

T.C.
HAKKARİ ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

Saga hakkarica ŞİRİN&TAYLAN, 2019 (ORTHOPTERA,
TETTIGONIIDAE, SAGINAE) TÜRÜNDE TOTAL MİTOKONDİRİYAL
GENOM KARAKTERİZASYONU

Orhan AKSİN

Danışman
Prof. Dr. Mehmet Sait TAYLAN

HAKKARİ

2025

T.C.
HAKKARİ ÜNİVERSİTESİ
LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ MÜDÜRLÜĞÜNE
HAKKARİ

Biyoloji Anabilim Dalı Yüksek Lisans Programı öğrencisi Orhan AKSİN tarafından hazırlanan “*Saga hakkarica* Şirin&Taylan, 2019 (Orthoptera, Tettigoniidae, Saginae) türünde total mitokondriyal genom karakterizasyonu” başlıklı tez, 28.08.2025 tarihinde yapılan savunma sonucunda aşağıda isimleri bulunan jüri üyelerince kabul edilmiştir.

Ünvanı, Adı Soyadı	Kurumu	İmzası
Başkan: Prof. Dr. Deniz ŞİRİN	Tekirdağ Namık Kemal Üniversitesi	
Üye : Prof. Dr. Mehmet Sait TAYLAN	Hakkari Üniversitesi	

Üye : Dr. Öğr. Üyesi Sezgin KARAMAN Hakkari Üniversitesi

Jüri üyeleri tarafından kabul edilen bu yüksek lisans tezi, Enstitü Yönetim KurulununSayılı kararıyla tarihinde onaylanmıştır.

Prof. Dr. Mehmet ŞAHİN

Enstitü Müdür V.

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezde sunulan tüm bilgi ve sonuçların, bilimsel yöntemlerle yürütülen gerçek deney ve gözlemler çerçevesinde tarafımdan elde edildiğini, çalışmada bana ait olmayan tüm veri, düşünce, sonuç ve bilgilere bilimsel etik kuralların gereği olarak eksiksiz şekilde uygun atıf yaptığımı ve kaynak göstererek belirttiğimi beyan ederim.

28/08/2025

İmza

Orhan AKSIN

ÖZET

***Saga hakkarica* ŞİRİN&TAYLAN, 2019 (ORTHOPTERA, TETTIGONIIDAE, SAGINAE) TÜRÜNDE TOTAL MİTOKONDRIYAL GENOM KARAKTERİZASYONU**

Orhan AKSİN

Yüksek Lisans Tezi, Biyoloji Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Mehmet Sait TAYLAN

Ağustos 2025, 58 sayfa

Bu çalışmada, Orthoptera takımı, Tettigoniidae familyası, Saginae alt familyasında yer alan ve Anadolu endemiği olan *Saga hakkarica* Şirin&Taylan, 2019, türünün total mitokondriyal genomunun karakterizasyonu ve genetik analizi yapılmıştır. Araştırma kapsamında, yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak *S. hakkarica* türüne ait mitokondriyal genom dizileri elde edilmiş, mitogenomik kütüphane oluşturulmuş ve analiz edilmiştir. Toplamda 14.508.962 okuma elde edilmiş ve sekans verisinin toplam uzunluğu yaklaşık 2.19 Gbp olarak hesaplanmıştır. Mitogenomun GC içeriği %46,8, AT içeriği ise %53,2 olarak tespit edilmiştir. Okumaların kalite dağılımında, Q20 değeri %95,7, Q30 değeri ise %89,7 olarak tespit edilmiştir. Analizler sonucunda *S. hakkarica* türünün mitokondriyal genomunun 15.755 bç uzunluğunda olduğu ve 37 gen bölgesi içerdiği saptanmıştır. *S. hakkarica* türünün mitokondriyal genomunda 22 transfer RNA (tRNA) geni, 2 ribozomal RNA (rRNA) geni, 13 protein kodlayan gen (7 NADH dehidrogenaz alt birim geni (nad1–nad6, nad4L), 3 sitokrom c oksidaz alt birim geni (cox1–cox3), 1 sitokrom b (cob) geni, 2 ATP sentaz alt birim geni (atp6, atp8)) ve replikasyon orijin bölgesi tespit edilmiştir. Ayrıca mitokondriyal genomda yer alan 37 gen bölgesinden 23 tanesinin forward (F) zincirinde yer aldığı, geri kalan 14 genin ise reverse (R) zincirinde bulunduğu tespit edilmiştir. *S. hakkarica* mitogenomu, sahip olduğu CDS, tRNA ve rRNA gen sayıları açısından literatürde bildirilen Orthoptera mitogenomlarıyla büyük ölçüde benzerlik göstermektedir. Başlama ve sonlanma kodonları da genel bir benzerlik sergilemekle birlikte, içerik düzeyinde bazı farklılıklar tespit edilmiştir. Sonuç

olarak, bu çalışma ile ilk kez *S. hakkarica* türünün total mitokondriyal genomunun yapısal ve fonksiyonel özellikleri ortaya konmaya çalışılmış ve Saginae alt familyasından elde edilen ikinci mitogenom veri seti olması açısından, gelecekte yapılacak genetik ve filogenetik araştırmalar için kaynak oluşturulmuştur.

Anahtar Kelimeler: Orthoptera, Saginae, *Saga hakkarica*, yeni nesil dizileme, genomik kütüphane, mitogenom



ABSTRACT

COMPLETE MITOCHONDRIAL GENOME CHARACTERIZATION OF *Saga hakkarica* ŞİRİN & TAYLAN, 2019 (ORTHOPTERA: TETTIGONIIDAE, SAGINAE)

Orhan AKSIN

Master's Thesis in Biology

Thesis Advisor: Prof. Dr. Mehmet Sait TAYLAN

August 2025, 58 pages

In this study, the complete mitochondrial genome of *Saga hakkarica* Şirin & Taylan, 2019, an Anatolian endemic species belonging to the order Orthoptera, family Tettigoniidae, subfamily Saginae, was characterized and genetically analyzed. Within the scope of the research, next-generation sequencing (NGS) technologies were employed to obtain the mitochondrial genome sequences of *S. hakkarica*, from which a mitogenomic library was constructed and analyzed. A total of 14,508,962 reads were generated, with an overall sequence length of approximately 2.19 Gbp. The mitogenome exhibited a GC content of 46.8% and an AT content of 53.2%. Quality assessment of the sequencing data revealed Q20 and Q30 scores of 95.7% and 89.7%, respectively. The analyses revealed that the mitochondrial genome of *S. hakkarica* is 15,755 bp in length and comprises 37 genes. These include 22 transfer RNA (tRNA) genes, 2 ribosomal RNA (rRNA) genes, 13 protein-coding genes [7 NADH dehydrogenase subunit genes (nad1–nad6, nad4L), 3 cytochrome c oxidase subunit genes (cox1–cox3), 1 cytochrome b (cob) gene, and 2 ATP synthase subunit genes (atp6, atp8)], along with a replication origin region. Furthermore, it was determined that 23 of the 37 genes are located on the forward (F) strand, while the remaining 14 genes are situated on the reverse (R) strand. The mitogenome of *S. hakkarica* shows a high degree of similarity to Orthoptera mitogenomes reported in the literature in terms of the number of CDS, tRNA, and rRNA genes. Although the start and stop codons exhibit overall similarity, certain differences at the sequence level were identified.

In conclusion, this study presents, for the first time, the structural and functional characteristics of the complete mitochondrial genome of *S. hakkarica*. As the second mitogenome dataset obtained from the subfamily Saginae, it provides an important resource for future genetic and phylogenetic studies.

Keywords: Orthoptera, Saginae, *Saga hakkarica*, next-generation sequencing, genomic library, mitogenome



ÖNSÖZ

Omurgasız hayvan takımlarında yapılan filogenetik çalışmalarda mitokondriyal genlerin genetik belirteç olarak ayrı bir öneme sahip olduğu bilinmektedir. Özellikle 16S rDNA, Cox1 ve CytB genleri mitokondriyal genler arasında en çok çalışılan genler olmuştur. Ancak son yıllarda geliştirilen yeni nesil dizileme yöntemleri sayesinde, yalnızca bir veya birkaç gen kombinasyonu ile yapılan çalışmalar yerini, genomik kütüphanelerin oluşturulması ve mitogenom araştırmalarına bırakmıştır. Mitogenom verilerinin yaygınlaşmasıyla Anadolu’da yayılış gösteren soy hatlarının filogenetik örüntülerin daha güvenilir bir şekilde ortaya çıkarılması mümkün olacaktır. Ülkemizde Orthoptera grubuna ait yalnızca birkaç türü içeren oldukça kısıtlı mitogenom verileri mevcuttur. Bu bağlamda Anadolu endemiği bir tür olan *Saga hakkarica*’nın mitogenom karakterizasyonun ortaya çıkarılması ile gelecekte yapılacak genetik ve filogenetik çalışmalara veri oluşturulması bu çalışmanın odak noktalarındandır.

Tez çalışmamın planlanmasından sonuçlanmasına kadar her aşamasında bana katkı sunan ve desteğini esirgemeyen tez danışmanım Sayın Prof. Dr. Mehmet Sait TAYLAN’a (Hakkari Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı), özellikle tezimin laboratuvar çalışmaları kısmında ve genetik analizlerde destek sunan Sayın Dr. Öğr. Üyesi Sezgin KARAMAN’a (Hakkari Üniversitesi, Yüksekova MYO), ayrıca Biyoloji Anabilim dalında tez çalışmama bilgi ve önerileriyle katkı sunan Prof. Dr. Can YILMAZ’a (Hakkari, Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı) ve Dr. Öğr. Üyesi Bahadır TÖRÜN’e (Hakkari Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı) teşekkürlerimi sunarım. Laboratuvar çalışmalarını yürüttüğüm, Hakkari Üniversitesi, Biyolojik Çeşitlilik Uygulama ve Araştırma Merkezi Laboratuvarı (HAKBİYOM) Müdürlüğü’ne çalışma imkanı verdikleri ve destekleri için teşekkür ederim.

Son olarak tez çalışmam esnasında her zaman yanımda olan ve pozitif enerjileriyle beni destekleyen değerli eşim ve kızıma teşekkürü borç bilirim.

Bu alıřma Hakkari niversitesi Bilimsel Arařtırma Projeleri Komisyonu tarafından **FM23LTP1** nolu BAP projesi ile desteklenmiřtir.

Orhan AKSİN



İÇİNDEKİLER

TEZ BİLDİRİMİ.....	ii
ÖZET.....	iii
ABSTRACT.....	v
ÖNSÖZ	vii
SİMGE VE KISALTMALAR DİZİNİ	xi
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
1.1. Anadolu Biyoçeşitliliği ve Orthopera Takımı	1
1.2. <i>Saga</i> Cinsine Ait Genel Bilgiler ve Moleküler Düzeyde Yapılan Araştırmalar.....	2
1.3. Mitokondri ve Mitogenom.....	4
1.3.1. Insecta (Böcek) Mitokondriyal Genomu	6
1.3.1.1. mtDNA Genleri	7
2. KAYNAK ÖZETLERİ	12
3. MATERYAL VE YÖNTEM	17
3.1. <i>Saga hakkarica</i> Örneklerinin Toplanması	17
3.2. Mitokondriyal DNA İzolasyonu	18
3.3. DNA Kalite Kontrolü ve Kütüphane Hazırlığı	19
3.4. Yeni Nesil Sekanslama İşlemi ve Verilerin Kalite Kontrolü	20
3.5. Mitokondriyal Genomun Birleştirilmesi (Assembly) Süreci	20
3.6. Genom Karakterizasyonu.....	21
3.7. Mitokondriyal Genom İstatistikleri.....	22
4. BULGULAR.....	23
4.1. Mitokondriyal DNA İzolasyon Sonuçların Görüntülenmesi	23
4.2. Mitokondriyal DNA Kalite Kontrolü ve Kütüphane Değerlendirmesi.....	24
4.3. Yeni Nesil Sekans Verisi ve Kalite Metrikleri.....	24
4.4. Total Mitokondriyal Genom Karakterizasyonu	25
4.4.1. Protein Kodlayan Genlerin Karakterizasyonu	28
4.4.2. tRNA Genlerinin Karakterizasyonu	30
4.4.3. rRNA Genlerinin Karakterizasyonu.....	30
4.4.4. İntergenik Bölgelerin Karakterizasyonu	30
4.4.5. Çakışan Bölgelerin Karakterizasyonu.....	31

4.4.6. Mitokondriyal Genomun Nükleotid ve Amino Asit Kompozisyonu	32
5. TARTIŞMA	36
5.1. Mitokondriyal Genomun Yapısı ve Biyolojik İşlevi.....	36
5.2. Protein Kodlayan Genlerin Karakterizasyonu	36
5.3. Çakışan ve İntergenik Bölgelerin Karakterizasyonu	41
5.4. tRNA ve rRNA Genlerinin Karakterizasyonu	42
5.5. Kontrol Bölgesi	43
6. SONUÇ	44
7. KAYNAKLAR	45
ÖZGEÇMİŞ	58



SİMGE VE KISALTMALAR DİZİNİ

A	: Adenin
aa	: Amino asit
ATP	: Adenozin trifosfat
<i>atp</i>	: ATP sentaz geni
bç	: Baz çifti
BLAST	: Basic Local Alignment Search Tool
C	: Sitozin
<i>cox</i>	: Sitokrom C oksidaz geni
<i>cytb</i>	: Sitokrom b geni
dk	: Dakika
DNA	: Deoksiribonükleik asit
G	: Guanin
Genbank	: Gen Bankası
HCl	: Hidroklorik asit
J	: Ağır zincir
kb	: Kilobaz
m	: Metre
mg/ml	: Miligram/mililitre
ml	: Mililitre
mM	: Milimolar
mtDNA	: Mitokondriyal deoksiribonükleik asit
N	: Hafif zincir
NaCl	: Sodyum klorür
<i>nad</i>	: NADH dehidrojenaz
NCBI	: National Center for Biotechnology Information veri tabanı
ng	: Nanogram
ng/ul	: Nanogram/mikrolitre
NGS	: Yeni Nesil Dizileme
ort	: Ortalama
PKG	: Protein kodlayan gen
RNA	: Ribonükleik asit
rRNA	: Ribozomal RNA Geni
<i>rrnL</i>	: 16S rRNA geni
<i>rrnS</i>	: 12S rRNA geni
T	: Timin
Tris	: Hidroksimetil aminometan
<i>trn</i>	: tRNA
U	: Urasil
µl	: Mikrolitre
µm	: Mikrometre

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3. 1. <i>Saga hakkarica</i> türü örneklem lokalitesi	17
Şekil 3. 2. <i>Saga hakkarica</i> türü dişi birey genel görünümü	18
Şekil 4. 1. <i>Saga hakkarica</i> türünden elde edilen mtDNA izolasyonu jel görüntüsü	23
Şekil 4. 2. <i>Saga hakkarica</i> örneğine ait Illumina çift uçlu (paired-end, 150 bp) dizileme verisinin baz başına kalite skorları (FastQC raporu). (a) İleri okuma (Read 1); (b) Geri okuma (Read 2). Y eksenini her pozisyondaki ortalama Phred kalite skorunu, X eksenini ise okuma boyunca baz pozisyonlarını göstermektedir. Mavi çizgi ortalama kalite değerlerini, siyah dikey çizgiler ilgili baz pozisyonundaki varyasyonu temsil etmektedir. Yeşil alan yüksek kaliteyi ($Q \geq 30$), sarı alan orta kaliteyi (Q20–Q30), kırmızı alan ise düşük kaliteyi ($Q < 20$) göstermektedir.....	25
Şekil 4. 3. <i>Saga hakkarica</i> mitogenomunun halkasal haritası	27
Şekil 4. 4. <i>Saga hakkarica</i> türünde PKG'lerin kodon-amino asit frekanslarına ilişkin ısı haritası.....	35

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 1. 1 Bazı organizmalardaki mitokondriyal genom boyutları	5
Çizelge 2. 1 <i>Saga hakkarica</i> türünün sistematigi	13
Çizelge 3. 1 mtDNA izolasyon basamakları.....	18
Çizelge 4. 1 <i>Saga hakkarica</i> türünün mtDNA'sında bulunan gen bölgeleri ve sırası	29
Çizelge 4. 2. <i>Saga hakkarica</i> türünde kodlama yapmayan gen bölgeleri.....	31
Çizelge 4. 3. <i>Saga hakkarica</i> türünde çakışan gen bölgeleri	31
Çizelge 4. 4. <i>Saga hakkarica</i> türüne ait PKG'lerin kodon pozisyonlarına göre nükleotid baz kompozisyonları (%).....	33
Çizelge 4. 5. <i>Saga hakkarica</i> türünde PKG'lerin amino asit kompozisyonları (%)	34

1. GİRİŞ

1.1. Anadolu Biyoçeşitliliği ve Orthoptera Takımı

Anadolu, coğrafi konumu, topoğrafik yapısı, iklimsel özellikleri ve barındırdığı habitat çeşitliliği nedeniyle yüksek biyolojik çeşitliliğe sahip bir kara parçasıdır. Farklı topoğrafik ve iklimsel koşulların bir araya gelmesi, çeşitli makro ve mikro habitatların oluşumuna zemin hazırlamıştır. Bu çevresel çeşitlilik, Anadolu'nun zengin fauna potansiyelini açıklamakta ve sıklıkla vurgulanan bir unsur olarak öne çıkmaktadır (Davis, 1971; Demirsoy, 1977; Şekercioğlu vd., 2011). Anadolu faunasının bu denli zengin olması, bölgenin biyocoğrafik açıdan özel bir konuma sahip olmasından kaynaklanmaktadır ve bu durum iki temel nedene dayanmaktadır. İlk olarak, Anadolu yalnızca Akdeniz Havzası'nın değil, aynı zamanda Palearktik Bölge'nin paleocoğrafik açıdan en dinamik alanlarından biri olarak değerlendirilmektedir (Steininger & Rögl, 1984). Paleocoğrafik değişkenlik, türleşme süreçleri üzerinde doğrudan etkili olup, Anadolu'yu önemli bir türleşme merkezi hâline getirmiştir. İkinci olarak, Anadolu, Kuvaterner buzul dönemleri boyunca önemli bir ekolojik sığınak (refugium) işlevi görmüştür (Hewitt, 1996). Son yıllarda yapılan çalışmalar, buzul dönemlerinin soğuma evrelerinde Anadolu'nun özellikle 2000 metre ve üzerindeki dağlık zirvelerinin buzul örtüsü altında kaldığını ortaya koymaktadır (Atalay, 2006). Bu paleoiklimsel koşullar, Anadolu'nun geniş ve düz ovalarının hem Palearktik Bölge'nin kuzey kesimlerinde yayılış gösteren türler, hem de yüksek dağlık alanlarda sert iklim koşullarına uyum sağlamış organizmalar için buzul maksimumlarında önemli birer sığınak (refugium) işlevi gördüğünü göstermektedir. Anadolu'daki biyolojik çeşitliliğin büyük ölçüde kuzeyden gelen faunal öğelerle ve güneydeki atasal soyların kuzey faunası ile birleşerek bugünkü çeşitliliği oluşturduğu düşünülmektedir (De Lattin, 1967; Hewitt, 1996; Demirsoy, 1999; Gür, 2013, 2016).

Orthoptera Olivier, 1789 (düzkanatlılar; çekirgeler) takımı, dünya genelinde yayılış gösteren Orthoptera takımı 29.410 tür içermektedir (Cigliano vd., 2025). Türkiye'de ise böcek biyoçeşitliliğinin önemli bir bölümünü

oluşturmaktadır. Orthoptera takımı, Caelifera Ander, 1936 (kısa antenli çekirgeler) ve Ensifera Chopard, 1921 (uzun antenli çekirgeler) alt takımlarını içermekte olup, ülkemizde yaklaşık 750 tür/alttür ile temsil edilmektedir (Ünal, 2011; Cigliano vd., 2025). Caelifera alt takımı ülkemizde Acrididae MacLeay, 1821, Pamphagidae Burmeister, 1840, Pyrgomorphidae Brunner von Wattenwyl, 1874, Tetrigidae Rambur, 1838 ve Tridactylidae Brullé, 1835 familyalarına ait türleri içermektedir (Mol vd., 2014). Ensifera alt takımı ise Türkiye’de Gryllidae Laicharting, 1781, Gryllotalpidae Leach, 1815, Mogoplistidae Costa, 1855, Rhaphidophoridae Walker, 1869, Schizodactylidae Blanchard, 1845 ve Tettigoniidae Krauss, 1902 familyalarına ait türler ile temsil edilmektedir (Mol vd., 2016). Bu familyalar içerisinde Tettigoniidae en fazla cins ve tür içeren familyadır ve Orthoptera takımının yarısından fazlası bu familyaya aittir (Mol vd., 2016).

1.2. *Saga* Cinsine Ait Genel Bilgiler ve Moleküler Düzeyde Yapılan Araştırmalar

Orthoptera takımı, Tettigoniidae familyası, Saginae Brunner von Wattenwyl, 1878 altfamilyasında yer alan *Saga* Charpentier, 1825 cinsi Avrupa’nın en büyük böcek türlerini içermektedir (örneğin *S. ephippigera* türünde erkek bireyler yaklaşık 9 cm, dişi bireyler ise 13 cm uzunluğa ulaşabilmektedir) (Şirin vd., 2019). Predatör (avcı) özellikleriyle bilinen bu cins, ekosistem dinamikleri açısından önemli ve dengeleyici bir role sahiptir (Lodos, 1983). Cinsine ait türlerin tarım zararlısı böceklerle beslenmeleri, onların doğal biyolojik mücadele ajanı olarak işlev gördüklerini ortaya koymaktadır. Bu nedenle, *Saga* cinsine ait türlerin ülkemizdeki dağılımı ve tür çeşitliliğinin ayrıntılı olarak incelenmesi büyük önem taşımaktadır. Anadolu’da geçmiş dönemlerde sıkça görülen çekirge istilaları, 2018–2019 yıllarında da yeniden gözlenmiş ve zirai mücadelede bu türlerin etkisi tekrar gündeme gelmiştir. *Saga* türlerinin bulunduğu habitatların korunması, popülasyonlarının sürdürülebilirliği açısından olduğu kadar, tarımsal zararlılar üzerindeki baskılayıcı etkileriyle de büyük ekolojik ve ekonomik öneme sahiptir.

Saga cinsi içerdği palearktikte yayılış gösteren 17 takson içermektedir. Bu taksonların temel olarak yayılışı Anadolu ve Yunanistan/Balkanlardır (Kaltenbach, 1970, 1974; Şirin vd., 2019; Cigliano vd., 2025). Ülkemizde *Saga* cinsi; Anadolu'dan dokuz tür (*S. cappadocica* Werner, 1903, *S. natoliae* Serville, 1839, *S. rhodiensis* Salfi, 1929, *S. beieri* Kaltenbach, 1967, *S. longicaudata* Krauss, 1879, *S. puella* Werner, 1901, *S. syriaca* Lucas, 1864, *S. ephippigera* Fischer von Waldheim, 1846 ve *S. hakkarica* Şirin ve Taylan, 2019) ve Trakya'dan bir tür (*S. campbelli* Uvarov, 1921) olmak üzere toplam 10 tür ile temsil edilmektedir (Karabağ, 1958; Kaltenbach, 1967; Şirin vd., 2019, Cigliano vd., 2025). Cinsine ait, ikinci tür zengin alan cinsin beş türünün bulunduğu (*S. natoliae* Serville, 1839, *S. campbelli* Uvarov, 1921, *S. gracilis* Kis, 1962, *S. hellenica* Kaltenbach, 1967, *S. rammei* Kaltenbach, 1965 ve *S. rhodiensis* Salfi, 1929) Yunanistan ile yakın çevresinde yer alan Balkanlardır (Kaltenbach, 1970; Lemonnier-Darcemont vd., 2009; Kolics vd., 2012). Diğer taraftan *S. pedo* batı Avrupa'nın en uç noktasından Orta Asya'ya kadar tüm alanlarda yayılışa sahiptir (Kolics vd., 2008). *Saga* cinsini ele alan, biri *Ephippigera* tür grubunu kapsayan, moleküler temelli toplam üç çalışma bulunmaktadır (Giannoulis vd., 2011; Kolics vd., 2012; Binici vd., 2021). Giannoulis vd. (2011) tarafından yapılan çalışmada, COI geni bakımından Avrupa'nın *Saga* türlerinin altısının (*S. campbelli*, *S. hellenica*, *S. natoliae*, *S. pedo*, *S. rammei* ve *S. rhodiensis*) filogenetik analizi yapılmıştır (Giannoulis vd., 2011). İkinci çalışma ise daha geniş kapsamlı bir çalışmadır ve çalışmada mitokondrial DNA'ya ait 3 gen (CytB, Cox1 ve 16S rRNA) ve çekirdek DNA'sına ait bir gen (ITS2) olmak üzere toplamda 9 taksonun (*S. c. campbelli*, *S. c. gracilis*, *S. hellenica*, *S. natoliae*, *S. pedo*, *S. rammei*, *S. ornata*, *S. cappadocica* ve *S. ephippigera*) filogenisi üzerine çalışılmıştır (Kolics vd., 2012). Binici vd. (2021) tarafından yapılan çalışmada ise mitokondriyal 16S rDNA geni kullanılarak Anadolu'daki *Ephippigera* tür grubu içeren 3 türün (*S. ephippigera*, *S. syriaca* ve *S. hakkarica*) filogenisi çalışılmıştır. Cinsine ilişkin tek mitogenom çalışması *S. natoliae* türüne ait mitogenom (Karakaş vd., 2025) çalışmasıdır.

1.3. Mitokondri ve Mitogenom

Mitokondri, ökaryotik hücrelerde yalnızca enerji üretimiyle değil, aynı zamanda evrimsel, yapısal ve işlevsel özellikleriyle filogenetik analizlerde temel bir belirleyici olarak öne çıkmaktadır. Prokaryot ve ökaryot hücreler arasındaki en temel farklardan biri, zarla çevrili organellere yalnızca ökaryotik hücrelerin sahip olmasıdır. Her iki hücre tipinde ortak olan ribozomlar, yapı ve boyut bakımından farklılık gösterirken, yalnızca ökaryotlara özgü olan mitokondri çift zarlı bir organel olarak dikkat çeker (Campbell vd., 2006). Mitokondri, enerji metabolizmasının ötesinde kalsiyum homeostazı, apoptoz, yaşlanma ve çeşitli hastalık süreçlerinde de işlev üstlenir (Pinto ve Moraes, 2015; Sun vd., 2016). Organelin kökeni, endosimbiyoz teorisiyle açıklanır; bu görüşe göre, mitokondri α -proteobacteria kökenli bir bakterinin evrimsel işbirliği ile hücre içine alınmasıyla oluşmuştur (Sagan, 1967). Mitokondride bulunan halkasal mtDNA, prokaryotik benzerlik gösterir; intron içermez, küçük intergenik bölgeler barındırır ve replikasyonu çekirdek DNA'sından farklı enzimlerle gerçekleşir. Ribozomları ise 70S yapıda olup, prokaryotik sistemle benzerlik gösterir. Mitokondriyal DNA'nın maternal (anasal) yolla kalıtıldığı bilinmektedir; çünkü döllenme sırasında spermin mitokondrileri genellikle yumurtaya geçemez (Campbell vd., 2006). Mitokondri genomunun yüksek mutasyon oranı, hızlı evrimsel değişimi, rekombinasyon mekanizmasının olmayışı (Upholt ve Dawid 1977; Brown vd., 1979) ve maternal geçişi, onu moleküler sistematikte en yaygın kullanılan genetik belirteçlerden biri hâline getirmiştir (Hillis ve Moritz, 1990).

Genom, bir canlının tüm genetik bilgisini içeren eksiksiz DNA setidir ve DNA'nın nesiller boyunca aktarılması, organizma özelliklerinin kalıtımını sağlayan temel ortamı oluşturur. Ökaryotik canlılarda genomlar, nükleer ve organel genomları şeklinde iki ana kategoriye ayrılır. Genellikle hayvansal organizmalarda sadece mitokondri organel genomu bulunurken, bitkisel organizmalarda hem kloroplast hem de mitokondri organel genomları mevcuttur (Campbell vd., 2006). Mitokondriyal genom, çekirdek DNA'sından farklı olarak daha küçük bir yapıya sahip olup, prokaryot canlılarda bulunan DNA'ya benzer şekilde halkasal bir yapıya sahiptir. Mitokondriyal genom, ilk kez Nass (1963)

tarafından keşfedilmiştir. Mitokondriyal genomun tam baz dizilimi ve genom organizasyonu, Bibb vd. (1981) tarafından farede, aynı yıl Anderson vd. (1981) tarafından ise insanda belirlenmiştir.

Çizelge 1. 1. Bazı organizmalardaki mitokondriyal genom boyutları

Organizma adı	Mt-genom boyutu (bç)	Literatür
Büyük ciğerotu (<i>Marchantia polymorpha</i>)	186.608	(Oda vd., 1992)
Amip türü (<i>Acanthamoeba castellanii</i>)	41.591	(Accari ve Barth, 2015)
Mantar türü (<i>Allomyces macrogynus</i>)	57.473	(Paquin ve Lang, 1995)
Taraklı denizanası (<i>Pleurobrachia bachei</i>)	11.016	(Kohn vd., 2012)
Bantlı denizlalesi (<i>Isarachnanthus nocturnus</i>)	80.923	(Stampar vd., 2019)
Danaburnu çekirgesi (<i>Gryllotalpa unispana</i>)	15.513	(Zhang vd., 2016)
İnsan (<i>Homo sapiens</i>)	16.569	(Andrews vd., 1999)

Çizelge 1.1’de görüldüğü üzere, mitokondriyal genom büyüklüğü değişiklik gösterebilmektedir. Örneğin, *Marchantia polymorpha* türü büyük ciğer otunda 186.608 baz çifti (Oda vd., 1992) bulunurken, *Isarachnanthus nocturnus* türünde mitokondriyal genomun büyüklüğü 80.923 baz çifti olabilmekte (Stampar vd., 2019), ayrıca Taraklılar şubesine ait *Pleurobrachia bachei* türünde ise 11.016 baz çifti olduğu tespit edilmiştir (Kohn vd., 2012). Mitokondriyal genomdaki bu farklılıkların, mitokondriyal DNA’da kodlama yapmayan bölgelerdeki dizilimler, A-T bazlarının yoğunluğu ve bazı bölgelerin dublikasyon geçirmesi gibi etkenlerden kaynaklanabileceği düşünülmektedir (Boyce vd., 1989; Smith ve Snyder, 2007). Ayrıca, delesyon (gen silinmesi) ve inversiyon (gen eklenmesi) gibi nükleotid dönüşümleri, mitokondriyal DNA üzerindeki belirli gen bölgelerinin uzunluklarının farklı olmasına ve genlerin bulunduğu lokus bölgelerindeki nükleotid dizilimlerinin çeşitli değişkenlikler göstermesine yol

açmaktadır. Mitokondriyal genomda mutasyonlar, nokta mutasyonları, delesyon ve dublikasyon olayları gözlemlenmektedir. Genellikle delesyon ve dublikasyon durumları nadiren görülürken, nokta mutasyonları daha sık olarak maternal kalıtım ile ortaya çıkmaktadır (Cornuet vd., 1991). Tüm bu gözlemler ışığında, mitokondriyal genomdaki bu farklılıkların, indirgenmiş evrim mekanizmasına bağlı olarak, genlerinin fonksiyonlarını kaybettiği ya da çoğunluğunun çekirdek DNA'sına aktarıldığı söylenebilir (Berg ve Kurland, 2000). mtDNA, çekirdek DNA'sına bağlı olarak organel içindeki enzimlerin sentezi, transkripsiyon, translasyon ve onarımını yönetir (Leonard ve Schapira, 2000). Mitokondriyal genomun maternal kalıtımı, çekirdek DNA'ya göre daha kısa oluşu, hücredeki sayısal fazlalığı, yalnızca bir kopya içermesi ve rekombinasyon olaylarının nadirliği gibi özellikleri nedeniyle, filogenetik, populasyon genetiği, filoğrafya ve türleşme çalışmalarında temel veri kaynağı olarak kullanılmaktadır. Mitokondriyal genom hakkında daha fazla veri elde edebilmek ve mitokondriyal DNA'nın evrimini, kökenlerini, yapısal çeşitliliklerini ve varyasyonlarını açıklığa kavuşturabilmek için, daha fazla ökaryotik canlı üzerinde çalışma yapılmasına ihtiyaç duyulmaktadır.

1.3.1. Insecta (Böcek) Mitokondriyal Genomu

Tipik bir böcek mitogenomu, 14 ila 20 kb arasında değişen büyüklüğe sahip, çift sarmallı dairesel bir moleküldür (Wolstenholme, 1992). GenBank'tan elde edilen verilere göre günümüze kadar 28 böcek takıma ait 5831 türden yaklaşık 8725 mitogenom elde edilmiştir (Cameron, 2025). Bu takımlar arasında mitogenomu en çok çalışılan takımlar arasında Diptera (1662), Lepidoptera (1461), Hemiptera (1431) ve Blattodea (1103) yer almaktadır.

Çalışmamıza konu olan Orthoptera takımında ise 281 türe ait 383 mitogenom çalışması yapıldığı not edilmiştir (Cameron, 2025). Orthoptera, mitokondriyal genomun evrimini incelemek ve filogenetik yeniden yapılandırmalar için güvenilir bir belirteç olarak potansiyelini test etmek açısından kullanışlı olabileceği belirtilmiştir (Fenn vd., 2008). Gaugel vd. (2023) tarafından 281 Orthoptera mitogenomu içeren çalışmada temel olarak

Orthoptera'da dört farklı mitogenomik gen deęiřiklięi durumu tespit edilmiřtir. Bunlar; inversiyonlar, translokasyonlar, ters translokasyonlar ve ardışık duplikasyon/rastgele kayıp olaylarıdır.

1.3.1.1. mtDNA Genleri

Böceklerde mitokondri organelinde, ATP üretiminden sorumlu oksidatif fosforilasyon komplekslerinin temel yapıtaşlarını oluşturan 13 protein kodlayıcı gen (PKG), 22 tRNA geni ve 2 rRNA geni yer almaktadır (Wolstenholme, 1992; Boore, 1999). Bu genler, mitokondriyal genomda kompakt bir düzende bulunur ve genler arasında genellikle çok kısa ya da hiç olmayan ara bölgeler bulunur. Genomda ayrıca, kodlama yapmayan ancak replikasyon ve transkripsiyonun başlatılmasında görev alan bir kontrol bölgesi (A+T açısından zengin bölge) yer alır (Crozier ve Crozier, 1993). Bu bölge, genellikle sap-halka (stem-loop) yapıları içeren düzenleyici motifler içerir ve mitokondriyal DNA'nın çift yönlü transkripsiyonu için başlangıç noktaları barındırabilir (Chen vd., 2019). *cox1*, *cox2* ve *cox3* genleri sitokrom c oksidaz kompleksinin I, II ve III alt birimlerini; *cytb* ise sitokrom b proteinini kodlarken, *nad1*–*nad6* genleri NADH dehidrogenaz alt birimleri protein kodlamaktadır. Ayrıca, tRNA'ların post-transkripsiyonel işleminde görev alan “tRNA noktalama modeli” (tRNA punctuation model) gibi mekanizmalarla, mitokondriyal transkriptler işlenerek olgun hale getirilir (Xu vd., 2023). Böcek mitogenomları üzerine yapılan güncel çalışmalar, bu genomlarda hem yapısal gen diziliminin hem de transkripsiyon modellerinin türler arasında yüksek düzeyde çeşitlilik gösterdiğini ortaya koymaktadır (Cameron, 2014; Song vd., 2015; Song vd., 2016). Bu çeşitlilik, yalnızca evrimsel analizler için deęil, aynı zamanda tür tanımlama ve biyoçeşitlilik arařtırmaları için de önemli bir moleküler temel sağlamaktadır. mtDNA ilgili yapılan moleküler çalışmalarda, yakın zamana kadar yalnızca belirli belirteç bölgeleri üzerinde çalışmalar yapılmıştır. En çok çalışılan genler arasında *Cox1*, *Cox2*, *Cytb*, 12S rRNA ve 16S rRNA bulunmaktadır. Bu çalışmalar ışığında, mtDNA'nın *Cox1* geni üzerine yapılan arařtırmalar, DNA barkotlama tekniklerinin geliştirilmesine olanak sağlamıştır (Herbert vd., 2003). mtDNA'nın evrimleşme hızı, çekirdek DNA'ya

göre daha hızlı olduğundan, filogenetik çalışmalar için önemli bir belirteç olarak kabul edilmektedir (Avice vd., 1987).

tRNA Genleri

Mitokondriyal genomda bulunan tRNA genlerinin evrimleşme hızı, nükleer genlere oranla daha yüksektir. Bu genler, mitokondri organelinde önemli bir rol oynar ve amino asitlerin sentezinde işlevsellik gösterir. Mitokondriyal tRNA'lar, amino asitleri sentezlemek için birden fazla kodon içerebilir, bu da dejenere kodonlarla etkileşimde bulunmalarına yol açar. Bu süreç, mitokondri organelinde süper wobble kodon eşleşmeleri olarak bilinen bir durum oluşturur (Lavrov ve Lang, 2005). Mitokondriyal tRNA genleri, sekonder katlanma gösteren yonca yaprağı (dört kollu) şeklinde bir yapıya sahip olup, dihidroüridin ve TΨC kolunda bulunan gen dizilerinde çeşitlilik gözlense de bu diziler genellikle korunmuş şekilde kalmaktadır (Wolstenholme vd., 1992). Bu katlanma şekli, genetik çeşitliliği olmasına rağmen işlevsel açıdan önemli bir korunumu ifade eder. tRNA'ların uçlarında yer alan anti-kodon bölgeleri, mRNA'daki kodonlarla eşleşerek doğru amino asitlerin doğru şekilde sentezlenmesini sağlar. Genellikle, yakın akraba türlerdeki tRNA'ların yonca yaprağı şekilleri ve boyutları değişiklik gösterebilir, ancak anti-kodon bölgesi çoğunlukla korunur. Bu durum, mitokondriyal tRNA genlerinin, tRNA'nın genetik kod çözme mekanizmasındaki önemli rolünü sürdürebilmesi için evrimsel olarak korunduğunu gösterir.

rRNA Genleri

Ribozomal RNA (rRNA), ribozom organelinin yapısının oluşmasında görev alan kritik bir moleküldür. Ribozom organeli, büyük ve küçük alt birimlerden oluşur ve her iki alt birimde de rRNA genleri bulunur. Bu genler, ribozomun sekonder yapısını oluşturan ve işlevsel özelliklerini belirleyen önemli bileşenlerdir. Bu sekonder yapı, genellikle tüm türlerde korunmuş bir yapıya sahiptir (de la Cruz vd., 2015). Ribozom organelinin yapısında proteinler ve rRNA bulunur, dolayısıyla ribozomlar nükleoproteinik yapılar olarak kabul edilir. Mitokondriyal genomda bulunan rRNA genlerinin türler arasında genellikle iki kopya şeklinde yer alması, mtDNA'nın belirli bölgelerde konumlanmasına işaret eder. Bu durum, türler arasındaki evrimsel ilişkilerin belirlenmesinde önemli bir veri kaynağı sağlar (Smith vd., 2007). rRNA genlerinin korunmuş yapısı,

filogenetik analizlerde ve evrimsel çalışmalarda, özellikle türler arası karşılaştırmalar yaparken önemli bir belirteç olarak kullanılmaktadır.

Protein Kodlayan Genler (PKG)

Böcekler taksonomisindeki organizmalarda, mtDNA'daki protein kodlayan genler (PKG'ler) genellikle belirli ve sabit bölgelere yerleşmiş durumdadır. Bu özellik, söz konusu gen dizilerinin evrimsel analizlerde yaygın olarak tercih edilmesinin başlıca nedenlerinden biridir (Moritz vd, 1987; Cameron, 2014). Mitokondriyal genomda, oksidatif fosforilasyon ve enerji üretiminde görev alan bu proteinler, canlının yaşamsal fonksiyonları için kritik öneme sahiptir. Bu genler, özellikle filogenetik çalışmalarda, türler arasındaki evrimsel ilişkilerin belirlenmesinde önemli bir referans kaynağı sağlar.

mtDNA'da Kodlama Yapmayan Bölgeler

mtDNA'da kodlama yapmayan bölgeler, genellikle evrimsel analizlerde ve genetik araştırmalarda dikkatlice incelenen alanlardır. Bu bölgelerin uzunlukları ve nükleotid dizilerindeki tekrarlanan formlar, türler arasında belirgin bir değişkenlik göstermektedir. Özellikle kodlama yapmayan genlerin içindeki A+T zengin bölgeler, evrimsel izlerin takip edilmesinde kullanılır ve bu farklılıklar, mtDNA'nın evrimsel süreçlerini anlamaya yardımcı olur (Boore, 1999; Cameron, 2014).

mtDNA'da A+T'ce Zengin Bölge

Mitokondriyal genomda bulunan A+T bakımından zengin bölge, kodlama yapmayan geniş bir alan olarak dikkat çeker. Bu bölgede, adenin (A) ve timin (T) bazlarının sayısı diğer bazlara oranla daha fazla olup, bu nedenle "A-T zengin bölge" olarak adlandırılır. Böcekler taksonunda bu özellik yaygın olup, genellikle sadece bir tane bulunur. A-T zengin bölge hem hafif hem de ağır zincir yapısıyla önemli bir fonksiyonel değere sahiptir. Bunun yanı sıra, mtDNA'nın replikasyonu ve transkripsiyonunun kontrol ve düzenlenmesinde de rol oynar; bu yüzden kontrol noktası olarak tanımlanır (Zhang ve Hewitt, 1997).

Son yıllarda yapılan total mitokondriyal genom çalışmalarının artışı, tüm mitokondriyal genlerin birlikte değerlendirilmesini mümkün kılmış ve bu, morfolojik veya filogenetik olarak ayırt edilemeyen problemleri grupların ilişkilerinin çözülmesinde önemli bir araç olmuştur. Bu nedenle, total

mitokondriyal gen dizileri, entegre taksonomik analizlerde oldukça faydalı ve ayırt edici veri setleri sunmaktadır. Geleneksel Sanger yöntemi, sınırlı dizilemler nedeniyle daha az bilgi sağlamaktadır (Zervas vd., 2019). Bunun aksine, total mitokondriyal genomun elde edilmesi, daha uzun dizilemler yapılmasına imkân vererek, daha kapsamlı ve genel sonuçların elde edilmesini sağlar. Böylelikle, türler arası karşılaştırmalarda daha sağlam evrimsel çıkarımlar yapılabilir. Total mitokondriyal genomun elde edilmesi ve daha düzenli dizilemlerin yapılması, mitokondriyal genom hakkında daha kapsamlı bilgi edinilmesine olanak verir (Hert vd., 2008). Bu yeni yöntemle elde edilen veriler, daha fazla canlı üzerinde yapılan çalışmalar sayesinde, evrimsel süreçler ve popülasyon genetiği hakkında daha fazla bilgi edinilmesine olanak sağlamıştır (Schlötterer vd., 2015).

Ülkemizde, Orthoptera takımına ait mitokondriyal genlerle yapılan çalışmalar genellikle 16S rDNA, Cox1 ve ITS genleri üzerinde yoğunlaşmıştır (Taylan vd., 2013; Kaya vd., 2015; Taylan ve Şirin, 2016; Kaya, 2018; Şirin vd., 2021). Ülkemizde şu ana kadar yapılan total mitokondriyal genom çalışmaları ise oldukça sınırlıdır ve Orthoptera takımına ait yalnızca *Anterastes babadaghi*, *Psorodonotus venosus*, *Poecilimon luschani*, *Poecilimon cretensis*, *Isophya major* ve *Saga natoliae* olmak üzere 6 türün total mitokondriyal genom karakterizasyonu yapılmıştır (Öztürk ve Çıplak, 2019; Karşı ve Çıplak, 2019a,b; Karakaş vd., 2023; Karakaş vd., 2025).

Saginae ile ilgili yapılan filogenetik analizlerde, cox2 geni ve dört nükleer gen dizisi kullanılarak akrabalık ilişkileri incelenmiş ve buna dayalı olarak kladlar oluşturulmuştur. Bu kladlarda, Saginae, diğer Tettigoniidae familyası üyeleriyle birlikte kardeş grup olarak yer almaktadır (Mugleston vd., 2018). Yeni nesil dizileme teknolojileri, geleneksel Sanger yöntemine kıyasla çok daha yüksek veri üretim kapasitesi ve analiz doğruluğu sağlamaktadır. Bu sayede, nadir veya endemik türlerin mitokondriyal genomlarının kapsamlı biçimde karakterize edilmesi mümkün hâle gelmiştir. Bu çalışmada, Hakkâri iline endemik olan *S. hakkarica* türüne ait total mitokondriyal DNA (mtDNA) dizisinin ortaya konması hedeflenmiştir. Elde edilecek veriler aracılığıyla; türün genom büyüklüğü, protein kodlayan gen sayısı, tRNA ve rRNA içerikleri ile kodlama yapmayan A-T zengini

bölgeler gibi yapısal özelliklerin detaylı biçimde analiz edilmesi amaçlanmıştır. *S. hakkarica*'ya ait mitogenom dizisinin ortaya konması, hem bu tür üzerine yapılacak gelecek çalışmalara referans teşkil edecek hem de Orthoptera takımı, Tettigoniidae familyası ve özellikle Saginae altfamilyası içerisindeki moleküler filogenetik ilişkilerin daha doğru biçimde belirlenmesine katkı sağlayacaktır. Ayrıca, bu tez kapsamında elde edilen mitokondriyal genom verileri, Saginae altfamilyasına ait ikinci çalışma niteliğinde olup, bölgesel biyoçeşitlilik araştırmaları açısından da bilimsel açıdan değerli bir kaynak oluşturacaktır. Sonuç olarak, elde edilen mitogenom dizileri GenBank (NCBI) veri tabanına yüklenerek, bilim camiasının erişimine sunulacak ve uluslararası literatürde kullanılabilir hâle gelecektir.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Hexapoda (altı bacaklılar) altşubesi Collembola (sıçrarkuyruklular), Protura (konibaşlılar), Diplura (çatakkuyruklular) ve Insecta (böcekler) olmak üzere dört sınıfa ayrılmaktadır (Zhang, 2011; Du vd., 2024). Insecta sınıfı içerisinde yaklaşık 1,3 milyon tür bulunurken, Orthoptera takımı 29.410 tür içermektedir (Cigliano vd., 2025). Böceklerin yaşam döngüleri, fizyolojik adaptasyonları, anatomik özellikleri, biyoakustik iletişim sistemleri ve nörobiyolojik mekanizmaları, evrimsel ekoloji, davranışsal evrim ve türleşme süreçlerinin anlaşılmasında önemli model sistemler sunmaktadır (Song vd., 2015). Özellikle Orthoptera takımı içerisinde yer alan türlerin çevresel uyaranlara karşı geliştirdikleri fonksiyonel ve davranışsal tepkiler, onların mikroevrimsel dinamiklerini ve türleşme mekanizmalarını açıklamada anahtar rol oynamaktadır. Bu bağlamda, akustik sinyallerin üretimi ve algılanması, çiftleşme sistemi ve habitat özelleşmesi gibi karakterler; filogenetik analizler, populasyon genetiği ve ekolojik modellerle birlikte değerlendirilerek evrimsel senaryoların test edilmesinde kullanılmaktadır.

Orthoptera takımı, Ensifera ve Caelifera olmak üzere iki ana alttakımda gruplandırılmaktadır. Türkiye'de Caelifera alttakımı, Acrididae, Pamphagidae, Tetrigidae, Pyrgomorphidae ve Tridactylidae olmak üzere beş familya ile temsil edilmektedir (Demirsoy, 1977). Ensifera alttakımında ise Tettigoniidae, Gryllotalpidae, Gryllidae, Mogoplistidae, Rhaphidophoridae ve Schizodactylidae olmak üzere toplamda altı familya yer almaktadır. Ensifera alttakımı yaklaşık 17.663 tür içermektedir. Bu türlerin 8479'u (%48'si) Tettigoniidae familyasına aittir (Cigliano vd., 2025). Tettigoniidae familyası 22 altfamilyadan oluşmakta olup, bunlardan üçü fosil, geri kalan 19 altfamilya ise günümüzde yaşayan örnekleri barındıran Orthoptera takımının en kalabalık familyasıdır (Cigliano vd., 2025). Tettigoniidae familyasının kökeninin Batı Palearktik ve Doğu Akdeniz bölgelerine dayandığı düşünülmektedir.

Saginae, Orthoptera takımının Tettigoniidae familyasına ait bir alt familyadır. Saginae alt familyası, beş cinsten oluşmaktadır ve bu cinslere ait toplamda 45 tür tanımlanmıştır (Cigliano vd., 2025). Saginae alt familyasına ait

cinsler; *Saga* Charpentier, 1825, *Clonia* Stål, 1855, *Perigueyella* Saussure, 1888, *Emptera* Saussure, 1888 ve *Cloniella* Kaltenbach, 1971, cinsleridir. *Clonia*, *Cloniella* ve *Perigueyella* cinsleri özellikle Afrika kıtasının Sahra altı (Sub-Saharan) bölgesinde yayılış göstermekte olup, bölgeye özgü ekosistemlere adaptasyon göstermişlerdir. *Saga* cinsi ise Türkiye, Yunanistan ve Balkanlar gibi Güneydoğu Avrupa ülkelerinde yayılım göstermektedir (Şirin vd., 2019; Cigliano vd., 2025). Son olarak, beşinci cins olan *Emptera*, yalnızca Hindistan bölgesinde sınırlı bir yayılışa sahiptir. Bu cinse ait tek tür olan *E. indica* (Herbst, 1786), literatürde yalnızca bir orijinal örnekle tanımlanmış olup, türün varlığına dair başka herhangi bir gözlem ya da koleksiyon örneği bulunmamaktadır.

Çizelge 2. 1. *Saga hakkarica* türünün sistematigi

Phylum	Invertebrata
Subphylum	Hexapoda
Classis	Insecta
Ordo	Orthoptera Oliver, 1789
Subordo	Ensifera Chopard, 1921
Superfamily	Tettigonoidea Krauss, 1902
Family	Tettigoniidae Krauss, 1902
Subfamily	Saginae Brunner von Wattenwyl, 1878
Genus	<i>Saga</i> Charpentier, 1825
Species	<i>Saga hakkarica</i> Şirin & Taylan, 2019

Saginae alt familyası içerisinde, Türkiye'de yayılış gösteren ve yalnızca bu coğrafyaya özgü olan *Saga* cinsine ait endemik türler mevcuttur. *S. cappadocica* (Werner, 1903), *S. hakkarica* Şirin & Taylan, 2019, *S. longicaudata* (Krauss, 1879), *S. puella* (Werner, 1901) ve *S. beieri* (Kaltenbach, 1967) yalnızca Türkiye sınırları içerisinde yayılış gösteren türlerdir. *S. natoliae* (Serville, 1838), *S. syriaca* (Lucas, 1864), *S. rhodiensis* (Salfi, 1929), *S. campbelli* (Uvarov, 1921) ve *S. ephippigera* (Fischer von Waldheim, 1846) türleri ise Türkiye'nin Ege bölgesinde ve Ege Denizi'ndeki komşu adalarda yayılış göstermektedir. Bu doğrultuda, Türkiye ve yakın Ege adalarında toplam 9 tür tespit edilmiştir. Yunanistan ve Balkanlar'da ise *S. campbelli* (Uvarov, 1921), *S. gracilis* (Kis,

1962), *S. hellenica* (Kaltenbach, 1967), *S. ledereri* (Saussure, 1888), *S. ornata* (Burmeister, 1838), *S. pedo* (Pallas, 1771), *S. quadrisignata* (Philippi, 1863) ve *S. rammei* (Kaltenbach, 1965) olmak üzere toplamda 8 tür yayılış göstermektedir. Böylelikle, *Saga* cinsi altında tanımlanmış tür sayısı 17'ye ulaşmaktadır.

Filogenetik çalışmalarda mtDNA dizilerinin kullanılmasının birçok avantajı bulunmaktadır. Bu avantajlar, mitokondriyal genlerde intronların olmaması ve genetik organizasyonun kompakt ve korunmuş olması nedeniyle dizi verilerinin toplanmasının göreceli kolaylığıdır. Dünya genelinde son yıllarda Orthoptera takımı türlerinin total mitokondriyal genomunun dizilenmesi üzerine yapılan çalışmalar hız kazanmıştır. Bu çalışmalar, Orthoptera takımına ait türlerden total mitokondriyal genomun ilk olarak göçmen çekirge *Locusta migratoria* (Caelifera, Acrididae) türünde dizilenmesiyle başlamış ve bu çalışma yayımlanmıştır (Flook vd., 1995). Tettigoniidae familyasının filogenetik yapısının anlaşılmasında mitokondriyal genom analizlerine dayalı çalışmalar, evrimsel ilişkilerin çözümünde güçlü moleküler veriler sunmaktadır (Zhou vd., 2010, 2017; Mugleston vd., 2018; Zhao vd., 2025). Bu analizler sonucunda, Phaneropterinae, Maconematinae, Mecopodinae, Conocephalinae ve Tettigoniinae alt familyalarının filogenetik akrabalıkları istatistiksel olarak desteklenmiş kladistik yapılarla ortaya konmuştur. Mitokondriyal genomlar, genellikle 37 genden (13 protein kodlayıcı gen, 22 tRNA ve 2 rRNA geni) oluşmakta olup, gen sıralamaları ve içerikleri türler arasında büyük ölçüde korunmuştur (Zhang vd., 1995; Zhao vd., 2025). Bu yüksek düzeyde korunum, mitogenomik yapıların fonksiyonel bütünlüğünü yansıttığı gibi, türler arası evrimsel ilişki analizlerinde kullanılabilirliğini de artırmaktadır. Aynı zamanda, gen düzeni, baz kompozisyonu ve kodlama bölgelerinde gözlemlenen konservatif özellikler; filogenetik analizlerde güvenilir moleküler belirteçler olarak değerlendirilmiştir (Cameron, 2014; Wang vd., 2014; Zhao vd., 2025).

Canlıların evrimsel ilişkilerinin belirlenmesinde mtDNA'nın kullanımı, 1980'li yıllardan itibaren artan bir önem kazanmıştır (Moritz vd., 1987). mtDNA'nın evrimsel incelemelerde kullanılmasının temel nedeni, mtDNA'nın yalnızca anneden (maternal) kalıtılmasıdır. Bu özellik, türlerin atalarına dair daha net bilgiler elde edilmesine olanak tanımaktadır (Avdeyev vd., 2016). mtDNA,

hücre içi enerji metabolizmasında görev almasının yanı sıra, evrimsel biyolojide moleküler saat olarak kullanılabilen önemli bir genetik materyaldir. mtDNA'nın evrimleşme hızı, nDNA'ya kıyasla daha yüksek olup, yaklaşık olarak bir milyon yılda %2 civarında bir mutasyon oranı göstermektedir (Brown vd., 1979). Bu yüksek evrimsel hız, mtDNA'yı özellikle yakın akraba türlerin ve populasyonların filogenetik ilişkilerinin ortaya konmasında ve türleşme süreçlerinin zamanlamasının belirlenmesinde son derece değerli kılmaktadır. Mitokondriyal genler arasında, özellikle sitokrom c oksidaz I (Cox1), sitokrom b (Cytb) ve nad genleri; baz değişimlerine duyarlılıkları nedeniyle sıklıkla moleküler filogenetik ve barkodlama çalışmalarında kullanılmaktadır (Soltan-Alinejad vd., 2021). Bununla birlikte, mtDNA'nın maternal kalıtım göstermesi ve rekombinasyon içermemesi, filogenetik analizlerde daha az genetik gürültü ile daha net soyoluş ilişkilerinin kurulmasına olanak sağlar. Ancak bazı çalışmalar, farklı taksonomik gruplarda mtDNA'nın evrim hızının çevresel stres, yaşam süresi ve metabolik oranlara bağlı olarak değişkenlik gösterebileceğini de ortaya koymuştur (Rand, 2001; Nabholz vd., 2008). Bu bağlamda, mtDNA'nın sabit bir moleküler saat gibi ele alınması bazı durumlarda yanıltıcı olabilir; bu nedenle evrimsel analizlerde bu değişkenlik dikkate alınmalıdır. mtDNA ile ilgili yapılan çalışmalarda, belirli belirteçler (markerlar) seçilmektedir. Ancak bu belirteçlerin kullanımı, sağladıkları faydaların yanı sıra bazı zorlukları da beraberinde getirmektedir. Bu zorlukların başında, belirteçlerin yanıltıcı sonuçlar verebilmesi yer almaktadır. mtDNA analizlerinde karşılaşılan bazı zorluklar; heteroplazmi, psödogenler ve mitokondriyal genomda meydana gelebilecek rekombinasyon olaylarıdır. Bu faktörler, doğru sonuçların elde edilmesini zorlaştırabilmektedir (Parr vd., 2006; Wang vd., 2020).

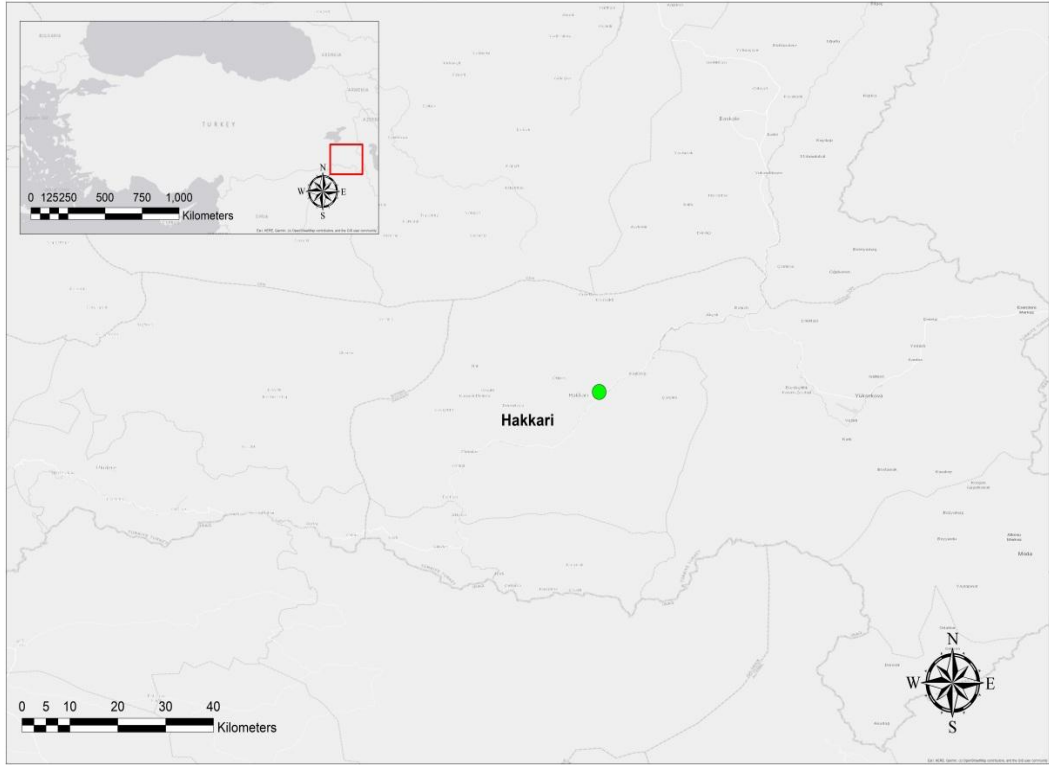
Genel olarak, mitokondriyal genom belirteçlerinin analizinde karşılaşılan metodolojik ve teknik zorluklar, genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve filogenetik çözümlemelerin güvenilirliğinin artırılması açısından önemli sınırlılıklar oluşturmaktadır. Bu zorlukların başlıcaları arasında düşük kaliteli mtDNA izolasyonu, heteroplazmi varlığı, G-C açısından zengin bölgelerde DNA polimerazlarının verimliliğindeki düşüş ve amplifikasyon yanlılığı (bias) gibi teknik problemler yer almaktadır. Geleneksel Sanger dizileme yöntemi, uzun

yıllar boyunca mitokondriyal belirteçlerin analizinde yaygın olarak kullanılmış olsa da, özellikle tüm mitogenom dizilemelerinde sınırlı kalmış ve yaklaşık 1000 bç'lik hedef bölgelerde daha güvenilir sonuçlar verdiği bildirilmiştir (Anderson vd., 1981; Stewart ve Chinnery, 2015). Bu nedenle Sanger yöntemi, çoğunlukla Cox1, Cytb, 12S ve 16S gibi belirli gen bölgelerinin analizinde tercih edilmiştir. Ancak, bu yöntemin düşük verim kapasitesi ile zaman ve maliyet açısından verimsiz oluşu, mitokondriyal genomun tamamının kapsamlı bir şekilde analiz edilmesinde yetersiz kaldığını ortaya koymuştur (Kircher & Kelso, 2010). Bu sınırlamaların aşılmasında yeni nesil dizileme (NGS) teknolojileri, önemli bir dönüm noktası olarak öne çıkmıştır. Özellikle Illumina tabanlı platformlar ile düşük miktarda mtDNA'dan yüksek kapasiteli ve hızlı mitogenom verisi elde etmek mümkün hale gelmiştir. Uzun okuma teknolojileri ise, tekrarlayan bölgeler veya yapısal yeniden düzenlemelerin tespitinde büyük avantaj sağlamaktadır (Crampton-Platt vd., 2016). Ayrıca, total mitokondriyal genomun analizine olanak tanıyan bu teknolojiler sayesinde, mitogenom diziliminde daha az hata oranı ile daha yüksek filogenetik çözünürlük elde edilmiştir (Wang vd., 2020). Son yıllarda, yeni nesil dizileme yöntemleri, daha sağlıklı ve güvenilir sonuçlar elde edilmesini sağlamıştır.

3. MATERİYAL VE YÖNTEM

3.1. *Saga hakkarica* Örneklerinin Toplanması

Tez kapsamında çalışılan, *S. hakkarica* türüne ait örnekler, türün *tip lokalitesi* olan; Hakkari, Bayköy, 2035 m, N: 37°32.89 E: 43°42.70, 09.VII.2024, (leg.: M.S. Taylan & Ş.Beyter) lokalitesinden atrap yardımıyla toplanmıştır (Şekil 3.1.). Toplanan örneklerin teşhisleri ilgili literatürlere göre yapılmış (Kaltenbach, 1964, 1967; Harz, 1969; Kaltenbach, 1970; Şirin vd., 2019) ve, %96' lık etil alkol içerisine konularak, laboraturvar çalışmaları için Hakkari Üniversitesi, Biyolojik Çeşitlilik Uygulama ve Araştırma Merkezi Laboratuvarına (HAKBİYOM) getirilmiştir.



Şekil 3. 1. *Saga hakkarica* türü örneklem lokalitesi



Şekil 3. 2. *Saga hakkarica* türü dişi birey genel görünümü

3.2. Mitokondriyal DNA İzolasyonu

Saga hakkarica türüne ait iki farklı bireyin sağ arka femurlarından, bistüri yardımıyla dış kitin tabakası kesilmiş ve alt tabakadan yaklaşık 150 mg kas dokusu alınmıştır. Elde edilen dokulardan, Abcam firmasına ait mtDNA izolasyon kiti (ab65321) kullanılarak mitokondriyal DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir (Çizelge 3.1.).

Çizelge 3. 1. mtDNA izolasyon basamakları

Uygulama sırası	Prosedür
1	<i>Saga hakkarica</i> türüne ait bireylerden elde edilen yaklaşık 150 mg kas dokusu, 1,0 ml 1X Sitol Ekstraksiyon Tamponu içerisinde süspanse edilmiş ve buz üzerinde 10 dakika süreyle inkübe edilmiştir.
2	İnkübasyonu takiben örnekler, cam spatula yardımıyla buz üzerinde 5 dakika süreyle mekanik olarak homojenize edilmiştir.
3	Homojenatlar 1,5 ml'lik mikro santrifüj tüplerine aktarılmış ve 4 °C'de $1.200 \times g$ 'de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
4	Elde edilen süpernatant yeni bir tüpe alınmış ve 4 °C'de $10.000 \times g$ 'de 30 dakika santrifüj edilmiştir.
5	Santrifüj sonrasında üst faz uzaklaştırılmış, kalan mitokondri peleti 1 ml 1X Sitol Ekstraksiyon Tamponunda yeniden

	süspanse edilerek aynı koşullarda ikinci kez santrifüj edilmiştir.
6	İzole edilen mitokondriler, 30 µl Lizis Tamponu III (Mitokondriyal Lizis Tamponu) içerisinde çözülmüş, üzerine 5 µl Enzim B Karışımı eklenmiş ve 50 °C su banyosunda 60 dakika inkübe edilmiştir.
7	Örneklere 35 µl 5 M amonyum asetat ilave edilmiş, karıştırıldıktan sonra 140 µl saf etanol eklenmiş ve -20 °C’de 30 dakika bekletilmiştir.
8	Örnekler 25.000 rpm hızında 15 dakika santrifüj edilmiş, üst faz uzaklaştırılarak mitokondriyal DNA pelleti elde edilmiştir.
9	mtDNA pelletleri %70 etanol ile yıkanmış ve 15.000 rpm’de 15 dakika santrifüj edilmiştir. Yıkama işlemi iki kez tekrarlanmıştır
10	Üstteki etanol çözeltisi pipet yardımıyla uzaklaştırılmış, pellet oda sıcaklığında 5 dakika bekletilerek alkolün buharlaşması sağlanmıştır.
11	Elde edilen mtDNA pelletleri 30 µl TE Buffer I içerisinde çözülmüş, agaroz jel elektroforezi ile kalite kontrolü yapılmış ve kantitatif ölçümleri gerçekleştirilmiştir. İzole edilen DNA örnekleri, yeni nesil dizileme (NGS) analizleri için hizmet sağlayıcı firmaya gönderilmiştir.

3.3. DNA Kalite Kontrolü ve Kütüphane Hazırlığı

mtDNA örneklerinin bütünlüğünü ve yaklaşık boyutlarını değerlendirmek amacıyla %2’lik agaroz jel elektroforezi uygulanmıştır. Jelde nükleik asitlerin görselleştirilebilmesi için her 100 mL jel çözeltisine %0,01 oranında ABM SafeView™ interkalasyon ajanı eklenmiştir. DNA fragmentlerinin boyut tahmini için Genesta 1 kb DNA Ladder kullanılmıştır. Elektroforez sonucu elde edilen bantlar UV transillüminatör altında görüntülenmiş ve uygun kalitedeki örnek ileri analizler için seçilmiştir. Seçilen mtDNA örneği, MacroGen Europe (Amsterdam, Hollanda) laboratuvarına gönderilmiştir. DNA’nın kalite ve miktar kontrolü, QuantiFluor® dsDNA System (Promega, E2671) kullanılarak ve Victor Nivo Multimode Microplate Reader (PerkinElmer) cihazı ile yapılmıştır. DNA bütünlüğü, Agilent 4200 TapeStation System (G2991BA) ile değerlendirilmiştir. Ayrıca DNA’nın saflığı NanoPhotometer N120 (IMPLEN) cihazı ile 260/280 ve 260/230 oranları üzerinden analiz edilmiştir. NGS analizi için DNA kütüphanesi, Nextera DNA XT Kit (Illumina) kullanılarak hazırlanmıştır. Fragment boyut dağılımı Agilent 2100 Bioanalyzer cihazı ile belirlenmiştir. Kütüphane

konsantrasyonları, Illumina qPCR Quantification protokolüne uygun olarak LightCycler qPCR cihazı ile ölçülmüştür.

3.4. Yeni Nesil Sekanslama İşlemi ve Verilerin Kalite Kontrolü

Sekanslama işlemi Illumina platformu üzerinde yürütülmüş ve paired-end (çift yönlü) 150 bp okuma uzunluğu hedeflenmiştir. Elde edilen sekans verileri FASTQ formatında sunulmuştur. Kalite kontrolü kapsamında, baz başına kalite değerlendirmeleri yapılmış ve Q20/Q30 skorları hesaplanmıştır.

3.5. Mitokondriyal Genomun Birleştirilmesi (Assembly) Süreci

Macrogen firmasından temin edilen ham dizileme verileri, fastq.gz formatında iki dosya olarak sağlanmış ve Galaxy Tools platformu (<https://usegalaxy.eu/>) üzerinden sisteme yüklenmiştir (Afgan vd., 2018). Kalite kontrol ve kırpma işlemleri için, Illumina platformuna özgü verilerde yaygın olarak kullanılan Trimmomatic aracı (Galaxy sürüm 0.39+galaxy2) uygulanmış; düşük kaliteli bazlar temizlenmiş ve eşleştirilmiş uçlar (paired-end reads) hizalanmıştır (Bolger vd., 2014). Kırpılmış veriler, FASTX-toolkit (Galaxy sürüm 1.0.2+galaxy2) ile FASTQ formatından FASTA formatına dönüştürülmüş ve genomun birleştirilmesi (assembly) işlemi için hazır hale getirilmiştir. Mitokondriyal genomun birleştirilmesi, dairesel genomlar üzerinde yüksek doğrulukla çalışan NOVOPlasty yazılımı (Galaxy sürüm 4.3.1+galaxy0) ile gerçekleştirilmiştir (Dierckxsens vd., 2017). Assembly sırasında, ileri ve geri yönlü FASTA dosyaları tanımlanmış; tohum dizisi (seed sequence) olarak NCBI GenBank veritabanında yer alan ve *Saga hakkarica* türüne ait olan Cox1 geni (Accession No: PQ628100) FASTA formatında eklenmiştir. Referans genom seçeneği “Evet” olarak işaretlenmiş ve *Saga natoliae* (Karakaş, 2025) (Orthoptera; Tettigoniidae; Saginae) mitogenomu (PQ636017.1) referans genom olarak kullanılmıştır. Platform olarak “Illumina”, okuma uzunluğu 151 bp ve toplam çift uç uzunluğu 300 bp olarak belirlenmiştir. Assembly parametreleri arasında genom tipi olarak mitokondriyal genom, hedef genom uzunluğu aralığı

olarak 15.000–17.000 bç ve okuma örtüşme uzunluğu olarak 39 bç tanımlanmıştır. “Extend seed” seçeneği devre dışı bırakılmıştır. İşlem sonunda, “dairesele birleştirme” çıktısı elde edilmiş ve *S. hakkarica*’ya ait mitokondriyal genom FASTA formatında eksiksiz olarak birleştirilmiştir.

3.6. Genom Karakterizasyonu

Saga hakkarica türüne ait mitokondriyal genomun genel özellikleri, PROKSEE.CA web uygulaması üzerinden MITOS analiz modülü (Donath vd., 2019; Grant vd., 2023) kullanılarak belirlenmiştir. Bu kapsamda FASTA formatındaki genom verisi sisteme yüklenmiş, “Invertebrate mitochondrial” (omurgasız mitokondrisi) genetik kod parametresi seçilerek anotasyon işlemi gerçekleştirilmiştir. Analiz sonucunda total mtDNA’nın halkasal haritası elde edilmiş ve görselleştirme amacıyla tezde kullanılmıştır.

Anotasyon verileri üzerinden protein kodlayan genler (PCG), tRNA ve rRNA genleri ile kodlama yapmayan bölgeler sistematik biçimde değerlendirilmiştir. Protein kodlayan genlerin konumları, uzunlukları, başlangıç ve bitiş kodonları, zincir yönelimleri (forward–reverse) ve amino asit dizilimleri belirlenmiş; elde edilen veriler NCBI veri tabanında bulunan çekirge türlerine ait mitogenom verileri ile karşılaştırılarak doğrulama yapılmıştır. Aynı şekilde, tRNA genlerinin sayısı, konumları, uzunlukları, antikodon tipleri ve zincir yönelimleri karakterize edilmiştir. rRNA genlerinin başlangıç ve bitiş konumlarının hesaplanmasında ise tRNA genleri referans alınmış, konumlandırmalar NCBI veri tabanındaki çekirge türlerinin mitogenomları ile karşılaştırılarak doğrulanmıştır.

Buna ek olarak, mtDNA üzerinde yer alan kodlama yapmayan bölgeler tanımlanmış, boyutları hesaplanmış ve A+T zenginlik oranları incelenmiştir. Genler arasındaki çakışmalar ve örtüşen bölgelerin belirlenmesinde ise GFF formatında elde edilen anotasyon verileri kullanılarak Google Colab platformunda analizler yapılmıştır. Bu süreçte verilerin işlenmesinde “pandas” (McKinney, 2010) ve “re” kütüphanelerinden yararlanılmıştır. Bu analizler sonucunda, *S.*

hakkarica mitokondriyal genomunun genel organizasyonu ortaya konulmuş; protein kodlayan genler, tRNA ve rRNA genleri ile kodlama yapmayan bölgelerin yapısal ve konumsal özellikleri bütüncül bir şekilde karakterize edilmiştir.

3.7. Mitokondriyal Genom İstatistikleri

Saga hakkarica'ya ait mitokondriyal gen bölgelerine ilişkin nükleotid ve aminoasit düzeyindeki analizler, Python programlama dili kullanılarak Google Colab ortamında gerçekleştirilmiştir (Google, 2025). Analizlerde *Biopython* (Cock vd., 2009), *pandas*, *matplotlib* ve *collections* kütüphanelerinden yararlanılmıştır. Analiz sürecinde, *S. hakkarica*'ya ait FASTA formatındaki mitokondriyal genom dizisi ve GFF3 formatındaki anotasyon verisi Google Colab platformuna yüklenmiş, *Bio.SeqIO* modülü ile tam genom dizisi okunmuştur. GFF3 dosyasından yalnızca "CDS" olarak tanımlanan ve protein kodlayan 13 gen bölgesi filtrelenmiştir. Negatif iplikçikte (strand) bulunan genler için tamamlayıcı diziler ters çevrilerek elde edilmiştir. Her bir gen bölgesi için, toplam nükleotid yüzdeleri (%A, %T, %G, %C), kodlayıcı dizilerde birinci, ikinci ve üçüncü baz pozisyonlarına göre ayrı ayrı nükleotid yüzdeleri, hesaplanmıştır.

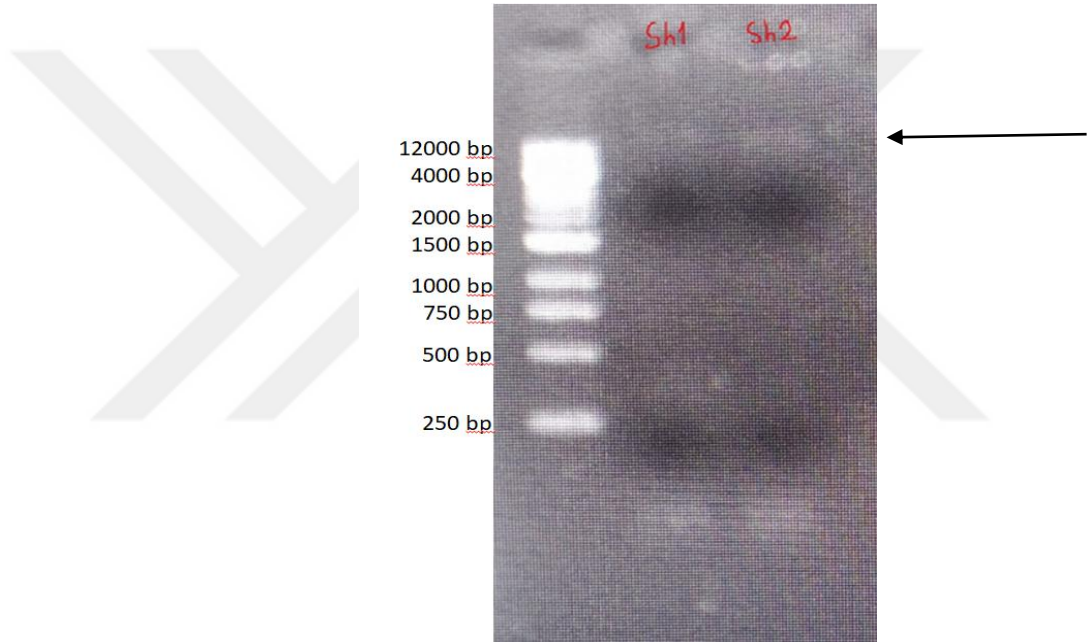
Aminoasit düzeyindeki analizler, daha önce tanımlanan mitokondriyal protein kodlayıcı gen dizilerinin çevirisi yoluyla gerçekleştirilmiştir. Genetik çeviri işlemi, *Biopython* kütüphanesi içerisinde yer alan *Seq.translate* fonksiyonu kullanılarak yapılmış ve NCBI Translation Table 5 (The Invertebrate Mitochondrial Code) esas alınmıştır. Elde edilen protein dizilerindeki her aminoasidin yüzde oranı hesaplanmıştır. Her bir gen için elde edilen protein sekansı, *collections.Counter* modülü ile analiz edilerek aminoasit bileşimi çıkarılmış; hesaplanan bu yüzdelere *pandas* kütüphanesi ile tablollaştırılmıştır.

Aminoasitler, standart üç harfli kodlama sistemine dönüştürülerek karşılaştırmalı analiz yapılmıştır. Ayrıca elde edilen aminoasit yüzdelere ilişkin veriler, her gen ve aminoasit bazında görselleştirme amacıyla ısı haritası (heatmap) formatında sunulmuştur. Görselleştirme işlemleri, *Seaborn* ve *Matplotlib* kütüphaneleri kullanılarak Google Colab ortamında gerçekleştirilmiştir (Hunter vd., 2007; Google, 2025).

4. BULGULAR

4.1. Mitokondriyal DNA İzolasyon Sonuçların Görüntülenmesi

S. hakkarica arka femur kas dokusundan izole edilen mitokondriyal DNA örneklerinin %2 agaroz jel görüntüsü Şekil 4.1’de verilmiştir. Sh1 ve Sh2 örneklerinde, yaklaşık 12.000 bp bandının hemen üzerinde, ~15–16 kb civarında zayıf fakat seçilebilir DNA bantları tespit edilmiştir (Şekil 4.1). Sh1 örneği ile kalite kontrol ve sekanslanma aşamasına devam edilmiştir.



Şekil 4. 1. *Saga hakkarica* türünden elde edilen mtDNA izolasyonu jel görüntüsü

4.2. Mitokondriyal DNA Kalite Kontrolü ve Kütüphane Değerlendirmesi

Macrogen laboratuvarında yapılan ilk değerlendirmelere göre Sh1 örneğinin DNA konsantrasyonu 3,139 ng/μl, toplam hacmi 20 μl ve toplam DNA miktarı 0,063 μg olarak ölçülmüştür. DNA bütünlüğü DIN = 3,5 olarak tespit edilmiştir. Hazırlanan kütüphane, ortalama 879 bp uzunluğa sahip olup, kütüphane konsantrasyonu 0,19 ng/μl (yaklaşık 0,33 nM) olarak belirlenmiştir.

4.3. Yeni Nesil Sekans Verisi ve Kalite Metrikleri

Toplamda 14.508.962 okuma elde edilmiş ve sekans verisinin toplam uzunluğu yaklaşık 2,19 Gbp olarak hesaplanmıştır. GC içeriği %46,8, AT içeriği ise %53,2'dir. Okumaların kalite dağılımında, Q20 değeri %95,7, Q30 değeri ise %89,7 olarak tespit edilmiştir. Her iki okuma yönünde (Read 1 ve Read 2) ortalama kalite skorlarının tüm baz pozisyonlarında Q30'un üzerinde olduğu görülmektedir (Şekil 4.2.). Okumaların ilk pozisyonlarında kalite hızlı bir şekilde yükselmiş, 30–90 bp aralığında oldukça stabil seyretmiş ve 3' uçlara doğru hafif bir düşüş gözlenmiştir. Ancak bu düşüş, Illumina tabanlı dizileme verilerinde tipik olup, skorlar Q30 seviyesinin üzerinde kaldığından okuma güvenilirliği korunmuştur. Bu sonuçlar, elde edilen verilerin genel olarak yüksek kaliteye sahip olduğunu ve assembly ve anotasyon gibi downstream analizler için güvenle kullanılabileceği ortaya konulmuştur.



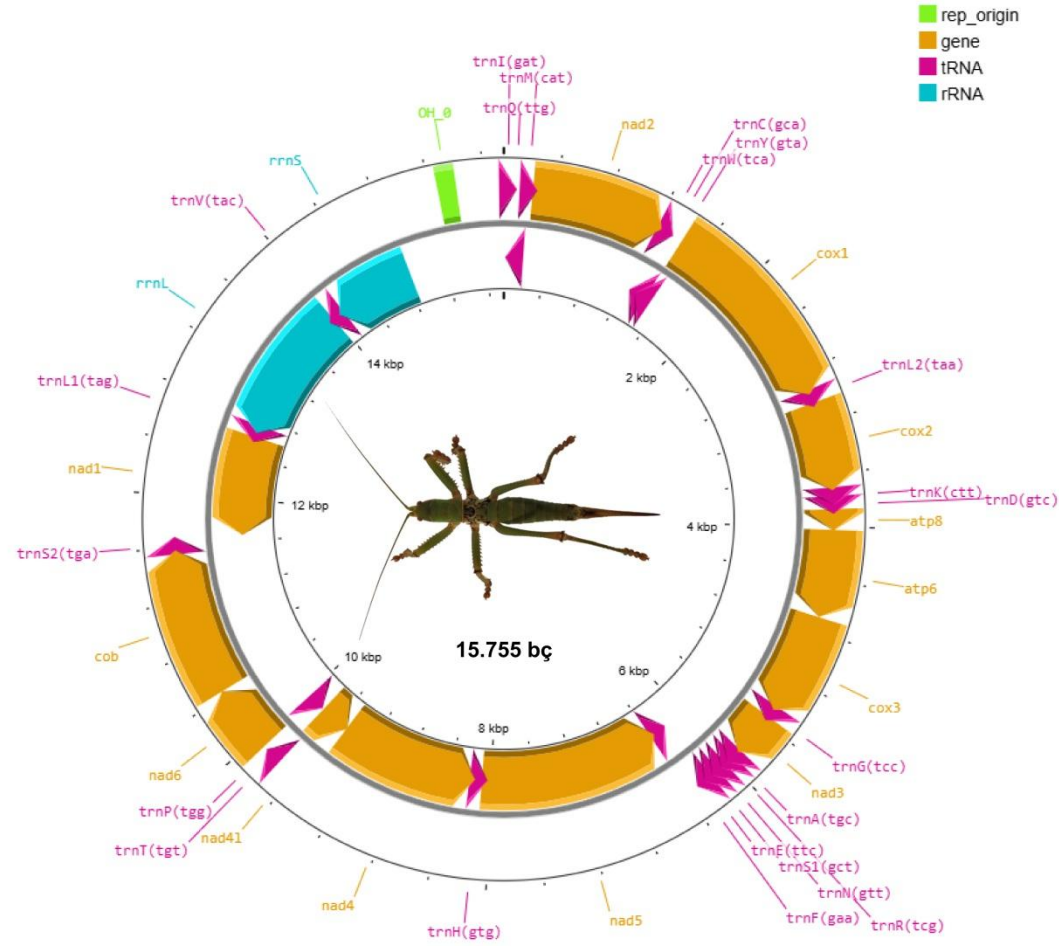
Şekil 4. 2. *Saga hakkarica* örneğine ait Illumina çift uçlu (paired-end, 150 bç) dizileme verisinin baz başına kalite skorları (FastQC raporu). (a) İleri okuma (Read 1); (b) Geri okuma (Read 2). Y eksenini her pozisyondaki ortalama Phred kalite skorunu, X eksenini ise okuma boyunca baz pozisyonlarını göstermektedir. Mavi çizgi ortalama kalite değerlerini, siyah dikey çizgiler ilgili baz pozisyonundaki varyasyonu temsil etmektedir. Yeşil alan yüksek kaliteyi ($Q \geq 30$), sarı alan orta kaliteyi ($Q20-Q30$), kırmızı alan ise düşük kaliteyi ($Q < 20$) göstermektedir.

4.4. Total Mitokondriyal Genom Karakterizasyonu

S. hakkarica türünde PROKSEE.CA uygulamasının MITOS seçeneği ile total mitokondriyal genomun halkasal yapısının elde edilmesiyle, mitokondriyal genomda bulunan genlerin yerleri, gen bölgelerinin sayısı ve özellikleri belirlenmiştir. Yapılan analizler sonucunda, *S. hakkarica* türünden elde edilen örneklerin mitokondriyal genomu 15.755 bç uzunluğunda olduğu saptanmıştır. Mitogenom sekansı ve aminoasit dizisi, Genbank uzmanlarınca onaylanmış ve Genbank veri tabanına kayıt edilmiştir (GenBank number: **PX125591**). *S. hakkarica* mitokondriyal genomunda toplamda 37 gen bölgesi tespit edilmiştir. Bu genler arasında 22 transfer RNA (tRNA) geni, 2 ribozomal RNA (rRNA) geni, 13 protein kodlayan gen (7 NADH dehidrogenaz alt birim geni (nad1–nad6, nad4L), 3 sitokrom c oksidaz alt birim geni (cox1–cox3), 1 sitokrom b (cob) geni, 2 ATP sentaz alt birim geni (atp6, atp8)) ve bir replikasyon orijin bölgesi tespit edilmiştir.

(Şekil 4. 3.). Mitokondriyal genomda yer alan 37 gen bölgesinden 23'ünün forward (F) zincirinde yer aldığı, geri kalan 14 genin ise reverse (R) zincirinde bulunduğu gözlenmiştir.





Şekil 4. 3. *Saga hakkarica* mitogenomunun halkasal haritası

4.4.1. Protein Kodlayan Genlerin Karakterizasyonu

S. hakkarica türünde yapılan analizler neticesinde, toplamda 37 gen bölgesi içerisinde 13 protein kodlayan gen bölgesinin bulunduğu tespit edilmiştir. Bu protein kodlayan genlerin toplam uzunlukları hesaplanarak kaydedilmiştir. Hesaplanan uzunluklar şu şekilde dağılım göstermektedir: nad2 (1029 bç), cox1 (1540 bç), cox2 (682 bç), atp8 (162 bç), atp6 (673 bç), cox3 (787 bç), nad3 (354 bç), nad6 (528 bç), cob (1137 bç). Bu genlerin çoğu mtDNA'nın forward (F) zincirinde yer alırken, geri kalan protein kodlayan genler ise nad5 (1740 bç), nad4 (1339 bç), nad4I (297 bç), nad1 (951 bç) gibi genler reverse (R) zincirinde konumlanmaktadır (Çizelge 4.1.).

Mitokondriyal DNA'nın forward (F) zincirinde en uzun gen cox1 (1540 bç), en kısa gen ise atp8 (162 bç) olarak tespit edilmiştir. Reverse (R) zincirinde ise en uzun gen nad5 (1740 bç), en kısa gen ise nad4I (297 bç) olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.1.). Yapılan bir diğer analizde, protein kodlayan genlerin başlama ve bitiş kodonları belirlenmiştir. Başlama kodonları arasında şu diziler yer almaktadır: ATT (atp8, nad3, nad5, nad6), ATA (atp6), ATG (cob, cox2, cox3, nad4, nad4I), GTG (nad2), TTG (nad1) ve ATC (cox1). Bitiş kodonları ise şu şekildedir: TAA (atp8, nad1, nad2, nad3, nad4I, nad5, nad6, cob), T eksik stop kodunu (cox1, cox2, cox3, nad4, atp6).

Çizelge 4. 1. *Saga hakkarica* türünün mtDNA'sında bulunan gen bölgeleri ve sırası

Gen	Baz başlangıç bölgesi	Baz sonlanış bölgesi	Baz çifti uzunluğu	Start kodon	Stop kodon	Anti-kodon	Genom zinciri
<i>trnI</i>	1	65	65			GAU	F
<i>trnQ</i>	66	134	69			UUG	R
<i>trnM</i>	156	222	67			CAU	F
<i>nad2</i>	223	1251	1029	GTG	TAA		F
<i>trnW</i>	1250	1315	66			UCA	F
<i>trnC</i>	1308	1370	63			GCA	R
<i>trnY</i>	1371	1436	66			GUA	R
<i>cox1</i>	1429	2968	1540	ATC	T--		F
<i>trnL2</i>	2969	3033	65			UAA	F
<i>cox2</i>	3039	3720	682	ATG	T--		F
<i>trnK</i>	3730	3799	70			CUU	F
<i>trnD</i>	3799	3864	66				F
<i>atp8</i>	3865	4026	162	ATT	TAA		F
<i>atp6</i>	4023	4695	673	ATA	T--		F
<i>cox3</i>	4696	5482	787	ATG	T--		F
<i>trnG</i>	5483	5547	65			UCC	F
<i>nad3</i>	5548	5901	354	ATT	TAA		F
<i>trnA</i>	5915	5979	65			UGC	F
<i>trnR</i>	5980	6043	64			UCG	F
<i>trnN</i>	6065	6130	66			GUU	F
<i>trnS1</i>	6139	6205	67			GCU	F
<i>trnE</i>	6206	6274	69			UUC	F
<i>trnF</i>	6273	6338	66			GAA	R
<i>nad5</i>	6349	8088	1740	ATT	TAA		R
<i>trnH</i>	8089	8154	66			GUG	R
<i>nad4</i>	8155	9493	1336	ATG	T--		R
<i>nad4I</i>	9487	9783	297	ATG	TAA		R
<i>trnT</i>	9786	9849	64			UGU	F
<i>trnP</i>	9849	9913	65			UGG	R
<i>nad6</i>	9915	10442	528	ATT	TAA		F
<i>cob</i>	10442	11578	1137	ATG	TAA		F
<i>trnS2</i>	11582	11649	68			UGA	F
<i>nad1</i>	11666	12616	951	TTG	TAA		R
<i>trnL1</i>	12617	12681	65			UAG	R
<i>rrnL</i>	12659	13986	1328				R
<i>trnV</i>	13986	14056	71			UAC	R
<i>rrnS</i>	14058	14842	785				R
<i>A-T zengin bölge</i>	14843	15755	913				

4.4.2. tRNA Genlerinin Karakterizasyonu

S. hakkarica türüne ait yapılan total mitokondriyal genom çalışması sonucunda, mtDNA'da 22 tRNA geni bulunmaktadır ve toplam uzunluklarının 1.458 bç olduğu tespit edilmiştir. Bu 22 tRNA geninden 14'ü mtDNA'nın forward (F) zincirinde, kalan 8 tRNA geni ise reverse (R) zincirinde yer almaktadır. mtDNA'nın F zincirinde bulunan tRNA genlerinin toplam uzunluğu 927 bç, R zincirinde bulunan tRNA genlerinin toplam uzunluğu ise 531 bç olarak tespit edilmiştir. Yapılan analizler sonucunda, *S. hakkarica* türünde yer alan tRNA genlerinin en uzun nükleotid dizilimine sahip gen, 71 bç uzunluğunda olan trnV genidir; bu gen R zincirinde yer almaktadır. En kısa tRNA geni ise 63 bç uzunluğunda olan trnC genidir ve bu gen de R zincirinde bulunmaktadır. Genel olarak, tRNA genlerinin baz çifti uzunlukları 71-63 bç arasında değişkenlik göstermektedir (Çizelge 4.1.).

4.4.3. rRNA Genlerinin Karakterizasyonu

rRNA genlerinde yapılan analizler sonucuna göre, bu genlerin tRNA genleri arasında bulunduğu tespit edilmiştir. tRNA genlerinin kesin yerleri ve dizilimleri, mitokondriyal genomun yapılandırılması ve bu genlerin işlevsel rollerinin anlaşılması açısından önemli bir rol oynamaktadır. *S. hakkarica* türünün mitokondriyal genomunda toplamda iki adet rRNA geni bulunmaktadır ve her ikisi de mtDNA'nın R zincirinde yer almaktadır. Bu genlerin bulunduğu lokuslar, ata mtDNA'sındaki lokuslarla uyum göstermektedir. rRNA genlerinden ilki, trnV geni ile OH (replikasyon orijini) arasında yer alan rrnS genidir ve 785 bç uzunluğundadır. Diğer rRNA geni ise trnL1 geni ile trnV geni arasında yer alan rrnL genidir ve 1.328 bç uzunluğuna sahiptir (Çizelge 4.1.).

4.4.4. İntergenik Bölgelerin Karakterizasyonu

S. hakkarica türünün mitokondriyal genomunda toplamda 12 adet intergenik bölge tespit edilmiştir. Bu 12 bölgenin toplam uzunluğu 110 baz çifti (bç) olarak belirlenmiş olup, bu uzunluklar 1 ile 21 bç arasında değişkenlik göstermektedir. Kodlama yapmayan bu bölgelerin yer aldığı lokasyonlar Çizelge 4.2’de sıralanmıştır

Çizelge 4. 2. *Saga hakkarica* türünde kodlama yapmayan gen bölgeleri

1) trnQ - trnM (21 bç)	2) trnL2 - cox2 (5 bç)	3) cox2 - trnK (9 bç)
4) nad3-trnA (13 bç)	5) trnR – trnN (21 bç)	6) trnN – trnS1 (8 bç)
7) trnF – nad5 (10 bç)	8) nad41-trnT (2 bç)	9) trnP – nad6 (1 bç)
10) cob – trnS2 (3 bç)	11) trnS2 – nad1 (16 bç)	12) trnV – rrnS (1 bç)

4.4.5. Çakışan Bölgelerin Karakterizasyonu

S. hakkarica türünün total mitokondriyal genom analizi sonucunda toplamda 11 adet çakışan bölge tespit edilmiştir. Bu çakışan bölgelerin toplam uzunluğu 58 baz çifti (bç) olarak belirlenmiştir. Çakışan bölgeler Çizelge 4.3’te gösterilmiştir.

Çizelge 4. 3. *Saga hakkarica* türünde çakışan gen bölgeleri

1) nad2-trnW (2 bç)	2) trnW-trnC (8 bç)
3) trnY-cox1 (8 bç)	4) trnK-trnD (1 bç)
5) atp8-atp6 (4 bç)	6) trnE-trnF (2 bç)
7) nad4-nad4l (7 bç)	8) trnT-trnP (1 bç)
9) nad6-cob (1 bç)	10) trnL1-rrnL (23 bç)
11) rrnL-trnV (1 bç)	

Çakışma gösteren bu bölgelerden, en kısa olanları 1 bç uzunluğunda (nad6-cob, rrnL-trnV, trnT-trnP) ve en uzun olanı 23 bç uzunluğunda olup, trnL1 ile rrnL genleri arasında yer almaktadır.

4.4.6. Mitokondriyal Genomun Nükleotid ve Amino Asit Kompozisyonu

S. hakkarica türünün mitokondriyal genomunda yer alan 13 protein kodlayan genin (PKG) nükleotid dizilimleri, kodon pozisyonlarına (1. 2. ve 3.) göre ayrı ayrı değerlendirilmiştir (Çizelge 4.4). Analizler sonucunda, toplam nükleotid kompozisyonunun %28,61 A, %19,24 C, %38,10 T ve %14,05 G olduğu belirlenmiştir. Kodon pozisyonlarına göre baz dağılımında; 1. pozisyonda %30,21 A, %18,29 C, %31,27 T ve %20,23 G; 2. pozisyonda %19,69 A, %21,32 C, %44,85 T ve %14,14 G; 3. pozisyonda ise %35,91 A, %18,12 C, %38,21 T ve %7,76 G değerleri elde edilmiştir.

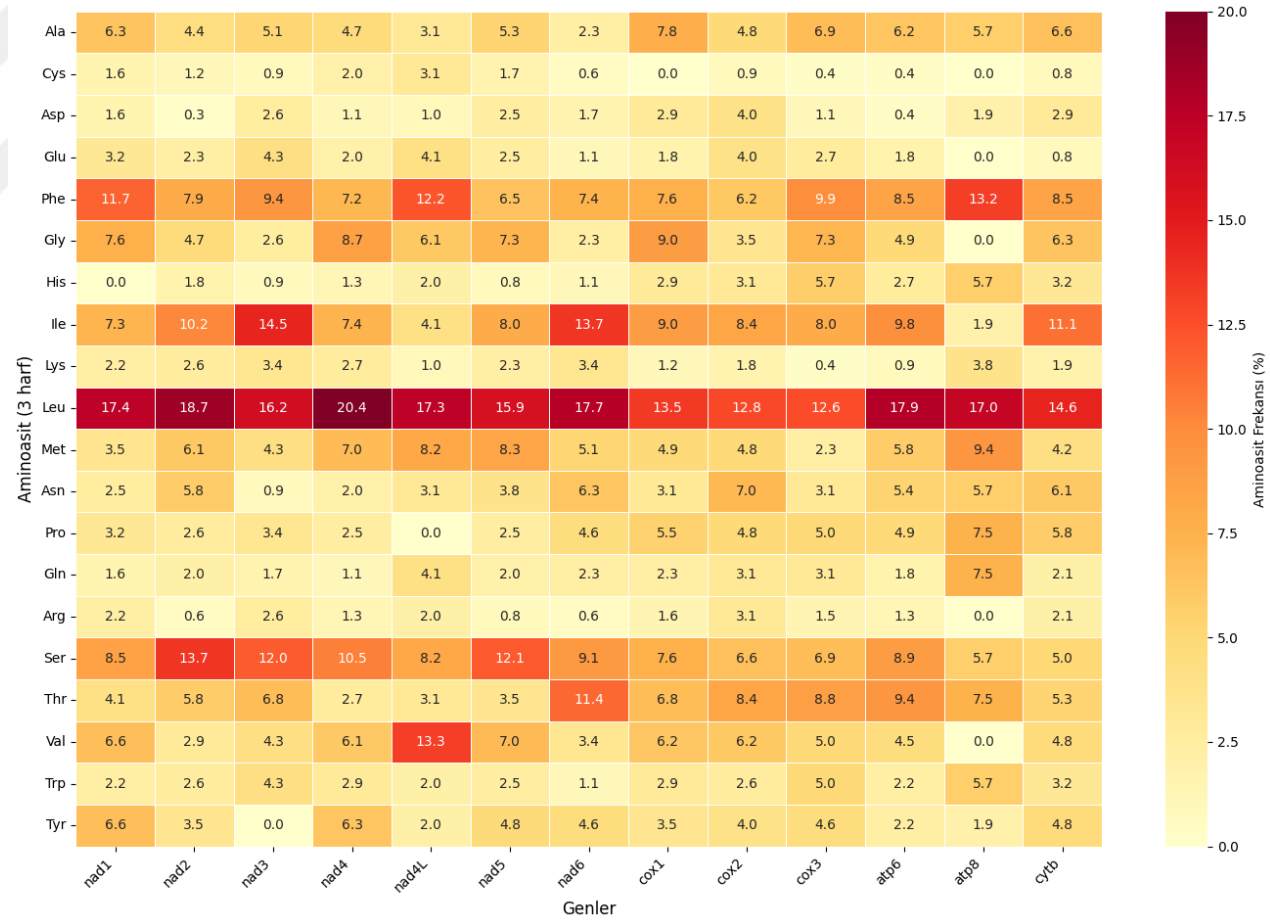
Aminoasit düzeyindeki değerlendirmelerde, her bir protein kodlayan genin çevirisi yapılarak aminoasit bileşimleri hesaplanmıştır (Çizelge 4.5 ve Şekil 4.4). Buna göre Leusin (Leu) %16,30 ile en yüksek oranda temsil edilen aminoasit olurken, onu Fenilalanin (Phe) %8,94 ve Serin (Ser) %8,84 oranları izlemiştir. En düşük oranlar ise Lizin (Lys) %2,12, Arginin (Arg) %1,52 ve Sistein (Cys) %1,03 olarak bulunmuştur.

Çizelge 4. 4. Saga hakkarica türüne ait PKG'lerin kodon pozisyonlarına göre nükleotid baz kompozisyonları (%)

	Genel Baz Kompozisyonu				1. Pozisyon Baz Kompozisyonu				2. Pozisyon Baz Kompozisyonu				3. Pozisyon Baz Kompozisyonu			
PKG	%A	%C	%T	%G	%A1	%C1	%T1	%G1	%A2	%C2	%T2	%G2	%A3	%C3	%T3	%G3
nad1	25,03	9,67	45,22	20,08	23,66	8,20	42,90	25,24	17,98	17,98	46,37	17,67	33,44	2,84	46,37	17,35
nad2	29,35	23,32	36,83	10,50	33,82	19,83	31,78	14,58	18,66	23,32	45,77	12,24	35,57	26,82	32,94	4,66
nad3	29,66	23,16	35,59	11,58	33,05	18,64	29,66	18,64	14,41	23,73	48,31	13,56	41,53	27,12	28,81	2,54
nad4	26,66	8,14	43,91	21,28	27,07	7,16	43,18	22,60	16,59	15,02	47,98	20,40	36,32	2,24	40,58	20,85
nad4L	24,92	7,74	45,45	21,89	21,21	11,11	40,40	27,27	18,18	12,12	54,55	15,15	35,35	0,00	41,41	23,23
nad5	29,64	9,59	40,83	19,94	31,90	7,77	35,87	24,46	19,01	17,19	45,45	18,35	38,02	3,80	41,16	17,02
nad6	30,49	26,89	36,17	6,44	42,05	21,02	26,14	10,80	21,02	25,00	47,16	6,82	28,41	34,66	35,23	1,70
cox1	27,01	22,34	34,94	15,71	27,63	22,37	22,37	27,63	17,74	24,95	41,13	16,18	35,67	19,69	41,33	3,31
cox2	32,40	23,61	31,52	12,46	32,46	21,93	23,25	22,37	26,87	22,47	38,33	12,33	37,89	26,43	33,04	2,64
cox3	27,95	23,25	34,43	14,36	26,62	23,19	27,38	22,81	20,61	23,28	37,79	18,32	36,64	23,28	38,17	1,91
atp6	28,68	22,59	37,89	10,85	34,67	21,33	26,22	17,78	15,18	25,89	46,43	12,50	36,16	20,54	41,07	2,23
atp8	32,72	25,31	36,42	5,56	29,63	31,48	31,48	7,41	27,78	24,07	40,74	7,41	40,74	20,37	37,04	1,85
cytb	27,35	24,54	36,15	11,96	29,02	23,75	25,86	21,37	21,90	22,16	43,01	12,93	31,13	27,70	39,58	1,58
total	28,61	19,24	38,10	14,05	30,21	18,29	31,27	20,23	19,69	21,32	44,85	14,14	35,91	18,12	38,21	7,76

Çizelge 4. 5. Saga hakkarica türünde PKG'lerin amino asit kompozisyonları (%)

	nad1 (%)	nad2 (%)	nad3 (%)	nad4 (%)	nad4L (%)	nad5 (%)	nad6 (%)	cox1 (%)	cox2 (%)	cox3 (%)	atp6 (%)	atp8 (%)	Cytb (%)	Ortalama
Ala	6,33	4,39	5,13	4,71	3,06	5,31	2,29	7,80	4,85	6,87	6,25	5,66	6,61	5,33
Cys	1,58	1,17	0,85	2,02	3,06	1,66	0,57	0,00	0,88	0,38	0,45	0,00	0,79	1,03
Asp	1,58	0,29	2,56	1,12	1,02	2,49	1,71	2,92	3,96	1,15	0,45	1,89	2,91	1,85
Glu	3,16	2,34	4,27	2,02	4,08	2,49	1,14	1,75	3,96	2,67	1,79	0,00	0,79	2,34
Phe	11,71	7,89	9,40	7,17	12,24	6,47	7,43	7,60	6,17	9,92	8,48	13,21	8,47	8,94
Gly	7,59	4,68	2,56	8,74	6,12	7,30	2,29	8,97	3,52	7,25	4,91	0,00	6,35	5,41
His	0,00	1,75	0,85	1,35	2,04	0,83	1,14	2,92	3,08	5,73	2,68	5,66	3,17	2,40
Ile	7,28	10,23	14,53	7,40	4,08	7,96	13,71	8,97	8,37	8,02	9,82	1,89	11,11	8,72
Lys	2,22	2,63	3,42	2,69	1,02	2,32	3,43	1,17	1,76	0,38	0,89	3,77	1,85	2,12
Leu	17,41	18,71	16,24	20,40	17,35	15,92	17,71	13,45	12,78	12,60	17,86	16,98	14,55	16,30
Met	3,48	6,14	4,27	6,95	8,16	8,29	5,14	4,87	4,85	2,29	5,80	9,43	4,23	5,69
Asn	2,53	5,85	0,85	2,02	3,06	3,81	6,29	3,12	7,05	3,05	5,36	5,66	6,08	4,21
Pro	3,16	2,63	3,42	2,47	0,00	2,49	4,57	5,46	4,85	4,96	4,91	7,55	5,82	4,02
Gln	1,58	2,05	1,71	1,12	4,08	1,99	2,29	2,34	3,08	3,05	1,79	7,55	2,12	2,67
Arg	2,22	0,58	2,56	1,35	2,04	0,83	0,57	1,56	3,08	1,53	1,34	0,00	2,12	1,52
Ser	8,54	13,74	11,97	10,54	8,16	12,11	9,14	7,60	6,61	6,87	8,93	5,66	5,03	8,84
Thr	4,11	5,85	6,84	2,69	3,06	3,48	11,43	6,82	8,37	8,78	9,38	7,55	5,29	6,43
Val	6,65	2,92	4,27	6,05	13,27	6,97	3,43	6,24	6,17	4,96	4,46	0,00	4,76	5,40
Trp	2,22	2,63	4,27	2,91	2,04	2,49	1,14	2,92	2,64	4,96	2,23	5,66	3,17	3,02
Tyr	6,65	3,51	0,00	6,28	2,04	4,81	4,57	3,51	3,96	4,58	2,23	1,89	4,76	3,75



Şekil 4. 4. *Saga hakkarica* türünde PKG'lerin kodon-amino asit frekanslarına ilişkin ısı haritası

5. TARTIŞMA

Bu tez çalışması kapsamında Saginae alt familyasında yer alan *Saga* cinsine ait *S. hakkarica* türünün mtDNA dizileri elde edilmiş ve gen karakterizasyonu ortaya çıkarılmıştır. Elde edilen bulgular, Saginae alt familyasının yer aldığı Tettinoniidae familyasında yer alan taksonların bilinen veriler ile karşılaştırılarak mtDNA ve genlerin karakterizasyonu evrimsel açıdan değerlendirilmiştir. Saginae alt familyasında *Saga* cinsine ait şimdiye kadar yalnızca bir türün (*S. natoliae*) mitokondriyal genomu ortaya konmuştur. Bu çalışma ile *S. hakkarica* türünün mtDNA verisi ortaya çıkarılarak bu sayı 2'ye çıkarılmış ve mitogenom verilerinin intragenerik değerlendirilme fırsatı oluşmuştur.

5.1. Mitokondriyal Genomun Yapısı ve Biyolojik İşlevi

S. hakkarica türüne ait mitokondriyal genomun uzunluğu 15.755 bp olup toplamda 37 gen bölgesi tespit edilmiştir. Bu bölgeler 13 protein kodlayan gen, 22 tRNA, 2 rRNA ve AT-zengin bölge içerisinde tanımlanan bir replikasyon orijinininden oluşmaktadır. Protein kodlayan genler, oksidatif fosforilasyon mekanizmasında görev alan NAD, COX, ATP ve COB komplekslerinin alt birimlerini kodlamaktadır. Genlerin hem forward hem de reverse zincirlerde yerleşim göstermesi, mitokondriyal genomun yapısal organizasyonunun evrimsel süreçte çeşitlilik gösterebildiğini ortaya koymaktadır. Elde edilen bulgular, *S. hakkarica* mitogenomunun içerdiği gen sayısı bakımından, *Saga natoliae* ve Tettigoniidae familyasına ait veri tabanında bulunan diğer türlerle benzer olduğunu göstermiştir (Cameron vd., 2014; Zhang vd., 2017; Yuan vd., 2021; Karakaş vd., 2025)

5.2. Protein Kodlayan Genlerin Karakterizasyonu

Böceklerin mitokondriyal genomu, ortalama 15–18 kb uzunluğunda küçük ve dairesel yapıda bir DNA molekülüdür. Genomda toplam 37 gen yer alır:

bunların 13'ü protein kodlayan gen olup mitokondriyal elektron taşıma zincirindeki beş kompleksin dördüne ait alt birimlerin sentezinden sorumludur; diğerleri ise iki ribozomal RNA ve 22 transfer RNA genidir (Cameron vd., 2014). Bu 37 genlik mitokondriyal DNA yapısı, yalnızca birkaç istisna dışında tüm bilaterian metazonlarda korunmuştur (Boore, 1999). Genlere ek olarak, mitokondriyal DNA'da kodlama yapmayan bazı bölgeler de bulunur. Bu bölgelerden en geniş, hem DNA replikasyonu hem de transkripsiyon için başlangıç noktalarını taşıyan ve literatürde kontrol bölgesi olarak bilinen kısımdır. Çeşitli kaynaklarda bu bölge, A+T zengin bölge ya da majör kodlamayan bölge olarak da anılmaktadır (Cameron vd., 2014). *Saga hakkarica* mitogenom analizleri sonrasında 15.755 bç uzunluğunda olduğu ve 37 gen bölgesi içerdiği saptanmıştır. *S. hakkarica* türünün mitokondriyal genomunda toplam 37 gen bölgesi tespit edilmiştir. Bu genler; 22 transfer RNA (tRNA) geni, 2 ribozomal RNA (rRNA) geni, 13 protein kodlayan gen ve bir replikasyon orijin bölgesinden oluşmaktadır. Protein kodlayan genler; 7 NADH dehidrogenaz alt birim geni (nad1–nad6, nad4L), 3 sitokrom c oksidaz alt birim geni (cox1–cox3), 1 sitokrom b geni (cob) ve 2 ATP sentaz alt birim genini (atp6, atp8) kapsamaktadır. İleri zincirde yer alan protein kodlayan genler sırasıyla: nad2 (1029 bç), cox1 (1540 bç), cox2 (682 bç), atp8 (162 bç), atp6 (673 bç), cox3 (787 bç), nad3 (354 bç), nad6 (528 bç) ve cob (1137 bç) olarak belirlenmiştir. Geri zincirde bulunan genler ise nad5 (1740 bç), nad4 (1339 bç), nad4L (297 bç) ve nad1 (951 bç) şeklindedir. Elde edilen bulgular, literatürde bildirilen sonuçlarla büyük ölçüde örtüşmektedir. Örneğin, Pang vd. (2024) Tettigoniidae familyası ile Meconematinae alt familyasına ait dokuz türü kapsayan mitogenom karakterizasyonu çalışmasında da 15,627 bç ile 17,461 bç arasında değişen uzunluklarda 37 gen bölgesi tanımlanmıştır. Bu çalışmada, en uzun genin nad5 olduğu ve *S. hakkarica*'daki 1740 bç uzunluğa kıyasla yalnızca 8 baz kısa (1732 bç) olduğu belirtilmiştir. Ayrıca, dokuz tür arasında ortak uzunluklara sahip olan nad2 (1029 bç), atp6 (678 bç), nad3 (354 bç), nad4L (297 bç), nad6 (528 bç) ve cob (1137 bç) genleri de rapor edilmiştir. Bu genlerden atp6 (3 bç fark) dışındaki tüm genler, *S. hakkarica* ile birebir uyum göstermektedir. Buna karşın Zhang vd. (2016) yaptığı çalışmada Acrididae familyası altında bulunan *Tonkinacris sinensis*'te ise sadece nad3 (354

bç) ve cob (1137 bç) genlerin benzer uzunlukta olduğu saptanmıştır. Bu farklılıklar Pang vd. (2024) tarafından yapılan çalışmadaki genlerin evrimleşme hızları ile örtüşmektedir. Genler arasında en düşük evrimsel hıza sahip olanlar cob, cox1, cox3, atp6, cox2 ve nad3 genleri iken en hızlı olanlar ise nad6, atp8, nad4 ve nad2 olmuştur.

Uzak familyalar arasındaki genlerin uzunluklarında, başlama ve stop kodonlarında farklılıklar olsa da, bir cinse ait türlerin mitogenomlarında daha fazla benzerlik olması beklenmektedir. Nitekim bu yapılan çalışma ile beraber Tettigoniidae familyası, Saginae alt familyası altında bulunan *Saga* cinsine ait iki türün mitogenom açısından karşılaştırılması mümkün olmuştur. *Saga hakkarica* (15.755 bç) ve *Saga natoliae* (15.806 bç) (Karakaş vd., 2025) türlerine ait mitogenomların karşılaştırmalı analizi sonucunda her iki türde de tipik olarak 13 protein kodlayan gen (PCG), 22 tRNA ve 2 rRNA bulunduğunu ortaya koymuştur. Bu yapı, Ensifera mitogenomlarının genel organizasyonu ile uyumludur (Zhang & Hewitt, 1997; Cameron, 2014; Pang vd., 2024). Bu iki tür arasında 52 bç bir farkın oluşmasında kontrol bölgelerinin farklılığının (Pang vd., 2024) katkısı olsada derinlemesine incelendiğinde, gen sınırları ve uzunluklarında arasında da dikkate değer farklılıkların mevcut olduğunu tespit edilmiştir. İki tür arasında AT8 (162 bç), ND3 (354 bç), ND4 (1339 bç), ND4L (297 bç), ND6 (528 bç), ND1 (951 bç) genlerinin büyüklükleri aynı olduğu tespit edilirken bazı genlerde önemli farklılıklar dikkat çekmektedir. Örneğin, ND2 geni *S. natoliae*'de 987 bç iken *S. hakkarica*'da 1029 bç uzunluğundadır. Benzer şekilde, COX1 geni sırasıyla 1531 bç ve 1540 bç, ATP6 geni ise 658 bç ve 673 bç uzunluğundadır. Uzunluk farklılıkları, 13 genin 7'sinde bulunurken, bunların arasından özellikle COX1, COX2, ATP6, ND2 ve ND5 gibi genlerde daha belirgin olduğu tespit edilmiştir.

Gen uzunluklarının yanı sıra, familya ve türler arasında başlangıç ve sonlanma kodonlarında da farklılıklar gözlenmektedir. Genetik kod varyasyonları özellikle başlangıç ve durdurma kodonlarını etkilemektedir (Watanabe vd., 2011). Mitogenomlarda birçok protein kodlayan genin yalnızca eksik durdurma (stop) kodonlarına (örneğin TA veya T) sahip olduğu ve bu eksik kodonların *poliadenilasyon süreciyle* tamamlanarak işlevsel durdurma kodonlarına dönüştüğü

bildirilmiştir (Ojala vd., 1988; Taanman, 1999). Ayrıca bazı omurgasız gruplarında protein kodlayan genlerin sıklıkla genetik kod tablolarında tanımlı olmayan, yani kanonik olmayan başlangıç kodonlarıyla başladığı da rapor edilmiştir. Kod tablosu 5'i (omurgasız mitokondriyal kodu) kullanan taksonlarda, anotasyonlanan kanonik olmayan başlangıç kodunu TTA, tanımlanmış olan TTG başlangıç kodonunu, TTR başlangıç kodon kutusuna genişletmektedir ve kanonik olmayan başlangıç kodonları ACG, CAA, CCG, CGA ve TCG de RefSeq anotasyonlarında bulunabilmektedir (Donath vd., 2019). *Saga hakkarica*'da tespit edilen başlangıç kodonları ATT (*atp8*, *nad3*, *nad5*, *nad6*), ATA (*atp6*), ATG (*cob*, *cox2*, *cox3*, *nad4*, *nad4I*), GTG (*nad2*), TTG (*nad1*) ve ATC (*cox1*) olarak belirlenmiştir. Pang vd. (2024) çalışmasında protein kodlayan genlerin çoğunlukla ATN kodonları ile başladığı, ancak incelenen dokuz türün yedisinde *nad1* geninin TTG ile başladığı rapor edilmiştir. Benzer şekilde, *S. hakkarica*'da da *nad1* geninin TTG ile başladığı saptanmış olup, bu durum *Saga natoliae* için de bildirilmiştir (Karakaş vd., 2025).

Stop kodonları açısından türler arasında dikkate değer farklılıklar mevcuttur. Pang vd. (2024), türler arasında T veya TA gibi tamamlanmamış durdurma kodonlarının yaygın olduğunu, TAG stop kodonunun ise yalnızca *cob* ve *nad1* genlerinde görüldüğünü bildirmiştir. *S. hakkarica*'da ise yalnızca TAA (*atp8*, *nad1*, *nad2*, *nad3*, *nad4I*, *nad5*, *nad6*, *cob*) ve T (*cox1*, *cox2*, *cox3*, *nad4*, *atp6*) stop kodonları belirlenmiştir. Öte yandan, *S. natoliae*'da yapılan çalışmada T eksik stop kodonları yalnızca *nad4* ve *cox2* genlerinde rapor edilmiştir (Karakaş vd., 2025). Benzer şekilde, *Tonkinacris sinensis*'te ise eksik stop kodonlarının *cox2* ve *nad2* genlerinde, TAG stop kodonunun ise *nad1* geninde bulunduğu belirtilmiştir (Zhang vd., 2016).

Intragenerik açıdan bakıldığında *S. hakkarica* ve *S. natoliae* ve total mitogenomlarının bezerlik oranları % 83.40'tır. Bu iki tür arasındaki farkın oluşmasında evrimsel arkaplan (ayrışma zamanı), kontrol bölgelerindeki varyasyon çeşitliliği ve 3. kodon pozisyonlarının varyasyonlarının rol aldığı düşünülmektedir. Ancak, 13 genin 7'sindeki aminoasit uzunlukları ve kompozisyonları arasındaki farklılıkların, evrimsel süreç haricinde, anotasyondan kaynaklı olabileceği de ihmal edilmemelidir. Bu bulgular, Tettigoniidae (Ensifera)

mitogenomlarının incelenmesinde kanonik olmayan başlangıç kodonları ve incomplete stop kodonların (T—) mutlaka dikkate alınması gerektiğini ve anotasyon sürecinin yalnızca otomatik yazılımlara bırakılmaması gerektiğini açıkça ortaya koymaktadır. Bu nedenle, otomatik anotasyonların ardından benzer türlerle karşılaştırmalar yapılarak manuel düzeltmelerin gerçekleştirilmesi önerilmektedir (Pang vd., 2024).

Nitekim literatürde, MITOS yazılımını kullanan araştırmacılar tarafından başlangıç ve stop kodonlarının yanlış tahmin edilmesinden kaynaklanan anotasyon hatalarının oldukça sık rapor edildiği bildirilmektedir (Iwasaki vd., 2013; Cameron vd., 2014; Hall vd., 2016). Her ne kadar Donath vd. (2019) olasılıksal yöntem çalışmalarıyla MITOS2 algoritması geliştirilmiş olsa da, bu çalışma kapsamında *S. hakkarica* mitogenom FASTA'sı üzerinden yapılan karşılaştırmalı anotasyonlarda MITOS (Proksee.ca) ve MITOS2 (Galaxy tools) yazılımları benzer hatalar üretmiş; dolayısıyla referans türlerle karşılaştırmaya dayalı manuel düzeltmelere ihtiyaç duyulmuştur.

Analizler sonucunda, kodon pozisyonları arasındaki nükleotid dağılımlarında belirgin farklılıklar saptanmış; özellikle üçüncü baz pozisyonunda A+T içeriğinin (~%74) diğer pozisyonlara kıyasla daha yüksek olduğu görülmüştür (Çizelge 4.5). Bu bulgu, mitokondriyal genlerde üçüncü kodon pozisyonlarının nükleotid kompozisyon “biası” ve “skew” etkilerine en duyarlı bölgeler olduğunu vurgulamaktadır. Nitekim literatürde de üçüncü kodon pozisyonlarının filogenetik analizlerde iki yönlü bir rol oynayabileceği belirtilmiştir: bazı taksonomik gruplarda ciddi artefaktlara yol açarken (ör. Dictyoptera), diğerlerinde ise esas filogenetik sinyalin ana kaynağını oluşturabilmektedir (ör. Calliphoridae) (Cameron, 2014). Dolayısıyla, üçüncü kodon pozisyonlarının dahil edilip edilmemesi, analiz ölçeğine ve incelenen taksonun özelliklerine göre dikkatle değerlendirilmelidir. Bu bulgular, mitokondriyal genomun genel nükleotid kompozisyonunun yanı sıra protein dizilerinde amino asit bileşiminin şekillenmesinde kodon konumlarının önemli rol oynadığını ortaya koymaktadır.

Bu analizler, *S. hakkarica* mitogenomunda yer alan 13 protein kodlayan genin özelliklerini ortaya koymuş ve bu genlerin GenBank veritabanında bulunan

Orthoptera takımı mitogenomlarıyla uyumlu olduğunu göstermiştir. Protein kodlayan genlerin nükleotid dizilimleri ve kodon kullanımları, mitokondriyal genomun genel işlevselliği açısından belirleyici faktörlerdir. Elde edilen bulgular, *S. hakkarica* mitogenomunun diğer çekirge türleriyle olan genetik benzerliklerini ortaya koymakta ve ilerde yapılacak filogenetik analizlerce türün evrimsel ilişkilerinin daha iyi anlaşılmasına katkı sağlayacaktır.

5.3. Çakışan ve İntergenik Bölgelerin Karakterizasyonu

S. hakkarica türünün mitokondriyal genomunda toplam 12 intergenik bölge tespit edilmiştir. Bu bölgelerin toplam uzunluğu 110 baz çifti (bç) olup, uzunlukları 1–21 bç arasında değişkenlik göstermektedir (Çizelge 4.2). Benzer şekilde, Meconematinae altfamilyasına ait türlerde 8 ila 11 intergenik bölge bulunduğu ve bu bölgelerin uzunluklarının da *S. hakkarica*'ya benzer biçimde 1–21 bç arasında değiştiği bildirilmiştir (Pang vd., 2024). Örneğin, Pang vd. (2024) çalışmasında *Grigiora cheni*'de trnS2–nad1 arasında 21 bç, diğer sekiz türde ise 16 bç uzunluğunda intergenik bölge olduğu, ayrıca trnP–nad6 arasında dokuz türde 1 bç'lik intergenik bölge bulunduğu rapor edilmiştir. *S. hakkarica*'da da bu bölgeler sırasıyla 16 bç ve 1 bç uzunluğundadır.

Çakışan gen bölgeleri incelendiğinde, *S. hakkarica* mitogenomunda toplam 11 çakışma bölgesi belirlenmiş olup, bu bölgelerin toplam uzunluğu 58 bç'dir (Çizelge 4.3). Literatürde, Orthoptera takımına ait türlerde çakışan gen bölgelerinin 12–17 arasında değiştiği bildirilmektedir (Zhang vd., 2016; Pang vd., 2024; Karakaş vd., 2025). *S. hakkarica*, Meconematinae altfamilyasındaki dokuz tür ile (Pang vd., 2024) 6 çakışan gen bölgesinde tamamen benzerlik göstermektedir. Bu bölgeler; 1 bç uzunluğunda trnK–trnD, trnT–trnP ve nad6–cob, 2 bç uzunluğunda nad2–trnW, ve 8 bç uzunluğunda trnW–trnC ile trnY–cox1'dir. Bu altı benzerlikten, yalnızca trnY–cox1 (8 bç) çakışması *S. natoliae* (2 bç) (Karakaş vd., 2025) ile farklılık göstermektedir.

5.4. tRNA ve rRNA Genlerinin Karakterizasyonu

S. hakkarica mitogenom analizleri sonucunda toplam 22 tRNA geni [trnI (65 bç), trnQ (69 bç), trnM (67 bç), trnW (66 bç), trnC (63 bç), trnY (66 bç), trnL2 (65 bç), trnK (70 bç), trnD (66 bç), trnG (65 bç), trnA (65 bç), trnR (64 bç), trnN (66 bç), trnS1 (67 bç), trnE (69 bç), trnF (66 bç), trnH (66 bç), trnT (64 bç), trnP (65 bç), trnS2 (68 bç), trnL1 (65 bç) ve trnV (71 bç)] ile iki ribozomal RNA geni [rrnL (1328 bç) ve rrnS (785 bç)] tanımlanmıştır. *S. hakkarica*'ya ait tRNA genlerinin uzunlukları 63–71 bç arasında değişmektedir. Bu bulgular, farklı Orthoptera türleri için bildirilen tRNA uzunlukları ile uyumludur. Örneğin, Pang vd. (2024), Meconematinae altfamilyasına ait dokuz türde tRNA uzunluklarının 63–71 bç aralığında olduğunu rapor etmiştir. Benzer şekilde, *Saga natoliae*'de tRNA uzunluklarının 62–71 bç arasında olduğu bildirilmiştir (Karakaş vd., 2025). Daha uzak bir familyaya (Acrididae) ait bir tür olan *Tonkinacris sinensis*'te ise bu değerlerin 63–76 bç arasında değiştiği ifade edilmiştir (Zhang vd., 2016). Pang ve vd. (2024), özellikle trnW (66 bç), trnK (70 bç), trnS1 (61 bç), trnS2 (69 bç) ve trnV (71 bç) genlerinin dokuz türde ortak uzunluklara sahip olduğunu belirtmiştir. Bu genlerin üçü (trnW, trnK ve trnV), *S. hakkarica*'da da aynı uzunluklarla korunmuştur. *S. hakkarica* ile *S. natoliae* arasında yapılan karşılaştırmada ise sadece yedi tRNA geninde (trnM, trnW, trnC, trnY, trnL2, trnE, trnF) uzunluk farklılığı olduğu, fakat bu farklılıkların yalnızca 1 bç ile sınırlı olduğu belirlenmiştir. Bu durum, yakın akraba türlerde tRNA uzunluklarının yüksek oranda korunduğunu göstermektedir. rRNA genleri incelendiğinde, rrnL'nin trnL1 ile trnV arasında, rrnS'nin ise trnV ile kontrol bölgesi arasında konumlandığı tespit edilmiştir. Bu düzenleme, Orthoptera mitogenomlarında bildirilen genel gen organizasyonu ile uyumludur (Zhang vd., 2016; Pang vd., 2024; Karakaş vd., 2025). *S. hakkarica*'da rrnL'nin uzunluğu 1328 bç, rrnS'nin uzunluğu ise 785 bç olarak belirlenmiştir. Meconematinae altfamilyasına ait türlerde rrnL 1308–1316 bç, rrnS 787–792 bç aralığında değişim göstermektedir (Pang vd., 2024). *S. natoliae*'de ise bu değerler rrnL için 1304 bç, rrnS için 780 bç olarak bildirilmiştir.

(Karakaş vd., 2025). Daha uzak bir tür olan *Tonkinacris sinensis*'te rrnL 1314 bç, rrnS ise 807 bç uzunluğunda rapor edilmiştir (Zhang vd., 2016).

5.5. Kontrol Bölgesi

Mitokondriyal genomlarda protein kodlayan genler, rRNA ve tRNA genlerinin yanı sıra, genellikle en geniş kodlama yapmayan bölge olarak kontrol bölgesi (CR, control region) bulunmaktadır. Bu bölge, DNA replikasyonu ve transkripsiyonunun başlangıç noktalarını içermesi nedeniyle genomun düzenlenmesinde kritik bir role sahiptir (Boore, 1999; Zhang vd., 2016). Çoğunlukla A+T açısından zengin olan kontrol bölgesi, literatürde “AT-rich region” veya memelilerde görülen üç zincirli DNA yapısından dolayı “D-loop” bölgesi olarak da adlandırılmaktadır (Clayton, 1991). Kontrol bölgesi, genellikle rrnS ile bitişik bir tRNA geni (örneğin trnI, trnQ veya trnV) arasında konumlanmakta olup, uzunluğu ve yapısal özellikleri türler arasında büyük farklılıklar gösterebilmektedir. Bu değişkenlik, mitogenomun evrimsel dinamikleri hakkında bilgi sağlamanın yanı sıra, türler arası karşılaştırmalarda filogenetik ve taksonomik açıdan değerli bir karakter olarak kullanılmaktadır (Cameron, 2014).

Saga hakkarica'da kontrol bölgesinin uzunluğu 913 bç olarak belirlenmiştir. Bu bölge, rrnS ile trnI genleri arasında konumlanmakta olup OH (ağır zincir replikasyon orijini) bölgesini de içermektedir. Ayrıca yüksek oranda A+T (%77.2) içeriği göstermektedir. Bu bölgede bulunan tandem tekrarlarının varlığı ve uzunluk farklılıkları, türler arası karşılaştırmalarda kullanılmaktadır (Pang vd., 2024). Türler arasında hem kontrol bölgesi uzunlukları hem de tandem tekrar dizilimlerinde dikkate değer varyasyonlar mevcuttur. Örneğin, *S. natoliae*'de kontrol bölgesi uzunluğu yaklaşık 910 bç olarak rapor edilmişken (Karakaş vd., 2025), daha uzak bir tür olan *Tonkinacris sinensis*'te bu uzunluk 795 bç olarak bildirilmiştir (Zhang vd., 2016). Pang vd. (2024) yaptıkları çalışmada türler arasında tandem tekrarlarının tamamıyla bir birinden farklı olduğu belirtilmiştir.

6. SONUÇ

Bu tez çalışmasında, Orthoptera takımı, Tettigoniidae familyası, Saginae alt familyası içerisinde yer alan *Saga hakkarica* türüne ait mitokondriyal genom ilk kez karakterize edilmiştir. Elde edilen mitogenom verileri, türün toplam 15.755 baz çifti uzunluğunda, 13 protein kodlayan gen, 22 transfer RNA (tRNA), 2 ribozomal RNA (rRNA) ve bir kontrol bölgesinden oluşan tipik bir hayvan mitogenomu yapısına sahip olduğunu ortaya koymuştur. Bu yapı, *S. natoliae* ve diğer Tettigoniidae üyeleriyle yüksek oranda benzerlik göstermektedir. Çalışma sonucunda *S. hakkarica*'nın mitogenomu, hem yapısal hem de işlevsel açıdan detaylı şekilde analiz edilmiş; genlerin konumları, uzunlukları, başlangıç ve durdurma kodonları belirlenmiş, intergenik ve çakışan bölgeler incelenmiş, tRNA ve rRNA genleri karakterize edilmiştir. Özellikle başlangıç ve stop kodonlarındaki kanonik olmayan varyasyonlar, eksik stop kodonları ve anotasyon sürecinde dikkatli manuel düzeltmelerin gerekliliğini ortaya çıkarmaktadır. İntragenerik karşılaştırmalarda *S. hakkarica* ve *S. natoliae* türleri arasındaki genel mitogenom benzerlik oranı % 83,40 olarak hesaplanmıştır. Bununla birlikte, gen uzunlukları, kodon kullanımı ve kontrol bölgesi yapılarındaki farklar, bu iki türün birbirinden farklılaştığını da göstermektedir. Ayrıca, elde edilen veriler, mitogenomların üçüncü kodon pozisyonlarında A+T zenginliğinin yüksek olduğunu ve bu durumun filogenetik analizler açısından hem avantaj hem de metodolojik zorluklar yaratabileceğini ortaya koymuştur. Bu çalışma ile birlikte, *Saga* cinsine ait ikinci bir türün mitogenom verisi literatüre kazandırılmış ve bu sayede cins içi karşılaştırmalı analizlerin yapılabilmesi mümkün hale gelmiştir. *S. hakkarica*'ya ait mitogenom dizisinin bilimsel veri tabanlarında yer alması, ileride yapılacak evrimsel biyoloji, moleküler sistematik ve biyoçeşitlilik çalışmalarına önemli bir referans sağlayacaktır. Sonuç olarak, bu tez çalışması, yalnızca özgün bir türün mitogenomunun ortaya konmasıyla sınırlı kalmayıp, aynı zamanda Tettigoniidae familyası ve Saginae altfamilyası içinde moleküler filogeni ve moleküler taksonomiye yönelik veri altyapısına da katkı sağlanmıştır.

7. KAYNAKLAR

- Accari, J. & Barth, C. (2015). Transcription and processing of mitochondrial RNA in the human pathogen *Acanthamoeba castellanii*. *Mitochondrion*, 25-31. <https://doi.org/10.1016/j.mito.2015.05.003>.
- Afgan, E., Baker, D., Batut, B., van den Beek, M., Bouvier, D., Cech, M., Chilton, J., Clements, D., Coraor, N., Grüning, B.A., Guerler, A., Hillman-Jackson, J., Hiltemann, S., Jalili, V., Rasche, H., Soranzo, N., Goecks, J., Taylor, J., Nekrutenko, A. & Blankenberg, D (2018). The Galaxy platform for accessible, reproducible and collaborative biomedical analyses: 2018 update. *Nucleic Acids Research*, 46(W1):W537-W544. <https://doi.org/10.1093/nar/gky379>.
- Anderson, S., Bankier, A. T., Barrell, B., de Bruijn, M. H. L., Coulson, A., Drouin, J., Eperon, I. C., Nierlich, D. P., Roe, B. A., Sanger, F., Schreier, P. H., Smith, A. J. H., Staden, R., & Young, I. G. (1981). Sequence and organization of the human mitochondrial genome. *Nature*, 290 (5806), 457–465. <https://doi.org/10.1038/290457a0>.
- Andrews, R. M., Kubacka, I., Chinnery, P. F., Lightowlers, R. N., Turnbull, D. M., & Howell, N. (1999). Reanalysis and revision of the Cambridge Reference Sequence for human mitochondrial DNA. *Nature Genetics*, 23(2), 147–147.
- Atalay, I. (2006). The effects of mountainous areas on biodiversity: A case study from the Northern Anatolian Mountains and the Taurus Mountains. *Grazer Schriften der Geographie und Raumforschung*, 41, 17-26.
- Avdeyev, P., Jiang, S., Aganezov, S., Hu, F., & Alekseyev, M. A. (2016). Reconstruction of ancestral genomes in presence of gene gain and loss. *Journal of Computational Biology*, 23 (3), 150–164. <https://doi.org/10.1089/cmb.2015.0160>.
- Avise, J. C., Arnold, J., Ball, R. M., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J. E., Reeb, C. A., & Saunders, N. C. (1987). Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics.

- Annual Review of Ecology and Systematics*, 18, 489–522.
<https://doi.org/10.1146/annurev.es.18.110187.002421>.
- Berg, O.G. & Kurland, C.G. (2000). Why mitochondrial genes are most often found in nuclei. *Molecular Biology and Evolution*. 6, 951–61.
<https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026376>.
- Bibb, M. J., Clark, W. M., & Latorre, A. (1981). Complete sequence of the mitochondrial DNA of the mouse. *Cell*, 26(1), 167–180.
[https://doi.org/10.1016/0092-8674\(81\)90300-7](https://doi.org/10.1016/0092-8674(81)90300-7).
- Binici, B., Şirin, D. & Taylan, M. S., (2021). Molecular genetics and phylogeny of Ephippigera species group of genus *Saga* Charpentier, 1825 (Orthoptera: Ensifera: Saginae) in Anatolia. *Zootaxa*, 4991(2), 331–342.
- Bolger, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15), 2114–2120.
- Boore, J. L. (1999). Animal mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*, 27(8), 1767–1780. <https://doi.org/10.1093/nar/27.8.1767>.
- Boyce, J. P., Millar, C. D., & Lambert, D. M. (1989). Complete mitochondrial DNA sequences of two New Zealand birds. *Genetics*, 123(4), 825–836.
<https://doi.org/10.1093/genetics/123.4.825>.
- Brown, W. M., George, M., & Wilson, A. C. (1979). Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(4), 1967–1971. <https://doi.org/10.1073/pnas.76.4.1967>.
- Cameron, S. L. (2014). Insect mitochondrial genomics: Implications for evolution and phylogeny. *Annual Review of Entomology*, 59(1), 95–117.
<https://doi.org/10.1146/annurev-ento-011613-162007>.
- Cameron, S.L. (2025). Insect mitochondrial genomics: a decade of progress. *Annual Review of Entomology*. 70(1), 83–101.
<https://doi.org/10.1146/annurev-ento-013024-015553>.
- Campbell, N.A., Williamson, B. and Heyden, R.J. (2006) *Biology: Exploring Life*. Pearson Prentice Hall, Boston.
- Chen, B., Dong, F., Fang, W., Xu, J., Gu, Y., Li, M., & Sun, E. (2019). The complete mitochondrial genome of *Ctenolepisma villosa* (Insecta:

- Zygentoma, Lepismatidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 4(1), 1814–1815.
<https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1612288>.
- Cigliano, M.M., Braun, H., Eades, D.C., Otte, D. (2025). Orthoptera Species File. Version 5.0/5.0. [<http://Orthoptera.SpeciesFile.org>], Eriřim Tarihi: 08.07.2025.
- Clayton, D. A. (1991). Replication and transcription of vertebrate mitochondrial DNA. *Annual Review of Cell Biology*, 7(1), 453-478.
- Cock, P. J. A., Antao, T., Chang, J. T., Chapman, B. A., Cox, C. J., Dalke, A., Friedberg, I., Hamelryck, T., Kauff, F., Wilczynski, B. & De Hoon, M. J. L. (2009). Biopython: freely available Python tools for computational molecular biology and bioinformatics. *Bioinformatics*, 25(11), 1422–1423.
<https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp163>.
- Cornuet, J. M., Garnery, L., & Solignac, M. (1991). Putative origin function of the intergenic region between COI and COII of *Apis mellifera* L. mitochondrial DNA. *Genetics*, 128(2), 393–403.
<https://doi.org/10.1093/genetics/128.2.393>.
- Crampton-Platt, A., Yu, D. W., Zhou, X., & Vogler, A. P. (2016). Mitochondrial metagenomics: letting the genes out of the bottle. *GigaScience*, 5(1), s13742–016–0120–y. <https://doi.org/10.1186/s13742-016-0120-y>.
- Crozier, R. H., & Crozier, Y. C. (1993). The mitochondrial genome of the honeybee *Apis mellifera*: Complete sequence and genome organization. *Genetics*, 133(1), 97–117. <https://doi.org/10.1093/genetics/133.1.97>.
- Davis, P.H. (1971). Distribution patterns in Anatolia with particular reference to endemism. In: Davis PH, Harper PC, Hedge IC (eds.) *Plant Life of South-West Asia*. Botanical Society of Edinburgh, Edinburgh, pp. 15-28.
- De la Cruz, J., Karbstein, K. & Woolford J.L. Jr. (2015). Functions of ribosomal proteins in assembly of eukaryotic ribosomes in vivo. *Annual Review of Biochemistry*. 84, 93-129. <https://doi: 10.1146/annurev-biochem-060614-033917>.
- De Lattin, G. (1967). *Grundriss der Zoogeographie*. Jena, Gustav Fischer Verlag, pp.602.

- Demirsoy, A. (1977). Türkiye faunası Orthoptera (Insecta). *Ege Üniversitesi Fen Fakültesi Kitapları*, 1, 118–124.
- Demirsoy, A. (1999). Genel ve Türkiye Zoocoğrafyası (Hayvan Coğrafyası) II. Baskı, Meteksan, Ankara, 965 s.
- Dierckxsens, N., Mardulyn, P., & Smits, G. (2017). NOVOPlasty: de novo assembly of organelle genomes from whole genome data. *Nucleic Acids Research*, 45(4), e18-e18.
- Donath, A., Jühling, F., Al-Arab, M., Bernhart, S.H., Reinhardt, F., Stadler, P.F., Middendorf, M. & Bernt, M. (2019). Improved annotation of protein-coding genes boundaries in metazoan mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Research*. 47, 10543-10552.
- Du, S., Tihelka, E., Yu, D., Chen, W.-J., Bu, Y., Cai, C., Engel, M. S., Luan, Y.-X., & Zhang, F. (2024). A new story of four Hexapoda classes: Protura as the sister to all other hexapods. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.01.08.574592>.
- Fenn, J.D., Song, H., Cameron, S.L. & Whiting, M.F. (2008) A preliminary mitochondrial genome phylogeny of Orthoptera (Insecta) and approaches to maximizing phylogenetic signal found within mitochondrial genome data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49, 59–68.
- Flook, P. K., Rowell, C. H. F., & Gellissen, G. (1995). Sequence, organization and evolution of the mitochondrial genome of *Locusta migratoria*. *Journal of Molecular Evolution*, 41(10), 928–941. <https://doi.org/10.1007/BF00173173>.
- Gaugel, S.M., Hawlitschek, O., Dey, L.-S. & Husemann, M. (2023) Evolution of mitogenomic gene order in Orthoptera. *Insect Molecular Biology*, 32(4), 387–399. <https://doi.org/10.1111/imb.12838>.
- Giannoulis, T., Dutrillaux, A.M., Lemonnier-Darcemont, M., Darcemont, C., Myrthianou, E., Stamatis, C., Dutrillaux, B., Mamuris, Z. (2011). Molecular phylogeny of European *Saga*: comparison with chromosomal data. *Bulletin of Insectology*, 64, 263–267.

- Google. (2025). Google Colaboratory. Erişim tarihi: 18 Nisan 2025. Adres: <https://colab.research.google.com/>.
- Grant, J.R., Enns, E., Marinier, E., Mandal, A., Herman, E.K., Chen, C., Graham, M., Van Domselaar, G. & Stothard, P. (2023). Proksee: in-depth characterization and visualization of bacterial genomes. *Nucleic Acids Research*, 51(5), W484–W492, <https://doi.org/10.1093/nar/gkad326>.
- Gür, H. (2013). The effects of the Late Quaternary glacial–interglacial cycles on Anatolian ground squirrels: range expansion during the glacial periods?. *Biological Journal of the Linnean Society*, 109, 19-32.
- Gür, H. (2016). The Anatolian diagonal revisited: testing the ecological basis of a biogeographic boundary. *Zoology in the Middle East*, 62, 189-199.
- Hall, N. E., Hanzak, J., Allcock, A. L., Cooke, I. R., Ogura, A., & Strugnelli, J. M. (2016). The complete mitochondrial genome of the pygmy squid, *Idiosepius* (Cephalopoda: Decapodiformes): the first representative from the family Idiosepiidae. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(1), 5-6.
- Harz, K. (1969) Die Orthopteren Europas I. In: Series Entomologica. Vol. 5. Dr. Junk, B.V., The Hague, pp. 480–483.
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., & deWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B*, 270(1512), 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>.
- Hert, D. G., Fredlake, C. P., & Barron, A. E. (2008). Advantages and limitations of next-generation sequencing technologies: A comparison of electrophoresis and non-electrophoresis methods. *Electrophoresis*, 29(22), 4618–4626. <https://doi.org/10.1002/elps.200800456>.
- Hewitt, G.M. (1996). Some genetic consequence of ice ages, and their role in diverging and speciation. *Biological Journal of Linnaean Society*, 58, 247-276.
- Hillis, D.M & Moritz, C. (1990). Molecular systematics. Sunderland, MA, USA, Sinauer Associates, Inc. Publishers.
- Hunter, J. D. (2007). Matplotlib: A 2D graphics environment. *Computing in Science & Engineering*, 9(3), 90–95.

- Iwasaki, W., Fukunaga, T., Isagozawa, R., Yamada, K., Maeda, Y., Satoh, T. P., Sado, T., Mabuchi, K., Takeshima, H., Miya, M. & Nishida, M. (2013). MitoFish and MitoAnnotator: a mitochondrial genome database of fish with an accurate and automatic annotation pipeline. *Molecular Biology and Evolution*, 30(11), 2531-2540.
- Kaltenbach, A. 1964. Zur Systematik und Verbreitung der Raubheuschrecken (Tettigoniidae - Saginae), insbesondere der europäischen Arten der Gattung *Saga* Charpentier. *Zeitschrift der Arbeitsgemeinschaft Österreichischer Entomologen*, 16, 71-75.
- Kaltenbach, A. 1967. Unterlagen für eine Monographie der Saginae I. Superrevision der Gattung *Saga* Charpentier (Saltatoria: Tettigoniidae). *Beiträge zur Entomologie*, 17, 3–107.
- Kaltenbach, A. 1970. Unterlagen für eine Monographie der Saginae II. Beiträge zur Autoökologie der Gattung *Saga* Charpentier (Saltatoria: Tettigoniidae). *Zoologische Beiträge*, 16, 155–245.
- Kaltenbach, A. (1974). Decticinae aus Israel Saginae und Decticinae aus Israel II. *Annalen des Naturhistorischen Museum in Wien*, 78, 291-302.
- Karabağ, T. (1958). *Türkiyenin Orthoptera Faunası*. Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Yayınları. 81-Zool. 4,198s.
- Karakaş M.Y (2023). Saginae ve Bradyporinae Orthoptera Tettigoniidae mitogenomu: Takım ve familya içinde karşılaştırmalı karakterizasyonu. Yüksek Lisans tezi. Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim dalı, 67s. Antalya.
- Karakaş, M.Y., Uluar, O., Yartaş, M. & Çıplak, B. (2025) Mitophylogenetic patterns in Tettigoniidae: Insights from the complete mitogenome of *Saga natoliae* (Orthoptera). *Zootaxa*. 5569(3), 459-476. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5569.3.3>.
- Karakaş, M. Y., Yahyaoğlu, Ö., Uluar, O., Budak, M., & Çıplak, B. (2023). Mitochondrial genome of *Poecilimon cretensis* (Orthoptera: Tettigoniidae: Phaneropterinae): Strong phylogenetic signals in gene overlapping regions. *Zootaxa*, 5263(1), 141–147. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.5263.1.9>.

- Karşı, U. & Çıplak, B. (2019a). Mitogenome of *Anterastes babadaghi* (Orthoptera: Tettigoniinae; Platycleidini): Frequent conserved overlapping regions within Tettigoniinae. *Zootaxa*, 4651(1), 173-190.
- Karşı, U. & Çıplak, B. (2019b). Complete mitogenome of *Psorodonotus venosus* (Orthoptera, Tettigoniidae; Tettigoniinae): Short intergenic spacers shorten the total genome. *Zootaxa*, 4614(3), 498-510.
- Kaya, S. (2018). *Poecilimon zonatus* Bolívar (Orthoptera, Tettigoniidae) Revisited: Genetic Data Revealed Two New Species And One New Subspecies. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, 191, 85-99. <https://doi.org/10.23902/trkjnat.411785>.
- Kaya, S., Boztepe, Z. & Çıplak, B. (2015). Phylogeography of the *Poecilimon luschani* species group (Orthoptera, Tettigoniidae): a radiation strictly correlated with climatic transitions in the Pleistocene. *Zoological Journal of the Linnean Society*, 173, 1–21. <https://doi.org/10.1111/zoj.12202>.
- Kircher, M., & Kelso, J. (2010). High-throughput DNA sequencing—concepts and limitations. *BioEssays*, 32(6), 524–536. <https://doi.org/10.1002/bies.200900181>.
- Kohn, A. B., Citarella, M. R., Kocot, K. M., Bobkova, Y. V., Halanych, K. M., & Moroz, L. L. (2012). Rapid evolution of the compact and unusual mitochondrial genome in the ctenophore *Pleurobrachia bachei*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 63(1), 203–207. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2011.12.009>.
- Kolics, B., Orci, K.M., Chobanov, D., Baska, F., Kondorosy, E., Müller, T. (2008). Description of the song of the bush-cricket *Saga rammei* Kaltenbach, 1965 (Orthoptera: Tettigoniidae). *Biologia (Section Zoology)*, 63 (2), 254-260.
- Kolics, B., Ács, Z., Chobanov, D. P., Orci, K. M., Qiang, L. S., Kovács, B., Kondorosy, E., Decsi, K., Taller, J., Specziár, A., Orbán, L., Müller, T. (2012). Re-visiting phylogenetic and taxonomic relationships in the genus *Saga* (Insecta: Orthoptera). *Plos One*, 7(8), e42229 DOI: 10.1371/journal.pone.0042229.

- Lavrov, D. V., & Lang, B. F. (2005). Mitogenomics and evolution of mitochondrial genomes. *Biology of the Cell*, 97(9), 219–235. <https://doi.org/10.1126/science.283.5407.1476>.
- Lemonnier-Darcemont, M., Bernier, C., Darcemont, C. (2009). Field and breeding data on the European species of the genus *Saga* (Orthoptera: Tettigoniidae). *Articulata*, 24, 1-14.
- Leonard, J. V., & Schapira, H. V. (2000). Mitochondrial respiratory chain disorders I: Mitochondrial DNA defects. *The Lancet*, 355 (9198), 299-304. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(99\)05225-3](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(99)05225-3).
- Lodos, N. (1983). Türkiye Entomolojisi I (Genel Uygulamalı ve Faunistik). Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Bornova, İzmir.
- McKinney, W. (2010). Data Structures for Statistical Computing in Python. In Proceedings of the 9th Python in Science Conference, 51–56.
- Mol, A., Şirin, D., & Taylan, M. S. (2014). Türkiye’de dağılım gösteren bazı Caelifera (Insecta: Orthoptera) türlerinin yeni lokalite kayıtları, endemizm, yaygınlık ve tarımsal zarar oluşturma açısından değerlendirilmesi. *Plant Protection Bulletin*, 54(2), 133-170.
- Mol, A., Taylan, M. S., Demir, E., Şirin, D. (2016). Contribution to the knowledge of Ensifera (Insecta: Orthoptera) fauna of Turkey. *Journal of Entomological Research Society*, 18 (1), 75–98.
- Moritz, C., Dowling, T. E., & Brown, W. M. (1987). Evolution of animal mitochondrial DNA: Relevance for population biology and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 18(1), 269–292. <https://doi.org/10.1146/annurev.es.18.110187.001413>.
- Mugleston, J. D., Naegle, M., Song, H., & Whiting, M. F. (2018). A comprehensive phylogeny of Tettigoniidae (Orthoptera: Ensifera) reveals extensive ecomorph convergence and widespread taxonomic incongruence. *Insect Systematics and Diversity*, 2(4), 1–27. <https://doi.org/10.1093/isd/ixy010>.
- Nabholz, B., Glemin, S., & Galtier, N. (2008). Strong variations of mitochondrial mutation rate across mammals—The longevity hypothesis. *Molecular*

- Biology and Evolution*, 25(1), 120–130.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msm248>.
- Nass, M. (1963). The structure of mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Biology*, 7(1), 20–40. [https://doi.org/10.1016/0014-4827\(65\)90204-1](https://doi.org/10.1016/0014-4827(65)90204-1).
- Oda, K., Yamato, K., Ohta, E., Nakamura, Y., Takemura, M., Nozato, N., Akashi, K., Kanegae, T., Ogura, Y., Kohchi, T. & Ohyama, K. (1992). Gene organization deduced from the complete sequence of liverwort *Marchantia polymorpha* mitochondrial DNA. A primitive form of plant mitochondrial genome. *Journal of Molecular Biology*, 223 (1), 1–7. [https://doi.org/10.1016/0022-2836\(92\)90708-r](https://doi.org/10.1016/0022-2836(92)90708-r).
- Ojala, D., Montoya, J., & Attardi, G. (1981). tRNA punctuation model of RNA processing in human mitochondria. *Nature*, 290, 470–474.
- Öztürk, P. N., & Çıplak, B. (2019). Phylomitogenomics of Phaneropteridae (Orthoptera): Combined data indicate a poorly conserved mitogenome. *International Journal of Biological Macromolecules*, 132, 1318–1326. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2019.04.011>.
- Paquin, B., & Lang B.F. (1996). The mitochondrial DNA of *Allomyces macrogynus*: the complete genomic sequence from an ancestral fungus. *Journal of Molecular Biology*, 255, 688–701.
- Pang, S., Zhang, Q., Liang, L., Qin, Y., Li, S., & Bian, X. (2024). Comparative Mitogenomics and Phylogenetic Implications for Nine Species of the Subfamily Meconematinae (Orthoptera: Tettigoniidae). *Insects*, 15(6), 413.
- Parr, R.L., Maki, J., Reguly, B., Dakubo, G. D., Aguirre, A., Wittrock, R., Robinson, K., Jakupciak, J. P., & Thayer, R. E. (2006). The pseudo-mitochondrial genome influences mistakes in heteroplasmy interpretation. *BMC Genomics*, 7, 185. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-7-185>.
- Pinto, M. & Moraes, C.T. (2015). Mechanisms linking mtDNA damage and aging, *Free Radical Biology and Medicine*, 85, 250–258.
- Rand, D. M. (2001). The units of selection on mitochondrial DNA. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 32, 415–448. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.32.081501.114109>.

- Sagan L. (1967). On the origin of mitosing cells. *Journal of Theoretical Biology*, 14, 225–274. [https://doi.org/10.1016/0022-5193\(67\)90079-3](https://doi.org/10.1016/0022-5193(67)90079-3).
- Schlötterer, C., Kofler, R., Versace, E., Tobler, R. & Franssen, S.U. (2015) Combining experimental evolution with next-generation sequencing: a powerful tool to study adaptation from standing genetic variation. *Heredity*, 114, 431–440. <https://doi.org/10.1038/hdy.2014.86>.
- Smith, D. R., & Snyder, M. (2007). Complete mitochondrial DNA sequence of the scallop *Placopecten magellanicus*: Evidence of transposition leading to an uncharacteristically large mitochondrial genome. *Journal of Molecular Evolution*, 65(1), 380–391. <https://doi.org/10.1007/s00239-007-9016-x>.
- Soltan-Alinejad, P., Rafinejad, J., Dabiri, F., Onorati, P., Terenius, O. & Chavshinet, A. R. (2021). Molecular analysis of the mitochondrial markers COI, 12S rDNA and 16S rDNA for six species of Iranian scorpions. *BMC Research Notes*, 14, 40. <https://doi.org/10.1186/s13104-021-05449-3>.
- Song, H., Amédégnato, C., Cigliano, M. M., Desutter-Grandcolas, L., Heads, S. W., Huang, Y., Otte, D., & Whiting, M. F. (2015). 300 million years of diversification: elucidating the evolutionary models of Orthoptera based on extensive taxon and gene sampling. *Cladistics*, 31(6), 621–651. <https://doi.org/10.1111/cla.12116>.
- Song, N., Li, H., Song, F., Cai, W., Huang, D., & Zhou, X. (2016). Molecular phylogeny of Polyneoptera (Insecta) inferred from expanded mitogenomic data. *Scientific Reports*, 6, 36175. <https://doi.org/10.1038/srep36175>
- Stampar, S. N., Maronna, M. M., Kitahara, M. V., Reimer, J. D., & Collins, A. G. (2019). Linear mitochondrial genome in Anthozoa (Cnidaria): A case study in *Isarachnanthus nocturnus*. *Scientific Reports*, 9, 42621. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42621-z>
- Steininger, F.F. & Rögl, F. (1984). Paleogeography and palinspastic reconstruction of the Neogene of the Mediterranean and Paratethys, The Geological Evolution of Eastern Mediterranean, (eds): Dixon, J.E. ve Robertson, A.H.F., Oxford, The Geological Society, Blackwell Scientific, pp: 659-668.

- Stewart, J. B. & Chinnery, P. F. (2015). The dynamics of mitochondrial DNA heteroplasmy: implications for human health and disease. *Nature Reviews Genetics*, 16, 530–542.
- Sun, N., Youle, R.J. & Finkel, T. (2016) The mitochondrial basis of aging. *Molecular Cell*, 61, 654–666.
- Şekercioğlu, Ç.H., Anderson, S., Akçay, E., Bilgin, R., Can, Ö.E., Semiz, G., Tavşanoğlu, Ç., Yokeş, M. B., Soyumert, A., İpekdağ, K., Sağlam, İ. K., Yücel, M., Dalfes, H. N. (2011). Turkey's globally important biodiversity in crisis. *Biological Conservation*, 144, 2752-2769.
- Şirin, D., Taylan, M. S., Sevgili, H., & Mol, A. (2019). Bioacoustics review of Anatolian species of the predatory bush-cricket genus *Saga* (Orthoptera: Tettigoniidae: Saginae) with the description of a new species. *Zootaxa*, 4664(1), 83–102. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4664.1.3>.
- Şirin, D., Taylan, M.S., Bircan, R., Akyıldız, G. & Can, L. (2021). Phylogenetic and phylogeographic analysis of *Myrmeleotettix maculatus* (Orthoptera: Acrididae: Gomphocerinae) species group in Anatolia. *Zootaxa*, 4949 (1), 149-162. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4949.1.8>.
- Taanman, J. W. (1999). The mitochondrial genome: structure, transcription, translation and replication. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1410(2), 103-123.
- Taylan, M. S., Di Russo, C., Rampini, M. & Ketmaier, V. (2013). Molecular systematics of the genus *Troglophilus* (Rhaphidophoridae, Orthoptera) in Turkey: mitochondrial 16s rDNA evidences. *ZooKeys*, 257: 33-46. <https://doi.org/10.3897/zookeys.257.4133>.
- Taylan, M. S., & Şirin, D. (2016). Speciation of the genus *Dolichopoda* in Anatolia with reference to the role of ancient central lake system. *Insect Systematics & Evolution*, 47(3), 267-283. <https://doi.org/10.1163/1876312X-47032143>.
- Uphold, W.B., & Dawid, I.B., (1977). Mapping of mitochondrial DNA of individual sheep and goats: Rapid evolution in the D-loop region. *Cell*, (11), 571-583.

- Ünal, M. (2011). Check list of the Turkish Orthoptera. [<http://www.orthoptera-tr.org/>]. Erişim tarihi: 08.07.2025.
- Wang, Y., Huang, X., & Qiao, G.-X. (2014). The complete mitochondrial genome of *Cervaphis quercus* (Hemiptera: Aphididae). *Insect Science*, 21(1), 25–36. <https://doi.org/10.1111/1744-7917.12112>
- Wang, D., Xiang, H., Ning, C., Liu, H., Liu, J.F. & Zhao, X. (2020). Mitochondrial DNA enrichment reduced NUMT contamination in porcine NGS analyses, *Briefings in Bioinformatics*, 21(4), 1368–1377, <https://doi.org/10.1093/bib/bbz060>.
- Watanabe, K., & Yokobori, S-I. (2011). tRNA modification and genetic code variations in animal mitochondria. *Journal of Nucleic Acids*, 2011, 623095.
- Wolstenholme, D.R. (1992). Animal mitochondrial DNA: Structure and evolution. *International Review of Cytology*, 141, 173–216.
- Xu, S., Duan, Y., Ma, L., Song, F., Tian, L., Cai, W., & Li, H. (2023). Full-length transcriptome profiling of *Coridius chinensis* mitochondrial genome reveals the transcription of genes with ancestral arrangement in insects. *Genes*, 14(1), 225. <https://doi.org/10.3390/genes14010225>.
- Yuan, H., Huang, Y., Mao, Y., Zhang, N., Nie, Y., Zhang, X., Zhou, Y., & Mao, S. (2021). The evolutionary patterns of genome size in Ensifera (Insecta: Orthoptera). *Frontiers in Genetics*, 12, 693541.
- Zervas, A., Petersen, G., & Seberg, O. (2019). Mitochondrial genome evolution in parasitic plants. *BMC Evolutionary Biology*, 19, 87. <https://doi.org/10.1186/s12862-019-1401-8>.
- Zhang, Z.-Q. (2011). Phylum Arthropoda von Siebold, 1848. In Z.-Q. Zhang (Ed.), *Animal Biodiversity: An Outline of Higher-level Classification and Survey of Taxonomic Richness*, *Zootaxa*, 3148 (1), 99-103.
- Zhang, D. X. & 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. [https://doi.org/10.1016/S0305-1978\(96\)00042-7](https://doi.org/10.1016/S0305-1978(96)00042-7).

- Zhang, D. X., Szymura, J. M., & Hewitt, G. M. (1995). Evolution and structural conservation of the control region of insect mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Evolution*, 40(4), 382–391. <https://doi.org/10.1007/BF00164024>.
- Zhang, Y., Shao, D., Cai, M., Yin, H. & Zhang, D. (2016). The complete mitochondrial genome of *Gryllotalpa unispina* Saussure, 1874 (Orthoptera: Gryllotalpoidea: Gryllotalpidae). *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*. 27(1), 159-60. <https://doi.org/10.3109/19401736.2013.878923>.
- Zhang, X., Li, X., Liu, F., Yuan, H. & Huang, Y. (2017). The complete mitochondrial genome of *Tonkinacris sinensis* (Orthoptera: Acrididae): A tRNA-like sequence and its implications for phylogeny. *Biochemical Systematics and Ecology*, 70 (1), 147-154.
- Zhao, T., Lin, Z., Yang, H., Song, F., Xia, Z. & Huang W. (2025). Evolutionary history and divergence times of Tettigoniidae (Orthoptera) inferred from mitochondrial phylogenomics. *Frontiers in Genetics*. 16, 1495754, <https://doi.org/10.3389/fgene.2025.1495754>.
- Zhou, Z., Ye, H., Huang, Y., & Shi, F. (2010). The phylogeny of Orthoptera inferred from mtDNA and description of *Elimaea cheni* (Tettigoniidae: Phaneropterinae) mitogenome. *Journal of Genetics and Genomics*, 37(5), 315–324. [https://doi.org/10.1016/S1673-8527\(09\)60049-7](https://doi.org/10.1016/S1673-8527(09)60049-7).
- Zhou, Z., Zhao, L., Liu, N., Guo, H., Guan, B., Di, J., & Shi, F. (2017). Towards a higher-level Ensifera phylogeny inferred from mitogenome sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 108, 22–33. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2017.01.014>.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Orhan AKSİN

Doğum Yeri ve Tarihi :

EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi : Necmettin Erbakan Üniversitesi, Ahmet Keleşoğlu
Eğitim Fakültesi, Biyoloji Öğretmenliği Bölümü

Yüksek Lisans Öğrenimi: Hakkari Üniversitesi, Lisansüstü Eğitim Enstitüsü,
Biyoloji Anabilim Dalı

Yabancı Diller : İngilizce