). Saginae alt familyası genom uzunluğu bakımından diğer alt familyalardan çok ayrılmamış ve diğer alt familyalara yakın bir uzunluğa sahip olduğu gözlemlenmiştir. Aynı şekilde *Bradyporus latipes* türünde uzunluk açısından hem kendi alt familyası içinde hem de diğer temsilcilerden farklılık gözlemlenmemiştir.

5.1.1. Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu

Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu ile ilgili olarak, başlama kodonları ve sonlanma kodonlarına bakıldığında bazı farklılıklar ve ortaklıklar gözlemlenmiştir. Başlama kodonları, genellikle ATN yapısını takip etse de *nad1*, *nad2* ve *cox1* genlerinde farklı başlama kodonları saptanmıştır (Zhang vd. 2017; Öztürk ve Çıplak, 2019). Örneğin, *nad1* için TTN veya ATN başlama kodonları kullanılırken, *Saga natoliae*'de başlama kodonu TTG, *Bradyporus latipes*'te ise TTA olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.5). Diğer türlerde ise genel bir eğilim saptanamamıştır. *Cox1* geni için ise ATN evrensel başlama kodon kuralına uymayan "CCG" başlama kodonu alt familyalarında gözlemlenmiştir (Çizelge 4.6). Tettigoniidae için *nad2* geni ATN ve TTN başlama kodonları saptanmıştır. Ancak *nad4*, *atp6* ve *cox2* için ATG başlama kodonu tüm familya için çoğunlukla ortaktır. *Cytb* geni için ise genellikle ATG başlama kodonu kullanılmıştır, ancak Saginae temsilcisi için başlama kodonu ATC olarak tespit edilmiştir. Sonlanma kodonlarına bakıldığında, *nad1* ve *atp8* genlerinde tipik TAR sonlanma kodonu korunduğu görülmüştür (Boore 1999). Ancak, *nad2* geni için tüm temsilcilerde TAA sonlanma kodonu kullanılmıştır, sadece *Bradyporus latipes*'te T-- eksik sonlanma kodonu bulunmuştur (Çizelge 4.6). Diğer PKG'lerde ise beklenen dışında sonlanma kodonları gözlemlenmiştir.

Protein kodlayan genlerin AT oranlarına bakıldığında, alt familyalar arasında sınırlı bir varyasyon olduğu görülmüştür. Saginae temsilcisi PKG'lerinde %64 AT oranına, Bradyporini tribusu temsilcisi ise %67,9 AT oranına sahiptir ve diğer temsilcilerden belirgin şekilde farklı değildir. Her alt familya temsilcisinin AT oranı %60,7 ile %75 arasında değişmektedir. Tettigoniinae ve Bradyporinae alt familyalarından seçilen tüm temsilcilerin %70'in altında, Conocephalinae alt familyasından seçilen tüm temsilcilerin ise %70'in üzerinde AT oranına sahip olduğu belirlenmiştir (Çizelge 5.1) (Zhang vd. 2017; Öztürk ve Çıplak, 2019).

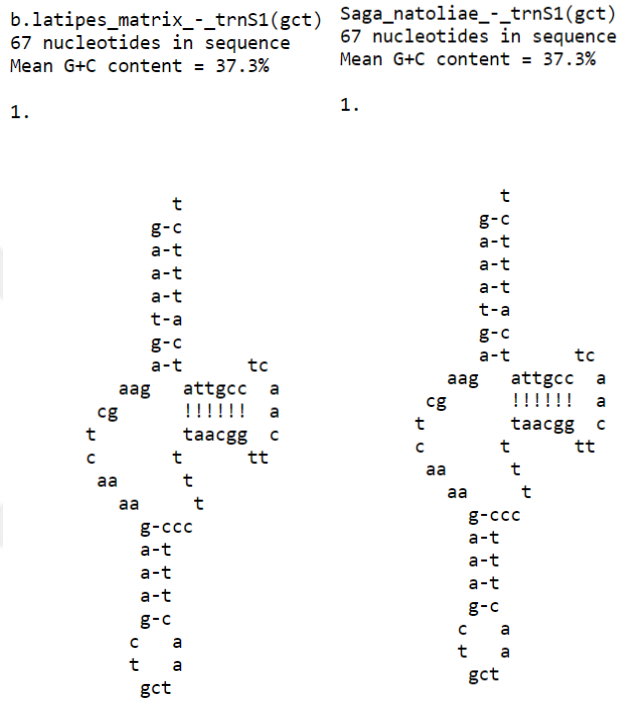
Çizelge 5.1. Veri setinde kullanılan temsilci türlere ait PKG uzunlukları ve AT oranları (En düşük ve en yüksek değerler sarıya boyanmıştır)

Alt familya	Genes/species	Toplam Uzunluk (bç)	AT oranı (%)	Alt familya	Genes/species	Tplam Uzunluk (bç)	AT oranı (%)
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	11204	64	Meconematinae	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	11219	66,8
Bradyporinae	<i>Bradyporus latipes</i>	11270	67,9		<i>Shoveliteratura triangula</i>	11218	70,2
	<i>Zichya baranovi</i>	11208	60,7		<i>Decma fissa</i>	11215	75
	<i>Deracantha onos</i>	11210	68,8	Phaneropterinae	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	11212	70,9
Tettigoniinae	<i>Metrioptera ussuriana</i>	11228	67,5		<i>Ducetia sp.</i>	11223	71,1
	<i>Metrioptera ussuriana</i>	11237	68,5		<i>Ducetia japonica</i>	11215	73,1
	<i>Anterastes babadaghi</i>	11224	70		<i>Deflorita sp.</i>	11194	69,1
	<i>Atlanticus sinensis</i>	11202	67,5		<i>Elimaea cheni</i>	11224	71,5
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	11217	63,2		<i>Phaneroptera gracilis</i>	11211	71,1
	<i>Uvarovites inflatus</i>	11218	65,4		<i>Poecilimon luschni</i>	11111	68,5
	<i>Psorodonotus venosus</i>	11233	68		<i>Isophya major</i>	11204	65,3
	<i>Tettigonia chinensis</i>	11233	69,9		<i>Ruidocollaris obscura</i>	11196	72,1
	<i>Conocephalus differentus</i>	11185	73,8		<i>Sinochlora retrolateralis</i>	11170	69,1
Conocephalinae	<i>Conocephalus maculatus</i>	11215	71	Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus detersus</i>	11257	70,4
	<i>Conanalis pili</i>	11207	73,1		<i>Orophyllus montanus</i>	11162	66,5
	<i>Ruspolia dubia</i>	11216	70	Listrosclidianae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	11221	71,6
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	11219	70,2				
	<i>Mecopoda niponensis</i>	11240	71,8				
Mecopodinae	<i>Mecopoda elongata</i>	11230	71,1				

Protein kodlayan genler için uzunlukları bağlamında alt familyaların arasında toplamda 100-130 bç arasında bir fark gözlenmiştir. Bu 100-130 bç uzunluğu yaklaşık 33-43 kodon farklılığına denk gelse de, gen örtüşme ve eksik sonlanma kodonu nedeniyle bu fark biraz daha az veya biraz daha fazla olabilir. Protein kodlayan genlerin tekil uzunlukları bakımından tez kapsamında çalışılan *Bradyporus latipes nad2*, *nad5*, *cox1* ve *atp6* genleri için en uzun diziye sahip tür iken *nad1* için ise en kısa diziye sahip tür olarak saptanmıştır. Diğer PKGler için Tettigoniidae için gözlenen uzunluk aralığında bir uzunluğa sahiptirler. Sagine alt familyası temsilcisi olan *Saga natoliae* türü Tettigoniidae için gözlenen uzunluk aralığında kalmaktadır.

5.1.2. tRNA genlerinin karakterizasyonu

Teze konu olan çalışılan iki tür için *trnS1* dışındaki tüm tRNA'ların mitokondriyal genom tRNA'ları için beklenen 4 kollu yonca yaprağı şeklini oluşturduğu gözlemlenmiş olması ve yalnızca *trnS1*'de eksik kol olduğu tespit edilmiş olması Orthoptera için gözlenen genel örüntüye uymaktadır (Öztürk ve Çıplak 2019). Bu durum tRNA sekonder yapılarının, sadece Tettigoniidae bazında değil, takım bazında da oldukça korunumlu olduğuna işaret etmektedir (Şekil 5.1).



Şekil 5.2. Şekil 5.1. *Bradyporus latipes* ve *Saga natoliae* *trnS1* ikincil yapısı

5.1.3. rRNA genlerinin karakterizasyonu

Eldeki veri setinde temsilci türlere dair rRNA genlerinde herhangi bir duplikasyon ya da delesyona rastlanmamıştır. Tüm temsilcilerde iki adet rRNA bölgesi karakterize edilmiş ve genellikle oldukça korunumlu olduğu gözlenmiştir. rRNA genlerinin AT oranlarına bakıldığında familyalar arası herhangi bir örüntüye rastlanmamıştır. Saginae temsilcisi ve Bradyporini temsilcisi toplam %67,5 AT oranıyla rRNA kodlayan gen bölgeleri arasında düşük bir orana sahip olarak gözlemlenmiştir. rRNA gen bölgeleri arasında Meconomatinae üyesi *Decma fissa* %76,8 AT ile en yüksek orana sahiptir (Çizelge 5.2.). rRNA genlerinin uzunluklarına bakıldığında alt familyalar arası daha önce bilinenden (Öztürk ve Çıplak 2019) farklı bir örüntüye rastlanmamıştır. Saginae temsilcisi toplam 2084 bç, Bradyporini temsilcisi toplam 2078 bç uzunluğunda rRNA kodlayan gen bölgesine sahip olup, benzer uzunluk göstermişlerdir. rRNA gen bölgeleri arasında Pseudophyllinae üyesi *Orophyllus montanus* diğer örneklerden ayrılarak

kendisinden sonra en uzun rRNA bölgesine sahip *Mecopoda elongata*'dan 523 bç daha uzun olarak etiketlenmiştir. En kısa rRNA bölgesi ise Tettigoniinae alt familya üyesi *Anterastes babadaghi*'de saptanmıştır (2015 bç; Karşı ve Çıplak 2019) (Çizelge 5.2.)

Çizelge 5.2. Veri setinde kullanılan temsilci türlere ait rRNA uzunlukları ve AT oranları (En düşük ve en yüksek değerler sarıya boyanmıştır)

Rrna	Genes/species	Uzunluk (bç)	AT oranı (%)	Alt familya	Genes/species	Uzunluk (bç)	AT oranı (%)
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	2084	67,5		<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	2088	72.9
Bradyporinae	<i>Bradyporus latipes</i>	2159	71,4	Meconematinae	<i>Shoveliteratura triangula</i>	2089	74.3
	<i>Zichya baranovi</i>	2089	73,1		<i>Decma fissa</i>	2100	76.8
	<i>Deracantha onos</i>	2078	67,5		<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	21116	74.3
					<i>Ducetia sp.</i>	2085	73.9
Tettigoniinae	<i>Metrioptera ussuriana</i>	2091	71,5	Phaneropterinae	<i>Ducetia japonica</i>	2094	75.5
	<i>Metrioptera ussuriana</i>	2088	72,7		<i>Deflorita sp.</i>	2092	72.7
	<i>Anterastes babadaghi</i>	2015	72		<i>Elimaea cheni</i>	2139	75.6
	<i>Atlanticus sinensis</i>	2084	72,5		<i>Phaneroptera gracilis</i>	2153	73.8
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	2085	69,6		<i>Poecilimon luschni</i>	2090	72.1
	<i>Uvarovites inflatus</i>	2163	70,2		<i>Isophya major</i>	2083	69.5
	<i>Psorodonotus venosus</i>	2085	72,8		<i>Ruidocollaris obscura</i>	2131	75.1
	<i>Tettigonia chinensis</i>	2014	72,3		<i>Sinoclora retrolateralis</i>	2081	72.9
					<i>Phyllomimus detersus</i>	2167	73.9
					<i>Orophyllus montanus</i>	2744	71.5
Conocephalinae	<i>Conocephalus differentus</i>	2152	76	Pseudophyllinae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	2087	73.4
	<i>Conocephalus maculatus</i>	2141	73,9				
	<i>Conanalis pili</i>	2115	76,5	Listrosclidianae			
	<i>Ruspolia dubia</i>	2184	73,5				
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	2147	73,8				
Mecopodinae	<i>Mecopoda niponensis</i>	2125	74,1				
	<i>Mecopoda elongata</i>	2121	73,9				

5.1.4. Kontrol bölgesi (replikasyon orijini) karakterizasyonu

AT zengin bölge, D loop ya da replikasyon orijin olarak adlandırılan gen bölgesi böcek mitogenomu içerisinde kodlama yapmayan en uzun bölge olması ve yüksek Adenin Timin bazı oranlarıyla karakterizedir ve böceklerde AT oranları %59,9 ile %81,5 arasında değişmektedir (Ma vd. 2011). En düşük AT oranı Meconematinae üyesi *Xiphidiopsis gurneyi* ve Tettigoniinae üyesi *Metrioptera bonetti*'de, en yüksek AT oranı ise Conocephalinae üyesi *Conanalis pili*'ye (%81,5)'de saptanmıştır (Çizelge 5.3.).

Saginae temsilcisi % 74,3, Bradyporini temsilcisi ise %74,2 AT oranına sahiptir ve dağılımda ekstrem bir noktaya oturmamaktadır.

Kodlama yapmaması nedeniyle varyasyonun yüksek olduğu bu bölgede meydana gelen duplikasyon ve delesyonlar böcek mitogenomları arasındaki uzunluk farkının ana nedenlerinden birisi olarak kabul edilir (Cameron ve Whiting 2008; Öztürk ve Çıplak 2019). Saginae temsilcisi 921 bç, Bradyporini temsilcisi 917 bç uzunluğa sahiptir ve çoğu temsilciye benzer bir uzunluk göstermiştir. AT zengin bölgenin uzunluğunun 294 bç ile 1927 bç arasında değiştiğinden bu bölgenin uzunluk farklılığı total mitogenom uzunluk varyasyonunun kaynağı olarak görülmüştür (Öztürk ve Çıplak 2019).

Çizelge 5.3. Tettigoniidae veri setine dahil edilen alt familya temsilci türlerin AT zengin bölge uzunlukları ve AT oranları (en düşük ve en yüksek değerler sarıya boyanmıştır)

Alt familya	Genes/species	Uzunluk (bç)	AT oranı (%)	Alt familya	Genes/species	Uzunluk (bç)	AT oranı (%)
Saginae	<i>Saga natoliae</i>	921	74,3	Meconematinae	<i>Xiphidiopsis gurneyi</i>	1448	58,9
Bradyporinae	<i>Bradyporus latipes</i>	815	77,8		<i>Shoveliteratura triangula</i>	1927	63
	<i>Zichya baranovi</i>	889	78,7		<i>Decma fissa</i>	1338	76,6
	<i>Deracantha onos</i>	917	74,2	Phaneropterinae	<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	804	81
Tettigoniinae	<i>Metrioptera ussuriana</i>	1473	59,9		<i>Ducetia sp.</i>	732	79,1
	<i>Metrioptera ussuriana</i>	1081	74,3		<i>Ducetia japonica</i>	868	80
	<i>Anterastes babadaghi</i>	1100	73,8		<i>Deflorita sp.</i>	691	69,5
	<i>Atlanticus sinensis</i>	1072	70,7		<i>Elimaea cheni</i>	999	75,5
	<i>Gampsocleis gratiosa</i>	966	67,9		<i>Phaneroptera gracilis</i>	1548	72,2
	<i>Uvarovites inflatus</i>	1127	71,2		<i>Poecilimon luschni</i>	748	78,9
	<i>Psorodonotus venosus</i>	709	79,3		<i>Isophya major</i>	752	78,1
	<i>Tettigonia chinensis</i>	731	65,7		<i>Ruidocollaris obscura</i>	970	76,3
Conocephalinae	<i>Conocephalus differentus</i>	791	69,2		<i>Sinochlora retrolateralis</i>	1386	75,6
	<i>Conocephalus maculatus</i>	662	79	Pseudophyllinae	<i>Phyllomimus deterrentus</i>	890	77,8
	<i>Conanalis pieli</i>	959	81,3		<i>Orophyllus montanus</i>	892	69,7
	<i>Ruspolia dubia</i>	70	71,4	Listrosclidianae	<i>Hexacentrus unicolor</i>	926	76,3
	<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	1113	79				
Mecopodinae	<i>Mecopoda niponensis</i>	393	69,5				
	<i>Mecopoda elongata</i>	294	71,4				

Saga natoliae ve *Bradyporus latipes*'in mitogenomları üzerinde yapılan analizler sonucunda iki türde de kodlama yapmayan bölgeler ve çakışan bölgeler belirlenmiştir. *Saga natoliae*'nin mitogenomunda 11 adet kodlama yapmayan bölge tespit edilirken,

Bradyporus latipes'in mitogenomunda ise 10 adet kodlama yapmayan bölge bulunmuştur. Ayrıca, her iki türde de çakışan bölgeler saptanmıştır. Çakışan ya da kodlama yapmayan bölgelerin uzunluklukları ve yerleri açısından diğer türler de oldukça varyasyonel olduğu için ayırt edici bir örüntüye rastlanmamıştır. *Saga natoliae*'de en uzun çakışan bölge *atp6* ve *cox3* genleri arasındaki 17 baz çiftinden oluşan bölgedir. *Bradyporus latipes*'in mitogenomunda ise en uzun çakışan bölge, *trnM-trnQ* arasındaki 23 bç oluşmaktadır. Bu bölgeler ne Saginae ne de Bradyporini tribusu temsilcisi ile uyumluluk göstermektedir. Protein kodlayan genlerden *atp8-atp6* ve *nad4-nad4l* genlerinin üst üste çakışması böcekler arasında yaygın bir örüntüdür (Kim vd. 2006; Fenn vd. 2007). Buna ek tanımlanan türlerde gözlemlenen *trnW-trnC* arasındaki 8 bazlık üst üste gelme de böcekler arasında daha önceden çokça tanımlanmıştır (Castro ve Dowton 2005; Castro vd. 2006).

Öte yandan, diğer türler olan *Deflorita* sp., *Kuwayamaea brachyptera*, *Phaneroptera gracilis*, *Ducetia japonica* ve *Ducetia* sp.'de *nad2* ve *trnW* arasında 600 baz çiftinden uzun bir kodlama yapmayan bölge tespit edilmiştir *Conanalis pili*, *Conocephalus maculatus* ve *Conocephalus differentus* türlerinde ise *nad1* ile *trnL* arasında 70-360 baz çifti arasında değişen uzunlukta bir kodlama yapmayan bölge bulunmaktadır.

5.2. Tettigoniidae Mitofilogenisi

Orthoptera takımının en kalabalık familyası olan Tettigoniidae, üçü fosil olmak üzere, 22 alt familya içerir ve bunların 19'unun canlı temsilcileri vardır (Cigliano vd. 2023). Bunlardan dokuz alt familyaya ait temsilci 86 türün mitogenomu çalışılmış ve alt familya bazında mitogenom tanımlanarak filogenetik ilişkilerin belirlenmesinde kullanılmıştır (Song vd. 2015; Zhou vd. 2017; Öztürk ve Çıplak 2019). Bu tez çalışması ile Saginae alt familyasının mitogenomu ilk defa üretilerek bir filogenetik analize dahil edilmiştir. Çalışmamız kapsamında üretilen filogenetik ağaçlar Saginae'nin bağımsız bir dal oluşturduğu ve alt familya statüsünün desteklendiğini göstermiştir (Şekil 4.3 ve Şekil 4.4.). Saginae'nin ilk mitogenom filogenisi daha önce tekil genler ile önerilen Listroselidinae alt familyasına kardeş grup olduğu (Mugleston vd. 2018) filogenisini desteklememiştir. Diğer taraftan Saginae alt familyası Gondwana kökenli bir soyhattı olarak kabul edilmektedir (Çıplak 2004) ve *Saga* cinsi Afrika dışında (Anadolu ve Güneydoğu Avrupa) yayılış gösteren tek cinstir. Ancak, Afrika cinslerinden herhangi bir temsilcinin mitogenomu henüz bilinmemektedir.

Bradyporinae alt familyası temsilcilerinden daha önce üretilen ve filogenetik analizlere dahil edilen temsilci türler mevcuttur. Bu temsilci türlerle yapılan filogenetik analizlerin (Zhou vd. 2017) bu alt familyayı Tettigoniinae alt familyasına kardeş grup olarak göstermesi tez kapsamında üretilen mitogenom ağacı ile de desteklenmiştir. Her ne kadar tekil gen dizileri ile hesaplanan filogenetik analizler Bradyporinae temsilcilerini Tettigoniinae içinde gösterdiğinden bağımsız bir alt familya olmayacağı rapor edilmiş ise

de (Mugleston vd. 2018), Bradyporinae'yi temsilen analize dahil edilen dört mitogenom dizisi, alt familyayı Tettigoninae'ye kardeş (Tettigoniinae dışında) monofiletik bir grup olarak vermiştir. Bu nedenle tarafımızdan üretilen filogenetik ağacın alt familya statüsünü destekler nitelikte olduğu not edilmelidir. Filogenetik açıdan not edilmesi gereken diğer bir bulgu, tez kapsamında üretilen filogenetik ağaçta yer alan Tropik Asya yayılışlı *Zichya* (*Zichya* ve *Derecantha* cinslerine ait) temsilcilerinin ve Anadolu + Güneydoğu Avrupa yayılışlı *Bradyporini* (*Bradyporus latipes*) tribusunun monofiletik çıkmasıdır. Ancak, Güneybatı Avrupa+Kuzeydoğu Afrika yayılışlı *Epiphigerini* temsilcileri çalışıldığında alt familyanın ilk çeşitlenme örüntüsünün ortaya konması olası olacaktır.

5.3. Bradyporinae Alt familyası Karşılaştırmalı Karakterizasyonu

Daha önce alt familya temsilcilerinden üretilen tekil diziler olduğundan, alt familya bağlamında mitogenom tanımı ve değerlendirmesi yapılmadığından verilerimiz bu değerlendirmeyi olası kılmıştır. *Bradyporus latipes* (*Bradyporini*)'in ait olduğu alt familyasına ait mitogenom dizisi mevcut *Derechanta* ve *Zichya* cinslerine ait dizilerle birlikte değerlendirildiğinde, alt familya mitogenom uzunluğunun 15.641 bç (*Zichya tenggerensis*) ile 15.778 bç (*Bradyporus latipes*) arasında değiştiği görülmüştür. Tekil gen uzunluklarına bakıldığında *nad4*, *nad4L*, *cox2*, *atp6*, *atp8*, *cox3*, *nad6* ve *cytb* için gen uzunluklarının alt familya bazında fark bulunmazken, *nad2* için 3-6 bç, *cox1* için 11 bç, *nad3* için 2-3 bç, *nad5* için 20 bç, *nad1* için 21-24 bç fark gözlemlenmiştir (Çizelge 5.4.). Benzer durum rRNA ve tRNA genleri ve kontrol bölgesi için de geçerlidir. Gen grupları ve bunların AT oranları alt familya bağlamında küçük aralıklarda değişim gösterir. Nokta mutasyonları göz önüne alınırsa Bradyporinae alt familyası mitogenomunun, nokta mutasyonlar bağlamında değil ancak genel gen yerleşimi bağlamında atasal temel yapıyı koruduğu söylenebilir.

Çizelge 5.4. Bradyporinae alt familyası üyelerinin uzunluk ve AT oranları kıyaslaması

		<i>Bradyporus latipes</i>	<i>Deracantha onos</i>	<i>Zichya baranovi</i>	<i>Z. tenggerensis</i>
AT oranı	PKG	67,9	67,8	70,7	68,3
	rRNA	67,5	71,4	73,1	71,9
	AT zengin	74,2	77,8	78,7	77,5
	Total	68,5	69,2	71,8	69,7
uzunluk (bç)	PKG	11.270	11.225	11.231	11.210
	rRNA	2078	2159	2080	2110
	AT zengin	917	858	779	809
	Total	15.778	15.650	15.645	14.641

Çizelge 5.5. Bradyporinae alt familyasına ait türlere ait gen uzunlukları (sol tarafta) ve genler arası kodlama yapmayan/çakışan bölge uzunlukları (sağ tarafta, çakışan bölgeler için değerler “-“ ile işaretlenmiştir) (BL: *Bradyporus latipes*, DO: *Derechanta onos* ZB: *Zichya baranovi* ve ZT: *Zichya tenggerensis*’i temsil etmektedir)

	BL	DO	ZB	ZT	BL	DO	ZB	ZT	
<i>trnI</i>	65	65	64	64	0	-3	-3	-3	<i>trnI -trnQ</i>
<i>trnQ</i>	69	69	69	69	23	15	15	15	<i>trnQ -trnM</i>
<i>trnM</i>	66	65	65	66	0	0	0	0	<i>trnM -nad2</i>
<i>nad2</i>	1029	1024	1026	1023	-2	0	-2	-2	<i>nad2 -trnW</i>
<i>trnW</i>	67	67	70	69	-8	-8	-8	-8	<i>trnW -trnC</i>
<i>trnC</i>	62	75	63	62	0	1	0	0	<i>trnC -trnY</i>
<i>trnY</i>	65	66	68	68	-8	-8	-8	-8	<i>trnY -cox1</i>
<i>cox1</i>	1551	1540	1540	154	-5	0	0	0	<i>cox1 -trnL2</i>
<i>trnL2</i>	66	65	65	65	3	3	3	4	<i>trnL2 -cox2</i>
<i>cox2</i>	691	691	691	691	0	0	0	0	<i>cox2 -trnK</i>
<i>trnK</i>	70	70	70	70	-1	-1	-1	-1	<i>trnK -trnD</i>
<i>trnD</i>	66	66	68	68	0	0	0	0	<i>trnD -atp8</i>
<i>atp8</i>	162	162	162	162	-7	-7	-7	-7	<i>atp8 -atp6</i>
<i>atp6</i>	714	693	693	678	-14	-17	-17	-1	<i>atp6 -cox3</i>
<i>cox3</i>	789	789	789	789	-1	3	3	3	<i>cox3 -trnG</i>
<i>trnG</i>	65	66	65	66	0	-3	0	0	<i>trnG -nad3</i>
<i>nad3</i>	357	355	354	354	10	0	-2	-2	<i>nad3 -trnA</i>
<i>trnA</i>	65	64	64	63	0	-1	0	0	<i>trnA -trnR</i>
<i>trnR</i>	64	64	63	63	19	-1	0	0	<i>trnR -trnN</i>
<i>trnN</i>	66	65	66	64	19	-1	-2	0	<i>trnN -trnS1</i>
<i>trnS1</i>	67	67	67	67	12	1	1	1	<i>trnS1 -trnE</i>
<i>trnE</i>	67	67	67	68	-2	-2	-2	-2	<i>trnE -trnF</i>
<i>trnF</i>	67	65	65	67	10	0	0	0	<i>trnF -nad5</i>
<i>nad5</i>	1752	1732	1732	1732	0	0	0	0	<i>nad5 -trnH</i>
<i>trnH</i>	66	66	65	65	0	0	0	0	<i>trnH -nad4</i>
<i>nad4</i>	1339	1339	1339	1339	-7	-7	-7	-7	<i>nad4 -nad4l</i>
<i>nad4l</i>	297	297	297	297	2	1	1	1	<i>nad4l -trnT</i>
<i>trnT</i>	64	64	63	64	-1	-1	-1	-1	<i>trnT -trnP</i>
<i>trnP</i>	65	65	64	64	1	1	1	1	<i>trnP -nad6</i>
<i>nad6</i>	528	523	523	523	1	0	0	0	<i>nad6 -cytb</i>
<i>cytb</i>	1137	1135	1137	1137	-1	0	-1	-2	<i>cytb -trnS2</i>
<i>trnS2</i>	68	68	68	68	16	17	18	17	<i>trnS2 -nad1</i>
<i>nad1</i>	924	945	948	945	0	0	0	0	<i>nad1 -trnL1</i>
<i>trnL1</i>	65	68	67	68					
<i>rrnL</i>	1304	1301	131	131					
<i>trnV</i>	71	70	70	70					
<i>rrnS</i>	774	858	779	809					
<i>AT zengin</i>	917	815	889	853					

Bradyporinae temsilcilerinin mitogenom genler arası örtüşme veya kodlama yapmayan dizi varlığı örüntüsü karşılaştırıldığında *Bradyporus latipes*'in diğer türlerden belirgin olarak farklılık gösterdiği görülse de, alt familya bazında birçok paylaşılan örüntü de vardır. Paylaşılan genler arası örtüşme veya kodlama yapmayan dizi varlığı örüntüleri bağlamında birçok atasal karakter durumu olduğuna işaret etmektedir (Öztürk ve Çıplak 2019; Karakař vd. 2023)



6.SONUÇ

Bu tez çalışması, *Bradyporus* ve *Saga* cinslerine ait birer temsilci türün mitogenom dizilerini üreterek, Tettigoniidae familyası ve Ensifera alt takımı içindeki diğer alt familya temsilcileri ile karşılaştırmalı olarak, mitogenomlarının karakterizasyonu ve evrimini değerlendirmiştir. Çalışmanın başlangıcında Ensifera alttakımına ait 149 türün mitogenomu bilinirken, tezin tamamlanması aşamasında bu sayı 169'a yükselmiştir. Bunlar arasında Saginae alt familyasına ait bir temsilci bulunmaz iken Bradyporinae alt familyasına ait sadece 3 tanımlanmış tür vardır. *Bradyporus latipes* türünün mitogenom verisi üretilerek, Bradyporini tribusu için bir mitogenom verisi ilk defa tanımlanmıştır.

Gen organizasyonu incelendiğinde, *Bradyporus latipes* ve *Saga natoliae*'nin mitogenomlarında 13 PKG, 22 tRNA ve iki rRNA geni ile kontrol bölgesi veya replikasyon orijin bölgesinin bulunduğu saptanmıştır. Bu türlerde böcek atasal mitogenomun gen sırasını takip ettiği belirlenmiştir. Majör ve minör yeniden gen düzenlemeleri sınıflandırma yönüyle bakıldığında her iki türde de major gen düzenlenmesi olmadığı görülmüştür. Saginae alt familyasına ait temsilci türde minör yeniden düzenleme gözlemlenmiştir. Ayrıca, böcek mitogenomlarının yüksek AT oranı da dikkate değer bir özelliktir. Alt familyalar arasında ve alt familyalar içinde genetik organizasyon, gen düzenlemeleri ve AT oranı gibi özelliklerde farklılıklar olduğu görülmüştür.

Protein kodlayan genlerin karakterizasyonu incelendiğinde, başlama ve sonlanma kodonları bakımından genel örüntüler yeni çalışılan alt familya temsilcilerinde de saptanmıştır. Çoğu PKG'de başlama kodonları genellikle ATN yapısına sahip olsa da *nad1*, *nad2* ve *cox1* genlerinde farklı başlama kodonları saptanmıştır. Sonlanma kodonlarına örüntüsü bağlamında *nad1* ve *atp8* genlerinde tipik TAN sonlanma kodonu korunduğu görülmüştür. Protein kodlayan genlerin AT oranları alt familyalar arasında %60,7 ile %75 arasında değişen oranlarda büyük bir varyasyon olduğu gözlemlenmiştir. Genom uzunluklarına bakıldığında, alt familyaların kendi içinde ve birbirleri arasında varyasyonel dağıldığı görülmüştür. Mitogenomda 22 genle yer alan tRNA genleri sekonder yapı olarak Orthoptera için tanımlanan genel örüntülere sahip olacak şekilde tipik dört kollu yonca yaprağı yapısı göstermektedir.

Çalışma bağlamında varılan en genel sonuç, Saginae alt familyasının Tettigoniidae içinde bağımsız bir filogenetik dal oluşturduğu ve alt familya statüsünün mitogenom verileri ile desteklendiğidir. Bradyporinae alt familyasından, yayılışı Batı Palearktik ile sınırlı olan Bradyporini tribusunun, alt familyanın Doğu Palearktik temsilcileri ile monofiletik bir klad oluşturduğu ve alt familyanın Tettigoniinae alt familyasına kardeş grup olarak yer aldığı saptanmıştır. Mitogenom genel özellikleri olan gen sayısı, gen yerleşim sırası, zincir üzerindeki konumu, AT oranları, PKGlerin uzunlukları, başlama ve sonlanma kodonları bakımından özelde atasal pankrustase mitogenomu ve genelde hayvanlar alemi mitogenomu özellikleri gösterdiği saptanmıştır.

7. KAYNAKLAR

- Anderson, S. 1981. Shotgun DNA sequencing using cloned DNase I-generated fragments. *Nucleic Acids Research*, 4(1), 440–441.
- Andrews, R. M., Kubacka, I., Chinnery, P. F., Lightowlers, R. N., Turnbull, D. M., ve Howell, N. 1999. Reanalysis and revision of the Cambridge Reference Sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics*, 23(2), 147–147.
- Arnason, U., Gullberg, A., Janke, A., ve Kullberg, M. 2007. Mitogenomic analyses of caniform relationships. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 45(3), 863–874.
- Avares, E. S. ve Baker, A. J. 2008. Single mitochondrial gene barcodes reliably identify sister-species in diverse clades of birds. *BMC Evolutionary Biology*, 8(1), 81.
- Avdeyev, P., Jiang, S., Aganezov, S., Hu, F. ve Alekseyev, M. A. 2016. Reconstruction of ancestral genomes in presence of gene gain and loss. *Journal of Computational Biology*, 23(3), 150–164.
- Avice, J.C. 2009. Phylogeography: Retrospect and Prospect. *Journal of Biogeography*, 36(1), 3-15.
- Babiker, H., ve Tautz, D. 2015. Molecular and phenotypic distinction of the very recently evolved insular subspecies *Mus musculus Helgolandicus* Zimmermann, 1953. *BMC Evolutionary Biology*, 15(1), 1-14
- Ballard, J.W. ve Rand, D.M. 2005 The Population Biology of Mitochondrial DNA and Its Phylogenetic Implications. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 36, 621-642.
- Bensley, R.R. ve 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., Fritzsche, G., Pütz, J., Middendorf, M. and Stadler, P.F. 2013. MITOS: Improved de novo metazoan mitochondrial genome annotation. *Elsevier*, 69 (2): 313-319.
- Bian ve F.-M. Shi. 2014. In Bian, G.-L. Xie, Y.-L. Chang ve F.-M. Shi. One new genus and two new species of the tribe Meconematini (Orthoptera: Tettigoniidae: Meconematinae) from Yunnan, China. *Zootaxa* 3793(2), 286-290.
- Bian, X. ve Liu, J. 2021. *Anelytra obtusa* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MZ403755> [Erişim tarihi: 13.04.2023]
- Bian, X. ve Liu, J. 2021. *Anelytra multicurvata* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MZ403754> [Erişim tarihi: 21.04.2023]
- Bibb, M. J., Van Etten, R. A., Wright, C. T., Walberg, M. W. ve Clayton, D. A. 1981. Sequence and gene organization of mouse mitochondrial DNA. *Cell*, 26(2), 167–180.
- Blanchard, E. 1845. *Traité complet d'histoire naturelle*. Firmin Didot Frères, Paris. 524 pp.
- Boore, J. L. 1999. Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27(1): 1767–1780.

- Brown, W. M., Prager, E. M., Wang, A. ve Wilson, A. C. 1982. Mitochondrial DNA sequences of primates: Tempo and mode of evolution. *Journal of Molecular Evolution*, 18(4), 225–239.
- Buckley, T. R., Simon, C., Flook, P. K. ve Misof, B. 2000. Secondary structure and conserved motifs of the frequently sequenced domains IV and V of the insect mitochondrial large subunit rRNA gene. *Insect Molecular Biology*, 9(6), 565–580.
- Cameron, S. L. ve 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(1–2), 112–123.
- Cameron, S. L., Barker, S. C., ve Whiting, M. F. 2006. Mitochondrial genomics and the new Insect Order Mantophasmatodea. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 38(1), 274–279.
- 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.
- Cantatore, P., Roberti, M., Rainaldi, G., Gadaleta, M. N. ve Saccone, C. 1989. The complete nucleotide sequence, Gene Organization, and genetic code of the mitochondrial genome of *Paracentrotus lividus*. *Journal of Biological Chemistry*, 264(19), 10965–10975.
- Castro, L.R. ve Dowton, M. (2005). The position of the Hymenoptera within the Holometabola as inferred from the mitochondrial genome of *Perga condei* (Hymenoptera: Symphyta: Pergidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 34(3), 469-479.
- Castro, L.R., Ruberu, K. ve Dowton, M. (2006). Mitochondrial genomes of *Vanhornia eucnemidarum* (Apocrita: Vanhorniidae) and *Primeuchroeus* spp. (Aculeata: Chrysidae): evidence of rearranged mitochondrial genomes within the Apocrita (Insecta: Hymenoptera). *Genome*, 766, 752–766.
- Chang, H., Nie, Y., Zhang, N., Zhang, X., Sun, H., Mao, Y., Qiu, Z., ve Huang, Y. 2019. MtOrt: An Empirical Mitochondrial Amino Acid Substitution Model for Evolutionary Studies of Orthoptera Insects. 20, 1-15.
- Chang, H., Qiu, Z., Yuan, H., Wang, X., Li, X., Sun, H., Guo, X., Lu, Y., Feng, X., Majid, M., ve Huang, Y. 2020. Evolutionary rates of and selective constraints on the mitochondrial genomes of Orthoptera insects with different wing types. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 145, 106734.
- Chang, Y.L., Shi, F.M., ve Ran, J.C. 2005. Descriptions of two new species of *lipotactes brunneri* v. *watt*. (Orthoptera: Tettigoniidae) from China. *Oriental Insects*, 39(1), 353–357.
- Chesner, L. N., Essawy, M., Warner, C. ve Campbell, C. 2021. DNA-protein crosslinks are repaired via homologous recombination in mammalian mitochondria. *DNA Repair*, 97, 103026.

- Cigliano, M. M., Braun, H. Eades, D. C. and Otte, D. 2023. Orthoptera Species File. Version 5.0/5.0.<http://Orthoptera.SpeciesFile.org> [25.04.2023].
- Clary, D. O., Goddard, J. M., Martin, S. C., Fauron, C. M.-R., ve Wolstenholme, D. R. 1982. drosophilamitochondrial DNA: A novel gene order. *Nucleic Acids Research*, 10(21), 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.
- Claude, A. 1946. Fractionation of mammalian liver cells by differential centrifugation. *Journal of Experimental Medicine*, 84(1), 61–89.
- 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, 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, Erzurum, 252 s.
- Ding, S., Li, W., Wang, Y., Cameron, S. L., Murányi, D., ve Yang, D. 2019. The phylogeny and evolutionary timescale of stoneflies (Insecta: Plecoptera) inferred from mitochondrial genomes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 135, 123–135.
- 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>
- Eklblom, R. ve Galindo, J. 2010. Applications of next generation sequencing in molecular ecology of non-model organisms. *Heredity*, 107(1), 1–15.
- Endosymbiosis. Welcome to IB Biology HL. (n.d.). <https://mysciencesquad.weebly.com/ib-hl-15u3.html> [Erişim tarihi: 29.03.2023]
- Fenn, J. D., Cameron, S. L. ve 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(2), 239–252.
- Formaggioni, A., Luchetti, A. ve Plazzi, F. 2021. Mitochondrial genomic landscape: A portrait of the mitochondrial genome 40 years after the first complete sequence. *Life*, 11(7), 663.
- Frey, T. G., Renken, C. W. ve Perkins, G. A. 2002. Insight into mitochondrial structure and function from electron tomography. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics*, 1555(1–3), 196–203.
- Gao, X., Chin, P. J. ve Khan, A. S. 2019. podoptera frugiperda isolate Sf9 mitochondrion, whole genome shotgun sequence. [ncbi.nlm.nih.gov/nuccore /CM034477.1](https://ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/CM034477.1) [Erişim tarihi: 23.07.2023]

- Gaziev, A.I., Shaikhaev, G.O. 2010 Nuclear mitochondrial pseudogenes. *Molecular Biology*, 44, 358–368.
- Gorochoy, A.V. ve Kang, L. 2002. Review of the Chinese species of Ducetiini (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae). *Insect Systematics and Evolution*, 33, 337–360.
- Gray, M. W., 2012. Mitochondrial Evolution. *Cold Spring Harb Perspect Biology*, 4(1), 1–16.
- Guan, B., Guo, H., veamp; Zhou, Z. 2016. Illumina next-generation sequencing reveals the mitochondrial genome of *Ducetia japonica* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1(1), 361–362.
- Guo, Y., Cai, Q., Samuels, D. C., Ye, F., Long, J., Li, C.-I., Winther, J. F., Tawn, E. J., Stovall, M., Lahteenmaki, P., Malila, N., Levy, S., Shaffer, C., Shyr, Y., Shu, X. ve Boice, J. D. 2012. The use of next generation sequencing technology to study the effect of radiation therapy on mitochondrial DNA mutation. *Mutation Research/Genetic Toxicology and Environmental Mutagenesis*, 744(2), 154–160.
- 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.
- Han, N., Yuan, H., Wang, J., Zhou, Y. ve Mao, S. 2019. *Acosmetura nigrogeniculata* voucher An1809 mitochondrion, complete [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/MK801775.1) MK801775.1 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Hassanin, A., Leger, N. ve 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.
- He, Z.-Q. 2022. *Phyllozelus siccus siccus* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OM937880> [Eriřim tarihi: 06.04.2023]
- He, Z.-Q. 2022. *Tympanophyllum maximum* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OM966853> [Eriřim tarihi: 06.04.2023]
- He, Z.-Q. 2022. mitochondrion *Hemigyris spinosus spinosus* [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/OM994954) OM994954 [Eriřim tarihi: 06.04.2023]
- Hert, D. G., Fredlake, C. P. ve Barron, A. E. 2008. Advantages and limitations of next-generation sequencing technologies: A comparison of electrophoresis and non-electrophoresis methods. *Electrophoresis*, 29(23), 4618–4626.
- Ingman, M., Kaessmann, H., Paabo, S. ve Gyllensten, U. 2000. Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature*, 408 (1): 708-713.
- Ingrisch, S.1998. ESER İSMİ EKSİK??? Courier Forsch-Inst. Senckenberg 206:118
- Kang, D. ve Hamasaki, N. 2002. Maintenance of mitochondrial DNA integrity: Repair and degradation. *Current Genetics*, 41(5), 311–322.

- Karakaş, M. Y., Yahyaoğlu, Ö. Uluar, O., Budak, M. ve Çıplak, B. 2023. Mitochondrial genome of *Poecilimon cretensis* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae): Strong phylogenetic signals in gene overlapping regions. *Zootaxa*, 5263(1), 141-147.
- Karol, S., Suludere, Z. ve Ayvalı, C. 1998. Biyoloji Terimleri sözlüğü, Ankara: TDK Yayınları, 237-242.
- Karşı, U. ve Çıplak, B. 2019a. Mitogenome of *Anterastes babadaghi* (Orthoptera: Tettigoniinae; Platycleidini): Frequent conserved overlapping regions within Tettigoniinae. *Zootaxa*, 4651(1).
- Karşı, U. ve Çıplak, B. 2019b. Complete mitogenome of *Psorodonotus venosus* (Orthoptera, Tettigoniidae; Tettigoniinae): Short intergenic spacers shorten the total genome. *Zootaxa*, 4614(3).
- Kaya, S. ve Çıplak, B. 2018. Possibility of NUMT co-amplification from gigantic genome of Orthoptera: Testing efficiency of standard PCR protocol in producing orthologous coi sequences. *Heliyon*, 4(11).
- 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. ve 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.
- Kim, I., Lee, E. M., Seol, K. Y., Yun, E. Y., Lee, Y. B., Hwang, J. S. ve Jin, B. R. (2006). The mitochondrial genome of the Korean hairstreak, *Coreana raphaelis* (Lepidoptera: Lycaenidae). *Insect Molecular Biology*, 15, 217–225.
- Kircher, M. ve Kelso, J. 2010. High-throughput DNA sequencing - concepts and limitations. *BioEssays*, 32(6), 524–536.
- Kômoto, N., Yukuhiro, K., ve Tomita, S. 2012. Novel gene rearrangements in the mitochondrial genome of a webspinner, *Aposthonia japonica* (Insecta: Embioptera). *Genome*, 55(3), 222–233.
- Komoto, N., Tomita, S. and Yukuhiro, K. 2012. *Extatosoma tiaratum* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_017748.1 [Erişim tarihi: 21.04.2023]
- Korkmaz, E. M., Doğan, Ö., Budak, M., ve Başbüyük, H. H. 2015. Two nearly complete mitogenomes of wheat stem borers, *Cephus pygmeus* (L.) and *Cephus sareptanus* Dovnar-Zapolskij (hymenoptera: Cephidae): An unusual elongation of rrns gene. *Gene*, 558(2), 254–264.
- Kumar, S., Stecher, G. ve Tamura, K. 2016. Mega7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7), 1870–1874.
- Lanfear, R., Frandsen, P. B., Wright, A. M., Senfeld, T. ve Calcott, B. 2017. Partitionfinder 2: New methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 34: 772-773.

- Langmead, B. ve Salzberg S. L. 2012. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*, 9, 357–359
- Laslett, D. ve Canback, B. 2008. ARWEN: a program to detect tRNA genes in metazoan mitochondrial nucleotide sequences. *Bioinformatics*, 24 (2), 172-175.
- Leavitt, J. R., Hiatt, K. D., Whiting, M. F. ve 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(2), 494–508.
- Li, J., Chen, Q., Wen, M., Wang, J., Wang, Y., ve Ren, B. 2017. Phylogeny and acoustic signal evolution of a pure tone song katydid pseudophyllus titan (Orthoptera: Tettigoniidae) based on the complete mitogenome. *Mitochondrial DNA Part A*, 30(3), 385–396.
- Li, T., Yang, J., Li, Y., Cui, Y., Xie, Q., Bu, W. Ve Hillis, D. M. 2016. A mitochondrial genome of Rhyparochromidae (Hemiptera: Heteroptera) and a comparative analysis of related mitochondrial genomes. *Scientific Reports*, 6(1), 35175.
- Li, X.-T., ve Chen, Z.-T. (2021). Complete mitochondrial genome and phylogenetic position of *Filchneria songi* in Perlodidae (Insecta: Plecoptera). *Mitochondrial DNA Part B*, 6(12), 3400–3401.
- Li, N. 2020. *Euconocephalus pallidus* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MW009066> [Eriřim tarihi: 11.04.2023]
- Liang, L. ve Bian, X. 2022. *Grigiora cheni* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OM892710> [Eriřim tarihi: 12.03.2023]
- Liang, L. ve Bian, X. 2022. mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OM892712> [Eriřim tarihi: 12.03.2023]
- Liang, L. and Bian, X. *Phlugiolopsis punctata* mitochondrion, complete genome. 2022. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OM892709> [Eriřim tarihi: 17.03.2023]
- Liang, L. ve Bian, X. 2022. *Phlugiolopsis tuberculata* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OM892715> [Eriřim tarihi: 17.03.2023]
- Liang, L. and Bian, X. 2022. *Phlugiolopsis brevis* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OM913480> [Eriřim tarihi: 17.03.2023]
- Liang, L. and Bian, X. 2022. *Chandozhinskia hastaticercus* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OM892711> [Eriřim tarihi: 17.03.2023]
- Linard, B., Arribas, P., Andujar, C., Crampton-Platt, A. ve Vogler, A. P. *Haliplus immaculatus* voucher BMNH:1425121 mitochondrion, complete genome. 2015. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KT876889.1> [Eriřim tarihi: 23.07.2023]
- Liu, C., ve Kang, L. 2007. Revision of the genus *Sinochlora* Tinkham (Orthoptera: Tettigoniidae, Phaneropterinae). *Journal of Natural History*, 41(21–24), 1313–1341.
- Liu, Chunxiang, Chang, J., Ma, C., Li, L., ve Zhou, S. 2013. Mitochondrial genomes of two sinochlora species (Orthoptera): Novel genome rearrangements and recognition sequence of replication origin. *BMC Genomics*, 14(1), 114.

- Liu, F. ve Huang, Y. 2017. *Phaneroptera falcata* mitochondrion, complete genome. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ KY458227.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KY458227.1) [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Liu, F. ve Huang, Y. 2017. *Xizicus howardi* mitochondrion, complete genome. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ KY458226.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KY458226.1) [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Liu, F. ve Huang, Y. 2017. *Conocephalus differentus* mitochondrion, complete genome. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ MF347703.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MF347703.1) [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Liu, F. ve Huang, Y. 2017. *Sinochlora szechwanensis* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_034994 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Liu, J. ve Bian, X. 2021. *Palaeograecia brunnea* mitochondrion, complete genome. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ OK638186](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/OK638186) [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Liu, J. ve Bian, X. 2021. *Ruspolia yunnana* mitochondrion, complete genome. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ MZ128147](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MZ128147) [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Liu, Jing ve Bian. 2021. ESER İSMİ YOK!! In Liu, Jing, Zizhong Yang, X.-Y. Lu ve Bian. New additions to the Chinese *Anelytra* Redtenbacher, 1891 (Tettigoniidae: Conocephalinae; Agraeciini). *Zootaxa* 5032(3)
- Liu, X.-W. ve Xingbao Jin. 1999. In Huang, B. [Ed.]. *Fauna of Insects Fujian Province of China*. Vol. 1. 125
- Lowe, T. M. ve 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., Yang, P., Jiang, F., Chapuis, M. P., Shali, Y., Sword, G. A. ve Kang, L. 2012. *Locusta migratoria* isolate Queen_Australia mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JN858212.1> [Eriřim tarihi: 02.04.2023]
- Ma, C., Yang, P., Jiang, F., Chapuis, M.P., Shali, Y., Sword, G. A., ve Kang, L. 2012. Mitochondrial genomes reveal the global phylogeography and dispersal routes of the Migratory Locust. *Molecular Ecology*, 21(17), 4344–4358.
- Ma, K., Feng, J., Lin, J. ve Li, J. 2011. The complete mitochondrial genome of *Macrobrachium nipponense*. *Gene*, 487(2), 160–165.
- Mao, S. L. 2019. *Acosmetura nigrogeniculata* voucher An1809 mitochondrion, complete. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ MK801775.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK801775.1) [Eriřim tarihi: 21.03.2023]
- Mao, S. L. 2019. *Acosmetura nigrogeniculata* voucher An1809 mitochondrion, complete genome. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ MK801775.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK801775.1) [Eriřim tarihi: 01.04.2023]
- Mao, S. L., Lu, Y., Xun, L. L. ve Zhou, Y.F. 2019. *Alloxiphidiopsis emarginata* mitochondrion, complete genome https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_065298 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Mao, S. L., Qiu, Z. Y., Li,Q., Li,Y. Ve Zhou,Y.F. 2018. *Xiphidiopsis gurneyi* mitochondrion, complete genome. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/ MH198673.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MH198673.1) [Eriřim tarihi: 21.04.2023]

- Mao, S. li, Zhou, Y., Yuan, H., Lu, C., ve Chang, H. 2018. The complete chloroplast genome sequence of *Cremastra appendiculata* (Orchidaceae) revealed by next-generation sequencing and phylogenetic implication. *Mitochondrial DNA Part B*, 3(2), 1108–1109.
- Mao, S., Yuan, H., Chang, H., Shi, F. ve Zhou, Y. 2020. Shoveliteratura triangula voucher St1706 mitochondrion, complete genome <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/MN395747.1> [Eriřim tarihi: 06.04.2023]
- McConnell, S. C., Hernandez, K. M., Wcisel, D. J., Kettleborough, R. N., Stemple, D. L., Yoder, J. A., Andrade, J., ve de Jong, J. L. 2016. Alternative haplotypes of antigen processing genes in zebrafish diverged early in vertebrate evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(34), E5014-E5023.
- Minh, B. Q., Schmidt, H. A., Chernomor, O., Schrempf, D., Woodhams, M. D., Von Haeseler, A. ve Lanfear, R. 2020. IQ-TREE 2: new models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, 37: 1530-1534.
- Mitchell, P. 1961. Coupling of Phosphorylation to Electron and Hydrogen Transfer by a Chemi-Osmotic Type of Mechanism. *Nature*, 191(4784), 144-148.
- Mitokondri Nedir? Mitokondrinin Grevi Nedir?. Fikir.Gen.Tr. (2018, September 21). <https://www.fikir.gen.tr/mitokondri-nedir-mitokondrinin-gorevi-nedir> [Eriřim tarihi: 29.03.2023]
- Moritz, C., Dowling, T. E. ve Brown, W. M. 1987. Evolution of animal mitochondrial DNA: Relevance for Population Biology and Systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18(1), 269–292.
- Mugleston, J. D., Naegle, M., Song, H. ve Whiting, M. F. 2018. A comprehensive phylogeny of Tettigoniidae (Orthoptera: Ensifera) reveals extensive Ecomorph convergence and widespread taxonomic incongruence. *Insect Systematics and Diversity*, 2(4), 5.
- Mugleston, J., Naegle, M., Song, H., Bybee, S. M., Ingley, S., Suvorov, A. ve Whiting, M. F. 2016. Reinventing the leaf: Multiple origins of leaf-like wings in katydids (Orthoptera : Tettigoniidae). *Invertebrate Systematics*, 30(4), 335-352.
- Nass, M. M., ve Nass, S. (1963). Intramitochondrial fibers with DNA characteristics. *Journal of Cell Biology*, 19(3), 593–611.
- Nie, Y., Fu, Y.-T., Zhang, Y., Deng, Y.-P., Tu, Y., ve Liu, G.-H. 2021. Highly Rearranged Mitochondrial Genome in Falcolipeurus Lice (Phthiraptera: Philopteridae) from Endangered Eagles. 14(1), 1-11.
- Okimoto, R., Macfarlane, J. L., ve Wolstenholme, D. R. 1990. Evidence for the frequent use of TTG as the translation initiation codon of mitochondrial protein genes in the nematodes, *Ascaris suum* and *Caenorhabditis elegans*. *Nucleic Acids Research*, 18(20), 6113-6118.
- Öztürk, P. N. ve ıplak, B. 2019. Phylomitogenomics of Phaneropteridae (Orthoptera): Combined data indicate a poorly conserved mitogenome. *International Journal of Biological Macromolecules*, 132, 1318–1326.

- Pamplona, R. 2011. Mitochondrial DNA damage and animal longevity: Insights from comparative studies. *Journal of Aging Research*, 2011, 1–9.
- Perna, N.T., ve Kocher, T. D. 1995. Patterns of nucleotide composition at fourfold degenerate sites of animal mitochondrial genomes. *Journal of Molecular Evolution*, 41(3).
- Picca, A., Calvani, R., Coelho-Junior, H. J. ve Marzetti, E. 2021. Cell death and inflammation: The role of mitochondria in health and disease. *Cells*, 10(3), 537.
- Pons, J., Barraclough, T. G., Gomez-Zurita, J., Cardoso, A., Duran, D. P., Hazell, S., Kamoun, S., Sumlin, W. D. ve Vogler, A. P. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*, 55(4), 595–609.
- Pons, J., Barraclough, T. G., Gomez-Zurita, J., Cardoso, A., Duran, D. P., Hazell, S., Kamoun, S., Sumlin, W. D. ve Vogler, A. P. 2006. Sequence-based species delimitation for the DNA taxonomy of undescribed insects. *Systematic Biology*, 55(4), 595–609.
- Qiu,Z., Yuan,H. and Huang,Y. 2017. *Phaneroptera nigroantennata* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_034757 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Rambaut, A., Drummond, A. J., Xie, D., Baele, G. ve Suchard, M. A. 2018. Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology*, 67(5), 901–904.
- Rokas, A., Ladoukakis, E. ve Zouros, E. 2003. Animal mitochondrial DNA recombination revisited. *Trends in Ecology and Evolution*, 18(8), 411–417.
- Romanova, E. V., Bukin, Y. S., Mikhailov, K. V., Logacheva, M. D., Aleoshin, V. V. ve Sherbakov, D. Y. 2021. The mitochondrial genome of a freshwater pelagic amphipod macrohectopus branickii is among the longest in metazoa. *Genes*, 12(12), 2030.
- Ronquist, F., Teslenko, M., Van Der Mark, P., Ayres, D. L., Darling, A., Höhna, S., Larget, B., Liu, L., Suchard, M. A. ve Huelsenbeck, J. P. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*, 61: 539-542.
- Schlötterer, C., Kofler, R. Versace, E., Tobler, R. ve Franssen, S. U. 2016. Erratum: Combining experimental evolution with next-generation sequencing: A powerful tool to study adaptation from standing genetic variation. *Heredity*, 116(2), 248–248.
- Shan, Z., Wanjing,Y., Yuxiang,C., Pingjia,Q., Peng,L., Rong,H. ve Peng,C. 2020. *Teratura megafurcula* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT767744.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Shi, F.M., Bian, X., ve Chang, Y.-L. 2011. New bushcrickets of the tribe Meconematini (Orthoptera, Tettigoniidae, Meconematinae) from China. *Zootaxa*, 2981(1), 36.

- Shi, F. M., ve Qiu, M. (2009). Remarks on the Chinese species of the genus *Anelytra* Redtenbacher, 1891 (Orthoptera, conocephalinae). *Zootaxa*, 2280(1), 53–62.
- Shi, Q.Y., Zheng, J.-Y., Zhi, Y.-C., ve Li, X.-J. 2015. The complete mitochondrial genome of *Sinotmethis brachypterus* Zheng ve XI, 1985 (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae: Prionotropisinae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6), 4063–4064.
- Shields, G. F. ve Wilson, A. C. 1987. Calibration of mitochondrial DNA evolution in Geese. *Journal of Molecular Evolution*, 24(3), 212–217.
- Song, H., Amédégato, C., Cigliano, M. M., Desutter-Grandcolas, L., Heads, S. W., Huang, Y., Otte, D. ve Whiting, M. F. 2015. 300 million years of diversification: Elucidating the patterns of orthopteran evolution based on comprehensive taxon and gene sampling. *Cladistics*, 31: 621-651.
- Song, N., Li, H., Song, F. and Cai, W. 2016. *Ducetia* sp. NS-2016 mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX673198.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Stokkan, M., Jurado-Rivera, J. A., Oromí, P., Juan, C., Jaume, D., ve Pons, J. 2018. Species delimitation and mitogenome phylogenetics in the subterranean genus *pseudoniphargus* (crustacea: Amphipoda). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 127, 988–999.
- Strope, P. K., Skelly, D. A., Kozmin, S. G., Mahadevan, G., Stone, E. A., Magwene, P. M., Dietrich, F. S., ve McCusker, J. H. 2015. The 100-genomes strains, an *S. cerevisiae* resource that illuminates its natural phenotypic and genotypic variation and emergence as an opportunistic pathogen. *Genome Research*, 25(5), 762–774.
- řirin, D., Taylan, M. S., Sevgili, H., ve Mol, A. 2019. Bioacoustics review of Anatolian species of the predatory bush-cricket genus *Saga* (Orthoptera: Tettigoniidae: Saginae) with the description of a new species. *Zootaxa*, 4664(1).
- Taanman, J.W. 1999. The mitochondrial genome: Structure, transcription, translation and replication. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA). Bioenergetics*, 1410(2), 103–123.
- Tan, W. 2019. *Euconocephalus nasutus* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MN183101.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Van Blerkom, J. 2009. Mitochondria in early mammalian development. *Seminars in Cell and Developmental Biology*, 20(3), 354–364.
- Wallace, D C. 1994. Mitochondrial DNA sequence variation in human evolution and disease. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 91(19), 8739–8746.
- Wallace, D. C. 2016. Mitochondrial DNA in evolution and disease. *Nature*, 535(7613), 498–500.
- Wan, X., Kim, M. I., Kim, M. J., ve Kim, I. (2012). Complete mitochondrial genome of the free-living earwig, *Challia fletcheri* (Dermaptera: Pygidicranidae) and phylogeny of Polyneoptera. *PLoS ONE*, 7(8), e42056.
- Wang, H., Li, K., ve Liu, X. 2012. A taxonomic study on the species of the genus *Phlugiolopsis* Zeuner (Orthoptera, Tettigoniidae, Meconematinae). *Zootaxa*, 3332(1), 27.

- Wang, W., Wang, H., Huang, H., Zhao, Y., ve Zhou, Z. 2022. Mitochondrial genomes of 10 Mantidae species and their phylogenetic implications. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, 111(1), e21874.
- Wang, J., Qiu, Z., Yuan, H. and Huang, Y. 2017. *Phaneroptera gracilis* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_034756 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Wei, S. J., Shi, M., Chen, X. X., Sharkey, M. J., Achterberg, C. V., Ye, G. Y. ve He, J. H. 2010. New views on strand asymmetry in insect mitochondrial genomes. *Plos One*, 5 (9): e12708.
- Wei, W., Pagnamenta, A. T., Gleadall, N., Sanchis-Juan, A., Stephens, J., Broxholme, J., Tuna, S., Odhams, C. A., Ambrose, J. C., Baple, E. L., Bleda, M., Boardman-Pretty, F., Boissiere, J. M., Boustred, C. R., Caulfield, M. J., Chan, G. C., Craig, C. E., Daugherty, L. C., de Burca, A., Chinnery, P. F. 2020. Nuclear-mitochondrial DNA segments resemble paternally inherited mitochondrial DNA in humans. *Nature Communications*, 11(1), 1740.
- Weissensteiner, H., Forer, L., Fuchsberger, C., Schöpf, B., Kloss-Brandstätter, A., Specht, G., Kronenberg, F. ve Schönherr, S. 2016. MtDNA-server: Next-generation sequencing data analysis of human mitochondrial DNA in the cloud. *Nucleic Acids Research*, 44(W1), W64-W69.
- Wolstenholme, D. R., Okimoto, R., Macfarlane, J. L., ve Clary, D. O., 1992. The mitochondrial genomes of two Nematodes, *Caenorhabditis elegans* and *Ascaris suum*. *Genetics*, 130 (1): 471-498.
- Xiao, B., Chen, A. H., Zhang, Y. Y., Jiang, G. F., Hu, C. C. and Zhu, C. D. 2012. *Blattella germanica* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EU854321.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Xiao, B., Chen, A. H., Zhang, Y. Y., Jiang, G. F., Hu, C. C. ve Zhu, C. D. 2012 Complete mitochondrial genomes of two cockroaches, *Blattella germanica* and *Periplaneta americana*, and the phylogenetic position of termites. *Current Genetetics* 58 (2), 65-77
- Yang, M. R., Zhou, Z. J., Chang, Y. L. ve Shi, F. M. 2012. *Xizicus fascipes* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_018765 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Yang, M., Zhang, H., van der Lee, T. A., Waalwijk, C., van Diepeningen, A. D., Feng, J., Brankovics, B. ve Chen, W. 2020. Population genomic analysis reveals a highly conserved mitochondrial genome in fusarium Asiaticum. *Frontiers in Microbiology*, 11, 839.
- Yang, J., Ye, F. and Huang, Y. 2015. *Ruidocollaris obscura* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_028160 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Yang, J., Ye, F. and Huang, Y. 2015. *Kuwayamaea brachyptera* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_028159.1 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]

- Yang, J., Ye, F. and Huang, Y. 2015. *Phyllomimus detersus* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_028158 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Yoshizawa, K., Johnson, K. P., Sweet, A. D., Yao, I., Ferreira, R. L., ve Cameron, S. L. 2018. Mitochondrial phylogenomics and genome rearrangements in the Barklice (insecta: Psocodea). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 119, 118–127.
- Yuan, H., Mao, S. ve Huang, Y. 2020. *Conocephalus gladius* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT849265> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Yuan, H., Mao, S. ve Huang, Y. 2020. *Elimaea berezovskii* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT849266> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Yuan, H., Mao, S. ve Huang, Y. 2020. *Ruidocollaris sinensis* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT849268> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Yuan, H., Mao, S. ve Huang, Y. 2020. *Microconema clavata* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT849272> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Yuan, H., Mao, S. and Huang, Y. 2020. *Zichya tenggerensis* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MT849271> [Eriřim tarihi: 11.03.2023]
- Zervas, A., Petersen, G. ve Seberg, O. 2019. Mitochondrial genome evolution in parasitic plants. *BMC Evolutionary Biology*, 19(1). 1-14
- Zhang, C. ve Huang, Y. 2008. Complete mitochondrial genome of *Oxya chinensis* (Orthoptera, Acridoidea). *Acta Biochim Biophys*, 40 (1): 7-18.
- Zhang, D. X., Szymura, J. M., Hewitt, G. M. 1995. Evolution and structural conservation of the control region of insect mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 40(4), 382–391.
- 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, X., Li, X., Liu, F., Yuan, H. Ve 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.
- Zhao, H.B. 2015. *Uvarovites inflatus* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_026231.1 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z. J. 2016. *Ruspolia* sp. ZJZ-2017 mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX057717.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z. J. 2017. *Pseudocosmetura anjiensis* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_033853 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]

- Zhou ,Z. J. 2017. *Pseudokuzicus pieli* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033982 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Hexacentrus japonicus* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033983 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Zichya baranovi* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033984 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Metrioptera bonneti* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033986 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Conanalis pieli* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033987 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Conocephalus melaenus* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033988 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Ruspolia lineosa* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033991.1 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Holochlora fruhstorferi* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033993 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Kuwayamaea chinensis* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033995 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Lipotactes tripyrga* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033996 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Phyllomimus sinicus* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033997 [Eriřim tarihi: 13.04.2023]
- Zhou ,Z. J. 2017. *Hexacentrus unicolor* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_033999 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. ve Ma, L. 2020. *Gampsocleis gratiosa gratiosa* mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/MW092767.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J. Yang, M. R. ve Chang,Y.L. 2013. *Mecopoda elongata* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_021380 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou ,Z. J., Huang, Y. ve Shi, F. M. 2012. *Conocephalus maculatus* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_016696.1 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z. J., Huang, Y., Shi, F. M. ve Ye, H. Y. 2010. *Elimaea cheni* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_014289.1 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z. J., Yang, M. R. ve Chang, Y. L. 2013. *Mecopoda niponensis* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucore/NC_021379 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]

- Zhou, Z., Huang, Y., Shi, F. ve Ye, H. 2009. *Deracantha onos* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_011813 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Shi, F. ve Huang, Y. 2008. *Gampsocleis gratiosa* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_011200 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J. ve Shi, F. 2017. Towards a higher-level Ensifera phylogeny inferred from mitogenome sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 108: 22-33.
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J. Ve Shi, F. 2017. *Deflorita* sp. ZJZ-2017 mitochondrion, partial genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX057719.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J. *Tettigonia chinensis* mitochondrion, partial genome. Ve Shi, F. 2017. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX057727.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J. Ve Shi, F. 2017. *Phyllomimus* sp. ZJZ-2017 mitochondrion, partial genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX057722.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J. Ve Shi, F. 2017. *Tegra novaehollandiae viridiotata* mitochondrion, partial genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX057715.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J. Ve Shi, F. 2017. *Orophyllus montanus* mitochondrion, partial genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX057714.1> [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Huang, Y. and Shi, F. 2007. *Ruspolia dubia* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_009876 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J. and Shi, F. 2017. *Atlanticus* sp. ZJZ-2017 mitochondrion, complete genome. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/KX057730.1> [Eriřim tarihi: 26.03.2023]
- Zhou, Z. J. 2016. *Pseudorhynchus crassiceps* mitochondrion, complete genome. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NC_033990.1 [Eriřim tarihi: 21.04.2023]

ÖZGEÇMİŞ

Müşerref Yasemin KARAKAŞ

ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans	Akdeniz Üniversitesi
2020-2023	Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, Antalya
Lisans	Orta Doğu Teknik Üniversitesi
2011-2019	Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Ankara

MESLEKİ VE İDARİ GÖREVLER

Araştırma Görevlisi	Hatay Mustafa Kemal Üniversitesi
2012-2013	Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Hatay

ESERLER

Karakaş, M. Y., Yahyaoğlu, Ö. Uluar, O., Budak, M. ve Çiplak, B. 2023. Mitochondrial genome of *Poecilimon cretensis* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae): Strong phylogenetic signals in gene overlapping regions. *Zootaxa*, 5263(1), 141-147.