

Bazı Omurgasız Türlerinin Moleküler Sistemik Açından Değerlendirilmesi

Molecular Systematic Evaluation Of Some Invertebrate Species

Mehmet Ali KIRPIK¹, Yağmur YILDIZ²

Öz:

Sistemik çalışmalarda taksonlar arasındaki benzerlik ve farklılıkların tam olarak ifade edilebilmesi gerekmektedir. Moleküler biyoloji ve bu alanda kullanılan bir çok tekniğin hızlı bir şekilde ilerlemesi ile birlikte, türler ve populasyonlar arasındaki çeşitliliğin belirlenmesinde yeni veriler elde edilmiştir. Moleküler teknikler kullanılarak elde edilen bu veriler sayesinde canlılar arasındaki moleküler düzeydeki farklılıklar daha net olarak ifade edilmeye başlanmıştır. Türlerin ve populasyonların doğal olarak korunması ancak genetik çeşitliliğin korunmasıyla sağlanabilmektedir. Sistemik çalışmalarda son derece önemli olan moleküler veriler, çeşitli genetik markırlara dayanılarak gerçekleştirilmektedir. Bu genetik markırlar çeşitli morfolojik karakterler kullanılarak birbirinden ayrılması güç olan türlerin teşhisindeki çalışmalara katkı sağlamaktadır. Türlerin veya taksonların genomlarındaki belirli bölgelerin nükleotid farklılıklarının hesaplanmasıyla filogenetik olarak karşılaştırma yapılabilir ve bu sayede filogenetik ağaçlar oluşturulabilir. Bu yolla oluşturulan filogenetik ağaçların dal uzunlukları hesaplanarak türlerin ne kadar zaman önce farklılaştıkları tahmin edilebildiği gibi türler arasındaki evrimsel ilişkileri zamansal olarak tahmin etmekte mümkündür. Aynı zamanda moleküler teknikler kullanarak türleşme ve türleşmeye neden olan evrimsel süreçler ve bu süreçlerin işleyişi hakkında önemli veriler elde edilmektedir. Burada omurgasızlar için tür tespitinde teşhisin güç olduğu durumlar da göz önünde bulundurularak, moleküler sistemik yöntemlerle yapılmış çalışmalardan elde edilen veriler özetlenmiştir.

Anahtar sözcükler: Omurgasızlar, moleküler sistemik, taksonomi, filogeni.

¹ Kafkas Üniversitesi, Fen-Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Kars-Türkiye, Sorumlu yazar e-posta: kirpik80@hotmail.com

² Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Kars-Türkiye

Abstract:

In systematic studies, similarities and differences between the taxa should be fully expressed. With the rapid progress of molecular biology and many techniques used in this area, new data has been obtained in determining the diversity between species and populations. Thanks to this data that was obtained using molecular techniques has begun to show more clear information about the differences in the molecular levels between the living things. Natural protection of species and populations can only be achieved by conserving genetic diversity. Molecular data, which is extremely important in systematic studies, is based on a variety of genetic markers. Genetic markers contribute to the identification of species that are difficult to distinguish from one another using a variety of morphological characters. Phylogenetic comparison can be made by calculating nucleotide differences in specific regions of genomes of species or taxa, and phylogenetic trees can be created on this basis. By calculating the branch lengths of the phylogenetic trees formed in this way, it can be estimated how long ago the species differed and it is possible to predict the evolutionary relationships between species in a timely manner. At the same time, important data are obtained about the evolutionary processes causing the speciation and speciation by using molecular techniques and the functioning of these processes. The data obtained from the studies made with molecular systematic methods are summarized, taking into consideration the cases about the identification of the species for invertebrates is difficult.

Keywords: Invertebrates, molecular systematic, taxonomy, phylogeny.

Giriş

Ekosistemlerin dengede kalabilmesi için omurgasız hayvanların rolü büyüktür. Türkiye farklı ekosistemlere sahip olması nedeniyle omurgasız hayvanlardaki genetik çeşitlilik fazladır. Bu genetik çeşitliliğin tam anlamıyla ortaya çıkarılabilmesi için çalışmalar devam etmektedir. Ülkemiz yaklaşık olarak 60.000-80.000 civarında omurgasız hayvana ve farklı ekosistemler nedeniyle birçok endemik türe ev sahipliği yapmaktadır. Bunların bir kısmı tanımlanmış olmakla beraber, bu canlıların büyük bir bölümünü böcekler oluşturmaktadır. Türkiye denizlerine bakıldığında ise yaklaşık 700'e yakın omurgasız türü bulunmakla birlikte; sünger, mercan, tıbbi sülük gibi ekonomik öneme sahip 57 omurgasız hayvan türünü barındırmaktadır (Doğan ve diğ., 2007). Moleküler teknikler gelişmeden önce morfolojik olarak birbirine benzer türlerin ayrımını yapmak oldukça güçtü ve deneyim gerektiriyordu. Teknolojinin ilerlemesiyle birlikte teşhisi zor olan türlerin ayrımının yapılabilmesi mümkün olmuştur (Ergüden, 2007).

Omurgasız hayvanların evrimini anlamak için bu zamana kadar çeşitli sistemik çalışmalar morfolojik belirteçler yardımıyla yapılmakla birlikte (Ikawa et al., 2007; Solodovnikov ve Schomann, 2009; Weide et al., 2010) günümüzde bu çalışmaları destekleyen nitelikte moleküler çalışmalarda eklenmiştir (Brown ve Doolittle, 1995; Nagel ve Doolittle, 1995; Brown et al., 1997; Behura, 2006; Chatzimanolis et al., 2010; Elven et al., 2010;). Canlıları sistemik kategorilere ayırabilmek adına DNA ve protein markörleri kullanılabilir ve bu sayede de taksonlar arasındaki ilişki net şekilde ortaya konmaktadır. (Sato et al., 2009). DNA teknolojisi kullanılmaya başlanmadan önce tür içi ve türler arası genetik varyasyon araştırmalarında moleküler markörlerden biri olan proteinler için allozim elektroforezi kullanılmaktaydı (Richardson et al., 1986; Kimani-Njogu et al., 1998; Atanassova et al., 1998). Allozim ve izozimler ile elde edilen allel frekansları ile türler arası ya da bir türün farklı popülasyonları arasındaki genetik uzaklık hesaplanarak popülasyon genetiği çalışmalarında kullanılmıştır. Günümüze kadar birçok araştırma tarafından allozim ve izozim enzimleri kullanılarak türler arasındaki genetik varyasyon belirlenmiştir (Cameron et al., 1984; Pintureau, 1993, Kandemir ve Kence, 1995; Kandemir et al., 2000, Loxdale ve Brookes (1990, Pinto et al., 1993, 2003; Pintureau, 1993; Burks ve Pinto, 2002; Sheppard 1988; Kandemir ve Kence, 1995; Kandemir et al., 2000).

DNA markörleri sayesinde türler arasındaki farklılıklar DNA seviyesinde belirlenebilmektedir. Oluşan farklılıklar genomdaki sadece bir bölgede ise bu alel olarak isimlendirilir. Bu olay popülasyonlar arasındaki farklılığı DNA seviyesinde göstererek ayırt edilmesi zor olan türlerin ayırt edilmesinde kolaylık sağlar (Gülşen ve Mutlu 2005). Mitokondrial genler nispeten hızlı bir şekilde gelişmektedir (Avisé, 2009) ve organizmalarındaki genetik bağlantıyı ve gen akışını değerlendirmek için kullanılmaktadır (Song vd., 2008; Avisé, 2009). En çok kullanılan mitokondriyel markörler arasında sitokrom oksidaz I (COI) ve 16S rDNA (16S) yer alırken, bazı çalışmalarda sitokrom B (CytB) gibi gen lokuslarında kullanılmıştır (Baird et al., 2011).

Mitokondriyal genler, esas itibarıyla, sıfır rekombinasyona izin veren maternal kalıtım nedeniyle faydalıdır ve bu nedenle hayvan popülasyonlarında gözlenen özel genetik çeşitlilik için mutasyonların tek başına hesaba katılmasını sağlar (Avisé, 2009). Buna ek olarak, genetik barkod olarak da bilinen COI işaretleyicisinin evrenselliği genetik çeşitlilik, gen akışı ve bu nedenle türleşme kalıplarının değerlendirilmesi için güçlü bir araç sağlamaktadır (Folmer et al.; 1994). Sistemik çalışmalarda kullanılan yöntemlerden birisi olan restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi (RFLP) keşfedilen ilk DNA markörlerinden biridir ve

restriksiyon endonukleazlar tarafından farklı uzunluktaki DNA fragmanlarının incelenmesi esasına dayanmaktadır (Hoy, 2003).

Oniscidean izopodları, kara canlılarına adapte edilmiş en farklı ve başarılı kabuklular grubudur. Oniscideanlar, ıslak tropikal habitatlardan sıcak çöllerde, deniz seviyesinden yüksek rakımlara kadar değişen geniş karasal ortamlarda ortaya çıkar (Hornung, 2011). Bazı türler su yaşam alanlarına uyarlanmıştır ve yeraltı su sistemlerinde, mağaralarda ve tuz göllerinde yaşamaktadır (Hornung, 2011). İzopodlar arasındaki filogenetik ilişkilerin yeniden yapılandırılması için LSU rRNA (28S) ve SSU rRNA (18S) genleri yaygın olarak kullanılmaktadır (Wägele et al., 2003; Osborn, 2008). Lysyl-tRNA Synthetase (LysRS) geni de dahil olmak üzere aminoasit-tRNA sentetazları (aaRS'ler), çeşitli araştırmalarda filogenetik ilişkilerin yeniden yapılandırılması için kullanılmıştır (Brown ve Doolittle, 1995; Nagel ve Doolittle, 1995; Brown et al., 1997).

Bu çalışmanın amacı, orta Batı Avustralya'nın kalkerleri ile ilişkili oniscidea izopod türlerinin çeşitliliği, filogenetik ilişkileri ve dağılım modellerini hem mitokondriyal hem de nükleer genleri içeren çoklu bir gen yaklaşımı kullanarak araştırılmıştır. Çalışmada bu faunanın çeşitliliğini ve evrimini mitokondriyal gen bölgeleri olan sitokrom C oksidaz altbirimi I (COI), iki ribozomal RNA geni (28S ve 18S) ve bir protein kodlayan nükleer gen olan Lysyl-tRNA Sentetaz (LysRS) lokusları değerlendirilmiştir. Dört oniscidean familyasına ait Paraplatyarthridae, Armadillidae, Stenoniscidae ve Philosciidae türlerindeki 12 kalkerden elde edilen sonucun 36 farklı DNA bölgesi bulunduğu sonucuna varılmıştır (Javidkar vd 2016).

Yumuşakçalar sayısız aileden oluşan, geniş bir şekilde temsil edilen bir hayvan grubudur. Bunlardan en önemlisi bivalvler ve gastropodlardır. Midye, istiridye ve istiridye şu anda birkaç ülkede yetiştirildiği ve dünya genelinde bir gıda maddesi olarak kullanıldığı gastropodların nörofizyologlar ve parazitologlar için de önemli olduğu kanıtlanmış olsa da, bu modellerin çıkarları ekonomik açıdan kök salmaktadır (Smith et al., 2016).

Deney materyali olarak Gastropod türü kullanılarak yapılan çalışmada; Antalya ili civarında istilacı özellik gösteren türün moleküler sistematik açıdan incelenmesini mtDNA'nın COI gen lokusu ile değerlendirilmiştir. Çalışmanın bulgularına bakıldığında bulunan örneklerin, *Xeropicta derbentina* türüne benzemesine rağmen, çalışma verilerinden elde edilen sonuçlar doğrultusunda oluşturulan filogenetik ağaç incelendiğinde, *X. derbentina* türü ile farklı dallarda yer aldığı sonucuna varılmıştır. Elde edilen sonuçlar doğrultusunda; çalışılan salyangoz türünün, morfolojik çalışmalar da yapıldıktan sonra yeni bir tür olarak kabul edilebileceği yorumu yapılmıştır (Mutlu vd., 2015).

Yapılan bir diğer çalışmada, Kaliforniya-Nevada da bulunan Ölü Vadi Sistemindeki 14 endemik tatlı su salyangozu (Hydrobiidae: *Pyrgulopsis*) türünden 13 tanesine ait 80 populasyon 2 mitokondrial DNA gen bölgesi ile filogenetik olarak değerlendirilmiştir. Moleküler saat verileri değerlendirilerek bu türlerin evrimsel oluşum süreçlerini ve aynı zamanda da göllerin evrimsel süreçteki meydana gelişleri ile ilgili yorum yapılmıştır (Hershler ve Liu, 2008).

Bir başka araştırmacı tarafından, Ohrid Gölünde bulunan çeşitli canlı türleri morfolojik ve moleküler karakterleri bakımından değerlendirilmiştir. Araştırma verilerinden elde edilen sonuçlara bakıldığında göl içerisinde yaşayan 72 Gastropoda türü bulunduğu ve bunlardan 56 tanesi endemik olduğu gözlenmiştir. Aynı zamanda gölde yaşayan bazı türler mitokondrial DNA sekans analizi yoluyla filogenetik olarak karşılaştırılmıştır (Albrecht ve Wilke, 2008).

Yapılan bir diğer çalışmada Burdur, Yarışlı ve Acıgöl'ün sedimentlerinde yapılan araştırmada, göllerin eski durumları ve bağlantıları hakkında bazı sonuçlara varmıştır. Yine aynı araştırmacı tarafından yapılan bir diğer araştırmada bazı kaynaklardan alınan *Graecoanatolica* cinsine ait örneklerin farklı türler değil, aynı türün alttürleri olduğunu düşündüğünü belirtmiştir. Yapılan çalışmalar neticesinde bahsi geçen cinse ait tür ve alt türlerin ayrımının yapılmasında zorluklar olduğu sonucuna varılmıştır. Bu da *Graecoanatolica* cinsinin türlerinin birbirlerinden ayırt edilebilmesi için moleküler sistematik markörlerin kullanılması gerekliliğini getirmektedir (Schütt, 1990; Koca, 2007).

Gastropoda sınıfına ait türlerle yapılan bir diğer moleküler sistematik çalışmaya bakıldığında bu sınıfa ait 5 alt sınıf karşılaştırmışlardır. Yapılan çalışmada sitokrom c oksidaz I gen bölgesi değerlendirilmiş olup, çalışma sonucunda bu gen bölgesinin sınıflandırmanın yanı sıra evrimsel süreçteki değişimlerin değerlendirilmesi için uygun bir gen bölgesi olduğu yorumu yapılmıştır. Buna ek olarak tür düzeyinde meydana gelen değişimlerin sitokrom c oksidaz I gen bölgesi incelenerek ortaya çıkarılabileceği belirtilerek, bu bölgeye ait sekansı kullanarak filogenetik ağaç oluşturulmuştur (Remigio ve Hebert; 2003).

Caenogastropoda grubuna ait 29 tür ve 7 farklı tür arasındaki ilişkiyi belirlemek amacıyla 18S rRNA, 28S rRNA, 12S rRNA ve COI gen bölgelerini kullanılarak filogenetik analiz gerçekleştirilmiştir. Çalışmadan elde edilen bulgular neticesinde maksimum parsimony, maksimum likelihood ve Bayesian analizi yapılarak filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Yukarıda bahsi geçen gruplar arasında morfolojik sınıflandırmanın moleküler filogenetik sonuçlarla yüksek oranda uyduğu sonucuna varılmıştır (Colgan vd; 2007).

Daphniola cinsine ait türlerin morfolojik özelliklerini tespit etmeye yönelik yapılan çalışmada aynı zamanda moleküler markörlerden olan mtDNA COI gen bölgesi de kullanarak türler

arasındaki benzerlik oranlarını değerlendirmişlerdir. Araştırma sonuçlarına bakıldığında kabuk özellikleri açısından en büyük farklılığı *D. exigua* türüne ait örneklerin gösterdiği tespit edilmiştir. COI gen bölgesi ile değerlendirilen benzerlik karşılaştırmasında türlerin kendi aralarında ve diğer türlerle farklılık gösterdiği tespit edilmiştir (Falniowski vd; 2007).

Farklı araştırmacılar tarafından *Roboastrea europaea* (Gastropoda: Opisthobranchia) türüne ait mitokondrial DNA için sekans analizi yapılarak şube içerisindeki farklı familyalar arasında karşılaştırma yapılmıştır. Çalışma sonuçları değerlendirildiğinde *Obisthobranchia* ve *Pulmonata* familyaları arasında benzer bir genom yapısına sahip olduğu görülmüştür. Sadece trnC gen bölgesinde bazı farklılık bulunduğu tespit edilmiştir (Grande vd; 2002).

Cirripedes içerisindeki, *Balanomorfa* alt takımı birçok deniz topluluğunun en kalabalık grubudur ve en önemli deniz kabukluları arasında yer alır. Paradoksal olarak, 150 yılı aşkın süredir kapsamlı çalışılmasına rağmen, evrimsel ilişkileri halen çözülmüştür (Pérez-Losada vd 2014).

Balanomorfa alt takımı içerisindeki süper familyalar farklı araştırmacılar tarafından morfolojik olarak değerlendirilmiştir (Newman ve Ross; 1976), Newman; 1996, Martin ve Davis; 2001, Worms Register of Marine Species; 2014). Morfolojik çalışmalarda karışıklıkların giderilmesi amacıyla yapılan çalışmada, *Balanomorfa* alt takımı içindeki ilişkiler 156 örnek, 10 fosil kalibrasyon, altı temel morfolojik karakter ve beş gen lokusu baz alınarak filogenetik ağaç oluşturularak akrabalık dereceleri tekrardan gözden geçirilmiştir (Pérez-Losada vd 2014).

Morfolojik çalışmalardan elde edilen verilerin bu canlı grubundaki türlerin ayırımında yetersiz kalınması nedeniyle *Balanomorfa* alt takımı ile ilgili çok sayıda araştırmacı tarafından moleküler markörler kullanılarak araştırmalar yapılmıştır (Linse et al., 2013; Pérez-Losada et al., 2008, 2004; Rees et al., 2014, Hayashi et al., 2013; Malay ve Michonneau, 2014; Pérez-Losada et al., 2012; Simon-Blecher et al., 2007; Tsang et al., 2014; Wares et al., 2009).

Antarktika deniz yumuşakçalarının genetik çeşitlilikleri belirleyebilmek adına yapılan bazı çalışmalar yapılmıştır. Özellikle, *Austrodoris kerguelensis* ve *Lissarca notorcadensis*'teki mitokondriyal genlerin moleküler analizi, yeni şifrelenmiş moleküler soyları işaret etmiştir (Linse et al., 2007; Wilson et al., 2009). Mitokondriyal markırlara ek olarak, nükleer genlerde mitokondriyal genlerin çözünürlüğünü arttırmak veya hayvanlardaki paternal kalıpları keşfetmek için kullanılır (Hare, 2001). Antartikada bulunan bazı omurgasız türlerinde ribozomal genler (18S ve 28S rDNA), ITS1, ITS2, ve mikro-satellit de dahil olmak üzere bir dizi belirteç uygulanmıştır. Aynı zamanda burada bulunan organizmaların teşhisi üzerine

yapılan çalışmalarda çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi (AFLP) teknikleri kullanılmıştır (Hoffman ve ark., 2011, 2012).

Sonuç olarak bu çalışmada gözden geçirilen raporlar doğrultusunda, yapılan morfolojik çalışmalara moleküler verilerin de eklenmesiyle sistematikteki akrabalık derecelerine yeni yorumlar getirilebilir. Literatürel değerlendirmeler sonucunda elde edilen bu sonuçlar, aynı zamanda yeni eklenen türlerle beraber dünyamızın biyoçeşitliliğine dair tahminler bağlamında yeni bakış açıları sağlanabileceğini göstermektedir.

Kaynaklar

- Albrecht, C. ve Wilke, T. 2008. Ancient Lake Ohrid: biodiversity and evolution. *Hydrobiologia*, 615, 103–140.
- Atanassova, P., C. P. Brookes, H. D. Loxdale & L. Powell, 1998. Electrophoretic study of five aphid parasitoid species of the genus *Aphidius* (Hymenoptera: Braconidae), including evidence for reproductively isolated sympatric populations and cryptic species. *Bulletin of Entomological Research*, 88: 3–13.
- Avise, J.C., 2009. Phylogeography: retrospect and prospect. *J. Biogeogr.* 36 (1), 3–15.
- Baird, H.P., Miller, K.J., Stark, J.S., 2012. Genetic population structure in the Antarctic benthos: insights from the widespread amphipod. *Orchomenella franklini*. *PLoS One* 7 (3) e34363.
- Behura, K. S., 2006. Molecular marker systems in insects: current trends and future avenues. *Molecular Ecology* 15: 3087-3113.
- Brown, J.R., Doolittle, W.F., 1995. Root of the universal tree based on ancient aminoacyl-tRNA synthetase gene duplications. *Proc. Natl. Acad. Sci-Biol. USA* 92, 2441–2445.
- Brown, J.R., Robb, F.T., Weiss, R., Doolittle, W.F., 1997. Evidence for the early divergence of tryptophanyl and tyrosyl-tRNA synthetases. *J. Mol. Evol.* 45, 9–16.
- Burks, R. A., Pinto, J. D. 2002. Reproductive and electrophoretic comparisons of *Trichogramma californicum* Nagaraja and *Nagarkatti* with the *T. minutum* complex. *Proceedings of the Entomological Society of Washington*, 104: 33–40.
- Cameron, P. J., Powell, W., Loxdale, H. D., 1984. Reservoirs for *Aphidius ervi* (Hymenoptera: Aphidiidae), a polyphagous parasitoid of cereal aphids (Homoptera: Aphididae). *Bulletin of Entomological Research*, 74: 647- 656.
- Chatzimanolis, S., Cohen, I. M., Schomann, A., Solodovnikov, A., Molecular Phylogeny of the Mega-Diverse Rove Beetle Tribe Staphylinini (Insecta, Coleoptera, Staphylinidae). *Zoologica Scripta*, 39, 5, 436-449, (2010).
- Colgan, D.J., Ponder, W.F., Beacham, E. ve Macaranas, J. 2007. Molecular phylogenetics of Caenogastropoda (Gastropoda: Mollusca). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 42, 717–737.
- Doğan, A., Dağlı, E., Özcan, T., Bakır, K., Ergen, Z., Önen, M., ve Katağan, T. 2007. Türkiye denizlerinde dağılım gösteren ekonomik öneme sahip omurgasızlar. *Türk sucul yaşam dergisi*. 3-5: (5-8), 36-44.
- Elven, H., Bachmann, L. ve Gusarov, V. I., Phylogeny of the Tribe Athetini (Coleoptera: Staphylinidae) Inferred from Mitochondrial and Nuclear Sequence Data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 57, 1, 84-100, (2010).
- Ergüden, D. 2007. Türkiye Denizlerindeki Tirsilerin (*Alosa* Spp.) Moleküler Sistematığı (Doktora Tezi). Çukurova Üniversitesi, TR.

- Falniowski, A., Szarowska, M ve Grzmil, P. 2007. *Daphniola Radoman*, 1973 (Gastropoda: Hydrobiidae): shell biometry, mtDNA, and the Pliocene flooding. *Journal of Natural History*, 41(37–40), 2301–2311.
- Folmer, O., Hoeh, W.R., Black, M.B., Vrijenhoek, R.C., 1994. Conserved primers for PCR amplification of mitochondrial DNA from different invertebrate phyla. *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.* 3, 294–299.
- Grande, C., Templado, J., Cervera, J.L ve Zardoya, R. 2002. The Complete Mitochondrial Genome of the Nudibranch *Roboastra europaea* (Mollusca: Gastropoda) Supports the Monophyly of Opisthobranchs. *Molecular Biology Evolution*, 19(10), 1672–1685.
- Gülşen, O. ve Mutlu, N., 2005. Bitki biliminde kullanılan genetik markırlar ve kullanım alanları. *Alatarım*, 4 (2): 27-37.
- Hare, M.P., 2001. Prospects for nuclear gene phylogeography. *Trends Ecol. Evol.* 16 (12), 700-706.
- Hayashi, R., Chan, B.K., Simon-Blecher, N., Watanabe, H., Guy-Haim, T., Yonezawa, T., Levy, Y., Shuto, T., Achituv, Y., 2013. Phylogenetic position and evolutionary history of the turtle and whale barnacles (Cirripedia: Balanomorpha: Coronuloidea). *Mol. Phylogenet. Evol.* 67, 9–14.
- Hershler, R ve Liu, H.P. 2004. A molecular phylogeny of aquatic gastropods provides a new perspective on biogeographic history of the Snake River Region. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 32, 927–937.
- Hoffman, J.I., Clark, M.S., Amos, W., Peck, L.S., 2012. Widespread amplification of amplified
- Hoffman, J.I., Clarke, A., Linse, K., Peck, L.S., 2011. Effects of brooding and broadcasting reproductive modes on the population genetic structure of two Antarctic gastropod molluscs. *Mar. Biol.* 158 (2), 287–296.
- Hornung, E., 2011. Evolutionary adaptation of oniscidean isopods to terrestrial life: structure, physiology and behavior. *Terr. Arthropod. Rev.* 4, 95–130.
- Hoy, M. A. 2003 *Insect Molecular Genetics*, edition two, Academic Press/Elsevier, San Diego. 560 pp
- Ikawa, T., Onodera, S., Okabe, H., Hoshizaki, S. ve Cheng, L., 2007 Occurrence and Density of *Halobates Micans* (Hemiptera: Gerridae) in the Eastern South Indian Ocean. *Entomological Science*, 10, 2, 213-215.
- Javidkar M, Steven J.B. Cooper , Rachael A. King , William F. Humphreys, Terry Bertozzi, Mark I. Stevens, Andrew D. Austin 2016. Molecular systematics and biodiversity of oniscidean isopods in the groundwater calcretes of central Western Australia, *Molecular Phylogenetics and Evolution* 104 (2016) 83–98.
- Kandemir İ. & Kence A. 1995. Allozyme variation in a central Anatolian honeybee (*Apis mellifera* L.) population. *Apidologie*, 26: 503–510.
- Kandemir, İ., Kence, M. & Kence A. 2000. Genetic and morphometric variation in honeybee (*Apis mellifera* L.) populations of Turkey. *Apidologie*, 31: 343–356.
- Kimani-Njogu, S. K., Overholt, W. A., Woolley, J. B. & Omwega, C. O., 1998. Electrophoretic and phylogenetic analyses of selected allopatric populations of the *Cotesia flavipes* complex (Hymenoptera: Braconidae), parasitoids of cereal stem borers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 26: 285–296.
- Koca, S.B. 2007. Batı Anadolu Rissoacea (Gastropoda, Prosobranchia) Faunasının Belirlenmesi (Doktora Tezi). Süleyman Demirel Üniversitesi, TR.
- Linse, K., Jackson, J.A., Fitzcharles, E., Sands, C.J., Buckeridge, J.S., 2013. Phylogenetic position of Antarctic Scalpelliformes (Crustacea: Cirripedia: Thoracica). *DeepSea Res. Part I – Oceanogr. Res. Papers* 73, 99–116.

- Linse, K., Cope, T., Lörz, A. N., Sands, C., 2007. Is the Scotia Sea a centre of Antarctic marine diversification? Some evidence of cryptic speciation in the circum-Antarctic bivalve *Lissarca notorcadensis* (Arcoidea: Philobryidae). *Polar Biol.* 30 (8), 1059–1068.
- Loxdale, H. D. & Brookes, C. P. 1990 Temporal Genetic Stability Within and Restricted Migration (Gene Flow) Between Local Populations of the Blackberry-Grain Aphid *Sitobion fragariae* in South-East England. *Journal of Animal Ecology*, 59 (2): 497-514
- Malay, M.C.D., Michonneau, F., 2014. Phylogenetics and morphological evolution of coral-dwelling barnacles (Balanomorpha: Pyrgomatidae). *Biol. J. Linn. Soc.* 113, 162–179.
- Martin, J.W., Davis, G.E., 2001. An updated classification of the recent Crustacea. *Nat. Hist. Mus. Los Angeles Cy. Sci. Ser.* 39, 1–124.
- Mutlu AG, Bilginer A, Dükel M, Kebapçı Ü, Çağlan DC, Yıldırım MZ 2015. Antalya Bölgesindeki İstilacı Bir Salyangoz Türünün Moleküler Filogenisi, Mehmet Akif Ersoy Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi 6(1): 31-35 (2015).
- Nagel, G.M., Doolittle, R.F., 1995. Phylogenetic analysis of the aminoacyl-tRNA synthetases. *J. Mol. Evol.* 40, 487–498.
- Newman, W.A., 1996. Sous-Classe des Cirripèdes (Cirripedia Burmeister, 1834). Superordres des Thoraciques et des Acrothoraciques (Thoracica Darwin, 1854 – Acrothoracica Gruvel, 1905). In: Forest, J. (Ed.), *Traité de Zoologie, Tome VII Fasc. II, Crustacés: Generalites (suite) et Systématique (1. parti)*, Masson, Paris, pp. 453–540.
- Newman, W.A., Ross, A., 1976. Revision of the balanomorph barnacles; including a catalog of the species. *Mem. San Diego Soc. Nat. Hist.* 9, 1–108.
- Osborn, K.J., 2008. Relationships within Munnopsidae (Crustacea, Isopoda, Asellota) based on three genes. *Zool. Scr.* 38, 617–635.
- Pérez-Losada M, Høeg JT, Simon-Blecher N, Achituv Y, Jones D, Crandall KA 2014. Molecular phylogeny, systematics and morphological evolution of the acorn barnacles (Thoracica: Sessilia: Balanomorpha), *Molecular Phylogenetics and Evolution* 81: 147–158.
- Pérez-Losada, M., Harp, M., Hoeg, J.T., Achituv, Y., Jones, D., Watanabe, H., Crandall, K.A., 2008. The tempo and mode of barnacle evolution. *Mol. Phylogenet. Evol.* 46, 328–346.
- Pérez-Losada, M., Høeg, J.T., Crandall, K.A., 2004. Unraveling the evolutionary radiation of the Thoracican barnacles using molecular and morphological evidence: a comparison of several divergence time estimation approaches. *Syst. Biol.* 53, 244–264.
- Pérez-Losada, M., Hoeg, J.T., Crandall, K.A., Achituv, Y., 2012. Molecular phylogeny and character evolution of the chthamaloid barnacles (Cirripedia: Thoracica). *Mol. Phylogenet. Evol.* 65, 329–334.
- Pinto, J. D., Platner, G. R. & Sassaman, C. A., 1993. Electrophoretic study of two closely related species of North American *Trichogramma*: *T. pretiosum* and *T. deion* (Hymenoptera: Trichogrammatidae). *Annals of the Entomological Society of America*, 86: 702–709.
- Pinto, J. D., Platner, G. R., Stouthamer, R., 2003. The systematics of the *Trichogramma minutum* species complex (Hymenoptera: Trichogrammatidae), a group of important North American biological control agents: the evidence from reproductive compatibility and allozymes. *Biological Control*, 27: 167–180.
- Pintureau, B., 1993. Enzyme polymorphism in some African, American, and Asiatic *Trichogramma* and *Trichogrammatoidea* species (Hymenoptera: Trichogrammatidae). *Biochemical Systematics and Ecology*, 21: 557–573.

- Rees, D.J., Noever, C., Hoeg, J.T., Ommundsen, A., Glenner, H., 2014. On the origin of a novel parasitic-feeding mode within suspension-feeding barnacles. *Curr. Biol.* 24, 1429–1434.
- Remigio, E.A. ve Hebert, P.D.N. 2003. Testing The Utility of Partial COI Sequences for Phylogenetic Estimates of Gastropod Relationships. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 29, 641–647.
- Richardson, B. J., Baverstock, P. R. & Adams, M., 1986. Allozyme electrophoresis. A handbook for animal systematics and population studies. New York, Academic Press 401 pp.
- Sato, J. J., Wolsan, M., Minami, S., Hosoda, T., Sinaga, M. H., Hiyama, K., Yamaguchi, Y. ve Suzuki, H., Deciphering and Dating the Red Panda's Ancestry and Early Adaptive Radiation of Musteloidea. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 53 (3): 907-922, (2009).
- Schütt, H. 1990. Die pleistozinen Mollusken dreier pisidischer Salzseen. *Mitteilungen der deutschen malakozoologischen Gesellschaft*, 46, 15–24.
- Sheppard, W. S. 1988. Comparative study of enzyme polymorphism in United States and European honeybee (Hymenoptera: Apidae) populations. *Ann. Entomol. Soc. Am.*, 81: 886–889.
- Simon-Blecher, N., Huchon, D., Achituv, Y., 2007. Phylogeny of coral-inhabiting barnacles (Cirripedia; Thoracica; Pyrgomatidae) based on 12S, 16S and 18S rDNA analysis. *Mol. Phylogenet. Evol.* 44, 1333–1341.
- Smith, V., Accorsi, A., Malagoli, D., 2016. Hematopoiesis and hemocytes in molluscan and pancrustacean models. In: Malagoli, D. (Ed.), *The Evolution of the Immune System. Conservation and Diversification*. Academic Press, pp. 1–28.
- Solodovnikov, A. ve Schomann, A., Revised Systematics and Biogeography of ‘Quediina’ of Sub-Saharan Africa: New Phylogenetic Insights into the Rove Beetle Tribe Staphylinini (Coleoptera: Staphylinidae). *Systematic Entomology*, 34, 3, 443-466, (2009).
- Song, H., Buhay, J.E., Whiting, M.F., Crandall, K.A., 2008. Many species in one: DNA barcoding overestimates the number of species when nuclear mitochondrial pseudogenes are coamplified. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 105 (36), 13486–13491.
- Tsang, L.M., Chu, K.H., Nozawa, Y., Chan, B.K., 2014. Morphological and host specificity evolution in coral symbiont barnacles (Balanomorpha: Pyrgomatidae) inferred from a multi-locus phylogeny. *Mol. Phylogenet. Evol.* 77, 11–22.
- Wägele, J.W., Holland, B., Dreyer, H., Hackethal, B., 2003. Searching factors causing implausible non-monophyly: ssu rDNA phylogeny of Isopoda Asellota (Crustacea: Peracarida) and faster evolution in marine than in freshwater habitats. *Mol. Phylogenet. Evol.* 28, 536–551.
- Wares, J.P., Pankey, M.S., Pitombo, F., Daglio, L.G., Achituv, Y., 2009. A “shallow phylogeny” of shallow barnacles (chthamalus). *PLoS One* 4, e5567.
- Weide, D., Thayer, M. K., Newton A. F., Betz, O., 2010. Comparative Morphology of the Head of Selected Sporophagous and Non-Sporophagous Aleocharinae (Coleoptera: Staphylinidae): Musculature and Hypopharynx-Prementum Complex. *Journal of Morphology*, 271, 8, 910-931.
- Wilson, N.G., Schrödl, M., Halanych, K.M., 2009. Ocean barriers and glaciation: evidence for explosive radiation of mitochondrial lineages in the Antarctic sea slug *Doris kerguelenensis* (Mollusca, Nudibranchia). *Mol. Ecol.* 18 (5), 965–984.
- WoRMS Editorial Board, 2014. World Register of Marine Species. <<http://www.marinespecies.org>> at VLIZ.