

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

**YÜKSEKLİĞİN *CEPHUS PYGMEUS* (CEPHIDAE:  
HYMENOPTERA) POPULASYONLARININ GENOMU  
ÜZERİNDEKİ ETKİSİNİN İNCELENMESİ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**Berşan Seçil DUREL**  
**(201392020003)**

**Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı**

**Tez Danışmanı: Yrd. Doç. Dr. Mahir BUDAK**

**SİVAS**

**EYLÜL 2016**

**BERŞAN SEÇİL DUREL**’ in hazırladığı “**Yükseklığın *Cephus pygmeus* (Cephidae: Hymenoptera) Populasyonlarının Genomu Üzerindeki Etkisinin İncelenmesi**” adlı bu çalışma aşağıdaki jüri tarafından **MOLEKÜLER BİYOLOJİ VE GENETİK ANABİLİM DALI**’ nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir

Tez Danışmanı: **Yrd. Doç. Dr. Mahir BUDAK**  
Cumhuriyet Üniversitesi .....

Jüri Üyeleri: **Yrd. Doç. Dr. Sarp KAYA**  
Mehmet Akif ERSOY Üniversitesi .....

**Yrd. Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ**  
Cumhuriyet Üniversitesi .....

Bu tez, Cumhuriyet Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tarafından **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak onaylanmıştır.

**Prof. Dr. İdris ZORLUTUNA**  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ MÜDÜRÜ

Bu tez, Cumhuriyet Üniversitesi Senatosu'nun 20.08.2014 tarihli ve 7 sayılı kararı ile kabul edilen Fen Bilimleri Enstitüsü Lisansüstü Tez Yazım Kılavuzu (Yönerge)'nda belirtilen kurallara uygun olarak hazırlanmıştır.



*Bu tez, TÜBİTAK 115Z021 numaralı araştırma projesi ve Cumhuriyet Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (CÜBAP) Komisyonu tarafından F-432 nolu proje kapsamında desteklenmiştir.*



Bütün hakları saklıdır.

Kaynak göstermek koşuluyla alıntı ve gönderme yapılabilir.

© Berşan Seçil DUREL, 2016

## **ETİK**

Cumhuriyet Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tez Yazım Kılavuzu (Yönerge)'nda belirtilen kurallara uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmada;

- ✓ Bütün bilgi ve belgeleri akademik kurallar çerçevesinde elde ettiğimi,
- ✓ Görsel, işitsel ve yazılı tüm bilgi ve sonuçları bilimsel ahlak kurallarına uygun olarak sunduğumu,
- ✓ Başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda ilgili eserlere, bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunduğumu ve atıfta bulunduğum eserlerin tümünü kaynak olarak gösterdiğimi,
- ✓ Bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, kullanılan verilerde herhangi bir değişiklik yapmadığımı,
- ✓ Tezin herhangi bir bölümünü, Cumhuriyet Üniversitesi veya bir başka üniversitede, bir başka tez çalışması olarak sunmadığımı; beyan ederim.

26.09.2016

Berşan Seçil DUREL

## **KATKI BELİRTME VE TEŞEKKÜR**

Tez çalışmasının her aşamasında bilgi ve tecrübeleriyle beni yönlendiren, maddi ve manevi desteğini esirgemeyen çok değerli danışman hocam Yrd. Doç. Dr. Mahir BUDAK'a çok teşekkür ederim.

Tez çalışması süresince yardımlarını esirgemeyen Prof. Dr. Hasan Hüseyin BAŞIBÜYÜK'e ve Yrd. Doç. Dr. Ertan Mahir KORKMAZ'a teşekkür ederim.

Tüm hayatım boyunca maddi ve manevi desteklerini esirgemediğim yanımda olan aileme teşekkür ederim.

Tez çalışması sırasında her an yanımda olan desteklerini hiç esirgemeyen çok değerli dostlarım Merve Nur AYDEMİR'e, Habeş Bilal AYDEMİR'e ve uzakta olmasına rağmen her sıkıntıda yanımda olan çok değerli dostum Burcu DAŞER'e teşekkür ederim.

Bu çalışma, Cumhuriyet Üniversitesi Bilimsel Araştırma ve Projeler Birimi (CÜBAP) tarafından F-432 numaralı projeye ve TÜBİTAK tarafından 115Z021 numaralı araştırma projesiyle desteklenmiştir.

## ÖZET

### **Yüksekliğin *Cephus pygmeus* (Cephidae: Hymenoptera) Populasyonlarının Genomu Üzerindeki Etkisinin İncelenmesi**

**Berşan Seçil DUREL**

**Yüksek Lisans Tezi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı**

**Danışman: Yrd. Doç. Dr. Mahir BUDAK**

**2016, 99+ix sayfa**

Yükseklik gradiyenti ile birlikte pek çok ekolojik faktör kademeli ve ani değişimler sergiler. Bu ani değişimler, organizmaların populasyon yapısını şekillendirmede etkin rol oynamaktadır. Yüksek ve alçak rakımlarda yaşayan populasyonlar oldukça farklı çevresel koşullara maruz kaldıkları için, bu populasyonlar üzerinde işleyen seçim baskıları birbirlerinden bağımsız ve farklı düzeylerde işler. Geniş yayılış sergileyen pek çok türün populasyonları, yükseklik gradiyentine bağlı olarak lokal düzeyde adaptasyonlar barındırmaktadır. Biyoenerjetik gereksinimler, organizmanın farklı çevresel koşullara adaptasyonunda sınırlayıcı bir faktör olarak kabul edildiğinden türün ve populasyonların yaşam biçimine bağlı olarak çekirdek genomu ile birlikte mitokondriyal genomda da farklılıklara neden olmaktadır. Çalışma kapsamında, ülkemizde geniş ve devamlı bir yayılış gösteren *Cephus pygmeus* türü populasyonları arasında çevresel koşulların bu türün genetik varyasyonu üzerine etkisi araştırılmıştır. Bu amaçla toplamda 10 metreden 1971 metreye kadar değişen 59 farklı lokaliteden 200'er metrelik yüksekliklerde 9 grup olacak şekilde toplam 252 bireylik bir örneklem oluşturulmuştur. Örneklerin AFLP bant profilleri ve *ATP8* gen bölgesine ait DNA dizileri çıkartılmıştır. Yapılan analizler sonucunda *ATP8* verisine göre grupların toplamda 11 tane haplotip barındırdığı ve Grup 3'ün (482-599 m) en yüksek genetik çeşitliliğe sahip olduğu saptanmıştır. AFLP verisinin sonuçlarına göre ise grupların anlamlı ve yüksek  $F_{ST}$  değerlerine sahip olduğu saptanmıştır. Ancak *C. pygmeus* populasyonları arasında yükseklik gradiyenti kaynaklı genetik varyasyon örüntüsü ve göç seçim dengesi ortaya konulamamıştır. Olası örüntünün örneklem genişletilerek gen ifadesi çalışmaları ile ortaya çıkabileceği öngörülmektedir.

**Anahtar Kelimeler:** Yükseklik gradiyenti, Genetik yapılanma, *Cephus pygmeus*, *ATP8*, AFLP

## ABSTRACT

### **The Investigation of the Effects of Elevation on the *Cephus pygmeus* (Cephidæ: Hymenoptera) Populations Genome**

**Berşan Seçil DUREL**

**Master of Science Thesis, Department of Molecular Biology and Genetics**

**Supervisor: Asst. Assoc. Dr. Mahir BUDAK**

**2016, 99+ix page**

Elevation gradient and many other ecological factors show gradual and sudden changes. These sudden changes play an active role to shape the population structure of organisms. Since the populations that live in high and low altitudes are exposed to quite different environmental conditions, selection pressures acting on these populations work independent from each other and at different levels. The populations of many species that exposed over large areas host adaptations in the local level depending on the elevation gradient. Since the bioenergetic requirements are considered as a limiting factor of organisms in adaptation to different environmental conditions, they cause differences both in nuclear and mitochondrial genome depending on the lifestyle of the populations and species. The effects of environmental conditions on genome of *Cephus pygmeus* populations which show a broad and constantly spread in our country were investigated in the study. For this purpose, 252 individuals were collected from 59 different localities ranging from 10 meters to 1971 meters as 9 groups on 200 meters intervals. AFLP band profiles and DNA sequences of *ATP8* were used in statistical analysis. It was found after analysis that 11 haplotype were detected according to *ATP8* data and Group 3 (482-599 m) the highest genetic diversity. According to the results of AFLP data it was found that groups have significant and high  $F_{ST}$  values. But, genetic variation patterns arising from elevation gradient and immigration selection balance between *C. pygmeus* populations could not be presented. It is predicted that potential pattern can be obtained with gene expression studies by extending the sampling.

**Key words:** Elevation gradient, Genetic structure, *Cephus pygmeus*, *ATP8*, AFLP



# İÇİNDEKİLER

## Sayfa

KATKI BELİRTME VE TEŞEKKÜR.....	i
ÖZET .....	ii
ABSTRACT.....	iii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	vi
TABLolar DİZİNİ.....	vii
SİMGELER DİZİNİ.....	viii
KISALTMALAR DİZİNİ .....	ix

<b>1. GİRİŞ.....</b>	<b>1</b>
1.1 Genel Bilgiler.....	3
1.1.1 Yükseklikle birlikte değişen ekolojik faktörler .....	3
1.1.1.1 Sıcaklık .....	4
1.1.1.2 Kısa radyasyon dalgası (UV).....	5
1.1.1.3 Kısmi atmosfer basıncı .....	5
1.1.1.4 Yağış .....	6
1.1.1.5 Rüzgar hızı.....	6
1.1.2 Yüksekliğin böcek türlerinin ve populasyonlarının fenotipi üzerindeki etkisi.....	7
1.1.2.1 Kanat büyüklüğü varyasyonu .....	7
1.1.2.2 Renk polimorfizmi.....	8
1.1.2.3 Vücut büyüklüğü varyasyonu .....	9
1.1.2.4 Termal tolerans .....	10
1.1.2.5 Oksijen ihtiyacı ve oksijen seviyesinin düzenlenmesi.....	10
1.1.2.6 Yaşam süresi varyasyonu .....	11
1.1.2.7 Besin kompozisyonu.....	12
1.1.2.8 Üreme başarısı .....	13
1.1.3 Yüksekliğin böcek türlerinin ve populasyonlarının genotipi üzerindeki etkisi.....	13
1.1.3.1 Yüksekliğin mitokondriyal genom üzerindeki etkisi.....	15
1.1.4 Mitokondriyal <i>ATP8</i> Gen Bölgesi .....	18
1.1.5 Hymenoptera.....	19
1.1.5.1 <i>Cephus pygmeus</i> .....	20
1.1.6 AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) .....	21
<b>2. MATERYAL VE METOD.....</b>	<b>23</b>
2.1 Örneklem Seçimi ve Hazırlanması .....	23
2.2 DNA Uygulamaları ve Analizleri .....	26
2.2.1 DNA izolasyonu .....	26
2.2.2 AFLP uygulaması .....	26
2.2.2.1 Çekirdek DNA'sının restriksiyon enzimleriyle kesimi ve ligasyon işlemi .....	26
2.2.2.2 Ön seçici amplifikasyon .....	27
2.2.2.3 Seçici amplifikasyon.....	28
2.2.2.4 Seçici amplifikasyon ürünlerinin görüntülenmesi .....	29
2.2.3 Polimeraz zincir reaksiyonu yöntemiyle <i>ATP8</i> geninin amplifikasyonu ....	30
2.2.4 <i>ATP8</i> gen bölgesine ait PZR ürünlerinin saflaştırılması .....	31

2.2.5 <i>ATP8</i> gen bölgesine ait PZR ürünlerinin dizilenmesi ve hizalanması .....	32
2.2.6 Veri analizleri .....	33
2.2.6.1 Veri setlerinin hazırlanması .....	33
2.2.6.2 <i>ATP8</i> veri setinin analizi .....	34
2.2.6.3 AFLP veri setinin analizi .....	36
<b>3. BULGULAR .....</b>	<b>38</b>
3.1 <i>ATP8</i> Veri Setine Ait Bulgular .....	38
3.2 AFLP Veri Setine Ait Bulgular .....	48
<b>4. SONUÇ VE TARTIŞMA .....</b>	<b>53</b>
<b>KAYNAKLAR .....</b>	<b>58</b>
<b>EKLER .....</b>	<b>69</b>
EK-1 <i>ATP8</i> Gen Bölgesine Ait Dizi Verisi .....	70
EK-1 AFLP Matriks Verisi .....	89
<b>ÖZGEÇMİŞ</b>	

## ŞEKİLLER DİZİNİ

### Sayfa

<b>Şekil 1.</b> Farklı ekosistemlerde bulunan temsili böcek formları .....	1
<b>Şekil 2.</b> Örneklem haritası; renklendirmede örneklem tablosundaki grup renklendirmesi kullanılmıştır.....	25
<b>Şekil 3.</b> AFLP ürünlerinin jel görüntüsü .....	30
<b>Şekil 4.</b> <i>ATP8</i> gen bölgesine ait PZR ürünlerinin jel görüntüsü.....	31
<b>Şekil 5.</b> İleri ve geri yönlü nükleotid dizilerinin Codon Code Aligner 3.5.6 programıyla hizalanması .....	32
<b>Şekil 6.</b> Çakıştırılan nükleotid dizilerinin Mega v 5.0 programıyla çoklu hizalanması.....	32
<b>Şekil 7.</b> <i>ATP8</i> veri setine göre IBD analizinin sonuçları .....	43
<b>Şekil 8.</b> BAPS analizi sonucu elde edilen grupların gen akışı örüntüsü.....	43
<b>Şekil 9.</b> DAPC analizi sonucunda elde edilen gruplama grafiği .....	44
<b>Şekil 10.</b> <i>ATP8</i> veri setine göre grupların amino asit değişim tablosu.....	46
<b>Şekil 11.</b> AFLP veri setine göre IBD analizinin sonuçları .....	49
<b>Şekil 12.</b> BAPS analizi sonucu elde edilen grupların gen akışı örüntüsü.....	49
<b>Şekil 13.</b> AFLP veri setine ait temel bileşenler analizi.....	50
<b>Şekil 14.</b> Her bir K değerine göre Delta K değerleri .....	51
<b>Şekil 15.</b> Her bir K değeri için hesaplanan LD oranlarının standart sapma değeri .....	51
<b>Şekil 16.</b> STRUCTURE analizine göre popülasyonların dağılımı (K = 4) .....	52
<b>Şekil 17.</b> STRUCTURE analizine göre popülasyonların dağılımı (K = 2) .....	52

## TABLolar DİZİNİ

	<u>Sayfa</u>
<b>Tablo 1.</b> Örneklem ile ilgili temel bilgiler .....	23
<b>Tablo 2.</b> Kullanılan <i>MseI</i> ve <i>EcoRI</i> adaptörlerinin nükleotid dizisi.....	27
<b>Tablo 3.</b> Adaptörlerin sıcaklık ve döngü koşulları.....	27
<b>Tablo 4.</b> Kullanılan <i>MseI-C</i> ve <i>EcoRI-A</i> primerlerinin nükleotid dizisi.....	28
<b>Tablo 5.</b> Ön seçici amplifikasyon koşulları.....	28
<b>Tablo 6.</b> Kullanılan <i>MseI-CTG</i> ve <i>EcoRI-AAG</i> primerlerinin nükleotid dizisi.....	28
<b>Tablo 7.</b> Seçici amplifikasyon koşulları.....	29
<b>Tablo 8.</b> PZR reaksiyonlarında kullanılan primer çifti ile ilgili bilgiler .....	30
<b>Tablo 9.</b> PZR reaksiyon koşulları.....	31
<b>Tablo 10.</b> Meteoroloji Genel Müdürlüğü'nden temin edilen meteorolojik veriler .....	33
<b>Tablo 11.</b> Paylaşılan haplotiplerin gruplar arasında dağılımı .....	38
<b>Tablo 12.</b> <i>ATP8</i> dizi verisine göre grupların barındırdığı genetik çeşitlilik .....	38
<b>Tablo 13.</b> <i>ATP8</i> veri seti üzerinden hesaplanan nötralite indeksleri .....	40
<b>Tablo 14.</b> <i>ATP8</i> veri seti ile yapılan CONTRIB analiz sonuçları .....	41
<b>Tablo 15.</b> Ekolojik verilerin haplotip çeşitliliği ile çoklu regresyonu .....	41
<b>Tablo 16.</b> <i>ATP8</i> veri setine göre grupların $F_{ST}$ değerleri .....	42
<b>Tablo 17.</b> <i>ATP8</i> veri setine göre grupların ortalama MILC ve MELP değerleri .....	44
<b>Tablo 18.</b> <i>ATP8</i> veri setine göre grupların $d_N/d_S$ oranları .....	45
<b>Tablo 19.</b> AFLP veri setine göre grupların $F_{ST}$ değerleri.....	48
<b>Tablo 20.</b> Grupların barındırdıkları bant profili bilgileri .....	48

## SİMGELER DİZİNİ

<b><math>\mu\text{L}</math></b>	Mikrolitre
<b><math>\mu\text{m}</math></b>	Mikrometre
<b><math>\mu\text{M}</math></b>	Mikromolar
<b>C</b>	Celcius
<b>kPa</b>	Kilopascal
<b>km</b>	Kilometre
<b>m</b>	Metre
<b>M</b>	Molar
<b>ml</b>	Mililitre
<b>mM</b>	Milimolar
<b>ng</b>	Nanogram
<b>nm</b>	Nanometre
<b>U</b>	Ünite

## KISALTMALAR DİZİNİ

<b>ADP</b>	: Adenozin difosfat
<b>AFLP</b>	: Amplifiye edilmiş parça uzunluk polimorfizmi
<b>APS</b>	: Amonyum per sülfat
<b>ATP</b>	: Adenozin trifosfat
<b>ATP6</b>	: ATP sentaz 6 geni
<b>ATP8</b>	: ATP sentaz 8 geni
<b>bp</b>	: Baz çifti
<b>BSA</b>	: Sığır Serum Albumin
<b>CO<sub>2</sub></b>	: Karbondioksit
<b>COX1</b>	: Sitokrom oksidaz 1 geni
<b>COX2</b>	: Sitokrom oksidaz 2 geni
<b>DAPC</b>	: Temel bileşenlerin ayrışma analizi
<b>DNA</b>	: Deoksiribonükleik asit
<b>dNTP</b>	: Deoksinükleozit trifosfat
<b>DTT</b>	: Ditiyotreitöl
<b>dH<sub>2</sub>O</b>	: Distile su
<b>ddH<sub>2</sub>O</b>	: Bidistile su
<b>ECCUS</b>	: Cumhuriyet Üniversitesi Entomoloji Koleksiyonu
<b>EDTA</b>	: Etilendiamintetra asetik asit
<b>GTP</b>	: Guanozin trifosfat
<b>HCL</b>	: Hidroklorik asit
<b>ITP</b>	: İnozintrifosfat
<b>K</b>	: Potasyum
<b>KAc</b>	: Potasyum asetat
<b>KCl</b>	: Potasyum klorür
<b>MgAc</b>	: Magnezyum asetat
<b>MELP</b>	: MILC tabanlı ekspresyon düzeyi
<b>MILC</b>	: Uzunluk ve kompozisyondan bağımsız kodon kullanım eğilimi
<b>mtDNA</b>	: Mitokondriyal deoksiribonükleik asit
<b>ND1</b>	: NADH dehidrojenaz 1 geni
<b>ND2</b>	: NADH dehidrojenaz 2 geni
<b>ND3</b>	: NADH dehidrojenaz 3 geni
<b>ND4</b>	: NADH dehidrojenaz 4 geni
<b>ND5</b>	: NADH dehidrojenaz 5 geni
<b>Na</b>	: Sodyum
<b>NaCl</b>	: Sodyum klorür
<b>OXPHOS</b>	: Oksidatif fosforilasyon
<b>PEG</b>	: Polietilen glikol
<b>PZR</b>	: Polimeraz zincir reaksiyonu
<b>SDS</b>	: Sodyum dodesil sülfat
<b>SNP</b>	: Tek nükleotit polimorfizmi
<b>T<sub>M</sub></b>	: Erime sıcaklığı
<b>T<sub>A</sub></b>	: Bağlanma sıcaklığı
<b>Taq</b>	: <i>Thermus aquaticus</i>
<b>TEMED</b>	: Tetrametiletildiamin
<b>UV</b>	: Ultraviyole ışın

## 1. GİRİŞ

Böcekler, hayvanlar aleminin en kalabalık ve kutuplardan okyanuslara, çöllerden yağmur ormanlarına kadar her ekosisteme adapte olmayı başarmış bir sınıftır. Bunun temelinde evrimsel tarihleri boyunca geliştirdikleri farklı yaşam stratejileri bulunmaktadır. Bu yaşam stratejileri arasında beslenme, üreme, hareket etme yeteneği ve sıcaklık toleransı bulunmaktadır (Anderson vd., 1979). Örneğin; böceklerde üreme şekilleri, eşeyssel dimorfizmin ön plana çıkmasına ve dolayısıyla da farklı renklerde ve şekillerde böcek türlerinin evrimleşmesine neden olmuştur. Bu durum nesillerin devam etmesi için önemli bir süreçtir.

Sucul, karasal, kanatlı ve kanatsız formların yaşadığı ekosistemin fiziksel özelliklerine uyum sağlamak amacıyla farklılaştığı belirlenmiştir (Şekil 1). Sıcaklık, basınç, nem gibi çevresel etmenlere karşı gösterilen uyumsal özellikler böceklerin geliştirdikleri stratejilerdendir. Zamansal ve mekansal nedenlerle çevresel koşullarda gerçekleşen değişimler, böceklerin beslenme, üreme, büyüme, sosyal yaşam ve uçuş performanslarında oldukça farklı etkilere sebep olur. Bu nedenle böceklerin farklı yaşam stratejilerini nasıl geliştirdiklerini anlamak için genetik çeşitliliği koruyan süreçlerin çalışılması gerekmektedir.



**Şekil 1.** Farklı ekosistemlerde bulunan temsili böcek formları (URL-1)

Pek çok böcek türü yükseklik gradiyenti kapsamında özellikle bölgesel iklim koşullarına bağlı olarak geniş bir yayılım sergiler. Yükseklik potansiyel olarak sıcaklık, yağış miktarı, kısmi atmosfer basıncı, rüzgar hızı ve radyasyon miktarı değişimlerini kapsamaktadır. Bu parametreler böceklerin hayatta kalması ve üremesinde güçlü etkileşimlerle çevresel bir kılıf oluşturmaktadır. Böylece böceklerin habitatlarının sınırlandırılması ve populasyon sınırlarının belirlenmesi durumu ortaya çıkmaktadır. Dahası yüksekliğin artması ile böceklerin habitatlarının yapısal karmaşıklığı azalmaktadır.

Yüksek kesimlerde yaşayan popülasyonlarla alçak kesimlerde yaşayan popülasyonlar oldukça farklı çevresel koşullara adapte olmuşlardır. Bu durum türlerin ve sergiledikleri yayılışların anlaşılmasına yardımcı olmaktadır. Yükseklikle birlikte farklı çevresel koşullara maruz kalan popülasyonlar farklı seçim baskıları altında kalmaktadır. Değişen seçim baskısı popülasyonlar arası gen akışının engellenmesine neden olabilmektedir. Özellikle yükseklik gradiyenti boyunca yayılış sergileyen böcek türleri oldukça farklı ve sert çevre koşullarına maruz kalarak izole popülasyonlar oluşturmaktadır (Hodkinson, 2005). Türlerin ekoloji ile bağlantılı olarak mikroevrim ve adaptasyon çalışmalarında, enlemsel ya da yükseklik gradiyenti boyunca ve zaman içerisinde değişen iklim koşullarına, iki türün ya da popülasyonun neden benzer cevaplar verdiği dair ipuçları elde edilmektedir. Pickett (1989) bu yaklaşımla birlikte yükseklik gradiyentinin ve enlemsel gradiyentin karakteristik özellikleri arasında farklılıklar bulunduğunu belirtmiştir. Yükseklik gradiyentinde kısa yatay mesafelerde hızlı çevresel değişimler karakterize iken enlemsel gradiyente daha uzun yatay mesafelerde aynı büyüklükte kademeli bir değişimin karakterize olduğu gözlenmiştir. Bu farklılığın nedeni özellikle gün uzunluğu ve ışığa ulaşılabilirlik gibi oldukça farklılık gösteren enlemsel parametrelerin boylamsal gradiyentle ilişkili olarak minimal değişimler göstermesidir.

Yapılan araştırmalar sonucunda böcek türlerinin ve popülasyonlarının habitatlarının tanımlanması ve farklı çevresel gradiyentlere karşı sergiledikleri değişimlerin anlaşılması mümkündür. Bu çalışmalarda ilk olarak bireylerin önemli fiziksel parametreleri ile çevresel gradiyentler karakterize edilir. Bu parametreler gradiyent boyunca izole ve kombine olarak test edilmektedir. Gradyent boyunca maruz kaldıkları çevresel değişimlere karşı böcek türlerinin hem doğrudan hem de türlerin konakçıları aracılığıyla sergiledikleri dolaylı tepkiler birey ve popülasyonun bulunduğu seviyeye göre incelenmektedir. Böylece türler arası ve tür içi popülasyonlardaki varyasyon ve adaptasyonların değişimi hakkında bilgiler elde edilebilmektedir.

Anadolu, tür içi seçim baskılarını ve lokal adaptasyon örüntülerini anlayabilmek için oldukça elverişli olup, deniz seviyesinden 5100 metreye kadar çıkan yüksekliğe sahiptir. Çok kısa mesafelerde dahi farklı yükseklik seviyelerinin bulunması yukarıda bahsedilen ekolojik faktörlerin tür içinde farklı düzeylerde etki etmelerine neden olmaktadır. Anadolu'da *Cephus pygmeus* türünün geniş bir alanda yayılış göstermesi değişken coğrafik koşulları ile şekillenen tüm bu topografyaya bağlı parametrelerin



etkisi altında kaldığını göstermektedir. Projenin ön çalışmaları kapsamında, türün farklı populasyonlarını temsil etmek üzere yaklaşık 500 bireyin kanat morfolojisinden yararlanılarak gerçekleştirilen geometrik morfometri analizleri sonucunda, farklı yüksekliklerde yaşayan populasyonların farklı kanat şekillenmesine sahip olduğu saptanmıştır. Bu ön çalışmada yüksekliğin artmasına bağlı olarak türün populasyonlarında kanat büyüklüğünde artış olduğu istatistiksel olarak belirlenmiştir. Bu ön bulgular, tür içinde gözlenen bu kanat varyasyonunun ana kaynağının yüksekliğe bağlı olarak değişen alçak hava basıncına uyum sağlamak amacıyla açığa çıkan bir seçim baskısı olduğu hipotezini desteklemektedir. *C. pygmeus* türü populasyonları arasında gözlenen bu morfolojik farklılaşma biyoenerjetik gereksinimlerinde de bir farklılığa yol açma potansiyelini barındırmaktadır. Böyle bir etki sonucu *C. pygmeus* populasyonları arasında bir farklılaşma ya da bu ekolojik parametrelere bağlı olarak bir yapılanmanın olup olmadığı çalışmanın temelini oluşturmaktadır.

Çalışma kapsamında ülkemizde geniş ve devamlı bir yayılış sergileyen *C. pygmeus* türü populasyonları arasında yükseklik ve yükseklik kaynaklı diğer çevresel faktörlerin, enerji metabolizması ile ilişkili mitokondri genomuna ait *ATP8* geni ve çekirdek genomu üzerine olası seçim baskıları, *ATP8* geninin nükleotid ve amino asit düzeyindeki farklılaşma düzeyleri ve AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) bant profilleri üzerinden açıklanmaya çalışılmıştır.

## **1.1 Genel Bilgiler**

### **1.1.1 Yükseklikle birlikte değişen ekolojik faktörler**

Yükseklikle birlikte ekolojik faktörlerin kademeli ve ani değişimler sergiledikleri bilinmektedir. Yüksekliğe bağlı olarak güneşlenme süresi ve şiddeti, kısmi atmosfer basıncı, sıcaklık, nem, rüzgar hızı ve yağış miktarı gibi ekolojik parametrelerde değişkenlik gözlenmektedir. Bu değişkenlik doğrudan böcek populasyonlarının yaşamsal süreçleri üzerinde etki etmektedir. Değişen coğrafya ile şekillenen ekolojik parametreler; doğrudan böcek türleri üzerine etki etmesinin yanı sıra konak bitkiler üzerindeki etkileri nedeniyle de dolaylı bir etkiye sahiptir (Hodkinson, 2005).

### 1.1.1.1 Sıcaklık

Yükseklik ile şekillenen ekolojik parametrelerden sıcaklık, soğukkanlı olan böceklerin gelişiminde en etkili olanıdır (Taylor, 1981; Pedigo, 1989). Ek olarak sıcaklık, türlerin coğrafik dağılımının (Addo-Bediako vd., 2000, 2002; Root vd., 2003; Calosi vd., 2010; Sunday vd., 2010; Kellermann vd., 2012a, 2012b; Overgaard vd., 2014) ve yaygın dağılım aralığının ve küresel iklim değişimi ile sıkı bağlantısı sonucu oluşan daralmaların anahtar etkenidir (Verberk, 2016). Sıcaklık sapma oranı, artan yükseklikle beraber her 1000 metrede genellikle 5,5-6,5°C arası değişim gösterir (Anslow ve Shawn, 2002). Bu oran genel kabul görse de topografik ve meteorolojik koşullara göre farklılık gösterir (Lookingbill ve Urban, 2003; Rolland 2003). Rüzgar hızı, nem oranı, bulut miktarı ve maruz kalınan radyasyon miktarı sonucu bu oranda varyasyon gözlenebilir. Bu yüzden sapma oranı karasal iklimlerdeki sıcak yazlar ve alçak bulut miktarı ile denizlerdeki soğuk ve bulutlu yaz koşulları arasında farklılık gösterir. Dikey sıcaklık profilleri, buzullar ile sıcaklık değişimlerinden kaynaklanan soğuk rüzgarlar gibi bölgesel bir dağılım sergiler (Pepin, 2001).

Sıcaklık parametresi, böceklerin yayılışını, gelişimini, davranışını, hayatta kalma ve üreme başarısını etkileyen bir çevresel faktördür. Bu nedenle tüm fizyolojik ve metabolik fonksiyonlar üzerinde oldukça önemli bir etkiye sahiptir. Mevsimsel farklılıklardan ve yükseklikten kaynaklanan sıcaklık varyasyonu bir böceğin aktif gelişimi süresince büyük önem oluşturur. Ek olarak toprak ya da bitki örtüsü sıcaklıkları çevrenin sıcaklığını farklı şekilde etkilediğinden özellikle yüksek kesimlerdeki böcekler için önem arz etmektedir. Örneğin; metabolik açıdan yüksek sıcaklıkta aktivite gösteren enzimlere göre düşük sıcaklıktaki homolog enzimler daha hızlı bozulmaya uğramaktadır. Bu durum sıcaklık değişimine göre homolog enzimlerin optimum düzeyde aktivite gösterecek şekilde seçilime uğramasına neden olmaktadır (Samietz, 2005).

Sıcaklığın etkisi ile habitat ve diğer fiziksel koşullar da değişmektedir. Böylelikle sıcaklık faktörü böceklerde eşey oranı (Zheng vd., 2008), erişkinlerin yaşam süresi, hayatta kalma ve üretkenlik (Yang vd., 1994; Dreyer ve Baumgartner, 1996; Infante, 2000; Pörtner, 2002; Angilletta, 2009) gibi çok sayıda biyolojik süreç üzerinde etkili olmasının yanı sıra böcek gruplarında kolonizasyon, yayılış, bulunma sıklığı, davranış ve yaşam tarzını da etkilemektedir (Cossins ve Bowler, 1987; Denlinger ve Yocum,

1998; James vd., 2002; Hoffmann vd., 2003; Chown ve Terblanche, 2007). Böylesine geniş bir etki gücüne sahip bir ekolojik parametre olan sıcaklık, yükseklikten bağımsız olarak değerlendirilmemelidir (Bale vd., 2002). Sıcaklıktaki böylesine büyük bir değişim böcek gruplarında büyüme ve gelişim üzerine doğrudan etkili olmaktadır (Geiger vd.,1995). Ancak yüksekliğe bağlı olarak değişen sıcaklık değerleri ile böceklerin vücut sıcaklıkları arasında eşdeğer sıcaklık değişimlerinin olması zorunlu değildir (Stevenson, 1985). Vücut sıcaklığı eklem bacaklılarda, mikrohabitat özelliklerinin yanı sıra vücut şekli, boyutu ve davranışsal özellikler gibi çoklu termoregülasyon süreçleri ile kararlı hale getirilmiştir (Casey, 1992). Ancak iklimsel farklılıklara bağlı sıcaklık değişimleri böcek kominitelerini etkilemekte ve özellikle de yüksek rakımlara adapte olmuş türler için daha da önemli bir hal kazanmaktadır (Nogués vd., 2007). Sonuç olarak sıcaklık parametresi böceklerin kolonileşmesini, yayılışını, belirli bir habitatta bulunma sıklığını, davranışını, uyum gücünü ve tüm bu özelliklerin bir bütün olarak değerlendirilmesi sonucunda yaşam öykülerini derinden etkileyebilmektedir (Cossins ve Bowler, 1987; Denlinger ve Yocum, 1998; James vd., 2002; Hoffmann vd., 2003).

#### **1.1.1.2 Kısa radyasyon dalgası (UV)**

Kısa radyasyon dalgası içindeki UV, yaşayan canlılar üzerinde potansiyel zararlı etkiye sahiptir. Genellikle yüksekliğin artması ile maruz kalınan UV radyasyon miktarında artış olur. Bu durum yükseklikle birlikte değişen dalga boyuna bağlı olarak gerçekleşir. Alplerde 3576 ve 577 m de yapılan yıllık ölçümlerde her 1000 m'de % 8-9 oranında değiştiği gözlenmiştir (Blumthaler vd., 1992; McKenzie vd., 2001). Bu değişim zirvedeki güneş ışığı açısı, bulut miktarı, yüzeye düşen radyasyon miktarı ve atmosferik kirlilik oranı gibi pek çok faktörden etkilenmektedir. Kısa radyasyon dalgasına maruz kalma oranı böceklerde farklı renk örüntülerine neden olmaktadır (Alados-Arboledas, 2003).

#### **1.1.1.3 Kısmi atmosfer basıncı**

Yüksekliğe bağlı olarak şekillenen ve böcek kominiteleri için oldukça önemli olan bir diğer ekolojik parametre ise atmosferik gazların kısmi basıncıdır. Günümüzden yaklaşık 400-251 milyon yıl önce yaşayan böcekler ile günümüz böcek grupları karşılaştırıldığında vücut büyüklüğünde bir azalma yönünde evrimleşmenin olduğu

bilinmektedir (Shear ve Kukalova-Peck, 1990; Grimaldi ve Engel, 2005). Günümüzde dünya üzerinde böylesine büyük böceklerin yaşamasına izin vermeyen faktör ise o zamandan günümüze 21 kPa atmosferik kısmi basıncında düşüş gözlenen oksijen kaynaklı olduğu düşünülmektedir (Graham vd., 1995; Dudley, 1998; Berner, 2006; Ward, 2006). Böylesine önemli bir evrimsel değişikliğe yol açan oksijen gazı, aynı zamanda deniz seviyesinden itibaren artan yüksekliğe bağlı olarak kısmi basıncında (havadaki bulunma yüzdesinde) da değişiklik göstermektedir (Harrison vd., 2010). Örneğin, bir böceğin yaşadığı ortamdaki oksijen durumu, deniz seviyesi ile karşılaştırıldığı zaman 1000, 2000 ve 4000 m yüksekliklerde sırasıyla % 11, % 20 ve % 37 oranlarında daha düşüktür (URL-2). Kısmi atmosfer basıncı artan yükseklikle doğrusal olarak bir azalma gösterdiğinden her böcek için kullanılabilen oksijen miktarında bir azalma gerçekleşir. Yüksek kesimdeki hava organizmalarda enerji transferini ve uçuş performanslarını büyük oranda etkiler. Ek olarak, oksijen değişimi böcek vücutlarında sıcaklığın değişmesine de neden olmaktadır. Aynı zamanda CO<sub>2</sub> düzeyinde de benzer bir düşüş yaşanacağı için, böcek konak bitkileri de bu durumdan etkilenecek ve atmosferik gazların yüksekliğe bağlı değişimine paralel olarak böcek grupları da bu değişime evrimsel bir yanıt oluşturacaktır (Hodkinson, 2005).

#### **1.1.1.4 Yağış**

Yağış miktarı konak bitkilerin çeşitlilik, dağılım ve verimliliğini ve ilişkili toprak yapısını etkileyen büyük bir faktördür. Bölgenin fiziksel koşullarına bağlı olarak yükseklik gradiyenti boyunca yağış miktarı ve tipi değişiklik gösterir. Bu durum topraktan özütlenen besinlerin artmasında ya da çoğu böcek türü için larva döneminde uygun yaşam alanı sağlanmasında önemlidir. Bulutlarla kaplı bölgede yüzey sıcaklığı düşer. Bulut tabakasının altında yağış miktarı daha fazladır ve sıcaklığın daha yüksek olması böcekler için oldukça farklı koşullar oluşturur. Ekstrem hava sıcaklıklarının olduğu bölgelerin karla örtülü olması ise böceklere termal koruyucu olarak görev yapar. Ek olarak bahar döneminin erken gelmesiyle değişen yağış oranı sıcaklık değişimi ile beraber böceklerin büyüme sürelerini etkiler (Latenser ve Schneebeli, 2003).

#### **1.1.1.5 Rüzgar hızı**

Değişen topografya ile şekillenen ve böcek gruplarını etkileyen ekolojik parametrelerden bir diğeri ise rüzgar hızı olarak kabul edilmektedir. Rüzgar hızı genellikle yükseklik parametresindeki artışa paralel olarak artış sergilemesine rağmen,

büyük ölçüde arazi topografyasına bağlı olarak şekillenmekte ve bölgesel olarak değişkenlikler göstermektedir. Rüzgar hızının sürekli yüksek olması böcekler gibi küçük organizmalar için önemli bir etkidir. Çünkü rüzgar hızına göre böceklerin popülasyonlarından, habitatlarından daha uzak mesafelere sürüklenmesi söz konusudur. Böceklerde uçuş kabiliyeti üzerine doğrudan etki gösteren bir faktör olarak bilinen rüzgar hızı bazı durumlarda böceklerin bir yerden başka bir yere taşınmaları açısından kolaylaştırıcı bir göreve sahip olabilmektedir (Hodkinson vd., 2002).

### **1.1.2 Yüksekliğin böcek türlerinin ve popülasyonlarının fenotipi üzerindeki etkisi**

#### **1.1.2.1 Kanat büyüklüğü varyasyonu**

Yüksek kesimlerde yaşayan böcek popülasyonları ile alçak kesimlerde yaşayan popülasyonlar karşılaştırıldığında soğuk çevresel koşullarda düşük uçuş aktivitesi ile ilişkili olarak körelmiş kanatlara sahip olan ya da kanatsız olan formların yüksek kesimlerde görülme sıklığının daha fazla olduğu pek çok çalışmada belirtilmiştir (Strathdee ve Bale, 1998). Bu duruma en güzel örnek habitatı yalnızca dağların yüksek kesimleri olan Grylloblattodea (Notoptera) alt takımıdır. Grylloblattodea alt takımı kanatsızdır ve “icebugs” olarak da bilinirler. Optimal yaşam koşulları 1-4°C arasındadır. Kanat indirilmesi hem bir türde polimorfizm olarak hem de türlerin bir topluluğunda oranın artması ile görülebilir. Örneğin Kanada'nın Rocky dağında yaşayan *Agonum retractum* (Carabidae: Coleoptera) aynı popülasyon içinde hem kanatlı hem de işlevsiz kanatları olan formlara sahiptir. Heterozigot uzun kanatlı dişi bireylerin sahip oldukları kısa ve uzun kanatlar büyük ihtimalle göç ve kolonizasyonda farklı görevler üstlenmektedir (Zera ve Harshman, 2001). Artan yükseklik ile kısa kanatlılık arasında doğrudan bir ilişki olsa da bu durum tartışma konusudur. Çünkü ortam sıcaklığı uçuş için nadiren olsa da elverişli olduğunda, üreme için kısıtlı enerji kaynaklarının korunması ve habitat bulma ile dağılım arasında enerji değişimini içeren bir karşılaştırma durumu mevcuttur. Kısa kanatlılığın yükseklikte belli bir habitatla yaşamla ilişkili olmasının yanında yaşla da bir bağlantısı olduğu belirtilmiştir (Denno vd., 1996). Bu durum kanat yapısının coğrafik ve bölgesel yayılış örüntülerinin belirlenmesinde önemli bir parametre olduğunu göstermektedir. Kısa kanat ve uçuş yeteneği kaybının böcek türlerinde vücut büyüklüğü ve popülasyonlar arası gen akışı üzerinde önemli etkileri olduğu görülmüştür. Bir öngörü de yüksek rakım

populasyonlarında büyük kanadın yağışlı hava ile karşılaştığında bireye avantaj sağlayacağı yönündedir. İyi uçucularda artan yüzey alanıyla ilişkili olarak karşılaşılan ince hava tabakası ile birlikte kanat yapısının populasyonlarda güçlü bir seçilime maruz kalarak yüksek kesimlerde kanat büyüklüğünün artacağı görüşü desteklemiştir (Budnik vd., 1988). Artan yükseklikle birlikte kanat uzunluğu ve genişliğinin artması *Drosophila flavopilosa* (Diptera: Drosophilidae) türü erkeklerinde yapılan çalışmayla gösterilmiştir. Kanat büyüklüğünün dişi bireyler için orta yükseklikteki kesimlerde farklı seçim baskılarına maruz kalmış olabileceği düşünülmüştür (Budnik vd., 1988).

### 1.1.2.2 Renk polimorfizmi

Sıcaklığı değişken olan bölgelerde yaşayan böcek türleri için belirli yükseklikler vücut sıcaklıklarının ayarlanması açısından avantaj sağlamaktadır. Bu davranışsal olarak güneşlenme süresi ile elde edilebilir ve farklı yüksekliklerde güneşlenme süresi oldukça değişkendir. Diğer türler için bu durum vücut yüzeyinin spektral soğurum özellikleri ile pasif olarak elde edilir. Basitçe yüksek kesimlerde koyu renkler daha fazla ısıyı absorbe ederler. Yansıtıcı renklenme ise düşük yüksekliklerde yüksek sıcaklık altında ısı kazancını minimuma indirebilir. Birkaç böcek türü yüksekliğe karşı vücut renklerinde varyasyon gösterir. Çalışılan çoğu salya böceklerinde yükseklikle beraber melanik varyasyon oranı artar. Benzer yükseklik ve renk ilişkisi *Eupteryx leafhoppers* (Cicadellidae: Hemiptera) türünde de gözlenmiştir. Alpllerdeki kelebek türlerinde benzer şekilde yükseklikle paralel olarak ventral bölgelerindeki renklenmenin de varyasyon gösterdiği görülmüştür (Heinrich,1996; Mikhailov, 2001; Hodkinson, 2005). Absorbe edilen radyasyon ve beklenmedik habitat koşullarından kaynaklanan atmosfer kirliliğinin büyüklüğü de populasyonda renk polimorfizminin oranını etkileyebilmektedir. Bu durum Avrupa, Rusya ve Japonya dağlık bölgelerinde yetişen bitkilerle beslenen böcek türleri üzerinde yapılan araştırma ile desteklenmiştir. Bu çalışmada UV ışınlarına maruz kalan türlerin metalik renklerinin doğrudan beslendikleri bitkinin bulunduğu yükseklikle bağlantılı olduğu görülmüştür. *Oreina sulcata* (Chrysomelidae: Coleoptera) türünde yapılan bir çalışma sonucunda normalde alçak kesimlerde yeşil renkte iken coğrafik bölge boyunca yükseklerle çıkıldıkça daha koyu ve metalik bir renklenmeye sahip oldukları görülmüştür. Bu özelliğin UV radyasyona maruz kalınmasıyla geliştirilmiş olabileceği düşünülmüştür (Mikhailov, 2001).

### 1.1.2.3 Vücut büyüklüğü varyasyonu

Literatürde bir böcek türünün ortalama vücut büyüklüğünün yükselen (veya enine) bir eğri boyunca değişebileceğini gösteren birçok örnek vardır. Farklılıklar, değişik sıcaklıklardaki büyüme ve gelişme oranlarındaki varyasyondan kaynaklanmaktadır ve bunun genel üreme başarısı için önemli etkileri vardır. Problem, diğerleri ters eğilim gösterirken (Hawkins ve deVries, 1996; Chown ve Klok, 2003) bazı türlerin artan yükseklik ile boyut artışı göstermesidir. Boyut artışları genellikle gelişimsel sıcaklık ve kaynak sınırlaması olmayan bir çevredeki ektoterm (soğukkanlı) hayvanların boyutları arasındaki negatif bir ilişki ile açıklanmaktadır (Atkinson, 1994; Smith vd., 2000). Norveç'te *Salix lapponum* (Salicaceae: Malpighiales) ile beslenen *Cacopsylla* türlerinde olduğunun aksine, boyut azalmalarının genellikle mevsimlik kaynak durumuna bağlı, potansiyel büyümeyi kısıtlayan kaynak sınırlamalarından kaynaklandığı düşünülmektedir (Hill vd., 1998). Bu açıklamalara destek, yarı antarktik adalardaki 1000 m. lik bir yükseklik aralığının üzerindeki birkaç ortak ekin biti türünün vücut büyüklüğündeki eğilimlerden gelmektedir (Chown ve Klok, 2003). Sıcak ama rüzgarlı, sezonluk olmayan ortamda ortalama vücut büyüklüğü yukarı doğru bir eğilim ile artmıştır. Soğuk mevsimsel çevrede yüksek kesimde ise daha çok kaynak kısıtlaması sonucu vücut büyüklüğü azalma göstermiştir. Mevsimlik çevresel koşullarda farklı yaşam stratejileri, yükseklik gradiyenti boyunca vücut boyutunda kademeli ya da aralıksız klinler yaratma potansiyelindedirler (Roff, 1980). Aralıksız oluşan klinler, bir türün yükseklik aralığı boyunca tek nesil oluşumunu sürdürme eğilimindedir. Kademeli klinler diğerlerinin aksine, türlerin tek nesil oluşturmasından yılda iki nesil oluşturmaya geçiş yaptığı türlerde oluşur. Yükseklik geçiş noktasında gelişme döneminin ansızın bölünmesi sonucunda bivoltine (yılda 2 döl veren) populasyon daha küçük bireyler oluşturma eğiliminde olur. İspanya'da böylesi bir yükseklik geçiş noktasında carabid böcekleri üzerinde yapılan bir çalışma uzun kanatlı bireyler yerine kanatsız ya da küçük kanatlara sahip bireylerin meydana geldiği, vücut büyüklüğü ile bölgesel dağılım arasında pozitif bir korelasyonun olduğu gözlenmiştir. Genellikle artan yükseklik ile birlikte böceklerde ortalama boyutta bir azalmanın olduğu belirtilmiştir (Gutierrez ve Menendez, 1997).

#### 1.1.2.4 Termal tolerans

Böcek türlerinin termal tolerans kapasitesi habitatlarının bulunduğu yüksekliğe bağlı olarak sıcaklık profiline uyum sağlama süreci açısından büyük önem taşır (Hodkinson, 1999). Bu durum kendi yükseklik sınırından düşük yüksekliklerde ısı stresine yenik düşmesi ile soğuk türlerin yüksek kesimlerdeki yaşam süresi açısından özellikle önemlidir. Ancak pratikte, sınırlı bir süre içerisinde gelişimini tamamlamak için çevresinden yeterli ısı enerjisini elde etme yeteneği üst dağılım sınırlarını belirleyen bir etkidir. Eklem bacaklıların geniş yayılış sergileyen türleri ile yapılan bir çalışmada 610 m-1085 m yükseklik gradiyenti boyunca türlerin yayılış aralıkları karşılaştırılmıştır (Buse vd., 2001). Bu çalışmada termal toleransı incelemek amacıyla optimal vücut ısısı ve aşırı soğuma noktası kullanılmıştır. Çalışma sonucunda dağ meskenli ve daha yaygın türlerin  $-5,8^{\circ}\text{C}$  ve  $-6,9^{\circ}\text{C}$ 'deki öldürücü soğuğa direnç göstermek amacıyla farklılaştığı belirlenmiştir. Soğuk toleransı ile bu farklılaşma yaygın ve küçük türler arasında daha net bir şekilde gözlemlenmiştir. Farklı bir çalışmada ise *Craspedolepta nebulosa* (Aphalaridae: Hemiptera) türlerinin  $-17,5^{\circ}\text{C}$  altındaki sıcaklıklara hem kısa hem uzun süreli dayanabildiği gözlenirken  $40^{\circ}\text{C}$  üzerindeki sıcaklıklara ise kısa süreli dayanabildiği belirlenmiştir (Hodkinson, 2005).

#### 1.1.2.5 Oksijen ihtiyacı ve oksijen seviyesinin düzenlenmesi

Böcek türlerinin popülasyonları normal aktivite düzeylerini korumak için birim hacim başına azalan oksijen miktarına karşılık trake sistemlerine giren hava oranını arttırmak zorundadırlar. Bu döngü solunum değişim yolakları aracılığıyla su kaybı oranının artmasına neden olsa da düşük bir oranda aralıklı gaz değişim döngüsü ya da yüksek rakımlardaki potansiyel nem koşulları ile kısmen dengelenebilmektedir (Chown, 2002). Paralel olarak düşük sıcaklıkla karşılaşıldığında yüksek kesimdeki popülasyonlar belli bir sıcaklıkta daha etkili bir solunum gerçekleştirme yönünde bir seçilime maruz kalırlar. Diğer taraftan, eğer azalan oksijen durumu telafi edilmezse bu durum enerji dağılımı ve büyüme performansına yansır. Kaliforniya'da yüksek rakımdaki bir çekirge türü popülasyonlarında belli sıcaklıktaki solunumun spesifik kütle oranı ve su kaybı alçak kesimdeki popülasyondan daha yüksektir.

Yükseklik arttıkça azalan oksijen kısmi basıncı ile hücrelere sağlanan oksijen miktarının azalması böceklerde termoregülasyonun sınırlandırılmasına neden olur.



Termoregülasyon, organizmanın vücut sıcaklığını sabitleyebilme durumudur. Organizmanın doğal çevresine davranışsal ya da fiziksel cevabı ile birlikte termoregülasyon gerçekleşir. Pek çok böcek türü oldukça değişken vücut sıcaklığına sahiptir ve çevre koşullarından etkilenmektedir (Lee vd., 2006; Gleixner vd., 2008). Bazı böcekler sadece güneş ışığından faydalanabildikleri zaman termoregülasyonu gerçekleştirebilirken, bazıları göçün kısa bir periyodu boyunca vücutlarını termoregüle edebilirler. Termoregülatör mekanizmalar ya metabolik ısı üretimindeki değişimleri ya da çevreyle ısı alışverişini içerir. Isı değişimi iletim, ısı taşınımı, radyasyon ve buharlaşma şeklinde gerçekleşebilir. Yani ısı değişimi organizmanın vücut sıcaklığı ile ortam sıcaklığı arasındaki farka, çevrenin iletkenliğine, rüzgar hızına ve radyasyon yoğunluğuna bağlıdır. Buharlaşma ile gerçekleşen ısı değişimi su kaybına da neden olmaktadır. Bu nedenle organizmada buharlaşma yüzey alanı ve ısı yayılım alanı önemlidir. Bu durum, böceklerin farklı vücut yapılarının ısı alışveriş oranı ve bu oranları kontrol edebilme yeteneği ile doğrudan ilişkili olduğunu göstermektedir. Yani çevresel koşullara karşı fizyolojik ve biyokimyasal değişimler canlıya esneklik kazandırmaktadır (Rourke, 2000).

#### **1.1.2.6 Yaşam süresi varyasyonu**

Geniş bir yükseklik yayılışına sahip böcekler artan yükseklik ile büyüme ve üreme için, özellikle sıcaklığın azalması ile kötüleşen çevre koşullarına direnç göstermek amacıyla yaşam sürelerini adapte etme problemiyle karşı karşıya kalmaktadır. Farklı türler kendi özel biyolojilerine bağlı olarak, bu zorluğa farklı şekillerde yanıt vermektedir. Adaptasyon koşulları, çevresel şartlar ile senkronizasyonu sağlama ihtiyacı ve konak bitkinin fenolojisi ile yönetilir (Tauber vd., 1986). Adaptasyon süreci pek çok farklı durumu içerebilir:

- ✚ Azalan larva miktarı
- ✚ Yıllık jenerasyonların miktarı
- ✚ Uzayan yaşam döngüleri
- ✚ Gelişim için indirgenmiş sıcaklık eşikleri
- ✚ Düşük sıcaklıklardaki hızlandırılmış gelişim
- ✚ Düşük sıcaklıklardaki kısa diyapoz süresi

Kazanılan bu adaptif özellikler çevresel koşullara karşı böceklerin esneklik kazanmasını sağlar. *Alpine collembolan* (Collembola), *Isotomurus alticola* (Isotomidae: Collembola) ve *Allonemobius fasciatus* (Gryllidae: Orthoptera) gibi bazı böcekler gelişim sırasında larva sayısını azaltarak yüksek rakımda daha kısa bir büyüme sezonunu telafi etmektedir (Zettel, 2000). Bu durumun, ergin bireylerin potansiyel olarak üretkenliğinin azaltılması ile sonuçlanan belirgin etkileri vardır. *A. fasciatus* türünde larva azalması, diğer bazı cırcır böcekleri ile artan sezon içindeki gelişmenin gecikmeli başlangıcı tarafından tetiklenmektedir. Larvalar yüksek rakımlarda gelişim aşamasında, düşük rakımlardakine göre azalan gün uzunluğu ile birlikte daha kısa süre gün ışığına maruz kalmaktadırlar. Bu durum gelişim süresi üzerinde oldukça önemli bir etki oluşturmaktadır. Diyapoz ve gelişim sürecinde oluşan farklılıklar popülasyonların farklı zamanlarda çiftleşme dönemine girmesine neden olarak gen akışının azalmasına neden olur.

Artan yükseklik ile yıllık jenerasyonların sayısında azalma birçok böcek türünde gözlemlenmiştir. Örneğin Kuzey Galler'deki *Aricia agestis* (Lycaenidae: Lepidoptera), alçak kesimlerde sıcak yerlerde yıllık iki jenerasyon verebilirken yüksek rakımlarda daha soğuk bölgelerde bir jenerasyon verebilmektedir. Herhangi bir tür için gelişim süresi alçak kesimler ile karşılaştırıldığında yüksek kesimlerde daha kısa olacaktır (Hodkinson, 2005).

Ek olarak, 440 m bir yükseklik gradiyenti boyunca salya böceği *Neophilaenus lineatus* (Cercopidae: Hemiptera) türünün yumurtadan çıkma tarihi dört haftaya kadar değişebildiği belirlenmiştir. Yumurtadan çıkan bireyler, yüksek kesimlerdeki oranla alçak kesimlerdekinden daha hızlı gelişmiştir. Bu durum yüksek kesimlerde geç yumurta bırakma durumunu kısmen telafi etmiştir. Sonuç olarak sert çevresel koşullara karşı gerçekleşen bu hızlı adaptasyon süreci mikropopülasyonların oluşmasına ve gen akışının azalmasına neden olmaktadır (Fielding vd., 1999).

#### **1.1.2.7 Besin kompozisyonu**

Böceklerin genel performansları konağın besin kalitesine özellikle azot konsantrasyonuna bağlıdır. Besin kaynağı olmayan sekonder metabolitler de konak bitkinin seçimini ve beslenme davranışını etkilemektedir. Çoğu bitki türü artan yükseklikle kimyasal kompozisyonunda değişim sergiler. Yükseklikle birlikte bitkilerde azot konsantrasyonunun arttığı belirlenmiştir. Bu mekanizma tam olarak bilinmese de

düşük sıcaklıkta yavaş gelişim sürecinden kaynaklı olabileceği düşünülmektedir (Erelli vd., 1998). Bir diğer görüş ise yüksek kesimdeki bitkiler azot kompozisyonu açısından daha az rekabete maruz kaldığından dokularına daha fazla azot alabildiği düşüncesidir. Ek olarak yükseklikle birlikte bitkilerde sekonder metabolitlerin azaldığı ve bu durumun böceklerin konak tercihlerini etkilediği belirtilmiştir (Hodkinson, 2005).

#### **1.1.2.8 Üreme başarısı**

Böceklerde yükseklik artışı ile beraber üretkenliklerinde bir azalma olduğu görülmüştür. Bu durumun vücut büyüklüğünden kaynaklı olarak besin kalitesi ya da kısa yumurta bırakma süresi ile ilişkili olduğu düşünülmüştür. Avustralya çekirge türlerinde artan yükseklikle beraber yumurta üretiminin azaldığı açıkça gözlenmiştir. *Colias* kelebeklerinde yapılan bir araştırma sonucunda da yüksek kesimdeki bireylerin alçak kesimdekilere oranla daha az yumurta bıraktığı gözlenmiştir. Bu yumurtalardaki kalıtsal farklılığın yükseklik nedeniyle uçuş kabiliyetindeki fizyolojik düzenlemelerden kaynaklandığı belirtilmiştir. Benzer durum *Drosophila teissieri* (Diptera: Drosophilidae) türünde de gözlenmiştir. Bununla birlikte *D. teissieri* ile benzer tür olan *D. yakuba* türünde farklı bir durum söz konusudur. *D. yakuba* türünde artan yükseklikle birlikte aşamalı bir şekilde üretkenliğin arttığı görülmüştür. Bu durum özel habitat koşulların ani değişiminden kaynaklanmış olabileceği öngörülmektedir (Hodkinson, 2005).

#### **1.1.3 Yüksekliğin böcek türlerinin ve populasyonlarının genotipi üzerindeki etkisi**

Birçok dağlık habitatın parçalı ve izole doğası ile birlikte sert çevre koşulları, böceklerin mikro evrim ve adaptasyon süreçlerinde önemli bir yere sahiptir. Özellikle dağlık alanlar aynı türlerin populasyonları arasında gen akışına karşı bariyer görevi üstlenerek populasyonlarda farklılaşmaya neden olabilir. Populasyonlar arası genetik farklılaşma kıtalar boyunca coğrafik farklılık ile doğrusal olarak artmaktadır (Relethford, 2004; Manica vd., 2005; Ramachandran vd., 2005; Romero vd., 2008). Genetik farklılıklar sınırlı gen alışverişi ve bölgesel seçim farklılıkları nedeniyle ortaya çıkar. Bu tür farklılaşmalar yalnızca keskin yükseklik geçiş bölgelerinde meydana gelirken bu durum türlerin dağılma yeteneğine bağlıdır. İsviçre Alplerindeki *D. subobscura* türünün populasyonlarında 1. kromozomda gen yeniden düzenlenmesinin örüntülerinde farklılık

olduğu gösterilmiştir (Burla vd., 1986; Hodkinson, 2005). Farklı bir çalışmada *D. robusta* türüne ait populasyonların inversiyon frekansı hesaplanarak yüksek ve alçak kesimlerdeki populasyonlarda orta kesimlerdeki populasyonlara göre daha yüksek oranda genetik farklılık içerdiği belirlenmiştir (Etges, 1984). Başka bir çalışmada ise Doğu ABD dağlarında *Platynus tenuicollis* (Coleoptera: Carabidae) türünün populasyonları arasında klinal bir varyasyon olduğu ve kademeli bir gen transferinin varlığı tespit edilmiştir. Buna karşılık gen akışının ve hibritleşmenin düşük düzeyde olması nedeniyle alel frekansının değişimi ve heterozigot eksikliği, yükseklik ve alel frekansı arasında güçlü bir korelasyonun olduğunu göstermiştir (Hodkinson, 2005).

Farklı yüksekliklerde çevre sıcaklıklarına bağlı zamansal izolasyon, aynı zamanda hibritleşme yeteneğine sahip olan yakın akraba türlerin genetik bütünlüğünün korunmasında önemlidir. Hibrit bölge dışındaki türlerin ayrımı sonucu gelişim oranı üzerinde yükseklikle birlikte değişen sıcaklığın farklı etkileri bulunmaktadır. Sıcaklık değişimi ile oluşan yaşam döngüsü sürelerindeki varyasyon, *Erebia* cinsi kelebeklerde olduğu gibi genetik bir farklılaşmaya öncülük edebilir (Vila ve Björklund, 2004). Bu cinse ait türlerin bireylerinin yaşları ve buldukları evre onları genetik olarak geçici bir süre için izole ettiği belirlenmiştir. Özellikle karasal böceklerde yükseklik gradientiyle bu özelliklerin güçlü bir etkisi olduğu gözlemlenmiştir. Bu farklılıklar, farklı yüksekliklerde populasyonlar arasında potansiyel gen akışının azalması ya da yok olmasından kaynaklanabilmektedir.

Genetik varyasyon ve gen akışı, populasyonlar arasında tahmini uzaklığın ve önemli genetik özelliklerin zamansal dağılımının belirlenmesinde kullanışlıdır. Populasyonlar arasında gen akışının olması fenotipik esneklik sağlar (Antonovics, 1976). Bu esneklik bireylerin bir ya da iki nesil sonra yeni koşullara adapte olmasına izin verir. Organizmanın çevresel koşullar karşısındaki morfolojisi, kimyası, fizyolojisi, davranışları ve gelişimi genotipin değişimiyle gerçekleşir. Bir organizmanın değişen koşullara karşı bir adaptif strateji sergilemesi alternatif fenotiplerle sağlanır ve yüksek gen akışı esnekliğin artmasında etkilidir. Eğer bireyler gen akışı ile esnek özellikler kazanırsa değişen çevresel koşullar karşısında alternatif adaptif bir özellikle bu değişime uyum sağlamış olur.

Yükseklığe bağlı pek çok ekolojik parametredeki değişimin populasyonların genel yapılarında çeşitlenmelere yol açtığı bilinmektedir. Yüksek rakım habitatlardaki soğuk

ve oksijen azlığı durumu, canlılar üzerinde metabolik olarak pek çok sonuç doğurur. Moleküler genetik tabanlı yapılan arařtırmalar, yüksek rakımlarda yařayan canlıların, adaptif evrimde iřleyen sũreçlerle oksijen, radyasyon ve sođuđun etkisiyle nasıl bařa çıktıđının anlaşılmasını sađlamaktadır. Bu kapsamda tũrlerin yũkseklik gradiyentine bađlı olarak populasyon dũzeyinde deđiřimleri geometrik morfometri, tek nũkleotit polimorfizmi gibi yaklařımlarla arařtırılmaktadır. Ancak fizyolojik sistemlerin karmařık evrimi yani adaptasyonu, genellikle yũkseklik stresi altında bađlantılı birkaç genin birlikte evrimini gerektirir. Çũnkũ genetik aıdan tek yũnlũ uygulanan bir yaklařım bađlantılı genler tarafından oluřturulan nemli fonksiyonel varyasyonların gzden kamasına neden olur.

Bceklerde tũr ii populasyonlar üzerinde yapılan pek ok arařtırma, molekũler sistematik aısından eksik olması nedeniyle temeli sađlam veriler ortaya koyamamıřtır. Morfolojik farklılıklar baz alınarak yapılan arařtırmalar temel olarak uzak evrimsel hikayeye iřaret etmektedir. Bu nedenle molekũler sistematik alıřmalarıyla yavař evrilen genler gz nũne alınmalıdır. Bu kapsamda yavař fakat fark edilir orandaki gen yeniden dũzenlenmeleri mitokodriyal genleri, populasyon genetiđi gibi filogenetik alıřmalarda kullanıma aık kılar. Pek ok bcek tũrũnde mitokondri genomuna ait genlerin yeniden dũzenlenmesi zerine alıřmalar yapılmıřtır. Gen yeniden dũzenlenmesi translokasyon, lokal inversiyon, lokal translokasyon ve uzak inversiyonlar aracılıđıyla oluřabildiđi belirtilmiřtir. zellikle protein kodlayan genler ve rRNA'lar zerine iřleyen yeniden dũzenlenmeler, tũr stũ taksonlarda korunmuřluk gsterse de tũr iinde eřitlilik gstermesi aısından evrim alıřmaları iin filogenetik belirte ve model olarak kullanılması nemlidir (Boore vd., 1995).

### **1.1.3.1 Yũksekliđin mitokondriyal genom zerindeki etkisi**

Geniř ve devamlı yayılıř gsteren tũrlerin yayılıř alanında yũkseklikteki artıř ve azalıřa bađlı olarak szũ edilen ekolojik parametrelerdeki farklılıklar, bir tũrũn populasyonları arasında farklı seilim baskılarının aıđa ıkmasının ana kaynaklarındandır. Bu seilim baskıları tũr iinde dahi farklı davranıřsal ve morfolojik stratejilerin geliřtirilmesine neden olmakla birlikte, bu tũrlerin biyoenerjetik gereksinimlerinde de farklılıklara yol amaktadır. Biyoenerjetik gereksinimler organizmanın farklı evresel kořullara adaptasyonunda nemli bir sınırlayıcı faktr olarak kabul edilmektedir (Martinez-Cruz vd., 2012). Bylesi adaptasyonlar tũrlerin ve/veya populasyonların yařam biimlerine

bağlı olarak, biyoenerjetik gereksinimlerle doğrudan ilişkili olan mitokondri genomlarında da varyasyonlara yol açmaktadır (Wallace, 2010; Wallace ve Fan, 2010). Mitokondri ökaryotik hücrelerde enerji üretiminden sorumlu organel olmasından dolayı, organizmanın farklı seçilim süreçlerinin etkili olduğu lokal ortamlara adaptasyonunda birincil düzeyde etkiye sahip olup, yansıması mitogenom düzeyinde beklenmelidir (Black vd., 2001; Ballard ve Rand, 2005). Yapılan çalışmalarda çevresel stres altındaki tür içi ya da türler arası popülasyonlarda mtDNA değişim oranlarında farklılıklar olduğu ve bu farklılıkların çevresel koşullardan etkilendiği belirlenmiştir. Bu çalışmalarda oksijen miktarıyla ilişkili olarak termal adaptasyonda mitokondriyal varyasyonun önemli bir role sahip olduğu belirlenmiştir. *D. melanogaster* yapılan bir çalışmada haplogrup formlarının sıcaklığa bağlı olarak ortaya çıktığı gözlenmiştir. Ek olarak mikroenjeksiyon yöntemiyle heteroplazmi oluşturularak haplogrupların aktarım oranları incelenmiştir. Bu çalışma sonucunda mtDNA'nın güçlü termal seçilim baskısı altında olduğu belirtilmiştir (Rand, 2011). Sıcaklığın, doğal seçilime maruz kalan mtDNA üzerinde olası bir seçici güç olduğu belirtilmiştir (Ballard ve Whitlock, 2004). Sıcaklıkla ilişkili olarak mitokondriyal matriks pH ve mitokondriyal kalsiyum dinamiğinin değiştiği belirlenmiştir. Sıcak çevresel koşullarda mitokondriyal matriks pH'sının ve intra-mitokondriyal kalsiyum seviyesinin artmasıyla ATP sentezini sağlayan elektrokimyasal gradiyentin azaldığı tespit edilmiştir. (Kazuno vd., 2006). Yapılan bir çalışmada Afrika'dan farklı olarak kıtalar boyunca insan popülasyonlarının mtDNA HVS-I (Hyper variable segment) bölgesinde %18,3 farklılaşma olduğu belirlenmiştir. HVS-I genetik çeşitliliğin minimum sıcaklık ile oldukça anlamlı bir bağlantısı olduğu ve minimum sıcaklığa bağlı olarak %7,8 oranında farklılaşmanın olduğu belirtilmiştir. Popülasyonların soğuk çevresel koşullarda daha küçük ve izole popülasyonlardan köken almış olabileceği iklim ve mtDNA çeşitliliğinin dağılımı arasındaki ilişki için olası bir açıklama olabileceği düşünülmüştür. Ek olarak mtDNA dağılımında iklimsel sürücü gücün etkisindeki doğal seçilimin güçlü bir coğrafik patern oluşturduğu belirlenmiştir. Hangi seçici gücün etkili olduğu konusunda ise iki olası senaryo düşünülmüştür. İlki popülasyonların soğuk coğrafik bölgelerde pürifiye edici seçilim baskısı altında olabileceğidir. İkincisi ise sert iklim koşullarında yeni mutasyonlar üzerinde güçlü bir seçici etki (selection sweep-pozitif seçilim baskısı altındaki bir bölgenin çevresinde de varyasyonu azalması durumu) olabileceğidir. Bu çalışmaya göre *ND3* geninin karboksi terminal ucundaki treonin yerine alanin amino asidinin tercih edildiği aynı zamanda *ATP6* geninde alanin/treonin değişimi olduğu

saptanmıştır (Balloux vd., 2009). *Drosophila* ve insan popülasyonları üzerine birbirinden bağımsız gerçekleştirilen bazı çalışmalar sonucunda sıcaklık kaynaklı lokal adaptasyonlarda mitogenomda gözlenen varyasyonun rolünün önemli olduğu saptanmış ve bu nedenle mitogenomun sıcaklık faktörüne bağlı olarak ciddi bir seçim baskısına maruz kaldığı rapor edilmiştir (Somero, 2002; Sommer ve Portner, 2002; Ruiz-Pesini vd., 2004; Ballard ve Rand, 2005; Ballard vd., 2007; Balloux vd., 2009). Ballard vd., (2007) *D. simulans* türünün simpatrik popülasyonları arasında üç farklı mitokondri sitokrom oksidaz altbiriminde gözlenen amino asit polimorfizminin sıcaklıkla doğrudan ilişkili olduğunu rapor etmiştir. Oldukça ilgi gören bir hipoteze göre ATP sentezi ve termogenez arasında olası uzlaşma (tradeoff) olduğu düşünülmektedir (Mishmar vd., 2003; Ruiz-Pesini vd., 2004). Mitokondriyal iç zar ve yüksek proton geçişi düşük oksidatif fosforilasyonla bağlantılı olarak daha az verimli ATP sentezine yol açarken vücut ısısını korumak için daha fazla ısı üretecektir (Brand, 1990). Böylece farklı çevresel koşullarda OXPHOS (Oxidative phosphorylation) süreci farklı optimal etki oluşturabilir. Bu da farklı kesimlerde farklı mutasyonların tercih edilebileceğini göstermektedir (Mishmar vd., 2003; Ruiz-Pesini vd., 2004). Birçok popülasyon oldukça soğuk koşullara maruz kalmış ve iklimsel çeşitlilikle ilişkili olarak metabolik deformasyonlara yol açan SNP'lerin alel frekanslarının değiştiği belirlenmiştir (Young vd., 2005; Hancock vd., 2008). Mitogenom üzerindeki seçim baskısının önemli ölçüde güçlü bir korelasyon yaratmış olabileceği hipotezi *ND3* ve *ATP6*'daki iki nonsinonim polimorfizm ile desteklenmiştir (Balloux vd., 2009).

Bir diğer çalışma ise atmosferik kısmi basınç kaynaklı lokal adaptasyonla mitogenom örüntüsü arasındaki ilişki üzerinedir. Örneğin, deniz seviyesinden itibaren artan rakıma bağlı olarak böcek popülasyonlarında gözlenen morfolojik farklılıklar dışında hücrelerine sağlanan ortalama oksijen miktarında da azalma olur. Azalan oksijen miktarı ise oksidatif fosforilasyon sistemini doğrudan etkileyebilme potansiyeline sahiptir. Bu durum mitokondri tarafından kodlanan proteinlerin hidrofobisite indekslerinde farklılaşmalara yol açmakta ve popülasyon açısından adaptasyonla sonuçlanmaktadır (Fontanillas vd., 2005). Kanatlı böcekler grubunda da farklı ekolojik koşullara maruz kalmaları sonucunda bu koşullara uyum sağlamak amacıyla kanat yapılarında değişkenlik gösterdikleri bilinmektedir. Bu farklılıklar biyoenerjetik gereksinimlerinin dolayısıyla da mitokondri genlerinin farklı seçim baskısına maruz kalmasına neden olmaktadır. Özellikle Hymenoptera takımında bulunan bazı türler uçuş

sırasında çok fazla enerji harcamaktadır. Yüksek enerji ihtiyacı karşısında mitokondri genleri adaptif olarak değişkenlik göstermektedir. Kanatlı böcekler üzerinde yapılan bir çalışmada *ND4* ve *ND5* genleri üzerinde güçlü pozitif bir seçim olduğu gözlenmiştir (Yang vd., 2014). Benzer şekilde yarasalar üzerinde yapılan bir çalışmada *ND4* ve *ATP8* geninde adaptif değişim ve buna bağlı bir örüntünün varlığı rapor edilmiştir (Shen vd., 2010).

#### 1.1.4 Mitokondriyal *ATP8* Gen Bölgesi

Mitokondriyal oksidatif fosforilasyon sistemi 5 temel enzim kompleksinden oluşur. Kompleks I, II, III ve IV elektron transport sisteminin fonksiyonel altbirimleri olarak görev alırken kompleks V, ATP sentezi ve hidrolizinde görev alır (Tuena de Gomez-Poyou vd., 1999). Hücrelerin endomembran kısmında yerleşik olup epitel hücrelerinin belli bir kısmında ve hayvan hücrelerinin plazma zarından karşılıklı enerji transferini sağlarlar (Mueller vd., 2004). Tüm mitokondriyal enzim kompleksleri gibi kompleks V de hem çekirdek genomundan hem de mitokondriyal genomdan kodlanan alt üniteler barındırır (Itoi vd., 2003; Muhlia- Almazan vd., 2008).

Kompleks V, integral ( $F_0$ ) ve periferik ( $F_1$ ) domainlere sahiptir.  $F_0$  domaini, *ATP8* gen bölgesini barındırmaktadır ve bu gen bölgesi iç membranda yerleşik durumda bulunmaktadır. Protonların, matriksten membranlar arası boşluğa geçişiyle elektrokimyasal bir gradiyent oluşur. Bu gradiyentteki enerji protonların matrikse geri dönüşü sırasında ATP sentezi için kullanılır. Protonların matrikse dönüşünde  $F_0$  domaini görev almaktadır. Bu nedenle *ATP8* geninde meydana gelen mutasyonlar membrandaki proton kanallarının aktivasyon oranını etkilemektedir (Jonckheere vd., 2012). Bu durum çevresel koşulların (sıcaklık, oksijen seviyesi, radyasyon miktarı gibi) değişimine karşı *ATP8* geninde oluşan farklılık canlıların ortama nasıl adapte olduğuna dair bilgi verici olabileceğini düşündürmüştür. Ek olarak çalışmada *ATP8* geninin tercih edilmiş olmasının en temel nedenlerinden biri yönlendirilmiş evrim (directional evolution) kaynaklı genetik yapılanmalarda, gerek yakın akraba türler gerekse de tür içinde popülasyonlar arasında, diğer mitokondri genlerine oranla bu gende nükleotid yer değiştirme oranının daha yüksek olmasıdır (Goropahnaya vd., 2004; Oliveira vd., 2008; Hofman vd., 2012; Xiao vd., 2011; Xiao vd., 2012; Espitia-Gaiatan vd., 2013; Liu vd., 2014; Yang vd., 2014). Örneğin, *Philotrypesis* (Chalcidoidea: Hymenoptera) cinsine ait iki yakın akraba türde (Xiao vd., 2011) mitokondri genomuna ait 10 protein kodlayan



gende farklılaşma oranının en fazla *ATP8* geninde; en az farklılaşma oranının ise *COI* geninde gözleendiği rapor edilmiştir. Aynı zamanda *ATP8* genindeki farklılaşma daha çok pozitif ya da yönlendirilmiş seçilim baskısı ile ilişkilendirilirken, *COI* geninde gözlenen farklılaşma örüntüsü ise saflaştırıcı seçilim baskısı kaynaklı olabileceği belirtilmiştir. Aynı üst familyadan *Nasonia* cinsi üyelerinde mitokondri genleri arasında tür içi ve türler arası genetik farklılaşma oranlarının karşılaştırıldığı bir başka çalışma sonucunda da benzer bir farklılaşma örüntüsü rapor edilmiştir (Oliveira vd., 2008). En fazla farklılaşma *ATP8* ve *ND6* genlerinde gözlenirken (yönlendirilmiş seçilim kaynaklı), en düşük farklılaşma oranı ise *COI* geninde (saflaştırıcı seçilim) saptanmıştır (Oliveira vd., 2008). Aynı zamanda, bu gen bölgesi A + T içeriği bakımından diğer mitokondri genlerine göre daha zengin olup, çok daha kısa zamanda yüksek oranda mutasyon biriktirme eğilimi sergilerler. Bu da özellikle tür içi çalışmalar açısından daha avantajlı birer belirteç olmasına olanak sağlar (Hirst, 2013). Diğer taraftan *ATP8* gen bölgesine ait pozitif yüklü amino asitler genel olarak karboksi-terminal domainde yerleşik halde iken, diğer yapılar amino-terminal hidrofobik domainde yer alır. Bu gen bazı korunmuş amino asit kompozisyonları içerse de, amino-terminal hidrofobik domaini pozitif ya da nötral değişimlere maruz kalmakta ve farklı türler üzerine yapılan çalışmalar sonucunda *ATP8* geninin doğrudan seçilim baskısına maruz kaldığı rapor edilmektedir (Breton vd., 2010; Shen vd., 2010; Smeitanka vd., 2010; Chen vd., 2011).

### 1.1.5 Hymenoptera

Hymenoptera (zarkanatlılar) böcek takımları arasında yaşam şekli ve tür çeşitliliği açısından oldukça zengin olan takım yaklaşık 250.000 tür ile temsil edilmektedir (Gullan ve Cranston 2010). Farklı yaşam stratejilerine sahip gruplar içermesi dolayısıyla ekosistemde etkin roller üstlenen türlere sahiptir. Bu nedenle biyolojik mücadelede oldukça önemli bir role sahip olan parazitoit ve predatör türlerin yanı sıra, çiçekli bitkilerin tozlaşmasında rol alan polinatör türlerin büyük çoğunluğu da bu takımda yer almaktadır. Ek olarak, farklı yaşam şekilleri barındırması nedeniyle çok sayıda evrimsel ve biyocoğrafik örüntünün saptanmasında potansiyel olarak kullanışlı bir gruptur. Hymenoptera takımı Apocrita ve Symphyta olmak üzere iki alt takıma ayrılır.

Fitofag olan türler, küçük ve jeolojik olarak daha eski olan Symphyta alttakımını oluştururlar. (Rasnitsyn, 1969; Gauld ve Bolton, 1988). Symphyta üyelerinin büyük bir

kısmı ekonomik öneme sahip bitkileri konak olarak tercih ederek bu bitkilerde ekonomik zarara yol açmaktadır (Smith, 2006; Çalmaşur, 2007; Korkmaz vd., 2010; Demirözer ve Karaca, 2011). Birçok böcek grubu ile karşılaştırıldığında Symphyta alttakımının küresel açıdan tür zenginliği daha azdır (Taeger ve Blank, 2011). Buna rağmen evrimsel, ekolojik ve tarımsal araştırmalar için gelecek vadeden bir grup olarak görülmektedir (Viitasaari, 2002; Price vd., 2005; Craig ve Itami, 2008; Nyman, 2010; Budak vd., 2011).

Hymenoptera takımı mitogenom açısından da oldukça farklı özellikler barındırır. Hymenoptera mitogenomunda özellikle tRNA bölgelerinin bulunduğu, A-T zengin bölge-*ND2*, *ND2-COI*, *COII-ATP8* ve *ND3-ND5* gibi bağlantı bölgelerinde yeniden düzenlenmeler yaygındır. Overlap yapan bitişik genlerde meydana gelen yeniden düzenlenmeler rastgele gerçekleşmemekle birlikte bir örüntü göstermektedir. Hymenoptera mitogenomunda *ND6* ve *ATP8* genleri genelde A-T içeriği bakımından zengindirler. A-T içeriğinin zengin olması genlerin değişimlere açık olmasına neden olur.

#### **1.1.5.1 *Cephus pygmeus***

Symphyta alttakımı içerisinde yer alan *C. pygmeus* türü, Cephioidea üstfamilyasının tek temsilcisi olan Cephidae familyasının bir üyesidir. Konak bitki olarak buğdaygilleri seçtikleri için buğday sap arısı (ekin sap arısı) olarak da bilinen bu familya; ince bir integümenti, genellikle siyah ya da koyu rengin hakim olduğu abdomen yaygın bir şekilde gözlenen dar ve sarı bantlanmalarla karakterizedir. Bu tür Avrupa, Asya, Afrika ve Kuzey Amerika bölgelerinde geniş ve devamlı bir yayılış alanına sahiptir (Benson, 1946, 1950, 1968; Rashwani, 1984; Zhelochovtsev, 1988; Stange, 1997; Shanower ve Holmer, 2004). Çoğunlukla *Agropyron* (yabani buğday) çayırlarında yayılış göstermekle birlikte, kültürü yapılan *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Hordeum vulgare*, *Secale cereale*, *Triticum aestivum*, *Bromus*, *Lepidium draba* ve *Phleum* türlerini de konak olarak tercih etmektedir (Shanower ve Holmer, 2004). Konak türleri arasında kültürü yapılan bitkilerin bulunması nedeniyle ekonomik açıdan zarara yol açan bir tür olarak kabul edilmektedir (Hardie ve Casella, 2004).

Holoarktik yayılış gösteren bu tür ülkemizde de geniş ve devamlı bir yayılış sergilemekte ve özellikle buğday tarlalarında çok sık bir şekilde gözlenmektedir

(Korkmaz vd., 2010, 2011). Avrupa, Asya ve Etiyopya bölgeleri arasında doğal bir köprü konumunda olan ve kısmen de olsa Kafkas, İran-Anatolya ve Akdeniz olmak üzere farklı biyoçeşitlilik merkezlerini bünyesinde barındıran Anadolu, karmaşık paleocoğrafyasının yanı sıra heterojen topografyası ve değişken iklimsel yapısı ile zengin bir tür çeşitliliğine ev sahipliği yapmaktadır (Mittermeier vd., 2005; Korkmaz vd., 2014). Aynı zamanda bu değişken topografya ve iklimsel yapının gözlenmesi, Anadolu'da tür içi genetik çeşitlilik düzeyinin de yüksek olmasındaki en önemli faktörler arasındadır (Bernatchez, 2001; Rokas vd., 2003; Bardakçı vd., 2006; Koch vd., 2006; Çıplak vd., 2010; Ansell vd., 2011; Mutun, 2011; Korkmaz vd., 2014). Özellikle *C. pygmeus* gibi geniş yayılışa sahip türlerin Anadolu coğrafyasındaki yayılışı bu alandaki araştırmacılar için özel bir öneme sahiptir. Çünkü geniş ve devamlı yayılış sergileyen bir çok türün farklı iklimsel ve ekolojik koşullar, besin kaynakları ve patojen istilaları gibi faktörlerden dolayı lokal çevrelere uyum sağladıkları bilinmektedir. Bu tarz geniş yayılış sergileyen türlerde gözlenen populasyona özgü seçilim ya da lokal adaptasyon örüntüsü günümüz iklimsel değişim örüntülerine paralel olarak açığa çıkan küresel ısınma, koruma biyolojisi ve koruma genetiği gibi güncel alanlara katkı sağlayabilme potansiyelinde olmasının yanı sıra son zamanlarda önemli bir kavram haline gelen biyoçeşitliliğin tanımlanması ve korunması açısından oldukça önemlidir.

#### **1.1.6 AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)**

Amplifiye edilmiş fragment uzunluk polimorfizm (AFLP) analizi, çekirdek DNA'sının endonükleaz enzimleriyle kesilmesi sonucu oluşan fragmentlerin PZR (Polimeraz zincir reaksiyonu) yöntemiyle spesifik olarak çoğaltılmasıyla gerçekleştirilen bir DNA parmak izi analizidir. AFLP analizinin temel prensibi, restriksiyon enzimlerinin kesim bölgesindeki baz değişimlerine ve delesyonlara bağlı olarak sergilenen farklı bant profilleri üzerinden polimorfizmlerin saptanmasıdır.

AFLP tekniği üç temel aşamadan oluşmaktadır. İlk aşama çekirdek DNA'sının kesimini ve adaptörlerin ligasyonunu (bağlanma) içermektedir. Bu aşamada iki adet restriksiyon enzimi kullanılmaktadır. Kullanılan enzimlerden biri daha kısa tanıma dizisine sahipken diğer enzim daha uzun tanıma dizisine sahiptir. Kesim işlemi tamamlandıktan sonra oluşan yapışkan uçlu fragmentlere adaptörlerin bağlanma işlemi gerçekleştirilir. Böylece ikinci aşamada gerçekleştirilecek ön seçici amplifikasyon işlemi için fragmentler hazırlanmış olur. İkinci aşamada ön seçici amplifikasyon sonrası

gerçekleştirilen seçici amplifikasyonda kullanılan primerlerden yalnızca bir tanesi floresan ya da radyoaktif işaretlenmektedir. Bu işlem jel elektroforezi aşamasında komplementer dizilerin farklı mobilite göstermesi nedeniyle yanlış sonuçların elde edilmesini önlemektedir. Son aşamada ise seçici amplifikasyon ürünleri denatüre edici poliakrilamid jel elektroforezinde görüntülenmektedir (Sambrook ve Russel, 2001).

AFLP analizi diğer parmak izi analizlerine göre tekrarlanabilirliği, bilinen bir dizi verisine ihtiyaç duymaması ve tek reaksiyonda oldukça fazla bölgenin incelenebilmesi nedeniyle daha çok tercih edilmektedir. Bu yöntem genellikle populasyon çalışmalarında DNA polimorfizmlerinin belirlenmesi, cDNA ve genom haritalama analizleri için kullanılmaktadır.

Çalışma kapsamında, yüksekliğe bağlı değişen ekolojik faktörlerin organizmalar üzerindeki etkisi çekirdek DNA ve mtDNA verisinin birlikte değerlendirilmesiyle incelenmiştir. Bu amaçla Hymenoptera takımının ve mitokondri genomunun sahip olduğu özellikler temel alınarak Hymenoptera takımına ait *Cephus pygmeus* türünün yükseklik gradiyentine bağlı olarak AFLP yöntemi ile çekirdek DNA ve *ATP8* gen bölgesi ile mitokondri genomunda tür içi değişimleri araştırılmıştır.

## 2. MATERYAL VE METOD

### 2.1 Örneklem Seçimi ve Hazırlanması

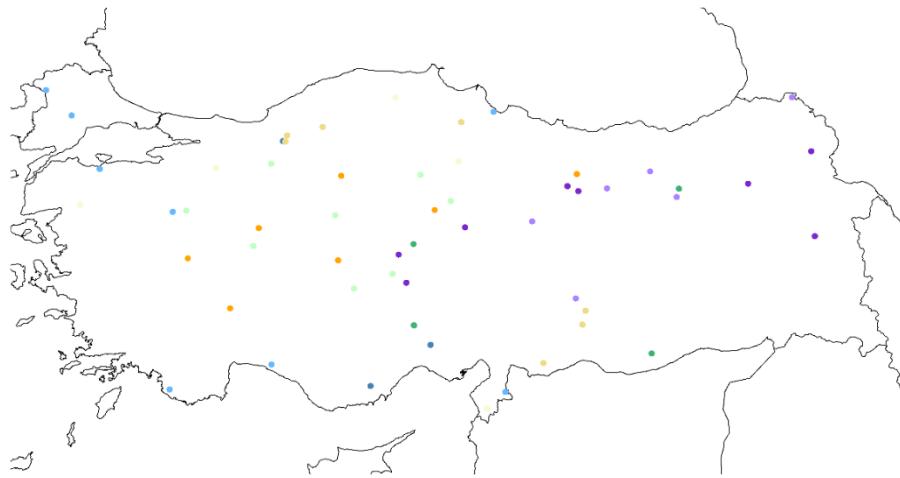
Proje kapsamında, Sivas Cumhuriyet Üniversitesi Entomoloji Koleksiyonu (ECCUS) bünyesinde % 99'luk etanol içerisinde -20°C'de saklanan *C. pygmeus* türüne ait örnekler kullanılmıştır. Örneklem aşamasında 200'er metrelik yüksekliklerde gruplama gerçekleştirilmiş ve toplamda 9 grup oluşturulmuştur (Tablo 1). Grupların yükseklik parametresine ek olarak ülkemizin tümünü temsil etmesi ve türün popülasyonları arasındaki toplam varyasyonun saptanabilmesi amacıyla farklı lokalitelerden popülasyonlar örnekleme dahil edilmiştir (Şekil 2). Gruplar arasındaki örneklem sayısındaki farklılıklar ise koleksiyondaki mevcudiyetten kaynaklanmakla birlikte her bir grup en az 15 örnekle sınırlandırılmış ve toplamda 59 farklı lokaliteden 252 bireylik bir örneklem oluşturulmuştur.

**Tablo 1.** Örneklem ile ilgili temel bilgiler

Grup Adı	Lokalite	Birey sayısı	Yükseklik (m)	Enlem	Boylam	Tarih
<b>Grup 1</b>	ANTALYA	5	10	36,83878°	31,48714°	14.04.2009
	BURSA	5	25	40,25984	27,77506	06.05.2010
	KÜTAHYA	5	45	39,51221	29,34945	20.05.2009
	EDİRNE	3	65	41,64091	26,61338	05.06.2003
	HATAY	5	93	36,36027	36,5438	09.04.2009
	MUĞLA	5	93	36,40528	29,28678	15.04.2009
	SAMSUN	5	111	41,25974	36,29254	02.06.2005
	EDİRNE	5	117	41,19523	27,16465	08.05.2010
<b>Grup 2</b>	İÇEL	5	211	36,46267	33,62966	13.04.2009
	BOLU	5	256	40,74693	31,73625	20.05.2013
	ADANA	5	390	37,18343	34,9310	12.04.2009
<b>Grup 3</b>	AMASYA	5	482	40,39218	35,53115	28.05.2002
	BOLU	5	520	40,27418	30,28488	05.05.2010

	BALIKKESİR	5	529	39,6353	27,35026	12.05.2002
	KASTAMONU	5	564	41,51109	34,17276	02.05.2010
	HATAY	4	599	36,07262	36,14754	09.04.2009
<b>Grup 4</b>	ADİYAMAN	1	608	37,53586	38,21574	13.05.2005
	SAMSUN	5	627	41,08137	35,59148	01.05.2010
	BOLU	5	627	40,99252	32,59058	19.05.2013
	BOLU	4	668	40,84527	31,82715	20.05.2013
	KİLİS	3	696	36,86597	37,36954	14.05.2005
	ADİYAMAN	1	738	37,78204	38,27872	13.05.2005
	ANKARA	4	782	40,73913	31,78942	04.05.2010
<b>Grup 5</b>	AFYON	5	872	39,22799	31,21135	01.06.2002
	ANKARA	5	943	40,13960	32,99613	06.06.2003
	UŞAK	5	947	38,69472	29,67815	20.05.2009
	ISPARTA	5	960	37,82304	30,59457	17.05.2009
	KONYA	5	962	38,66225	32,92894	05.06.2003
	SİVAS	5	983	40,17106	38,09159	06.06.2003
	YOZGAT	5	989	39,54111	35,01754	01.06.2001
<b>Grup 6</b>	AKSARAY	5	1004	38,16933	33,27124	16.05.2009
	ÇORUM	5	1011	40,15555	34,71074	28.05.2002
	KÜTAHYA	5	1012	39,53443	29,64386	20.05.2009
	BOLU	4	1020	40,35263	31,48159	20.05.2013
	KAYSERİ	5	1080	39,69969	35,36722	22.05.2013
	KONYA	5	1127	39,45210	32,87089	06.06.2003
	KONYA	5	1132	37,61156	31,58027	17.05.2009
	AKSARAY	5	1139	38,42615	34,10585	02.06.2002
	KONYA	3	1176	38,91260	31,09637	01.06.2002
	KONYA	1	1189	38,91748	31,07088	01.06.2002
<b>Grup 7</b>	NEVŞEHİR	5	1263	38,94582	34,55953	03.06.2003

	SİVAS	5	1271	37,03210	39,70722	19.05.2001
	KARAMAN	3	1332	37,52524	34,56911	06.05.2005
	ERZİNCAN	2	1370	39,91666	40,30000	05.06.2008
<b>Grup 8</b>	ERZİNCAN	3	1417	39,77000	40,25000	05.07.2005
	MALATYA	5	1471	37,99291	38,07154	13.05.2005
	ARDAHAN	1	1483	41,51321	42,74887	07.06.2010
	SİVAS	6	1546	39,91842	38,74448	27.05.2002
	SİVAS	5	1573	39,3437	37,12750	05.06.2002
	ERZİNCAN	6	1588	40,21757	39,67805	05.06.2010
<b>Grup 9</b>	SİVAS	2	1609	39,87114	38,12530	23.06.2001
	KAYSERİ	5	1638	39,2397	35,67578	17.05.2002
	SİVAS	2	1674	39,95817	37,88899	31.05.2005
	ERZURUM	5	1688	40,00084	41,79915	06.06.2010
	NİĞDE	5	1720	38,26851	34,40128	02.06.2002
	AKSARAY	3	1750	38,75896	34,23658	27.04.2002
	VAN	5	1752	39,08584	43,24004	08.06.2010
	KARS	5	1821	40,56996	43,15810	08.06.2010
	SİVAS	1	1971	39,99603	37,98316	03.07.2002



**Şekil 2.** Örneklem haritası; renklendirmede örneklem tablosundaki grup renklendirmesi kullanılmıştır

## 2.2 DNA Uygulamaları ve Analizleri

### 2.2.1 DNA izolasyonu

Her bir bireyin arka bacağından tuzla çöktürme (salting out) yöntemiyle total DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Alkolde saklanan dokulardan alkolün uzaklaştırılması amacıyla örnekler iki kez distile su (dH<sub>2</sub>O) ile yıkanarak bir gün boyunca kurutma kağıdı üzerinde kurutulmuştur. Kurutma işlemi tamamlanan dokular mikrosantrifüj tüplerine aktarılmış ve -80°C'de bir gece boyunca bekletilerek dondurma işlemi uygulanmıştır. Bu aşama küçük boyutlu olan arka bacak dokularının iyi bir şekilde parçalanmasına yardımcı olması amacıyla uygulanmıştır. Dondurulan dokular mikrosantrifüj tüpü içerisinde hızlı bir şekilde tamamıyla ezildikten hemen sonra her bir tüpe 300 µl TNES tamponu (50 mM Tris-HCl pH: 7,5; 400 mM NaCl; 20 mM EDTA pH: 8,0; % 0,5 SDS) ve 100 µg/ml proteinaz K eklenmiştir. TNES tamponu eklenen mikrosantrifüj tüpleri hafifçe vorteksle karıştırıldıktan sonra 37°C'de 12-18 saat inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon sonrasında her bir tüpe 85 µl 5M NaCl eklenmiştir ve homojen dağılması için 15 sn vorteks yardımıyla karıştırılmıştır. Homojen bir şekilde karıştırılan örnekler 14,000 rpm'de 5 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüjlenen örneklerin üst fazı başka bir tüpe aktarılıp üzerine bir hacim % 100'lük etanol eklenmiştir. Daha sonra örnekler 16,000 rpm'de 6 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj uygulaması sonucunda elde edilen pelet % 70'lik etanolla yıkandıktan sonra 16,000 rpm'de 2-3 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrası kalan etanol peletten tümüyle uzaklaştırılarak pelet büyüklüğüne bağlı olarak 35-50 µl 1X TE (10 mM Tris-HCl pH: 8,0; 1 mM EDTA pH: 8,0) tamponunda çözülmüştür. İzole edilen DNA örneklerinin NanoDrop cihazında kalitesi ölçülmüştür. İzolasyon işlemi tamamlanan DNA örnekleri -20°C'de saklanmıştır.

### 2.2.2 AFLP uygulaması

#### 2.2.2.1 Çekirdek DNA'sının restriksiyon enzimleriyle kesimi ve ligasyon işlemi

İzole edilen çekirdek DNA örneklerinin kesim işlemi *MseI* (New England BioLabs) ve *EcoRI* (New England BioLabs) restriksiyon enzimleriyle gerçekleştirilmiştir. Kesim reaksiyon ortamı son hacim 30 µl olacak şekilde hazırlanmıştır. Reaksiyon ortamına 4 µl 10X AFLP D/L tamponu (100 mM Tris; 100 mM MgAc; 500 mM KAc; 50 mM DTT; 10 ng/µl BSA; pH: 7,5), 0,4 µl *EcoRI* (20 U/µl); 0,4 µl *MseI* (10 U/µl) ve 100-



250 ng DNA eklenmiştir. Kesim reaksiyonu için hazırlanan örnekler 37°C'de 1 saat inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon işlemi tamamlandıktan sonra oluşan yapışkan uçlara adaptörlerin ligasyon (bağlanma) işlemi uygulanmıştır. Bu aşamada ilk olarak adaptörler (Tablo 2) ligasyon işlemi için hazırlanmıştır.

**Tablo 2.** Kullanılan *MseI* ve *EcoRI* adaptörlerinin nükleotid dizisi

Adaptör	Nükleotid dizisi
<i>MseI.1</i>	5'-GACGATGAGTCCTGAG-3'
<i>MseI.2</i>	3'-TACTCAGGACTCAT-5'
<i>EcoRI.1</i>	5'-CTCGTAGACTGCGTACC-3'
<i>EcoRI.2</i>	3'-CATCTGACGCATGGTTAA-5'

50 µM *MseI* (100 µl 100 µM *MseI.1*; 100 µl 100 µM *MseI.2*; 2 µl 1 M Tris-HCl pH:8,0; 2 µl 5 M NaCl; 0,4 µl EDTA) ve 5 µM *EcoRI* (10 µl 100 µM *EcoRI.1*; 10 µl 100 µM *EcoRI.2*; 2 µl 1 M Tris-HCl pH:8,0; 2 µl 5 M NaCl; 0,4 µl EDTA; 175,6 µl ddH<sub>2</sub>O) adaptörleri BIO-RAD T100 Thermo-Cycler cihazında Tablo 3'deki koşullar altında hazırlanmıştır.

**Tablo 3.** Adaptörlerin sıcaklık ve döngü koşulları

Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
95°C	2 dk	1
Dakikada 1°C azalacak şekilde	1 dk	20

Adaptörler hazırlandıktan sonra ligasyon işlemi için son hacim 30 µl olacak şekilde reaksiyon ortamı hazırlanmıştır. Reaksiyon ortam içeriğine 1 µl 10X AFLP D/L tamponu, 1 µl 10 mM ATP, 1,1 µl 5 mM *EcoRI* adaptörü, 1 µl 50 mM *MseI* adaptörü ve 0,6 U T4 DNA ligaz eklenmiştir. Bu reaksiyon karışımı, kesim reaksiyon (10 µl) ortamına eklenerek 37°C'de 3 saat inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon işlemi tamamlanan örnekler 200 µl 1X T<sub>10</sub>E<sub>0,1</sub> (1 ml 1M Tris-HCl pH: 8,0; 20 µl 0,5 M EDTA, 100 µl dH<sub>2</sub>O) tamponu ile seyreltilmiştir.

#### 2.2.2.2 Ön seçici amplifikasyon

Ligasyon işleminden sonra ön seçici amplifikasyon işlemi uygulanmıştır. Bu aşamada *EcoRI-A* ve *MseI-C* primerleri (Tablo 4) kullanılmıştır. Ön seçici amplifikasyon için PZR ortamı 50 µl son hacimde hazırlanmıştır. 50 µl reaksiyon ortamının içeriğine 5 µl

ligasyon ürünü, 5 µl 10X PZR tamponu, 6 µl 25 mM MgCl<sub>2</sub>, 1,5 µl 2,75 mM *EcoRI-A*, 1,5 µl 2,75 mM *MseI-C*, 1 µl 10 mM dNTP ve 1 U *Taq* DNA polimeraz eklenmiştir.

**Tablo 4.** Kullanılan *MseI-C* ve *EcoRI-A* primerlerinin nükleotid dizisi

Primer	Nükleotid dizisi
<i>MseI-C</i>	5'-GATGAGTCCTGAGTAAC-3'
<i>EcoRI-A</i>	5'-GACTGCGTACCAATTCA-3'

PZR reaksiyonu BIO-RAD T100 Thermo-Cycler cihazında Tablo 5'deki koşullar altında gerçekleştirilmiştir.

**Tablo 5.** Ön seçici amplifikasyon koşulları

Reaksiyon Basamakları	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Denatürasyon	94°C	30 sn	25
Bağlanma	56°C	1 dk	
Uzama	72°C	1 dk	

PZR reaksiyon ürünleri 20 µl 1X T<sub>10</sub>E<sub>0,1</sub> tamponu ile seyreltilmiştir. Seyreltilen ürünler % 1'lik agaroz jelde kontrol edilmiştir.

### 2.2.2.3 Seçici amplifikasyon

Ön seçici amplifikasyon işleminden sonra seçici amplifikasyon işlemi gerçekleştirilmiştir. Bu aşamada *MseI-CTG* ve 700 nm floresan işaretli *EcoRI-AAG* (Tablo 6) primerleri kullanılmıştır.

**Tablo 6.** Kullanılan *MseI-CTG* ve *EcoRI-AAG* primerlerinin nükleotid dizisi

Primer	Nükleotid dizisi
<i>MseI-CTG</i>	5'-GATGAGTCCTGAGTAACTG-3'
<i>EcoRI-AAG</i>	5'-GACTGCGTACCAATTCAAG-3'

Seçici amplifikasyon için PZR ortamı son hacim 20 µl olacak şekilde hazırlanmıştır. Reaksiyon ortam içeriğine 5 µl ön seçici amplifikasyon ürünü, 1,6 µl 0,46 µM *EcoRI-AAG*, 3 µl 2,75 µM *MseI-CTG*, 0,4 µl 10 mM dNTP ve 1 U *Taq* DNA polimeraz eklenmiştir. PZR reaksiyonu BIO-RAD T100 Thermo-Cycler cihazında Tablo 7'deki koşullar altında gerçekleştirilmiştir.

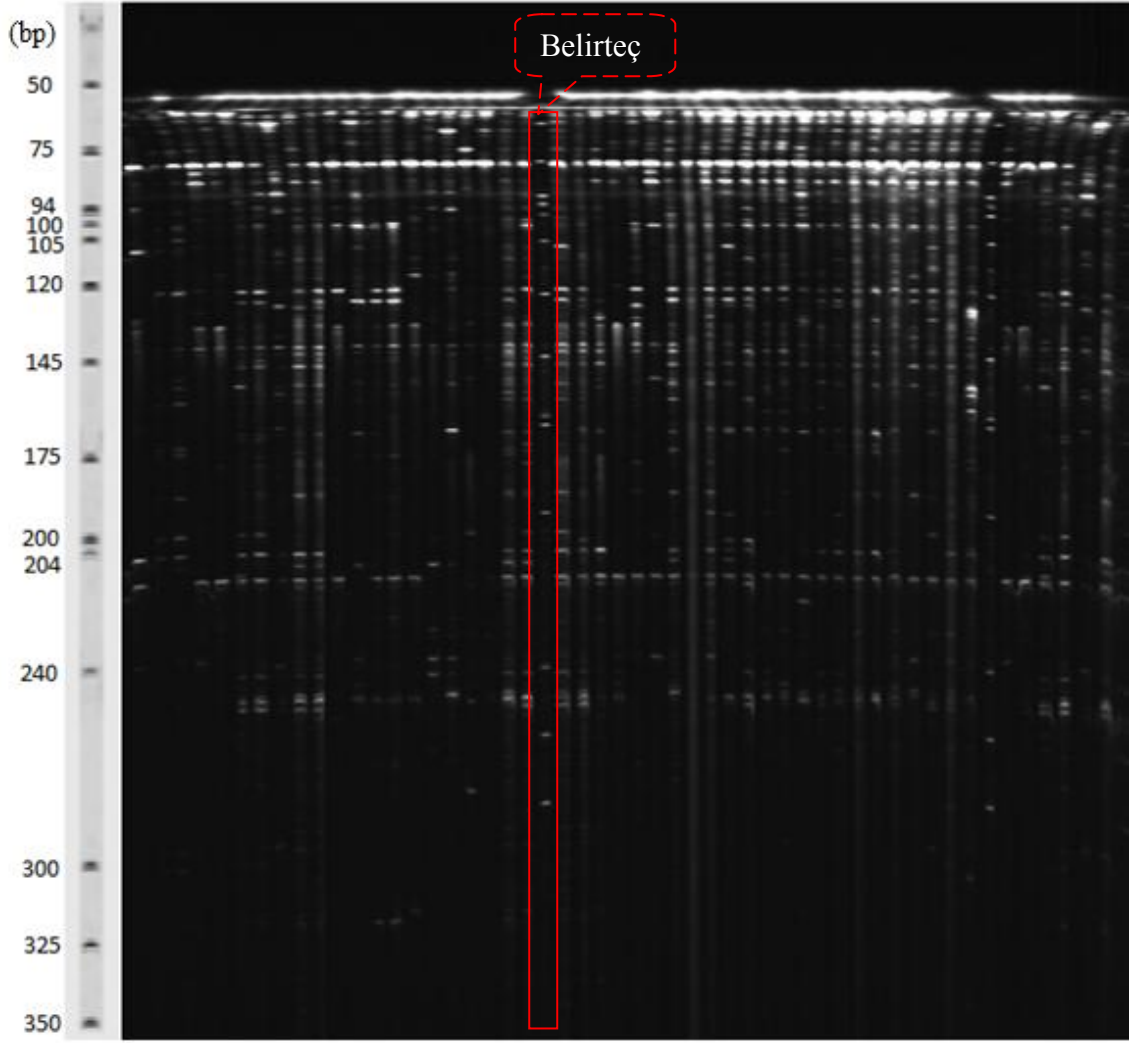
**Tablo 7.** Seçici amplifikasyon koşulları

Reaksiyon Basamakları	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Denatürasyon	94°C	10 sn	13
Bağlanma	65°C*	30 sn	
Uzama	72°C	1 dk	
Denatürasyon	94°C	30 sn	23
Bağlanma	56°C	30 sn	
Uzama	72°C**	1 dk	
Son uzama	72°C	1 dk	1

\* Her döngüde sıcaklık 0,7°C azaltılmıştır. \*\* Her döngüde süre 1 sn arttırılmıştır.

#### 2.2.2.4 Seçici amplifikasyon ürünlerinin görüntülenmesi

Seçici amplifikasyon ürünleri % 6,5'lik denatüre edici poliakrilamit jel üzerinde kontrol edilmiştir. Jel karışımı son hacim 30 ml olacak şekilde hazırlanmıştır. Jel içeriğine 10,237 g üre, 2,437 ml 10X TBE (pH: 8,3), 4,875 ml %40 Akrlamit/bisakrilamit (19:1) çözeltisi, 18,28 µl TEMED ve 182,812 µl %10 APS eklenmiştir. Polimerleşme işleminin tamamlanması için jel 1,5-2 saat oda sıcaklığında bekletilmiştir. Polimerleşen jel 1X TBE tamponu ile Li-Cor NEN Model 4300 DNA Analyzer cihazına yerleştirilerek ön yürüme işlemi gerçekleştirilmiştir. Bantları kontrol etmek amacıyla 50-350 bp'lik 700 nm işaretli belirteç kullanılmıştır. Belirtecin barındırdığı bantlar ve uzunlukları (bp) Şekil 3'te verilmiştir. Seçici amplifikasyon ürünleri ve belirteç jele yükleme işleminden önce 95°C'de 2 dk inkübe edildikten sonra direkt buz üzerine alınmıştır. Örnekler 0,5-1 µl hacimde jele yüklenerek 16-18 saat yürütülmüştür. Yürütme işlemi tamamlandıktan sonra cihaz tarafından kaydedilen görüntü üzerinden belirteç bantları baz alınarak bant profilleri çıkarılmıştır (Şekil 3).



Şekil 3. AFLP ürünlerinin jel görüntüsü

### 2.2.3 Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) yöntemiyle *ATP8* geninin amplifikasyonu

DNA izolasyonu tamamlanan örneklerin mitokondri genomuna ait *ATP8* gen bölgesi PZR yöntemi ile çoğaltılmıştır. Bu amaçla *ATP8* gen bölgesi için proje kapsamında tasarlanan primer çifti kullanılmıştır (Tablo 8).

**Tablo 8.** PZR reaksiyonlarında kullanılan primer çifti ile ilgili bilgiler

Primer	Nükleotid Dizisi	Baz Sayısı	T <sub>M</sub> Değeri	Fragment Uzunluğu
<b>ATP8 F</b>	5'-GTACTGGTCTCTTAAACCA-3'	19	53°C	417 bp
<b>ATP8 R</b>	5'-CGAGATGGTACTAATCAGA-3'	19	53°C	

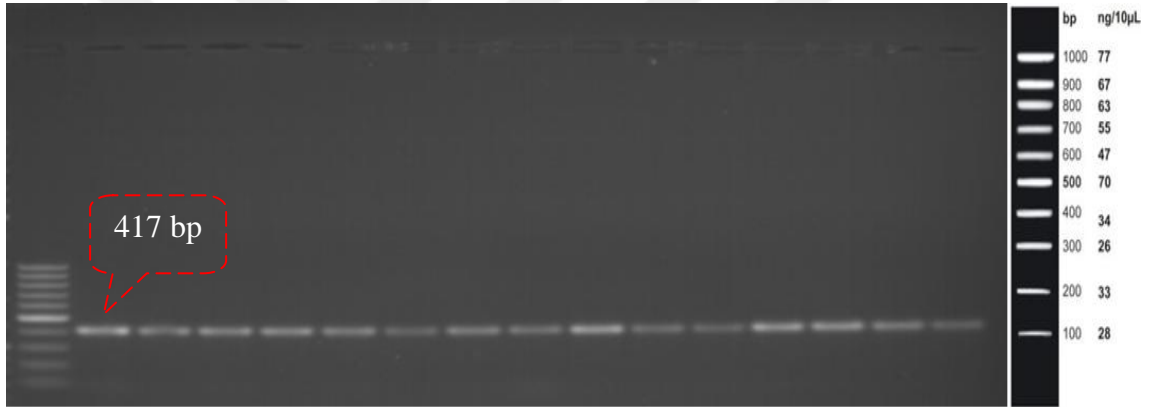
Reaksiyon ortamı son hacim 50 µl olacak şekilde hazırlanmıştır. Reaksiyon hacminin içeriğine 0,5 U *Taq* DNA polimeraz, 5 µl 10X PZR tamponu (100 mM Tris-HCl pH

8,8; 500 mM KCl; % 0,8 Nonidet P-40), 2,5 mM dNTP, 1,5 mM MgCl<sub>2</sub> ve 100 ng kalıp DNA eklenmiştir. PZR işlemi BIO-RAD T100 Thermo-Cycler cihazında gerçekleştirilmiştir. Reaksiyon koşulları Tablo 9’da verilmiştir.

**Tablo 9.** PZR reaksiyon koşulları

Reaksiyon Basamakları	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Başlangıç Denatürasyonu	95°C	5dk	1
Denatürasyon	94°C	30sn	
Primer Bağlanması	T <sub>A</sub>	30sn	35
Uzama	72°C	40sn	
Son Uzama	72°C	5dk	1

PZR ürünleri % 1’lik agaroz jel üzerinde kontrol edilmiştir (Şekil 4).



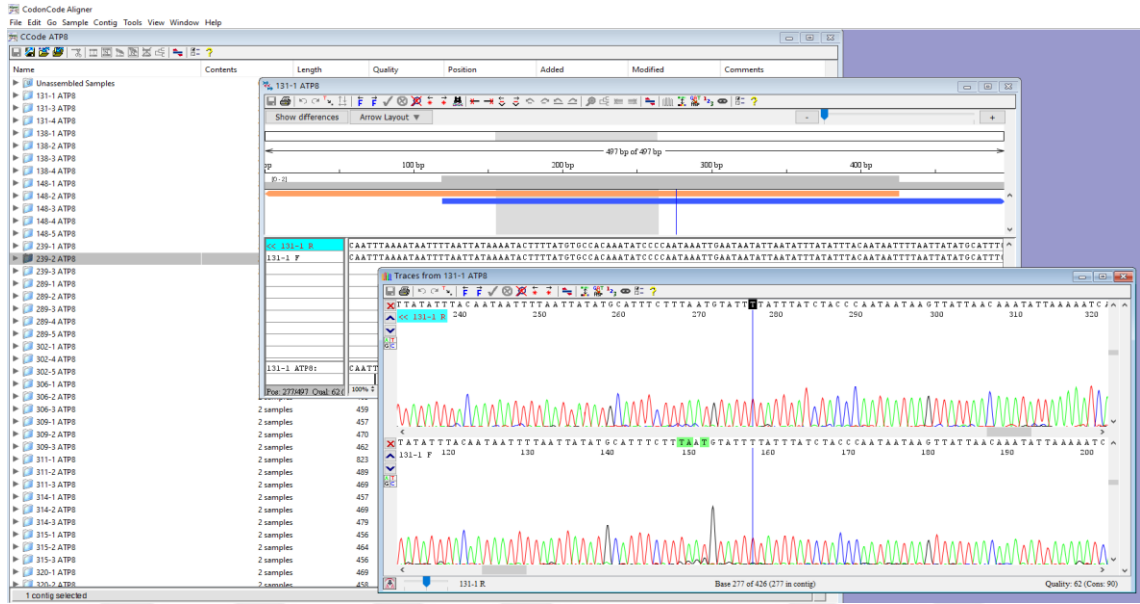
**Şekil 4.** *ATP8* gen bölgesine ait PZR ürünlerinin jel görüntüsü

#### 2.2.4 *ATP8* gen bölgesine ait PZR ürünlerinin saflaştırılması

Dizileme öncesinde PZR ürünlerinin saflaştırılması işlemi polietilen glikol yöntemi ile gerçekleştirilmiştir. Bu amaçla PZR ürün miktarının 1,5 katı hacimde % 10’luk PEG çözeltisi (25 mM NaCl) ürün üzerine eklenerek 37°C’de 40 dk inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon sonrası örnekler 15,000-17,500 g’de 15-17 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrası üst faz atılarak pelet üzerine % 80’lik soğuk etanol eklenmiştir. Soğuk etanol eklenen pelet -20°C’de 5-10 dk bekletildikten sonra 15,000-16,000 g’de 15 dk santrifüj edilmiştir. Son olarak alkol tamamen uzaklaştırıldıktan sonra pelet 20-30 µl dH<sub>2</sub>O’da çözülmüştür.

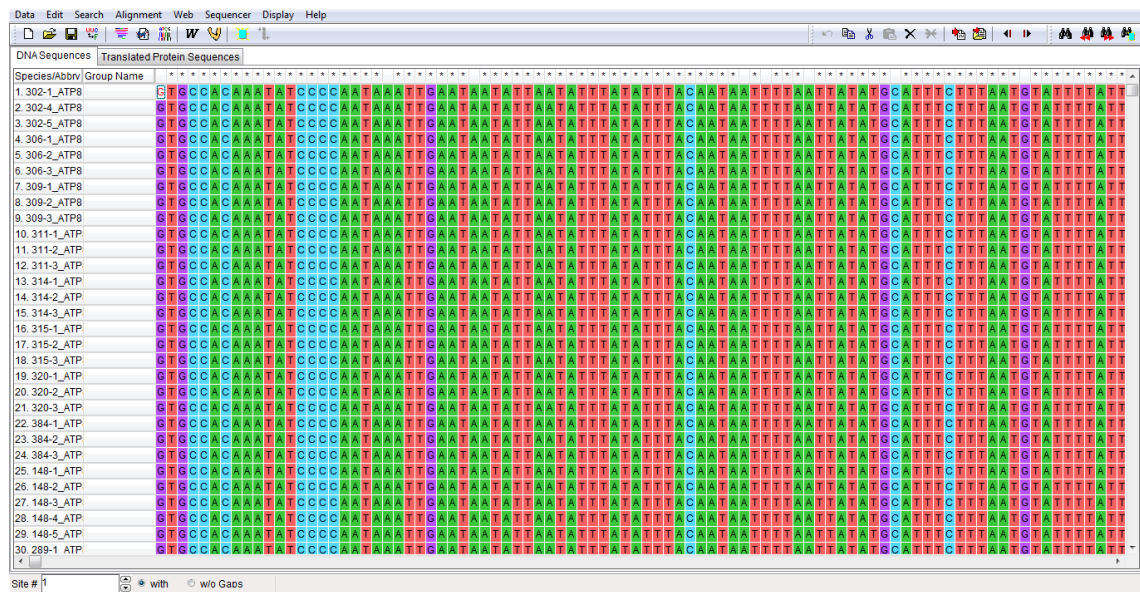
## 2.2.5 ATP8 gen bölgesine ait PZR ürünlerinin dizilenmesi ve hizalanması

Saflaştırma işlemi tamamlanan PZR ürünlerinin dizileme işlemleri iki yönlü ve hizmet alımı yolu ile gerçekleştirilmiştir. Dizileme reaksiyonları sonrasında DNA fragmanlarının hizalama aşamaları, ileri ve geri yönlü nükleotid dizileri Codon Code Aligner 3.5.6 (Ewing vd., 1998) programına aktarılarak karşılaştırılmış ve gözle kontrol edilerek gerçekleştirilmiştir (Şekil 5).



Şekil 5. İleri ve geri yönlü nükleotid dizilerinin Codon Code Aligner 3.5.6 programıyla hizalanması

Çakıştırılan ileri ve geri yönlü nükleotid dizileri Mega v 5,0 programına (Tamura vd., 2007) aktarılarak çoklu hizalamaları tamamlanmıştır (Şekil 6).



Şekil 6. Çakıştırılan nükleotid dizilerinin Mega v 5.0 programıyla çoklu hizalanması

## 2.2.6 Veri analizleri

### 2.2.6.1 Veri setlerinin hazırlanması

Mitokondri genomuna ait *ATP8* geninin hizalama işlemleri tamamlandıktan sonra gen bölgesine ait nükleotid dizileri NEXUS ve PHYLIP dosya uzantılı formatlarda kaydedilerek analizlerde kullanılmak üzere bilgisayar ortamında saklanmıştır. AFLP veri seti, belirlenen pozisyonlarda bant profillerinin bulunup bulunmamasına göre 1 ve 0 değerleri üzerinden oluşturulmuştur. Daha sonra veri seti ARLEQUIN, STRUCTURE ve NEXUS formatında kaydedilerek bilgisayar ortamında saklanmıştır. Ek olarak, yüksekliğe dayalı oluşturulan her bir grubu temsil eden popülasyonların enlem ve boylam bilgilerine bağlı olarak Meteoroloji Genel Müdürlüğü'nün merkez ve taşra birimlerince gözlem, ölçüm ve hesaplama sonucu elde edilen meteorolojik veriler temin edilmiştir (Tablo 10). Bu veriler basınç, sıcaklık, yüzde nem, yağış miktarı, rüzgar hızı, güneşlenme süresi ve şiddetine ek olarak toprak üstü minimum sıcaklık ve toprağın 5 cm altı sıcaklığı parametrelerinden oluşmaktadır. Bazı lokalitelerin bazı meteorolojik verilerine ulaşılamadığından analizlere dahil edilememiştir. Bu lokalitelere en yakın baz istasyonlarının verilerinin analizlere dahil etmek (istasyon ile örneklem lokalitesinin yükseklik farkları fazla olmasından dolayı) yanlış sonuçlar verebileceğinden ilgili lokalitenin meteorolojik veri kısmı boş bırakılmıştır.

**Tablo 10.** Meteoroloji Genel Müdürlüğü'nden temin edilen lokalitelere göre meteorolojik veriler

Grup Adı	Lokalite	Ort hPa	Ort sıcaklık	Ort toprak üstü min sıcaklık	Ort buhar hPa	Ort nem %	Ort rüzgar (m/s)	Ort 5 cm toprak sıcaklık	Ort güneşlenme	Ort güneş şid cal/cm2	Ort yağış
Grup 1	ANTALYA	1004,22	20,62	15,11	19,04	74,1	2,25	26,71	8,152	531,1	28
	BURSA		17,1								
	KÜTAHYA	997,88	20,72	13,82	15,92	62,6	1,8	25,6	8,746		62,3
	EDİRNE	1008,22	17,18	9,4	12,66	64	1,94	20,64	7,656	340,4	45
	HATAY	998,44	20,8	14,58	11,2	47,2	1,38	24,2	9,092	415,7	73,1
	MUĞLA	938,18	17,6	9,84	11,32	58,1	2,44	21,06	8,438	454,5	52,7
	SAMSUN		15,7								
EDİRNE	1008,22	17,18	9,4	12,66	64	1,94	20,64	7,656	340,4	45	
Grup 2	İÇEL	1009,92	21,14	15,22	19,52	73,1	2,48	26,44	8,488	520,9	26
	BOLU		13,2								
	ADANA	1008,04	21,32	13,64	17,88	67,7	1,72	25,54	8,512	447,2	39,4
Grup 3	AMASYA	965,32	17,12	8,96	10,66	55,4	1,82	20,8	7,114	445,9	41,2
	BOLU		13,04								
	BALIKKESİR	997,56	17,24	8,94	13,08	66	2,1	21,08	8,138	375,1	36,8

	KASTAMONU	921,82	13,14	5,56	9,96	64,4	1,4	16,36	7,088	390,1	52,9
	HATAY	998,44	19,8	14,01	10,34	47,2	1,87	24,02	8,975	402,7	78,3
<b>Grup 4</b>	ADIYAMAN		20,72								
	SAMSUN	1010,64	16,66	9,96	13,96	70,7	1,58	19,96	6,348	414	60,1
	BOLU	951,78	15,26	7,86	11,38	63,8	2,66	17,72	7,68	433,1	38,2
	BOLU	951,78	15,26	7,86	11,38	63,8	2,66	17,72	7,68	433,1	38,2
	KİLİS										
	ADIYAMAN										
	ANKARA		15,42								
<b>Grup 5</b>	AFYON		14,42								
	ANKARA		15,42								
	UŞAK	922,54	14,62	6,68	10,46	62,6	2,74	17,34	7,352	377,2	28,7
	ISPARTA		15,18								
	KONYA	897,32	17,14	9,56	8,68	46	1,54	17,42	8,92	542,1	28
	SİVAS										
	YOZGAT		12,22								
<b>Grup 6</b>	AKSARAY		15,68								
	ÇORUM	921,86	14,02	4,9	10,16	63,4	2,1	17,14	7,426	453,2	44,6
	KÜTAHYA	903,6	13,84	4,94	9,84	61,8	1,6	16,7	7,278	466,7	44
	BOLU										
	KAYSERİ	891	14,5	3,98	9,6	59,1	2,08	18,92	8,12	459	39,7
	KONYA										
	AKSARAY										
	KONYA										
<b>Grup 7</b>	NEVŞEHİR	873,42	13,92	5,14	8,66	55,2	2,44	16,78	8,508		39,3
	SİVAS	869,78	12,64	4,58	8,92	61,1	1,62	16,26	8,242	400,3	42,3
	KARAMAN		15,54								
	ERZİNCAN		14,96	5,94	9,62	56	1,9	18,54	7,786	442	38,1
<b>Grup 8</b>	ERZİNCAN		14,96	5,94	9,62	56	1,9	18,54	7,786	442	38,1
	MALATYA		14,72								
	ARDAHAN		10,8								
	SİVAS		10,8								
	SİVAS		11,6								
	ERZİNCAN	876,32	12,9	5,94	9,62	56	1,9	18,54	7,786	442	38,1
<b>Grup 9</b>	SİVAS		10,2								
	KAYSERİ		11,01								
	SİVAS		10,2								
	ERZURUM		9,6								
	NİĞDE		11,68								
	AKSARAY		13,4								
	VAN	828,86	12,56	4,26	8,44	55,8	2,3	17,58	9,198	538,7	34,5
	KARS	820,16	8,94	1,34	8,54	70,3	3,12	11,64	7,456	444,8	58,5

#### 2.2.6.2 ATP8 veri setinin analizi

Populasyonların ve grupların barındırdığı haplotipler ATP8 veri seti üzerinden DnaSP v.5 (Librado ve Rozas, 2009) programı kullanılarak belirlenmiştir. Aynı veri seti üzerinden ARLEQUIN v.3.5 programı ile populasyonların ve grupların nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ), haplotip çeşitliliği (h), özgün haplotiplerin sayısı ve nükleotid



farklılıklarının ortalama sayısı ( $k$ ) hesaplanmıştır. Bu hesaplama ile türün ve her bir popülasyonun barındırdığı toplam genetik çeşitliliği belirlenmiş ve bu çeşitliliğin yüksekliğe bağlı olarak belirlediğimiz gruptaki temsil oranları açığa çıkarılmıştır. Aynı zamanda nükleotid çeşitliliğinin seçim baskısına maruz kalıp kalmadığını test etmek için ARLEQUIN v.3.1 programında yer alan Tajima'nın  $D$  (Tajima, 1989) ve  $F_u$ 'nun  $F_s$  (Fu, 1997) analizleriyle nötralite indeksleri hesaplanmıştır. İndekslerin anlamlılık düzeyleri 1000 tekrarlı rastgele permütasyon analizi uygulanarak anlamlılık derecesi olarak  $p < 0,05$  düzeyi kabul edilmiştir. CONTRIB v.1.02 (Petit vd., 1998) programı ile genetik çeşitlilik ( $C_s$ ) ve farklılaşma bileşenleri ( $C_o$ ) hesaplanarak her bir popülasyonun ve grubun genetik çeşitlilik ve genetik farklılaşmaya olan katkısı tahmin edilmiştir. R paket programı (URL-3) ile lokalitelerin yükseklik bağımlı olarak hem haplotip çeşitliliği hem de beklenen heterozigotluk değerlerinin regresyonu yapılmıştır.

Popülasyonların ve grupların ikili genetik farklılaşmaları ARLEQUIN v.3.1 programı kullanılarak  $F_{ST}$  değerleri üzerinden hesaplanmıştır. Genetik farklılaşma değerlerinin anlamlılık dereceleri 1000 tekrarlı rastgele permütasyon analizi ile test edilmiştir. Aynı zamanda GenAlEx v.6.3 (Peakall ve Smouse, 2006) programında bulunan Mantel opsiyonu kullanılarak IBD (isolation by distance) örüntüleri analiz edilmiştir. IBD örüntüleri üzerinden, mevcut genetik yapılanmada coğrafik uzaklık ile genetik uzaklık arasındaki ilişki test edilmiştir. BAPS (Corander vd., 2003; Corander ve Marttinen, 2006) programı ve R tabanlı PSMIX (Wu vd., 2006) paket yazılımı ile yüksek rakımlı bölgelerdeki popülasyonların düşük rakımlı bölgelerde bulunan popülasyonlara oranla yüksek sayıda genetik olarak farklılaşmış popülasyon içerip içermediği belirlenerek gen akışının yüksek rakımlı bölgelerde sınırlandırılmış olduğu hipotezi test edilmiştir.

Temel bileşenlerin ayrıştırma analizi (DAPC) ile genetik kümelerin sayısı ve her bireyin bu kümelere herhangi birine ait olma olasılığı hesaplanmıştır. ADEGENET v.1.3-6 (Jombart, 2013) R paket yazılımı ile çoklu varyete yaklaşımı kullanarak genetik açıdan akraba bireylerin kümelerini belirleyen DAPC yaklaşımı (Jombart 2008; Jombart vd., 2010) ve gruplandırma yapan DAPC analizi gerçekleştirilmiştir. Bu amaçla maksimum kümelendirme sayısı sırasıyla 20, 30 ve 60 olarak girilerek anlamlı bir kümelendirme örüntüsü bulunmaya çalışılmıştır. Analize dahil edilen temel bileşenler 60 olarak seçilmiştir.

Aynı zamanda *ATP8* veri seti üzerinden INCA 2.1 programı (Supek ve Vlahoviček, 2004) kullanılarak MILC (Measure independent of length and composition; Supek ve Vlahoviček, 2005) yaklaşımıyla kodon kullanım eğilimleri, MELP (MILC-based expression level predictor) yaklaşımıyla da bu genlerin ifade edilme (ekspresyon) düzeyleri belirlenmiştir. Böylece yükseklik ve yüksekliğe bağlı diğer çevresel değişkenlerin popülasyonlar üzerine seçim baskısına yol açıp açmadığı test edilmiştir. Ek olarak Mega v.5 programında omurgasız hayvanlar mitokondriyal genetik kodu kullanılarak genlere ait nükleotid dizileri amino asit dizisine dönüştürülmüş ve amino asit değişim tablosu oluşturulmuştur. Böylece değişimlerin yükseklik ve analizler sonucunda elde edilen genetik kümelerle ilişkisi test edilerek *ATP8* geninde gözlenen amino asit değişimlerinin sergilediği örüntü belirlenmiştir. Grantham (1974) tarafından rapor edilen genel bir yer değiştirme matrisi kullanılarak amino asit değişimlerinin kodlanan polipeptidlerin özelliklerinde değişime yol açıp açmadığı test edilmiştir. Bu analiz sonucunda değişimler, farklı fizikokimyasal özelliğe sahip amino asit değişimi ise radikal ve benzer fizikokimyasal özelliğe sahip amino asit değişimi ise korunmuş olarak sınıflandırılarak grup içindeki ve gruplar arasındaki amino asit değişim örüntüsü belirlenmiştir.

### **2.2.6.3 AFLP veri setinin analizi**

Popülasyonların ve grupların ikili genetik farklılaşmaları AFLP veri seti üzerinden ARLEQUIN v.3.1 programı kullanılarak  $F_{ST}$  değerleri üzerinden hesaplanmıştır. Genetik farklılaşma değerlerinin anlamlılık dereceleri 1000 tekrarlı rastgele permütasyon analizi ile test edilmiştir. Ek olarak grupların barındırdığı polimorfik bant sayısı belirlenmiştir.

GenALEx v.6.3 programında bulunan Mantel opsiyonu kullanılarak IBD (isolation by distance) örüntüleri analiz edilmiştir. IBD örüntüleri üzerinden, mevcut genetik yapılanmada coğrafik uzaklık ile genetik uzaklık arasındaki ilişki test edilmiştir.

BAPS (Corander vd., 2003; Corander ve Marttinen, 2006) programı ve R tabanlı PSMIX (Wu vd., 2006) paket yazılımı ile yüksek rakımlı bölgelerdeki popülasyonların düşük rakımlı bölgelerde bulunan popülasyonlara oranla yüksek sayıda genetik olarak farklılaşmış popülasyon içerip içermediği belirlenerek gen akışının yüksek rakımlı bölgelerde sınırlandırılmış olduğu hipotezi test edilmiştir.

Populasyonların genetik uzaklıklarının belirlenmesi için Nei'nin genetik uzaklık deęerleri POPGENE 1.32 (Yeh vd., 1997) programında hesaplanmıřtır. Nei'nin genetik uzaklık deęerleri üzerinden temel bileřenler analizi yapılarak populasyonların anlamlı bir kümelenme örüntüsü sergileyip sergilemedięi test edilmiřtir.

Bayes metodu tabanlı alıřan STRUCTURE 2.3.3 (Pritchard vd., 2000) programı kullanılarak genetik olarak farklılařmıř populasyonların oluřturdukları gruplar belirlenmiřtir. Bu amala  $K = 1$ 'den  $K = 6$ 'ya kadar farklı kümeleme sayıları referans alınmıřtır. Her bir simülasyon için 1,000,000 MCMC (Markov Chain Monte Carlo) tekrar baz alınmıřtır ve bu verilerin ilk 100,000 tanesi analizin güvenilirliğini arttırmak amacıyla elemine edilmiřtir. Her bir  $K$  deęeri için analiz birbirinden baęımsız olarak 50 defa tekrarlanmıřtır. Analiz sonuçlarının deęerlendirilmesi ve görselleřtirilmesi amacıyla STRUCTURE HARVESTER (Evanno vd., 2005) programı kullanılmıřtır.

### 3. BULGULAR

#### 3.1. ATP8 Veri Setine Ait Bulgular

ATP8 veri seti üzerinden populasyonların ve grupların barındırdığı haplotipler analiz edilmiştir. Analiz sonucuna göre grupların toplamda 11 tane haplotip barındırdığı belirlenmiştir. En çok haplotip barındıran grubun ise Grup 3 olduğu saptanmıştır. Ek olarak gruplar arasında toplam 3 haplotipin paylaşıldığı saptanmıştır (Tablo 11).

**Tablo 11.** Paylaşılan haplotiplerin gruplar arasında dağılımı

	Grup 1	Grup 2	Grup 3	Grup 4	Grup 5	Grup 6	Grup 7	Grup 8	Grup 9
Hap_1	22	15	11	21	19	24	14	19	20
Hap_3	1	0	2	0	0	0	0	0	0
Hap_6	0	0	1	0	1	0	0	0	1

Haplotipleri belirlenen grupların nükleotid çeşitliliği ( $\pi$ ), haplotip çeşitliliği ( $h$ ), özgün haplotiplerin sayısı ve nükleotid farklılıklarının ortalama sayısı ( $k$ ) ARLEQUIN v.3.5 programı kullanılarak hesaplanmıştır (Tablo 12).

**Tablo 12.** ATP8 dizi verisine göre grupların barındırdığı genetik çeşitlilik

	Haplotip		Özgün			
	N	sayısı	haplotip sayısı	h	$\pi$	k
Grup 1	24	3	1	0,08333	0,166667	0,665788
Grup 2	15	1	0	0	0	0
Grup 3	20	6	3	<b>0,16526</b>	<b>0,826316</b>	<b>2,523638</b>
Grup 4	21	1	0	0	0	0
Grup 5	21	3	1	0,09524	0,190476	0,703497
Grup 6	24	1	0	0	0	0
Grup 7	15	2	1	0,13333	0,13333	0,356423
Grup 8	20	2	1	0,10	0,10	0,3190
Grup 9	22	3	1	0,0909	0,18181	0,6898

N: birey sayısı, h: haplotip çeşitliliği,  $\pi$ : nükleotid çeşitliliği, k: nükleotid farklılıklarının ortalaması

Nükleotid çeşitliliği açısından değerlendirildiğinde en yüksek nükleotid çeşitliliğine sahip olan grubun Grup 3 olduğu saptanmıştır. Nükleotit çeşitlilik değeri 0 olan Grup 2, Grup 4 ve Grup 6 ise nükleotid çeşitliliği en düşük olan gruplardır.

Haplotip çeşitliliği açısından değerlendirildiğinde Grup 3'ün en yüksek haplotip çeşitliliğine sahip olduğu saptanmıştır. En düşük haplotip çeşitliliğine sahip olan grupların ise grup 2, grup 4 ve grup 6 olduğu saptanmıştır.

Özgün haplotip sayısına bakıldığında en fazla haplotip barındıran grubun grup 3 olduğu saptanmıştır. Grup 2, Grup 4 ve Grup 6'nın ise özgün haplotip barındırmadığı saptanmıştır.

Nükleotid farklılıklarının ortalaması değerlendirildiğinde ise en yüksek değere sahip olan grubun Grup 3 olduğu saptanmıştır. Nükleotid farklılıklarının ortalaması en düşük olan grupların ise Grup 2, Grup 4 ve Grup 6 olduğu saptanmıştır.

Grupların barındırdığı nükleotid çeşitliliğinin seçim baskısına maruz kalıp kalmadığının belirlenmesi için Tajima'nın D (Tajima, 1989) ve Fu'nun  $F_s$  (Fu, 1997) analizleri kullanılarak hesaplanan nötralite indeksleri Tablo 13'de verilmiştir. İndekslerin anlamlılık derecesi ( $p$ ) 1000 tekrarlı rastgele permütasyon analizi ile hesaplanmıştır. Anlamlılık derecesi Tajima'nın D analizi için  $p < 0,05$  olan değerler ve Fu'nun  $F_s$  testi için  $p < 0,02$  olan değerler anlamlı kabul edilerek koyu renkle belirtilmiştir (Tablo 13). Tajima'nın D analizine göre grup 1, grup 5 ve grup 9'a ait nötralite indekslerinin anlamlı olduğu saptanmıştır. Fu'nun  $F_s$  analizine göre grup 1, grup 3, grup 5 ve grup 9'a ait nötralite indekslerinin anlamlı olduğu saptanmıştır.

**Tablo 13.** ATP8 veri seti üzerinden hesaplanan nötrallite indeksleri

	<b>N</b>	<b>D</b>	<b>P<sub>D</sub></b>	<b>F<sub>S</sub></b>	<b>P<sub>F<sub>S</sub></sub></b>
<b>Grup 1</b>	24	<b>-1,51469</b>	<b>0,015</b>	<b>-2,07839</b>	<b>0,007</b>
<b>Grup 2</b>	15	0	1	0	1
<b>Grup 3</b>	20	-1,26582	0,094	<b>-2,86374</b>	<b>0,006</b>
<b>Grup 4</b>	21	0	1	0	1
<b>Grup 5</b>	21	<b>-1,51414</b>	<b>0,04</b>	<b>-1,91967</b>	<b>0,012</b>
<b>Grup 6</b>	24	0	1	0	1
<b>Grup 7</b>	15	-1,15945	0,149	-0,64899	0,104
<b>Grup 8</b>	20	-1,16439	0,146	-0,8793	0,073
<b>Grup 9</b>	22	<b>-1,51481</b>	<b>0,048</b>	<b>-1,97435</b>	<b>0,008</b>

N: birey sayısı, D: Tajima'nın D değeri, P<sub>D</sub>: Tajima D anlamlılık değeri, F<sub>S</sub>: Fu'nun F<sub>S</sub> değeri, P<sub>F<sub>S</sub></sub>: Fu F<sub>S</sub> anlamlılık değeri

Grupların ve popülasyonların genetik çeşitlilik (C<sub>S</sub>) ve genetik uzaklık (C<sub>D</sub>) bileşenlerine olan katkısını belirlemek amacıyla yapılan analiz sonuçları Tablo 14'te verilmiştir. Analiz sonucunda total genetik çeşitliliğe (C<sub>t</sub>) katkısı en yüksek olan grubun Grup 3 olduğu saptanmıştır. Aynı zamanda genetik uzaklık (C<sub>D</sub>) ve genetik çeşitlilik (C<sub>S</sub>) oranı en yüksek olan grubun Grup 3 olduğu saptanmıştır. Ek olarak her bir grup için paylaşılan haplotipler üzerinden hesaplanan ortalama genetik farklılık değeri (DH<sub>S</sub>) ve her bir grup için tüm haplotipler üzerinden hesaplanan ortalama genetik farklılık değeri (DH<sub>t</sub>) en yüksek olan grubun da Grup 3 olduğu saptanmıştır.

**Tablo 14.** ATP8 veri seti ile yapılan CONTRIB analiz sonuçları

	DH <sub>s</sub>	DH <sub>t</sub>	C <sub>t</sub>	C <sub>s</sub>	C <sub>D</sub>
<b>Grup 1</b>	0,161	0,169	-0,016	0,003	-0,019
<b>Grup 2</b>	0,090	0,105	-0,119	-0,111	-0,008
<b>Grup 3</b>	<b>0,384</b>	<b>0,475</b>	<b>0,473</b>	<b>0,359</b>	<b>0,114</b>
<b>Grup 4</b>	0,090	0,105	-0,119	-0,111	-0,008
<b>Grup 5</b>	0,171	0,178	-0,001	0,018	-0,019
<b>Grup 6</b>	0,090	0,105	-0,119	-0,111	-0,008
<b>Grup 7</b>	0,148	0,156	-0,036	-0,018	-0,018
<b>Grup 8</b>	0,133	0,143	-0,057	-0,041	-0,016
<b>Grup 9</b>	0,167	0,175	-0,006	0,013	-0,019

DH<sub>s</sub>: Paylaşılan haplotipler için hesaplanan ortalama genetik farklılık, DH<sub>t</sub>: Tüm haplotipler için hesaplanan ortalama genetik farklılık, C<sub>t</sub>: Grubun C<sub>s</sub> ve C<sub>d</sub> değerleri ile birlikte total genetik çeşitliliğe katkısı, C<sub>s</sub>: Grubun genetik çeşitliliğe katkısı C<sub>d</sub>: Grubun genetik farklılaşmaya katkısı

Yapılan çoklu regresyon analizi sonucunda haplotip çeşitliliği ile ortalama rüzgar şiddeti ve ortalama 5 cm toprak altı sıcaklık arasında anlamlı bir ilişki bulunmuştur (Tablo 15). Ancak R-kare değeri (0,738) yüksek çıkmaktadır. Diğer yandan beklenen heterozigotluk değerleri ile ekolojik faktörler arasında anlamlı bir ilişki bulunamamıştır.

**Tablo 15.** Ekolojik verilerin haplotip çeşitliliği ile çoklu regresyonu

	Tahmin	Standard hata	t değeri	P
<b>Yükseklik</b>	8,66E-07	2,12E-04	4,00E-03	0,9968
<b>Sıcaklık</b>	-3,78E-03	3,98E-03	-9,50E-01	0,3669
<b>Basınç</b>	5,77E-02	1,18E-01	4,88E-01	0,6375
<b>Toprak üstü sıcaklık</b>	5,33E-02	7,96E-02	6,69E-01	0,5201
<b>Buhar basıncı</b>	-3,22E-01	1,94E-01	-1,66E+00	0,1309
<b>% Nem</b>	7,75E-02	5,21E-02	1,49E+00	0,1710
<b>Rüzgar hızı (m/s)</b>	-3,00E-01	1,28E-01	-2,34E+00	0,0441*
<b>5 cm toprak altı sıcaklık</b>	2,02E-01	6,51E-02	3,10E+00	0,0126*
<b>Güneşlenme süresi</b>	-7,39E-02	1,18E-01	-6,24E-01	0,5481
<b>Güneş şiddeti</b>	-3,58E-04	1,50E-03	-2,39E-01	0,8165
<b>Yağış miktarı</b>	-1,18E-02	5,96E-03	-1,98E+00	0,0791

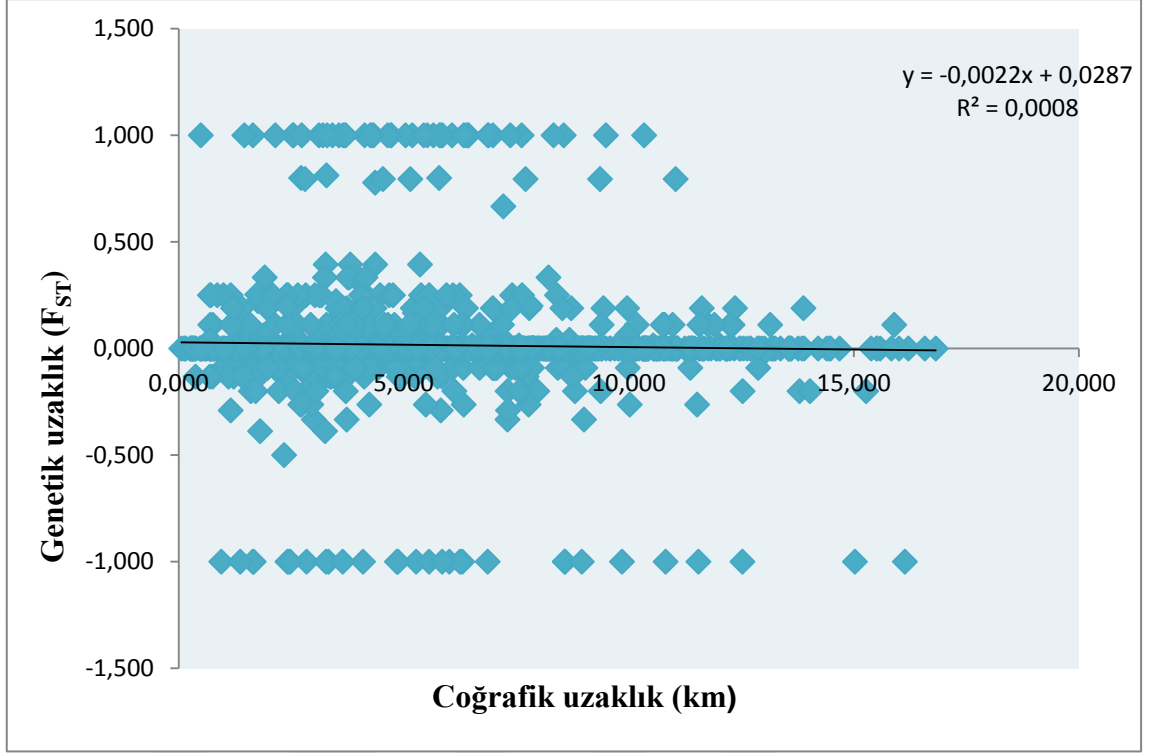
$F_{ST}$  (Genetik yapıya bağlı populasyonlar arası farklılaşma oranı) değerleri kullanılarak populasyonların ve grupların ikili genetik farklılaşmaları hesaplanmıştır. Grupların *ATP8* veri setlerine ait  $F_{ST}$  değerleri Tablo 16 verilmiştir. Farklılaşma değerlerinin anlamlılık dereceleri 1000 tekrarlı rastgele permütasyon analizi ile hesaplanmıştır. Bu hesaplama sonucunda anlamlı çıkan  $F_{ST}$  değerleri ( $p < 0,05$ ) tablolarda koyu renkle belirtilmiştir. Yapılan analiz sonuçlarına göre Grup 3'ün en yüksek  $F_{ST}$  değerlerini içerdiği saptanmıştır.

**Tablo 16.** *ATP8* veri setine göre grupların  $F_{ST}$  değerleri

Grup	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0,0000								
2	-0,021	0,0000							
3	<b>0,0631</b>	0,0588	0,0000						
4	-0,005	0,0000	<b>0,0859</b>	0,000					
5	0,0004	-0,016	<b>0,0616</b>	0,000	0,0000				
6	-0,000	0,0000	<b>0,0974</b>	0,000	0,0065	0,00			
7	-0,002	-0,000	0,0548	0,0232	-0,0033	0,032	0,000		
8	-0,002	-0,015	<b>0,0736</b>	0,0025	-0,0007	0,009	0,002	0,000	
9	0,0001	-0,018	<b>0,0647</b>	-0,002	-0,023	0,004	-0,003	-0,001	0,0

Genetik yapılanmanın oluşumunda genetik uzaklık ile coğrafik uzaklık arasında bir ilişkinin olup olmadığı, olası IBD (isolation by distance) örüntüleriyle test edilmiştir. Analizler  $F_{ST}$  değeri ve lokalite verileri üzerinden gerçekleştirilmiştir. IBD analizi sonuçları Şekil 7'de verilmiştir. Yapılan analizler sonucunda populasyonların coğrafik uzaklıkları ile genetik uzaklıkları arasında anlamlı bir ilişki olmadığı belirlenmiştir ( $p=0,41$ ).





Şekil 7. *ATP8* veri setine göre IBD analizinin sonuçları

Yüksek rakımlı bölgelerdeki popülasyonların daha fazla genetik olarak farklılaşmış popülasyonlar içerdiği hipotezini test etmek için yapılan BAPS (Corander vd., 2003; Corander ve Marttinen, 2006) analizi sonucunda aralarında gen akışının olmadığı 3 grup elde edilmiştir (Şekil 8). Ancak grupların barındırdığı popülasyonlar incelendiğinde grup içinde oldukça farklı yüksekliklerden popülasyonlar bulunduğu saptanmıştır.



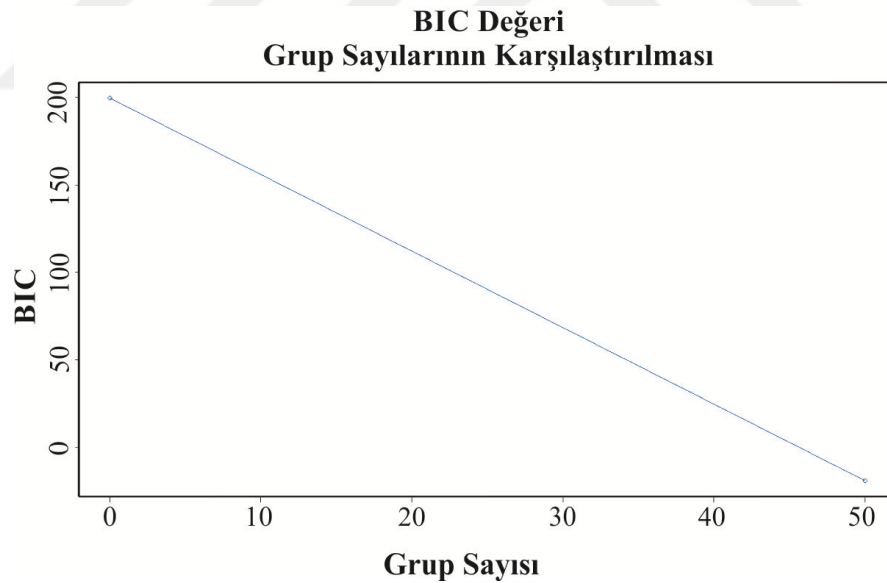
Şekil 8. BAPS analizi sonucu elde edilen grupların gen akışı örüntüsü

INCA 2.1 programı (Supek ve Vlahoviček, 2004) kullanılarak *ATP8* veri seti üzerinden MILC (Measure independent of length and composition; Supek ve Vlahoviček, 2005) yaklaşımıyla kodon kullanım eğilimleri, MELP (MILC-based expression level predictor) yaklaşımıyla da bu genlerin ifade edilme (ekspresyon) düzeyleri hesaplanmıştır. MILC ve MELP değerleri Tablo 17'de verilmiştir. *ATP8* veri setine göre grup 2, grup 4 ve grup 6 en yüksek MELP değerine sahipken en yüksek MILC değerine sahip olan grubun grup 3 olduğu saptanmıştır.

**Tablo 17.** *ATP8* veri setine göre grupların ortalama MILC ve MELP deęerleri

	MILC	MELP
<b>Grup 1</b>	-0,03852	0,847448
<b>Grup 2</b>	-0,04364	<b>0,960149</b>
<b>Grup 3</b>	<b>-0,0214</b>	0,451297
<b>Grup 4</b>	-0,04364	<b>0,960149</b>
<b>Grup 5</b>	-0,03345	0,873024
<b>Grup 6</b>	-0,04364	<b>0,960149</b>
<b>Grup 7</b>	-0,0332	0,730382
<b>Grup 8</b>	-0,03795	0,834991
<b>Grup 9</b>	-0,03171	0,697687

DAPC analizi sonucunda, elde edilen BIC (Bayesian Information Criterion) deęeri girilen her grup sayısı iin srekli bir dşş sergilemiř (řekil 9) ve anlamlı bir grupla gerekleřtirilememiřtir.



**řekil 9.** DAPC analizi sonucunda elde edilen gruplama grafięi

Ykseklige dayalı oluřturulan gruplarda *ATP8* geni zerine ynlendirilmiř seilimin rol, sinonim olmayan pozisyon bařına sinonim olmayan yer deęiřtirmelerin sayısının ( $d_N$ ) sinonim pozisyon bařına sinonim yer deęiřtirmelerin sayısına ( $d_S$ ) oranı hesaplanarak test edilmiřtir (Tablo 18). Bu hesaplama iin PAL2NAL programı (Suyama vd., 2006) kullanılmıřtır. *ATP8* veri seti zerinden yapılan hesaplama sonucunda en yksek  $d_N/d_S$  oranına sahip olan grubun grup 1 olduęu saptanmıřtır.

**Tablo 18.** *ATP8* veri setine göre grupların  $d_N/d_S$  oranları

	$d_N$	$d_S$	$d_N/d_S$
<b>Grup 1</b>	0,0084	0,024	<b>0,35</b>
<b>Grup 2</b>	0	0	-
<b>Grup 3</b>	0,0154	0,2508	0,0614
<b>Grup 4</b>	0	0	-
<b>Grup 5</b>	0,0084	0,0412	0,2038
<b>Grup 6</b>	0	0	-
<b>Grup 7</b>	0	0,0412	0
<b>Grup 8</b>	0,008	0	-
<b>Grup 9</b>	0,0075	0,0412	0,1820
<b>TOTAL</b>	0,005	0,044	0,088

Ek olarak Mega v.5 programında omurgasız hayvanlar mitokondriyal genetik kodu kullanılarak *ATP8* genine ait nükleotid dizileri amino asit dizisine dönüştürülerek amino asit değişim tablosu oluşturulmuştur (Şekil 10). Böylece değişimlerin yükseklik ve analizler sonucunda elde edilen genetik kümelerle ilişkisi test edilerek *ATP8* gen bölgesinde gözlenen amino asit değişimlerinin sergilediği örüntü belirlenmiştir. Amino asit değişim tablosu değerlendirildiğinde *ATP8* gen bölgesinde amino asit değişimlerinin olduğu belirlenmiştir. Bu tabloya göre *ATP8* gen bölgesinin 6. kodon pozisyonunda genelde lösin amino asidi bulunurken grup 5'te izolösin ve grup 6'da metiyonin amino asidinin tercih edildiği saptanmıştır. Bu amino asit değişimine göre lösin, izolösin ve metiyonin amino asitlerinin oldukça hidrofobik olduğu ve değişimin total hidrofobisiteyi değiştirmediği belirlenmiştir. Benzer şekilde *ATP8* gen bölgesinin 19. kodon pozisyonunda genelde asparajin amino asidi bulunurken grup 1, grup 4, grup 5 ve grup 9'da serin amino asidinin tercih edildiği saptanmıştır. Bu amino asit değişimine göre asparajin ve serin amino asitlerinin hidrofilik olduğu ve değişimin total hidrofobisiteyi değiştirmediği belirlenmiştir. Ek olarak *ATP8* gen bölgesinin 8. kodon pozisyonunda genelde glutamin amino asidi bulunurken farklı grupların barındırdığı bazı popülasyonlarda arjinin amino asidinin tercih edildiği saptanmıştır. Bu amino asit değişimine göre ise glutamin ve arjinin amino asitlerinin hidrofilik olduğu ve değişimin total hidrofobisiteyi değiştirmediği belirlenmiştir.



GRUP 6	<p>M</p> <p>M L E</p> <p>M L Y</p> <p>P</p> <p>P</p> <p>M R I S Q M M M W S G I</p> <p>I</p> <p>I F G K T K</p> <p>M F</p>
GRUP 7	<p>I</p> <p>F R</p> <p>R T I</p>
GRUP 8	<p>L M</p> <p>V D</p> <p>P M</p> <p>F H F N</p> <p>I</p> <p>R V</p> <p>R M</p>
Grup 9	<p>N</p> <p>I G</p> <p>S E W</p> <p>G S E W V S F</p> <p>G S M</p> <p>V</p> <p>F</p> <p>M</p> <p>V T</p>

Şekil 10 (devamı). ATP8 veri setine göre grupların amino asit değişim tablosu

### 3.2. AFLP Veri Setine Ait Bulgular

AFLP veri seti üzerinden hesaplanan  $F_{ST}$  değerlerine göre grup 9'un en yüksek  $F_{ST}$  değerlerini içerdiği saptanmıştır (Tablo 19).  $F_{ST}$  değerlerinin anlamlılık dereceleri 1000 tekrarlı rastgele permütasyon analizi ile test edilmiştir. Bu analize göre tüm grupların genetik farklılaşma değerleri anlamlı çıkmıştır.

**Tablo 19.** AFLP veri setine göre grupların  $F_{ST}$  değerleri

Grup	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0,0000								
2	0,0346	0,0000							
3	0,0451	0,0296	0,0000						
4	0,0633	0,0753	0,0269	0,0000					
5	0,0406	0,0227	0,0455	0,0476	0,0000				
6	0,0876	0,0633	0,0769	0,0545	0,0521	0,0000			
7	0,0691	0,0779	0,0590	0,0635	0,0511	0,0949	0,000		
8	0,0512	0,0520	0,0515	0,0358	0,0287	0,0513	0,062	0,000	
9	0,1125	0,0809	0,0727	0,0785	0,0707	0,0544	0,111	0,047	0,0

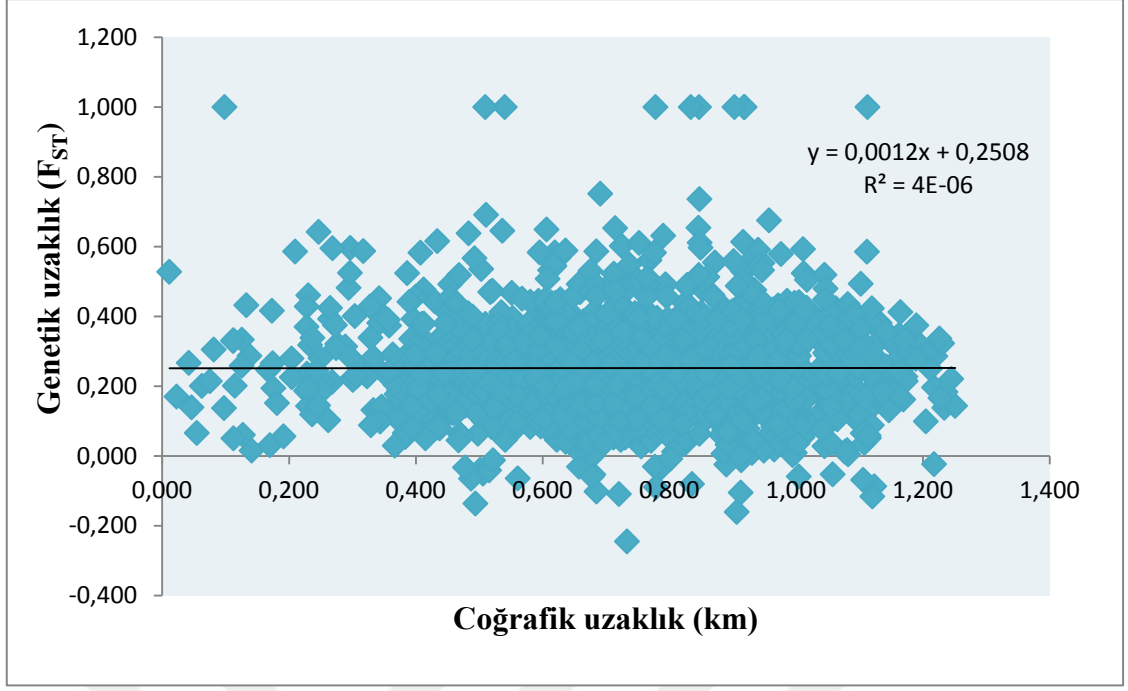
Aynı zamanda grupların barındırdıkları polimorfik bantlar saptanmıştır (Tablo 20). En yüksek oranda polimorfik bant içeren grubun Grup 5 olduğu saptanmıştır.

**Tablo 20.** Grupların barındırdıkları bant profili bilgileri

	Grup1	Grup2	Grup3	Grup4	Grup5	Grup6	Grup7	Grup8	Grup9
<b>N</b>	34	14	21	23	34	41	15	22	32
<b>T</b>	67	67	67	67	67	67	67	67	67
<b>P</b>	64	53	59	60	65	64	59	63	63

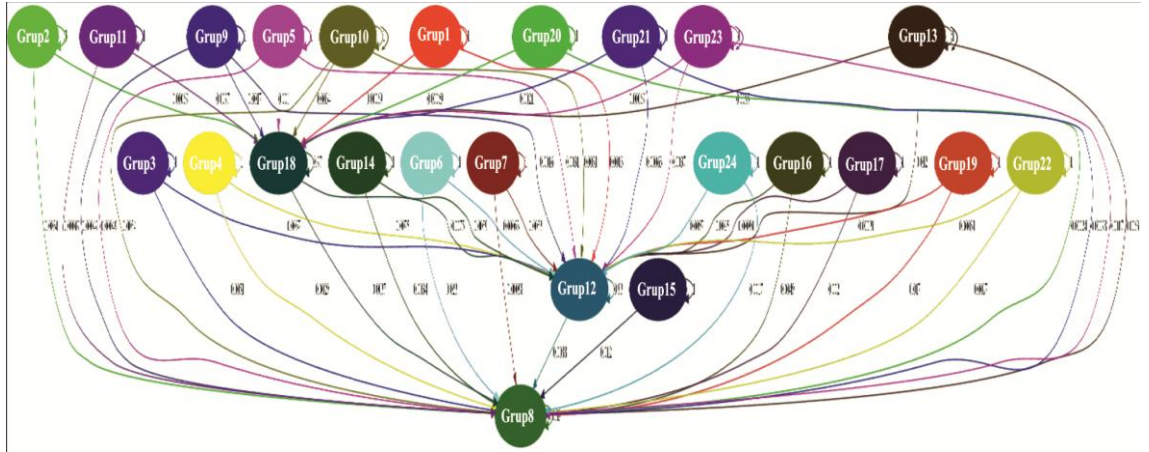
N: Birey sayısı, T: Total bant sayısı, P: Polimorfik bant sayısı

Genetik yapılanmanın oluşumunda genetik uzaklık ile coğrafik uzaklık arasında bir ilişkinin olup olmadığı, olası IBD (isolation by distance) örüntüleriyle test edilmiştir. Analizler  $F_{ST}$  değeri ve lokalite verileri üzerinden gerçekleştirilmiştir. IBD analizi sonuçları Şekil 10'da verilmiştir. Yapılan analizler sonucunda populasyonların coğrafik uzaklıkları ile genetik uzaklıkları arasında anlamlı bir ilişki olmadığı belirlenmiştir ( $p=0,37$ ).



Şekil 11. AFLP veri setine göre IBD analizinin sonuçları

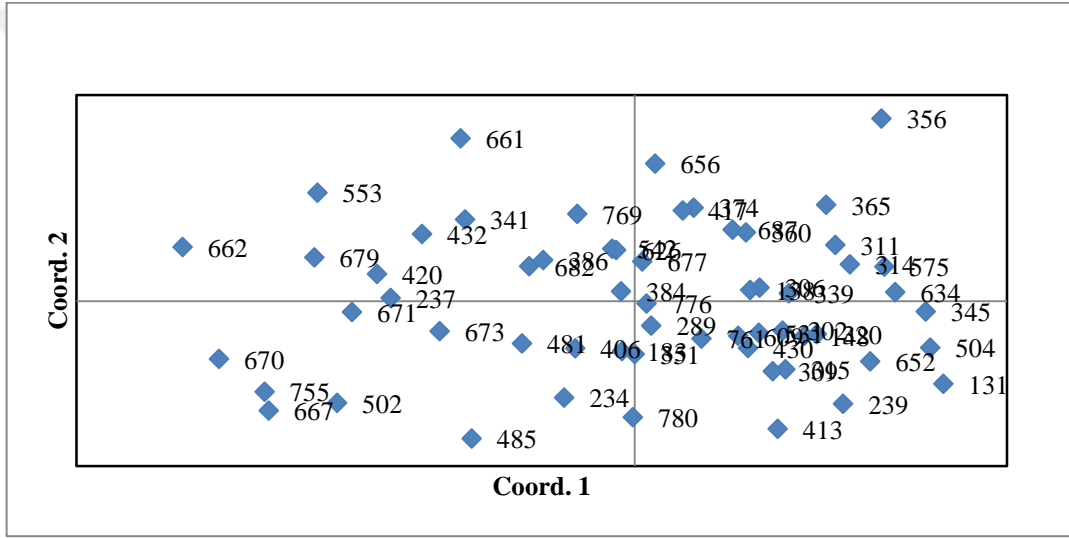
Yüksek rakımlı bölgelerdeki populasyonların daha fazla genetik olarak farklılaşmış populasyonlar içerdiği hipotezini test etmek için yapılan BAPS (Corander vd., 2003; Corander ve Marttinen, 2006) analizi sonucunda 24 tane grup elde edilmiştir. Bu gruplar arasında gen akışının devam ettiği saptanmıştır (Şekil 13). Aynı zamanda grupların oldukça farklı yüksekliklerden populasyonlar barındırdığı, yükseklik bağımlı anlamlı bir örüntü göstermediği saptanmıştır.



Şekil 12. BAPS analizi sonucu elde edilen grupların gen akışı örüntüsü

Populasyonların birbirleriyle olan genetik uzaklıklarının belirlenmesi için POPGENE 1.32 (Yeh vd., 1997) programı ile Nei'nin uzaklık değerleri hesaplanmıştır. Bu analize göre en düşük genetik uzaklık değerinin 485 nolu populasyon (1139 m-Grup 6) ile 234 nolu populasyon (1132 m-Grup 6) arasında olduğu saptanmıştır. En yüksek genetik uzaklık değerinin ise 682 nolu populasyon (1971 m-Grup 9) ile 356 nolu populasyon (608 m-Grup 4) arasında olduğu saptanmıştır.

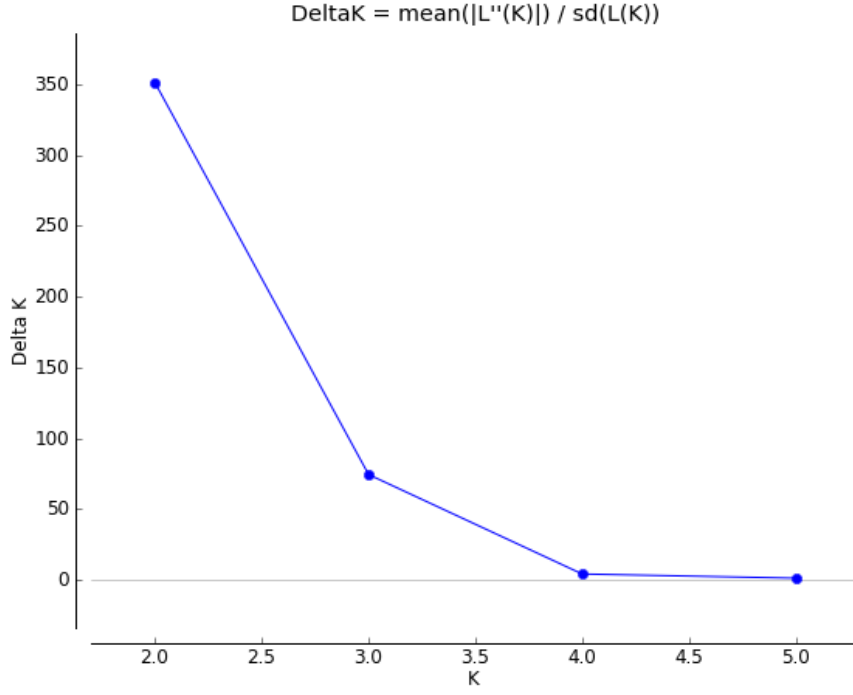
Nei'nin uzaklık değerleri ile populasyonların sergiledikleri dağılımın belirlenmesi için temel bileşenler analizi uygulanmıştır (Şekil 13). Bu analiz sonucuna göre populasyonların sergiledikleri dağılım yükseklik bağımlı oluşturulan gruplar ile açıklanamamıştır.



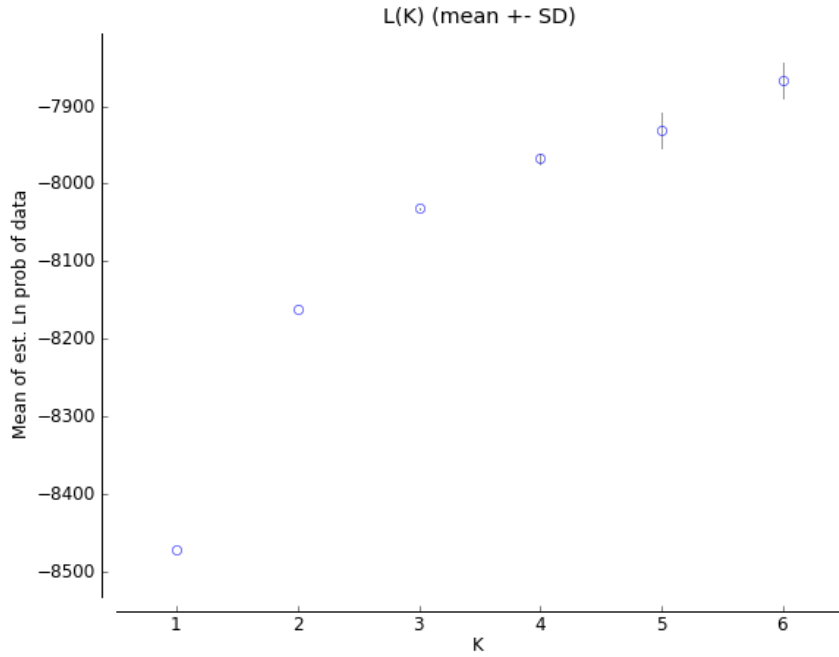
Şekil 13. AFLP veri setine ait temel bileşenler analizi

STRUCTURE 2.3.3 (Pritchard vd., 2000) programı ile yapılan analiz sonucunda  $K = 4$  değerine göre populasyonların genetik olarak farklılaşmış maksimum 4 kümeye ayrıldığı saptanmıştır. Ancak  $K = 4$  değerinin standart sapma oranı  $K = 2$  değerine göre daha yüksektir. Ek olarak  $K = 4$  değeri için delta  $K$  değeri oldukça düşüktür. LD (likelihood) oranlarına göre optimal  $K$  değerinin 2 olduğu saptanmıştır (Şekil 14). LD oranlarının standart sapma değerlerine göre  $K = 2$  değerinin en düşük standart sapma oranına sahip olduğu saptanmıştır.  $K$  değerinin artışı ile birlikte LD oranındaki standart sapma değerinin artması veri seti için ideal  $K$  değerinin doğru aralıkta test edildiğini ve  $K = 2$  değerinin optimal değer olduğunu doğrulamıştır (Şekil 15).



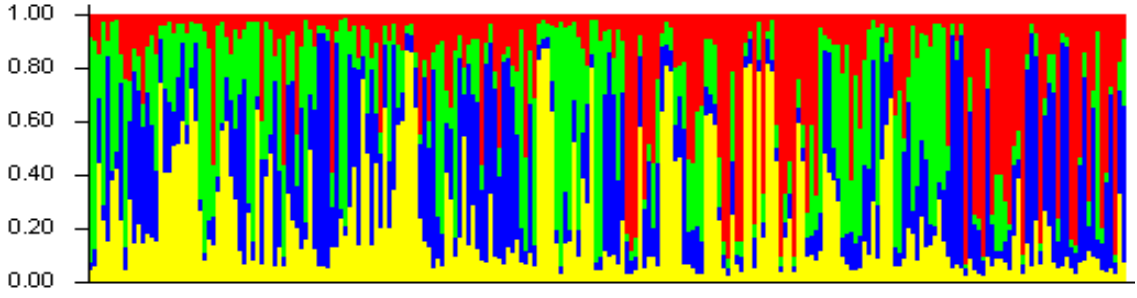


**Şekil 14.** Her bir K değerine göre Delta K değerleri



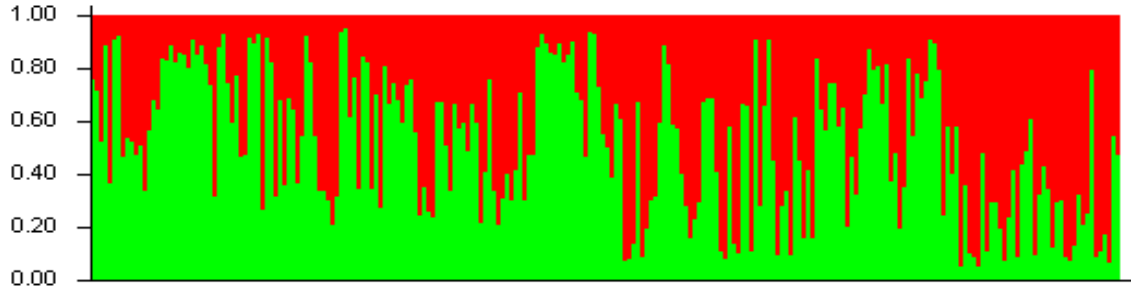
**Şekil 15.** Her bir K değeri için hesaplanan LD oranlarının standart sapma değeri

K = 4 değeri için elde edilen kümelerin barındırdığı populasyon yüzdeleri şekil 16'da verilmiştir. Buna göre populasyonların tüm kümelerde birbirine yakın oranda temsil edildiği ve öngörülen yükseklik bağımlı bir dağılım örüntüsü olmadığı saptanmıştır.



**Şekil 16.** STRUCTURE analizine göre elde edilen kümelere göre populasyonların dağılımı ( $K = 4$ ). Y doğrusu yüzde değerlerini, X doğrusu ise populasyonları temsil etmektedir.

$K = 2$  değeri için elde edilen kümelerin barındırdığı populasyon yüzdeleri şekil 17’de verilmiştir.  $K = 2$  değeri veri seti için optimal değer olmasına rağmen populasyonların yükseklik bağımlı farklılaşma örüntüsü desteklenememiştir. Buna göre populasyonların tüm kümelere birbirine yakın oranda temsil edildiği saptanmıştır.



**Şekil 17.** STRUCTURE analizine göre elde edilen kümelere göre populasyonların dağılımı ( $K = 2$ ). Y doğrusu yüzde değerlerini, X doğrusu ise populasyonları temsil etmektedir.

#### 4. SONUÇ ve TARTIŞMA

Anadolu, oldukça dinamik bir paleocoğrafik tarihe ev sahipliği yapmıştır (Çıplak, 2010). Anadolu'nun jeolojik tarihi ile birlikte enlemsel konumu, kendine özgün yüksek bir plato görünümü ve değişken topografik yapı sergileyen özel bir türleşme merkezini oluşturmuştur. Bu merkezin alpin ya da subalpin kuşaklarda yayılış sergileyen taksonlar açısından yüksek çeşitlilik göstermesi ve bu taksonların geleceğinde de özel bir öneme sahip olacağı öngörüsü her geçen gün artan bir şekilde desteklenmektedir (Çıplak vd., 2002; Çıplak, 2008, 2010). Anadolu coğrafik konumu, topografik ve iklimsel yapısı ile birlikte buzul dönemlerinde sığınak görevi görmesinden dolayı önemli bir biyolojik çeşitliliğe sahiptir. Palearktik bölge içerisinde bulunan ve geçiş yollarını barındıran Türkiye aynı zamanda birçok tür için çeşitlenme merkezidir. Biyoçeşitliliğin artmasında önemli etken olan tüm bu faktörlerden dolayı birçok takson grubunda olduğu gibi Cephidae familyasına ait türler de Türkiye böcek faunası açısından zengindir (Korkmaz, 2011).

Ekin sap arısı (*Cephus pygmeus*), Türkiye'de tahılların ekili olduğu hemen hemen tüm alanlarda yaygın olarak görülen önemli zararlılardanır. Bu zararlılar Ege, İç Anadolu, Akdeniz ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerindeki hububat alanlarında yaygın olarak bulunmaktadır (Altınayar, 1975). Bitkilerde zararın oluşmasına neden olan aslında sap içinde beslenen larvalardır. Larvaların beslenme sürecinde bitkinin iletim dokuları tahrip olur. Bu nedenle bitkinin karbonhidrat ve su iletim sisteminde dengesizlikler görülür. Ekin sap arılarının bitkilerde beslenmesi sonucu tane gelişiminin zayıflamasıyla birlikte tane kaybı meydana gelmektedir. Zarar görmüş başaklardan elde edilen taneler, sağlam tanelere göre daha hafiftir. Ayrıca larvalar tarafından kesilen saplar, hasat öncesi kırılarak düşmekte ve ürün kayıpları meydana gelmektedir. Sapların toprak altında kalması ve ergin çıkışlarının etkilenmesi amacı ile toprağın derin sürülmesi ve bazı parazitoitlerin kullanılması gibi mücadele yöntemleri önerilmesine rağmen etkili bir mücadele stratejisi geliştirilememiştir. *C. pygmeus* populasyonlarının genetik örüntülerinin açığa çıkarılması bu zararlıyla mücadeleyi daha etkili kılacaktır.

Çalışma kapsamında *C. pygmeus* türüne ait toplam 252 bireyin AFLP bant profili ve *ATP8* gen dizi bilgisi elde edilmiştir.

### **ATP8 verisine göre;**

Elde edilen bulgulara göre *ATP8* gen bölgesi (11 haplotip) düşük haplotip çeşitliliğine sahiptir. Bu durum kullanılan gen bölgesinin mutasyon hızının düşük olduğunu göstermektedir. Grup 3 (400-600 m) haplotip ve nükleotid çeşitliliği açısından diğer gruplardan daha fazla çeşitlilik barındırmaktadır. Haplotip çeşitliliği grup 3, grup 5 ve grup 7'de yüksektir. Buna göre orta yüksekliklerde genetik çeşitliliğin daha yüksek olduğu görünmektedir. Uç yüksekliklerde yaşayan popülasyonların ise daha az nükleotid çeşitliliğine sahip oldukları görülmektedir (Bkz. Tablo 12). Bu durumun yüksek rakımlarda gen akışının minimum düzeyde olmasından kaynaklandığı düşünülmüştür. Özgün haplotip sayıları değerlendirildiğinde, orta yükseklikte yayılış gösteren popülasyonların (Grup 3-6) daha fazla sayıda özgün haplotipe sahip oldukları görülmektedir. Grup 3'ün diğer gruplara göre yüksek oranda genetik çeşitlilik göstermesinin, diğer grupların parçalanmış habitat ve genetik kayma sergilemesinden kaynaklanması olasıdır. Paylaşılan Haplotip\_1'in gruplar arasında genel olarak homojen dağıldığı gözlemlenmiştir (Bkz. Tablo 11). Bu durum, belirli bir haplotipin yükseklik ile ilgili bir seçim baskısına maruz kalmadığına işaret etmektedir.

Tajima'nın D değerleri dikkate alındığında bütün gruplar için negatif değerler gözlenmiştir. Bu negatif değer popülasyonların yakın zamanda ani olarak genişlemesiyle ya da süpürücü seçim adı verilen pozitif seçim baskısı altındaki bir bölgenin çevresinde de varyasyonu azalması durumu ile açıklanabilir (Korneliussen vd., 2013). *C. pgyneus*'un konak olarak buğdayı seçmesi bu ani popülasyon genişlemesine açıklık getirmektedir. Buğdayın kültürü çok yakın zamanda yapılmaya başladığından, buğdayın diğer bölgelere yayılmasıyla birlikte bu türün de birlikte yayıldığı söylenebilir. Bununla birlikte Fu'nun Fs değerlerinin tüm popülasyonlarda negatif değer olması da popülasyonlarda ani bir genişleme olduğu öngörüsünü desteklemektedir (Fu, 1997). Ek olarak iki analizin anlamlı çıkan değerleri dikkate alındığında seçim baskısına maruz kalan grupların pürifiye edici seçim baskısı altında olduğu saptanmıştır.

Grupların ve popülasyonların genetik çeşitlilik ( $C_S$ ) ve genetik farklılaşma ( $C_D$ ) bileşenlerine olan katkısının farklı oranlarda olduğu görünmektedir (Bkz. Tablo 14). Grup 3'ün genetik çeşitliliğe katkı oranı diğer gruplara oranla oldukça fazladır. Grup 1

ve Grup 5'in de diğer gruplara oranla genetik çeşitliliğe katkısı daha fazladır. Ek olarak diğer grupların genetik çeşitlilik değerleri negatif çıkmıştır. Bu durum negatif değere sahip grupların birey sayısı yönünden az olması ve grup içi seçilen popülasyonların genetik çeşitlilik oranının, total genetik çeşitlilik oranına göre oldukça düşük olmasından kaynaklanabilmektedir. Bu durumda, bu grupların içerdiği birey sayısı artırılarak analizlerin tekrarlanması verinin değerlendirilmesi açısından fayda sağlayabilir.

*ATP8* veri setine göre yüksek  $F_{ST}$  değerlerine sahip olan Grup 3'ün, diğer gruplarla arasında gen akışının minimum düzeyde olduğu ve diğer grupların barındırdığı popülasyonlardan oldukça farklılaşmış popülasyonlar barındırdığı belirlenmiştir.

Yapılan IBD analizi sonucunda popülasyonların sergilediği dağılımın anlamlı bir değere sahip olmadığı saptanmıştır. Buna göre coğrafik uzaklık ile genetik uzaklığın arasında bir ilişki olmadığı belirlenmiştir.

Yüksek rakımlı bölgelerdeki popülasyonların daha fazla genetik olarak farklılaşmış popülasyonlar içerdiği hipotezini test etmek için yapılan BAPS analizi sonucunda popülasyonlar 3 grupta kümelenmiştir (Bkz. Şekil 8). Bayes algoritması ile yapılan analize göre bu 3 grup arasında gen akışının olmadığı saptanmıştır. Ancak popülasyonların yükseklikten bağımsız olarak gruplara dağıldığı saptanmıştır. Bu durumun, yükseklik bağımlı oluşturulan grupların birey sayısının yetersiz kalmasından ya da seçilen gen bölgesinin yüksekliğe bağlı olarak herhangi bir seçim baskısına maruz kalmamasından kaynaklanabileceği düşünülmüştür.

INCA 2.1 programı (Supek ve Vlahoviček, 2004) ile hesaplanan MELP ve MILC değerlerine göre, *ATP8* geninin ifadenme düzeylerinin gruplar arasında benzer olduğu görülmektedir. MILC ve MELP değerleri, gen uzunluğu ve kompozisyonundan bağımsız kodon kullanım eğilimini ve genin ifadenme düzeyini göstermektedir (Flynn vd., 2010; Dorić ve Bilela, 2014; Iriarte vd., 2014). Gruplar arasında kodon değişim oranının düşük olması nedeniyle MELP ve MILC değerlerinin birbirine yakın olduğu söylenebilir. Benzer olarak, *ATP8* veri setine göre grup 3'ün en yüksek MILC değerine sahip olması, yüksek genetik çeşitliliğe ve kodon değişim oranına sahip olmasıyla açıklanabilir. Ek olarak, Formicidae familyasında yapılan bir çalışmada üç farklı ekosistemden alınan bireylerin MELP ve MILC değerlerinin, adapte oldukları ekosistem içerisinde benzer çıkarken ekosistemler arasında farklılık gösterdiği

belirtilmiştir (Dorić ve Čaušević, 2014). Buna göre çalışma kapsamında kullanılan gruplar arasında tam bir klinleşme gerçekleşmediği ve grupların buldukları yüksekliğe *ATP8* genleri üzerinden tamamen adapte olmadığı söylenebilir. Bunun nedeni olarak da *C. pygmeus* türünün Anadolu'da yayılış sürecinin başında olduğu ya da bu sürecin tamamlanmadığı düşünülebilir. Ek olarak en düşük MILC değerlerine sahip olan Grup 2, Grup 4 ve Grup 6'nın yüksek MELP değerine sahip olması *ATP8* gen bölgesinin doyumluğa ulaşmış olabileceğini düşündürmektedir.

Temel bileşenler ayrışma analizi (DAPC) sonucunda anlamlı bir gruplama gerçekleştirilememiştir. Değişen grup sayısına rağmen BIC değeri devamlı bir azalış sergilemiştir.

Sinonim olmayan pozisyon başına sinonim olmayan yer değiştirmelerin sayısının ( $d_N$ ) sinonim pozisyon başına sinonim yer değiştirmelerin sayısına ( $d_S$ ) oranı hesaplanarak olası seçilimin rolü tahmin edilmeye çalışılmıştır.  $d_N/d_S$  oranları değerlendirildiğinde Grup 3'ün en düşük orana sahip olduğu saptanmıştır.

Gruplar arasındaki amino asit değişim örüntüleri incelendiğinde, yükseklikle ilişkili toplam hidrofobisiteyi değiştiren değişimlere rastlanmamıştır (Bkz. Şekil 10). Protein yapılarının tüm populasyonlarda topolojisinin korunmuş olduğu söylenebilir.

### **AFLP verisine göre;**

Hesaplanan  $F_{ST}$  değerlerine göre grupların birbirleriyle anlamlı derecede farklılaştığı saptanmıştır. Grup 9'un en yüksek  $F_{ST}$  değerlerine sahip olduğu saptanmıştır. Uç yükseklikteki grupları barındıran Grup 9'un düşük genetik çeşitliliğe sahip olmasıyla birlikte yüksek  $F_{ST}$  değerlerine sahip olması diğer gruplardan oldukça izole olduğunu göstermektedir ve yüksek kesimlerde genetik çeşitliliğin minimum düzeyde olması gerektiği hipotezini desteklemektedir (Balloux vd., 2009).

Populasyonların  $F_{ST}$  değerleri ile lokalite verilerinden matris oluşturularak IBD analizi yapılmıştır. Bu analize göre elde edilen kümeleşme örüntüsünün anlamlılık değeri 0,05 değerinin çok üstünde çıkmıştır. Dolayısıyla coğrafik uzaklık ile genetik uzaklık arasında bir bağlantı saptanamamıştır.

Yüksek rakımlı bölgelerde populasyonların genetik olarak daha fazla farklılaşmış olduğu hipotezi BAPS analizi ile test edilmiştir. Bu analize göre elde edilen 24 grubun

birbirleriyle olan gen akışı devam etmektedir. Bu durum populasyonların birbiriyle tam anlamıyla izole olmadıklarının göstermektedir.

POPGENE 1.32 programı ile hesaplanan Nei'nin genetik uzaklık değerlerine göre en düşük genetik uzaklık değerlerinin Grup 6'da ve en yüksek genetik uzaklık değerlerinin Grup 9 olduğu saptanmıştır. Bu değerlerin sergiledikleri dağılımın test edilmesi amacıyla temel bileşenler analizi yapılmıştır ve populasyonlar düşük oranda ayrımının yapılmasına rağmen dağılımın yükseklikten bağımsız gerçekleştiği saptanmıştır. Yükseklik bağımlı dağılımın ortaya çıkarılmamasının populasyonları temsil eden bireylerin farklı ve yetersiz sayıda olmasından kaynaklandığı düşünülmüştür.

STRUCTURE analizi sonucunda optimal K değerine göre populasyonların oluşturduğu küme sayısının 2 olması populasyonlar arası bir ayrımın oluşmaya başladığını göstermektedir. Ancak bu analize göre öngörülen yükseklik bağımlı gruplar elde edilememiştir. *C. pygmeus* populasyonlarının konak bitkisinin buğday olması, bu durumun populasyonların insan etkisi ile geniş bir yayılım sergilemesine neden olduğu düşünülmüştür. Bu nedenle populasyonların maruz kaldıkları seçim baskıları sonucu meydana gelen farklılaşmalar populasyonlar arasında net olarak gözlemlenememiştir.

Bütün analizler birlikte değerlendirildiğinde, *C. pygmeus* populasyonları arasında test edilen moleküler belirteçler için yüksekliğe bağlı bir genetik yapılanma örüntüsüne rastlanmamaktadır. Ancak bu türün populasyonlarının değişen yükseklikle birlikte enerji gereksinimindeki farklılıkları karşılayabilecek mekanizmaları geliştirmesi beklenmektedir. Bu gereksinimlerini karşılayabilmeleri için enerji metabolizması ile ilgili genlerin ifade düzeylerinde farklılıklar olması en olası açıklama olarak görülmektedir. Daha kesin sonuçlara ulaşmak için ifade temelli çalışmaların yapılması gerekmektedir.

## KAYNAKLAR

- Addo-Bediako, A., Chown, S.L., Gaston, K.J.** (2000). Thermal tolerance, climatic variability and latitude. *Proceedings of the Royal Society B*, 267, 739–745.
- Addo-Bediako, A., Chown, S.L., Gaston, K.J.** (2002). Metabolic cold adaptation in insects: a large-scale perspective. *Functional Ecology*, 16(3), 332-338.
- Alados-Arboledas, L., Alados, I., Foyo-Moreno, I., Olmo, F.J., Alcantara, A.** (2003). The influence of clouds on surface UV erythemal irradiance. *Atmospheric Research*, 66, 273–290.
- Altınayar, G.** (1975). Ekin sap arıları (*Cephus pygmaeus* (L.) ve *Trachelus tabidus* (F.) (Hymenoptera: Cephidae)' nin Konya İlinde biyo-ekolojileri, sebep oldukları ürün kayıpları ve savaş yolları üzerine araştırmalar. Bölge Zirai Mücadele Araştırmaları Enstitüsü. Ankara.
- Anderson, N.H., Cummins, K.W.** (1979). Influences of diet on the life histories of aquatic insects. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 36, 335-342.
- Angilletta, M.** (2009). Thermal adaptation: a theoretical and empirical synthesis. *Oxford University Press*, 304p, London.
- Ansell, S.W., Stenøien, H.K., Grundmann, M., Russell, S.J., Koch, M., Schneider, H., Vogel, J.C.** (2011). The importance of Anatolian mountains as the cradle of global diversity in *Arabis alpina*, a key arctic –alpine species. *Annals of Botany*, 108, 241-252.
- Anslow, F.S., Shawn, M.J.** (2002). An investigation of local alpine terrestrial lapse rates in the Canadian Rockies. Proceedings of the 32nd Annual Arctic Workshop, INSTAAR, *University of Colorado, Boulder*, 14-16 March.
- Antonovics, J.** (1976). The nature of limits to natural selection. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 63(2), 224-247.
- Atkinson, D.** (1994). Temperature and organism size – a biological law for ectotherms?. *Advances in Ecological Research*, 25, 1–58.
- Bale, J. S., Masters, G.J., Hodkinson, I.D., Awmack, C., Bezemer, T.M., Brown, M.K., Butterfield, J., Buse, A., Coulson, J.C., Farrar, J., Good, J.E.G., Harrington, R., Hartley, S., Jones, T.H., Lindroth, R.L., Press, M.C., Symrnioudis, I., Watt, A.D., Whittaker, J.B.** (2002). Herbivory in global climate change research: direct effects of rising temperature on insect herbivores. *Global Change Biology*, 8, 1–16.
- Ballard, J.W.O., Whitlock, M.C.** (2004). The incomplete natural history of mitochondria. *Molecular Ecology*, 13, 729–744.
- Ballard, J.W.O., Rand, D.M.** (2005). The population biology of mitochondrial DNA and ITS phylogenetic implications. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 36, 621-42.
- Ballard, J.W.O., Melvin, R.G., Katewa, S.D., Maas, K.** (2007). Mitochondrial DNA variation is associated with measurable differences in life-history traits and mitochondrial metabolism in *Drosophila simulans*. *The Society for the Study of Evolution, Evolution*, 61(7), 1735–1747.
- Balloux, F., Handley, L.J.L., Jombart, T., Liu, H., Manica, A.** (2009). Climate shaped the worldwide distribution of human mitochondrial DNA sequence variation. *Proceedings of the Royal Society B*, 276(1672).



- Bardakçı, F., Değerli, N., Özdemir, O., Başbüyük, H.H.** (2006). Phylogeography of the Turkish *Brown trout* *Salmo trutta* L.: mitochondrial DNA PCR-RFLP variation. *Journal of Fish Biology*, 68, 1-20.
- Benson, R.B.** (1946). Classification of the Cephidae (Hymenoptera Symphyta). *Transactions of the Royal Entomological Society of London*, 96, 89–108.
- Benson, R.B.** (1950). An introduction to the natural history of British sawflies. *Transactions of Society for British Entomology*. 10, 45-138.
- Benson, R.B.** (1968). Hymenoptera from Turkey Symphyta. *Bulletien of the British Museum (Natura History) Entomology*, London.
- Bernatchez, L.** (2001). The evolutionary history of *Brown trout* *Salmo trutta* L. inferred from combined phylogeographic, nested clade and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. *Evolution*, 55, 351- 379.
- Berner, R.A.** (2006). GEOCARBSULF: a combined model for Phanerozoic atmospheric O<sub>2</sub> and CO<sub>2</sub>. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 70, 5653–5664.
- Black IVth, W.C., Baer, C.F., Antolin, M.F., DuTeau, N.M.** (2001). Population genomics: Genome-wide sampling of insect populations. *Annual Review of Entomology*, 46, 441–469.
- Blumthaler, M., Ambach, W., Rehwald, W.** (1992). Solar Uv-A and Uv-B radiation fluxes at 2 alpine stations at different altitudes. *Theoretical and Applied Climatology*, 46, 39–44.
- Boore, J.L., Brown, W.M.** (1995). Complete sequence of the mitochondrial DNA of the Annelid worm: *Lumbricus terrestris*. *Genetics*, 141, 305-319.
- Brand, M.D.** (1990). The proton leak across the mitochondrial inner membrane. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1018, 128–133.
- Breton, S., Donald, S.T., Hoeh, W.R.** (2010). Characterization of a mitochondrial ORF from the gender-associated mtDNAs of *Mytilus* spp. (Bivalvia: Mytilidae): Identification of the “missing” ATPase 8 gene. *Marine Genomics*, 3, 11-18.
- Budak, M., Korkmaz, E.M., Başbüyük, H.H.** (2011). A molecular phylogeny of the Cephinae (Hymenoptera, Cephidae) based on mtDNA COI gene: a test of traditional classification. *Zookeys*, 130, 363–378.
- Budnik, M., Brncic, D., Acuna, M.** (1988). Geographical and sexual variation of wing size in the monophagous flower-breeding species *Drosophila flavopilosa*. *Zeitschrift für Zoologische Systematik und Evolutionsforschung*, 26, 211–216.
- Burla, H., Jungen, H., Bachli, G.** (1986). Population structure of *Drosophila subobscura*: non-random microdispersion of inversion polymorphism on a mountain slope. *Genetica*, 70, 9–15.
- Buse, A., Hadley, D., Sparks, T.** (2001). Arthropod distribution on an alpine elevational gradient: the relationship with preferred temperature and cold tolerance. *European Journal of Entomology*, 98, 301–309.
- Calosi, P., Bilton, D.T., Spicer, J.I., Votier, S.C., Atfield, A.** (2010). What determines a species' geographical range? Thermal biology and latitudinal range size relationships in European diving beetles (Coleoptera: Dytiscidae). *Journal of Animal Ecology*, 79, 194–204.
- Casey, T.M.** (1992). Biophysical ecology and heat exchange in insects. *American Society of Zoologists*, 32, 225-237.
- Chen, W., Bu, Y., Carapell, A., Dallai, R., Li, S., Yin, W., Luan, Y.** (2011). The mitochondrial genome of *Sinentomon erythranum* (Arthropoda: Hexapoda:

- Protura): an example of highly divergent evolution. *BMC Evolutionary Biology*, 11 (246).
- Chown, S.L.** (2002). Respiratory water loss in insects. *Comparative Biochemistry and Physiology A-Molecular and Integrative Physiology*, 133, 791–804.
- Chown, S.L., Klok, C.J.** (2003). Altitudinal body size clines: latitudinal effect associated with changing seasonality. *Ecography*, 26, 445–455.
- Chown, S.L., Slabber, S., McGeoch, M.A., Janion, C., Leinaas, H.P.** (2007). Phenotypic plasticity mediates climate change responses among invasive and indigenous arthropods. *Proceedings of the Royal Society B*, 274, 1625.
- Corander, J., Waldmann, P., Sillanpaa, M.J.** (2003). Bayesian analysis of genetic differentiation between populations. *Genetics*, 163(1), 367-374.
- Corander, J., Marttinen, P.** (2006). Bayesian identification of admixture events using multilocus molecular markers. *Molecular Ecology*, DOI: 10.1111/j.1365-294X.2006.02994x.
- Cossins, A.R., Bowler, K.** (1987). Temperature biology of animals, *Chapman and Hall*, London.
- Craig, T.P., Itami, J.K.** (2008). Specialization, speciation, and radiation: the evolutionary biology of herbivorous insects. **Tilmon, K.** (Ed.) *Evolution of preference and performance relationships*, University of California Press., 360p, ABD.
- Çalmaşur, Ö.** (2007). Erzurum ilinde kiraz sülüğü *Caliroa cerasi* (Linnaeus, 1758) (Hymenoptera: Tenthredinidae)'nin biyolojisi ve zararı. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 38 (1), 59-63.
- Çıplak, B., Heller, K.G., Demirsoy, A.** (2002). Review and key to species of *Platycleis* from Turkey (Orthoptera: Tettigoniidae) with descriptions of *Yalvaciana* subgen. n., *P. salmani* sp. n. and *P. melendisensis* sp. n.. *Journal of Natural History*, 36, 197–236.
- Çıplak, B.** (2008). The analogy between interglacial and global warming for the glacial relicts in a refugium. **Fattorini S.** (Ed.), *Insect Ecology and Conservation, Research Signpost*.
- Çıplak, B., Heller, K.G., Willemsse, F.** (2010). Phylogeny and biogeography *Eupholidoptera Maran* (Orthoptera, Tettigoniidae): morphological speciation in correlation with the geographical evolution of the eastern Mediterranean. *Systematic Entomology*, 35, 722–738.
- Demirözer, O., Karaca, İ.** (2011). Population fluctuations of some important pests and natural enemies found in *Oil-bearing rose* (*Rosa damascena* Miller) production areas in Isparta province (Turkey). *Türkiye Entomoloji Dergisi*, 35(4), 539-558.
- Denlinger, D.L., Yocum, G.D.** (1998). Upregulation of a 23 kDa small heat shock protein transcript during pupal diapause in the flesh fly, *Sarcophaga crassipalpis*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 28, 677-682.
- Denno, R.E., Roderick, G.K., Peterson, M.A., Huberty, A.F., Dobel, H.G., Eubanks, M.D., Losey, J.E., Langellotto, G.A.** (1996). Habitat persistence underlies intraspecific variation in the dispersal strategies of planthoppers. *Ecological Monographs*, 66, 389–408.
- Dreyer, H., Baumgartner, J.** (1996). Temperature influence on cohort parameters and demographic characteristics of the two cowpea coreids *Clavigralla tomentosicollis* and *C. shadabi*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, 78, 201-213.

- Doric, S., Caušević, E.** (2014). Protein expression prediction of mitochondrial DNA genes based on codon usage among selected species of ants (family: Formicidae) that inhabit tertiary ecosystem. *Quarry Life Award*.
- Doric, S., Bilela, L L.** (2014). Comparison of codon usage in mitochondrial genomes of *Rhinolophid* and *Hipposiderid* bats. Proceedings Conference, *The 5th International Symposium on Sustainable Development*.
- Dudley, R.** (1998). Atmospheric oxygen, giant Paleozoic insects and the evolution of aerial locomotor performance. *The Journal of Experimental Biology*, 201, 1043–1050.
- Erelli, M.C., Ayres, M.P., Eaton, G.K.** (1998). Altitudinal patterns in host suitability for forest insects. *Oecologia*, 117, 133–142.
- Espitia-Gaitan, J.D., Nespolo, R.F., Opazo, J.C.** (2013). The complete mitochondrial genome of the land snail *Cornu aspersum* (Helicidae: Mollusca): Intraspecific divergence of protein-coding genes and phylogenetic considerations within Euthyneura. *Plouse One*, 8(6).
- Etges, W.J.** (1984). Genetic structure and change in natural populations of *Drosophila robusta*: systematic inversion and inversion association frequency shifts in the Great Smoky Mountains. *Evolution*, 38, 675–688.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J.** (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, 2611–2620.
- Ewing, B., Hillier, L., Wendl M.C., Green, P.** (1998). Base-calling of automated sequencer traces using phred, I. accuracy assessment. *Genome Research*, 8, 175–185.
- Fielding, C.A., Whittaker, J.B., Butterfield, J.E.L., Coulson, J.C.** (1999). Predicting responses to climate change: the effect of altitude and latitude on the phenology of the spittlebug *Neophilaenus lineatus*. *Functional Ecology*, 13, 65–73.
- Flynn, M.K., Vohr, S.H., Hatcher, P.J., Cooper, V.S.** (2010). Evolutionary rates and gene dispensability associate with replication timing in the *Archaeon Sulfolobus islandicus*. *Genome Biology and Evolution*, 2, 859–869.
- Fontanillas, P., Depraz, A., Giorgi, M.S., Perrin, N.** (2005). Nonshivering thermogenesis capacity associated to mitochondrial DNA haplotypes and gender in the greater white-toothed shrew, *Crocidura russula*. *Molecular Ecology*, 14, 661–670.
- Fu, Y.X.** (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. *Genetics*, 147, 915–925.
- Gauld, I.D., Bolton, B.** (1988). The Hymenoptera. British Museum (Natural History). *Oxford University Press*, 62p, New York.
- Geiger, R., Aron, R.H., Todhunter, P.** (1995). The climate near the ground. *Cambridge: Harvard University Press*, United States, 518p.
- Gleixner, E., Abriss, D., Adryan, B., Kraemer, M., Gerlach, F., Schuh, R., Burmester T., Hankeln T.** (2008). Oxygen-Induced Changes in Hemoglobin Expression in *Drosophila*. *The FEBS Journal*, 275, 5108–5116.
- Graham, J.B., Dudley, R., Aguilar, N.M., Gans, C.** (1995). Implications of the later Palaeozoic oxygen pulse for physiology and evolution. *Nature*, 375, 117–120.
- Grantham R.** 1974. Amino acid difference formula to help explain protein evolution. *Science*, 185(4154), 862–4.

- Grimaldi, D., Engel, M.S.** (2005). Evolution of the insects. *Cambridge University Press*, 772p, New York.
- Goropashnaya, A.V., Ferodov, B., Seifert, B., Pamlios, P.** (2004). Limited phylogeographical structure across Eurasia in two red wood ant species *Formica pratensis* and *F.lugubris* (Hymenoptera, Formicidae). *Molecular Ecology*, 13, 1849-1858.
- Gutierrez, D., Menendez, R.** (1997). Patterns in the distribution, abundance and body size of carabid beetles (Coleoptera: Caraboidea) in relation to dispersal ability. *Journal of Biogeography*, 24, 903–914.
- Gullan, P.J., Cranston, P.S.** (2010). Insect systematics: phylogeny and classification. *The Insects: An Outline of Entomology fourth edition*, Wiley-Blackwell, Oxford, 189–222.
- Hancock, A.M., Witonsky, D B., Gordon, A.S., Eshel, G., Pritchard, J.K., Coop, G., Di Rienzo, A.** (2008). Adaptations to climate in candidate genes for common metabolic disorders. *PLoS Genet.*, 4(32).
- Hardie, D., Casella F.C., Botha J.H.** (2004). Sawflies: the wheat stem sawfly *Cephus cinctus* and relatives: exotic threat to Western Australia, *Department of Agriculture*.
- Harrison, J.F., Kaiser, A., VandenBrooks, J.M.** (2010). Atmospheric oxygen level and the evolution of insect body size. *Proceedings of the Royal Society B*, 277, 1937-1946.
- Hawkins, B.A., De vries, P.J.** (1996). Altitudinal gradients in the body sizes of *Costa Rican butterflies*. *Acta Oecologica*, 17, 185–194.
- Heinrich, B.** (1996). The thermal warriors: strategies of insect survival. *Harvard University Press*, 221p, London.
- Hill, J.K., Hamer, K.C., Hodkinson, I.D.** (1998). Variation in resource exploitation along an altitudinal gradient: the willow psyllids (*Cacopsylla* spp.) on *Salix lapponum*. *Ecography*, 21, 289–296.
- Hirst, J.** (2013). Mitochondrial Complex I. *Annual Review of Biochemistry*, 82(21), 1–25.
- Hodkinson, I.D., Bird, J., Miles, J.E., Bale, J.S., Lennon, J.J.** (1999). Climatic signals in the life histories of insects: the distribution and abundance of heather psyllids (*Strophingia* spp.) in the UK. *Functional Ecology*, 13, 83–95.
- Hodkinson, I.D., Webb, N.R., Coulson, S.J.** (2002). Primary community assembly on land – the missing stages: why are the heterotrophic organisms always there first. *Journal of Ecology*, 90, 569–577.
- Hodkinson, D.I.** (2005). Terrestrial insects along elevation gradients: species and community responses to altitude. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 80(3), 489-513.
- Hofman, S., Pabijan, M., Sz wajkowska-Dziewulska, D., Szymura, J.M.** (2012). Mitochondrial genome organization and divergence in hybridizing central European waterfrogs of the *Pelophylax esculentus complex* (Anura, Ranidae). *Gene*, 491, 71-80.
- Hoffman, A.A., Sørensen, J.G., Loeschcke, V.** (2003). Adaptation of *Drosophila* to temperature extremes: bringing together quantitative and molecular approaches. *Journal of Thermal Biology*, 28, 175-216.
- Infante, F.** (2000). Development and population growth rates of *Prorops nasuta* (Hym., Bethyridae) at constant temperatures. *Journal of Applied Entomology*, 124(9-10), 343–348.

- Iriarte, A., Baraibar, J.D., Diana, L., Castro-Sowinski, S., Musto, R.** (2014). Trends in amino acid usage across the class *Mollicutes*. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics*, 32(1), 65-74.
- Itoi S., Kinoshita S., Kikuchi K., Watabe S.** (2003). Changes of Carp FoF1-ATPase in Association with Temperature Acclimation. *American Journal of Physiology - Regulatory, Integrative and Comparative Physiology*, 284 (1), 153–163.
- James, S.S., Pereira, R.M., Vail, K.M., Ownley, B.H.** (2002). Survival of imported fire ant (Hymenoptera: Formicidae) species subjected to freezing and near-freezing temperatures. *Environmental Entomology*, 31, 127-133.
- Jombart, T.** (2008). Adegnet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*. 24, 1403-1405.
- Jombart, T., Pavoine, S., Devillard, S., Pontier, D.** (2010). Putting phylogeny into the analysis of biological traits: A methodological approach. *Journal of Theoretical Biology*, 264, 693-701.
- Jombart, T.** (2013). A tutorial for Discriminant Analysis of Principal Components (DAPC) using adegenet 1.3-6. Available from <http://adegenet.r-forge.r-project.org/files/adegenet-dapc.pdf>
- Jonckheere, A.I, Smeitink, J.A.M., Rodenburg, R.J.T.** (2012). Mitochondrial ATP synthase: architecture, function and pathology. *Journal of inherited metabolic disease*, 35, 211-225.
- Kazuno, A.A., Munakata, K., Nagai, T., Shimozono, S., Tanaka, M., Yoneda, M., Kato, N., Miyawaki, A., Kato, T.** (2006). Identification of mitochondrial DNA polymorphisms that alter mitochondrial matrix pH and intracellular calcium dynamics. *PLoS Genetics*, 2(128).
- Kellermann, V., Loeschcke, V., Hoffmann, A.A., Kristensen, T.N., Fløjgaard, C., David, J.R., Svenning, J.C., Overgaard, J.** (2012a). Phylogenetic constraints in key functional traits behind species' climate niches: patterns of desiccation and cold resistance across 95 *Drosophila* species. *Evolution*, 66, 3377–3389.
- Kellermann, V., Overgaard, J., Hoffmann, A.A., Fløjgaard, C., Svenning, J.C., Loeschcke, V.** (2012b). Upper thermal limits of *Drosophila* are linked to species distributions and strongly constrained phylogenetically. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109, 16228–16233.
- Koch, M.A., Kiefer, C., Ehrich, D., Vogel, J., Brochmann, C., Mummenhoff, K.** (2006). Three times out of Asia Minor: the phylogeography of *Arabis alpina* L. (Brassicaceae). *Molecular Ecology*, 15, 825–839.
- Korkmaz, E.M., Budak, M., Hastaoğlu Örgen S., Bağda, E., Gençer, L., Ülgentürk, S., Başbüyük, H.H.** (2010). New records and a checklist of Cephidae (Hymenoptera: Insecta) of Turkey with a short biogeographical consideration. *Turkish Journal of Zoology*, 34, 203-211.
- Korkmaz E.M.** (2011). Utilization of cytochrome oxidase I in *Cephus pygmeus* (L.) (Hymenoptera: Cephidae). *Turkish Journal of Zoology*, 35, 713-726.
- Korkmaz, E.M., Lunt, D.H., Çıplak, B., Değerli, N., Başbüyük, H.H.** (2014). The contribution of Anatolia to European phylogeography: the centre of origin for the meadow grasshopper *Chorthippus parallelus*. *Journal of Biogeography*, 41, 1793–1805.
- Korneliusson, T.S., Moltke, I., Alberchtsen, A., Nielsen, R.** (2013). Calculation of Tajima's D and other neutrality test statistics from low depth next-generation sequencing data. *BMC Bioinformatics*, 14, 289.

- Laternser, M., Schneebeli, M.** (2003). Long-term snow climate trends of the Swiss Alps (1931–99). *International Journal of Climatology*, 23, 733–750.
- Lee, S.M., Lee, S.B., Park, C.H., Choi, J.** (2006). Expression Of Heat Shock Protein And Hemoglobin Genes in *Chironomus tentans* (Diptera, chironomidae) Larvae Exposed To Various Environmental Pollutants: A Potential Biomarker Of Freshwater Monitoring. *Chemosphere*, 65, 1074–1081.
- Librado, P., Rozas, J.** (2009). DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, 1451–1452.
- Liu, S., Xue, D., Cheng, R., Han, H.** (2014). The complete mitogenome of *Apocheima cinerarius* (Lepidoptera: Geometridae: Ennominae) and comparison with that of other lepidopteran insects. *Gene*, 547, 136-144.
- Lookingbill, T.R., Urban, D.L.** (2003). Spatial estimation of air temperature differences for landscape-scale studies in montane environments. *Agricultural and Forest Meteorology*, 114, 141–151.
- Manica, A., Prugnolle, F., Balloux, F.** (2005). Geography is a better determinant of human genetic differentiation than ethnicity. *Human Genetics*, 118, 366–371.
- Martinez-Cruz, O., Sanchez-Paz, A., Garcia-Carreño, F., Jimenez-Gutierrez, L., Navarrete del Toro, A., Muhlia-Almazan, A.** (2012). Invertebrates Mitochondrial Function and Energetic Challenges, **Clark, K.** (Ed.), *Bioenergetics*, , ISBN: 978-953-51-0090-4, InTech.
- Mckenzie, R.L., Johnston, P.V., Smale, D., Bodhaine, B.A., Madronich, S.** (2001). Altitude effects on UV spectral irradiance deduced from measurements at Lauder, New Zealand, and at Mauna Loa Observatory. *Hawaii. Journal of Geophysical Research-Atmospheres*, 106, 22845–22860.
- Mikhailov, Y.E.** (2001). Significance of colour polymorphism in mountain populations of abundant leaf beetles (Coleoptera, Chrysomelidae). *Pirineos*, 156, 57–68.
- Mishmar, D.** (2003). Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100, 171–176.
- Mittermeier, R.A., Robles Gil, P., Hoffmann, M., Pilgrim, J., Brooks, T., Mittermeier, C.G., Lamoreaux, J., Fonseca, G.A.V.** (2005). Hotspots (revisited): Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions, *The University of Virginia Press*, 392p, ABD.
- Mueller D.M., Puri N., Kabaleeswaran V., Terry C., Leslie A.G.W., Walker J.E.** (2004). Ni-chelate-Affinity Purification and Crystallization of the Yeast Mitochondrial F1- ATPase. *Protein Expression and Purification*, 37 (2), 479-485.
- Muhlia-Almazan A., Martinez-Cruz O., Navarrete del Toro M. A., Garcia-Carreño F., Arreola R., Sotelo-Mundo R., Yepiz-Plascencia G.** (2008), Nuclear and Mitochondrial Subunits from the White Shrimp *Litopenaeus vannamei* FoF1 ATPsynthase complex: cDNA Sequence, Molecular Modeling, and mRNA Quantification of *atp9* and *atp6*. *Journal of Bioenergetics and Biomembranes*, 40 (4), 359–369.
- Mutun, S.** (2011). Intraspecific genetic diversity of the oak gall wasp *Andricus lucidus* (Hymenoptera: Cynipidae) populations in Anatolia. *Turkish Journal of Zoology*, 35, 559–570.
- Nogués-Bravo, D., Araújo, M.B., Errea, M.P., Martínez-Rica, J.P.** (2007). Exposure of global mountain systems to climate warming during the 21st Century. *Global Environmental Change*, 17, 420 – 428.
- Nyman, T.** (2010). How common is ecological speciation in plant-feeding insects? A 'Higher' Nematinae perspective. *BMC Evolutionary Biology*, 266(10), 1-13.

- Oliveira, D.C.S.G., Raychoudhury, R., Lavrov, D.V., Werren, J.H.** (2008). Rapidly evolving mitochondrial genome and directional selection in mitochondrial genes in the parasitic wasp *Nasonia* (Hymenoptera: Pteromalidae). *Molecular Biology and Evolution*, 25(10), 2167-2180.
- Overgaard, J., Kearney, M.R., Hoffmann, A.A.** (2014). Sensitivity to thermal extremes in Australian *Drosophila* implies similar impacts of climate change on the distribution of widespread and tropical species. *Global Change Biology*, 20, 1738–1750.
- Peakall R., Smouse P.E.** (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes*, 6, 288–295.
- Pedigo, L.P.** (1989). Entomology and Pest Management, *Macmillan Publishing Company*, 646p, New York.
- Pepin, N.** (2001). Lapse rate changes in northern England. *Theoretical and Applied Climatology*, 68, 1–16.
- Petit, R., El Mousadik, A., Pons, O.** (1998). Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conservation Biology*, 12, 844–855.
- Pickett, S.T.A.** (1989). Space-for-time substitution as an alternative to long-term studies. In *Long-term studies in Ecology*. **Likens, G.** (Ed.), Heidelberg: Springer-Verlag.
- Pörtner, H.O.** (2002). Climate variations and the physiological basis of temperature dependent biogeography: systemic to molecular hierarchies of thermal tolerance in animals. *Comparative Biochemistry and Physiology - Part A: Molecular and Integrative Physiology*, 132, 739–761.
- Price, P.W.** (2005). Adaptive radiation into ecological niches with eruptive dynamics: a comparison of tenthredinid and diprionid sawflies. *Journal of Animal Ecology*, 74(3), 397-408.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P.** (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945-959.
- Ramachandran, S., Deshpande, O., Roseman, C.C., Rosenberg, N.A., Feldman, M.W., Cavalli-Sforza, L.L.** (2005). Support from the relationship of genetic and geographic distance in human populations for a serial founder effect originating in Africa. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102, 15 942–15 947.
- Rand, D.M.** (2011). Population genetics of the cytoplasm and the units of selection on mitochondrial DNA in *Drosophila melanogaster*. *Genetica*, 139(685).
- Rashwani, A.** (1984). Introduction to the major insect pests of wheat and barley in the Middle East and North Africa. Technical Manual No. 9., *International Center for Agricultural Research in the Dry Area (ICARDA)*, 98.
- Rasnitsyn, A.P.** (1969). Origin and evolution of the lower Hymenoptera. Transactions of the Paleontological Institute of the Academy of Sciences of the USSR1, *Moscow: Nauka Press*, 23, 1–195.
- Relethford, J.H.** (2004). Global patterns of isolation by distance based on genetic and morphological data. *Human Biology*, 76, 499–513.
- Rokas, A., Williams, B.L., King, N., Carroll, S.B.** (2003). Genome-scale approaches to resolving incongruence in molecular phylogenies. *Nature*, 425, 798–804.
- Rolland, C.** (2003). Spatial and seasonal variations of air temperature lapse rates in Alpine regions. *Journal of Climate*, 16, 1032–1046.
- Roff, D.A.** (1990). The evolution of flightlessness in insects. *Ecological Monographs*, 60, 389–422.

- Romero, I.G., Manica, A., Goudet, J., Handley, L.L., Balloux, F. 2008.** How accurate is the current picture of human genetic variation?. *Heredity*, 102, 120–126.
- Root, T.L., Price, J.T., Hall, K.R., Schneider, S.H., Rosenzweig, C., Pounds, J.A. (2003).** Fingerprints of global warming on wild animals and plants. *Nature*, 421, 57–60.
- Rourke, B.C. (2000).** Geographic and altitudinal variation in water balance and metabolic rate in a California grasshopper, *Melanoplus sanguinipes*. *Journal of Experimental Biology*, 203, 2699–2712.
- Ruiz-Pesini, E., Mishmar, D., Brandon, M., Procaccio, V., Wallace, D.C. (2004).** Effects of purifying and adaptive selection on regional variation in human mtDNA. *Science*, 303, 223–26.
- Sambrook, J., Russell, D.W. (2001).** Molecular Cloning: A Laboratory Manual. *Cold Spring Harbor Lab. Press*, Plainview, NY.
- Samietz, J., Salser, M.A., Dingle, H. (2005).** Altitudinal variation in behavioural thermoregulation: local adaptation vs. plasticity in California grasshoppers. *Journal of Evolutionary Biology*, 18(4), 1087-1096.
- Shanower, T.G., Hoelmer, K.A. (2004).** Biological control of wheat stem sawflies: past and future. *Journal of Agricultural and Urban Entomology*, 21, 197-221.
- Shear, W.A., Kukalova-Peck, J. (1990).** The ecology of Paleozoic terrestrial arthropods: the fossil evidence. *Canadian Journal of Zoology*, 68, 1807–1834.
- Shen, Y., Liang, L., Zhu, Z., Zhou, W., Irwin, D.M., Zhang, Y. (2010).** Adaptive evolution of energy metabolism genes and the origin of flight in bats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(19).
- Smeitanka, B., Burzynski, A., Wenne, R. (2010).** Comparative genomics of marine mussels (*Mytilus* spp.) gender associated mtDNA: Rapidly evolving atp8. *Journal of Molecular Evolution*, 71, 385-400.
- Smith, R.J., Hines, A., Richmond, S., Merrick, M., Drew, A., Fargo, R. (2000).** Altitudinal variation in body size and population density of *Nicrophorus investigator* (Coleoptera: Silphidae). *Environmental Entomology*, 29, 290–298.
- Smith, D.R. (2006).** List of the Sawflies (Hymenoptera: Symphyta) of Virginia. *Virginia Natural History Society*, 28p, Banisteria.
- Somero, G.N. (2002).** Thermal physiology and vertical zonation of intertidal animals: optima, limits, and costs of living. *Integrative and Comparative Biology*, 42(4), 780-789.
- Sommer, A.M., Portner, H.O. (2002).** Metabolic cold adaptation in the lugworm *Arenicola marina*: comparison of a North Sea and a White Sea population. *Marine Ecology Progress Series*, 240, 171-182.
- Stange, L.A. (1997).** The stem sawflies of Florida (Hymenoptera: Cephidae). *Entomology Circular No. 382*, Florida Department of Agriculture & Consumer Services Division of Plant Industry..
- Stevenson, R.D. (1985).** Body size and limits to the daily range of body temperature in terrestrial ectotherms. *The American Naturalist*, 125(1), 102-117.
- Strathdee, A.T., Bale, J.S., Strathdee, F.C., Block, W.C., Coulson, S.J., Webb, N.R., Hodkinson, I.D. (1995).** Climatic severity and the response to temperature elevation of *Arctic aphids*. *Global Change Biology*, 1, 23–28.



- Sunday, J.M., Bates, A.E., Dulvy, N.K.** (2010). Global analysis of thermal tolerance and latitude in ectotherms. *Proceedings of the Royal Society B*, 278, 1823–1830.
- Supek, F., Vlahovicek, K.** (2004). INCA: synonymous codon usage analysis and clustering by means of self-organizing map. *Bioinformatics*, 20, 2329–2330.
- Supek, F., Vlahovicek, K.** (2005). Comparison of codon usage measures and their applicability in prediction of microbial gene expressivity. *BMC Bioinformatics*, 6(1), 182.
- Suyama, M., Torrents, D., Bork, P.** (2006). PAL2NAL: robust conversion of protein sequence alignments into the corresponding codon alignments. *Nucleic Acids Res.* 34, 609-612.
- Taeger, A., Blank, M.S., Liston, A.D.** (2010). World Catalog of Symphyta (Hymenoptera). *Zootaxa*, 2580, 1-1064
- Tajima, F.** (1989). The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics*, 123, 597–601.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., Kumar, S.** (2007). MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution*, 24, 1596–1599.
- Tauber, M.J., Tauber, C.A., Masaki, S.** (1986). Seasonal adaptations of insects. *Oxford University Press*, 426p, Oxford.
- Taylor, F.** (1981). Ecology and evolution of physiological time in insects. *American Naturalist*, 117, 1-23.
- Tuena de Gomez-Poyou M., Perez-Hernandez G., Gomez-Poyou A.** (1999). Synthesis and Hydrolysis of ATP and the Phosphate-ATP Exchange Reaction in Soluble Mitochondrial F1 in the Presence of Dimethylsulfoxide. *European Journal of Biochemistry*, 266 (2), pp: 691-696.
- URL-1** < <https://pin-sharp.blogspot.com.tr>>, alındığı tarih: 09.08.2016.
- URL-2** < <http://www.altitude.org> >, alındığı tarih: 07.08.2016.
- URL-3** < <https://www.r-project.org> >, alındığı tarih: 01.02.2015.
- Verberk, C.E.P.W., Overgaard, J., Ern, R., Bayley, M., Wang, T., Boardman, L., Terblanche, J.S.** (2016). Does oxygen limit thermal tolerance in arthropods? A critical review of current evidence. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A*, 192, 64-78.
- Vila, M., Bjorklund, M.** (2004). Testing biennialism in the butterfly *Erebia palarica* (Nymphalidae: Satyrinae) in mtDNA sequencing. *Insect Molecular Biology*, 13, 213–217.
- Viitasaari, M.** (2002). A review of the extant families of the Hymenoptera. Sawflies (Hymenoptera, Symphyta). A review of the suborder, the Western Palearctic taxa of Xyeloidae and Pamphilioidae. **Viitasaari, M.** (Ed.), *Tremex Press*, 175-195, Helsinki.
- Ward, P.D.** (2006). Out of thin air: dinosaurs, birds and Earth's ancient atmosphere. D.C: *Joseph Henry Press*, 296p, Washington.
- Wallace, D.C.** (2010). Colloquium paper: Bioenergetics, the origins of complexity, and the ascent of man. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107, 8947–8953.
- Wallace, D.C., Fan, W., Procaccio, V.** (2010). Mitochondrial energetics and therapeutics. *Annual Review of Pathology*, 5, 297–348.
- Wu, B., Liu, N., Zhao, H.** (2006). PSMIX: an R package for population structure inference via maximum likelihood method. *BMC Bioinformatics*, 7(317).

- Xiao, J., Jia, J., Murphy, R.W., Huang, D.** (2011). Rapid evolution of the mitochondrial genome in chalcidoid wasps (Hymenoptera: Chalcidoidea) driven by parasitic lifestyles. *PLoS One*, 6(11).
- Xiao, J., Wang, N., Murphy, R.W., Cook, J., Jia, L., Huang, D.** (2012). Wolbachia infection and dramatic intraspecific mitochondrial DNA divergence in a fig wasp. *Evolution*, 66(6), 1907-1916.
- Yang, Y.** (1994). Gut size changes in relation to variable food quality and bodysize in grasshoppers. *Functional Ecology*, 8, 36-45.
- Yang, Y., Xu, S., Xu, J., Guo, Y., Yang, G.** (2014). Adaptive evolution of mitochondrial energy metabolism genes associated with increased energy demand in flying insects. *Plos one*, 9(6).
- Yeh, F.C., Yang, R.C., Boyle, T.B.J., Ye, Z.H., Mao J.X.** (1997). POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. *Molecular Biology and Biotechnology Centre*, University of Alberta, Canada.
- Young, J.H., Chang, Y.P.C., Kim, J.D.O., Chretien, J.P., Klag, M.J., Levine, M.A., Ruff, C.B., Wang, N.Y., Chakravarti, A.** (2005). Differential susceptibility to hypertension is due to selection during the out-of-Africa expansion. *PLoS Genet.*, 1(82).
- Zera, A.J., Harshman, L.G.** (2001). The physiology of life history trade-offs in animals. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 32, 95–126.
- Zettel, J.** (2000). Alpine Collembola – adaptations and strategies for survival in harsh environments. *Zoology-Analysis of Complex Systems*, 102, 73–89.
- Zhelochovtsev, A.N.** (1988). Symphyta, pp. 377-387. In Medvedjev, G.S., ed. *Oprendielatel Nasekomykh Evropeiskoi Chasti SSSR. III. Perepondhatokrylye 6. Opredeliteli po faune SSSR 158.* Nauka Leningrad. (1994, English translation, 27, Order Hymenoptera, Suborder Symphyta (Chalastogastra). In Medvedjev, G.S., ed. *Keys to the Insects of the European Part of the USSR.* Amerind Publishing Co., Pvt. Ltd., New Delhi. 432.
- Zheng, S.** (2008). Ecological genomics of plant-insect interactions: from gene to community. *Plant Physiology*, 146(3), 812-817.



## **EKLER**

**EK-1** *ATP8* Gen Bölgesine Ait Dizi Verisi

**EK-2** AFLP Matriks Verisi

**EK-1**

**ATP8 Gen Bölgesine Ait Dizi Verisi**

302-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

302-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

302-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

306-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

306-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

306-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTACTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

309-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

309-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

309-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

311-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

311-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

311-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA GAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

314-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

314-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

314-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

315-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

315-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

315-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

320-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

320-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

320-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

384-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

384-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

384-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

148-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

148-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

148-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

148-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

148-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

289-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

289-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

289-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

289-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

289-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

761-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

761-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

761-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

761-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

761-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

138-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

138-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTAGAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

138-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTAGAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

138-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

339-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

339-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

339-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATATATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

339-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAGATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

341-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

341-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA



341-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

341-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

345-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

345-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

345-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

345-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGTATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

687-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATGATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

687-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATGATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

687-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATGATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

687-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATGATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

351-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

351-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

351-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

351-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

356-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

360-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

360-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

360-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

365-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

374-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

374-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

374-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

374-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

769-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

769-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

769-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

769-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

776-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

776-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

776-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTTAAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

776-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

131-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

131-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

131-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

239-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

239-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGTATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

239-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

386-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

386-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

386-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

406-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

406-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

406-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

413-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

413-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

413-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

417-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

417-2

ATGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

417-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

420-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

420-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

420-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

237-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

237-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

237-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

430-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

430-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

430-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

432-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

432-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

432-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

481-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

481-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

481-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

485-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

485-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

485-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

502-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

502-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

502-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

755-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

755-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

755-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

780-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

780-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

780-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

531-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

531-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATCTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

531-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

531-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA



531-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

542-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

542-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

542-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

542-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

542-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

575-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

575-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

575-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

609-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

609-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

183-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

183-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

183-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

626-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAGTTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

626-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

626-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

626-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

634-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

652-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

652-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

652-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

652-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

656-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

656-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

656-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

656-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

662-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

662-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

662-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

662-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

553-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

553-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

553-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

661-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

661-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

667-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

667-4

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

667-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

670-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAA AATTTTAACTT  
GAAAATGA

670-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

671-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

671-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

671-5

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

673-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

673-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

673-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

677-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

677-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

677-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAGTTTAAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTTAACTT  
GAAAATGA

679-1

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

679-2

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA

679-3

GTGCCACAAATATCCCCAATAAATTGAATAATATTAATATTTATATTTACAA  
TAATTTTAATTATATGCATTTCTTTAATGTATTTTATTTATCTACCCAATAAT  
AAGTTATTAACAAATATTA AAAATCAAACAAAATTACCAAATTTTAACTT  
GAAAATGA



**EK-2**  
**AFLP Matriks Verisi**

302-1  
00111110110000010001100010000000001101000000000010010000000000101  
302-2  
0011111011000001000100111010000000000110011000001000010000000000101  
302-3  
0111101010010000100111010100010010000010111000110100000110100010111  
302-4  
011111111000000111000001000101101000111011000000000000000000100001  
302-5  
0111011000010010100111000101101010110000111011011100011011000001101  
320-1  
0111111110100010000110100100010100001001000000100000000010000000001  
320-2  
0111111110000000100011000111000010001001011010000000000010000000001  
320-3  
0111011100110010100110000110100110110001011011010000001101100010101  
320-4  
0111111110100001000000001110100010100111000000111000101010110000101  
320-5  
0111011100110010100110000110100110110001011011000000101010110000101  
384-1  
0111110101010100100010101100001010110010101011100000001001000010111  
384-2  
0101110101010000010010110100001010110010101010100000010101000000111  
384-3  
0101110101000100001110010110001110101101011010101000010100100000111  
384-4  
0101110101010100000010101100001010101100101011100000001001000010111  
306-1  
0111110111010100000110000110101010101101001010100000000100100000101  
306-2  
0101110111100100000101000110100110101001011011100000000001000001101  
306-3  
0101100111110000100110000101010110110101011010100000010000000000001  
311-1  
0111110111010000100111000111010100101110110010001000010000000000101  
311-2  
0111110111100000100011000111010100101110110010001000000000000000101  
311-3  
01111001111100000001110011101010010001110010000000000000000000101  
311-4  
0111110111010000100111000111010100101110110010001000010000000000001  
314-1  
0111110111110000100010000100110100100101011010101001010010000100101  
314-2  
0111101111001000100110000100110100000111010000000000010010100000101





339-1  
0111101111010000000110000111110000110110011011001000011001000000101  
339-2  
011111111001000001001000010000000010010001001010000000000001000101  
339-3  
0100101101110000010011100111110010000100011010101000000001001000101  
339-4  
0111101111010000000110000111110000110110011011001000011001000000101  
341-1  
011111011100100100111000101011010100100011010111000010110100000111  
341-2  
011111011100100100111000101011010100100011010111000010110100000111  
341-3  
011111011100101100111000101011010100100011010111000010111100000111  
341-4  
0101101110001100010111010011011010100111011010111100011001101000001  
341-5  
011111000110000100110010101001010000010011011011000011110100010111  
345-1  
0101101111000000100000000000100010100100110010000000000001000000001  
345-2  
0101101110000000100001000100000010000100010010000000000000000000100  
345-3  
011111101110110010011000101000010100010010011000000010000000000011  
345-4  
011111000111000100011000110100010001100011010110000010001000000111  
687-1  
0101111101011110100110000101000110110110011011010000010000000001111  
687-2  
0101101101001000100111000111000010000000011010000000010000000000010  
687-3  
011111111110100010001001010011110010000000001000000001000000000001  
687-4  
0101111101011110100110000101000110110110011011010000010000000001111  
138-1  
011111110110100001101000011101001010000001001000000001000100001001  
138-2  
0111110111110011011011001110011110111010011010010100110011100111001  
138-3  
0111001111101000100011000101010010110100011010000000010011000001001  
138-4  
01111101110000100110100001110100101000000100100000000101110000001  
356-1  
0110110111011000100111000101001010111110011010010000010000000101001  
351-1  
0111101011100000100110100011010011000011010000100000010100000001111  
351-2  
0111101010100000100110001101011011000111011000010000010101100001010  
351-3  
0111101001110000100110000111110010001110111000000100010010100001010

351-4  
0111101001110010100011000101010100001010011000000100010010100001010  
351-5  
0111101001010010100110010101101110000011011000010000010010100000010  
769-1  
0111110101100010100111010011001110111011011011110000111111000101001  
769-2  
0110110111101110100011110111001010111011011010110000001011000011001  
769-3  
0110101110111100110111100111101110110010110010011000010011010011001  
769-4  
0111111110011100000010000101000010110010011010111100011011100010101  
769-5  
0100111110000000001111100000001010100101010010011000000100100100101  
776-1  
0100111110000000010111000111001010100111010010010000000101000000101  
776-2  
0101101011100000111111000101010010110010011011000000000101000001001  
776-3  
0111111111111100100110010101100010110011110000011100000101001001001  
776-4  
0100111110000000001111000111000110101010010010100000000011100000101  
360-1  
011111111100010100111100101100010100100011010011101000101000000101  
360-2  
01111111110000010011001011010001010000111101110010001010000000001  
360-3  
011111111100000100111000101101110101100011010011001000101110001101  
365-1  
0101110111010110100111000010101010100101011010010000010001000000001  
374-1  
0101110111001000010110000101001010111000011011001000000001000101101  
374-2  
0101110111001010101110011111000010110110010010011000100101000101111  
374-3  
0111110101111010100111010110101000110100010011011010011000000010101  
374-4  
010111000111001010001000010000101011100011101100100000000000100111  
386-1  
0111100111000000100111010100101010110010011010011001010101010001101  
386-2  
0111100111101010011010000101100110111100111001110100001110010000111  
386-3  
0111100101110000100111010101001010111010011010011000101011110000111  
386-4  
0111100101110100010010000101001010110100111011100000010100010000111  
386-5  
011111011110010010010000111000110110000111011100000011000100010111  
406-1  
0101111110001000100010000010111010110011011010110000011010100000111

406-2  
0011111110001000100010000010101010110000110000110000000010000000111  
406-3  
0111101110001010001101101010101010100110001001101000010101100001110  
406-4  
0101101010100000100010000110100010110100001010111000011010110000111  
406-5  
0111101010001000001011000110000110101000001011110000000101000000111  
131-1  
0101101101110010100110100100110010011000101010100000000001000101001  
131-2  
0101101101110000100010000100010010000100101010110000000001000101000  
131-3  
0101101101110000100110100100001010000100101010100001010001000101001  
131-4  
011100100100001010011000010000001000000011101100000000000100000101  
131-5  
0100101011000000000100000100000010010010001011000000000001000000100  
239-1  
0100101010000000000101000011000001110100000110101000000000000000101  
239-2  
0101101111110001100001100111000010110100001001000000001000000100101  
239-3  
0101101001000001000100000110100011100000001010100100000010000000101  
239-4  
0100101001010000100010000110000010111100011010101000000010000100101  
239-5  
0101101010000010000000000111001010110000011010010100000010000000101  
413-1  
01111010011000000000100000000000110111001010010110000001111000000101  
413-2  
0111101001100110000110000101000000111001010010110100001110100000101  
413-3  
0100101001100000100010000101000010101000011010000000000000000000001  
413-4  
01001010100000000001000000000000101111000000100000000000000000000101  
413-5  
0111101010000010000100000010000110011100000000001010001010100000101  
417-1  
0101101101010010100110000101100010110110011101011000001010100000101  
417-2  
0110111101010100110110100101100010111110110011011000010010000000101  
417-3  
0101111101011100110111010101100010110101010001011100000000100000101  
417-4  
0001111111010001100111010110000010110100110010111000000000100000101  
420-1  
0111101011110010000110000101101010110100110010110000000100000000101  
420-2  
01111011111111010111011011101110110110110010111000011111010000101

420-3  
0111101111111111101110110111100110100111100011101100011111010000111  
420-4  
0101111111100100001110110110100110100011000011100001011111010000111  
420-5  
0101111101101000100111000101010110101001011000001000010100100000101  
237-1  
0111101011011111101111110101000010100001111011111100011100100001111  
237-2  
0101101111010010001111010101010010110101011010010100011100100000111  
237-3  
010110101101011000111011010000111010000100001111000000001000000111  
237-4  
0111111011000001001110000101000010100000111101011000011100100001111  
430-1  
0111111101010000100110000011011010101110011010010100010100100010010  
430-2  
01111110011100001000100000000001010100100011000000001000100101000001  
430-3  
0111111101100000100110101101010000001001011000100001001010100000001  
430-4  
0101101000001000010110000100001110100000011010110000010101000000010  
430-5  
0111111000110000000010101111010110110000011011110000000100000001001  
432-1  
0100111110001100100111000101101110111100001011100000011110000000101  
432-2  
0110111110001100100111101011101100110011001011010100010001100001101  
432-3  
0011111010001100111010000111011110110010001000110100011110000001111  
432-4  
00111111100110111111111000110101110110110010001101000011110000000101  
432-5  
0001111010001101011011000111001110110101011001101000010000000000101  
780-1  
0100111000111000101010000000001010101110010010100100010010000011101  
780-2  
0100111000101000000010000000001010101111110010100100010010001011101  
780-3  
0101101000101010000010000000001010101110010010100000010110001001101  
780-4  
010110101100111000101001001100001011000111101100010100000000100001  
755-1  
0101101111110010001110001111101110111011100011000000011110110000111  
755-2  
0101101011111100001110111011001110110001100011000100101101110010111  
755-3  
0110101101000100001110000110101010001000011010100000011101000000101  
755-4  
0101101011000110001110010011000110110001111011000101010100101100111

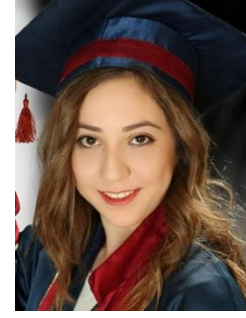
481-1  
0101101011001100001110011011001110110110001011110000010010000001111  
481-2  
0101101101110000100110001001101010100011110010100100010010000000001  
481-3  
0101101101110000100110000101101010110111111010100100010010000001001  
481-4  
010110111100010000111001011111110110010011010100000011100100001111  
481-5  
011101100011000010011000000000011000011001100000000000100000000001  
234-1  
0101101011000000101111000110011110110011111010000010010101010001101  
234-2  
0101101101110000100110000101101010110111111010100100010010000001001  
234-3  
011101100011000010011000000000011000011001100000000000100000000001  
234-4  
0101101001000000101010000011010010100010011010100110010101010000101  
234-5  
0101101011000100001110010011010110110111111011010101010101011001101  
485-1  
0101101011000000101111000110011110110011111010000010010101010001101  
485-2  
0101101011000000101011000110010010010111111010011110010101010001101  
485-3  
0101101011000100001110010011010110110111111011010101010101011001101  
485-4  
0101101001000000100010000011010010011100111010100110010101010000101  
485-5  
0101101001000000101010000011010010100010011010100110010101010000101  
502-1  
0101111010000010111110001001110110100011111010111100010101010000101  
502-2  
0101111010000010011011011111111010101011111010000100000000000000101  
502-3  
0101111010000010011010001111111010101011111010111100010100010000111  
504-1  
01111111100000000000000100100000010100000011010110000000101000001101  
531-1  
0111111001100010100110000101000010100001011010101000000000111010101  
531-2  
0111111001100010100110000101000010110001011010101000000000111011101  
531-3  
0111101001000000100100011000000000101101011010001000010001101000101  
531-4  
0111101001000000000011001110000110000010101111100100000000000000001  
531-5  
0110111001001011111111000010001101101101111110001001001000010001101  
542-1  
010111111011111110110000011100001011000011101000000000010000001101

542-2  
0101111110111111111110011101100010100101001011010000101001010000101  
542-3  
01011111000111101111100010111001101001001110100000000010000001101  
542-4  
0110111011000011111111110111110011111011110001001001001001100001101  
542-5  
0101111101101001010111000101000000111101010011010010000100000001101  
575-1  
0111111101100000001011000101000010100100001101010000001011000000101  
575-2  
0111111101100001100011000100110010100100011010010000010000100000101  
575-3  
0101111111010100000110000101000001010000011110010000000001000000101  
609-1  
0101101101110000100010000101010010110100011010101000001000100001101  
609-2  
0101101101110010100010000101000010100001110010101010011000100000101  
183-1  
0101111101010000000110000101000010101010111010100000010000100000101  
183-2  
101111111111100011110011110000111110000110000100000010000000000101  
183-3  
0011101111100010000110001010000111110000110100011110010010000000101  
626-1  
011111111101100000110110101101110110101011011011110000010110000001  
626-2  
0111001011100100000111110101101010010110011001111100001001000000001  
626-3  
0111111110001000000100000101011100000000011000100000000000000010101  
626-4  
0111111010000000011111000100000100100100011010101000010101000000111  
634-1  
01111011111000010000110001000010101001100110100000000000000110001101  
652-1  
0111101110010000100110000110101010101001111011011000001000000000101  
652-2  
0101101110010000100010000110101010101001000010010000000101010000101  
652-3  
010110111001000010001000011010101010100100000000000000000001000001101  
652-4  
011110111001000010001000011010101010100111100000000000000001000001101  
652-5  
0111101110010000100110000110101010101001111000011000001000000000101  
656-1  
0111111011100100101111010100101110110001001011100000010001010010101  
656-2  
011111111100100100011110101101010110100011010001000010000000000101  
656-3  
0111111011100100100111010101101010110001001001000100000000000101

656-4  
01111111110010010001111010110101011010001101000100001000000000101  
662-1  
0101101011101100001110001111100110110011011011111000111101110111101  
662-2  
010111101110110010000101010111011010001011101111100000000000000111  
662-3  
011111111111100001110001110000110110110011011111001010111000001111  
662-4  
0101101011111100001101010101110110110110011011111000011101000001111  
662-5  
0101101011101100001110001101110110110011011011111000011101110001111  
661-1  
011111111111110100001011101011010101110010010001000001000100001101  
661-2  
0111101111011110100111111101100110100110110011001010110111101010101  
667-1  
0101001011000010001010001011100110101011010100100110101111100000101  
667-2  
0101001011000010001010001011100110101011010100100110101111100000101  
667-3  
0101101011000000011110001110100010111010111011110000010101100000101  
667-4  
0111101111111100111110011111011010110010011011111000110110101000101  
667-5  
0111101111111100011110000110010010101110111010101000110010101010111  
670-1  
0101101001010000001111001101011010001011000010101010110010100000101  
670-2  
0101101011111100011111011011001110100111011011110010100110000000111  
677-1  
0111111011100100100010000101101110110010011010000010011000000001101  
677-2  
0111111011100100100010000101010010110000011010111000011000000000111  
677-3  
0111111011100100100010000110010110110100011010101000010000001000111  
671-1  
0101101011111010001111011111001110110001011011000100111111100010001  
671-2  
0101111101110101001010000111010010110111010010111000011110100101001  
671-3  
0111111011110010100111010000001110111110010010000000010110100000111  
671-4  
0101101011110100000010000110010010110100011110111000011101000010111  
671-5  
0101101001011100011100001011100010110100111010011110010111010010111  
553-1  
0111101110110100100111000101011010110110011011001000010101000010111  
553-2  
0111111111110000010110000101110010110111011010101000011010100001111

553-3  
011111111011110001110111101110110001010111011101010011101010011111  
553-4  
011111111011110001110111101101110100110010011110010011101010000101  
553-5  
01111110111100011110011101110010100110011010101000011101010000111  
673-1  
0101101011100010010110100100110010110100011010111000001110100000111  
673-2  
0111101011011100001111001111001110110001111010100100010000000000101  
673-3  
0101100101100100010110000111011010110011010011011000001100100001101  
673-4  
0110101011000000010110000111010000110110100110010000000000000001101  
673-5  
0111101011101100011110010111001110110010011000111000110110100000101  
679-1  
0111101111101100001110110111001110110100011010111000010100100000111  
679-2  
0111100111110110001110010101101110101100011010111000010100100000111  
679-3  
011110111110101001111001111101110010111001011111010010110110001111  
679-4  
0111100101100000011010001111010010111100011010110000010010000001101  
682-1  
0101101110000100100010000100111101110100011010111000011100100000111





## ÖZGEÇMİŞ

### Kişisel bilgiler

Adı Soyadı	Berşan Seçil DUREL
Doğum Yeri ve Tarihi	Antakya, 24.02.1990
Medeni Hali	Bekar
Yabancı Dil	İngilizce
İletişim Adresi	Cumhuriyet Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, 58140 Sivas
E-posta Adresi	bersan.s.durel@gmail.com

### Eğitim ve Akademik Durumu

Lise	Antakya Lisesi (YDA), 2007
Lisans	Cumhuriyet Üniversitesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, 2012
Yüksek Lisans	Cumhuriyet Üniversitesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik A.B.D., 2016

### Kongreler ve Bildiriler

Ulusal	22. Ulusal Biyoloji Kongresi (2014)-Eskişehir, III. Taksonomi Yaz Okulu (2015)-Sivas, Evrimsel Genombilim Kış Okulu (2016)-Ankara
Uluslararası	Effect of altitude-related ecological factors on mitochondrial <i>ND6</i> and <i>ATP8</i> genes in Anatolian <i>Cephus pygmeus</i> (Cephidae, Hymenoptera) populations (Poster), 3. Ecology and Evolutionary Biology Symposium (2016)-Ankara.