

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



Psorodonotus venosus ve *Anterastes babadaghi*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL MİTOKONDRI-
YAL GENOM DİZİLERİ VE GEN YERLEŞİMLERİNİN BELİRLENMESİ

Uğur KARŞI
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2018

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ



Psorodonotus venosus ve *Anterastes babadaghi*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL MİTOKONDRI-
YAL GENOM DİZİLERİ VE GEN YERLEŞİMLERİNİN BELİRLENMESİ

Uğur KARŞI
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS

HAZİRAN 2018

ANTALYA

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Psorodonotus venosus ve *Anterastes babadaghi*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL MİTOKONDRI-
YAL GENOM DİZİLERİ VE GEN YERLEŞİMLERİNİN BELİRLENMESİ

Uğur KARŞI
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bu tez Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri tarafından
FYL-2017-2462 nolu proje ile desteklenmiştir.

HAZİRAN 2018

T.C.
AKDENİZ ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

Psorodonotus venosus ve *Anterastes babadaghi*
(ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL MİTOKONDRI-
YAL GENOM DİZİLERİ VE GEN YERLEŞİMLERİNİN BELİRLENMESİ

Uğur KARŞI
BİYOLOJİ
ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

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

Prof. Dr. Battal ÇIPLAK
Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ
Doç. Dr. Sarp KAYA

ÖZET

Psorodonotus venosus ve *Anterastes babadaghi* (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE) TÜRLERİNDE TOTAL MİTOKONDRIYAL GENOM DİZİLERİ VE GEN YERLEŞİMLERİNİN BELİRLENMESİ

Uğur KARŞI

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Haziran 2018; 61 sayfa

Mitokondriyal genom (mitogenom) dizileri bir dizi nedenle yakın zamanda populasyon genetiği, filogeni, filocoğrafya ve benzeri evrimsel çalışmalarda yayın olarak başvuru alan veri kaynakları arasındadır. Orthoptera Insecta'nın en fazla tür içeren takımlarından biridir ve özellikle son 2-3 yıl içerisinde çok sayıda türün mitogenomu çıkarılmıştır. Sunulan tez çalışması Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) altfamilyasına ait *Psorodonotus venosus* ve *Anterastes babadaghi* türlerinin mitogenom dizilerinin yeni nesil dizileme yöntemi ile üretilmiş ve biyoinformatik yaklaşımlarla değerlendirilmiş verilerini içermektedir. Total mitogenom uzunlukları *Psorodonotus venosus* türünde 15842 baz çifti ve *Anterastes babadaghi* türünde 15883 baz çifti olarak saptanmıştır. Diğer ökaryotların çoğunun mitogenomlarına benzer şekilde bu iki türün mitogenomu 22 tRNA geni, 2 rRNA geni, 13 protein kodlayan gen ve bir A+T'ce zengin bölgeden oluşmaktadır. İki türün mitogenomunun 37 geninin yerleşimi atasal böcek mitogenomu olarak varsayılan Pancrustacea mitogenomundaki yerleşime sahiptir. Protein kodlayan genlerde ortalama AT/GC oranı *Psorodonotus venosus* türünde % 68/32 ve *Anterastes babadaghi* türünde ise % 70/30 olarak hesaplanmıştır. Tez verileri şu sonuçlara işaret etmiştir: (i) Her iki türün mitogenomları toplam baz sayısı, ve gen sayısı ve içeriği yönüyle çokhücreliler için genel mitogenom tipi olarak tanımlanan ile aynı özelliklere sahiptir, (ii) Tettigoniinae altfamilyasının temsilcileri olan bu iki tür atasal alttüyeli gen yerleşimine sahiptirler, (iii) şimdiye kadar çalışılmış diğer türleri de dikkate alındığında Tettigoniinae altfamilyasında mitogenom gen yerleşimi korunmuş görünmektedir, (iv) her iki tür diğer orthopterlerde olduğu gibi AT ağırlıklı bir genoma sahiptir ve tRNA genlerinin uzunlukları, antikodonları ve komşu genlerle çakışma veya kodlanmayan ara dizilere sahip olma bakımından ve yine protein kodlayan genlerin uzunluk, başlama ve bitiş kodonları, komşu genlerin çakışması veya kodlanmayan baz dizilerine sahip olması altfamilya için tipik örüntülere sahiptir.

ANAHTAR KELİMELEER: Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae, *Psorodonotus venosus*, *Anterastes babadaghi*, yeni nesil dizileme, total mitogenome

JÜRİ: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ

Doç. Dr. Sarp KAYA

ABSTRACT

DETERMINATION of TOTAL MITOGENOM SEQUENCES AND GENE LOCATION IN *PSORODONOTUS VENOSUS* AND *ANTERASTES BABADAGHI* (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDA)

Uğur KARŞI

MSc Thesis in Biology

Supervisor: Prof.Dr. Battal ÇIPLAK

June 2018; 61 pages

DNA sequences of the mitochondrial genome frequently have been used as one of the main data sources in population genetics, phylogeny, phylogeography and other similar evolutionary studies. Orthoptera is one of the most species rich order of Insecta and mitochondrial genome of several species have been studied especially during last 2-3 years. This thesis includes data on mitochondrial genome of *Psorodonotus venosus* ve *Anterastes babadaghi* belonging to Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) obtained via next generation sequencing and evaluated by bioinformatics approaches. The total mitogenome of *Psorodonotus venosus* was 15842 base pairs and that of *Anterastes babadaghi* was 15883 base pairs. As in the most of the other eukaryotes the mitochondrial genome of these two species consists of 22 tRNA genes, 2 rRNA genes, 13 protein coding genes and the A+T rich control region. The arrangement of 37 genes in the mitochondrial genome of these two species is as in gene location in Pancrustacea which also considered as ancestral gene arrangement of Insecta. The AT/GC content in protein coding genes was % 68/32 and % 70/30 in *Psorodonotus venosus* and *Anterastes babadaghi* respectively. Data of this study indicates following results: (i) mitogenome of both species exhibit characteristics of multicellular organisms in several aspects, (ii) The gene location of mitochondrial genome of these two species representing Tettigoniinae is as in other hexapods, (iii) and this indicate that no gene arrangement has occurred in evolutionary history of Tettigoniinae, (iv) Both species have AT rich genome as in other orthopterans, and (v) the tRNA genes in Tettigoniinae exhibit some subfamily specific aspects such as the length and anti-codon of the genes and their overlapping or having non-coding bases with the adjacent genes, and (vi) similarly the length, the initial and stop codons of the genes and their overlapping or having non-coding bases with the adjacent genes in protein coding also exhibit subfamily specific patterns.

KEYWORDS: Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae, *Psorodonotus venosus*, *Anterastes babadaghi*, next generation sequencing, total mitogenome

COMMITTEE: Prof. Dr. Battal ÇIPLAK

Assoc. Prof. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ

Assoc. Prof. Dr. Sarp KAYA

ÖNSÖZ

Canlıların değişim süreçlerini ortaya koyma ve tanımlamada mitokondri DNAsı daha hacimli, daha güvenilir ve daha pratik yöntemlerle tercih edilen bir veri kaynağı olmuştur. Bu tezde Orthoptera takımı içinde bulunan ve tribus düzeyinde daha önce total mitokondri genomu çıkarılmamış iki türün total mitokondri genomunu literatüre kazandırmak amaçlanmıştır. Ayrıca yeni nesil dizileme (Next Generation Sequencing) tekniği kullanılarak güvenilirliği yüksek bir sonuç elde etme yönteminin oturtulması bağlamında önemli görülmüştür.

Yüksek lisans yaşamım boyunca hem akademik hem sosyal hem de manevi anlamda her türlü desteği esirgemeyen ve deneyimleriyle her zaman yolumu aydınlatmış olan danışmanım Prof. Dr. Battal ÇIPLAK'a sonsuz teşekkür ederim. Ayrıca bilgilerine pek çok kez başvurduğum Doç. Dr. Sarp KAYA'ya çok teşekkür ederim. Tez için yardımlarını esirgemeyen Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ'a ve Ar. Gör. Özgül DOĞAN'a teşekkür ederim. Dizileme hizmeti için MG Biyoinformatik şirketinin sahibi Murat GÜLER'e yardımlarından dolayı teşekkür ederim. Laboratuvar ekip arkadaşlarım Pembe Nur ÖZTÜRK, Özgül YAHYAOĞLU ve lisans dönem arkadaşım da olan Ar. Gör. Onur ULUAR'a destekleri için teşekkür ederim. Manevi desteğini hiçbir zaman esirgemeyen dostum Bengisu Sezen SUBAŞI'na çok teşekkür ederim. Ve son olarak da her zaman gösterdikleri ilgi ve şevkat için anne ve babam Şenay ve Cafer KARŞI'ya teşekkür ederim.

Bu tezin çalışmaları Akdeniz Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü bünyesindeki Moleküler Evrim ve Biyocoğrafya Laboratuvarı'nda gerçekleştirilmiştir. Tez çalışması Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri tarafından FYL-2017-2462 nolu proje ile desteklenmiştir.

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ.....	iii
AKADEMİK BEYAN	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xi
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK TARAMASI	4
2.1. Orthoptera Takımı ve Mitogenom Çalışmaları	4
2.2. <i>Psorodonotus</i> ve <i>Anterastes</i> cinsleri.....	6
3. MATERYAL VE METOD	11
3.1. Örneklem ve DNA İzolasyonu	11
3.2. Yeni Nesil Dizilemede Mitogenomun Eldesi ve Gen Yerleşimi	12
3.3. Mitogenom Belirlenmesi (Annotasyonu).....	12
3.4. Mitogenom İstatistikleri	13
4. BULGULAR.....	14
4.1. Laboratuvar Çalışmalarından Edinilen Ürünler	14
4.2. Yeni Nesil Dizileme Verilerinin İşlenmesi	15
4.3. Çalışılan Türlerde Mitogenom Karakterizasyonu	15
4.3.1. <i>P. venosus</i> türünün mitogenom gen yerleşimleri.....	15
4.3.1.1. Protein kodlayan genlerin yerleşimleri.....	17
4.3.1.2. Transfer RNA genlerinin yerleşimleri	17
4.3.1.3. Ribozomal RNA genlerinin yerleşimleri	17
4.3.1.4. Kodlama yapmayan bölgelerin yerleşimleri.....	18
4.3.1.5. Çakışan gen bölgelerinin yerleşimleri	18
4.3.1.6. A+T’ce zengin kodlama yapmayan bölgenin yerleşimi	18
4.3.1.7. Mitogenomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu.....	20
4.3.2. <i>A. babadaghi</i> türünün mitogenom gen yerleşimleri	25
4.3.2.1. Protein kodlayan genlerin yerleşimleri.....	25
4.3.2.2. Transfer RNA genlerinin yerleşimleri	25
4.3.2.3. Ribozomal RNA genlerinin yerleşimleri	27

4.3.2.4. Kodlama yapmayan bölgelerin yerleşimleri	27
4.3.2.5. Çakışan gen bölgelerinin yerleşimleri	27
4.3.2.6. A+T'ce zengin kodlama yapmayan bölgenin yerleşimi	29
4.3.2.7. Mitogenomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu.....	29
5. TARTIŞMA	34
5.1. <i>P. venosus</i> ve <i>A. babadaghi</i> türlerinin genomlarının karşılaştırılması	34
5.2. Mitogenom gen yerleşimleri bakımından çalışılan türlerin yeri	35
5.3. Mitogenom uzunlukları bakımından çalışılan türlerin yeri	39
5.4. Tettigoniinae Mitogenomu Genlerinin Karşılaştırılması.....	40
5.4.1. tRNA genlerinin benzerlik/farklılık örüntüleri	40
5.4.2. PKG'lerinin benzerlik/farklılık örüntüleri.....	41
6. SONUÇLAR	44
7. KAYNAKLAR	45
8. EKLER.....	54
EK.1. <i>P. venosus</i> tRNA ikincil yapılar	54
EK.2. <i>A. babadaghi</i> tRNA ikincil yapıları	57
EK.1. <i>A. babadaghi</i> tRNA ikincil yapıları	60
ÖZGEÇMİŞ	

AKADEMİK BEYAN

Yüksek Lisans Tezi olarak sunduğum “*P.venosus* ve *A.babadaghi* (Orthoptera, Tettigoniidae) türlerinin total mitogenom 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.

16/07/2018

Uğur KARŞI



SİMGELER VE KISALTMALAR

A	: Adenin
aa	: Aminoasit
Ala	: Alanin
Arg	: Arjinin
ARWEN	: tRNA genlerinin nükleotit dizilerini belirleyen server tabanlı yazılım.
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 oksidaz 1 geni
cox2	: Sitokrom oksidaz 2 geni
cox3	: Sitokrom oksidaz 3 geni
Cys	: Sistein
cytb	: Sitokrom b geni
Dk	: dakika
DNA	: Deoksiribonükleik asit
EDTA	: Etilen diamintetra asetik asit
G	: Guanin
GB	: Gigabayt
Genbank	: Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
Geneious	: Güçlü ve kapsamlı bir moleküler biyoloji ve NGS analiz araçları paketi.
Gln	: Glutamin
Glu	: Glutamik asit
Gly	: Glisin
HCl	: Hidroklorik asit
His	: Histidin
Ile	: İzolösin
J	: Ağır zincir
kb	: kilobaz
Leu	: Lösin
Lys	: Lizin
m	: metre
MEGA	: Molecular Evolutionary Genetics Analysis
Met	: Metiyonin
mg/ml	: Miligram/mililitre
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar

mtDNA	: Mitokondriyal deoksiribonükleik asit
mitogenom	: Mitokondri genomu
Mt-genom	: Mitokondri genomu
N	: Hafif zincir
NaCl	: Sodyum klorür
nad1	: NADH dehidrojenaz 1 geni
nad2	: NADH dehidrojenaz 2 geni
nad3	: NADH dehidrojenaz 3 geni
nad4	: NADH dehidrojenaz 4 geni
nad4l	: NADH dehidrojenaz 4l geni
nad5	: NADH dehidrojenaz 5 geni
nad6	: NADH dehidrojenaz 6 geni
NCBI	: National Center for Biotechnology Information veritabanı
ng	: Nanogram
ng/ul	: nanogram/mikrolitre
NGS	: Yeni Nesil Dizileme
ort	: Ortalama
PCR	: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
Phe	: Fenilalanin
PKG	: Protein Kodlayan Gen
Pro	: Prolin
RNA	: Ribonükleik asit
rpm	: dakikadaki devir sayısı
rRNA	: Ribozomal RNA Geni
rrnL	: 16S rRNA geni
rrnS	: 12S rRNA geni
RSCUdeğeri	: Görece sinonim kodon kullanımı
SDS	: Sodyum Dodesil Sülfat
Ser	: Serin
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi
T	: Timin
Thr	: Treonin
Total	: toplam
Tris	: Hidroksimetil aminometan
trnA	: tRNA-Alanin
tRNAScan-SE	: Searching for tRNA genes in genomic sequence
trnC	: tRNA-Sistein
trnD	: tRNA-Aspartat
trnE	: tRNA-Glutamat
trnF	: tRNA-Fenilalanin
trnG	: tRNA-Glisin
trnH	: tRNA-Histidin

trnI	: tRNA-İzolösin
trnK	: tRNA-Lizin
trnL	: tRNA-Lösin
trnM	: tRNA-Metiyonin
trnN	: tRNA-Asparajin
trnP	: tRNA-Prolin
trnQ	: tRNA-Glutamin
trnR	: tRNA-Arjinin
trnS	: tRNA-Serin
trnT	: tRNA-Treonin
trnV	: tRNA-Valin
trnW	: tRNA-Triptofan
trnY	: tRNA-Tirozin
Trp	: Triptofan
Tyr	: Tirozin
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	: " , "

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Ensifera alt takımının tüm mitogenom dizisi çıkartılmış türler ve uzunlukları (NCBI, Nisan 2018)	7
Şekil 2.2. Caelifera alt takımının tüm mitogenom dizisi çıkartılmış türler ve uzunlukları (NCBI, Nisan 2018)	8
Şekil 4.1. <i>Psorodonotus venosus</i> türü mitogenomu gen uzunlukları (bç olarak) ve gen yerleşimleri atasal Pancrustaceae mitogenomu ile karşılaştırmalı olarak verilmiştir (PKG beyaz ile, tRNA genleri sarı ile, rRNA genleri mavi ile ve A+T zengin bölge yeşil ile gösterilmiştir.)	16
Şekil 4.2. <i>P. venosus</i> türünde PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanımları (RSCU)	23
Şekil 4.3 <i>P. venosus</i> türünün halkasal total mitogenomu	24
Şekil 4.4. <i>Anterastes babadaghi</i> türü mitogenomu gen uzunlukları (bç olarak) ve gen yerleşimleri atasal Pancrustaceae mitogenomu ile karşılaştırmalı olarak verilmiştir (PKG beyaz ile, tRNA genleri sarı ile, rRNA genleri mavi ile ve A+T zengin bölge yeşil ile gösterilmiştir)	26
Şekil 4.5. <i>A. babadaghi</i> 'de PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanımları (RSCU)	32
Şekil 4.6. <i>A. babadaghi</i> türünün halkasal total mitogenomu	33
Şekil 5.1. Orthoptera takımı mitogenom yerleşimleri	36
Şekil 5.2. Tettigoninae alt familyasının mitogenomu bilinen 5 türünün mitogenom uzunluklarının karşılaştırılması	40

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. <i>P. venosus</i> türünün sistematikteki yeri	10
Çizelge 2.2. <i>A. babadaghi</i> türünün sistematikteki yeri	10
Çizelge 3.1. <i>P. venosus</i> ve <i>A. babadaghi</i> türlerinin lokalite bilgileri ve örnek numaraları	11
Çizelge 4.1. <i>P. venosus</i> ve <i>A. babadaghi</i> türlerinin lokalite bilgileri, örnek numaraları ve ölçüm değerleri	14
Çizelge 4.2. GENEIOUS programı ile elde edilen mitogenom uzunlukları	15
Çizelge 4.3. <i>P. venosus</i> türünde genler arası çakışma	18
Çizelge 4.4. <i>P. venosus</i> türünün mitogenom özeti	19
Çizelge 4.5. <i>P. venosus</i> türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları	21
Çizelge 4.6. <i>P. venosus</i> 'da türünde PKG'lerin aminoasit kompozisyonu (Yeşil- en az kullanılan aminoasitler; Mavi- en fazla kullanılan aminoasitler; Sarı- kullanılmayan aminoasitler)	22
Çizelge 4.7. <i>A. babadaghi</i> türünde genler arası çakışma	27
Çizelge 4.8. <i>A. babadaghi</i> türünün mitogenom özeti	28
Çizelge 4.9. <i>A. babadaghi</i> türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları	30
Çizelge 4.10. <i>A. babadaghi</i> 'de PKG'lerin aminoasit kompozisyonu (PKG'lerin Yeşil: en az kullanılan aminoasitler Mavi: en fazla kullanılan aminoasitler Sarı: kullanılmayan aminoasitler)	31
Çizelge 5.1. Tettigoninae altfamilyası tRNA çakışma ve antikodon kullanımı (1- <i>A. simplex</i> , 2- <i>G. gratiosa</i> , 3- <i>M. bonetti</i> , 4- <i>M. ussuriana</i> , 5- <i>U. inflatus</i> , 6- <i>P. venosus</i> , 7- <i>A. babadaghi</i>)	42
Çizelge 5.2. Tettigoninae altfamilyası PKG çakışma, başlama ve bitiş kodunu kullanımı (1- <i>A. simplex</i> , 2- <i>G. gratiosa</i> , 3- <i>M. bonetti</i> , 4- <i>M. ussuriana</i> , 5- <i>U. inflatus</i> , 6- <i>P. venosus</i> , 7- <i>A. babadaghi</i>) (aynı gen ve gen özelliği için farklı olanlar renklendirilmiştir)	43

1. GİRİŞ

Ökaryotik bir hücre bulundurduğu zarlı organelleri ile prokaryot bir hücreden farklıdır. Ökaryotik hücrenin zarlı organellerinden biri mitokondridir. Mitokondri yapısı protist ve çok hücreli hayvanlarda farklılıklar gösterir. Özellikle protistlerde kristaların biçimine dayalı yapısal bir çeşitlilik söz konusudur (Brusca ve Brusca 2002). Ancak çok hücreli hayvanların mitokondrileri kendi içinde daha benzerdir. Mitokondri iç ve dış zar olarak tanımlanan iki zarla çevrelenmiştir. Her bir zar iki tabaka lipit ve içine yerleşmiş özgün proteinlerden oluşur. Dış zar kıvrım oluşturmamışken, iç zar krista olarak adlandırılan kıvrımlar şeklinde yapılanmıştır. İç zarın kristaları arasında kalan bölge matriks olarak adlandırılır ve mitokondri enzimleri, mitokondriye ait DNA'yı ve mitokondriye özgü ribozomları içerir. Mitokondri elektron taşıma sistemi enzimleri ise krista zarı üzerine yerleşmiştir (Lodish vd. 2008). Mitokondri hücrenin enerji üretim merkezi olarak iş gördüğünden, hücrenin enerji kullanımına göre mitokondri sayısı hücreden hücreye değişebilir (Chandel 2014). Bazı hücreler tek ve iri bir mitokondriye sahipken diğerleri birden fazla mitokondriye sahiptir. Örneğin triploblastik hayvanların kas ve karaciğer hücreleri çok sayıda mitokondriye sahipken diğer dokulara ait hücrelerde ise sayı daha azdır.

Endosimbiyotik teori mitokondrinin bir zamanlar Bacteria benzeri bağımsız bir hücre olduğu ve Archae benzeri başka bir hücrenin içine yerleşerek parazitik yaşamı seçmesi ile ökaryotik hücrenin oluştuğunu var sayar (Freeman ve Herron 2009). Mitokondrinin bir hücre gibi bağımsız bir zarla çevrili olması, prokaryot hücrelerinkine benzer 60S ribozomlarının bulunması, kendine özgü bir DNA'sının olması ve hücreden bağımsız olarak çoğalması bu varsayımın kanıtları olarak gösterilir (Lodish vd. 2008). Dolayısıyla her ne kadar genomu içinde bulunduğu hücreden bağımsız olarak replike olsa da o hücre ile etkileşim içinde evrimleşmiştir. Bu nedenle mitokondri DNA'sı kullanılarak yapılan çalışmalar hem mitokondri hem de içinde yerleşmiş olduğu hücrenin evrimsel tarihi hakkında bilgi vericidir (Avice 2000).

Mitokondriyal genom (mitogenom) dizilerinin moleküler evrim, populasyon genetiği, filogenetik, filoğrafik ve benzeri alanlarda kullanımı son 20-30 yılda biyoloji alanında çığır açıcı gelişmelere neden olmuştur (Avice 2009). Erken dönem mt-DNA çalışmalarında uzunlukları 200-600 baz çifti arasında değişen DNA dizilerinin kullanılmıştır. Sonraki dönemlerde 1000 baz veya daha uzun bölgeler kullanılmıştır. Bu çalışmalarda belli genler daha çok öne çıkmıştır. Özellikle hayvanlarda sitokrom C oksidaz alt ünite I, sitokrom b, sitokrom C oksidaz alt ünite II ve III, nikotin amid dinükleotidi en yaygın kullanılanlar olmuştur. Kısa DNA segmentlerinin kullanımı daha çok yöntem nedeniyle. Sanger dizileme yöntemi sınırlı uzunlukta DNA dizilerini edinmeye imkan verir ve daha fazla gen ve daha uzun bölgelerin çalışılması her bir gen için yöntemin ayrı ayrı uygulanmasını gerektirir ve bu da maliyet ve iş yükünü artırmaktadır. Yeni nesil dizileme (next generation sequencing) yöntemlerinin gelişimi ile birlikte oldukça uzun bölgelerin ve hatta mitokondri için tüm genomu dizileme olanağı doğmuştur (Bandelt vd. 2006; Peterson vd. 2012). Buna paralel yukarıda sayılan alanlarda veri üretimi total genom dizilerine dayandırılmaya başlanmıştır. Bu tezin konusu, Ülkemizde yeni yeni uygulanmakta bulunan bu yöntemin oturtulmasını amaçlamaktadır.

Total mitogenomun elde edilebilmesi bir dizi avantaj sağlamıştır. İlki çok uzun DNA dizileri ile oluşturulan matrislerin oluşturulabilmesi ve analizi hacimli veri eldesini olası kılmıştır. Bu veriler ışığında daha sağlam sonuç ve saptamalar olası olmuştur. İkinci DNA baz kompozisyonunu veri olarak kullanabilmeye ek olarak her bir genin başlangıç ve bitişi kodonunun belirlenmesi ve bu genlerin birbirlerine göre yerleşimi saptanabilmesine olanak verir. Bu yolla mitokondri genomunun karakterizasyonu çok yönlü olarak ortaya konabilmiştir. Bu boyutta veriler klasik taksonomi ve filogeninin yanında moleküler evrim (mutasyon tipleri, genetik sürüklenme, kodon bias, kodlama yapmayan bölge vb.), genler evrimi (gen etkileşimleri, rekombinasyon, gen transferleri vb.), hücre evrimi ve de makro-evrimsel yönüyle de kullanmayı olası kılmıştır. Total genom çalışmalarından elde edilen verilerin birikimi öyle bir trend yaratmıştır ki temsilci türlerle ana hayvan soy hatlarının (filumlar, sınıflar vb.) makro evrimlerinin tanımlanmasına başlanmıştır. Atasal gen yerleşimlerinin hangi grupta ne şekilde olduğu veya değişime uğradığı ve bu yolla ana grupları tanımlayıcı örüntüler içerip içermediği, belli kategorik düzeylerin hangi değişimlere denk geldiğinin saptanması vb. aktif bir araştırma alanı olmuştur. Tez kapsamında çalışılan temsilci türlerle mitogenom evrimine ilişkin evrensel literatüre katkı sağlanması amaçlanmaktadır.

İlk kez insan ve farede tanımlanmasından bu yana (Smith 2016) mitokondri genomuna ilişkin hacimli veri edinilmiştir. Bu metnin yazıldığı tarihlerde (Nisan-2018) NCBI (National Centre for Biotechnology Information) web veri tabanına 5000'in üzerinde türün total mitokondri genomu dizilenmiş ve yüklenmiştir. Diğer canlılarda (mantar ve bitkilerde) mitokondri DNA uzunluğu farklı olsa da tipik bir çok hücreli hayvan hücresinde 15000-20000 baz çiftinden oluşur. Böceklerde de diğer hayvanlardakine benzer olarak DNA uzunluğu 14000 ile 20000 baz çifti arasında değişir (Korkmaz vd. 2015). Tipik bir hayvan mitokondri genomu 37 gen içerir ve bu genlerin 13'ü protein, 2'si rRNA ve 22 tanesi tRNA'yı kodlayan genlerdir. Ayrıca, uzunlukları değişken olabilen bir AT'ce zengin kontrol bölgesi içerir (Clary ve Wolstenhome 1985; Boore 1999). Orthoptera takımında ise mitokondri DNA uzunluğu genellikle 15000-17000 baz çifti arasında değişir. Ancak Orthoptera takımı 30000'e varan tür sayısı ile Hexapoda'nın tür sayısı bakımından en kalabalık 6. takımıdır ve henüz çalışılmayan familya-altfamilya-tribusları farklı sonuçlar verebilir.

Hexapoda (altüyeliler; böcekler) hayvanlar alemine ait türlerin yaklaşık %70'ini ve tüm canlı türlerinin ise %55 kadarını içerir (Brusca & Brusca 2002). Hexapoda içerisinde yer alan 32 takımdan tür sayısı rekoru Coleoptera (kın kanatlılar) takımına ait olsa da Hymenoptera (zar kanatlılar), Lepidoptera (pul kanatlılar), Diptera (iki kanatlılar) ve Heteroptera (tahtakuruları ve eş kanatlılar) takımından sonra en fazla tür sayısı 28076 türle altıncı sıradadır. Bu takım Ensifera (uzun antenliler) ve Caelifera (kısa antenliler) olmak üzere iki alttakım halinde incelenir. Her bir alttakımın içerdiği tür sayısı yaklaşık aynıdır. Ancak, Tettigoniidae Ensifera alttakımının ve de Orthoptera takımının en fazla tür içeren familyasıdır (Song vd. 2015). Böyle olmasına karşın adı geçen familyanın tüm altgruplarını (altfamilyalarını ve de tribuslarını) temsil eden total mitokondri genomu çalışmaları sınırlıdır (Bakınız Tablo 1). Bu tez çalışması ile genel anlamda Orthoptera takı-

mının ve özel olarak daha önce çalışılmamış ve coğrafyamıza endemik tribusların çalışılması amaçlanmaktadır. Bu bağlamda daha önce hiç bir temsilcisi çalışılmamış Platycleidini ve Pholidopterini tribuslarına ait birer türden total mitogenom dizisinin çıkarılması, gen yerleşimlerinin saptanması ve diğer gruplarla karşılaştırarak mitogenom evriminin değerlendirilmesi amaçlanmaktadır.



2. KAYNAK TARAMASI

Mitokondri genomları birkaç nedenle ökaryotların evrimini açıklamada yaygın olarak kullanılır. İlki küçük boyutlu ve hücre başına çok sayıda bulunurlar ve bu nedenle kolayca elde edilebilirler. İkincisi rekombinasyona uğramaz veya rekombinasyon nadirdir bu nedenle rekombinasyonun yarattığı problemlerden bağımsızdır. Üçüncüsü intron bölgeleri içermediklerinden daha kullanışlı DNA dizileri edinilebilir. Dördüncüsü hemen tamamen anasal hatta kalıtıldıklarından nükleus genlerine göre daha avantajlıdır. Beşincisi çekirdek genomuna kıyasla yüksek bir mutasyon hızına sahip olmaları nedeniyle kısa süreli evrimsel olayları saptamaya da olanak sağlarlar (Nass ve Nass 1962; Gray 1989; Wolstenholme 1992; Lang vd. 1999). Mitokondri genomları evrimsel tarihin Kambriyen patlaması sonrası dönemle birlikte görülen 32 hayvan şubesinde az veya çok kararlılıklar sergilerler (Cameron vd. 2011). Bu nedenle hem doğrudan nükleotid dizileri kullanılarak hem de mitogenomun gen yerleşim örüntüleri kullanılarak filogenetik çıkarım yapmak olasıdır. Ancak nükleotid dizileri evrim hızındaki heterojenlik, nükleotid kullanma eğiliminden ve nükleotid yer değiştirmelerin doyumluğundan etkilenebildiğinden daha az güvenilir iken gen yerleşimleri bu problemleri daha az barındırır (Rokas ve Holland 2000). Total mitogenom dizilerinin kullanılması hem lineer diziler için söz konusu olan sakıncaları azalttığı gibi aynı zamanda gen yerleşim örüntülerini de saptamaya olanak verir. Ek olarak çok daha hacimli bilgi üretmeyi de sağlar. Bu çok yönlü bilgi farklı düzeyde (tür, cins, familya vb.) taksonların evrimsel hikayelerini saptamaya olanak verir.

Tür sayısının fazla olmasına paralel olarak böcekler total mitogenomu en fazla diziletilmiş eklemli grubunu oluşturur (Cameron 2014a). Yapılan çalışmalar böcek mitogenom uzunluğunun 14 ile 20 kilobaz aralığında değiştiğini göstermektedir ve rekor uzunluk 20 kilobaz civarında bir uzunlukla zerkatlılara (Hymenoptera) takımı üyelerine aittir (Korkmaz vd. 2015). Tipik bir çokhücreli olduğu gibi böcek mitogenomu elektron taşıma sisteminde görev alan 13 protein (sitokrom C oksidaz I, II ve III alt birimlerini kodlayan genler, sitokrom b geni, nikotinamid adenin dinükleotit dehidrogenaz (NADH) 1-6 alt ünitelerini kodlayan genler I, II, III, IV, IVL V ve VI ile enerji üretimi için elektrokimsal bir proton gradiente sağlayan adenosin trifosfat (ATP) 2 alt ünite VI ve VIII), biri büyük diğeri küçük alt ünite olmak üzere 2 rRNA ve 22 tRNA'yı kodlayan gen olmak üzere toplam 37 gen ve değişik uzunluklarda ve de kodlama yapmayan ATZengin bir kontrol bölgesinden oluşur (Clary ve Wolstenholme 1985; Zhang 1997; Boore 1999). A+T olarak gösterilen bölgenin replikasyon orijini olduğu bildirilmektedir (Crozier ve Crozier 1993).

2.1. Orthoptera Takımı ve Mitogenom Çalışmaları

Diğer tüm canlı gruplarında olduğu gibi mitogenom kısmi veya toplam olarak, moleküler saat tahminleri için öncelikli olmak üzere filogenetik çalışmalarda yaygın olarak hem böcekler (Cameron 2014) hem de Orthoptera'da (Song vd. 2015) kullanılmıştır. Orthoptera'da total mitogenom ilk defa göçmen çekirgede *Locusta migratoria* (Caelifera, Acrididae) türünde diziletilmiştir (Flook vd. 1995). Nisan 2018 itibarıyla Ensifera alttakımına ait 61 ve Caelifera alttakımına ait 88 türün total mitokondri genomu çıkartılmış ve National Centre for Biotechnology Information (NCBI) web sayfasına yüklenmiştir

(Bakınız Şekil 2.1 ve 2.2; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Bu dizilerin bir kısmı analiz edilmiş ve yayınlanmış ise de bir kısmı ham dizi olarak web sayfasına yüklenmiştir. NCBI web sayfasındaki diziler dikkate alındığında, Ensifera'da total mitogenom uzunluğunun 14971-18255 baz çifti arasında değiştiği görülür. Caelifera'da ise bu uzunluk 15084-17004 baz çifti arasında değişmektedir. Gen yerleşimi bakımında yapılan çalışmalar, atasal Pancrustacea ile karşılaştırıldığında *cox2* ve *atp8* arasında yer alan iki tRNA geninin (tRNA-*lys* ve tRNA-*asp*) yer değiştirdiği saptanmıştır (Flook vd. 1995). Bu iki yer değiştirmiş gen daha sonra başka kısa antenli türlerinde de saptanmış, ancak hiçbir uzun antenlide (Ensifera) saptanmamıştır (Flook & Rowell, 1995; Fenn vd. 2008; Sheffield vd. 2010). Sonraki çalışmalarda bu iki tRNA geninin konum değişiminin kısa antenlilerden Tridactylidae, Ripipterygidae ve Cylindrachetidae familyalarında olmadığı ve bunların atasal gen yerleşim örüntüsüne sahip olması ile kısa antenlilerin ilkel grupları olduğu bildirilmiştir (Leavitt vd. 2013; Song vd. 2015).

Ensifera alttakımı 9 infratakımdan oluşur ve bunların beşi (Elcanidea, Oedischii-dea, Gryllavoidea, Raphoglidae, Vitimiidae) sadece fosillerden bilinirken diğer dördünün (Gryllidea, Tettigoniidea, Rhaphidophoroidea, Schizodactyloidea) yaşayan temsilcileri vardır (Cigliano vd. 2018). Bunlardan Tettigoniidea tür sayısının en fazla olduğu infra takımdır (Song vd. 2015). Bu ifratakımın türleri Phasmomimoidea, Hagloidea, Stenopelmatoidea ve Tettigoniioidea olmak üzere dört üstfamilya içerisinde sınıflandırılır. Bunlardan ilkinin yaşayan temsilcisi yoktur ve sonuncusu Orthoptera takımının en kalabalık üstfamilyasını oluşturmaktadır. Tettigoniioidea üst familyası içerisinde yaşayan tüm temsilciler Tettigoniidae familyası içinde kabul edilir. Tettigoniidae familyası ikisi fosil toplam 23 altfamilya içerisinde gruplanır (Cigliano vd. 2018). Bunlardan Phaneropterinae ve Tettigoniinae tür bakımından en zengin ve Holarktik bölgede (Avrasya ve Kuzey Amerika) yayılış gösteren soy hatlarıdır. Bu iki altfamilya tribus, cins ve tür sayıları en fazla olan altfamilyalar olduğu halde toplam mitogenomu en az diziletilmiş grupları oluşturmaktadır. Diğer taraftan Anadolu faunasını oluşturan Tettigoniidae türlerinin çoğu endemiktir (Çıplak 2003) ve şimdilik total mitogenomu çalışılmış bir tür bulunmamaktadır.

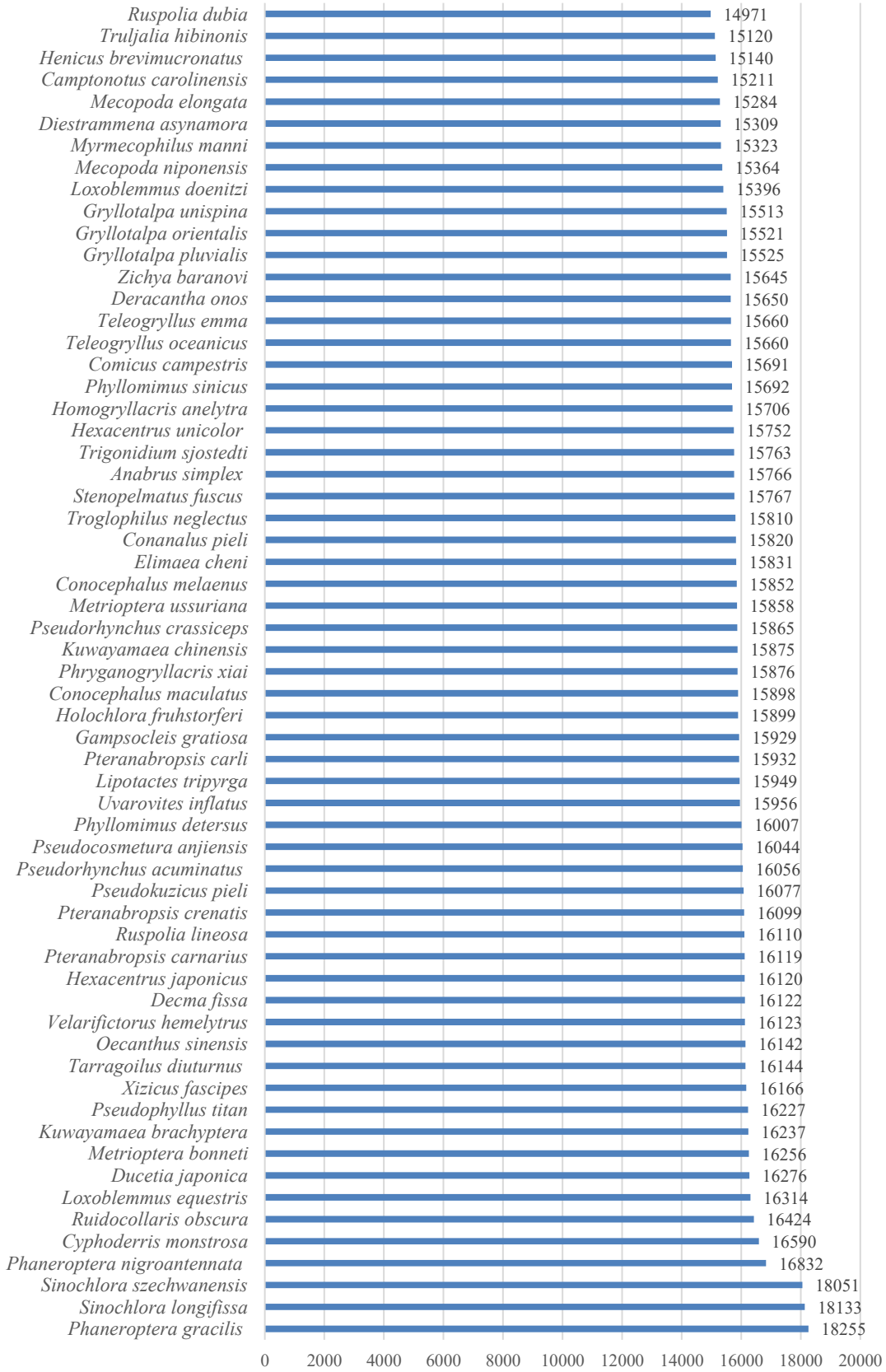
Tettigoniinae altfamilyası Tettigoniidae familyasının en fazla tür içeren alt familyalardan biri olmasına karşın olasılıkla şimdiye kadar en az sayıda türü çalışılmış gruplardan biridir. Şimdiye kadar bu altfamilyaya ait beş türün total genomu çalışılmıştır. Bu türler ve toplam gen uzunlukları şöyledir: *Uvarovites inflatus* 15956 bc, *Gampsocleis gratiosa* 15929, *Metrioptera bonneti* 16256 bc, *Metrioptera ussuriana* 15858 ve *Anabrus simplex* 15766 (Fenn vd. 2007; Zhou vd. 2008; Zhao (2015, 2017, Li 2017). Beş türün her birinde gen yerleşimi atasal Pancrustacea mitogenom yerleşimi göstermektedir. Ancak, bu beş türden edinilen bilgilerin çok sayıda tribus içeren alt familyanın total mitogenom özelliklerini tanımlama olası değildir. Bu tez çalışması Tettigoniinae altfamilyasının iki kalabalık tribusundan birer temsilci türün çalışılması hedeflenmiştir. Bunlardan biri Platycleidini tribusuna ait olan *Anterastes* cinsine ait *A. babadaghi* türüdür. Her ne kadar *Anterastes* cinsi Platycleidini içerisinde veriliyor ise de arka ayakta tek çift mahmuz taşıması ile Ctenodecticini tribusuna yakındır (Çıplak 2004; Çıplak vd. 2015). Diğer tür ise *Psorodonotus venosus* türüdür. *Psorodonotus* cinsi de Cigliano vd. (2018) tarafından Platycleidini içerisinde veriliyor ise de genetik veriler bu cinsin Pholidopterini tribusuna ait olduğuna işaret etmektedir (Çıplak vd. yayınlanmamış veri).

2.2. *Psorodonotus* ve *Anterastes* Cinsleri

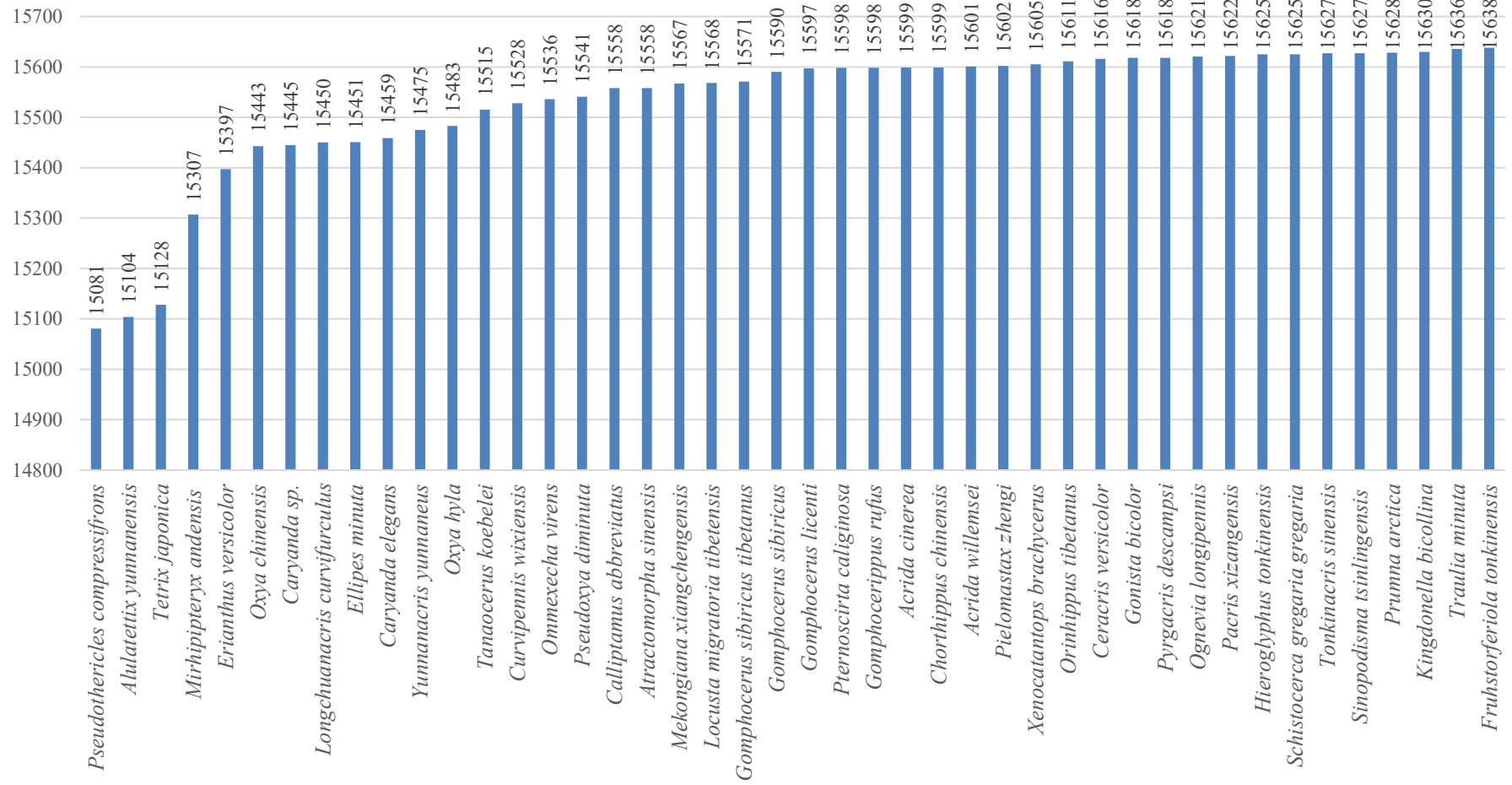
Çalışmada hedeflenen *Anterastes* (Platycleidini tribusu) ve *Psorodonotus* (Pholidopterini tribusu) cinslerinden birer temsilci türün mitogenom dizileri ve genlerinin yerleşimleri ilk defa çalışılacaktır (Bakınız Çizelge 2.1 ve 2.2). Bu iki cins yakın zamanda bu çalışmanın yürütüldüğü laboratuvarında az sayıda lokusla genetik olarak çalışılmış ve literatürde mitogenomu bilinenlerden farklı sonuçlar vereceği umuduyla seçilmiştir (Çıplak vd. 2010, 2015; Kaya & Çıplak 2016a, 2016b). *Anterastes* cinsinden *A. babadaghi* Uvarov ve *Psorodonotus* cinsinden *P. venosus* Fischer de Waldheim türlerinin çalışılması hedeflenmektedir. Elde dileyen veriler literatürde mevcut olanlarla birlikte (toplam analizler) ve de karşılaştırmalı olarak (tekil analizler) değerlendirilecektir.

Bu veriler ışığında çalışmanın hedefleri şöyle detaylandırılabilir.

- Tettigoniinae (Orthoptera, Ensifera, Tettigoniidae) altfamilyası içerisinde sınıflandırılan *Psorodonotus* (*P. venosus*) ve *Anterastes* (*A. babadaghi*) cinslerine ait birer türün toplam mitokondri genomlarını dizilemek,
- Her iki türde mitogenoma ait 37 genin yerleşim örüntüsünü (konumlarını) saptamak, uzunluklarını belirlemek ve varsa kodlama yapmayan bölgeleri ve komşu genler arasında çakışan bölgeler olup olmadığını belirlemek,
- Her iki türün mitogenomunun AT ve GC eğrilerini hesaplamak ve zincir asimetrisi ilişkisini test etmek,
- Her türde protein kodlayan genlerin özelliklerini (başlama ve bitiş kodonları, kodladıkları aminoasit dizisini ve her bir amino asit oranı, kodon kullanma eğilimlerini vb.) saptamak,
- Her bir türde tRNA genlerinin özelliklerini (bç olarak uzunlukları, kodon-antikodonları ve sekonder yapıları)
- Her iki türün temsil ettiği üst taksonların hem mitogenomlarındaki gen yerleşimleri bakımından bir birleri ve de literatürde bilinen diğer taksonlarla karşılaştırmak, benzerlik ve farklılıklarını saptamak ve bu yolla Orthoptera'da mitokondriyal genomun evrimine ilişkin çıkarımlarda bulunmak,
- Yukarıda belirtilen hedeflere ek olarak bu çalışma ile Akdeniz Üniversitesi bünyesinde yeni nesil dizileme yöntemi ile veri üretme ve verilerinin değerlendirilmesi konusunda işleyen bir laboratuvarın oluşumuna katkı sağlanması hedeflenmiştir.



Şekil 2.1. Ensifera alt takımının tüm mitogenom dizisi çıkartılmış türler ve uzunlukları (NCBI, Nisan 2018)

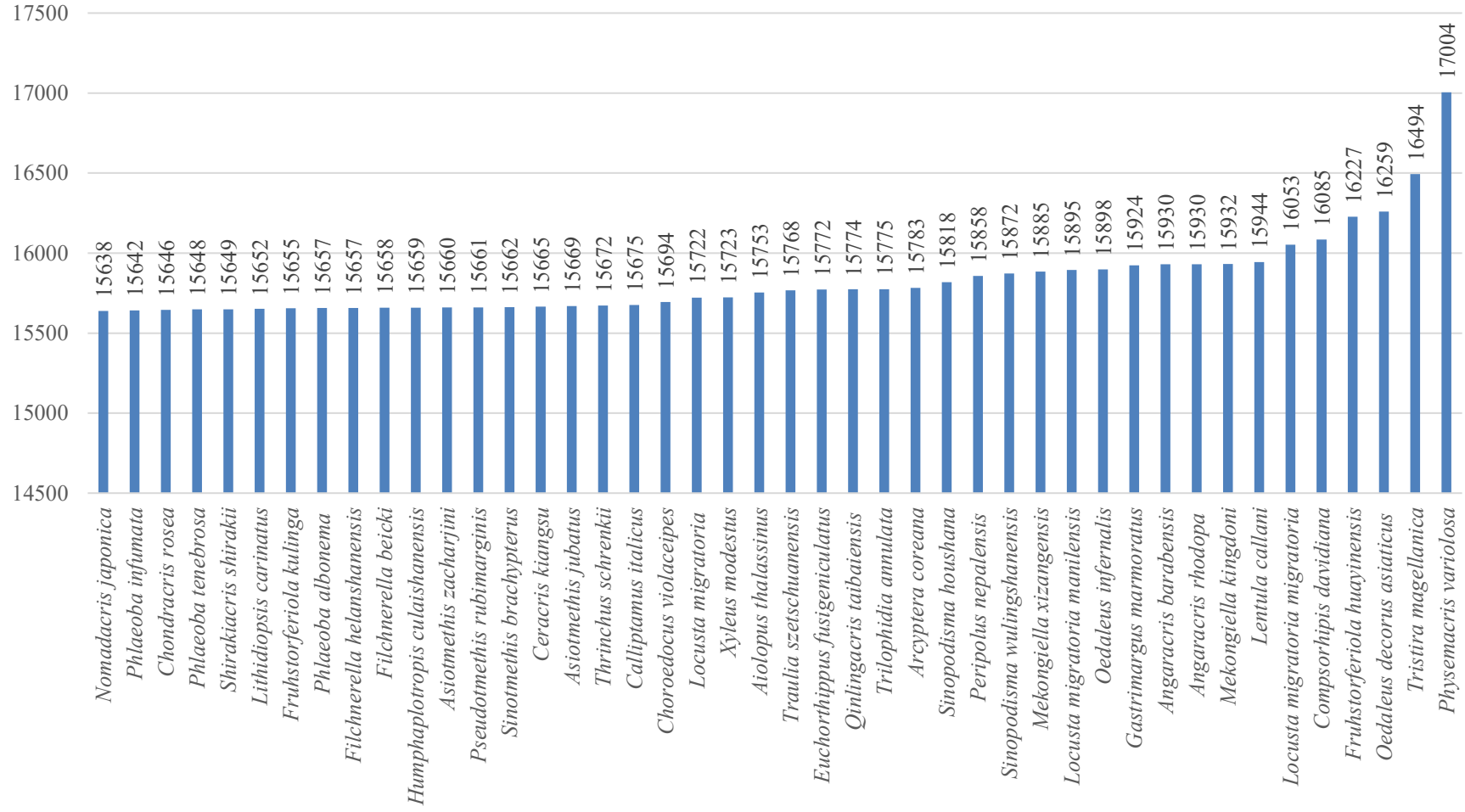


Şekil 2.2. Caelifera alt takımının tüm mitogenom dizisi çıkartılmış türler ve uzunlukları (NCBI, Nisan 2018)

(Devamı Arkada)

Şekil 2.2'nin devamı

6



Çizelge 2.1. *P. venosus* türünün sistematikteki yeri

Takım	Orthoptera
Alt Takım	Ensifera
Üst Familya	Tettigoinoidea
Familya	Tettigoniidae
Alt Familya	Tettigoniinae
Tribus	Pholidopterini Ramme, 1951
Cins	<i>Psorodonotus</i> Brunner von Wattenwyl, 1861
Tür	<i>Psorodonotus venosus</i> (Fischer de Waldheim 1839)

Çizelge 2.2. *A. babadaghi* türünün sistematikteki yeri

Takım	Orthoptera
Alt Takım	Ensifera
Üst Familya	Tettigoinidae
Familya	Tettigoniidae
Alt Familya	Tettigoniinae
Tribus	Platycleidini Brunner von Wattenwyl, 1893
Cins	<i>Anterastes</i> Brunner von Wattenwyl, 1882
Tür	<i>Anterastes babadaghi</i> Uvarov, 1939

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Örneklem ve DNA İzolasyonu

P. venosus ve *A. babadaghi* türlerine ait %96'lık alkol içerisinde, -20°C'de saklanan örnekler kullanılmıştır. İzolasyonu yapılan örneklerin bilgileri aşağıda verilmiştir (Çizelge 3.1). Örneklerin mitokondri organelince zengin arka femur kas dokularından tuz-izopropanol ile çöktürme yöntemi ile DNA izole edilmiştir (Aljanabi & Martinez 1997). Dokular 559 µl ayrıştırma tamponu (10 mM, Tris-HCl, 2 mM, EDTA, %10'luk SDS 17 µl ve Proteinaz K 25-40 µl) içerisinde 2-3 saat 56°C'deki sıcak su banyosunda bekletilmiştir. Su banyosundan çıkarılan tüpe 180 µl doymuş NaCl eklenerek 12000 rpm'de 10°C'de 15 dakika santrifüj edildi ve santrifüj sonunda süpernatant temiz bir mikrofüj tüpüne aktarılıp üzerine 1:1 oranında izopropanol ilave edilmiştir. -20°C'de 20-30 dakika bekletilmiştir. Bu süre sonunda 13000 rpm de +4°C'de 15 dakika santrifüj edilerek süpernatant uzaklaştırılmıştır. Pelet şeklinde çöktürülen DNA üzerine 300 µl %70 etanol eklenip vortekslenerek yıkaması yapılmıştır. Sonrasında +4°C'de 12000 rpm'de 15 dakika santrifüj edilerek DNA tekrar çöktürülmüştür. Çöktürülen DNA kurumaya bırakılıp sonrasında 50-40 µl dH₂O'de çöktürülmüştür. İzole edilen DNA'lar önce Nanodrop-1000 spektrofotometre ile ölçülmüştür. Nanodrop-1000 spektrofotometre cihazına nazarana sonucu daha güvenilir olan Qubit cihazı ile de sonrasında ölçüm yapılmıştır. Dizileme hizmeti için yeterli DNA miktarının elde edildiği örnekler 50 µl'lik hacim ile sekanslanması (kütüphane hazırlanması dahil) için MG Biyoinformatik firmasına gönderilmiştir.

Çizelge 3.1. *P. venosus* ve *A. babadaghi* türlerinin lokalite bilgileri ve örnek numaraları

Tür İsmi	Lokalitesi	Örnek Numarası
<i>Anterastes babadaghi</i>	Denizli Tavas	60
	Denizli Babadağı	693
	Antalya Korkuteli yolu üzeri	4411
	Antalya Saklıkent	4412
	Antalya Saklıkent	4413
<i>Psorodonotus venosus</i>	Artvin-Ardahan Yolu, Çam geçidi	1122
	Ardahan-Posof, Ilgar geçidi	1443
	Kars, Kağızman-Ağrı Cumalı köyü	1569
	Gürcistan, Shatili pass	2715
	Gürcistan Jvari Pass 2014	2928

3.2. Yeni Nesil Dizilemede Mitogenomun Eldesi ve Gen Yerleşimi

Yeni nesil dizileme yöntemi kullanılarak Illumina Hiseq 2000 cihazında 10^6 (30x derinlik) okuması yapılmış her örnek için forward ve reverse olmak üzere fastq.gz formatında teslim edilen veri GENEIOUS v. R9 (Kearse vd. 2012) programına “paired end” işlemi ile aktarılmıştır. Böylece çift yönlü olarak toplamda 2×10^6 okuma bulunan iki dosya tek dosya içerisinde birleştirilmiş oldu 150 bp uzunluktaki okumalardan ‘BBDuk Trim’ opsiyonu kullanılarak kalitesiz bazlar, ve varsa primer ve problemlerin dizileri uzaklaştırılmıştır. Böylece program en az hatayla genom belirlemesi işlemlerini yapabilecek veriye sahip olmuştur.

Temizlenmiş dizilerden, NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) veritabanından indirilen KR051882.1 (*A. babadaghi*) ve KU601978.1 (*P. venosus*) COI dizileri (Çıplak vd. 2015; Kaya ve Çıplak 2016) referans olarak kullanılarak her bir örnek için mitogenom dizileri inşa edilmiştir. Veri setindeki okumalardan mitogenoma ait olan diziler GENEIOUS v. R9 programının “map to referans” opsiyonu ile “sensitivity: high sensitivity/medium”, “fine tuning: iterate up to 5 times” seçenekleri kullanılarak çekilmiştir. Referans diziye göre en uygun okumaları alt alta dizerek uçlardan dizinin uzamasını sağlayan bu yöntemle her uzamanın konsensus dizisi bir sonraki için referans olarak kullanılarak bu işlem art arda 12 kez tekrarlanmış ve yaklaşık 16000 bp uzunluğa sahip total mitogenomlar elde edilmiştir. Bu uzunluktan sonra yapılan çekme işleminde uçlardaki diziyi destekleyen okuma sayısının keskin bir düşüş göstermesi sebebiyle genom büyüklüğüne ulaşıldığı tespit edilmiştir. İlk örnek için mitogenom elde edildikten sonra, bu mitogenom dizisi sonraki örnekler için referans olarak kullanılmış ve geriye kalan 4 örnek için total mitogenomu elde edinilene kadar işlem sürdürülmüştür. İşlem her tür için ayrı ayrı tekrarlanmıştır. Örnek başına en düşük “Pairwise Identity” değeri ise %97,5 olarak gözlenmiştir. Her bir tür için elde edilen diziler, ayrı ayrı GENEIOUS v. R9 programı ile ‘ClustalW’ algoritması kullanılarak hizalanmış ve tek bir konsensus dizide birleştirilmiştir. Oluşturulan konsensus mitogenom dizileri manuel olarak kontrol edilmiş, hatalar düzeltilmiş ve *A. babadaghi* ve *P. venosus* türlerinin total mitogenom dizileri elde edilmiştir.

3.3. Mitogenom Belirlenmesi (Annotasyonu)

Öncelikle GENEIOUS v. R9 programı ile elde edilen halkasal mitogenom dizilerinde tüm tRNA'ların lokasyonları ve sekonder yapıları tRNAscan-SE (Lowe ve Eddy, 1997) ve ARWEN (Laslett & Canbäck, 2008) web sunucuları kullanılarak belirlenmiştir. Ardından MITOS (Bernt vd. 2013) web sunucusu ile PKG genleri için cutoff “30” ve RNA'lar için ise “55” limitleri seçilerek Web sunucuları yardımıyla belirlenen 13 protein kodlayan gen (PKG), 22 tRNA, 2 rRNA ve A+T’ce zengin bölge dizilerinin mitogenomdaki lokasyonları ve yönleri belirlenmiştir. Sonrasında MEGA v.7 (Kumar vd. 2016) programında “Invertebrate Mitochondrial” seçeneği kullanılarak her bir PKG’nin başlama ve bitiş kodonları kontrol edilmiş ve gerekli düzenlemeler yapılmıştır. Kodlama yapmayan A+T’ce zengin (AT rich region) bölgesi için “(TA)_n” motifi içeren yapılar taranarak en uygun dizi belirlenmiştir.

Ayrıca elde edilen 2 türün mitogenomu Orthoptera takımına ait GenkBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) veritabanından indirilen 149 türün mitogenom dizileri kullanılarak GENEIOUS v. R9 programı yardımıyla gen annotasyonları karşılaştırmalı olarak değerlendirilmiştir.

3.4. Mitogenom İstatistikleri

MEGA v7.0 programı kullanılarak her tür için hem toplam genom hem de her bir gen için nükleotid kompozisyonu, amino asit kompozisyonu, kodon kullanım eğilimleri ve RSCU değerleri önce ‘Phylogenetic Analysis’ sonra da “Statistic” opsiyonu kullanılarak belirlenmiştir.

Zincir asimetrisi (AT ve GC eğrileri) her bir veri seti için ayrı ayrı Perna ve Kocher (1995) tarafından önerilen formülle hesaplanmıştır.

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

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

4. BULGULAR

4.1. Laboratuvar Çalışmalarından Edinilen Ürünler

Psorodonotus venosus türü için 1122, 1443, 1569, 2715 ve 2928 numaralı örneklerin izolasyonları sonucunda sırasıyla Nanodrop ölçüm değerleri 432,47 ng/μl, 112,20 ng/μl, 220,67 ng/μl, 507,98 ng/μl, 222,35 ng/μl iken Qubit 3 cihazında Qubit dsDNA BR Assay Kit ile ölçüm değerleri 88,6 ng/μl, 171 ng/μl, 52,9 ng/μl, 45 ng/μl, 77,6 ng/μl olarak hesaplanmıştır. Ayrıca total DNA miktarı ise 4,43 μg/50μl, 8,55 μg/50μl, 2,645 μg/50μl, 2,25 μg/50μl, 3,88 μg/50μl olarak saptanmıştır. *Anterastes babadaghi* türü için ise 60, 693, 4411, 4412 ve 4413 numaralı örneklerin izolasyonları sonucunda sırasıyla Nanodrop ölçüm değerleri 108,8 ng/μl, 133,95 ng/μl, 43 ng/μl, 47,24 ng/μl, 99,48 ng/μl iken Qubit ölçüm değerleri 99 ng/μl, 80,5 ng/μl, 47,9 ng/μl, 50,3 ng/μl, 60,7 ng/μl olarak hesaplanmıştır. Ayrıca Total DNA miktarı ise 4,95 μg/50μl, 4,025 μg/50μl, 2,395 μg/50μl, 2,515 μg/50μl, 3,035 μg/50μl olarak saptanmıştır. İzole edilen DNA hizmet alımı kapsamında yeni nesil dizileme işleminin Illumina HighSeq 2000 platformunda 150pb okumlar olacak şekilde paired end olarak toplmada 2×10^6 okuma gelecek şekilde gerçekleştirilmesi için MG Biyoinformatik firmasına gönderilmiştir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. *P. venosus* ve *A. babadaghi* türlerinin lokalite, örnek numaraları ve ölçüm değerleri

Tür İsmi	Lokalitesi	Örnek Numarası	Nanodrop Ölçüm ng/ μl	Qubit Ölçüm ng/ μl	Total DNA miktarı μg/50μl
<i>Psorodonotus venosus</i>	Artvin-Ardahan Yolu, Çam geçidi	1122	432,47	88,6	4,43
	Ardahan-Posof, Ilgar geçidi	1443	112,2	171	8,55
	Kars, Kağızman-Ağrı Cumalı köyü	1569	220,67	52,9	2,645
	Gürcistan, Shatili pass	2715	507,98	45	2,25
	Gürcistan Jvari Pass	2928	222,35	77,6	3,88
<i>Anterastes babadaghi</i>	Denizli Tavas	60	108,8	99	4,95
	Denizli Babadağı	693	133,95	80,5	4,025
	Antalya Korkuteli yolu üzeri	4411	43	47,9	2,395
	Antalya Saklıkent	4412	47,24	50,3	2,515
	Antalya Saklıkent	4413	99,48	60,7	3,035

4.2 Yeni Nesil Dizileme Verilerinin İşlenmesi

Her örnek için ortalama 2,2 GB toplamda 26,4 GB olan sekans verileri kullanılarak GENEIOUS v. R9 programında her örnek için elde edilen konsensus dizilerinin uzunlukları Çizelge 4.2’de verilmiştir. Her tür için oluşturulan mitogenom dizisi beş örneğin konsensüsü kullanılarak elde edilmiştir. *P. venosus* türü mitogenom uzunluğunun 15.836-15.842 bç ve *A. babadaghi* türü mitogenom uzunluğunun ise 15.882-15.883 bç aralığında olduğu tespit edilmiştir.

Çizelge 4.2 GENEIOUS programı ile elde edilen mitogenom uzunlukları

Tür İsmi	Örnek Numarası	Elde edilen Total Mitogenom uzunlukları bç
<i>Anterastes babadaghi</i> 15883 bç	60	15.883
	693	15.883
	4411	15.882
	4412	15.883
	4413	15.883
<i>Psorodonotus venosus</i> 15842 bç	1122	15.845
	1443	15.841
	1569	15.836
	2715	15.838
	2928	15.842

4.3. Çalışılan Türlerde Mitogenom Karakterizasyonu

4.3.1. *P. venosus* türünün mitogenom gen yerleşimleri

P. venosus türü total mitogenomunda 13 PKG, 22 tRNA ve iki rRNA geni olmak üzere toplamda 37 gen ve ayrıca A+T’ce zengin bir bölge saptanmıştır. Bu 37 genin 14 tanesi hafif zincirden (N) ve 23 tanesi ise ağır zincirden (J) kodlanmaktadır (Çizelge 4.4.).

Mitogenomun *trnI* gen bölgesinden başlamak kaydı ile gen yerleşimi saptandığında gen yerleşimi sırasıyla şu şekilde bulunmuştur (Çizelge 4.4.). Belirlenen bu sıra atasal Pancrustacea atasal gen yerleşimi ile aynıdır (Şekil 4.1).

Psorodonotus venosus

69	<i>trnI</i>
69	<i>trnQ</i>
65	<i>trnM</i>
1027	<i>nad2</i>
66	<i>trnW</i>
63	<i>trnC</i>
65	<i>trnY</i>
1540	<i>coxI</i>
65	<i>trnL2</i>
691	<i>cox2</i>
70	<i>trnK</i>
66	<i>trnD</i>
171	<i>atp8</i>
678	<i>atp6</i>
788	<i>cox3</i>
64	<i>trnG</i>
355	<i>nad3</i>
65	<i>trnA</i>
63	<i>trnR</i>
66	<i>trnN</i>
69	<i>trnS1</i>
66	<i>trnE</i>
65	<i>trnF</i>
1732	<i>nad5</i>
64	<i>trnH</i>
1339	<i>nad4</i>
297	<i>nad4l</i>
64	<i>trnT</i>
64	<i>trnP</i>
531	<i>nad6</i>
1135	<i>cytb</i>
68	<i>trnS2</i>
945	<i>nad1</i>
64	<i>trnL1</i>
1307	<i>16S rrmL</i>
70	<i>trnV</i>
779	<i>12S rrmS</i>
1079	A+T

Atasal (Pancrustaceae)

<i>trnI</i>
<i>trnQ</i>
<i>trnM</i>
<i>nad2</i>
<i>trnW</i>
<i>trnC</i>
<i>trnY</i>
<i>coxI</i>
<i>trnL2</i>
<i>cox2</i>
<i>trnK</i>
<i>trnD</i>
<i>atp8</i>
<i>atp6</i>
<i>cox3</i>
<i>trnG</i>
<i>nad3</i>
<i>trnA</i>
<i>trnR</i>
<i>trnN</i>
<i>trnS1</i>
<i>trnE</i>
<i>trnF</i>
<i>nad5</i>
<i>trnH</i>
<i>nad4</i>
<i>nad4l</i>
<i>trnT</i>
<i>trnP</i>
<i>nad6</i>
<i>cytb</i>
<i>trnS2</i>
<i>nad1</i>
<i>trnL1</i>
<i>16S rrmL</i>
<i>trnV</i>
<i>12S rrmS</i>
A+T

Şekil 4.1. *Psorodonotus venosus* türü mitogenomu gen uzunlukları (bç olarak) ve gen yerleşimleri atasal Pancrustacea mitogenomu ile karşılaştırmalı olarak verilmiştir (PKG beyaz ile, tRNA genleri sarı ile, rRNA genleri mavi ile ve A+T zengin bölge yeşil ile gösterilmiştir.)

4.3.1.1. Protein kodlayan genlerin yerleşimleri

PKG'lerden *nad5*, *nad4*, *nad4l* ve *nad1* genleri hafif zincirden, *atp6*, *atp8*, *cytb*, *cox1*, *cox2*, *cox3*, *nad2*, *nad3* ve *nad6* ağır zincirden kodlanmaktadır. Başlama kodonu olarak *cox2*, *atp6*, *cox3*, *nad4*, *nad4l* ve *cytb* ATG kodonunu kullanırken *nad2*, *cox1*, *nad5* ve *nad6* ATT kodonunu, *nad3* ve *nad1* ATA kodonunu ayrıca *atp8* ise ATC kodonunu kullanmaktadır. *nad2*, *cox1*, *cox2*, *nad3*, *nad5*, *nad4* ve *cytb* genleri sonlanma kodonu olarak tamamlanmamış T-- kodonunu kullanırken, *cox3* geni TA- tamamlanmamış sonlanma kodonunu kullanmaktadır. *nad1* geni standart TAG sonlanma kodonunu kullanırken, diğer dört PKG ise standart TAA sonlanma kodonunu kullanmaktadır. Uzunlukları ise şu şekildedir: *nad5* 1732bç, *nad4* 1339bç, *nad4l* 297 bç, *nad1* 945 bç, *atp6* 678 bç, *atp8* 171 bç, *cytb* 1135 bç, *cox1* 1540 bç, *cox2* 691 bç, *cox3* 788 bç, *nad2* 1027 bç, *nad3* 355 bç ve *nad6* 531 bç (Çizelge 4.4.). Ayrıca *atp8* ile *atp6* genleri arasında 7 bç, *atp6* ile *cox3* genleri arasında 1bç, *nad4* ile *nad4l* genleri arasında 7 bç, *nad6* ile *cytb* genleri arasında 1 bç uzunluğunda örtüşmeler tespit edilmiştir(Çizelge 4.3.).

4.3.1.2. Transfer RNA genlerinin yerleşimleri

Toplam 1447 bp uzunluğunda 22 tRNA genleri saptanmıştır. Bu genlerin 14 tanesi (*trnI*, *trnM*, *trnW*, *trnL2*, *trnK*, *trnD*, *trnG*, *trnA*, *trnR*, *trnN*, *trnS1*, *trnE*, *trnT*, *trnS2*) ağır zincirden kodlanırken, kalan sekiz tanesi ise hafif zincirden kodlanmaktadır. Belirlenen tRNA genlerinin antikodon dizi bilgileri Çizelge 4.4'te verilmiştir. Gen başına baz uzunlukları şöyledir: *trnR*, ve *trnC* 63 bç, *trnG*, *trnT*, *trnH*, *trnP*, ve *trnL1* 64 bç, *trnM*, *trnL2*, *trnA*, *trnY* ve *trnF* 65 bç, *trnI*, *trnW*, *trnD*, *trnN* ve *trnE* 66 bç, *trnS2* 68 bç, *trnS1* ve *trnQ* 69 bç ve *trnK* ve *trnV* 70 bç (Çizelge 4.4). Ayrıca *trnW* - *trnC* arasında 8 bç, *trnY* - *cox1* arasında 8 bç, *trnK* - *trnD* arasında 1bç *trnG* - *nad3* arasında 3 bç, *trnA* - *trnR* arasında 1 bç, *trnN* - *trnS1* arasında 1bç, *trnE* - *trnF* arasında 2 bç, *trnT* - *trnP* arasında 1 bç uzunluğunda örtüşmeler tespit edilmiştir (Çizelge 4.3).

tRNA genleri *trnS1* dışında mitokondriyal tRNA genleri için öngörülen dört kollu (yonca yaprağı) ikincil yapıya sahiptir. *trnS1* ikincil yapısında D-kolu oluşmamıştır (Ek.1.) Amino asit alıcı kolunda altı adet G-U, iki adet U-U; antikodon kolunda dört adet G-U, iki adet U-U, bir adet; dihidroüridin (ya da DHU) kolunda sekiz adet G-U ve 1 adet G-G; TΨC kolunda bir adet U-G yanlış eşleşmesi tespit edilmiştir.

4.3.1.3. Ribozomal RNA genlerinin yerleşimleri

Küçük alt birimi kodlayan *rrnS* geni 779 bç uzunluğundadır ve *trnV* ile A+T'ce zengin bölge arasında yer alır. Büyük alt birimi kodlayan *rrnL* geni ise 1307 bç uzunluğundadır ve *trnL1* ile *trnV* arasındadır. Her iki gen de komşu genlerle herhangi bir örtüşme sergilememekte ve hafif zincir tarafından kodlanmaktadır.

4.3.1.4. Kodlama yapmayan bölgelerin yerleşimleri

P. venosus türünün total mitogenomunda kodlama yapmayan yedi bölge saptanmıştır ve bunların uzunlukları 1-16 bç arasında değişkenlik sergilemektedir. En uzun kodlama yapmayan bölge *trnQ* ile *trnM* arasında yer alan 16 bç uzunluğundaki bölgedir ve ardından 12 bç uzunluğunda *trnS2* ve *nad1* genleri arasında bulunan bölge gelmektedir. Diğer bölgeler ise *trnI* - *trnQ* 4 bç, *nad1* - *trnL1* 3 bç ve *trnL2* - *cox2*, *nad4l* - *trnT*, *trnP* - *nad6* 1 bç uzunluğundadır (Çizelge 4.4).

4.3.1.5. Çakışan gen bölgelerinin yerleşimleri

P. venosus türünün mitogenomunda gen çakışmasının olduğu 12 bölge saptanmıştır. Bunlardan en uzunları 8 bç uzunluğunda olup *trnW* ile *trnC* arasında ve *trnY* ile *cox1* arasında bulunmaktadır. Ardından 7 bç uzunluğu ile *atp8* - *atp6* ve *nad4* - *nad4l* arasındaki çakışma gelir. *trnG* - *nad3* 3 bç, *trnE* - *trnF* 2 bç ve kalanlar ise 1 bç uzunluktadır. Çakışan dizi ve bazlar aşağıdaki çizelgede gösterilmiştir (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. *P. venosus* türünde genler arası çakışma

	Çakışan genler	Ortak dizi 3'→5'	Uzunluk (bç)
1	<i>trnW</i> - <i>trnC</i>	AAACCTTA	8
2	<i>trnY</i> - <i>cox1</i>	ATTCTACC	8
3	<i>trnK</i> - <i>trnD</i>	A	1
4	<i>atp8</i> - <i>atp6</i>	ATGATAA	7
5	<i>atp6</i> - <i>cox3</i>	A	1
6	<i>trnG</i> - <i>nad3</i>	ATA	3
7	<i>trnA</i> - <i>trnR</i>	A	1
8	<i>trnN</i> - <i>trnS1</i>	A	1
9	<i>trnE</i> - <i>trnF</i>	TA	2
10	<i>nad4</i> - <i>nad4l</i>	TTAACAT	7
11	<i>trnT</i> - <i>trnP</i>	T	1
12	<i>nad6</i> - <i>cytb</i>	A	1

4.3.1.6. A+T'ce zengin kodlama yapmayan bölgenin yerleşimi

P. venosus türü mitogenomunda A+T'ce zengin bölge, *trnI* ile *rrnS* genleri arasında yerleşmiş olup 1079 bç uzunluğundadır ve AT oranı %74,2'dir. Bu bölgede replikasyonda görev alan bazı tekrarlı (A)n ve (T)n motifleri saptanmıştır. A+T'ce zengin bölgede tRNA kalıntıları taranmış fakat saptanamamıştır.

Çizelge 4.4. *P. venosus* türünün mitogenom özeti

Gen	Zincir	Başlangıç baz çifti	Bitiş baz çifti	Boyut (bç)	Sonraki genle arasındaki bölge	Başlama kodonu	Bitiş kodonu	Anti kodon
<i>trnI</i>	J	1	66	66	4			GAT
<i>trnQ</i>	N	71	139	69	16			TTG
<i>trnM</i>	J	156	220	65	0			CAT
<i>nad2</i>	J	221	1,247	1,027	0	ATT	T--	
<i>trnW</i>	J	1,248	1,313	66	-8			TCA
<i>trnC</i>	N	1,306	1,368	63	0			GCA
<i>trnY</i>	N	1,369	1,433	65	-8			GTA
<i>cox1</i>	J	1,426	2,965	1,54	0	ATT	T--	
<i>trnL2</i>	J	2,966	3,03	65	1			TAA
<i>cox2</i>	J	3,032	3,722	691	0	ATG	T--	
<i>trnK</i>	J	3,723	3,792	70	-1			CTT
<i>trnD</i>	J	3,792	3,857	66	0			GTC
<i>atp8</i>	J	3,858	4,028	171	-7	ATC	TAA	
<i>atp6</i>	J	4,022	4,699	678	-1	ATG	TAA	
<i>cox3</i>	J	4,699	5,486	788	0	ATG	TA-	
<i>trnG</i>	J	5,487	5,55	64	-3			TCC
<i>nad3</i>	J	5,548	5,902	355	0	ATA	T--	
<i>rnA</i>	J	5,903	5,967	65	-1			TGC
<i>trnR</i>	J	5,967	6,029	63	0			TCG
<i>trnN</i>	J	6,03	6,095	66	-1			GTT
<i>trnS1</i>	J	6,095	6,163	69	0			GCT
<i>trnE</i>	J	6,164	6,229	66	-2			TTC
<i>trnF</i>	N	6,228	6,292	65	0			GAA
<i>nad5</i>	N	6,293	8,024	1,732	0	ATT	T--	
<i>trnH</i>	N	8,025	8,088	64	0			GTG
<i>nad4</i>	N	8,089	9,427	1,339	-7	ATG	T--	
<i>nad4l</i>	N	9,421	9,717	297	1	ATG	TAA	
<i>trnT</i>	J	9,719	9,782	64	-1			TGT
<i>trnP</i>	N	9,782	9,845	64	1			TGG
<i>nad6</i>	J	9,847	10,377	531	-1	ATT	TAA	
<i>cytb</i>	J	10,377	11,511	1,135	0	ATG	T--	
<i>trnS2</i>	J	11,512	11,579	68	12			TGA
<i>nad1</i>	N	11,596	12,54	945	3	ATA	TAG	
<i>trnL1</i>	N	12,544	12,607	64	0			TAG
<i>rrnL</i>	N	12,608	13,914	1,307	0			
<i>trnV</i>	N	13,915	13,984	70	0			TAC
<i>rrnS</i>	N	13,985	14,763	779	0			
<i>A+T</i>		14,764	15,842	1,079	0			

4.3.1.7. Mitogenomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu

P. venosus mitogenomunun her bir PKG'inin nükleotid kompozisyonu hem total hem de kodon pozisyonları için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Gözlenen en yüksek AT içeriği %73,7 ile *nad4l* geninde en düşük %AT içeriği %63,2 ile *cox1* geninde bulunmuştur. PKG'lerin ortalama AT oranı ise % 68 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.5). Diğer PKG'lerde gen başına AT oranları şöyledir; *nad5* (%71,7), *nad4* (%70,5), *nad1* (%70,5), *atp6* (%68,1), *atp8* (%71,9), *cytb* (%64,9), *cox2* (%66,3), *cox3* (%64,2), *nad2* (%67), *nad3* (%69) ve *nad6*-(%70,6) (Çizelge 4.5).

Her bir PKG için amino asit kompozisyonu belirlenmiş ve kodladıkları amino asit oranları hesaplanmıştır. PKG'lerde en fazla kullanılan amino asit %16,09 ile lösin (*Leu*), en az kullanılan ise %1,10 ile sistein (*Cys*) olarak saptanmıştır. PKG'lerden *atp8* geninde kullanılmayan beş adet amino asit (*Cys*, *Asp*, *Gly*, *His* ve *Arg*) bulunmuştur Diğer genlerden ise *cox1* geninde *Cys* ve *nad4l* geninde *Pro* amino asitlerinin kullanılmadığı görülmüştür. *nad4* geni %19,69 ile en sık *Leu*, *atp6* geni %0,44 ile en az *Asp* aminoasitlerini kullanan genler olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.6).

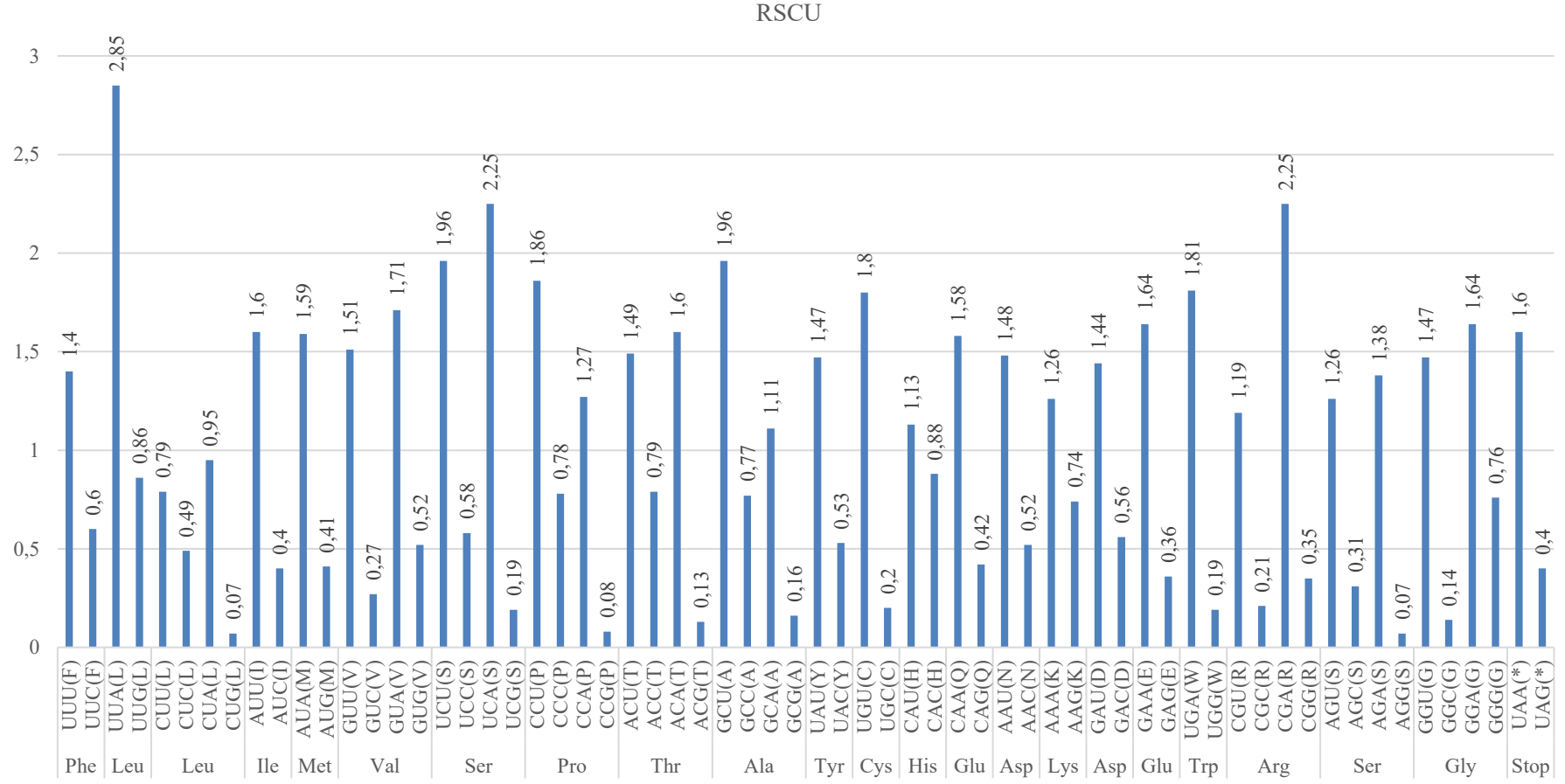
PKG dizileri kullanılarak RSCU değerleri hesaplanmıştır. Bu sayede en sık kullanılan tRNA ile en fazla kullanılan kodon ilişkisi belirlenmiştir (Şekil 4.2). Buna göre en çok kullanılan amino asit *lösin* amino asidi olarak görülmektedir.

Çizelge 4.5. *P. venosus* türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları

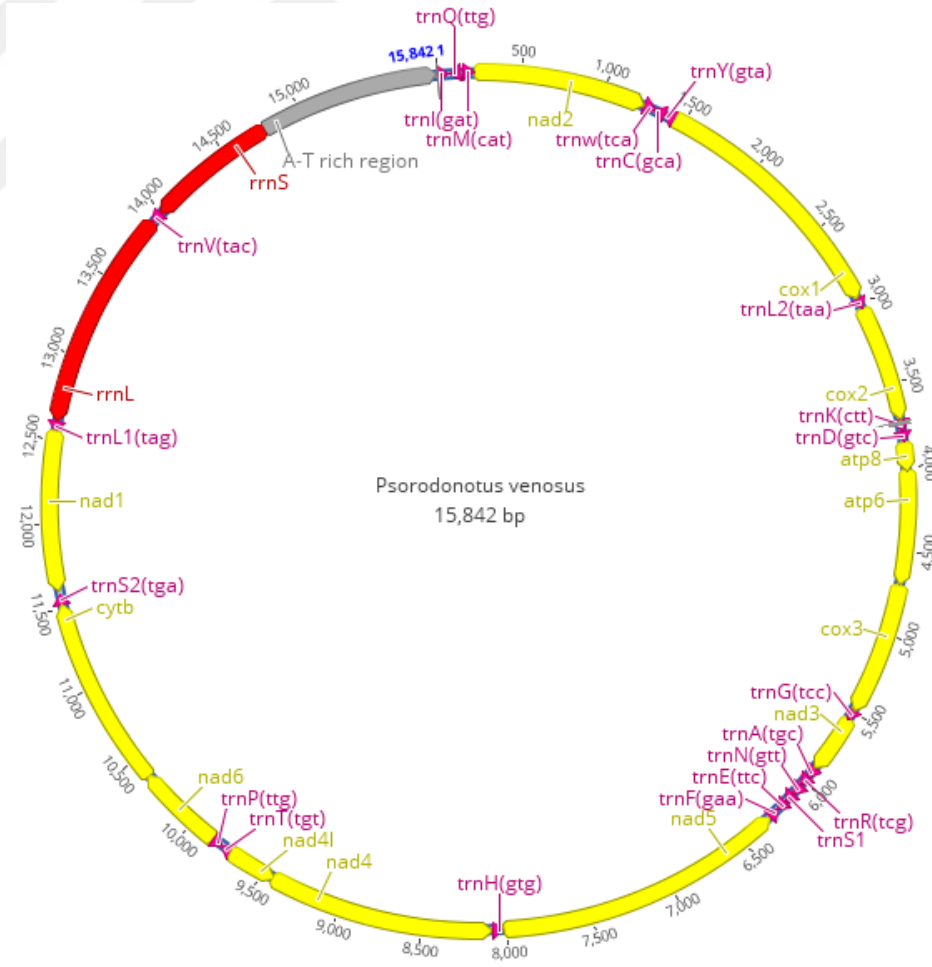
	Total					1. Kodon pozisyonu					2. Kodon pozisyonu					3. Kodon pozisyonu				
PKG	T %	C %	A %	G %	%AT	T-1	C-1	A-1	G-1	%AT	T-2	C-2	A-2	G-2	%AT	T-3	C-3	A-3	G-3	%AT
<i>nad2</i>	36,0	22,5	31,0	10,5	67,0	31	18,1	35,3	15,2	66,8	47	23,7	18,1	10,8	65,5	29	25,7	39,5	5,6	68,7
<i>cox1</i>	33,9	21,1	29,3	15,7	63,2	25	20,2	27,4	27,8	51,9	41	25,1	17,7	16,4	58,5	36	17,9	42,7	2,9	79,1
<i>cox2</i>	32,9	21,1	33,4	12,6	66,3	22	23,8	33,3	21,2	55,0	39	21,7	26,1	13,5	64,8	38	17,8	40,9	3,0	79,1
<i>atp8</i>	36,8	20,5	35,1	7,6	71,9	30	15,8	43,9	10,5	73,7	42	26,3	22,8	8,8	64,9	39	19,3	38,6	3,5	77,2
<i>atp6</i>	38,5	21,1	29,6	10,8	68,1	30	19,9	34,5	15,5	64,6	45	27,0	15,5	12,8	60,2	41	16,4	38,9	4,0	79,6
<i>cox3</i>	36,0	20,9	28,2	14,8	64,2	30	20,9	27,0	22,1	57,0	38	22,1	20,9	18,6	59,3	40	19,8	36,6	3,8	76,3
<i>nad3</i>	37,7	19,7	31,3	11,3	69,0	29	18,5	34,5	18,5	63,0	49	19,5	17,8	13,6	66,9	36	21,2	41,5	1,7	77,1
<i>nad5</i>	44,2	9,8	27,5	18,6	71,7	39	8,3	29,4	23,4	68,3	47	17,7	18,7	16,6	65,7	47	3,3	34,3	15,8	80,9
<i>nad4</i>	45,3	10,0	25,2	19,5	70,5	44	9,2	25,1	21,9	68,9	49	15,2	17,0	19,1	65,7	43	5,6	33,4	17,5	76,9
<i>nad4l</i>	47,8	7,4	25,9	18,9	73,7	41	10,1	25,3	23,2	66,7	56	9,1	19,2	16,2	74,7	46	3,0	33,3	17,2	79,8
<i>nad6</i>	38,2	21,5	32,4	7,9	70,6	27	18,1	40,7	14,1	67,8	51	23,2	18,6	6,8	70,1	36	23,2	37,9	2,8	74,0
<i>cytb</i>	36,1	22,0	28,8	13,0	64,9	27	21,6	27,2	24,0	54,4	43	22,8	21,2	13,2	64,0	38	21,7	38,1	1,9	76,5
<i>nad1</i>	46,3	10,5	24,1	19,0	70,5	41	9,8	24,8	24,4	65,7	50	17,8	16,8	15,9	66,3	49	3,8	30,8	16,8	79,4
Avg.	39,4	16,9	28,6	15,0	68,0	33	15,9	29,7	21,7	62,4	45	20,8	18,9	15,0	64,2	40	14,1	37,2	8,4	77,5

Çizelge 4.6. *P. venosus*'da türünde PKG'lerin aminoasit kompozisyonu (Yeşil- en az kullanılan aminoasitler; Mavi- en fazla kullanılan aminoasitler; Sarı- kullanılmayan 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>ort</i>
Ala	4,09	7,60	4,35	3,57	5,78	5,73	5,08	5,37	3,81	2,04	4,55	6,88	6,05	5,41
Cys	1,17	0,00	0,87	0,00	0,89	0,76	0,85	1,56	2,02	3,06	0,57	0,79	1,59	1,10
Asp	0,88	2,92	4,78	0,00	0,44	1,53	2,54	2,95	0,90	2,04	1,14	2,91	1,59	2,09
Glu	2,34	1,75	3,91	1,79	1,78	2,67	4,24	1,56	1,57	3,06	1,14	0,79	3,18	2,06
Phe	8,19	7,60	6,09	10,71	7,11	9,54	10,17	8,32	8,74	13,27	10,23	8,20	12,74	8,81
Gly	4,09	8,97	3,48	0,00	4,44	7,25	3,39	7,11	8,07	4,08	2,27	6,61	6,69	6,21
His	2,05	2,92	2,61	0,00	3,11	5,73	0,85	0,87	1,35	2,04	2,27	2,91	0,32	2,14
Ile	11,11	8,19	8,70	10,71	12,44	7,63	15,25	8,15	5,38	5,10	13,64	9,26	6,05	8,73
Lys	2,92	1,17	1,74	7,14	0,89	0,76	3,39	2,60	2,02	2,04	2,84	1,59	2,87	2,09
Leu	17,84	13,06	13,48	10,71	17,78	12,98	15,25	16,64	19,96	18,37	15,91	14,55	18,47	16,09
Met	6,43	5,26	5,65	5,36	4,44	3,44	5,08	7,45	6,95	7,14	6,82	3,97	5,41	5,76
Asn	4,09	2,92	5,65	7,14	4,89	2,67	4,24	3,29	3,14	3,06	5,68	6,08	2,87	3,94
Pro	3,80	5,46	5,22	7,14	5,33	4,58	3,39	2,60	2,47	0,00	2,84	5,82	3,18	3,96
Gln	2,63	2,34	3,48	3,57	1,33	3,05	0,85	2,25	1,57	2,04	2,27	2,12	1,27	2,17
Arg	0,88	1,56	3,04	0,00	1,33	1,53	2,54	0,87	1,35	2,04	0,57	2,12	2,23	1,53
Ser	9,65	7,99	7,39	8,93	12,00	7,63	9,32	10,40	10,76	9,18	9,66	4,76	7,96	8,86
Thr	8,48	7,02	8,26	10,71	8,00	8,40	4,24	3,64	2,91	3,06	9,09	5,82	4,14	5,97
Val	3,80	6,63	4,78	5,36	3,11	4,96	3,39	6,41	7,62	12,24	5,11	6,88	7,01	6,02
Trp	2,34	2,92	2,61	5,36	2,22	4,96	4,24	2,77	2,91	2,04	0,57	3,17	1,91	2,81
Tyr	3,22	3,70	3,91	1,79	2,67	4,20	1,69	5,20	6,50	4,08	2,84	4,76	4,46	4,26
Total	342,00	513,00	230,00	56,00	225,00	262,00	118,00	577,00	446,00	98,00	176,00	378,00	314,00	287,31



Şekil 4.2. *P. venosus* türünde PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanımları (RSCU)



Şekil 4.3. *P. venosus* türünün halkasal total mitogenomu (sarı: PKG, mor: tRNA, kırmızı: rRNA ve gri: A+T'ce zengin bölge, saat yönü: J zincir iken tersi N zincirdir.)

4.3.2. *A. babadaghi* türünün mitogenom gen yerleşimleri

A. babadaghi türü total mitogenomunda 13 PKG, 22 tRNA ve 2 rRNA geni olmak üzere toplamda 37 gen ve ayrıca A+T'ce zengin bir bölge saptanmıştır. Bu 37 genin 14 tanesi hafif zincirde (N) ve 23 tanesi ise ağır zincirde (J) bulunmaktadır (Çizelge 4.8).

Mitogenomun *trnI* gen bölgesinden başlamak kaydı ile gen yerleşimi saptandığında gen yerleşimi sırasıyla şu şekilde bulunmuştur (Çizelge 4.8): *trnI*, *trnQ*, *trnM*, *nad2*, *trnW*, *trnC*, *trnY*, *cox1*, *trnL2*, *cox2*, *trnK*, *trnD*, *atp8*, *atp6*, *cox3*, *trnG*, *nad3*, *trnA*, *trnR*, *trnN*, *trnS1*, *trnE*, *trnF*, *nad5*, *trnH*, *nad4*, *nad4l*, *trnT*, *trnP*, *nad6*, *cytb*, *trnS2*, *nad1*, *trnL1*, *16S rrnL*, *trnV*, *12S rrnS* ve A+T'ce zengin bölge (D-LOOP). Belirlenen bu sıra atasal Pancrustacea ile aynıdır (Şekil 4.4).

4.3.2.1. Protein kodlayan genlerin yerleşimleri

PKG'lerden *nad5*, *nad4*, *nad4l* ve *nad1* genleri hafif zincirden, *atp6*, *atp8*, *cytb*, *cox1*, *cox2*, *cox3*, *nad2*, *nad3* ve *nad6* ağır zincirden kodlanmaktadır. Başlama kodonu olarak *cox1*, *atp6*, *nad4*, *nad4l*, *cytb* ATG kodonunu, *nad5*, *nad3* ve *nad1* ATA kodonunu, *cox1*, *cox3* ve *nad6* ATT kodonunu, *nad2* ile *atp8* ise ATC kodonunu kodonlarını kullanmaktadırlar. Bitiş kodonu olarak *atp8*, *atp6*, *cox3*, *nad3*, *nad4l*, *nad6*, *cytb* ve *nad1* TAA kodonunu kullanırken *nad2*, *cox2*, *nad5* ve *nad4* tamamlanmamış stop kodonu T-- kullanılmaktadır. Uzunlukları ise şu şekildedir: *nad5* 1723 bç, *nad4* 1339 bç, *nad4l* 297 bç, *nad1* 936 bç, *atp6* 777 bç, *atp8* 162 bç, *cytb* 1137 bç, *cox1* 1542 bç, *cox2* 688 bç, *cox3* 693 bç, *nad2* 1027 bç, *nad3* 357 bç ve *nad6* 528 bç (Çizelge 4.8). Ayrıca *atp8* ile *atp6* arasında 7 bç, *atp6* ile *cox3* arasında 5 bç, *nad4* ile *nad4l* arasında 7 bç, *nad6* ile *cytb* arasında 1 bç uzunluğunda örtüşmeler tespit edilmiştir (Çizelge 4.7).

4.3.2.2. Transfer RNA genlerinin yerleşimleri

Toplam 1453 bç uzunluğunda 22 tRNA genleri saptanmıştır. Bu genlerin 14 tanesi (*trnI*, *trnM*, *trnW*, *trnL2*, *trnK*, *trnD*, *trnG*, *trnA*, *trnR*, *trnN*, *trnS1*, *trnE*, *trnT*, *trnS2*) ağır zincirden kodlanırken, kalan sekiz tanesi ise hafif zincirden kodlanmaktadır. Gen başına baz uzunlukları şöyledir: *trnC* 63 bç, *trnR*, *trnA*, *trnG*, *trnT*, ve *trnL1* 64 bç, *trnM*, *trnL2*, *trnY*, ve *trnH* 65bç, *trnI*, *trnW*, *trnD*, *trnN*, ve *trnF* 66 bç, *trnE* ve *trnP* 67, *trnS2* 68 bç, *trnS1* ve *trnQ* 69 bç ve *trnK* ve *trnV* 70 bç şeklindedir (Çizelge 4.8). Ayrıca *trnI* - *trnQ* arasında 3 bç, *trnW* - *trnC* arasında 8 bç, *trnY* - *cox1* arasında 8 bç, *trnK* - *trnD* arasında 1 bç *trnG* - *nad3* arasında 3 bç, *trnA* - *trnR* arasında 1 bç, *trnN* - *trnS1* arasında 1 bç, *trnE* - *trnF* arasında 2 bç, *trnT* - *trnP* arasında 1 bç uzunluğunda örtüşmeler tespit edilmiştir (Çizelge 4.7).

tRNA genleri *trnS1* de dahil mitokondriyal tRNA genleri için öngörülen dört kollu (yonca yaprağı) ikincil yapıya sahiptir (Ek.2.). Amino asit alıcı kolunda dört adet G-U ve iki adet U-U; anti kodon kolunda iki adet U-G ve U-U; dihidroüridin (ya da DHU) kolunda G-U; TΨC kolu için ik adet U-G yanlış eşleşmesi tespit edilmiştir.

Anterastes babadaghi

68	<i>trnI</i>
68	<i>trnQ</i>
66	<i>trnM</i>
1017	<i>nad2</i>
68	<i>trnW</i>
65	<i>trnC</i>
66	<i>trnY</i>
1542	<i>coxI</i>
66	<i>trnL2</i>
694	<i>cox2</i>
70	<i>trnK</i>
67	<i>trnD</i>
168	<i>atp8</i>
678	<i>atp6</i>
789	<i>cox3</i>
65	<i>trnG</i>
354	<i>nad3</i>
67	<i>trnA</i>
64	<i>trnR</i>
65	<i>trnN</i>
69	<i>trnS1</i>
67	<i>trnE</i>
64	<i>trnF</i>
1723	<i>nad5</i>
65	<i>trnH</i>
1339	<i>nad4</i>
297	<i>nad4l</i>
64	<i>trnT</i>
67	<i>trnP</i>
528	<i>nad6</i>
1137	<i>cytb</i>
68	<i>trnS2</i>
936	<i>nad1</i>
64	<i>trnL1</i>
1313	<i>16S rrnL</i>
70	<i>trnV</i>
792	<i>12S rrnS</i>
1100	A+T

Atasal (Pancrustaceae)

<i>trnI</i>
<i>trnQ</i>
<i>trnM</i>
<i>nad2</i>
<i>trnW</i>
<i>trnC</i>
<i>trnY</i>
<i>coxI</i>
<i>trnL2</i>
<i>cox2</i>
<i>trnK</i>
<i>trnD</i>
<i>atp8</i>
<i>atp6</i>
<i>cox3</i>
<i>trnG</i>
<i>nad3</i>
<i>trnA</i>
<i>trnR</i>
<i>trnN</i>
<i>trnS1</i>
<i>trnE</i>
<i>trnF</i>
<i>nad5</i>
<i>trnH</i>
<i>nad4</i>
<i>nad4l</i>
<i>trnT</i>
<i>trnP</i>
<i>nad6</i>
<i>cytb</i>
<i>trnS2</i>
<i>nad1</i>
<i>trnL1</i>
<i>16S rrnL</i>
<i>trnV</i>
<i>12S rrnS</i>
A+T

Şekil 4.4. *Anterastes babadaghi* türü mitogenomu gen uzunlukları (bç olarak) ve gen yerleşimleri atasal Pancrustacea mitogenomu ile karşılaştırmalı olarak verilmiştir (PKG beyaz ile, tRNA genleri sarı ile, rRNA genleri mavi ile ve A+T zengin bölge yeşil ile gösterilmiştir.)

4.3.2.3. Ribozomal RNA genlerinin yerleşimleri

rRNA küçük alt birimini kodlayan *rrnS* geni 792 bç uzunluğundadır ve *trnV* ile *A+T*’ce zengin bölge arasında yer alır. Büyük alt birimi kodlayan *rrnL* geni ise 1313 bç uzunluğundadır ve *trnL1* ile *trnV* arasındadır. Her iki gen de komşu genlerle herhangi bir örtüşme sergilememekte ve hafif zincir tarafından kodlanmaktadır. (Çizelge 4.8).

4.3.2.4. Kodlama yapmayan bölgelerin yerleşimleri

A. babadaghi türünün total mitogenomunda kodlama yapmayan 11 bölge saptanmıştır ve bunların uzunlukları 1-16 bç arasında değişmektedir. En uzun kodlama yapmayan bölge *trnS2* ile *nad1* arasında yer alan 16 bç uzunluğunda ve ardından 15 bç uzunluğu ile *trnQ* ve *trnM* ikincisi gelmektedir. Diğer bölgeler ise *cox1* - *trnL2* 2 bç, *trnL2* - *cox2* 1 bç, *cox2* - *trnK* 3bç, *cox3* - *trnG* 3 bç, *nad3* - *trnA* 3 bç, *nad5* - *trnH* 9 bç, *nad4l* - *trnT* 1 bç, *cytb* - *trnS2* 2 bç, *nad1* - *trnL1* 12 bç uzunluğundadır (Çizelge 4.8).

4.3.2.5. Çakışan gen bölgelerinin yerleşimleri

A. babadaghi türünün mitogenomunda gen çakışmasının olduğu 13 bölge saptanmıştır. Bunlardan en uzununu 8 bç uzunluğunda olup *trnW* ile *trnC* arasında ve *trnY* ile *cox1* arasında bulunmaktadır. Ardından *atp8* - *atp6* ile *nad4* - *nad4l* arasında 7 bç uzunluğunda çakışma gelir. Bunlara ek olarak *atp6* - *cox3* arasında 5 bç, *trnG* - *nad3* ile *trnI* - *trnQ* 3’er bç, *trnE* - *trnF* 2 bç ve kalanlar ise 1 bç uzunluktadır. Çakışan diziler aşağıdaki çizelgede gösterilmiştir (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. *A. babadaghi* türünde genler arası çakışma

	Çakışan genler	Ortak dizi 3’→5’	Uzunluk (bç)
1	<i>trnI</i> - <i>trnQ</i>	TTA	3
2	<i>trnW</i> - <i>trnC</i>	AAGCCTTA	8
3	<i>trnY</i> - <i>cox1</i>	ATTCTACC	8
4	<i>trnK</i> - <i>trnD</i>	A	1
5	<i>atp8</i> - <i>atp6</i>	ATGATAA	7
6	<i>atp6</i> - <i>cox3</i>	ATTAA	5
7	<i>trnG</i> - <i>nad3</i>	ATA	3
8	<i>trnA</i> - <i>trnR</i>	A	1
9	<i>trnN</i> - <i>trnS1</i>	G	1
10	<i>trnE</i> - <i>trnF</i>	TA	2
11	<i>nad4</i> - <i>nad4l</i>	TTAACAT	7
12	<i>trnT</i> - <i>trnP</i>	T	1
13	<i>nad6</i> - <i>cytb</i>	A	1

Çizelge 4.8. *A. babadaghi* türünün mitogenom özeti

Gen	Zincir	Başlangıç baz çifti	Bitiş baz çifti	Boyut (bç)	Sonraki genle arasındaki bölge	Başlama kodonu	Bitiş kodonu	Anti kodon
<i>trnI</i>	J	1	66	66	-3			GAT
<i>trnQ</i>	N	64	132	69	15			TTG
<i>trnM</i>	J	148	212	65	0			CAT
<i>nad2</i>	J	213	1,239	1,027	0	ATC	T--	
<i>trnW</i>	J	1,24	1,305	66	-8			TCA
<i>trnC</i>	N	1,298	1,36	63	0			GCA
<i>trnY</i>	N	1,361	1,425	65	-8			GTA
<i>cox1</i>	J	1,418	2,959	1,542	2	ATT	TAA	
<i>trnL2</i>	J	2,962	3,026	65	1			TAA
<i>cox2</i>	J	3,028	3,715	688	3	ATG	T--	
<i>trnK</i>	J	3,719	3,788	70	-1			CTT
<i>trnD</i>	J	3,788	3,853	66	0			GTC
<i>atp8</i>	J	3,854	4,015	162	-7	ATC	TAA	
<i>atp6</i>	J	4,009	4,785	777	-5	ATG	TAA	
<i>cox3</i>	J	4,781	5,473	693	3	ATT	TAA	
<i>trnG</i>	J	5,477	5,54	64	-3			TCC
<i>nad3</i>	J	5,538	5,894	357	3	ATA	TAA	
<i>trnA</i>	J	5,898	5,961	64	-1			TGC
<i>trnR</i>	J	5,961	6,024	64	0			TCG
<i>trnN</i>	J	6,025	6,09	66	-1			GTT
<i>trnS1</i>	J	6,09	6,158	69	0			GCT
<i>trnE</i>	J	6,159	6,225	67	-2			TTC
<i>trnF</i>	N	6,224	6,289	66	0			GAA
<i>nad5</i>	N	6,29	8,012	1,723	9	ATA	T--	
<i>trnH</i>	N	8,022	8,086	65	0			GTG
<i>nad4</i>	N	8,087	9,425	1,339	-7	ATG	T--	
<i>nad4l</i>	N	9,419	9,715	297	1	ATG	TAA	
<i>trnT</i>	J	9,717	9,78	64	-1			TGT
<i>trnP</i>	N	9,78	9,846	67	0			TGG
<i>nad6</i>	J	9,847	10,374	528	-1	ATT	TAA	
<i>cytb</i>	J	10,374	11,51	1,137	2	ATG	TAA	
<i>trnS2</i>	J	11,513	11,58	68	16			TGA
<i>nad1</i>	N	11,597	12,532	936	12	ATA	TAA	
<i>trnL1</i>	N	12,545	12,608	64	0			TAG
<i>rrnL</i>	N	12,609	13,921	1,313	0			
<i>trnV</i>	N	13,922	13,991	70	0			TAC
<i>rrnS</i>	N	13,992	14,783	792	0			
<i>A+T</i>		14,784	15,883	1,099	0			

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

A. babadaghi türünün mitogenomunda A+T'ce zengin bölge, *trnI* ile *rrnS* genleri arasında yerleşmiş olup 1100 bç uzunluğundadır ve AT oranı %73,8'dir. Bu bölgede replikasyonda görev alan bazı tekrarlı (A)n ve (T)n motifleri saptanmıştır. A+T'ce zengin bölgede tRNA kalıntıları taranmış fakat saptanamamıştır (Çizelge 4.8).

4.3.2.7. Mitogenomun nükleotid ve aminoasit kompozisyonu

A. babadaghi mitogenomunun her bir PKG'inin nükleotid kompozisyonu hem total hem de kodon pozisyonları için ayrı ayrı hesaplanmıştır. Gözlenen en yüksek %AT içeriği %75 ile *nad4l* geninde en düşük AT içeriği %66,1 ile *cox1* geninde bulunmuştur. PKG'lerin ortalama AT oranı ise %70 olarak bulunmuştur (Çizelge 4.10). Diğer PKG'lerinde gen başına AT oranları şöyledir; *nad5* (%72,4), *nad4* (%72,3), *nad1* (%72), *atp6* (%67,4) *atp8* (%73,5) *cytb* (%66,8) *cox2* (%66,8) *cox3* (%68) *nad2* (%71,1) *nad3* (%71,1) ve *nad6* (%73,7) (Çizelge 4.9).

Her bir PKG için amino asit kompozisyonu belirlenmiş ve kodladıkları aminoasit oranları hesaplanmıştır. PKG'lerde toplamda en fazla kullanılan amino asit %16,09 ile lösin (*Leu*), en az kullanılan ise %1,15 ile sistein (*Cys*) olarak saptanmıştır. PKG'lerden *atp8* geninde *Cys*, *Asp*, *Gly*, *His*, *Arg* amino asitleri kullanılmayan amino asitler olarak bulunmuştur. Diğer genler de ise *cox1* için *Cys*, *nad1* için *His* ve *nad4l* için de *Pro* amino asitlerinin kullanılmadığı saptanmıştır. *nad4* geni %20,18 ile en sık *Leu*, *nad2* geni %0,29 ile en az *Asp* aminoasitlerini kullanan genler olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.10).

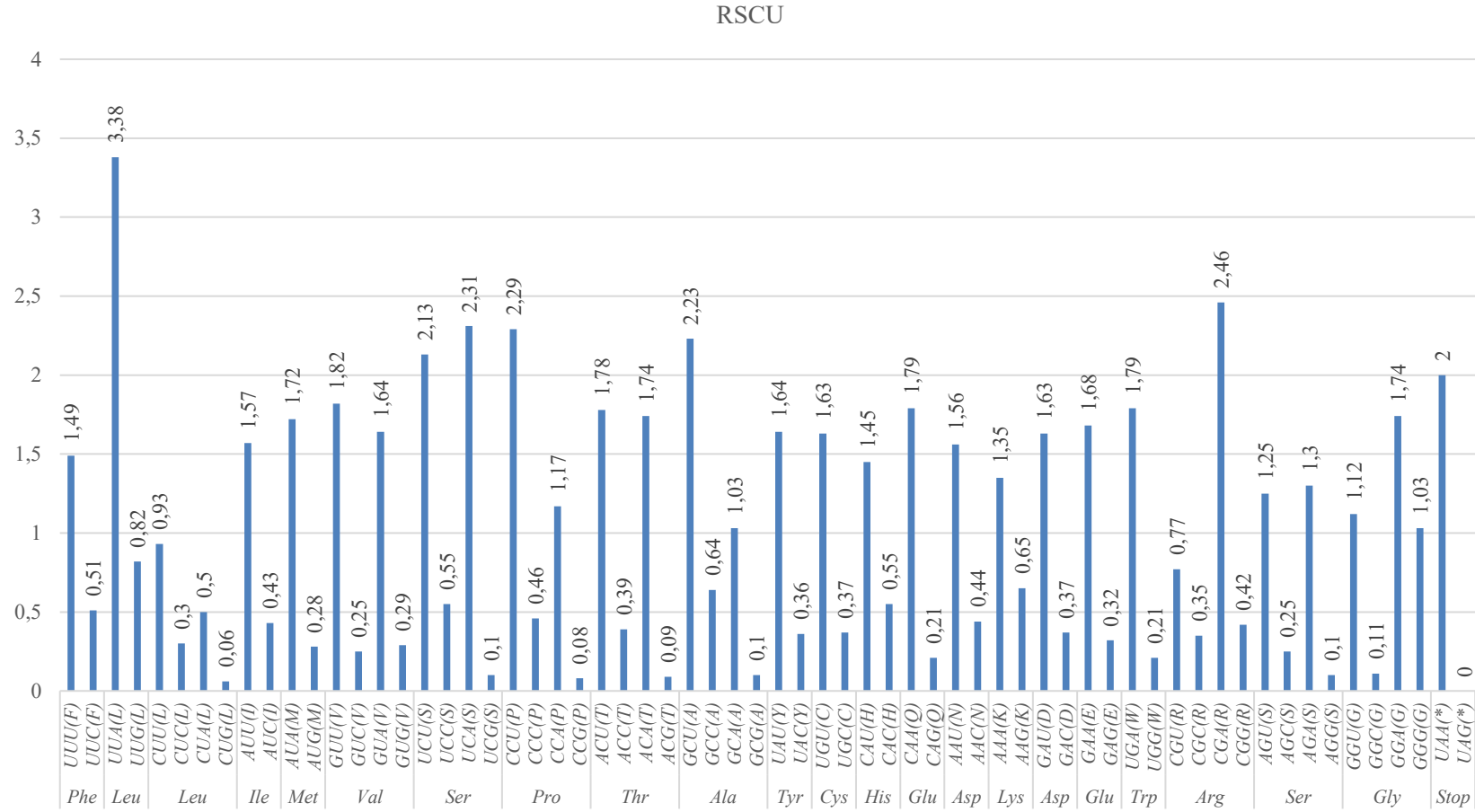
PKG dizileri kullanılarak RSCU değerleri bulunmuştur. Bu sayede en sık kullanılan tRNA ile en fazla kullanılan kodon ilişkisi belirlenmiştir (Şekil 4.5). Buna göre en çok kullanılan amino asit lösin amino asitdi olarak görülmektedir.

Çizelge 4.9. *A. babadaghi* türünde PKG'ler ve kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyonları

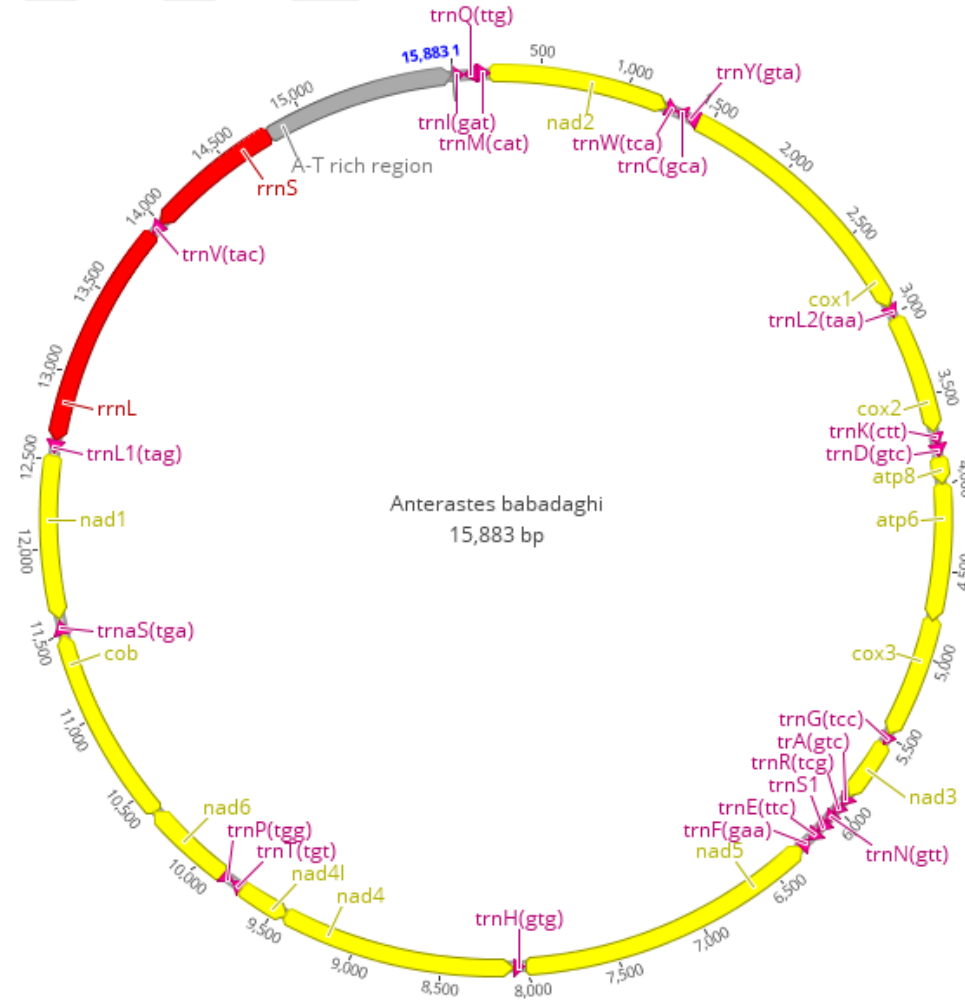
PKG	Total					1. Kodon pozisyonu					3. Kodon pozisyonu					3. Kodon pozisyonu				
	T %	C %	A %	G %	%AT	T-1	C-1	A-1	G-1	%AT	T-2	C-2	A-2	G-2	%AT	T-3	C-3	A-3	G-3	%AT
nad2	40,9	18,3	30,2	10,6	71,1	36	13,4	34,7	16,3	70,3	49	23,4	17,8	10,2	66,4	39	18,1	38,0	5,3	76,6
cox1	36,6	18,2	29,4	15,7	66,1	26	17,9	28,0	27,6	54,5	41	25,1	17,9	16,1	58,8	43	11,7	42,4	3,3	85,0
cox2	35,3	18,6	33,4	12,6	68,8	24	19,6	34,3	22,2	58,3	39	22,3	26,2	12,7	65,1	43	14,0	39,7	3,1	83,0
atp8	40,1	20,4	33,3	6,2	73,5	33	18,5	42,6	5,6	75,9	48	22,2	22,2	7,4	70,4	39	20,4	35,2	5,6	74,1
atp6	37,7	21,6	29,7	10,9	67,4	30	21,2	33,2	15,8	62,9	41	27,0	18,9	13,1	59,8	42	16,6	37,1	3,9	79,5
cox3	38,0	18,3	30,0	13,7	68,0	32	19,9	26,8	20,8	59,3	40	19,5	21,2	19,0	61,5	41	15,6	42,0	1,3	83,1
nad3	40,3	17,6	30,8	11,2	71,1	32	14,3	35,3	18,5	67,2	48	21,8	17,6	12,6	65,5	41	16,8	39,5	2,5	80,7
nad5	42,7	10,9	29,7	16,8	72,4	38	9,4	30,3	22,8	67,8	46	18,6	20,0	15,3	66,0	44	4,5	38,9	12,2	83,3
nad4	45,8	8,7	26,5	19,0	72,3	43	8,7	26,0	22,1	69,1	49	14,6	17,3	19,3	66,1	45	2,9	36,3	15,5	81,6
nad4l	47,6	7,4	27,4	17,6	75,0	44	9,1	26,3	20,2	70,7	56	10,1	18,2	16,2	73,7	43	3,1	37,8	16,3	80,6
nad6	39,8	19,7	33,9	6,6	73,7	29	15,3	43,2	12,5	72,2	51	22,7	20,5	6,3	71,0	40	21,0	38,1	1,1	77,8
cytb	38,6	19,8	28,1	13,5	66,8	30	19,0	26,4	25,1	55,9	43	22,4	21,4	13,2	64,4	43	17,9	36,7	2,1	79,9
nad1	45,9	9,3	26,1	18,7	72,0	42	8,0	26,9	22,8	69,2	49	17,6	17,0	16,3	66,0	46	2,2	34,3	17,0	80,8
Avg.	40,7	15,4	29,3	14,5	70,0	34	14,4	30,3	21,4	64,2	45	20,8	19,4	14,6	64,6	43	11,2	38,4	7,5	81,3

Çizelge 4.10. *A. babadaghi*'de PKG'lerin aminoasit kompozisyonu (PKG'lerin Yeşil: en az kullanılan aminoasitler Mavi: en fazla kullanılan aminoasitler Sarı: kullanılmayan 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>ort</i>
Ala	4,68	7,21	4,80	1,89	5,81	4,78	5,08	5,57	4,26	2,06	3,43	6,88	5,47	5,34
Cys	0,88	0,00	0,87	0,00	0,78	0,87	0,85	2,09	2,02	3,09	0,57	0,79	1,61	1,15
Asp	0,29	2,92	4,80	1,89	0,39	1,74	2,54	2,09	1,35	2,06	1,71	2,91	1,61	2,01
Glu	2,63	1,75	3,93	0,00	1,55	3,04	4,24	2,26	1,57	3,09	1,14	0,79	2,89	2,15
Phe	9,06	7,60	6,11	11,32	6,20	10,00	9,32	7,84	8,07	14,43	9,14	8,47	12,54	8,65
Gly	4,97	8,97	3,49	0,00	4,65	6,96	2,54	6,62	6,95	4,12	2,29	6,61	6,75	6,04
His	1,17	2,92	2,62	0,00	3,49	5,22	0,85	1,22	1,35	2,06	1,71	2,91	0,00	2,04
Ile	10,53	8,38	9,61	11,32	8,91	9,57	16,10	7,84	5,61	5,15	14,29	8,73	6,11	8,67
Lys	2,92	0,97	1,75	5,66	1,16	0,87	3,39	3,14	1,79	2,06	3,43	1,59	2,89	2,15
Leu	17,84	12,67	12,23	13,21	18,22	14,35	14,41	16,55	20,18	19,59	16,00	13,76	17,68	16,03
Met	7,31	5,46	5,68	11,32	4,26	2,17	4,24	7,49	6,95	8,25	7,43	4,23	6,75	6,04
Asn	5,26	3,12	6,11	7,55	6,59	2,17	3,39	4,18	3,14	3,09	6,29	5,82	2,57	4,30
Pro	3,22	5,46	5,68	9,43	5,81	3,48	3,39	2,79	2,47	0,00	2,29	5,82	3,22	3,95
Gln	1,75	2,34	2,62	1,89	1,55	3,48	0,85	2,44	1,57	2,06	2,86	2,12	1,29	2,09
Arg	0,88	1,56	3,06	0,00	1,16	1,74	2,54	0,87	1,35	2,06	0,57	2,12	2,25	1,53
Ser	9,06	7,80	6,11	7,55	11,63	7,83	10,17	8,89	11,43	10,31	8,57	4,76	8,04	8,57
Thr	7,60	7,41	8,30	5,66	8,14	7,83	5,93	4,53	2,47	2,06	10,29	5,56	4,82	6,04
Val	3,80	6,82	5,24	1,89	3,49	4,35	4,24	6,27	8,07	9,28	4,00	7,94	6,11	5,96
Trp	2,34	2,92	2,62	5,66	2,33	5,22	4,24	2,61	2,91	2,06	1,14	3,17	1,93	2,82
Tyr	3,80	3,70	4,37	3,77	3,88	4,35	1,69	4,70	6,50	3,09	2,86	5,03	5,47	4,46
Total	342,00	513,00	229,00	53,00	258,00	230,00	118,00	574,00	446,00	97,00	175,00	378,00	311,00	286,46



Şekil 4.5. *A. babadaghi*'de PKG'lerin görelî sinonim kodon kullanımları (RSCU)



Şekil 4.6. *A. babadaghi* türünün halkasal total mtitogenomu (sarı: PKG, mor: tRNA, kırmızı: rRNA ve gri: A+T'ce zengin bölge, saat yönü: J zincir iken tersi N zincirdir.)

5. TARTIŞMA

Bu tez çalışmasında Tettigoniinae (Orthoptera: Ensifera: Tettigoniidae) altfamilyasını temsilen *P. venosus* ve *A. babadaghi* türlerinin mitogenomu elde edilmiş ve tanımlanmıştır. Elde edilen veriler birçok açıdan değerlendirilebilir. Ancak tez kapsamı itibarıyla şu ana hususlar öncelikli olarak ele alınacaktır. İlki tez kapsamında çalışılan iki türün mitogenomlarının karşılaştırılması ve temsil ettikleri cinsler bağlamında farklılıkların tespiti, ikincisi altfamilya düzeyinde mitogenom dizisi bilinen diğer türlerle karşılaştırılması ve hem takım hem de diğer altgruplar bağlamında gen karşılaştırılması.

5.1. *P. venosus* ve *A. babadaghi* Türlerinin Genomlarının Karşılaştırılması

Her iki türde tüm aynı tRNA genleri aynı zincirlerde kodlanmaktadır. Yine her iki türde aynı tRNA genleri aynı antikodonlara sahiptir. tRNA genlerinde türler arası farklılık genlerin uzunluklarında ve bir sonraki genle arasında olan kodlama yapmayan dizilerde veya çakışan dizilerde görülmektedir. *P. venosus* türünde *trnA* *A. babadaghi* türünün aynı genine göre bir bc uzun iken *trnR*, *trnE*, *trnF* ve *trnH* birer baz kısa ve *trnP* ise 3 baz kısadır. Yine tRNA genlerinde türler arası farklılık kodlama yapmayan (+) veya bir sonraki genle çakışan (-) bc sayısında görülmektedir. İki tür karşılaştırıldığında bu değer *trnI* için *P. venosus*'ta +4 ve *A. babadaghi*'de -3 iken *trnQ* için sırasıyla +16 ve +15 bc olması bir farklılık olarak saptanmıştır. Benzer bir farklılık *trnP* ve *trnS2* genlerinde saptanmıştır. Bu değerler *trnP* için *P. venosus*'ta +1 ve *A. babadaghi*'de 0 iken *trnS2* için sırasıyla +12 ve +16'dır. Farklı cinslere ait bu iki türde gözlenen bu farklılıklar türlerin evrimsel tarihindeki mutasyon örüntüsü ile ilişkilidir ve moleküler gen evrimi açısından detaylı araştırması anlamlı sonuçlar verebilir.

PKG'lerde ise aynı genlerin aynı zincir (ağır veya hafif) üzerinden kodlanması iki türün ve dolayısıyla iki cinsin tipik benzerliğidir. Her iki türde *nad4*, *nad4l* ve *nad6* genlerinde hem uzunluk, hem başlama ve bitiş kodonları ve de bir sonraki genle olan örtüşme bakımından bir farklılık gözlenmemiştir. Bu durum bu üç genin korunumlu olduğuna işaret etmektedir. Ancak *cox2* *atp8* ve *nad5* *P. venosus* türünde *A. babadaghi*'ye göre daha uzun iken (3-9 bc) *cox1*, *atp6*, *cox3*, *nad3*, *cytb* ve *nad1* genleri ise ikinci türde 1-12 bc daha uzundurlar. Yine *cox1*, *cox2*, *atp6*, *cox3*, *nad3*, *nad5*, *cytb* ve *nad1* genleri kendisinden sonraki genle çakışma veya bulundurduğu kodlama yapmayan baz sayısı bakımından türler arasında farklılık gösterirler. PKG'lerde başlama kodonu bakımından iki tür çoğunlukla benzerdir. Farklılık *nad2* ve *nad5* genlerinde görülmektedir. *P. venosus* türünde *nad2* ve *nad5* için ATT kodonu kullanılırken *A. babadaghi*'de *nad2* ATC ve *nad5* ATA kodonunu kullanır. Bazı PKG'lerin sonlanma kodonu da türler arasında farklılık gösterir. *P. venosus* *cox1* ve *cytb* genlerinde tamamlanmamış T-- ve *cox3* için tamamlanmamış TA- kodonlarını kullanırken *A. babadaghi* aynı genler için TAA kodonu kullanır. Farklılık gösteren genler, özellikle *cox1* filogenetik çalışmalarda en yaygın kullanılan belirteç genlerdendir.

P. venosus ve *A. babadaghi* türleri rRNA genleri ve A+T'ce zengin bölge bakımından da farklılıklar sergilemektedir. Hem rRNA küçük alt birimi *rrnS* hem de büyük alt birim *rrnL* genleri *P. venosus*'da *A. babadaghi* türünde saptanandan daha kısadır. Aynı

durum A+T bölgesi *P. venosus* türünde 20 bc daha kısadır. Çoğu genlerin *A. babadaghi* türünde *P. venosus* türüne göre daha uzun olması total mitogenom uzunluğu ile uyumludur. Çünkü total mitogenom *P. venosus* türünde 15.842 bc ve *A. babadaghi* 15.883 bc'dir.

5.2. Mitogenom Gen Yerleşimleri Bakımından Çalışılan Türlerin Yeri

Orthoptera türlerinde mitogenom gen yerleşim örüntüsü ve evrimsel geçmişte gen yeniden düzenlenmesi bakımından en kapsamlı değerlendirme Song vd. (2015) tarafından yapılmıştır. Gen yerleşimlerinin tanımlanmasında Pancrustacea gen yerleşimi (Şekil 5.1a) referans alınmaktadır ve buna göre farklı yerleşen genlerin translokasyon gösterdiği kabul edilir (Korkmaz vd. 2015). Caelifera alttakımı (özellikle Acrididae familyası) *trnD* ve *trnK*'nin yer değiştirmiş olması familyanın atasında gerçekleşmiş bir translokasyon olarak düşünülür (Flook vd. 1995; Song vd. 2015), diğer genler ise atasal yerleşime sahiptirler (Şekil 5.1 a ve b'yi karşılaştırın).

Ensifera içerisinde gen yerleşimi bakımından sekiz farklı gen yeniden düzenlenmesi görülür. Gryllidae familyasında *trnN-trnS-trnG* yer değiştirerek *trnG-trnS-trnN* şeklinde yeniden yerleşmiştir. Diğer bir yeniden düzenlenme Prophalangopsidae familyasında *trnR* ile *trnA*'nın yer değiştirmesidir (Şekil 5.1 a ve f). Schizodactylidae familyası için *trnI* geni elenmiştir ve mitogenom 21 tRNA genine sahiptir ve diğer genler atasal Pancrustacea ile aynı yerleşim örüntüsüne sahiptir (Şekil 5.1 a ve d). Trigonidiidae familyasında *trnE* geni *trnS1* ile *trnF* arasında iken *trnR* ile *trnS1* arasına yerleşmiş (Şekil 5.1 a ve e) ve Gryllidae ile aynı değişime ek olarak *trnV* geni *rrnS* ile A+T zengin bölge arasında konumlanmışır (Şekil 5.2 a ve c). En fazla değişim Tettigoniidae familyasında görülür. Tettigoniidae'nin Lipotactinae altfamilyasında iki adet yer değiştirme söz konusudur. İlki *trnQ* ile *trnM* yer değişmiş olması, ikincisi ise *trnG-nad3-trnA-trnR-trnN-trnS* yeniden düzenlenerek *trnG-trnS-trnA-trnN-trnR-trnG-nad3* yeniden yerleşiminin ortaya çıkışıdır (Şekil 5.1 a ve g). Tettigoniidae familyasının Phaneropterinae altfamilyası Holochlorini tribusunda ise üç ayrı düzenlenmenin ortaya çıkışıdır. Bunlardan biri atasal *trnI-trnQ-trnM-nad2* sırasının *trnI-trnM-nad2-trnQ* şeklinde değişimi ve ikincisi ise A+T bölgesinin yeniden yerleşerek *trnI-trnM-nad2-A+T-trnQ* sırasının ortaya çıkışıdır (Şekil 5.1 a ve h). Yine Holochlorini'ye ait *Ruidocollaris obscura*'da *trnY* ile *coxI* genleri arasında ikinci bir A+T bölgesinin oluşumu çarpıcıdır (Şekil 5.1 a ve i). Tettigoniidae familyasının Pseudophyllinae altfamilyasında gözlenen bir yer değiştirme atasal *trnI-trnQ-trnM* sıralamasının *trnM-trnI-trnQ* şeklinde yer değiştirmesidir (Şekil 5.1 a ve j).

Tettigoniinae altfamilyasının çalışılmış türlerinin tümü *P. venosus* ve *A. babadaghi* türlerinde saptanan gen yerleşim örüntüsü atasal yerleşime göre hiçbir farklılık taşımamaktadır. Aynı durum diğer Tettigoniinae türleri için de geçerlidir (Fenn vd. 2007; Zhou vd. 2008; Zhao 2015, 2017, Li 2017). Bu nedenle ilkel bir grup olduğu söylenebilir. Ancak çarpıcı olan aynı altfamilyaya, örneğin Phaneropterinae, ait bazı türlerde atasal gen yerleşimi korunduğu halde diğer bazılarında atasal gen yerleşimi korunduğu halde diğer bazılarında yer değiştirmenin olmasıdır (Zhou vd. 2007, 2010, 2015, 2017; Song vd. 2015; Yang vd. 2016). Bu da Song vd. (2015) tarafından savunulan gen yerleşim örüntülerinin familya veya altfamilya düzeyinde üstgruplar için sinapomorfiler barındırabileceği görüşünü desteklemektedir.

a) Atasal Pancrusctacea

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrnS</i>	A+T	

b) Caelifera- Acrididae

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnD</i>	<i>trnK</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cyb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrnS</i>	A+T	

c) Ensifera -Gryllidae

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnE</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnN</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrnS</i>	A+T

Şekil 5.1. Orthoptera takımı mitogenom yerleşimleri (her bir renk atasaldan farklı pozisyonda yerleşim gösteren bir geni temsil etmektedir.)

Şekil 5.1.'in devamı

d) Ensifera – Schizodactylidae

<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>cox1</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S</i>	<i>trnV</i>	<i>12S</i>	A+T

e) Ensifera -Trigonidiidae

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnE</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnN</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrnL</i>	<i>12S rrnS</i>	<i>trnV</i>	A+T	

f) Ensifera –Prophalangopsidae

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnR</i>	<i>trnA</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrnS</i>	A+T	

g) Ensifera, Tettigoniidae (Lipotactinae)

	<i>trnI</i>																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																							
--	-------------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Şekil 5.1.'in devamı

h) Ensifera, Tettigoniidae (Phaneropterinae, Holochlorini)

<i>trnI</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	A+T	<i>trnQ</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrrnS</i>

i) Ensifera Tettigoniidae (Phaneropterinae-Holochlorini)

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	A+T2	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrrnS</i>	A+T	

j) Tettigoniidae (Pseudophyllinae)

<i>trnM</i>	<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrrnS</i>	A+T

k) *Psorodonotus venosus* ve *Anterastes babadaghi* (Ensifera, Tettigoniidae, Tettigoniinae)

<i>trnI</i>	<i>trnQ</i>	<i>trnM</i>	<i>nad2</i>	<i>trnW</i>	<i>trnC</i>	<i>trnY</i>	<i>coxI</i>	<i>trnL2</i>	<i>cox2</i>	<i>trnK</i>	<i>trnD</i>	<i>atp8</i>	<i>atp6</i>	<i>cox3</i>	<i>trnG</i>	<i>nad3</i>	<i>trnA</i>	<i>trnR</i>	<i>trnN</i>	<i>trnS1</i>	<i>trnE</i>	<i>trnF</i>	<i>nad5</i>	<i>trnH</i>	<i>nad4</i>	<i>nad4l</i>	<i>trnT</i>	<i>trnP</i>	<i>nad6</i>	<i>cytb</i>	<i>trnS2</i>	<i>nad1</i>	<i>trnL1</i>	<i>16S rrrnL</i>	<i>trnV</i>	<i>12S rrrnS</i>	A+T	

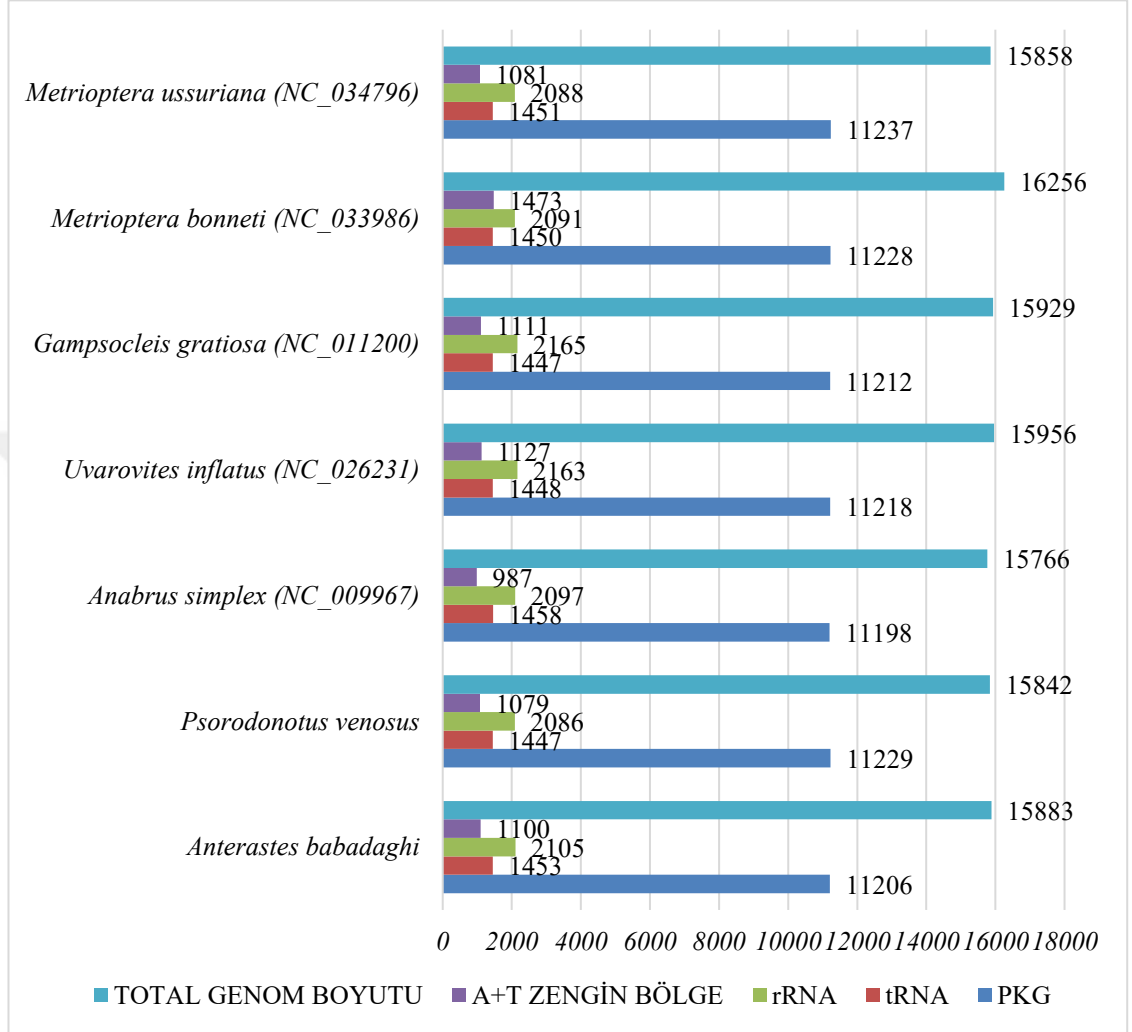
5.3. Mitogenom Uzunlukları Bakımından Çalışılan Türlerin Yeri

Ensifera alttakımı Tettigoniidea infra takımı Orthoptera takımının en fazla tür içeren infra takımıdır (Song vd. 2015). Bu infra takımın türleri Phasmomimoidea, Hagloidea, Stenopelmatoidea ve Tettigonioidea olmak üzere dört üstfamilya içerisinde sınıflandırılır. Hem bu infra takımın hem de Orthoptera takımının en kalabalık üstfamilyası Tettigonioidea üst familyasıdır (Cigliano vd. 2018) ve her bir familya ve altfamilyadan temsilci türlerin total mitogenomu saptanmıştır (NCBI). Bunlardan Phaneropterinae ve Tettigoniinae tür bakımından en zengin ve Holarktik bölgede (Avrasya ve Kuzey Amerika) yayılış gösteren soy hatlarıdır. Ensifera alttakımı içerisinde minimum ve maksimum mitogenom uzunlukları Phaneropterinae türlerinde (*Ruspolia dubia* 14.971 bç ve *Phaneroptera gracilis* 18.255 bç olacak şekilde) saptanmıştır. Çalışılan türlerde total mitogenom *P. venosus* türünde 15842 bç ve *A. babadaghi* 15883 bç olduğundan alttakım düzeyinde ortalama bir uzunluğa sahip olduğu ve genom uzunlukları bağlamında alttakım içerisinde bilinen değerleri değiştirmedeği söylenebilir. Phaneropterinae ve Tettigoniinae bu alttakımın en kalabalık altfamilyaları olduğundan bu durumun altfamilya için de geçerli olduğu söylenebilir.

Tettigoniinae altfamilyası çok sayıda tür içeren bir altfamilya olmasına karşın az sayıda türünün mitogenomu elde edilmiştir ve toplam 5 türün mitogenomu bilinmektedir (Fenn vd. 2007; Zhou vd. 2008; Zhao 2015, 2017, Li 2017). Bu çalışma ile birlikte mitogenomu bilinen tür sayısı 7'ye çıkmıştır. Bu türlerden ikisi Gampsocleidini (*Gampsocleis gratiosa* ve *Uvarovites inflatus*) ve diğer 5'i şimdilik Platycleidini (*Metrioptera bonneti*, *Metrioptera ussuriensis* ve *Anabrus simplex* ve bu çalışmada ele alınan *Psorodonotus venosus* ile *Anterastes babadaghi*) tribusu içerisinde verilir (Cigliano vd. 2018). Ancak Platycleidini oldukça heterojen bir gruptur ve tribus cins kompozisyonu tartışmalıdır. *Anterastes* cinsi arka tibia da tek çift mahmuz taşıması ile *Rhacocleis* ile birlikte diğer tüm cinslerden farklıdır (Çıplak 2004; Çıplak vd. 2015). *Psorodonotus* cinsi de (temsilen *Psorodonotus venosus*) Cigliano vd. (2018) tarafından Platycleidini içerisinde veriliyor ise de genetik veriler bu cinsin Pholidopterini tribusuna ait olduğuna işaret etmektedir (Çıplak vd. yayınlanmamış veri). Literatür ve tez verileri birlikte değerlendirildiğinde genom uzunlukları bakımından Platycleidini üyeleri arasındaki varyasyonların diğer tribusla olandan daha fazla olması bu heterojenite ile uyumlu görünmektedir.

Tettigoniinae altfamilyası üyeleri arasında (Şekil 5.2) total mitogenom uzunluğu rekoru 16256 bç ile *Metrioptera bonneti*'de gözlenmişken minimum uzunluk 15766 bç ile *Anabrus simplex*'te gözlenmiştir. Toplam uzunluk olarak tRNA genleri, rRNA genleri, PKG ve A+T zengin bölge itibarıyla Tettigoniinae türleri karşılaştırıldığında total mitogenom uzunluğuna paralel bir sonuç görülmemektedir. PKG bakımından *Metrioptera bonneti* 11237 bç ile maksimum ve 11198 bç ile *Anabrus simplex* minimum değerlere sahiptir. rRNA genlerinde toplam maksimum uzunluk 2165 bç ile *Uvarovites inflatus* ve minimum uzunluk 2086 bç ile *Psorodonotus venosus* türlerinde saptanmıştır. tRNA genlerinde ise toplam maksimum uzunluk 1458 bç ile en kısa toplam mitogenoma sahip olan *Anabrus simplex* ve minimum uzunluk 1447 bç ile *Gampsocleis gretiosa* ve *Psorodonotus venosus* türlerinde görülmüştür. A+T'ce zengin bölge uzunluğu türler arası en fazla varyasyon gösteren bölgedir ve total mitogenom uzunluğuna paralel olarak en uzun A+T'ce bölgesi 1473 bç ile *Metrioptera bonneti* ve minimum uzunluk 987 bç ile *Anabrus simplex* türünde görülmüştür. Bu durum türler arası total mitogenom uzunluk farklılığının esas

olarak kodlama yapmayan kontrol bölgesinin uzunluğundan kaynaklandığının göstergesidir.



Şekil 5.2. Tettigoniinae alt familyasının mitogenomu bilinen 5 türünün mitogenom uzunluklarının karşılaştırılması

5.4. Tettigoniinae Mitogenomu Genlerinin Karşılaştırılması

5.4.1. tRNA genlerinin benzerlik/farklılık örüntüleri

Tettigoniinae altfamilyasına ait beş türün (*Anabrus simplex*, *Gampsocleis gratiosa*, *Uvarovites inflatus*, *Metrioptera bonneti* ve *Metrioptera ussuriana*) hali hazırda tanımlanmış ve veri tabanlarına (NCBI) yüklenmiştir (Fenn vd. 2007; Zhou vd. 2008; Zhao 2015, 2017, Li 2017). Bu çalışma ile iki türün (*Psorodonotus venosus* ve *Anterastes babadaghi*) eklenmesi ile bu sayı yedi olmuştur. Bu yedi tür referans alınarak altfamilyanın tRNA genlerinin bazı özellikleri genellenebilir. tRNA genleri oldukça korunumlu genlerdir ve fazla varyasyon beklenemez ve bu beklenti ile uyumlu olarak 20 tRNA geni

için yedi türde de aynı antikodonlar vardır. Sadece *trnS1*, *trnD* ve *trnE* genlerinde türler arasında farklılık gözlenmiştir. İlki için *A. simplex* ve *G. gratiosa* türleri GTC antikodonuna sahipken diğer beş tür ise GCT'ye sahiptir. *trnD* için *Metrioptera bonetti* türünde GCT mevcut iken diğerlerinde GTC mevcuttur. *trnE* için ise *Metrioptera ussuriana* türü TCT antikodonuna sahipken diğer türler TTC'ye sahiptirler.

tRNA genlerinde diğer bir farklılık kendisinden sonraki genle olan çakışma (- ile ifade edilmiştir) veya kodlanmayan baz dizisi yönüyle görülmektedir. Bazı durumlar tüm türlerdeki aynı gen için ortaktır. *trnM*, *trnC*, *trnF*, *trnD* ve *trnH* genleri ile bir sonraki genle arasında ne örtüşme vardır ne de kodlama yapmayan dizi yer alır. *trnK* ve *trnT* tüm türlerde 1 bç çakışma gösterirken, *trnE* 2 bç ve *trnW* ise 8 bç'lik bir çakışmaya sahiptir. Bu örüntülerin altfamilyanın sinapomorfileri olması olasıdır. Diğer 13 tRNA geni ise varyasyon göstermektedir. *P. venosus*'da *trnI* sonrasında 4 bç kodlama yapmayan bölge varken iken diğer altı türde ise 3 bç'lik bir çakışma görülür. İlginç durumlardan biri *trnQ* geni için görünür. Bu gen ile kendisinden sonraki *trnM* arasında *M. bonetti*'de 17 bç ve *P. venosus*'da 16 bç kodlama yapmayan dizi varken iken kalan türlerde bu bölge 15 bç'dir. Keza *trnS2* geni için *M. bonetti* 17 bç, *U. inflatus* 23 bç ve *P. venosus* 12 bç kodlama yapmayan bir baz dizisine sahipken diğer dört türde bu bölge 16 bç uzunluğundadır. *trnY* geni *A. simplex* ve *M. bonetti* bir sonraki genle 2 bç'lik bir çakışmaya sahipken diğer beş türde bu çakışma 8 bç'lidir. *A. simplex* türünde *trnL2* geni ile sonraki gen arasında 6 bç'lik kodlanmayan bir dizi varken diğer türlerde sadece 1 bç vardır. *A. simplex*, *M. bonetti* ve *M. ussuriana* türlerinde *trnG* geninin kendisinden sonraki gen doğrudan başlarken diğer türlerde 3 bç'lik bir çakışma vardır. Yine *A. simplex* türünde *trnR* geninden sonra 2 bç'lik kodlanmayan bir dizi varken diğer türlerde ne çakışma ne de kodlanmayan baz görülür. *A. babadaghi* türünde *trnP* geni ile sonraki gen arasında ne kodlanmayan ne de çakışan baz söz konusu iken diğer 6 türde 1 bç kodlanmamaktadır. Gampsocleidini tribusuna ait olan *G. gratiosa* ve *U. inflatus* türlerinde *trnL1* ile sonraki gen arasında 7 bç'lik ve *trnV* geninde 6 bç'lik bir örtüşmenin varlığı (diğer türlerde her iki gen için ne çakışma nede kodlanmayan bç vardır) tribus için bir sinapomorfi olabilir (Çizelge5.1).

5.4.2. PKG'lerinin benzerlik/farklılık örüntüleri

PKG'lerin özellikleri bağlamında türler karşılaştırıldığında bazı genler tüm Tetti-goniinae için ortak özelliklere sahiptir. Tüm türler için *cox2* geni başlangıç kodonunun ATG ve bitiş kodonunun tam olmayan T-- olması ortaktır. *Cox2* için kendisinden sonraki genle arasında 3 bç'lik kodlama yapmayan bir kısa dizi *A. babadaghi* için tipiktir (diğer türlerde bulunmamaktadır). Başlama ve bitiş kodonları tüm türlerde ortak olmak üzere *nad4* için sırasıyla ATG ve T--, *nad4L* için ATG ve TAA ve *nad6* için ATT ve TAA'dır. *Nad4* ve *nad4L* çakışma/kodlanmayan bazlar bakımından da tüm türler aynıdır ve ilki 7 bç'lik bir çakışma ve ikincisi 1 bç kodlama yapmayan diziye sahiptir. *Nad6* *Cytb* arasında ise kodlama yapmayan bç sayısı *M. bonetti*'de 3 iken diğer türlerde 1 bç'lik çakışma görülür. Diğer genlerde yedi tür çoğunlukla iki durumu paylaşırlar. *Nad2* geni için iki *Metrioptera* türü başlama kodonunun ATC (diğer türlerde ATT) ve bitiş kodonunun TAA (T-) olması ve sonraki genle 2 bç çakışma göstermesi ile diğerlerinden farklıdır. Bu gen için iki *Metrioptera* türünde görülen ATC başlama kodonu *A. babadaghi* tarafından da paylaşılır. *Cox1* geni için en fazla farklılık *A. babadaghi* ile diğer türler arasında görülür ve bu

türde hem sonraki genle arasında 2 bç'lik kodlanmayan bölge varlığı (diğer türlerde çakışma veya kodlanmayan baz bulunmamaktadır) hem de diğer tüm türler T-- eksik kodonu kullanırken bu türde tam TAA kodonu vardır. Bu gen için 3 farklı başlama kodonu varlığı yüksek bir varyasyon olarak düşünülmüştür. Kalan genlerden *atp8* geni için başlama kodonu *P. venosus* ve *A. babadaghi* türlerinde ATC iken diğer türlerde ATT olması ve bitiş kodonunun yedi türde de TAA olması yine türler arası benzerliğe işaret etmektedir. Bu yedi türde sonraki genle çakışma bağlamında benzer iki durum vardır ve *M. bonetti* ve *U. inflatus*'da 4 bç'lik bir çakışma varken diğer türlerde 7 bç'lik bir çakışma vardır. *Atp6*, *cox3* ve *nad3* geni hem başlama ve bitiş kodonları hem de çakışma/kodlanmayan bazlar bağlamında en fazla varyasyon gösteren gendir. İlginç örüntülerden biri *nad5* geni için görülür ve *A. babadaghi* hem genden sonra 9 bazlık kodlama yapmayan bir bölgeye sahip olması (diğer türlerde yoktur) hem de başlama kodonunun ATA olması (diğerlerinde ATT) ile farklıdır. Diğer dikkat çekici farklılıklardan biri *nad1* geninde görülür ve 12 bazlık kodlama yapmayan bir dizinin varlığı (diğerlerinde 3 bç) *A. simplex* ve *A. babadaghi* tarafından paylaşılır. Bu benzerlikler ve farklılıklar birlikte değerlendirildiğinde *A. babadaghi* sonraki genle çakışma/kodlanmayan baz varlığı ve başlama ve bitiş kodonları bağlamında en fazla farklılık gösteren tür olarak gözükmemektedir (Çizelge5.2).

Çizelge 5.1. Tettigoninae altfamilyası tRNA çakışma ve antikodon kullanımı (1- *A. simplex*, 2- *G. gratioiosa*, 3- *M. bonetti*, 4- *M. ussuriana*, 5- *U. inflatus*, 6- *P. venosus*, 7- *A. babadaghi*)

GENLER/ TÜRLER	ÇAKIŞMA							ANTİKODON						
	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7
<i>trnI</i>	-3	-3	-3	-3	-3	4	-3	GAT	GAT	GAT	GAT	GAT	GAT	GAT
<i>trnQ</i>	15	15	17	15	15	16	15	TTG	TTG	TTG	TTG	TTG	TTG	TTG
<i>trnM</i>	0	0	0	0	0	0	0	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT	CAT
<i>trnW</i>	-8	-8	-8	-8	-8	-8	-8	TCA	TCA	TCA	TCA	TCA	TCA	TCA
<i>trnC</i>	0	0	0	0	0	0	0	GCA	GCA	GCA	GCA	GCA	GCA	GCA
<i>trnY</i>	-2	-8	-2	-8	-8	-8	-8	GTA	GTA	GTA	GTA	GTA	GTA	GTA
<i>trnL2</i>	6	1	1	1	1	1	1	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>trnK</i>	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	CTT	CTT	CTT	CTT	CTT	CTT	CTT
<i>trnD</i>	0	0	0	0	0	0	0	GTC	GTC	GCT	GTC	GTC	GTC	GTC
<i>trnG</i>	0	-3	0	0	-3	-3	-3	TCC	TCC	TCC	TCC	TCC	TCC	TCC
<i>trnA</i>	-1	-1	-1	0	-1	-1	-1	TGC	TGC	TGC	TGC	TGC	TGC	TGC
<i>trnR</i>	2	0	0	0	0	0	0	TCG	TCG	TCG	TCG	TCG	TCG	TCG
<i>trnN</i>	-1	0	0	0	0	-1	-1	GTT	GTT	GTT	GTT	GTT	GTT	GTT
<i>trnS1</i>	1	1	1	1	1	0	0	GTC	GTC	GCT	GCT	GCT	GCT	GCT
<i>trnE</i>	-2	-2	-2	-2	-2	-2	-2	TTC	TTC	TTC	TCT	TTC	TTC	TTC
<i>trnF</i>	0	0	0	0	0	0	0	GAA	GAA	GAA	GAA	GAA	GAA	GAA
<i>trnH</i>	0	0	0	0	0	0	0	GTG	GTG	GTG	GTG	GTG	GTG	GTG
<i>trnT</i>	-1	-1	-1	-1	-1	-1	-1	TGT	TGT	TGT	TGT	TGT	TGT	TGT
<i>trnP</i>	1	1	1	1	1	1	0	TGG	TGG	TGG	TGG	TGG	TGG	TGG
<i>trnS2</i>	16	16	17	16	23	12	16	TGA	TGA	TGA	TGA	TGA	TGA	TGA
<i>trnL1</i>	0	-7	0	0	-7	0	0	TAG	TAG	TAG	TAG	TAG	TAG	TAG
<i>trnV</i>	0	-6	0	0	-6	0	0	TAC	TAC	TAC	TAC	TAC	TAC	TAC

Çizelge 5.2. Tettigoninae altfamilyası PKG çakışma, başlama ve bitiş kodunu kullanımı (1- *A. simplex*, 2- *G. gratiosa*, 3- *M. bonetti*, 4- *M. ussuriana*, 5- *U. inflatus*, 6- *P. venosus*, 7- *A. babadaghi*) (aynı gen ve gen özelliği için farklı olanlar renklendirilmiştir)

GENLER/ TÜRLER	ÇAKIŞMA							BAŞLAMA KODONU							BİTİŞ KODONU						
	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7	1	2	3	4	5	6	7
<i>nad2</i>	0	0	-2	-2	0	0	0	ATT	ATT	ATC	ATC	ATT	ATT	ATC	T--	T--	TAA	TAA	T--	T--	T--
<i>cox1</i>	0	0	0	0	0	0	2	CCG	ATT	CCG	ATT	ATC	ATT	ATT	T--	T--	T--	T--	T--	T--	TAA
<i>cox2</i>	0	0	0	0	0	0	3	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	T--	T--	T--	T--	T--	T--	T--
<i>atp8</i>	-7	-4	-7	-7	-4	-7	-7	ATT	ATT	ATT	ATT	ATT	ATC	ATC	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>atp6</i>	0	0	0	0	0	-1	-5	ATG	ATA	ATG	ATG	ATA	ATG	ATG	T--	T--	T--	T--	T--	TAA	TAA
<i>cox3</i>	6	6	3	3	6	0	3	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATT	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TA-	TAA
<i>nad3</i>	0	2	-2	-2	1	0	3	ATC	ATA	ATT	ATC	ATA	ATA	ATA	T--	TAA	TAG	TAG	TAA	T--	TAA
<i>nad5</i>	0	0	0	0	0	0	9	ATT	ATT	ATT	ATT	ATT	ATT	ATA	T--	T--	T--	T--	T--	T--	T--
<i>nad4</i>	-7	-7	-7	-7	-7	-7	-7	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	T--	T--	T--	T--	T--	T--	T--
<i>nad4l</i>	1	1	1	1	1	1	1	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>nad6</i>	-1	-1	3	-1	-1	-1	-1	ATT	ATT	ATT	ATT	ATT	ATT	ATT	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA	TAA
<i>cytb</i>	0	0	3	2	0	0	2	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	ATG	T--	T--	TAA	TAA	T--	T--	TAA
<i>nad1</i>	12	3	3	3	3	3	12	ATT	ATG	ATG	ATG	ATA	ATA	ATA	TAA	TAG	TAG	TAA	TAA	TAG	TAA

6. SONUÇLAR

Bu tez *P. venosus* ve *A. babadaghi* türlerinin tüm mitogenom dizisinin çıkarılmasını ve tanımlanmasını kapsamaktadır. *P. venosus* ve *A. babadaghi* türlerinin mitogenomları 13 protein kodlayan gen, 22 tRNA geni, 2 rRNA geni ve A+T'ce zengin bir bölgeden oluşması ile çok hücreli ökaryot canlılar, böcekler ve Orthoptera takımı için tanımlanan mitogenom özellikleri ile uyumludur. Keza total mitogenomun *A. babadaghi* türünde 15.883 bç ve *P. venosus* türünde 15.842 bç olması yaygın olarak yaklaşık olarak 16.000 bç tanımı ile uyumludur. Bu iki türde genlerin birbirlerine göre yerleşimleri tüm Crustacea kökenli soyhatları (Hexapoda dahil) için varsayılan atasal Pancrustacea gen yerleşimleri ile aynıdır. Tettigoniidae familyasına ait Tettigoniinae altfamilyası temsilcilerinin tümünün atasal gen yerleşimine sahip olması, ancak aynı familyanın Phaneropterinae altfamilyasında ise birden fazla gen yerleşimi göstermesi Tettigoniinae'nin daha ilkel bir grup olduğunun işareti olabilir.

P. venosus ve *A. babadaghi* toplam mitogenomları gen kompozisyonları, gen yerleşimleri ve uzunluk itibarıyla Orthoptera ve Hexapoda gruplarının özelliklerine sahip olsa da AT oranı, genlerarası örtüşen bölge uzunlukları veya geneler arasında var olan kodlanmayan bölge uzunlukları, tRNA genlerinin antikodonları, PKG'lerin başlama ve bitiş kodonları, uzunlukları ve kullanılan amino asit frekansları gibi özellikler bağlamında farklılıklara sahiptirler. Özellikle protein kodlayan genlerde oldukça yüksek bir AT oranı varlığı (*P. venosus* %68, *A. babadaghi* %70) bilinen diğer Tettigoniinae ve de birçok orthopterden (diğer orthopterlerde AT oranı <%70) farklı bir durumdur.

P. venosus ve *A. babadaghi* türleri Tettigoniinae altfamilyasına dahildirler ve bu iki türün total mitogenomlarının belirlenmesi ile altfamilya içerisinde mitogenomu bilinen tür sayısı yedi olmuştur. Tezin verilerinin diğer türlerin verileri ile birleştirilmesi altfamilya için mitogenomun özellikleri bağlamında sonuçlara ulaşmak olası olmuştur. Diğer altfamilyalar (örneğin Phaneropterinae) aksine gen yeniden yerleşimlerine rastlanılmamaktadır. Altfamilya genelinde genom uzunluğu 15766-16256 bç arasında değişir ve genom uzunluk farklılıkları daha çok kontrol bölgesi uzunluk farklılığı ile bağlantılıdır. Genom içi kodlama yapmayan uzun diziler 12-23 bç kadarken genler arası çakışma ise 5-8 kadardır. Hem tRNA genleri hem de protein kodlayan genlerde altfamilya için ortak olan ve altfamilyayı tanımlayıcı sinapomorfi olabilecek durumlar söz konusudur. *trnM*, *trnC*, *trnF*, *trnD* ve *trnH* genlerinden hemen sonra diğer genin başlaması (bir sonraki genle arasında ne örtüşme ne de kodlama yapmayan dizi vardır), bir sonraki genle çakışmanın *trnK* ve *trnT* genlerinde 1 bç, *trnE* geninde 2 bç ve *trnW* geninde 8 bç olması; başlangıç/bitiş kodonlarının *cox2* geni için ATG/T--, *nad4* için ATG/T--, *nad4L* için ATG/TAA ve *nad6* için ATT/TAA olması tüm Tettigoniinae türlerinde ortaktır ve altfamilya için tanımlayıcı genetik özellikler olabilir.

Tettigoniinae altfamilyası birden çok tribus içerir ve tribal kompozisyonu halen tartışmalıdır (Cigliano vd. 2018). Şu an temsilcileri çalışılan *Psorodonotus* ve *Anterastes* Anadolu ve yakın coğrafyalara endemiktir ve hali hazırda Platycleidini içerisinde verilirler. Ancak, *Psorodonotus* cinsinin Pholidopterini tribusuna ait olabileceğine işaret eden veriler vardır (Çıplak vd. yayınlanmamış veri). Genler arası iliş (örtüşme veya kodlanmayan baz örüntüleri) tribuslara özgü karakterler verebilir. Bu da ancak her tribusun temsilcilerinin çakışması ile anlaşılabilir.

7. KAYNAKLAR

- Aljanabi, S.M. ve Martinez, I. 1997. Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research*, 25 (1): 692–693.
- Avice, J.C. 2000. *Phylogeography: The history and formation of species*. Harvard University Press, Massachusetts, 464 p.
- Avice, J.C. 2009. Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography* 36(1): 3–15.
- Bandelt, H.J., Macaulay, V. ve Richards, M. 2006. *Human mitochondrial DNA and the evolution of Homo sapiens*. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg.
- Boore, J.L., 1999, Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27(8): 1767-1780.
- Brusca, R.C., ve Brusca G.J. 2002. *Invertebrates*. Sinauer Associates, Inc. Publishers, Massachusetts, 922 p.
- Cameron, S.L. 2014a. Insect mitochondrial genomics: implications for evolution and phylogeny. *Annual Review of Entomology*, 59 (1): 95-117.
- Cameron A.C., Gelbach, J.B. ve Douglas L.M., 2011. Robust inference with multiway clustering. *Journal of Business & Economic Statistics*, 29(2): 238-249.
- Chandel, N.S., 2014. Mitochondria as signaling organelles. *BMC Biology*, 12: 34.
- Chang, H. ve Huang, Y. 2016. The complete mitochondrial genome of *Hieroglyphus tonkinensis* (Orthoptera: Caelifera: Acridoidea). (Yayınlanmamış), China.
- Chang, H. ve Huang, Y. 2017. The mitochondrial genome of *Locusta migratoria tibetensis* (Orthoptera: Locustidae: Oedipodidae). (Yayınlanmamış), China.
- Cigliano, M.M., Braun, H., Eades, D.C. ve Otte D. 2018. Orthoptera species file online Version 5.0/5.0 <http://Orthoptera.SpeciesFile.org> [Son erişim tarihi: 06.04.2018].
- Clary, D.O. ve Wolstenholme, D.R., 1985. The mitochondrial DNA molecule of *Drosophila yakuba*: Nucleotide sequence, gene organization, and genetic code. *Journal of Molecular Evolution*, 22: 252-271.
- Crozier, R.H. ve Crozier, Y.C. 1993. The mitochondrial genome of the honeybee *Apis mellifera*: Complete sequence and genome organization. *Genetics*, 133(1): 97-117.
- Çıplak, B., Kaya, S., Boztepe, Z. ve Gunduz, I. 2015. Mountainous genus *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae): Autochthonous survival in refugial habitats across several glacial ages via vertical range shifts. *Zoologica Scripta*, 44: 534–549, doi:10.1111/zsc.12118.
- Çıplak B., Heller K.G. ve Willemse F. 2010. Phylogeny and biogeography *Eupholidoptera* Maran (Orthoptera, Tettigoniidae): Morphological Speciation In Correlation With The Geographical Evolution Of The Eastern Mediterranean. *Systematic Entomology*, 34: 722-738.

- Çıplak, B. 2004. Systematics, phylogeny and biogeography of *Anterastes* (Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae): evolution within a refugium. *Zoologica Scripta*, 33: 19-44.
- Çıplak, B. 2003. Distribution of Tettigoniinae (Orthoptera, Tettigoniidae) bush-crickets in Turkey: the importance of the Anatolian Taurus Mountains in biodiversity and implications for conservation. *Biodiversity and Conservation*, 12(1): 47-64
- Ding, F. ve Huang, Y. 2011. The complete mitochondrial genome of *Atractomorpha sinensis*. (Yayınlanmamış), China.
- Erlor, S., Ferenz, H.J., Moritz, R.F.A. ve Kaatz, H.H. 2010. Analysis of the mitochondrial genome of *Schistocerca gregaria gregaria* (Orthoptera: Acrididae). *Biological Journal of the Linnean Society*, 99 (1): 296-305.
- Fenn, J.D., Cameron, S.L. 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(1): 239-252.
- Fenn, J.D., Song, H., Cameron, S.L. ve Whiting, M.F. 2008. A preliminary mitochondrial genome phylogeny of Orthoptera (Insecta) and approaches to maximizing phylogenetic signal found within mitochondrial genome data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49(1): 59-68.
- Flook, P.K., Rowell, C.H.F. ve Gellissen, G. 1995. The sequens, organization, and evolution of the *Locusta migratoria* mitochondrial genome. *Journal of Molecular Evolution*, 41 (1): 928-941.
- Freeman, S. ve Herron, J. C. 2003. *Evolutionary analysis*. Çıplak, B. Başbüyük, H.H. Karaytuğ, S. Gündüz, İ. 2009. *Evrimsel Analiz*. Dördüncü baskıdan çeviri. Palme Yayıncılık, Ankara, 708 s.
- Gray, M.W. 1989. Origin and evolution of mitochondrial DNA. *Annu. Rev. Cell Biol*, 5:25-50.
- Guan, B., Guo, H. ve Zhou, Z. 2016. Illumina next-generation sequencing reveals the mitochondrial genome of *Duceria japonica* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Mitochondrial DNA part B:Resources*, 1 (1): 361-362.
- Guan, D. ve Xu, S. 2017. The complete mitochondrial genome of a grasshopper *Choroedocus violaceipes* (Insecta: Acridoidea: Choroedocus). (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L ve Xu, S.Q. 2015. The complete mitogenome of the locust *Trilophidia annulata* (Insecta: Orthoptera: Triophidia). (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L. ve Xu, S.Q. 2015. Complete mitochondrial genomes of the grasshopper family *Qinlingacris taibaiensis* (Orthoptera: Acrididae: Podismini). (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L. ve Xu, S.Q. 2016. Complete mitochondrial genome of the short-horned grasshopper *Curvipennis wixiensis* (Acrididae; Melonoplineae; Podismini). (Yayınlanmamış), China.
- Guan, D.L. ve Xu, S.Q. 2016. The complete mitogenome of the locust *Yunnanacris yunnaneus*. (Yayınlanmamış), China.

- Guan, D.L. ve Xu, S.Q. 2017. The complete mitochondrial genome of a grasshopper *Sinopodisma tsinlingensis* (Orthoptera; Acrididae; Podismini). (Yayınlanmamış), China.
- Guo, C., Zhang, Q. ve Huang, Y. 2017. The complete mitochondrial genome of the *Oedaleus infernalis* sauss (Orthoptera: Oedipodidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 28 (1): 89-90.
- Han, H., Zhou, X. ve Pang, B. 2016a. The complete mitochondrial genome of *Angaracris rhodopa* Fischer & Walheim (Orthoptera: Acridoidea). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(3):2127-2128.
- Han, H., Zhou, X. ve Pang, B. 2016b. The complete mitochondrial genome of *Angaracris barabensis* Pallas (Orthoptera: Acridoidea). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (3):1827-1828.
- Han, H., Gao, S., Xu, L., Wang, N. ve Liu, A. 2016. The complete mitochondrial genome of *Calliptamus abbreviatus* Ikonn. (Orthoptera: Acridoidea). (Yayınlanmamış), China.
- Huang, Y. ve Liu, N. 2010. The mitochondrial genome of the *Arcyptera coreana* Shiraki. (Yayınlanmamış), China.
- Huang, Y. ve Liu, N. 2016. Complete mitochondrial genome sequence of the *Locusta migratoria* (Acrididae: Orthoptera). (Yayınlanmamış), China.
- Huang, Y. ve Zhang, C.Y. 2016. *Traulia szetschuanensis* and *Ognevia longipennis* <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/EU914849.1/EU914848.1> [Son erişim tarihi: 26.05.2018].
- Jiang, G.F. ve Qiang, W.B. 2013. Complete mitochondrial genome of *Chondracris rosea* (Orthoptera: Acrididae). (Yayınlanmamış), China.
- Kaya, S., ve Çıplak, B. 2017. Phylogeography of *Psorodonotus caucasicus* group: Independent double invasion of Balkans from Transcaucasia, *Systematic Entomology*, 42(1): 118-133 (doi: 10.1111/syen.12197)
- Kaya, S., ve Çıplak, B. 2016. Budding speciation via peripheral isolation: the *Psorodonotus venosus* (Orthoptera, Tettigoniidae) species group example, *Zoologica Scripta*, 45: 521–537, doi:10.1111/zsc.12174.
- Kaya, S., Chobanov, P.D., Skejo, L., Heller, K.G. ve Çıplak, B. 2015. The Balkan *Psorodonotus* (Orthoptera: Tettigoniidae): testing existing taxa confirmed presence of three distinct species. *European Journal of Entomology*, 112(3): 525-541. DOI: 10.14411/eje.2015.050.
- Kaya, S., Chobanov, D.P. ve Çıplak, B. 2014. Review of *Psorodonotus specularis* group (Orthoptera, Tettigoniidae, Tettigoniinae): two new species from North-east Anatolia. *Zootaxa*, 3895(3): 367–400.
- 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., Cha, S.Y., Yoon, M.H., Hwang, J.S., Lee, S.M., Sohn, H.D. ve Jin, B.R. 2005. The complete nucleotide sequence and gene organization of the mitochondrial genome of the oriental mole cricket, *Gryllotalpa orientalis* (Orthoptera: Gryllotalpidae). *Gene*, 353 (1): 155-168.
- Korkmaz, E.M., Doğan, Ö., Budak, M. 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.
- Lang, B.F., Gray, M.W. ve Burger, G. 1999. Mitochondrial Genome Evolution and the Origin of Eukaryotes. *Annual Review of Genetics*, 33: 351-397.
- 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, X.J., Zhi, Y.C., Lang, L. ve Yin, X.C. 2014. The complete mitochondrial genome of *Filchnerella beicki* Ramme, 1931 (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae). *Mitochondrial DNA*, 25 (5): 348-349.
- Li, X.J., Zhi, Y.C., Liu, G.J., Yin, X.C. ve Zhang, D.C. 2015. The complete mitochondrial genome of *Asiotmethis jubatus* (Uvarov, 1926) (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae). *Mitochondrial DNA*, 26 (5): 785-786.
- Li, X.J., Zhi, Y.C., Yin, Z. ve Yin, X.C. 2016. The complete mitochondrial genome of *Humphplotropis culaishanensis* sp. nov. (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae: Pamphaginae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 132-133.
- Li, J. 2017. The complete mitochondrial genome of four species form Ensifera, Orthoptera. (Yayınlanmamış), China.
- Liu, C., 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 (114): 1471-2164.
- Liu, F. ve Qiu, Z. 2016a. The complete mitochondrial genome of *Fruhstorferiola huiyensis* (Orthoptera: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1 (1): 273-274.
- Liu, F. ve Qiu, Z. 2016b. The complete mitochondrial genome of *Phlaeoba infumata* (Orthoptera: Acrididae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1 (1): 293-294.
- Liu, N. ve Huang, Y. 2010. Complete mitochondrial genome sequence of *Acrida cinerea* (Acrididae: Orthoptera) and comparative analysis of mitochondrial genomes in Orthoptera. *Comparative and Functional Genomics*, doi:10.1155.
- Liu, Y. ve Huang, Y. 2008. Sequencing and analysis of complete mitochondrial genome of *Chorthippus chinensis* Tarb.. *Chinese Journal of Biochemistry and Molecular Biology*, 24 (4): 329-335.
- Liu, F. ve Huang, Y. 2017. Analysis of complete mitochondrial genome of *Sinochlora szechwanensis* (Orthoptera: Tettigoniidae). (Yayınlanmamış), China.
- Liu, Q., Zhou, J., Jia, Y. ve Yang, X. 2015. The complete mitochondrial genome of the black field cricket, *Teleogryllus oceanicus*. (Yayınlanmamış), China.

- Liu, Y. ve Huang, Y. 2013a. The complete mitochondrial genome of *Xenocatantops brachycerus*. (Yayınlanmamış), China.
- Liu, Y. ve Huang, Y. 2013b. Molecular comparative analysis and phylogenetic analysis of some subfamilies of the Catantopidae Orthoptera: Catantopidae based on mitochondrial genomes. (Yayınlanmamış), China.
- Liu, Y. ve Huang, Y. 2008. *Chorhippus chinensis* https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_011095 [Son erişim tarihi: 26.05.2018].
- Lodish, H., Berk, A., Zipursky, S.L., Matsudaira, P., Baltimore, D. ve Darnell, J. 2008. Molecular cell biology. 6th ed. Freeman and Company, New York, 973 p.
- Lopez, J.V., Cevario, S. ve O'Brien, S.J. 1996. Complete nucleotide sequences of the Domestic Cat (*Felis catus*) mitochondrial genome and a transposed mtDNA tandem repeat (Numt) in the nuclear genome. *Genomics*, 33 (2): 229-246.
- Lu, H., Chang, H. ve Huang, Y. 2017. The complete mitochondrial genomes and phylogeny of five grasshoppers, four Sinopodisma and one Pedopodisma (Orthoptera: Melanoplinae). (Yayınlanmamış), China.
- Ma, C., Liu, C., Yang, P. ve Kang, L. 2009. The complete mitochondrial genomes of two band-winged grasshoppers, *Gastrimargus marmoratus* and *Oedaleus asiaticus*. *BMS Genomics*, 10 (156): 1471-2146.
- Mao, B.Y ve Hu, Z. 2016. The complete mitochondrial genome of a newly discovered grasshopper Caryanda sp. (Acrididae; Caryandinae; Caryanda). (Yayınlanmamış), China.
- Mao, B.Y. ve Hu, Z. 2018. The complete mitochondrial genome of a newly discovered grasshopper Longchuanaceis (Acrididae; Catantopidae; Longchuanaceis). (Yayınlanmamış), China.
- Nass, M.M.K. ve Nass, S. 1962. Fibrous structures within the matrix of developing chick embryo mitochondria. *Experimental Cell Research*, 26(2): 424-427
- Perna, N.T., Kocher, T.D., 1995. Patterns of nucleotide composition at fourfold degenerate sites of animal mitochondrial genomes. *J. Mol. Evol.* 41, 353–358. <http://dx.doi.org/10.1007/BF01215182>.
- Peterson, B.K., Weber, J.N., Kay, E.H., Fisher, H.S. ve Hoekstra, H.E. 2012. Double digest RADseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLoS ONE* 7(5): e37135. doi:10.1371/journal.pone.0037135
- Qiu, Z., Yuan, H. ve Huang, Y. 2017a. The complete mitochondrial genomes of two Phaneroptera species (Orthoptera: Tettigoniidea) and comparative analysis of mitochondrial genomes in Orthoptera. (Yayınlanmamış), China.
- Qiu, Z., Yuan, H. ve Huang, Y. 2017b. The complete mitogenome of *Patanga japonica*. (Yayınlanmamış), China.
- Qiu, Z., Yuan, H., Chang, H. ve Huang, Y. 2016. The complete mitochondrial genomes and phylogeny of five grasshoppers, four Sinopodisma and one Pedopodisma (Orthoptera: Melanoplinae). (Yayınlanmamış), China.

- Qiu, Z., Yuan, H., Cheng, C. ve Huang, Y. 2018. The complete mitochondrial genome of the *Caryanda elegans* (Orthoptera: Acrididae). (Yayınlanmamış), China.
- Rokas, A. ve Holland, P.W.H. 2000. Rare genomic changes as a tool for phylogenetics. *Trends in Ecology & Evolution*, 15(11): 454-459
- Sheffield, N.C., Hiatt, K.D., Valentine, M.C., Song, H. ve Whiting, M.F. 2010. Mitochondrial genomics in Orthoptera using MOSAS. *Mitochondrial DNA*, 21(3-4): 87-104.
- Shi, Q.Y., Zheng, J.Y., Zhi, Y.C. ve Li, X.J. 2016. The complete mitochondrial genome of *Sinotmethis brachypterus* Zheng & Xi, 1985 (Orthoptera: Acridoidea: Pamphagidae: Prionotropisinae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (6): 4063-4064.
- Smith, D.R. 2016. The past, present and future of mitochondrial genomics: have we sequenced enough mtDNAs?. *Briefings in Functional Genomics*, 15 (1): 47-54.
- Song, H., Amedegnato, C., Cigliano, M.M., Grandcolas, L.D., Heads, S.W., Huang, Y., Otte, D. 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 (1): 621-651.
- Song, N., Li, H., Song, F. ve Cai, W. 2016. Molecular phylogeny of Polyneoptera (Insecta) inferred from expanded mitogenomic data. *Scientific reports*, 6 (1): 36-175.
- Song, W., Ye, B., Cao, X., Yin, H. ve Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Phlaeoba tenebrosa* (Orthoptera: Acridoidea: Acrididae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 409-410.
- Song, W., Zhi, Y., Liu, G., Yin, H. ve Zhang, D. 2014. The complete mitochondrial genome of *Orinhippus tibetanus* Uvarov, 1921 (Orthoptera: Acridoidea: Gomphoceridae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 76-77.
- Song, Q. 2017. Towards a mitogenomic phylgeny of Tettigoniidea. (Yayınlanmamış), China.
- Sun, H., Zheng, Z. ve Huang, Y. 2010. Sequence and phylgenetic analysis of complete mitochondrial DNA genomes of two grasshopper species *Gomphocerus rufus* (Linnaeus, 1758) and *Primnoa arctica* (Zhang and Jin, 1985) (Orthoptera: Acridoidea). *Mitochondrial DNA*, 21 (3-4): 115-131.
- Taanman, J.W. 1999. The mitochondrial genome: structure, transcription, translation and replication. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1410 (1): 103-123.
- Tang, M., Tan, M., Meng, G., Yang, S., Su, X., Liu, S., Song, W., Li, Y., Wu, Q., Zhang, A. ve Zhou, X. 2014. Multiplex sequencing of pooled mitochondrial genomes- a crucial step toward biodiversity analysis using mito-metagenomics. *Nucleic Acids Research*, 42 (22): 1-13.
- Wang, J., Qiu, Z., Yuan, H. ve Huang, Y. 2017. The complete mitochondrial genomes of two Phaneroptera species (Orthoptera: Tettigoniidea) and comparative analysis of mitochondrial genomes in Orthoptera. (Yayınlanmamış), China.

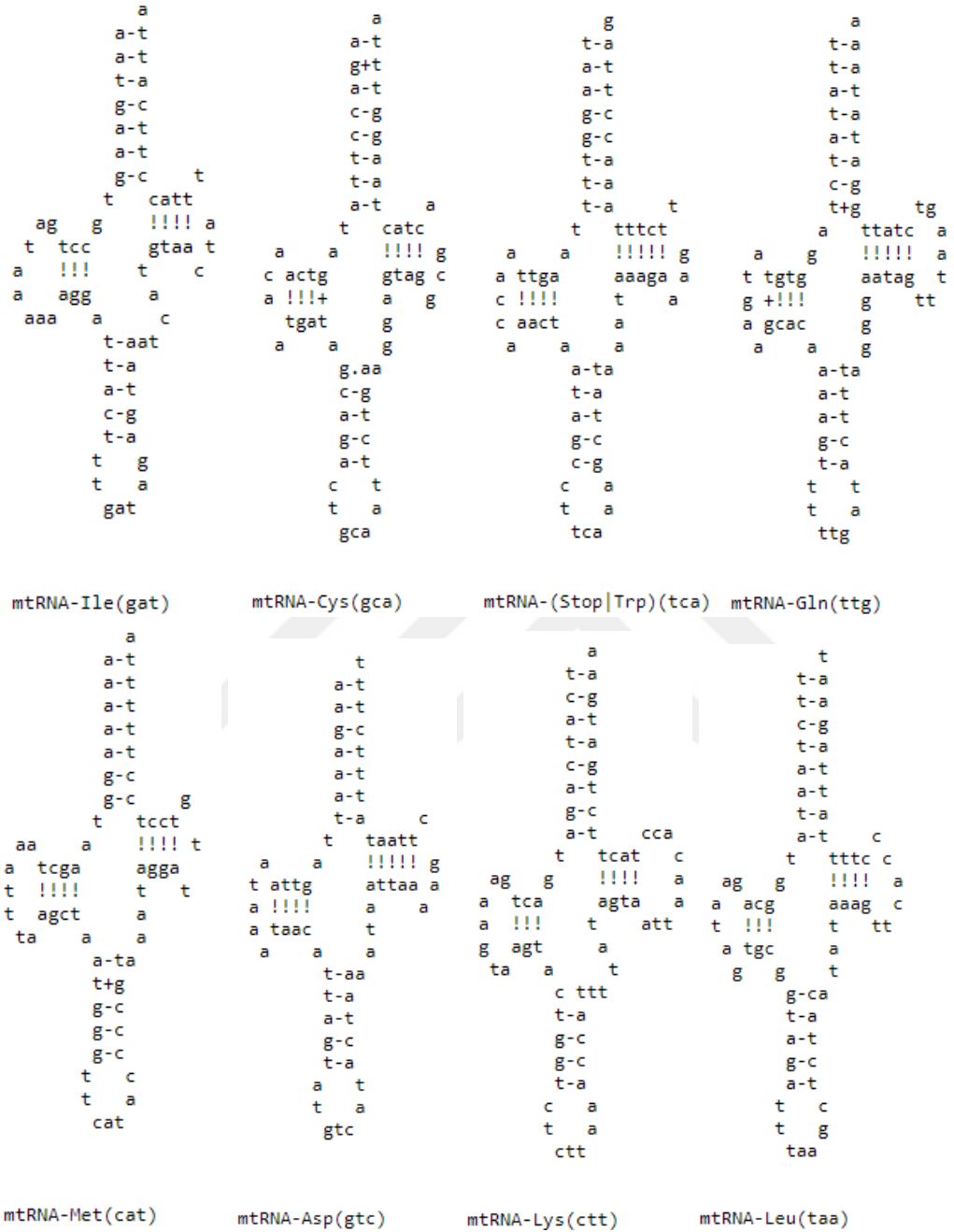
- Wei, S.Z., Huang, Y., Zheng, Z.M., Deng, W.A. ve Lin, L.L. 2016. Complete mitochondrial genome of the groundhopper *Erianthus versicolor* (Orthoptera: Caelifera: Eumastacoidea). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (3): 1934-1935.
- Wolstenholme, D.R., Okimoto, R., Macfarlane, J.L., ve Clary, D.O., 1992. The mitochondrial genomes of two Nematodes, *Caenorhabditis elegans* and *Ascaris suum*. *Genetics*, 130 (1): 471-498.
- Wolstenholme, D.R. 1992. Animal mitochondrial DNA: structure and evolution. *International Review of Cytology*, 141: 173-216.
- Xiao, B., Chen, W., Hu, C.C. ve Jiang, G.F. 2012a. Complete mitochondrial genome of the groundhopper *Alulatettix yunnanensis* (Insecta: Orthoptera: Tettigoidea). *Mitochondrial DNA*, 23 (4): 286-287.
- Xiao, B., Feng, X., Miao, W.J. ve Jiang, G.F. 2012b. The complete mitochondrial genome of grouse locust *Tetrix japonica* (Insecta: Orthoptera: Tettigoidea). *Mitochondrial DNA*, 23 (4): 288-289.
- Xiao, L.L., Zhou, Z.J. ve Huang, Y. 2008. The mitochondrial genome of *Locusta migratoria migratoria* (Orthoptera: Oedipodidae) contains three tRNA-like sequences on the N-strand. (Yayınlanmamış), China.
- Xu, Q., Hao, Y., Mei, K., Yin, H. ve Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Ceracris versicolor* (Orthoptera: Acridoidea: Arcyteridae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 512-513.
- Yang, J., Ye, F. ve Huang, Y. 2016. Mitochondrial genomes of four katydids (Orthoptera: Phaneropteridae): New gene rearrangements and their phylogenetic implications. *Gene*, 575 (1): 702-711.
- Yang, H. ve Huang, Y. 2011. Analysis of the complete mitochondrial genome sequence of *Pielomastax zhengi*. *Zoological Research*, 32 (1): 353-362.
- Yang, M.R., Zhou, Z.J., Chang, Y.L. ve Zhao, L.H. 2012. The mitochondrial genome of the quiet-calling katydids, *Xizicus fascipes* (Orthoptera: Tettigoniidae: Meconematinae). *Indian Academy of Sciences*, 91 (1): 141-153.
- Yang, R., Guan, D. ve Xu, S.Q. 2016. Complete mitochondrial genome of Chinese endemic grasshopper *Fruhstorferiola kulinga* (Orthoptera: Acrididae: Podismini). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(5): 3240-3241.
- Ye, W., Dang, J., Xie, L. ve Huang, Y. 2008. Complete mitochondrial genome of *Teleogryllus emma* (Orthoptera: Gryllidae) with a new gene order in Orthoptera. *Zoological Research*, 29 (1): 236-244.
- Ye, W., Pan, C. ve Huang, Y. 2009. The complete mitochondrial genome of the *Teleogryllus emma*. (Yayınlanmamış), China.
- Yin, H., Zhi, Y., Jiang, H., Wang, P., Yin, X. ve Zhang, D. 2012. The complete mitochondrial genome of *Gomphocerus tibetanus* Uvarov, 1935 (Orthoptera: Acrididae: Gomphocerinae). *Gene*, 494 (1): 214-218.
- Yuan, H., Qiu, Z. ve Huang, Y. 2017. Complete mitochondrial genome of *Traulia minuta* (Orthoptera: Acrididae). (Yayınlanmamış), China.

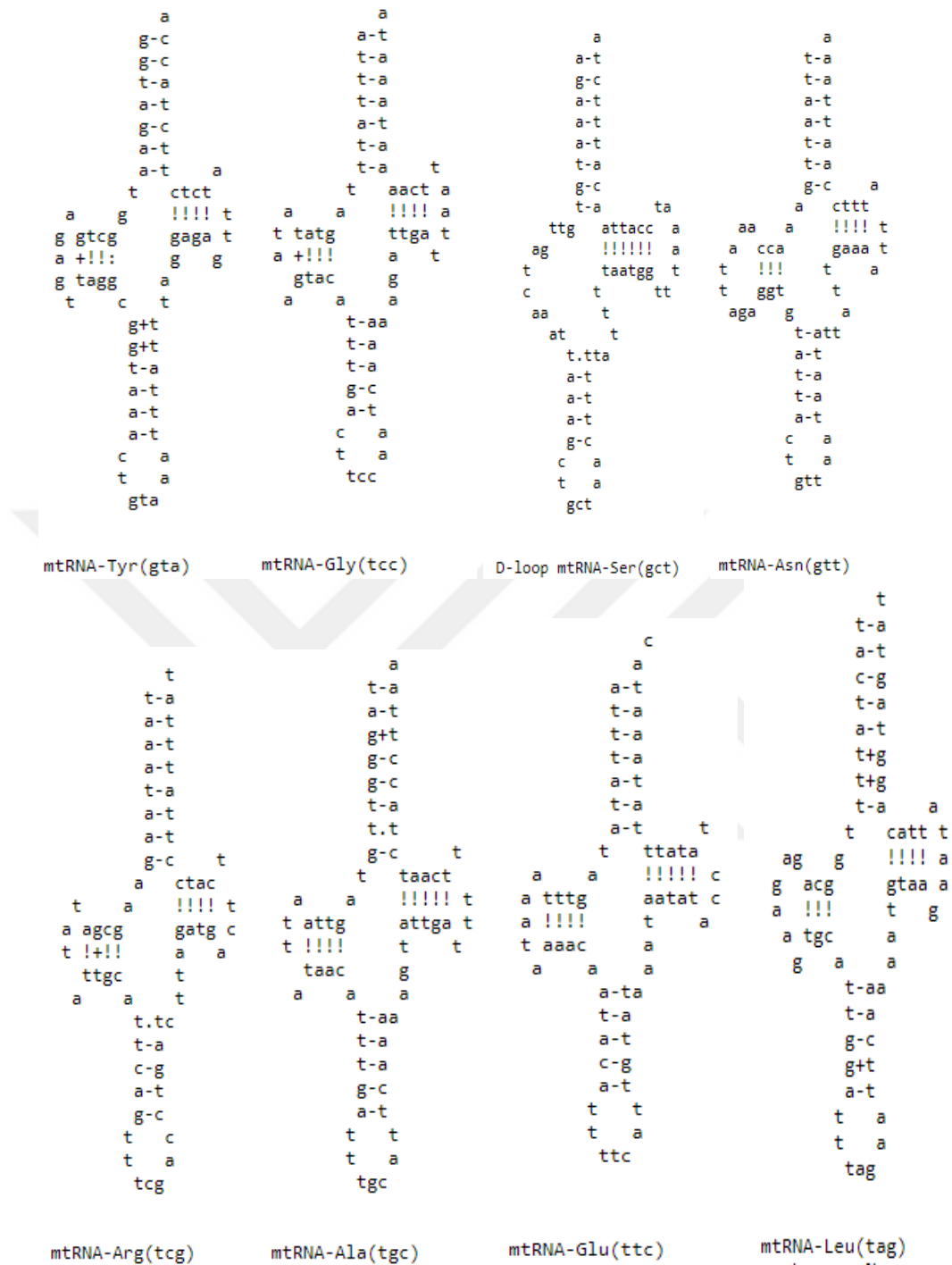
- Zhang, D. ve Hewitt, G.M. 1997. Insect mitochondrial control region: A review of its structure, evolution and usefulness in evolutionary studies. *Biochemical Systematics and Ecology*, 25(2): 99-120
- Zhang, C. ve Huang, Y. 2008. Complete mitochondrial genome of *Oxya chinensis* (Orthoptera, Acridoidea). *Acta Biochim Biophys*, 40 (1): 7-18.
- Zhang, D., Zhi, Y., Yin, H., Li, X. ve Yin, X. 2011. The complete mitochondrial genome of *Thrinchus schrenkii* (Orthoptera: Caelifera, Acridoidea, Pamphagidae). *Molecular Biology Reports*, 38 (1): 611-619.
- Zhang, H.L., Zeng, H.H., Huang, Y. ve Zheng, Z.M. 2013. The complete mitochondrial genomes of three grasshoppers, *Asiotmethis zacharjini*, *Filchnerella helanshanensis* and *Pseudotmethis rubimarginis* (Orthoptera: Pamphagidae). *Gene*, 517 (1): 89-98.
- Zhang, H.L., Zhao, L., Zheng, Z.M. ve Huang, Y. 2013. Complete Mitochondrial Genome of *Gomphoceris sibiricus* (Orthoptera: Acrididae) and Comparative Analysis in Four Gomphocerinae Mitogenomes. *Zoological Science*, 30 (1): 192-204.
- Zhang, Q., Guo, C. ve Huang, Y. 2015. The complete mitochondrial genome of *Gonista bicolor* (Haan) (Orthoptera: Acrididae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (6): 4578-4579.
- Zhang, X.M ve Lin, L.L 2016. The complete mitochondrial genome of *Fruhstorferiola tonkinensis* (Orthoptera: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part B*. 1(1): 434-435.
- Zhang, X., Li, X., Liu, F., Yuan, H. 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.
- Zhang, X.X., Guan, D., Xu, S. ve Wang, W. 2017. Characterization of the complete mitochondrial genome of the ecotoxicity indicator insect *Aiolopus thalassinus* (Orthoptera; Acrididae; Oedipodinae). *Conservation Genet Resour*, 9 (1): 423-426.
- Zhang, Y., Liu, B., Zhang, H., Yin, H. ve Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Pacris xizangensis* (Orthoptera: Acridoidea: Gomphoceridae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 320-321.
- Zhang, D.C., Wang, J.X. ve Zhi, Y.C. 2011. The mitochondrial genome of *Locusta migratoria tibetensis* (Orthoptera: Oedipodidae: Locusta). (Yayınlanmamış), China.
- Zhi, Y., Dong, L., Yin, H. ve Zhang, D. 2016. The complete mitochondrial genome of *Mekongiella kingdoni* (Uvarov, 1937) (Orthoptera: Acridoidea: Chrotogonidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 187-188.
- Zhi, Y., Liu, B., Han, G., Yin, H. ve Zhang, D. 2016a. The complete mitochondrial genome of *Kingdonella bicollina* (Orthoptera: Acridoidea: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27(1): 391-392.
- Zhi, Y., Zhang, N., Lu, X., Yin, H. ve Zhang, D. 2016b. The complete mitochondrial genome of *Peripolus nepalensis* Uvarov, 1942 (Orthoptera: Acridoidea: Catantopidae). *Mitochondrial DNA Part A*, 27 (1): 26-27.

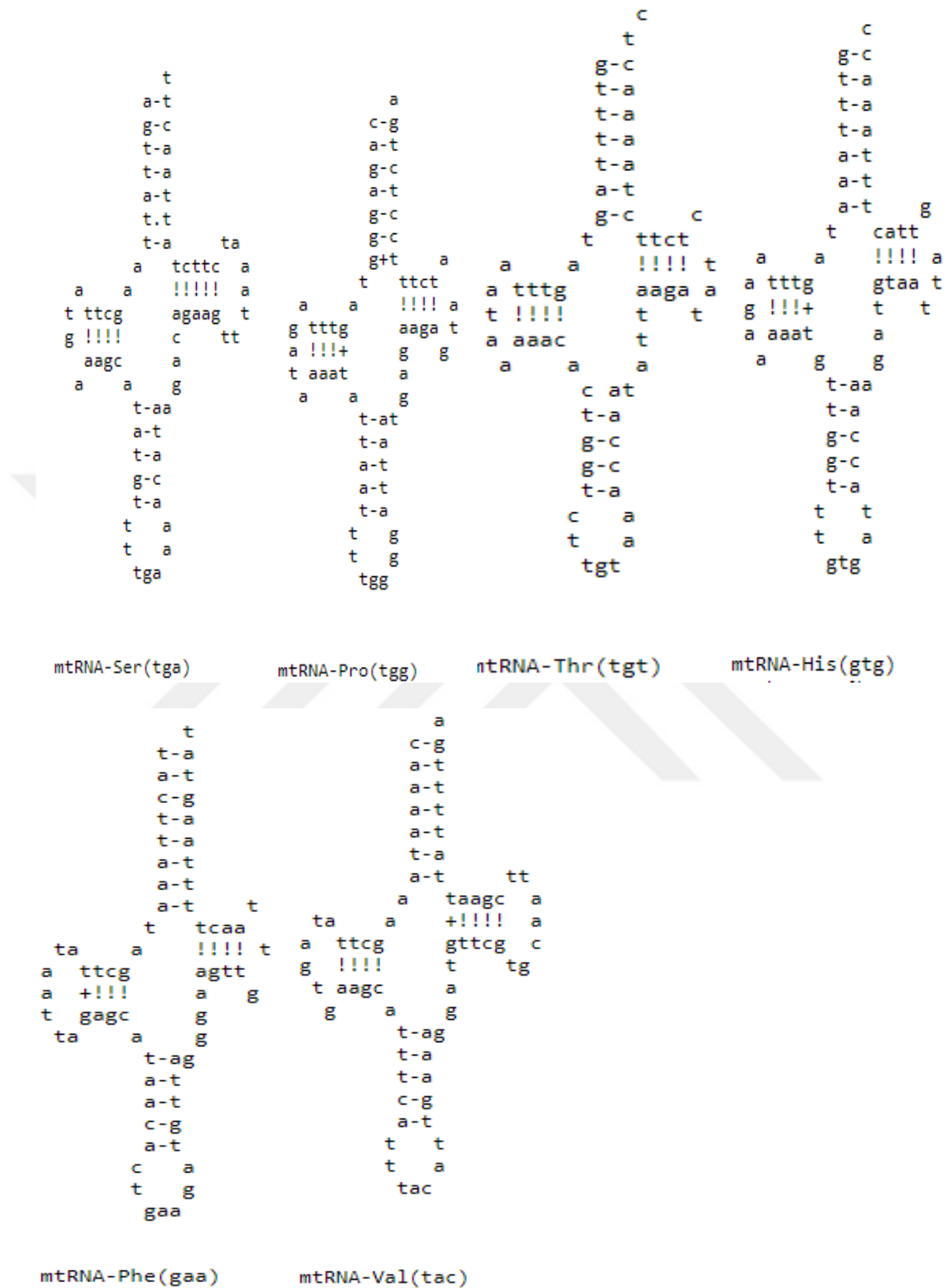
- Zhao, H.B. 2015. *Uvarovites inflatus* direct submission. (Yayınlanmamış), China
- Zhao, H.B. 2017. *Metrioptera bonneti* direct submission. (Yayınlanmamış), China
- Zhou, Z., Shi, F. ve Huang, Y. 2008. The complete mitogenome of the Chinese bush cricket, *Gampsocleis gratiosa* (Orthoptera: Tettigoniidea). *Journal of Genetics and Genomics*, 35 (1): 341-348.
- Zhou, Z., Huang, Y. ve Shi, F. 2007. The mitochondrial genome of *Ruspolia dubia* (Orthoptera: Conocephalidae) contains a short A+T-rich region of 70 bp in length. *Genome*, 50(1): 855–866.
- Zhou, Z., Shi, F. ve Huang, Y. 2008. The complete mitogenome of the Chinese bush cricket, *Gampsocleis gratiosa* (Orthoptera: Tettigoniidea). *Journal of Genetics and Genomics*, 35 (1): 341-348.
- Zhou, Z., Huang, Y. ve Shi, F. 2009. The complete mitochondrial genome of *Deracantha onos* (Orthoptera: Bradyporidae). *Molecular Biology Reports*, 36 (1): 7-12.
- Zhou, Z., Ye, H., Huang, Y. ve Shi, F. 2010. The phylogeny of Orthoptera inferred from mtDNA and description of *Elimaea cheni* (Tettigoniidae: Phaneropterinae) mitogenome. *Journal of Genetics and Genomics*, 37(1): 315-324.
- Zhou, Z.J., Shang, N., Huang, Y., Shi, F.M. ve Wei, S.Z. 2011. Sequencing and analysis of the mitochondrial genome of *Conocephalus maculatus* (Orthoptera: Conocephalinae). *Acta Entomologica Sinica*, 54 (5): 548-554.
- Zhou, Z., Yang, M., Chang, Y. ve Shi, F. 2013. Comparative analysis of mitochondrial genomes of two long-legged katydids (Orthoptera: Tettigoniidae). *Acta Entomologica Sinica*, 56 (1): 408-418.

8. EKLER

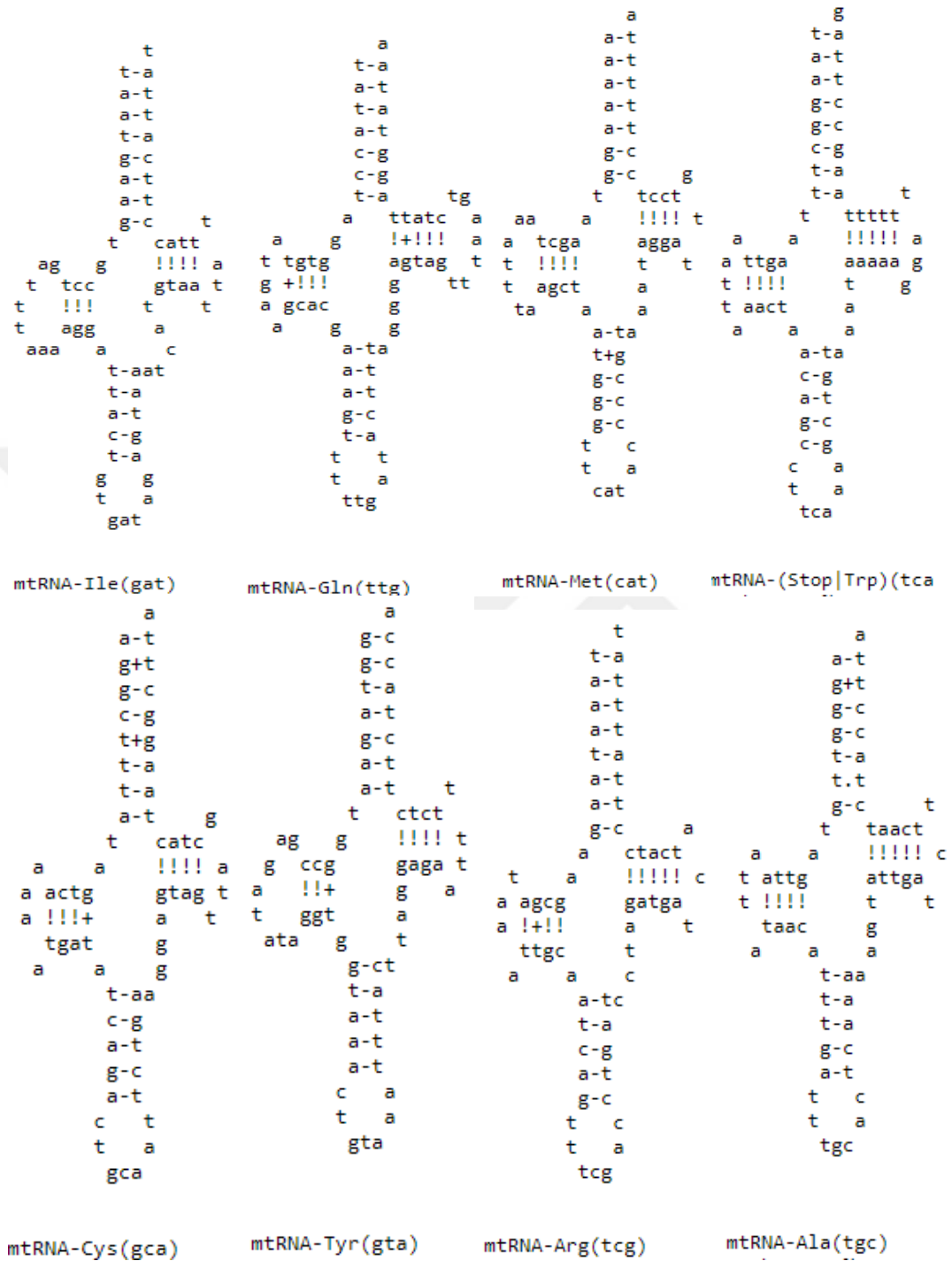
Ek-1. *P. venosus* tRNA ikincil yapılar

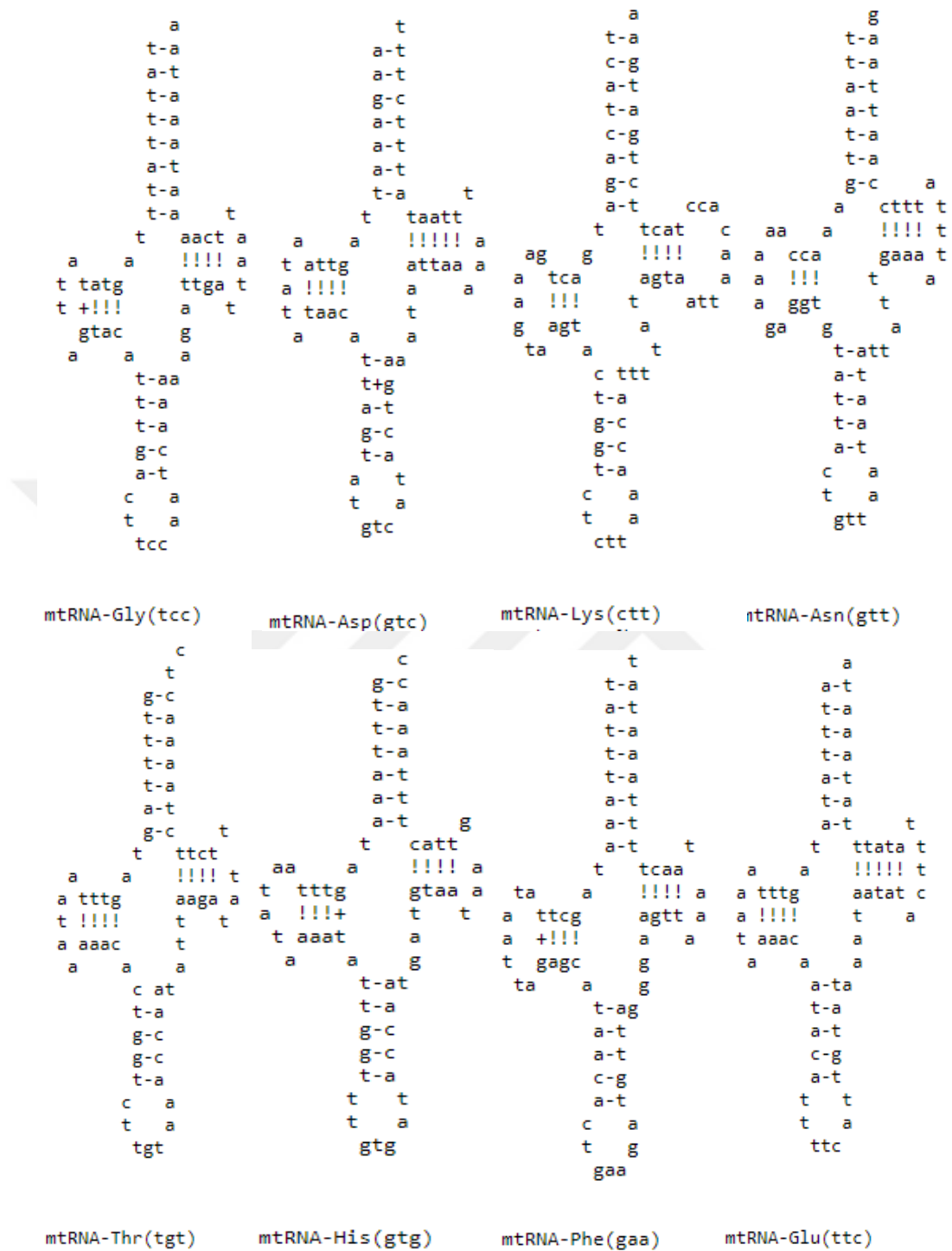


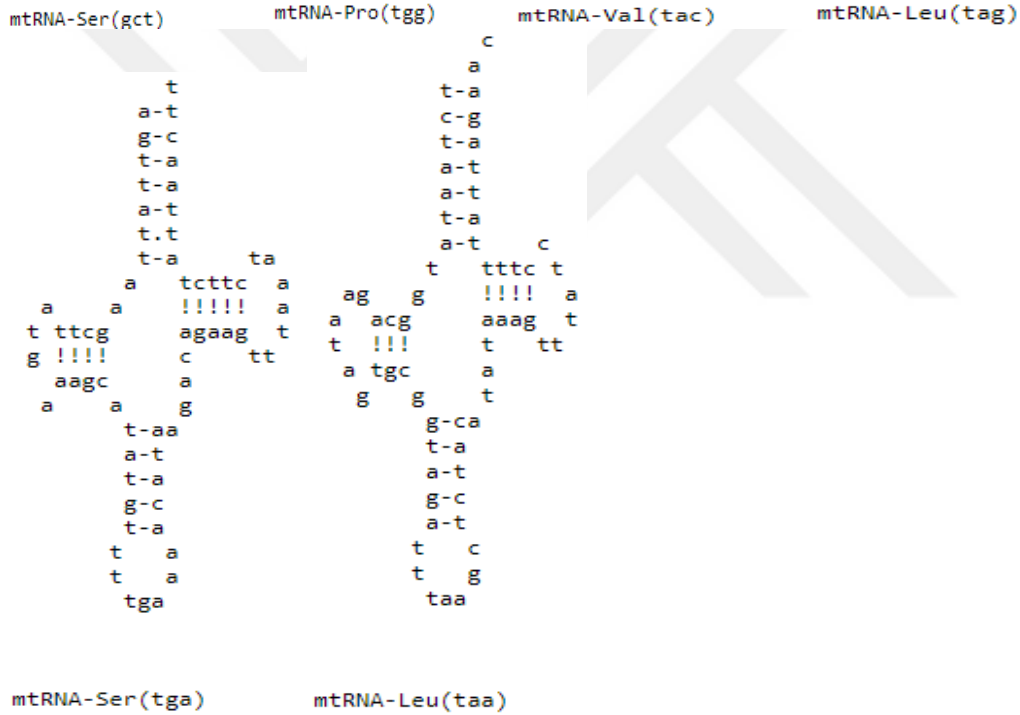
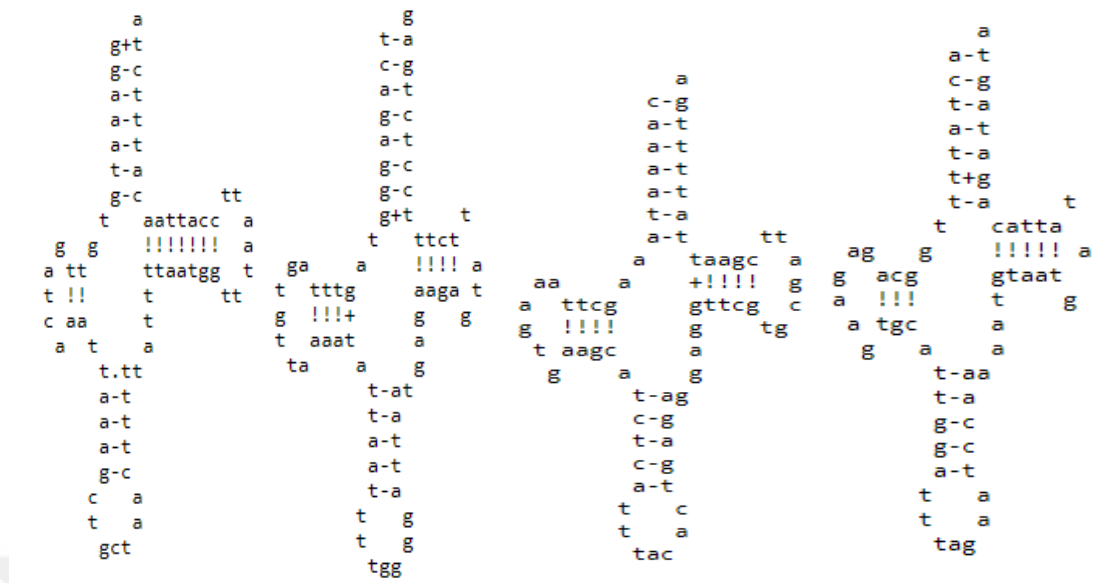




Ek-2. *A. babadaghi* tRNA ikincil yapıları







Ek-3 149 türe ait NCBI erişim kodları

Tür İsmi	Erişim Kodu		
<i>Teleogryllus oceanicus</i>	NC_028619	<i>Lipotactes tripyrga</i>	NC_033996
<i>Velarifictorus hemelytrus</i>	NC_030762	<i>Pteranabropsis carli</i>	NC_035420
<i>Teleogryllus emma</i>	NC_011823	<i>Pteranabropsis carnarius</i>	NC_035552
<i>Loxoblemmus doenitzii</i>	NC_033985	<i>Pteranabropsis crenatis</i>	NC_035553
<i>Loxoblemmus equestris</i>	NC_030763	<i>Henicus brevimucronatus</i>	NC_028063
<i>Myrmecophilus manni</i>	NC_011301	<i>Phryganogryllacris xiai</i>	NC_033994
<i>Truljalia hibinonis</i>	NC_034797	<i>Camptonotus carolinensis</i>	NC_028060
<i>Trigonidium sjostedti</i>	NC_032077	<i>Homogryllacris anelytra</i>	NC_033998
<i>Oecanthus sinensis</i>	NC_034799	<i>Gryllotalpa pluvialis</i>	NC_011302
<i>Ruspolia dubia</i>	NC_009876	<i>Gryllotalpa unispina</i>	NC_029148
<i>Ruspolia lineosa</i>	NC_033991	<i>Gryllotalpa orientalis</i>	NC_006678
<i>Pseudorhynchus acuminatus</i>	NC_033992	<i>Troglophilus neglectus</i>	NC_011306
<i>Pseudorhynchus crassiceps</i>	NC_033990	<i>Diestrammena asynamora</i>	NC_033989
<i>Conanalis pieli</i>	NC_033987	<i>Cyphoderris monstrosa</i>	NC_028059
<i>Conocephalus melaenus</i>	NC_033988	<i>Tarragoilus diuturnus</i>	NC_021397
<i>Conocephalus maculatus</i>	NC_016696	<i>Stenopelmatus fuscus</i>	NC_028058
<i>Holochlora fruhstorferi</i>	NC_033993	<i>Comicus campestris</i>	NC_028062
<i>Sinochlora longifissa</i>	NC_021424	<i>Acrida cinerea</i>	NC_014887
<i>Sinochlora szechwanensis</i>	NC_034994	<i>Acrida willemsei</i>	NC_011303
<i>Ruidocollaris obscura</i>	NC_028160	<i>Yunnanacris yunnaneus</i>	NC_030586
<i>Kuwayamaea brachyptera</i>	NC_028159	<i>Tonkinacris sinensis</i>	NC_032716
<i>Kuwayamaea chinensis</i>	NC_033995	<i>Sinopodisma houshana</i>	NC_033905
<i>Ducetia japonica</i>	NC_031652	<i>Sinopodisma tsinlingensis</i>	NC_032303
<i>Elimaea cheni</i>	NC_014289	<i>Sinopodisma wulingshanensis</i>	NC_033906
<i>Phaneroptera gracilis</i>	NC_034756	<i>Qinlingacris taibaiensis</i>	NC_027187
<i>Phaneroptera nigroantennata</i>	NC_034757	<i>Fruhstorferiola huayinensis</i>	NC_031379
<i>Uvarovites inflatus</i>	NC_026231	<i>Fruhstorferiola kulinga</i>	NC_026716
<i>Gampsocleis gratiosa</i>	NC_011200	<i>Fruhstorferiola tonkinensis</i>	NC_031817
<i>Metrioptera bonneti</i>	NC_033986	<i>Kingdonella bicollina</i>	NC_023920
<i>Metrioptera ussuriensis</i>	NC_034796	<i>Curvipennis wixiensis</i>	NC_031397
<i>Anabrus simplex</i>	NC_009967	<i>Aiolopus thalassinus</i>	NC_034674
<i>Xizicus fascipes</i>	NC_018765	<i>Trilophidia annulata</i>	NC_027179
<i>Decma fissa</i>	NC_033981	<i>Pternoscirta caliginosa</i>	NC_035227
<i>Pseudocosmetura anjiensis</i>	NC_033853	<i>Oedaleus decorus asiaticus</i>	NC_011115
<i>Pseudokuzicus pieli</i>	NC_033982	<i>Oedaleus infernalis</i>	NC_029327
<i>Mecopoda elongata</i>	NC_021380	<i>Gastrimargus marmoratus</i>	NC_011114
<i>Mecopoda niponensis</i>	NC_021379	<i>Compsorhipis davidiana</i>	NC_029408
<i>Zichya baranovi</i>	NC_033984	<i>Angaracris barabensis</i>	NC_025558
		<i>Angaracris rhodopa</i>	NC_025946

Ek.3'ün devamı

<i>Gonista bicolor</i>	NC_029205	<i>Mekongiella xizangensis</i>	NC_014451
<i>Ceracris kiangsu</i>	NC_019994	<i>Atractomorpha sinensis</i>	NC_011824
<i>Gomphocerus sibiricus</i>	NC_021103	<i>Tetrix japonica</i>	NC_018543
<i>Gomphocerippus rufus</i>	NC_014349	<i>Alulatettix yunnanensis</i>	NC_018542
<i>Phlaeoba albonema</i>	NC_011827	<i>Physemacris variolosa</i>	NC_014491
<i>Phlaeoba infumata</i>	NC_031506	<i>Tanaocerus koebelei</i>	NC_020777
<i>Phlaeoba tenebrosa</i>	NC_029150	<i>Mirhipipteryx andensis</i>	NC_028065
<i>Arcyptera coreana</i>	NC_013805	<i>Pyrgacris descampsi</i>	NC_020776
<i>Orinhippus tibetanus</i>	NC_023467	<i>Ommexecha virens</i>	NC_020778
<i>Chorthippus chinensis</i>	NC_011095	<i>Ellipes minuta</i>	NC_014488
<i>Euchorthippus fusigeniculatus</i>	NC_014449	<i>Tristira magellanica</i>	NC_020773
<i>Ceracris versicolor</i>	NC_025285	<i>Pielomastax zhengi</i>	NC_016182
<i>Caryanda elegans</i>	NC_036750	<i>Xyleus modestus</i>	NC_014490
<i>Caryanda sp.</i>	NC_030165	<i>Lentula callani</i>	NC_020774
<i>Traulia minuta</i>	NC_036063	<i>Pseudothericles compressifrons</i>	NC_028061
<i>Traulia szetschuanensis</i>	NC_013826	<i>Erianthus versicolor</i>	NC_020045
<i>Xenocatantops brachycerus</i>	NC_021609	<i>Locusta migratoria migratoria</i>	NC_011119
<i>Prumna arctica</i>	NC_013835	<i>Locusta migratoria</i>	NC_001712
<i>Longchuanacris curvifurculus</i>	NC_036994	<i>Locusta migratoria tibetensis</i>	NC_015624
<i>Ognevia longipennis</i>	NC_013701	<i>Locusta migratoria manilensis</i>	NC_014891
<i>Pseudoxya diminuta</i>	NC_025765	<i>Gomphocerus licenti</i>	NC_013847
<i>Oxya chinensis</i>	NC_010219	<i>Gomphocerus sibiricus tibetanus</i>	NC_015478
<i>Oxya hyla</i>	NC_032076	<i>Deracantha onos</i>	NC_011813
<i>Hieroglyphus tonkinensis</i>	NC_030587	<i>Phyllomimus detersus</i>	NC_028158
<i>Shirakiacris shirakii</i>	NC_021610	<i>Phyllomimus sinicus</i>	NC_033997
<i>Choroedocus violaceipes</i>	NC_034673	<i>Pseudophyllus titan</i>	NC_034773
<i>Nomadacris japonica</i>	NC_036062	<i>Hexacentrus japonicus</i>	NC_033983
<i>Chondracris rosea</i>	NC_019993	<i>Hexacentrus unicolor</i>	NC_033999
<i>Schistocerca gregaria gregaria</i>	NC_013240	<i>Sinotmethis brachypterus</i>	NC_026525
<i>Calliptamus abbreviatus</i>	NC_030626	<i>Thrinchus schrenkii</i>	NC_014610
<i>Peripolus nepalensis</i>	NC_029135	<i>Asiotmethis jubatus</i>	NC_025904
<i>Calliptamus italicus</i>	NC_011305	<i>Asiotmethis zacharjini</i>	NC_020328
<i>Pacris xizangensis</i>	NC_023919	<i>Humphaplotropis culaishanensis</i>	NC_023535
<i>Lithidiopsis carinatus</i>	NC_020775	<i>Mekongiana xiangchengensis</i>	NC_014450
<i>Filchnerella beicki</i>	NC_024923	<i>Mekongiella kingdoni</i>	NC_023921
<i>Filchnerella helanshanensis</i>	NC_020329	<i>Pseudotmethis rubimarginis</i>	NC_020330

ÖZGEÇMİŞ

UĞUR KARŞI

ugurkarsi93@gmail.com



ÖĞRENİM BİLGİLERİ

Yüksek Lisans 2015-2018	Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Bölümü, ANTALYA
Lisans 2011-2015	Hacettepe Üniversitesi Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, ANKARA