

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

PATATES BÖCEĞİ, *Leptinotarsa decemlineata*, (COLEOPTERA:
CHRYSOMELIDAE)'NİN LARVA DÖNEMİNDE PERİTROFİK MATRİKS
PROTEİNLERİNİN BELİRLENMESİ

Emre CANER

BİTKİ KORUMA ANA BİLİM DALI

ANKARA
2017

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Emre CANER tarafından hazırlanan “Patates Böceği, *Leptinotarsa decemlineata*, (Coleoptera: Chrysomelidae)’nın Larva Döneminde Peritrofik Matriks Proteinlerinin Belirlenmesi” adlı tez çalışması 05/01/2017 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Anabilim Dalı’nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman: Doç. Dr. Umut TOPRAK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri:

Başkan: Doç. Dr. Umut TOPRAK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Şerife BAYRAM

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Anabilim Dalı

Üye : Doç. Dr. Bora KAYDAN

Çukurova Üniversitesi İmamoğlu Meslek Yüksekokulu

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. Atila YETİŞEMİYEN

Enstitü Müdürü

ETİK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

05. 01. 2017

Emre CANER

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

PATATES BÖCEĞİ, *Leptinotarsa decemlineata*, (COLEOPTERA: CHRYSOMELIDAE)'NİN LARVA DÖNEMİNDE PERİTROFİK MATRİKS PROTEİNLERİNİN BELİRLENMESİ

Emre CANER

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Bitki Koruma Ana Bilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Umut TOPRAK

Besin bütün canlılar için olduğu gibi böcekler için de vazgeçilmezdir. Böcek midesi sindirim işleminin gerçekleştiği temel kısım olmakla birlikte sindirim kanalı boyunca bir tüp şeklinde uzanan ve temelde kitin ve proteinden oluşan peritrofik matriks adı verilen yapıyı da içermektedir. Peritrofik matriks besin kaynaklı mekanik zararlanmalar, toksik madde geçişi ve patojen girişine karşı da mide epitel hücrelerini korumakta ve sindirim işlevini de koordine etmektedir. Peritrofik matriksin bu önemli fonksiyonlarının nasıl yerine getirdiğinin anlaşılabilmesi ve bu yapıyı hedefleyen mücadele stratejilerinin geliştirilebilmesi amacıyla yapısındaki proteinlerin belirlenmesi gerekmektedir. Ancak bugüne kadar yapılan çalışmaların dipter ve lepidopter modeller üzerinde gerçekleştirildiği görülmektedir. Mevcut çalışmada, dünyada oldukça önemli bir patates zararlısı olarak görülen patates böceği, *Leptinotarsa decemlineata* (Coleoptera: Chrysomelidae)'nın ilk defa larva döneminde tüm peritrofik matriks proteinleri sıvı kromatografisi-ardışıl kütle spektrometresi (LC-MS/MS) ile belirlenmiştir. Bu analizler, peritrofinler (musin ve musin olmayanlar), kitin metabolizmasına ilişkin enzimler (kitinaz, kitin deasetilaz, N-asetilgalaktozaminidaz), sindirim enzimleri (proteazlar, lipazlar, glikozit hidrolazlar), detoksifikasyon ve strese ilişkin proteinler (oksidazlar, tiyol redüktazlar, esterazlar), taşıyıcı proteinler (ferritin, juvenil hormon bağlayan proteinler, böcek depo proteinleri), savunma peptitleri (repat, taumatin, peptidoglikan tanıyan protein), çeşitli fonksiyonlara sahip diğer proteinler ve ortoloğu ya da korunmuş rezidüleri olmayan belirsiz proteinler olmak üzere toplamda 138 proteinin varlığını ortaya koymuştur. Dünyada ilk kez bir coleopter böceğinin tüm peritrofik matriks protein kompozisyonunu belirleyen bu çalışma, coleopter böceklerin peritrofik matriks kompozisyonunun dipter ve lepidopter peritrofik matrikslerinin kompozisyonlarından farklı olduğunu ortaya koymuştur.

Ocak 2017, 123 sayfa

Anahtar Kelimeler: Patates böceği, *Leptinotarsa decemlineata*, peritrofik matriks, proteomik, proteinler.

ABSTRACT

Master Thesis

IDENTIFICATION OF LARVAL PERITROPHIC MATRIX PROTEINS OF COLORADO POTATO BEETLE, *Leptinotarsa decemlineata*, (COLEOPTERA: CHRYSOMELIDAE)

Emre CANER

Ankara University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Plant Protection

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Umut TOPRAK

Food is necessary for insects as in the case of all organisms. The insect midgut is the primary site of digestive processes and it contains a porous tube, the peritrophic matrix which is composed of chitin and proteins. Peritrophic matrix serves as a barrier in protecting midgut epithelial cells against mechanical damages due to food, pathogen and toxic material entry, as well as it organizes the digestive processes. In order to understand how peritrophic matrix functioning and to develop a control strategy targeting this structure, It is necessary to determine the proteins associated with it. However, related studies have been conducted only in dipteran and lepidopteran systems. In this study, the entire larval peritrophic matrix protein suite of Colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata* (Coleoptera: Chrysomelidae), one of the most destructive pests of potatoes worldwide, has been determined the first time using liquid chromatography/tandem mass spectrometry (LC/MS/MS). These analyses revealed presence of 138 proteins classified as peritrophins (mucin and non-mucin), enzymes involved in chitin metabolism (chitinase, chitin deacetylase, N-acetylgalactosaminidase), digestive enzymes (proteases, lipases, glycoside hydrolases), proteins related to detoxification and stress (oxidases, thiol reductases, esterases), transporters (ferritin, juvenile hormone binding protein, insect storage protein), defense proteins (repat, thaumatin, peptidoglycan recognition protein), several other proteins with various functions and 11 novel proteins without known orthologs and conserved residues. This study which reports the entire protein composition of a coleopteran peritrophic matrix also the first time indicated that coleopteran peritrophic matrix protein composition differs than those of dipterans and lepidopterans.

January 2017, 123 pages

Key Words: Colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata*, peritrophic matrix, proteomic, proteins.

TEŞEKKÜR

Bu tezin hazırlanma sürecinde üzerimden güvenini ve desteğini eksik etmeyen danışman hocam sayın Doç. Dr. Umut TOPRAK'a (Ankara Üniversitesi i Bitki Koruma Anabilim Dalı) içten duygularıyla teşekkür ederim.

Bilgi ve tecrübeleriyle çalışmalarımnda her zaman bana yol gösterici ve yardımcı olan hocam sayın Prof. Dr. Şerife BAYRAM'a (Ankara Üniversitesi Bitki Koruma Anabilim Dalı) sonsuz teşekkürlerimi ve saygılarımı sunarım.

Emre CANER
Ankara, Ocak 2017

İÇİNDEKİLER

TEZ ONAY SAYFASI	
ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR	iv
KISALTMALAR DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
ÇİZELGE DİZİNİ	xi
1. GİRİŞ	1
1.1 Peritrofik Matriksin Yapısı.....	2
1.2 Peritrofik Matriksin Fonksiyonları	4
1.2.1 Ekstra ultrafiltrasyon	4
1.2.2 Antioksidan rolü.....	4
1.2.3 Seçici geçirgenlik	5
1.2.4 Sindirimin bölümlere ayrılması	5
1.2.5 Sindirim enzimlerini geri kazanımı	6
1.2.6 Katı yemek parçacıklarına karşı mide epitelini korumak	6
1.2.7 Patojenlere karşı bariyer olma	7
2. KAYNAK ÖZETLERİ	9
3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	15
3.1 Materyal	15
3.1.1 <i>Leptinotarsa decemlineata</i>	15
3.1.1.1 Sistematikteki konumu	15
3.1.1.2 Yayılış alanı	15
3.1.1.3 Konukçuları	15
3.1.1.4 Gelişme dönemleri.....	16
3.1.1.5 Zarar şekli.....	19
3.1.1.6 Biyolojisi.....	20
3.2 Yöntem	21
3.2.1 Araştırma materyali bitki ve böceklerin yetiştirilmesi.....	21
3.2.2 Dokuların diseksiyonu	23
3.2.3 Peritrofik matriks proteomiksi	24
3.2.4 Protein dizi özelliklerinin tahmini	26
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	27
4.1 Bir Boyutlu Protein Jel Elektroforezi	27
4.2 Peritrofinler	29
4.3 Enzimler	36
4.3.1 Kitin metabolizmasına ilişkin enzimler.....	36
4.3.1.1 Kitinaz	36
4.3.1.2 Kitin deasetilaz	37
4.3.1.3 N-asetilgalaktozaminidaz	39
4.3.2 Sindirim enzimleri.....	40
4.3.2.1 Serin proteazları.....	40
4.3.2.2 Karboksipeptidazlar	42
4.3.2.3 Sistein proteazları.....	43

4.3.2.4 Aspartik proteazlar	45
4.3.2.5 Glikozit hidrolazlar	46
4.3.2.6 Lipit metabolizmasına ilişkin enzimler	54
4.4 Taşıyıcı Proteinler	56
4.4.1 Ferritin	56
4.4.2 Juvenil hormon bağlayan proteinler	58
4.4.3 Hekzamerin-depo proteinleri.....	59
4.5 Savunma Peptitleri.....	61
4.5.1 Lektinler.....	61
4.5.2 Taumatin.....	62
4.5.3 Peptidoglikan tanıyan protein.....	63
4.5.4 Repat benzeri proteinler	64
4.6 Detoksifikasyon ve Strese İlişkin Proteinler	65
4.6.1 Karboksilesterazlar.....	65
4.6.2 Tiyol redüktaz	66
4.6.3 Sitokrom p450 e-sınıfı.....	66
4.6.4 Multi-bakır oksidaz.....	67
4.6.5 Peroksiredoksin	68
4.6.6 Açıltransferase 3.....	69
4.7 Diğer Proteinler	70
4.7.1 Serin proteaz inhibitörleri.....	70
4.7.2 Saposin	71
4.7.3 Asit fosfataz.....	72
4.7.4 Spingomiyelin fosfodiesteraz.....	73
4.7.5 Kategori dışı proteinler.....	75
4.7.6 Ortoloğu ve/veya korunmuş rezidüleri olmayan proteinler.....	75
5. SONUÇ	81
KAYNAKLAR	86
EKLER.....	100
EK 1 <i>L. decemlineata</i> Protein İstatistikleri Tablosu	101
EK 2 <i>L. decemlineata</i> Peptit İstatistikleri Tablosu.....	103
ÖZGEÇMİŞ	123

KISALTMALAR DİZİNİ

GH	Glikozit Hidrolaz
PM	Peritrofik Matriks
IPM	Integrated Pest Management
kDa	Kilodalton
nm	Nanometre
PMP	Peritrofik matriks proteini
CBD	Kitin bağlanma domaini
CHS	Kitin sentez geni
µl	Mikrolitre
cm	Santimetre
mm	Milimetre
g	Röletif Santrifüj Kuvveti
GILT	Gama İnterferon İndüklenebilir Lizozomal Tiyol Redüktaz
E.R.	Endoplazmik Retikulum
mM	Milimolar
HPLC	High-pressure Liquid Chromatography (Yüksek Basıncılı Likit Kromatografisi)

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> ergini.....	16
Şekil 3.2 a. <i>Leptinotarsa decemlineata</i> yumurtaları, b. yumurtlayan dişi ergin	17
Şekil 3.3.a,b,c,d. <i>Leptinotarsa decemlineata</i> larvasının 4 biyolojik dönemdeki görünümü	18
Şekil 3.4.a,b. <i>Leptinotarsa decemlineata</i> prepupa ve pupa evreleri	18
Şekil 3.5 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> larvaları patates yaprağında zarar yaparken.....	19
Şekil 3.6 Patlıcan yaprağında <i>Leptinotarsa decemlineata</i> ergininin zararı.....	20
Şekil 3.7 Böcek yetiştirme kabini içindeki <i>Leptinotarsa decemlineata</i> erginleri.....	22
Şekil 3.8 Bitkiden koparılan yumurtlanmış yaprakların steril kaptaki görünümü.....	22
Şekil 3.9 Dördüncü döneme yeni girmiş ve girmekte olan larvaların steril kaptaki görünümü.....	23
Şekil 3.10 Topraktan çıkış yapmış bir yeni ergin ve topraktaki çıkış deliği.....	23
Şekil 3. 11 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> peritrofik matriks proteomik analizlerinde enzim ile 20 parça halinde kesilen triptik jel bantlar.....	25
Şekil 4.1 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> proteomik analizleri bir boyutlu jel elektroforezinde elde edilen bantlar.....	27
Şekil 4.2 Peritrofik matriks proteomik analizleri yapılan çeşitli böceklerde proteinlere ilişkin bantların jel üzerindeki görüntüsü ve bunların mevcut çalışmadaki <i>Leptinotarsa decemlineata</i> (Ld) jelinin görünümü ile kıyaslanması.....	28
Şekil 4.3.a,b. LDEC018409 Böcek Bağırsak Musini.....	30
Şekil 4.4.a,b. LDEC019539 Böcek Bağırsak Musini.....	31
Şekil 4.5.a,b. LDEC005654 Böcek Bağırsak Musini.....	32
Şekil 4.6.a,b. LDEC022798 Musin olmayan peritrofin.....	33
Şekil 4.7 LDEC024202 ve LDEC022798'in alt alta sekans gösterimleri.....	33
Şekil 4.8.a,b. LDEC024202 Musin olmayan peritrofin dizi bilgileri.....	34
Şekil 4.9.a,b. LDEC009423 Musin olmayan peritrofin dizi bilgileri.....	35
Şekil 4.10.a,b. LDEC009420 Musin olmayan peritrofin dizi bilgileri	35
Şekil 4.11 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> ve <i>Phaedon cochleariae</i> kitinazları.....	37
Şekil 4.12 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> ve <i>Tribolium castaneum</i> kitin deasetilazları	38
Şekil 4.13 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> N-asetilgalaktozaminidazlarından LDEC003818'in diğer canlı türlerindeki glikozit hidrolaz 27 grubu enzimlerle alt alta dizilim gösterimi	40
Şekil 4.14.a,b,c,d. <i>Leptinotarsa decemlineata</i> serin proteazları.....	41

Şekil 4.15 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> a. S10, b. S28 karboksipeptidaz ailelerinden proteazlardaki katalitik rezidülerin görünümü	43
Şekil 4.16 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> Katepsin L1-benzeri proteazları ve papain ile birlikte aktif rezidülerinin gösterimi.....	44
Şekil 4.17 Bazı <i>Leptinotarsa decemlineata</i> ektopeptidaz aktivitesi gösteren Katepsin B türü sistein proteazlarının motiflerinin papain ile birlikte gösterimi.....	44
Şekil 4.18 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> LDEC008159 kodlu aspartik proteazı.....	45
Şekil 4.19 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> GH28 grubu enzimlerden LDEC003254'ün Uniprot protein bankasındaki çeşitli böceklerle ait glikozit hidrolazlarla alt alta sekans gösterimi.....	47
Şekil 4.20 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> GH45 enzimlerinden LDEC018941'in çeşitli böceklerdeki türdeşleriyle sekans diziliminin birlikte gösterimi.....	48
Şekil 4.21 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> LDEC024072 kodlu Endo-beta-1,4-glucanase enziminin çeşitli böceklerdeki türdeşleri ile sekans gösterimi.....	49
Şekil 4.22 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> GH 35 enzimi.....	50
Şekil 4.23 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> LDEC011381 kodlu GH 31 enziminin İnsan GH 31 enzimi ile birlikte sekans gösterimi.....	50
Şekil 4.24 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> GH 48 varsayımsal selülazlarının <i>Clostridium</i> sekansı ile birlikte dizilimi.....	51
Şekil 4.25 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> β -mannozidazı.....	52
Şekil 4.26 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> GH 1 ailesinden LDEC000918 kodlu Enzimin <i>Phyllotreta striolata</i> (Fabricius, 1801) (Coleoptera: Chrysomelidae) (Uniprot erişim no: A0A059U5M8) ve <i>Brevicoryne Brassicae</i> (Linnaeus, 1758) (Hemiptera: Aphididae) Uniprot erişim no: A0A059U5M8) GH 1 enzimleri ile birlikte sekans gösterimi.....	53
Şekil. 4.27 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> Triasilgliserol lipazlarının insan ve sığır pankreatik lipazları ile birlikte sekans gösterimi.....	55
Şekil 4.28 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> ökaryotik lipazının <i>Drosophila melanogaster</i> model ökaryotik lipazı ile alt alta sekans gösterimi	56
Şekil 4.29 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> light chain ferritinleri ve <i>Apriona germari</i> light chain ferritininin alt alta sekans gösterimleri.....	57
Şekil 4.30 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> heavy chain ferritinlerinin <i>Apriona germari</i> heavy chain ferritini ile alt alta sekans gösterimi.....	58
Şekil 4.31 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> juvenil hormon bağlayan proteinlerinin alt alta sekans gösterimi.....	59
Şekil 4.32 Mevcut çalışmadaki depo protein LDEC012813 ve Uniprot protein bankasındaki Q25271 erişim numaralı <i>Leptinotarsa decemlineata</i> depo proteininin alt alta sekans gösterimi.....	60

Şekil 4.33 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> LDEC008648 kodlu C-type lektininin motifleri.....	61
Şekil 4.34 LDEC003727 tüm sekansı.....	62
Şekil 4.35 LDEC003727'nin sırasıyla <i>Anoplophora glabripennis</i> , <i>Tribolium castaneum</i> ve <i>Arabidopsis thaliana</i> taumatin ile birlikte sekans gösterimi	63
Şekil 4.36 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> peptidoglikan tanıyan protein (LDEC003767).....	63
Şekil 4.37 LDEC003767'nin sırasıyla <i>Anoplophora glabripennis</i> ve <i>Dendroctonus ponderosae</i> Hopkins (Coleoptera: Curculionidae) ile birlikte sekans gösterimi.....	64
Şekil 4.38 Bir <i>Leptinotarsa decemlineata</i> Repat proteini olan LDEC014461'in NCBI Conserved Domain Search seçeneğinde tarandığında elde edilen MBF2 bölgesinin gösterimi.....	65
Şekil 4.39 Eksiksiz bir sekansa sahip olan LDEC021796'de bu karakteristik motiflerin gösterimi.....	66
Şekil 4.40 LDEC013287 aminoasit dizilimi.....	67
Şekil 4.41 LDEC008679 Kodlu <i>Leptinotarsa decemlineata</i> multi-bakır oksidaz enzimi full sekansı.....	68
Şekil 4.42 LDEC018561'in sığır peroksiredoksini ile birlikte sekans gösterimi.....	69
Şekil 4.43 LDEC016932 ve sırasıyla <i>Anoplophora glabripennis</i> ve <i>Dendroctonus ponderosae</i> açıltransferazları.....	70
Şekil 4.44 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> LDEC011881 kodlu serpininin inhibasyon dizisinin motifi.....	71
Şekil 4.45 LDEC002545 kodlu <i>L. decemlineata</i> saposininde saposin B bölgesinin (yeşil fon) ve korunmuş sistein rezidülerinin (kırmızı fon) gösterimi.....	71
Şekil 4.46 LDEC022220 ve <i>Xenopus laevis</i> (Daudin, 1802) (Anura: Pipidae) asit fosfatazlarının (Uniprot erişim no: B1H1P9) birlikte sekans gösterimi.....	72
Şekil 4.47 LDEC017049 ve Uniprot protein bankasında en yüksek skoru veren Coleopterlerle yapılan alt alta sekans gösterimi.....	73
Şekil 5.1 <i>Leptinotarsa decemlineata</i> larval peritrofik matriks protein ve kitin kompozisyonunun şematik modellenmesi.....	82

ÇİZELGE DİZİNİ

Çizelge 4.1 <i>L. decemlineata</i> larval peritrofik matriks protein raporu.....	75
--	----



1. GİRİŞ

Solanaceae familyası dünyada 98 cins ve 2700 civarında türü içinde barındıran bir bitki ailesidir (Olmstead vd. 2007). Bu familyada patates (*Solanum tuberosum* L.), domates (*Lycopersicon esculentum* L.), biber (*Capsicum* spp.) ve tütün (*Nicotiana tabacum* L.) gibi ekonomik öneme sahip bitkiler yer almaktadır.

Patates (*Solanum tuberosum* L.) yüksek protein ve karbonhidrat içeriği ile besin değeri açısından dünyanın en kıymetli kültür bitkilerinden biridir (Horton 1987). 100 gr'lık patates yumrusu; normal bir insanın gereksinim duyduğu günlük proteinin minimum % 7'sini, demirin % 10'unu, C vitamininin % 20-50'sini, B1 vitamininin % 10'unu ve enerjinin % 3'ünü karşılamakta olup bu değerler, patatesin beslenmedeki yerini ve önemini açık olarak göstermektedir (Arioğlu 2002). FAO 2012 verilerine göre 2012 yılında dünyada 87.260.000 ton patates üretim miktarı ile Çin ilk sırayı alırken Türkiye 4.795.122 tonluk üretim miktarı ile bu listede 13. sırada bulunmaktadır (<http://faostat.fao.org> 2012). Dünyadaki yıllık toplam patates üretim miktarı 2013 yılında 368.096 bin ton ile sırasıyla şeker pancarı, mısır, pirinç ve buğdayın ardından beşinci sırada gelmektedir. (<http://www.fao.org> 2013).

Patates böceği, *Leptinotarsa decemlineata* Say (Coleoptera: Chrysomelidae) Kuzey Amerika, Meksika, Avrupa ve Asya, Afrika, gibi dünyanın çok farklı coğrafyalarında yaklaşık 16 milyon kilometre kare gibi geniş bir alana yayılmış ve halen de yayılmaya devam eden, oldukça önemli bir patates zararlısıdır (Alyokhin vd. 2008). Bu zararlı Türkiye'de de patates yetiştirilen tüm bölgelerde görülmektedir.

Patates böceğinin hem ergin hem de larvaları zarar yapmakta olup özellikle 3. ve 4. dönem larvalar yeterli sayıda olduklarında bitkinin gövdesi hariç tüm yeşil aksamını tüketebilmektedir. Bunun yanında patates böceği dağılım, diyapoz, olumsuz koşullara dayanıklılık ve üreme konusundaki başarılı stratejileri ile oldukça karmaşık ve tarımsal alanlardaki değişen çevre koşullarına iyi adapte olabilen bir yaşam döngüsüne sahiptir (Alyokhin vd. 2008). Patates böceği insektisit direnci denildiğinde de ilk akla gelen böceklerden biri olup bugün için yaygın olarak kullanılan yaklaşık 52 farklı insektisit

grubundan olan çeşitli formülasyonlara karşı direnç geliştirdiği bilinmektedir (Alyokhin vd. 2008). Biyolojisi karmaşık ve popülasyonunu kontrol altına alabilecek kadar başarılı bir doğal düşmanı da bulunmayan bu böcekle mücadelede fizyolojik bir takım mekanizmaların moleküler düzeyde çalışılması gerekmektedir. Bu anlamda böcek bünyesine alınan her türlü toksin, insektisit ve entomopatojen etmenin böcek bünyesinde ilk karşılandığı kısım olan sindirim sistemi önemli bir hedef olarak görülmektedir.

Böcek sindirim sistemi ağızdan itibaren sırasıyla ön bağırsak, orta bağırsak ve art bağırsak olmak üzere 3 kısma ayrılmıştır. Bunlardan orta bağırsak; epitel dokusu sindirim enzimlerini üreten ve besin monomerlerinin alınmasını sağlayan epitel hücreler ile döşenmiş olan kısımdır. Mide olarak da bilinen bu kısmın içindeki lümen peritrofik matriks adı verilen ve mide boyunca uzanan hücresiz, porlu, kitin-protein şebekelerden oluşan tüp şeklinde bir yapı tarafından korunmaktadır. Midede sindirim işlemlerinin gerçekleştiği kısım esas olarak bu tüpün iç kısmı olan endoperitrofik boşluk, devamında da bu tüp ile mide epiteli arasında kalan ektoperitrofik boşluktur. Peritrofik matriks ağız yoluyla alınan her türlü istenmeyen etmenin böcek tarafından ilk karşılandığı kısım olduğu için burada böceği toksik ve entomopatojen etmenlere karşı koruyan bir bariyer özelliği göstermektedir. Nitekim bu etmenlerin canlı kolumnar hücrelere ulaşmak adına önce peritrofik matriksi geçmesi şarttır. Ancak peritrofik matriks sadece bir fiziksel bariyerdendir ibaret olmayıp sindirim sistemine ve hatta tüm böcek yaşamına ilişkin başka hayati olayları da üstlenmektedir.

1.1 Peritrofik Matriksin Yapısı

Bir kitin-protein kompozisyonu olan peritrofik matriksin kitin şebekelerin arasını dolduran ve yapısal güç, elastikiyet ve geçirgenlik sağlamak suretiyle matriksin çeşitli hayati fonksiyonların önemli bölümünü üstlenen yapısal proteinlere peritrofin denilmektedir. Peritrofinler en az bir adet sisteince zengin kitin bağlanma bölgesi ve opsiyonel olarak da bir ya da daha fazla musin bölgesi içermektedir (Toprak vd. 2010). Sistein rezidülerinin sayısına göre kitin bağlanma bölgeleri sırasıyla 6, 8, ve 10 sistein rezidüsüne sahip peritrofinlerde Peritrofin A, B, C bölgelerinde bulunur (Toprak vd.

2010). Bu sülfür grupları içeren sistein rezidüleri arasında rezidülerin sayısına göre 3, 4, 5 adet disülfid köprüsü yer almaktadır. Bunun yanında bazı dipter peritrofinlerinde 97-103 amino asit rezidüsünden oluşan ve diğerlerinden farklı bir C-X sistein motifine sahip (Toprak vd. 2010) yeni bir kitin bağlanma bölgesi tanımlanmıştır (Dinglasan vd. 2009). Bu bölge Peritrofin D bölgesi olarak da adlandırılır. (Toprak vd. 2010). Böcekler arasında en yaygın olan Peritrofin A bölgesi olup bu bir tip 2 kitin bağlanma bölgesidir. Bunun yanında CBD 3 denilen yeni tip bir karbonhidrat bağlanma bölgesi de dipterlerden *Anopheles gambiae* Giles (Diptera: Culicidae) AgAper25b ve ortologlarında, lepidopterlerden de *Mamestra configurata* Walker (Lepidoptera: Noctuidae)'da McCBD3P olarak rapor edilmiş olup çoğunlukla selüloz bağlama ile ilişkilidir (Toprak vd. 2010). Musin bölgesi içeren peritrofinlerde protein sekansındaki serin ve treonin amino asit rezidülerinin O-tipi glikolizasyonla oligosakkarit bileşiklere bağlandığı görülmektedir. Bu serin ve treonin rezidüleri genelde prolin ile çevrilmiş ve korunmuştur. Peritrofik matriks por genişlikleri genelde böcekten böceğe 36-800 nm arasında değişmektedir (Adang ve Spence 1983; Santos ve Terra 1986; Terra 1990). Coleopterlerde ise bilinen por çapları *Anomala cuprea* Samouelle (Coleoptera: Scarabaeidae) için en büyük 142 nm, *Oryctes nasicornis* Linnaeus (Coleoptera: Scarabaeidae) için ise 243.2 nm olarak ölçülmüştür (Kawakita vd. 2016).

Böceklerde iki tip peritrofik matriks yapısı söz konusudur. Tip-1 peritrofik matrikste peritrofik formasyonu tüm mide boyunca devam ederken Tip-2'de peritrofik matriks tamamen midenin ön kısmında (kardia) oluşturulur (Lehane 1997).

Böceklerde genel olarak kitin sentezinden sorumlu CHS-A ve CHS-B isimli iki gen bulunmaktadır (Arakane vd. 2005). Midede peritrofik matrikse ilişkin kitin sentezinden sorumlu genin CHS-B olduğu, CHS-A'nın da böceğin geri kalan dokularındaki kitin sentezinden sorumlu olduğu bildirilmiştir (Agrawal vd. 2010). Kitin temel olarak bir polisakkarit olup N-asetilglikozamin rezidülerinin bir polimeridir (Klowden 2007). Kitin sentezi glikozun farklılaşmasından ibarettir ve bu metabolizmada kısaca fosforilasyon, aminasyon, asetilasyon ve üridin disfosfat ile konjugasyon işlemleri gerçekleşir (Klowden 2007).

1.2 Peritrofik Matriksin Fonksiyonları

1.2.1 Ekstra ultrafiltrasyon

Hidrofilik allelokimyasallar (tanenler) peritrofik matriks porlarından geçebilecek kadar küçük moleküllere sahiptir. Ancak bunlar alkali lümen içindeki proteinler, lipidler, polisakkaritler ve polivalent (birden çok değerliliğe sahip) metal iyonlarıyla kompleks moleküller haline getirilmekte, bu yolla boyutları 90 nm'ye kadar ulaşan bu moleküller peritrofik matriksi geçememektedir (Takechi ve Tanaka 1987; Cai vd. 1989, 1990; Murdiati vd. 1991; Haslam vd. 1992; DeVeau ve Schultz 1992; Ikeda vd. 1992; Slabbert 1992; McDonald vd. 1996). Aynı şekilde lipofilik ve amfifilik allelokimyasallar da (digitoksin, ksantotoksin, saponin vb.) bazı lipidler aracılığı ile gruplaştırılarak kompleks moleküller halinde yüzlerce nm boyutlara ulaşmaktadır ve peritrofik matriksi geçememektedir (Barbehenn 2001). Bu mekanizma böceği peritrofik matriks porlarından geçebilecek küçüklükte olan toksik moleküllerden korumaktadır.

1.2.2 Antioksidan rolü

Antioksidan savunması temel olarak sindirim kanalına giren demir iyonlarının çeşitli protein bileşiklerince yakalanarak, hidroksil radikallerini ya da peroksitleri katalizleyip reaktif oksijen oluşturmalarının önüne geçilmesidir. Bu proteinler tarafından tutulan demir yine de katalitik aktivite gösterse de bu durum sadece bu bağlayıcı olan proteinin reaktif oksijenlerce zararlanmasına neden olmakta ve hücrel membranlar bu “kendini feda etme” stratejisi sayesinde korunmaktadır (Barbehenn ve Stannard 2004). Başta ergin dişi sivrisinekler olmak üzere peritrofik matriksi olan pek çok böcekte sindirim sıvısı içindeki demir iyonlarının peritrofik matriks şebekelerindeki proteinli bileşiklerce yakalandığı rapor edilmiştir (Pascoa vd. 2002). Bu noktada özellikle lepidopter larvalarındaki peritrofik boşluğun aspartik asit ve glutamik asit aminoasitlerince zengin protein bileşenleri bu katalizleyici demir ve benzeri iyonları tutmakta (Summers ve Felton 1996), proteoglikanlar ise yüzeylerinde oluşturdıkları anyonik diziler ile yine bu katyonları yakalayarak kolumnar hücrelere geçişini önemli ölçüde azaltmaktadır (Barbehenn ve Martin 1997). Peritrofik matriks bileşimindeki protein, glikoprotein ve

proteoglikan fraksiyonlarının yapısındaki fenilalanin, triptofan, histidin ve tirozin gibi aminoasitler ile proteoglikan ve glikoproteinlerin karbonhidratlı bölgelerindeki bazı monosakkarit ve disakkaritler reaktif oksijen türlerinin tutulmasını sağlamaktadır (Summers ve Felton 1996).

1.2.3 Seçici geçirgenlik

Peritrofik matriks sindirim ürünleri olan küçük boyutlu monomerlerin geçişine izin verirken daha büyük boyutlu bakteri, virüs ve parazitlerin geçişini engellemektedir. Por çapları bazı moleküllerin boyutlarına göre ayrıştırılıp endo peritrofik boşlukta mı yoksa ekto peritrofik boşlukta mı sindirileceklerini kabaca tayin edebilmektedir. Bununla birlikte seçicilik sadece por çapından ibaret olmayıp daha karmaşık bir işleyişe sahiptir. Örneğin geçirgenlik pH^+ ve iyon konsantrasyonundan etkilenmektedir (Lehane, 1976). *Bacillus thuringiensis*'in endotoksin kristalleri peritrofik matriks glikanları ile interaksiyona girerek tutulabilmektedir (Hayakawa vd. 2004). Çok gelişmiş bir mekanizmadan bahsedilemese de kitin fibrillerin arasını dolduran bu N-tipi ve O-tipi glikanların, peritrofik matriksin selektivitesini genel olarak belirledikleri rapor edilmiştir (Hegedus vd. 2009).

1.2.4 Sindirimin bölümlere ayrılması

Peritrofik matriks temel olarak sindirimi endoperitrofik boşlukta gerçekleşen sindirim ve ektoperitrofik boşlukta yapılmakta olan sindirim olmak üzere iki kısma ayırmaktadır. Peritrofik matriksin seçici por çapları sayesinde proteinler, yağlar ve kompleks şekerler gibi büyük molekülü besinler önce endoperitrofik boşluktaki proteaz, lipaz ve glikozidazlarca sindirilmektedir. Daha sonra bu büyük moleküllerin indirgenmesiyle oluşan peptit, basit şekerler ve yağ asitleri gibi daha küçük monomerler de ektoperitrofik boşluktaki aminopeptidazlar, karboksipeptidazlar (Ferreira ve Terra 1989; Jordao vd., 1999), glukoamilaz (Jordao ve Terra 1991), trehalaz (Santos ve Terra 1986) ve alkalın fosfatazlar (Takesue vd. 1989) tarafından sindirilerek mide epitel hücrelerince emilmektedir (Hegedus vd 2009). Sindirimin bölümlere ayrılarak gerçekleşmesi sindirim etkinliğini arttırmaktadır (Tellam 1996).

1.2.5 Sindirim enzimlerinin geri kazanımı

Peritrofik matriksin mideyi bölümlere ayırması aynı zamanda besin monomerleri ile birlikte emilen enzimlerin geri kazanılarak tekrar sindirim için kullanılabilmesine olanak sağlamaktadır (Caldeira vd. 2007). Midenin son kısmındaki hücrelerden suyun hücre dışına çıkması ve bu suyun ön midede yer alan gastrik sekalar tarafından emilmesi ektoperitrofik boşluktaki sindirim enzimlerinin de midenin ön kısmına doğru akışını sağlamakta ve daha sonra bu enzimler tekrar endoperitrofik boşluğa girerek tekrar sindirimde kullanılabilir (Hegedus vd. 2009).

Enzimlerin geri kazanımı adına bir diğer mekanizma da peritrofik matriksin protein yakalama özelliğinden ileri gelir (Peters ve Kalnins 1985). Yapısal olmayan bileşenler oldukları için ilk olarak enzimlerin çok zayıf bağlarla peritrofik matrikse tutunduğu öne sürülebilir. Ancak yakın zamanda güçlü deterjanlara peritrofik matriks kompozisyonundan ayrılacak kadar kuvvetli bağlarla bağlanmış enzimler de rapor edilmiştir (Campbell vd. 2008; Toprak vd. 2008). Böylelikle sadece enzimlerin lümen boyunca akıp gitmekten korunması sağlanmamakta, aynı zamanda enzimin bozunmasının önlenmesi, genel sindirim sürecinin veriminin artırılması ve çeşitli savunma proteinlerini PM bünyesinde barındırılarak patojenlere karşı savunma yapılması da sağlanmaktadır (Tellam 1996). Lektinler bu savunma proteinlerinin bir örneğidir (Peters vd. 1983).

1.2.6 Katı yemek parçacıklarına karşı mide epitelinin korunması

Peritrofik matriks yapısındaki musin proteinleri ve mukopolisakkaritler sayesinde katı yemek parçacıklarının kolumnar hücreleri tahrip etmeden lümen boyunca pasajını sağlamaktadır (Sudha ve Muthu 1988).

1.2.7 Patojenlere karşı bariyer olma

Peritrofik matriks por çapları genel olarak bakterilerin (Tellam 1996) ve polihedraların (Stoltz ve Summers 1971) pasif geçişine izin vermeyecek kadar küçüktür. Bu patojenlerin peritrofik matriksi geçişi ancak bunların peritrofik matriksin protein kompozisyonunu değiştirmeleriyle mümkün olabilmektedir (Derksen ve Granados 1988). Bu tür stratejilere örnek olarak enfeksiyon sırasında kitinaz enzimi (Wiwat vd. 2000) ya da enhansin gibi metalloproteazlar kodlamak (Toprak vd. 2012), kitin bağlanma bölgesi bulundurmak suretiyle sekonder enfeksiyonları arttırarak daha fazla sayıda patojen partikülü üretmek (Yu vd. 2015) gibi farklı patolojik mekanizmalar gösterilebilir. Patojenlerin izlediği bu yollar rekombinant DNA teknolojisi ve sinerjistik yolla insanlar tarafından da böceklerle mücadelede kullanılmıştır. 1999 yılında Peng vd. *Trichoplusia ni* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) ve *Pseudaletia unipuncta* Haworth (Lepidoptera: Noctuidae) larvalarından çıkardıkları peritrofik matriksleri *T. ni* granulovirüs tarafından kodlanan enhansin ile muamele ettikten sonra her ikisinde de enfeksiyon yapabilen *Autographa californica* Speyer (Lepidoptera: Noctuidae) işaretlenmiş nükleopolihedra virüs partiküllerinin bu peritrofik matrikslerden geçişinin arttığını rapor etmiş, bu sonuca metalloproteazın peritrofik matriksin musin proteinlerini degrades etmek suretiyle AcMNPV partiküllerine geçiş imkanı yaratması sayesinde ulaşıldığını savunmuşlardır. 2004 yılında Hayakawa vd. *Bacillus thuringiensis*'in Cry1Aa toksinine karşı hassas, Cry1Ac toksinine karşı dirençli olan *Bombyx mori* Linnaeus (Lepidoptera: Bombycidae) de, Cry1Ac toksinini yakalayıp direnci sağlayan molekülün peritrofik matriks glikanlarına bağlı N-asetilgalaktozamin olduğunu vurgulayarak, bu molekülle inkube edilmiş Cry1Ac toksinlerini böceğe yedirdiklerinde direncin ortadan kalkarak kristallerin peritrofik matriksi geçtiklerini rapor etmişlerdir. Berini vd. (2016) peritrofik matriksin bir başka önemli bileşeni kitinin savunmadaki rolü ile ilgilenmiştir. Çeşitli entomopatojenlerin kitinaz enzimi kodlayarak peritrofik matriks şebekelerini parçaladıklarını hatırlatarak bu yönüyle çeşitli IPM stratejilerinde de yer alan *Trichoderma viride* isimli bir fungustan aldıkları kitinaz ile *Bombyx mori* larvalarını muamele etmiş ve peritrofik matriksin bariyer fonksiyonunun ortadan kalktığını rapor etmişlerdir.

Peritrofik matriksin protein kompozisyonunu belirlemek adına yapılan alışmalar 1996 yılında Elvin vd. tarafından *Lucilia cuprina* Wiedemann (Diptera: Calliphoridae) isimli bir sineğin larvasında peritrophin-44 isminde bir yapısal proteinin tanımlanması ile başlamıştır. Bu araştırma bundan sonraki peritrofik matriks proteomik ve Western blot alışmalarına ışık tutmuş, bilimin birikimli ilerleme prensibinin bir sonucu olarak *Helicoverpa armigera* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) (Campbell vd. 2008), *Anopheles gambiae* (Dinglasan vd. 2009) *Bombyx mori* (Hu vd. 2012; Zhong vd. 2012), *Glossina morsitans morsitans* Westwood (Diptera: Glossinidae) (Rose vd. 2014), *Mamestra configurata* (Toprak vd. 2016) ve *Musca domestica* Linnaeus (Diptera: Muscidae) (Wang vd. 2016) gibi eşitli böceklerin peritrofik matriks kompozisyonları zaman içinde belirlenmiş, buradan hareketle de peritrofik matriksin zararlı kontrolünde ne şekilde hedef alınacağı konusunda önemli ilerlemeler sağlanmıştır.

Ancak bütün bu alışmalar ağırlıklı olarak dipterler ve lepidopterler üzerine yoğunlaşmış olup Coleoptera takımından bir böceğe ilişkin yapılmış bir peritrofik matriks proteomiks alışması ise bulunmamaktadır.

Mevcut alışmada ise dünyada ilk defa bir Coleopter türünün peritrofik matriks proteomiksi gerçekleştirilmiş, bu kompozisyona ilişkin 3 boyutlu bir peritrofik matriks mimarisi modeli oluşturulmuş, yapısal proteinler, enzimler ve diğer proteinler tanımlanmıştır. Yapısal data eldesinin patates böceği gibi önemli bir tarımsal zararlıya ait olması da bu alışmanın değerini bir kat daha arttırmış ve bu anlamda ok önemli bir bilgi alt yapısı oluşturulmuştur. Bu alışmanın gelecekte *Bacillus thuringiensis* gibi ağız ve mide yoluyla etkili olan entomopatojenlere karşı savunmada rol alan peritrofik matriks savunma proteinlerinin belirlenmesi, Coleopter moleküler genetiğinde ok iyi alıştığı bilinen RNA interferans yöntemi ile peritrofik matriks proteinlerini kodlayan genlere karşı bir susturma stratejisinin geliştirilmesi ve tarımsal savaşımında hedef alınabilecek yeni moleküllerin keşfine ışık tutabileceği düşünülmektedir.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Elvin vd. (1996) tarafından *Lucilia cuprina* isimli sineğin larvasında peritrophin-44 isminde bir yapısal proteinin tanımlanması peritrofik matriksin protein kompozisyonunu belirlemek adına yapılan Western blot ve proteomik çalışmalarının miladı kabul edilir. Bu çalışmada bir böcek peritrofini ilk kez tanımlanmıştır. Peritrophin-44 isimli bu peritrofin Toprak vd. 2010 tarafından yapılan sınıflandırmaya göre musinsiz bir tekrarlı peritrofin olup 5 adet peritrofin A bölgesine sahiptir. Dizilim kuralı $C^1X_{13-14},_{20}C^2X_5C^3X_{9-12},_{17}C^4X_{10-12}C^5X_{5-8},_{12}C^6$ şeklindedir.

Campbell vd. (2008) tarafından *H. armigera*' da peritrofik matriks proteomik analizi yapılmış, triptik peptidlerin jel analizi ve kütle spektrometresi ile mide cDNA sekanslarından kodlanan proteinler tanımlanmıştır. Burada tanımlanan 41 proteinden kitin deasetilaz ve musin benzeri proteinlerin peritrofik matriksin en dominant yapısal bileşenleri olduğu vurgulanmış, musin benzeri proteinlerde ayrıca çok sayıda kitin bağlanma bölgelerinin olduğu hatırlatılarak bunların kitin fibrilleri bağlamak suretiyle peritrofik matriksin temel fonksiyonları olan katı yemek parçacıkları ve patojenlere karşı savunmada görev yapmasını sağladıkları belirtilmiştir. Peritrofik matriks yapısında bulunan diğer proteinler ise serin proteazları (tripsin ve kimotripsin), karboksipeptidazlar, aminopeptidazlar, amilaz, lipazlar, lipokalinler, polikalin, aktin, hekzamerinler ve bir de alkalın fosfataz olarak açıklanmıştır. Bu sonuçlara göre peritrofik matriksin sindirim enzimlerini bünyesinde tutan, mide epitelini patojen istilasına, lektin gibi fitotoksinlere ve *Bacillus thuringiensis* gibi toksinlere karşı aktif şekilde koruyan dinamik bir kompleks yapı olduğu belirtilmiştir.

Zhou vd. (2009) tarafından *Holotrichia oblita* Faldermann ve *Holotrichia parallela* Motschulsky (Coleoptera: Melolonthidae) peritrofik matrikslerinin biyokimyasal yapısını ortaya koymak ve bunlara karşı lepidopter enhansinlerinin etkisini belirlemek adına bir çalışma yapılmıştır. SDS-Page analizleri sonucu *H. oblita*'da moleküler ağırlıkları 17.6-320.3 kDa arasında değişen 22 adet, *H. parallela*'da ise moleküler ağırlıkları 28.8-170.0 kDa arasında olan 15 adet protein tanımlanmıştır. Protein çeşitliliği açısından bu iki böceğin lepidopter peritrofinlerinden daha zengin olduğu

belirtilmiştir. Lepidopter enhansinlerinin bu böceklerin peritrofik matriks proteinlerini parçalayamadıklarını rapor etmişlerdir.

Dinglasan vd. (2009) tarafından yapılan ergin *A. gambiae* peritrofik matriks proteomik analizlerinde kütle spektrometresi ile tanımlanan 209 proteinden 9'unun yeni tanımlanmış ve kitin bağlanma bölgesi içeren peritrofik matriks proteini olduğu bildirilmiştir. Yapılan peritrofik matriks modellemesinde birbirine bağlı kitin fibrillerin peritrofik matriksin omurgası olduğu rapor edilmiştir. Kitin bağlanma bölgesi içeren peritrofinlerin diğer peritrofinler ve böcek kan emdikten sonra ortaya çıkan tripsin ve kimotripsin gibi enzimlerle, kitinazlarla ve toksik hemoproteinleri tutan çeşitli proteinlerle bir interaksiyon içinde olduğu belirtilmiştir. Bu interaksiyon peritrofik matriks yapısını güçlendirmek, seçici geçirgenlik mekanizmasını geliştirmek ve peritrofik matriks kalınlığını kontrol etmek adına önemli bir sonuç olarak değerlendirilmiştir. AgAper25b isimli bir peritrofinde yeni bir CBD 3 karbonhidrat bağlama bölgesi bulunmuştur. Bu peritrofinin genel dizilim kuralı $C^1X_{13} C^2X_2 C^3X_{51} C^4X_{11} C^5X_{36} C^6X_2 C^7X_{14} C^8X_8 C^9X_8 C_{10}$ şeklindedir (Toprak vd. 2010).

Agrawal vd. (2010) tarafından Peritrofin A bölgesi içeren proteinleri kodlayan genler kategorize edilmek suretiyle *Tribolium castaneum* Herbst (Coleoptera: Tenebrionidae)'daki kitin bağlayan tüm proteinleri tanımlamak adına yapılan çalışmada, biyo-informatik taramalar sonucu 29 adet tip-2 kitin bağlanma bölgesi bulunduran proteine ulaşılmıştır. Bunlardan 11 tanesinin sadece midedeki genlerden ve beslenme sırasında kodlanan, böceğin besin almadığı biyolojik dönemlerde kodlanmayan ve bu açıdan kütikular kitin bağlayan proteinlerden ayrılan peritrofik matriks proteinleri olabileceği öne sürülmüştür. Bunların 1' den 14' e kadar değişik sayılarda tip 2 kitin bağlanma bölgesi içerdikleri bildirilmiştir. Tek bir kitin bağlanma bölgesi içeren peritrofinlerin kitin fibrillerin uç kısmını bağlayan bir düğüm vazifesi görebilceğini, bire fazla sayıda kitin bağlanma bölgesi içerenlerin ise peritrofik matriksin orta bölümlerinde yer alan ve çok sayıda kitin fibrillerini çapraz bağlayan tipte peritrofinler olduğu belirtilmiştir. Ayrıca peritrofik matriks proteinlerinin özellikle musin bölgesi içerenlerinin seçici geçirgenlikte önemli rol oynadığı rapor edilmiştir.

Hu vd. (2012) tarafından yapılan larval *Bombyx mori* peritrofik matriks proteomik analizinde SDS jeli proteinlerin moleköl ağırlığına göre kesilerek 3 parçaya ayrılmıştır. Birinci kısım moleköl ağırlığı 66 kDa'dan yüksek, ikinci parça 29-66 kDa arası, üçüncü parça da 29 kDa'dan küçük proteinleri içermektedir. Bu jellerin likit kromatografisi ve ardışıl kütle spektrometresi analizleri sonucu toplam 47 adet protein tanımlanarak bunların çoğunlukla sindirim ve patojenlere karşı birincil savunma mekanizması içinde yer alan katalitik aktiviteli, bağlanabilen ve protein taşıyıcı proteinler oldukları belirtilmiştir. Bu çalışmada ayrıca serin proteazları, lipazlar, β -1.3 glukanaz, tiyol redüktaz, karboksilesteraz, alkalın fosfataz ve aminopeptidazlar da peritrofik matriks kompozisyonunda rapor edilmiştir.

Zhong vd. (2012) tarafından yapılan larval *Bombyx mori* peritrofik matriks proteomik analizlerinde ise 'shotgun' proteom teknolojisi ve hem NCBI hem de silkDB veri bankalarından indirilen kombine protein verileri sayesinde toplamda 305 protein tanımlanmıştır. Kitin bağlayan proteinler, musinler, aminopeptidaz N, lipaz, serin proteazları ve inhibitörleri bu çalışmada tanımlanmış olan proteinlerden bazılarıdır.

Agrawal vd. (2014) tarafından *Tribolium castaneum* peritrofik matriksinde 1' den 14' e kadar değişen sayılarda tip-2 kitin bağlanma bölgesi içeren varsayımsal peritrofik matriks proteinlerini kodlayan 11 adet genin ekspresyon analizleri ve RNA interferans denemeleri yapılmıştır. Bu genlerin larvanın beslenme periyodu boyunca midenin değişik yerlerinde farklı farklı ekspresyon dağılımları gösterdiğine ve buradan hareketle bunların mide fizyolojisinde birbirlerinden farklı çeşitli rollere sahip olduğuna vurgu yapılmıştır. Fakat bu genler üzerinde yapılan RNA interferans çalışmalarında 9 adet genin susturulmasıyla fenotipte herhangi bir anormallik gözlenmezken TcPMP3 ve TcPMP5-B isimli iki gen susturulduğunda ise fat body erimesi, gelişme geriliği, deri değiştirme problemleri ve ölüm görülmüştür. Peritrofik matriks geçirgenliğinin belirlenmesi amacıyla değişik moleköl ağırlıklarda fluorescein isothiocyanate dekstranları yedirilmiş böceklerden kontrol grubu larvada bu dekstran tamamen PM bariyeri tarafından tutulurken TcPMP3 ve TcPMP5-B genleri susturulan larvada ise epitel hücrelere geçmeyi başarmıştır. Buradan hareketle bu iki gen tarafından kodlanan proteinlerin peritrofik matriks geçirgenliğini belirleyen ve bu suretle yaşamsal

fonksiyonları ve sağlıklı bir fat body gelişimini temin eden hayati öneme sahip proteinler oldukları ortaya konulmuştur.

Liu vd. (2014) tarafından ilk kez bir Coleopter böcekte Western blot yoluyla da belirlenen bir peritrofik matriks proteininin özellikleri tanımlanmıştır. *Holotrichia oblita* larvasında HoCBP76 adlı bu peritrofinin sadece midede ve sadece beslenme anında peritrofik matriks yapısında yer aldığı belirtilmiştir. Bu peritrofinin Peritrofin A bölgesi motifi ile uygunluk gösteren 7 adet ard arda dizilmiş kitin bağlanma bölgesi içerdiği, musin bölgesi içermediği ve midenin ön, orta ve arka bölümünde benzer yoğunlukta sentezlenip bulunduğu dikkat çekilmiş buradan hareketle *H. oblita* peritrofik matriksinin bir tip 1 peritrofik matriks olduğuna vurgu yapılmıştır.

Zhao vd. (2014) tarafından *H. parallela* larvasında HpCBP45 adlı bir tip 1 varsayımsal peritrofin tanımlanmış, *Pichia pastoris* tarafından üretilen rekombinant haliyle de kitin bağlama aktivitesi doğrulanmıştır. cDNA klonlama ve sekans analizleri ile CX₁₃₋₂₂CX₅CX₉CX₁₂CX₇C peritrofin A bölgesi motifi ve arda 8 adet kitin bağlanma bölgesine sahip olduğu rapor edilen bu varsayımsal peritrofinde bölgeler içindeki 3'er çift sistein rezidüsünün disülfid bağları ile bağlanarak varsayımsal peritrofinin proteaz açısından yoğun mide lümeninde stabilitesinin artırılabilceği öne sürülmüştür. İlgili proteinin Western blot analizleri sonrası SDS-PAGE jelinde 100 kDa bölgesinde bir predominant bant görüntüsü verdiği rapor edilmiştir. Bu ağırlığın cDNA klonlama ve sekans analizleri ile tahmin edilen 69.5 kDa'lık ağırlıktan belirgin bir şekilde yüksek olması ise proteinin maya hücresi içindeki rekombinant üretime ve glikolizasyon gibi translasyon sonrası modifikasyonlara bağlanmıştır. Bu proteinin 4 adet O- tipi, 1 adet N- tipi glikolizasyon bölgesinden meydana geldiği rapor edilmiştir.

Rose vd. (2014) tarafından gerçekleştirilen *G. morsitans morsitans* ergin peritrofik matriks proteomik analizinde peritrofik matriks yapısında yaklaşık 300 adet proteinin tanımlandığı belirtilmiştir. Bunlardan peritrofik matriks mimarisini oluşturan kitin bağlanma bölgesi peritrofinler veya peritrofin benzeri glikoproteinlerin insanlarda uyku hastalığına sebep olan *Trypanosome brucei gambiense* mikroorganizmasını bağlayabileceği belirtilmiştir. Kütle spektrometresi sonuçlarına göre toplamda 5 adet

peritrofin tanımlanmıştır; bunların 3 tanesi bu çalışmada ilk kez bulunmuştur. Bu 3 adet peritrofinden GmmPer12 isimli peritrofinin, 10 sistein rezidüsüne sahip peritrofin C bölgesi bir peritrofinin 4 adet sistein rezidüsüne sahip bir parçası olduğu belirtilmiştir. GmmPer66 ve GmmPer108 ise 6 sistein rezidüsü içeren peritrofin A bölgesi tipinde kitin bağlanma bölgesine sahip olduğu açıklanmıştır. Bu çalışmada ayrıca *Trypanosomes*' un herhangi bir kitinaz aktivitesine sahip olmayışının *G. morsitans morsitans* peritrofik matriksindeki kitin miktarının azlığı ile ilişkili olabileceği veya bu böceğin seconder endosimbiyontu olan *Sodalis glossinidius*' un kitinazlarının peritrofik matriksi degrades ederek *Trypanosomes*' a kolay geçiş imkanı yaratabileceği ihtimalleri de tartışılmıştır.

Toprak vd. (2016) tarafından proteomik analizi yapılan *M. configurata* larval peritrofik matriksinde, tanımlanan toplam 82 protein peritrofinler, enzimler (serin, amino ve karboksipeptidazlar, intestinal lipazlar, alfa-amilaz, kitin deasetilazlar, β - 1.3 glukanaz, alkalın fosfataz, dsRNaz, astasin, pantetheinaz) ve diğerleri (polikalın, Repat, serpin, C-tipi lektin vb.) olarak 3 grup altında toplanmıştır. Burada McCBD3P adı verilen bir peritrofinin, 152 amino asit uzunluğunda, 10 adet sistein rezidüsünden oluşan bir tip 3 kitin bağlanma bölgesine sahip olduğu bildirilmiş, bunun tip 3 kitin bağlanma bölgesine sahip rapor edilen ilk lepidopter peritrofini olduğuna vurgu yapılmıştır. Peritrofik matriksin kitin metabolizmasının kitin sentez, kitinaz, kitin deasetilaz ve N-asetilglukozaminidaz enzimleri tarafından sağlandığı bildirilmiştir.

Wang vd. (2016) tarafından 2016 yılında *M. domestica*' nın üçüncü dönem larvalarında peritrofik matriks proteomik analizleri gerçekleştirilmiştir. Moleküler ağırlıkları 8.225 ile 996.065 kDa aralığında değişen toplam 374 proteinden 8 tanesi peritrofin olarak belirlenmiştir. Bunların dipterlerde en yaygın görülen CX₁₁₋₂₁CX₅CX₉₋₁₉CX₁₀₋₁₄CX₄₋₁₆C motifine sahip ve 43-53 adet amino asit rezidüsünden oluşan peritrofin A kitin bağlanma bölgelerine sahip peritrofinler olduğu belirtilmiştir. Daha önceden *L. cuprina*' da tanımlanan Peritrofin-44 bu böcekte de bulunmuş olup bunun ardışıl kitin fibrillerini çapraz olarak bir araya getirip bağlanarak peritrofik matriks geçirgenliğini enzimlerin geri kazanımı ve sindirim ürünü proteinlerin ekto-peritrofik ve endo-peritrofik boşlukta yer değişimini sağlamak suretiyle yönettiğine ve bu anlamda hayati öneme sahip

olduđuna vurgu yapılmıřtır. Peritrofin-48, Peritrofin-55-benzeri, chondroitin proteoglycan-2-benzeri ve peritrofin-1-benzeri diđer bulunan peritrofinler olup bunlardan Peritrofin-55-benzeri ve chondroitin proteoglycan-2-benzerinin musin bölgelerine sahip olduđu, peritrofin-1-benzerinin ise immune sistem ile iliřkin bir peritrofin olduđu belirtilmiřtir. Çeřitli sindirim enzimleri ve savunma proteinleri de bu çalıřmada tanımlanan proteinler arasındadır. Serin proteazlarının sadece sindirim metabolizmasında deđil savunmada da rol alabildiđi belirtilmiř, bu çalıřmada da bulunan peptidoglikan tanıyan proteinlerin böcekler genelinde görülen önemli antibakteriyel savunma proteinleri olduđu vurgulanmıřtır.

Bu çalıřmalara ek olarak çeřitli böceklerde uygun antiserumlar kullanılmak suretiyle yapısal peritrofik matriks proteinlerinin belirlenmesine iliřkin çok sayıda çalıřma yapılmıřtır. Bu çalıřmalar; *Drosophila melanogaster* Meigen (Diptera: Drosophilidae)'de bir hemomusin (Theopold vd. 1996), *T. ni*'de bir böcek bađırsak musini (Wang ve Granados 1997), iki adet yeni, kitin bađlayan protein (Wang vd. 2004), TnPM-P42 isimli bir bařka peritrofin (Guo vd. 2005), *L. cuprina*'da Peritrofin-48 (Schorderet vd. 1998), peritrofin-15 (Wijffels vd. 2001), peritrofin-55 (musin) (Tellam vd. 2003), *A. gambiae*'de Ag-Aper1 (Shen ve Lorena 1998), Ag-Aper14 (Devenport vd. 2005), *Spodoptera frugiperda* Smith (Lepidoptera: Noctuidae)'da SfPer-33k (Bolognesi vd. 2001), *Chrysomya bezziana* Villeneuve (Diptera: Calliphoridae)'da CbPer-15 (Wijffels vd. 2001), *Plutella xylostella* Linnaeus (Lepidoptera: Noctuidae)'da bir böcek bađırsak musini (Sarauer vd. 2003), *Aedes aegypti* Linnaeus (Diptera: Culicidae)'de AeAper-50 (musin) (Shau vd. 2005), AeIMUCI (Devenport vd. 2006), *Melipona quadrifasciata* Peletier (Hymenoptera: Apidae)'da peritrofin-55 (Silva vd. 2005) ve *Loxostege sticticalis* Linnaeus (Lepidoptera: Crambidae)'de Lsti99 isimli bir peritrofin (Yin vd. 2010) olarak bilinmektedir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Materyal

3.1.1 *Leptinotarsa decemlineata* Say

3.1.1.1 Sistematikteki konumu

Alem: Hayvanlar alemi

Şube: Eklem bacaklılar şubesi

Sınıf: Insecta

Takım: Coleoptera

Familya: Chrysomelidae

Cins: *Leptinotarsa*

Tür: *Leptinotarsa decemlineata* Say

Sinonim: *Doryphora decemlineata* Say

3.1.1.2 Yayılış alanı

Zararlı Kuzey Amerika, Meksika, Avrupa ve Asya, Afrika, gibi dünyanın çok farklı coğrafyalarında yaklaşık 16 milyon kilometre kare gibi geniş bir alana yayılmış (Alyokhin vd. 2008), Türkiye’ de de patates yetiştirilen tüm bölgelerde görülmektedir.

3.1.1.3 Konukçuları

Solanaceae familyasından patates (*Solanum tuberosum* L.), patlıcan (*Solanum melongena* L.), domates (*Lycopersicon esculentum* L.) ekonomik öneme sahip olan en önemli konukçularıdır (Bruess 1940).

3.1.1.4 Gelişme dönemleri

Erginler 9-12 mm boyunda, sarı kırmızımsı renkli, sırtı kuvvetli bombelidir. Elitra formundaki üst kanatların üzerinde 5 bir elitrada, 5 diğer elitrada olmak üzere 10 tane uzunlamasına siyah renkli bant yer alır (<http://www.tarim.gov.tr> 2016) (Şekil 3.1). Bunların sayısı Latince’ de bu böceğin tür ismi olan ‘ *decemlineata*’ (10 adet çizgi) kelimesinin karşılığıdır. Abdomen son segmentinin ventralden görünüşü cinsiyetin tayin edilmesini sağlar. Bu kısım çökük olanlar erkek, normal uzananlar dişidir (<http://www.publications.gc.ca> 1992).



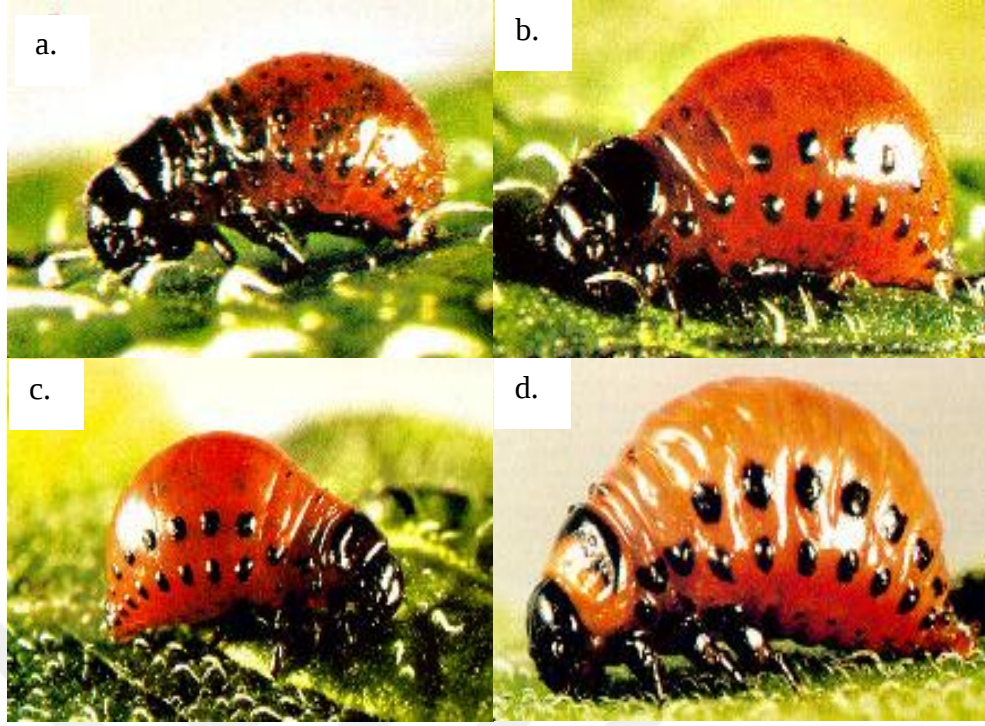
Şekil 3.1 *Leptinotarsa decemlineata* ergini

Yumurtalar koyu sarı ya da portakal renginde uzunlamasına oval şekillidir (Şekil 3.2.a). Ortalama 1-2 mm uzunluğundadır (<http://www.tarim.gov.tr> 2016).



Şekil 3.2.a. *Leptinotarsa decemlineata* yumurtaları, b. yumurtlayan dişi ergin

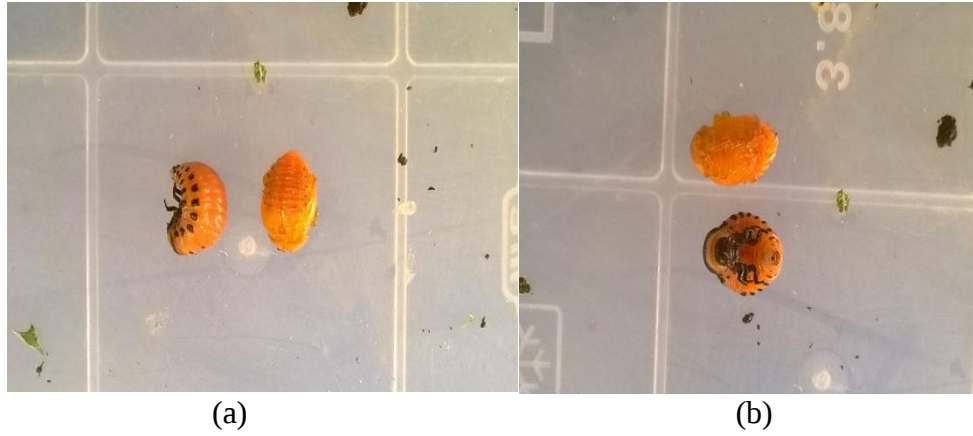
Olgun larva kambur duruşlu, portakal renginde ve yaklaşık 15 mm uzunluğundadır (Şekil 3.3.d) Vücut lateralinde siyah benekler bulunur, baş ufak ve siyahtır (<http://www.publications.gc.ca> 1992). Başın hemen üzerinde pronotum bölgesi kuvvetli sklerotize olmuş durumdadır (<http://www.publications.gc.ca> 1992). Pronotum birinci ve ikinci larval dönemlerde tamamen siyahtır (Şekil 3.3.a, b), üçüncü dönemden itibaren ön kısımdan itibaren renk açılarak vücut rengini alır (<http://www.publications.gc.ca> 1992) (Şekil 3.3.c). Dördüncü dönemde ise pronotumun hemen hemen yarısı vücut rengi olan açık kahve- portakal rengini almış olur. Kafanın enine genişliği ve pronotumdaki bu renk değişimi dört larva döneminin birbirinden ayrılmasını sağlayan kriterler olup kafa genişlikleri dört larva dönemi için sırasıyla ortalama 0,6 , 1, 1,6 ve 2,4 mm’ dir (<http://www.publications.gc.ca> 1992). Abdomen 9 segmentten oluşur. Son segment tüp şeklinde olup kaudal bir takım uzantılara sahiptir (Rivnay 1928). 4 larva döneminin bir arada görünüşü şekil 3.3’ deki gibidir.



Şekil 3.3 *Leptinotarsa decemlineata* larvasının dört biyolojik dönemdeki görünümü
(<http://www.publications.gc.ca> 1992)

a. birinci dönem larva, b. ikinci dönem larva, c. üçüncü dönem larva, d. dördüncü dönem larva

Pupalar açık turuncu renkte ve uzunlukları 8-10 mm civarındadır (Şekil 3.4).



Şekil 3.4.a,b. *Leptinotarsa decemlineata* prepupa ve pupa evreleri

3.1.1.5 Zarar şekli

Patates böceğinin yaşam döngüsünde yumurta, 4 adet larva, pupa ve ergin dönemleri yer almaktadır. Hem larva hem de erginler patates bitkisini genel olarak uç sürgünlerinden itibaren yiyerek zararlandırır. Uç sürgünler tüketildikçe bitkinin alt yapraklarına doğru yemeye devam ederler ve yoğun zarar durumunda bitkinin gövdesi hariç tüm yeşil aksamı ve varsa çiçekleri de tüketilir (Şekil 3.5).



Şekil 3.5 *Leptinotarsa decemlineata* larvaları patates yaprağında zarar yaparken

Patlıcan bitkisinin de yaprakları genelde dıştan içe doğru kemirilerek yenmekte, yapraklar yaprak sapından kırılarak varsa patlıcan meyveleri de kemirilmektedir. (Şekil 3.6).



Şekil 3.6 Patlıcan yaprağında *Leptinotarsa decemlineata* ergininin zararı

3.1.1.6 Biyolojisi

Erginler kışı toprağın gerektiğinde 50 cm'e kadar altına inerek diyapozda geçirir (<http://www.publications.gc.ca> 1992). Genelde Mayıs ayında toprak sıcaklığının 15 °C'ye doğru yükselmesiyle birlikte kışladıkları yerden çıkarak beslenecekleri patates ya da patlıcangilleri ararlar (<http://www.publications.gc.ca> 1992; <http://www.tarim.gov.tr> 2016). Bu esnada gerektiğinde uzak mesafelere de uçarak yayılım gösterirler. Besin ve sıcaklık açısından uygun koşullar bulduklarında bir süre beslenerek çiftleşir ve patates yapraklarının alt yüzeyine yumurtalarını yaklaşık 30'lu paketler halinde yapıştırarak dizerler. Bir dişi yaklaşık 1 yıllık yaşamı boyunca sayıca 2000'e kadar yumurta koyabilir (Racca vd. 2014). En yoğun beslenme 25 °C civarında olur, 10 °C ve altındaki sıcaklıklarda ise besin almayı tamamen durdurmaktadırlar (Racca vd. 2014). Yumurtlama 15-30 °C'de gerçekleşir, optimum değer ise 25 °C olarak rapor edilmiştir (Racca vd. 2014). Larvalar 12 °C ve üzeri sıcaklıklarda 4-12 gün içinde yumurtadan çıkmaktadır (Racca vd. 2014). 1. ve 2. dönem larvalar daha ziyade çıktıkları yaprağı yiyerek beslenirken, üçüncü ve dördüncü dönemdeki larvaların bitki üzerinde aktif şekilde dolaştıkları görülmektedir (<http://www.publications.gc.ca> 1992). Bu anlamda en

büyük zararı 3. ve 4. dönem larvalar yapmaktadır. Larvalar erken dönemler hariç kötü çevre koşullarına oldukça dayanıklıdır. Dördüncü döneme gelen larva toprağa inerek yüzeyden içeri birkaç santim toprağı kazmakta ve bu derinlikte prepupa dönemine girmektedir. Prepupa döneminde en az 4. dönem larvanın bitki üzerinde beslendiğı gün sayısı kadar zaman harcanmaktadır (<http://www.publications.gc.ca> 1992). Takip eden 5-7 günde ise pupalar başkalaşımına ergin olmakta ve toprağı kazarak dışarı çıkmaktadır (<http://www.publications.gc.ca> 1992). Pupa döneminin toplamda 10- 20 gün sürdüğü rapor edilmiştir (Racca vd. 2014).

3.2 Yöntem

3.2.1 Araştırma materyali bitki ve böceklerin yetiştirilmesi

Üzerinde filizlenmiş gözler bulunan patates yumru ve dilimleri, içinde otoklavda sterilize edilmiş toprak bulunan saksılara ekilmiş ve Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Serasında 28 ± 2 °C sıcaklık, % 45-55 orantılı nem koşullarında yetiştirilmiştir. Bitkiler 30-35 cm boya ulaşınca kadar 2-3 günde bir su ihtiyaçları karşılanmış ve bu boya ulaştığında da böceklere besin olarak verilmiştir.

Araştırmada kullanılan *L. decemlineata* popülasyonu, patates ekili durumdaki Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Haymana Araştırma ve Uygulama Çiftliği arazisinden toplanan yumurtaların Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü serasında yukarıda belirtilen koşullarda yetiştirilen patates bitkileri üzerinde açılmalarıyla başlatılmıştır. Ergin böcekler 28 ± 2 °C sıcaklık ve % 45-55 orantılı nem içeren fiberglas böcek yetiştirme kabinlerinde saksılı patates bitkileri üzerinde yetiştirilmiştir (Şekil 3.7).



Şekil 3.7 Böcek yetiştirme kabini içindeki *Leptinotarsa decemlineata* erginleri

Larvalar ise erginlerin çiftleşmesi sonrası bıraktıkları yumurtaların, bırakıldıkları yapraklarla birlikte kesilip alınarak 4. döneme girişleri tamamlanıncaya kadar yine aynı sıcaklık ve nem koşullarına sahip özel böcek yetiştirme odalarında steril kaplar içerisinde taze patates yaprakları üzerinde yetiştirilmiştir (Şekil 3.8-3.9). Bu esnada yapraklar nemli kağıtlarla sürekli taze tutulmuştur.



Şekil 3.8 Bitkiden koparılan yumurta bırakılmış yaprakların steril kaptaki görünümü



Şekil 3.9 Dördüncü döneme yeni girmiş ve girmekte olan larvaların steril kaptaki görünümü

4. döneme giren larvalar kısa bir süre içinde seradaki kabinlerin içerisinde yer alan patates bitkilerinin üzerine bırakılmıştır. Bu larvalar pupa olmak için saksıların içindeki toprağı kazarak girmiş, ergin çıkışı yapanlar da elle toplanarak (Şekil 3.10) diğer kabinlerdeki yeni patates bitkileri üzerine bırakılmıştır.



Şekil 3.10 Topraktan çıkış yapmış bir yeni ergin ve topraktaki çıkış deliği

3.2.2 Dokuların diseksiyonu

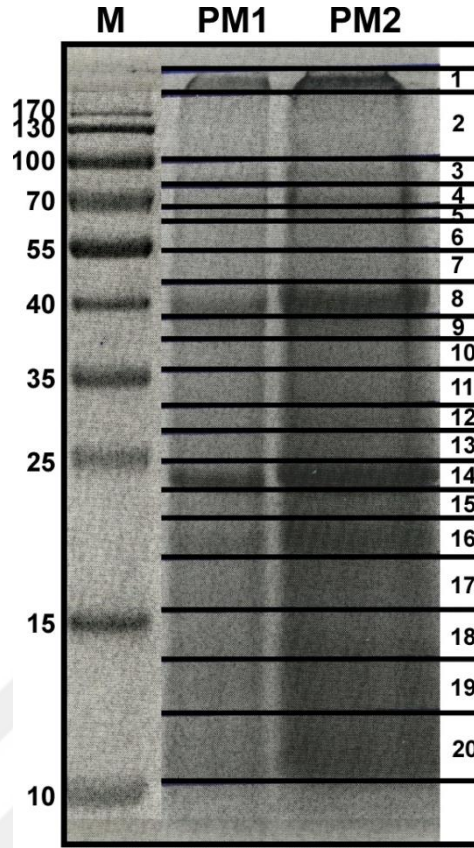
Yaklaşık bir hafta bitki üzerinde aktif olarak beslenen 20 adet 4. dönem larva, aktif beslenme sırasında bitki üzerinden alınarak soğuk proteaz inhibitör kokteyli (Roche Diagnostics GmbH) içinde disekte edilmiştir. Diseksiyon esnasında peritrofik

matrikslerin içindeki besin kalıntıları soğuk proteaz inhibitör kokteyli içinde temizlenmiştir. Daha sonra bu peritrofik matriksler 1X proteaz inhibitör kokteyli (Roche) içeren soğuk Ringer solüsyonuna (153 mM NaCl, 2.68 mM KCl, 1.36 mM $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$) aktarılmış ve analizler yapılınca kadar $-20\text{ }^\circ\text{C}$ 'de muhafaza edilmiştir.

3.2.3 Peritrofik matriks proteomiksi

Ringer solüsyonu içerisinde ezilen peritrofik matriksler santrifüjle 20,800 g'de $4\text{ }^\circ\text{C}$ 'de 1 dakika çöktürülerek yapısındaki zayıf iyonik bağlı ve serbest dolaşan proteinlerden temizlenmiştir. Bu işlem toplamda 3 kez tekrar edilerek hedeflenmeyen proteinlerin örnekten uzaklaştırılması ve peritrofik matriks pelletinin şeffaf hale gelmesi sağlanmıştır. Peritrofik matrikse kovalent bağ ile bağlı yapısal proteinlerin elde edilmesi amacıyla bu şeffaf pellet % 2.5 SDS ve %5 β -merkaptoetanol içeren solüsyonda $100\text{ }^\circ\text{C}$ 5 dakika kaynatılmıştır (Toprak vd. 2016). Örnek hemen buz üzerine alınarak karışım 20,800 g'de $4\text{ }^\circ\text{C}$ 'de 1 dakika çöktürülerek denatüre edilen yapısal proteinler tüp içerisindeki süpernatant sıvısından toplanmıştır. Protein konsantrasyonu Quick start Bradford Protein Assay kit (Biorad) kullanılarak tespit edilmiştir. SDS yükleme solüsyonu (50 mM Tris (pH 6.8), %2 SDS, % 0.05 bromofenol mavisi, % 10 gliserol ve % 2 β -merkaptoetanol) içerisinde kaynatılan protein örneği 10-30 μl ve % 12'lik poliakrilamid jele (Mini-protean TGX Stain Free Gels-Biorad) yüklenerek 70V'da 3 saat koşturulmuş ve Coomassie blue boyasıyla boyanmıştır.

Yapısal peritrofik matriks proteinlerinin belirlenmesi amacıyla bir boyutlu jel elektroforezinde elde edilen bantlar, LC-MS-MS tekniğiyle Uvic Genome BC firmasından hizmet alımı yoluyla analiz edilmiştir. Kısaca bu teknikte 10 μl ve 30 μl protein yüklenen jeldeki bantlar kesilip, Coomassie blue boyası temizlenip, dithiothreitol ile yoğunlaştırılıp, iodoacetamide ile bazikleştirilmiş ve sonrasında tripsin ile kesim için muamele edilmiştir (Şekil 3.11).



Şekil 3. 11 *Leptinotarsa decemlineata* peritrofik matriks proteomik analizlerinde enzim ile 20 parça halinde kesilen triptik jel bantlar

PM1'deki bantlar jele 10 µl, PM2'dekiler ise 30 µl protein yüklenmesiyle elde edilmiştir

Enzim ile kesilen peptitler, kurutulmakta ve sonrasında % 1'lik trifluoroasetik asitte çözülmüş ve HPLC ile kütlelerine göre ayrılmıştır. Ardından Z-sprey nanoelektrosprey iyon kaynağı adı verilen bir iyon sağlayıcı ile kesilmiş peptitler yüklendirilmiştir. Bu yüklü parçacıklar kolonlara yüklenerek çeşitli çözücüler arasında kütlelerine göre sıralanıp ardından argon gazı ile daha küçük peptitlere ayrıştırılmış ve ikinci bir kolona yüklenerek ve tekrar kütlelerine göre ayrılmıştır. Bu parçacıklar daha sonra “collision induced dissociation” adı verilen bir spektrumda bağlı bulundukları triptik peptite göre sıralanmış ve ilgili peptitin kütle-yük verileri hesaplanmıştır. Kütleleri belirlenen peptitler, daha sonra <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/171749> adresindeki patates böceği genom veri tabanında Scaffold biyoinformatik analiz programıyla taranmış ve peritrofik matriksin yapısında bulunan proteinler belirlenmiştir. Elde edilen kontigler Dr. David Heckel tarafından sağlanmış olan patates böceği larval mide transkriptom kütüphanesinde taranmış ve mideden kodlanmayan kontigler elemine

edilmiştir. İlgili proteinler en son aşamada ise UniProt protein bankasında BLAST analizlerine tabi tutulup ayrıca (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi>) adresindeki “conserved domain search-CDD” ve (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/>) adresindeki Interpro “protein sequence analysis” analiz sunucularında da FASTA formatındaki sekansları taranarak korunmuş rezidü yapıları belirlenmiştir.

3.2.4 Protein dizi özelliklerinin tahmini

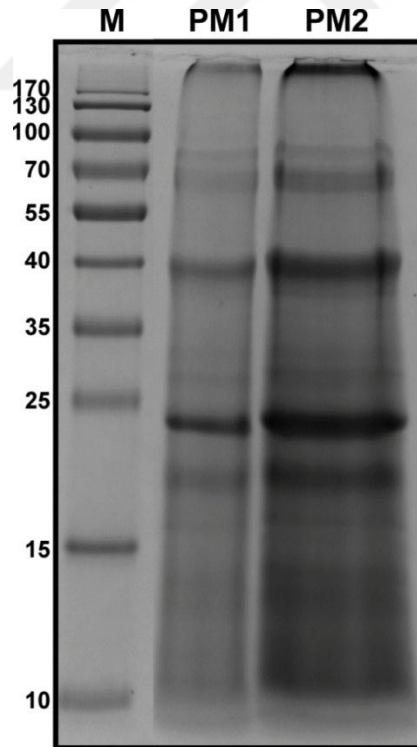
Hedef proteinlerin bazı özelliklerinin detaylı olarak belirlenmesi amacıyla web tabanlı bazı biyoinformatik dizi tahmin programlarından yararlanılmıştır. SignalP 4.1 Server sinyal peptitlerin tahmini, NetNGlyc 1.0 Server N-tipi glikolizasyon bölgelerinin tahmini, NetOGlyc 3.1 Server O-tipi glikolizasyon bölgelerinin tahmini, NetPhos 3.1 Server fosforilizasyon bölgelerinin tahmini, PredGPI predictor GPI (glycosylphosphatidylinositol) membran çapası tahmini ve TMHMM Server v. 2.0 transmembran bölgeleri tahmini için kullanılmıştır.

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1 Bir Boyutlu Protein Jel Elektroforezi

L. decemlineata larval peritrofik matriks proteomik analizlerinde toplam 138 adet proteinin varlığı belirlenmiştir. Bu proteinler peritrofinler, kitin metabolizmasına ilişkin enzimler, sindirim enzimleri, lipit metabolizmasına ilişkin enzimler, proteaz inhibitörleri, savunma peptitleri, detoksifikasyon ve strese ilişkin proteinler, taşıyıcı proteinler, diğer proteinler ve ortoğu veya korunmuş rezidüleri bulunmayan belirsiz proteinler olarak gruplara ayrılmıştır. Her bir gruptan proteinlerin özellikleri ayrı başlıklar altında ele alınmıştır.

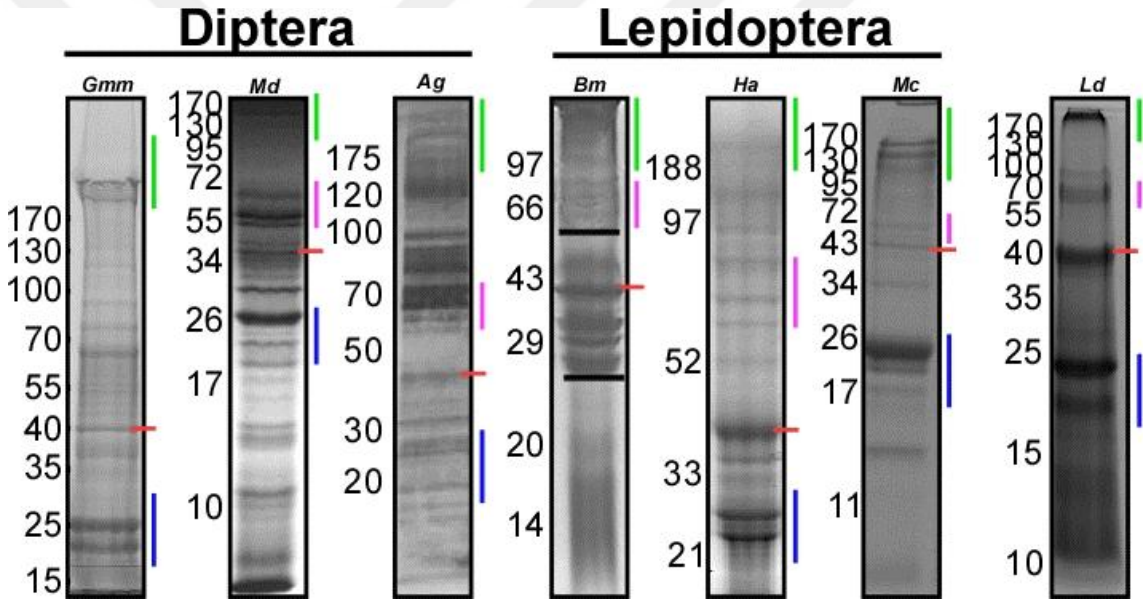
SDS-PAGE analizleri ve bir boyutlu jel elektroforezinde elde edilen bantlar şekil 4.1’deki gibidir.



Şekil 4.1 *Leptinotarsa decemlineata* proteomik analizleri bir boyutlu jel elektroforezinde elde edilen bantlar

PM1’deki bantlar jele 10 µl, PM2’dekiler ise 30 µl protein yüklenmesiyle elde edilmiştir

Burada görülen 8 adet belirgin bant PM2 başlığı altındaki sağ sütunda olduğu gibi jelle 30 µl protein yüklenmesiyle daha belirginleşmektedir. 20, 23, 40, 70 ve 280 kDa civarındaki bölgelerde en belirgin bantlar bulunmaktadır. Yakın zaman içinde yapılmış *G. morsitans morsitans* (Rose vd. 2014), *M. domestica* (Wang vd. 2016), *A. gambie* (Dinglasan vd. 2009), *B. mori* (Hu vd. 2014), *H. armigera* (Campbell vd. 2008) *M.confgurata* (Toprak vd. 2016) peritrofik matriks proteomik çalışmalarında görülen bantlar şekil 4.2'deki gibidir. Burada özellikle 40 kDa civarındaki bantların şekilde verilen tüm böceklerde ve *L. decemlineata*'da ortak olduğu söylenebilir. Yine 55-72, 17-23 kDa aralığında ve 170 kDa civarında tüm böceklerde ortak bantlar bulunmaktadır (Şekil 4.2).



Şekil 4.2 Peritrofik matriks proteomik analizleri yapılan çeşitli böceklerde proteinlere ilişkin bantların jel üzerindeki görüntüsü ve bunların mevcut çalışmadaki *Leptinotarsa decemlineata* (Ld) jelinin görünümü ile kıyaslanması

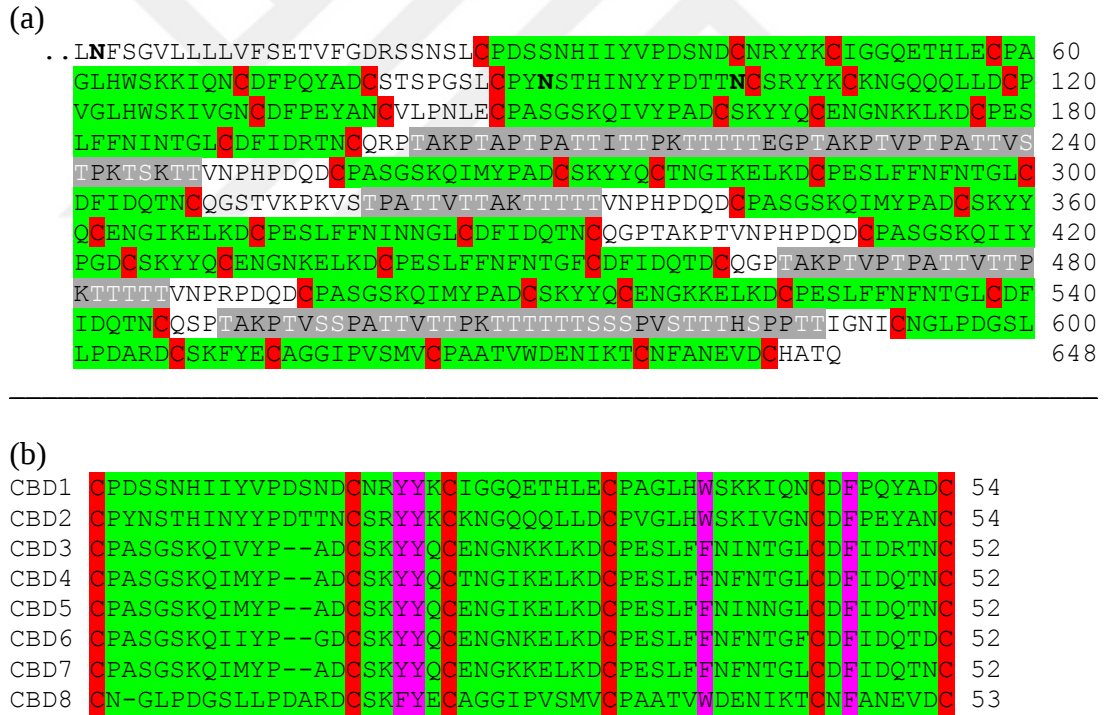
Gmm: *Glossina morsitans morsitans* (Rose vd. 2014), *Md*: *Musca domestica* (Wang vd. 2016), *Ag*: *Anopheles gambie* (Dinglasan vd. 2009), *Bm*: *Bombyx mori* (Hu vd. 2014), *Ha*: *Helicoverpa armigera* (Campbell vd. 2008), *Mc*: *Mamestra configurata* (Toprak vd. 2016). Kırmızı yatay çizgi tüm jellerdeki proteinlerin ortak baskın bantı olan 40 kDa'yı vurgulamaktadır. Pembe dikey çizgiler 55-72, mavi dikey çizgiler 17-23 kDa aralığındaki ortak bantları, yeşil dikey çizgiler ise genel olarak bağırsak musinlerinin yığıldığı 170 kDa civarındaki bantları belirtmektedir

4.2 Peritrofinler

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analiz sonuçlarına göre 7 adet yapısal peritrofik matriks proteini (peritrofin) belirlenmiştir. Bunlardan LDEC018409, LDEC019539 ve LDEC005654 böcek bağırsak musinleri, LDEC022798, LDEC024202, LDEC009423 ve LDEC009420 kodlu diğer dört peritrofin ise musinsiz peritrofinlerdir.

Scaffold analiz sonuçlarına göre 6 adet karakteristik peptiti 648 aminoasit uzunluğunda bir proteine karşılık gelen, 2161 baz çifti uzunluğunda bir cDNA tarafından kodlanan, 71 kDa tahmini molekül ağırlığındaki bağırsak musini LDEC018409'dur. Bu peritrofin bir kısmi protein olup sinyal sekansına sahip değildir. Sekans alignment sonuçlarına göre en yüksek benzerlik gösterdiği *T. castaneum* PMP9 (Uniprot Erişim No: D1MAJ7) ile benzerlik oranı % 30'da kalmıştır. Korunmuş bölge tarayıcısı (NCBI Conserved Domain Search) ile tarandığında 8 adet peritrofin A kitin bağlanma bölgesi ve 4 adet musin bölgesi içeren bir tekrarlı peritrofin olduğu görülmüştür (Şekil 4.3). Bu 8 adet kitin bağlanma bölgesinin majör rezidü dizilim benzerliği nedeniyle tekrarlı peritrofin sınıfı altında ele alınmıştır (Toprak vd. 2010). Peritrofin dizilimi içindeki aromatik aminoasit rezidüleri, radikal gruplarında aromatik halkalara sahip olup bunların 'hevein' ve 'tachycitin' modellerinde olduğu gibi hidrofobik interaksiyonlarla kitin bağlamaya aracılık ettikleri düşünülmektedir (Toprak vd. 2010) (Şekil 4.3). Böcek bağırsak musinleri hidroksil amino asitler olan serin ve treonin rezidülerinin O tipi glikolizasyonla oligosakkarit bağlaması ile oluşur (Devine ve Mckenzie 1992; Wang ve Granados 1997). NetOGlyc 3.1 O-tipi glikolizasyon tahmin programı sonuçlarına göre T²⁰² ile T²⁴⁸ arasında, T³¹⁹ ile T³³³ arasında, T⁴⁶⁵ ile T⁴⁸⁶ arasında ve T⁵⁵⁰ ile T⁵⁸⁷ arasında 4 adet musin bölgesi içermektedir (Şekil 4.3). Dizi içindeki musin bölgelerinde çeşitli aminoasit gruplarının tekrarlı yapısı böceğe özgüdür (Toprak vd. 2010). TAKPT(A/N)PTPATT ve TPKT rezidüleri birinci musin bölgesinde ikişer kez tekrar etmiştir. Musin bölgeleri sindirim lümenindeki serin proteazlarının bağlanabileceği rezidülerden yoksun, buna karşın glisin ve prolin gibi proteinaz erişimini sınırlayan sarmal formasyon oluşturacak aminoasitlerce zengin olduklarından (Toprak vd. 2010) peritrofinleri sindirim enzimlerine karşı dıştan korumaktadır. Böylelikle içeride kalan

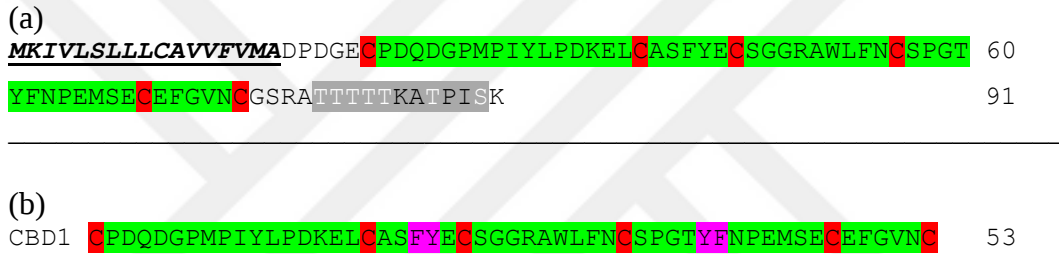
kitin bağlanma bölgelerindeki muhtemel serin proteaz bağlanma bölgeleri kitin fibrillerin bağlanması ve disülfid köprülerinin de yardımıyla erişilmez kılınmaktadır (Wang vd. 2004). Musin proteinleri peritrofik matriksi patojen istilası ve fiziksel etmenlere karşı koruyan ve besinin akışı için kaygan bir yüzey oluşturan en önemli koruyucu yapısal bileşenlerden biridir. Peritrofinler O-tipi glikolizasyona ek olarak N-tipi glikolizasyon da gösterebilir. Sekans içindeki N-X-S/T motif yapısındaki bölgeler muhtemel N-tipi glikolizasyon bölgeleridir. Burada X prolin dışındaki herhangi bir aminoasittir. N-tipi glikolizasyon ile ikili GlcNac rezidülerinin bağlanması PM proteinleri arasındaki moleküller arası interaksiyonlara katkıda bulunur (Dinglasan vd. 2009). LDEC018409'da NetNGlyc 1.0 N-tipi glikolizasyon tahmin sonuçlarına göre 3 adet N-tipi glikolizasyon ile ilişkili rezidü bulunmaktadır. Bunlar N², N⁹⁰, N¹⁰²'dir (Şekil 4.3.a, b).



Şekil 4.3.a,b LDEC018409 Böcek Bağırsak Musini

a. Aminoasit dizisi b. Kitin bağlanma bölgeleri. Yeşil fonlu alanlar kitin bağlanma bölgelerini, kırmızı fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri temsil etmektedir. Lila fonlu rezidüler aromatik aminoasit rezidülerini, kalın yazılmış N rezidüleri N-tipi glikolizasyona ilişkin asparajin rezidüleridir. Koyu gri fonlu rezidüler musin bölgelerini, bu rezidülerin beyaz renkli yazılanları NetOGlyc 3.1 tahmin sonuçlarına göre O-tipi glikolizasyona ilişkin serin ve treonin rezidüleridir

Diğer bir musin proteini LDEC019539 ise sinyal peptiti dışında 8 kDa tahmini moleküler ağırlığa sahip, 2 karakteristik peptiti olan ve 91 aminoasit uzunluğunda bir peritrofindir. cDNA'sı 461 baz çifti uzunluğundadır. En yüksek benzerlik gösterdiği varsayımsal peritrofin % 44 ile *Chrysomela tremula* Linnaeus (Coleoptera: Chrysomelidae) Peritrofin-1 olmuştur (Uniprot Erişim No: C3UTD2). Toprak vd. tarafından 2010 yılında yapılan sınıflandırmaya göre bir kitin bağlanma, bir de musin bölgesi içeren LDEC019539 basit bir peritrofindir (Şekil 4.4). T⁸⁰ ile S⁹⁰ arasında bir adet musin bölgesi içermektedir. LDEC019539 NetNGlyc 1.0 N-tipi glikolizasyon tahmin programı sonuçlarına göre potansiyel bir N-tipi glikolizasyon rezidüsü içermemektedir.



Şekil 4.4.a, b LDEC019539 Böcek Bağırsak Musini

a. Aminoasit dizisi b. Kitin bağlanma bölgeleri. Yeşil fonlu alanlar kitin bağlanma bölgelerini, kırmızı fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri temsil etmektedir. Lila fonlu rezidüleri aromatik aminoasit rezidülerini, kalın yazılmış N rezidüleri N-tipi glikolizasyona ilişkin asparajin rezidüleridir. Koyu gri fonlu rezidüleri musin bölgelerini, bu rezidüleri beyaz renkli yazılanları NetOGlyc 3.1 tahmin sonuçlarına göre O-tipi glikolizasyona ilişkin serin ve treonin rezidüleridir

LDEC005654; sinyal sekansı olmayan, tahmini 15.9 kDa moleküler ağırlığa sahip, cDNA uzunluğu 879 baz çiftinden oluşan bir peritrofindir. Tek bir peritrofin A kitin bağlanma bölgesine sahiptir. 8 adet karakteristik peptite sahip ve 142 aminoasit uzunluğundadır (Şekil 4.5). NetOGlyc 3.1 tahmin sonuçlarına göre S⁷, T⁸, T¹⁵, T⁸⁷, T⁸⁸, T⁹⁸, T¹³⁸ muhtemel O-tipi glikolizasyona ilişkin rezidülerdir. Buradan hareketle bu peritrofinin bir musin olduğu ileri sürülebilir. Yirmibeşinci asparajin rezidüsü NetNGlyc 1.0 tahmin programına göre muhtemel N-tipi glikolizasyon noktasıdır (Şekil 4.5). Ayrıca sekansın son bölümünde C¹X₂₀C²X₉C³X₁₂ konsensüsünde muhtemel bir yeni kitin bağlanma bölgesi tanımlanmıştır. Bu bölge CBD' olarak gösterilmiştir (Şekil 4.5.a, b).

(a)

LPENGG	STVNYEVST	LDPD	CPPPGNQSQSTYLPYYD	CSKFYE	TDGKKVLQD	PDDLFW	60
NIKLHV	CDYYYNVD	SYVWSSTGRPY	TTSGPGPVID	CTGVQDGT	YFADPF	DSTKFE	120
CSAIHFT	CEGKRWVD	PTVKCA					142

(b)

CBD1	CPPPGNQSQSTYLPYYD	CSKFYE	TDGKKVLQD	PDDLFW	NIKLHV	CDYYYNVD	56
CBD'	CTGVQDGT	YFADPF	DSTKFE	CSKGS	AIHFT	CEGKRWVD	41

Şekil 4.5.a,b LDEC005654 Böcek bağırsak musini

a. Aminoasit dizisi b. Kitin bağlanma bölgeleri. Yeşil fonlu alanlar kitin bağlanma bölgelerini, kırmızı fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri, mavi fonlu alanlar 4 sisteinli muhtemel yeni bir kitin bağlanma bölgesini temsil etmektedir. Koyu gri fonlu rezidüler musin bölgelerini, bu rezidülerin beyaz renkli yazılanları NetOGlyc 3.1 tahmin sonuçlarına göre O-tipi glikolizasyona ilişkin serin ve treonin rezidüleridir

LDEC022798; 906 baz çiftinden oluşan cDNA tarafından kodlanan, 17 aminoasitlik bir N-terminal sinyal peptite sahip ve sinyal peptit dışında geriye kalan aminoasit dizilimine göre tahmin edilen moleküler ağırlığı 28.9 kDa olan bir musin olmayan peritrofindir. Scaffold analiz sonuçlarına göre 2 adet karakteristik peptiti varsayımsal 281 aminoasit uzunluğunda bir sekansa sahip olan bu protein ile ilişkilendirilmiştir. Korunmuş bölge tarayıcısı (NCBI Conserved Domain Search) ile tarandığında bir Peritrofin A kitin bağlanma bölgesine sahip olduğu görülen bu protein sekans alignment sonuçlarına göre *T. castaneum* peritrofik matriks protein 5-B (Uniprot erişim no: D1MAJ6) ile en yüksek Blast skoru vermiştir. Benzerlik derecesi ise % 45,9 olmuştur. Bu peritrofinde sekans içinde sisteince zengin bölgeler bulunmakta, bu bölgeler yoğun olarak yüklü aminoasitler içermektedir (Şekil 4.6). (Toprak vd. 2010). Bu elektrostatik yüklenmiş bölgelerde yer alan muhtemel disülfid köprüleri bu alanları iyonik interaksyonlar için ideal bölgeler şeklinde biçimlendirir (Hegedus vd. 2016). Özellikle kanla beslenen böceklerde kanın içindeki toksik hemo proteinlerin elemine edilmesi adına önemli olan bu mekanizma (Devenport vd. 2006) genel olarak ağır metallerin tutulmasını sağlamaya yöneliktir. LDEC022798'de 2. ve 3. sisteinler arasında görülen ek sistein rezidüleri modifiye Peritrofin A bölgesine ilişkin olup mavi fonla gösterilmiştir (şekil 4.6). Üç adet kitin bağlanma bölgesi arasında toplamda % 72.222 benzerlik bulunan LDEC022798' in bir tekrarlı peritrofin olduğu söylenebilir.

LDEC022798’de 46. ve 275. rezidülerde N-tipi glikolizasyona ilişkin asparajın rezidüleri bulunmaktadır (Şekil 4.6).

a.

```

MIQFVICFFVFQSFVLASVPKCPKVDGKYPVYFSLPDCTKFCQCSNGTLYFHDCPDGLHF 60
NSVLNICDWPHRAGCDPARYDKDGGDDNDGGNDNDCDDQKCEITTENAEVNICQQNGIECP 120
KVDGKYPVYSALPDCTKFCQCSNGKPYLQNCPDGLHFNSILNVCDWPHRAGCNAVRDDTD 180
ADKDCGKDDNGNGGNDNDCDGGNKETATEKAEVNICLQNGIECPKVDGKYPVYSALPDCT 240
KFCQCSNGKPYLHGCPDGLHFNPELNVCDQPMNVNCSSISV 281

```

b

```

CBD1 CPKVDGKYPVYFSLPDCTKFCQCSNGTLYFHDCPDGLHFNSVLNICDWPHRAGC 54
CBD2 CPKVDGKYPVYSALPDCTKFCQCSNGKPYLQNCPDGLHFNSILNVCDWPHRAGC 54
CBD3 CPKVDGKYPVYSALPDCTKFCQCSNGKPYLHGCPDGLHFNPELNVCDQPMNVNC 54

```

Şekil 4.6.a,b LDEC022798 Musin olmayan peritrofin dizi bilgileri

a. Aminoasit dizisi b. Kitin bağlanma bölgeleri. Yeşil fonlu alanlar kitin bağlanma bölgelerini, kırmızı fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri, sarı fonlu alanlar sembolik sisteince zengin bölgeler, kalın yazılmış N rezidüleri N tipi glikolizasyona ilişkin asparajın rezidüleridir. Koyu yeşil fonlu sistein rezidüleri modifiye peritrofin A bölgesi ek sisteinlerini göstermektedir. Altı çizili ve italik rezidüler sinyal peptiti temsil etmektedir

LDEC024202, LDEC022798 ile sekans alignment sonuçlarına göre % 62 oranında bir benzerlik göstermektedir (Şekil 4.7).

```

LDEC0240202 -----LYFHDCPDGLHF 12
LDEC022798  MIQFVICFFVFQSFVLASVPKCPKVDGKYPVYFSLPDCTKFCQCSNGTLYFHDCPDGLHF 60
                                           *****

LDEC0240202  NSVLNICDWPHRAGCDPTRYDKDGGDDNDGGNGNDCCDDKKCEITTENAEVNICQQNGIECP 72
LDEC022798  NSVLNICDWPHRAGCDPARYDKDGGDDNDGGNDNDCDDQKCEITTENAEVNICQQNGIECP 120
*****:*****.*****:*****

LDEC0240202  MVDGKYPVYSALPDCTKFCQCSNGKPYLHDCPDCTKFCQCSNGKPYLHDCPDGLHFNSI 132
LDEC022798  KVDGKYPVYSALPDCTKFCQCSN-----GKPYLQNCPDGLHFNSI 160
*****:*****

LDEC0240202  LNVCDWPHRAGCNAARNDTDDDEDGGNSDDDDGDNDHDYDDQKCEITTEKADVNICQQNE 192
LDEC022798  LNVCDWPHRAGCNAVRDDTDADKDCGKDDNGNGGNDNDCDGGNKETATEKAEVNICLQNG 220
*****:***:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*:*

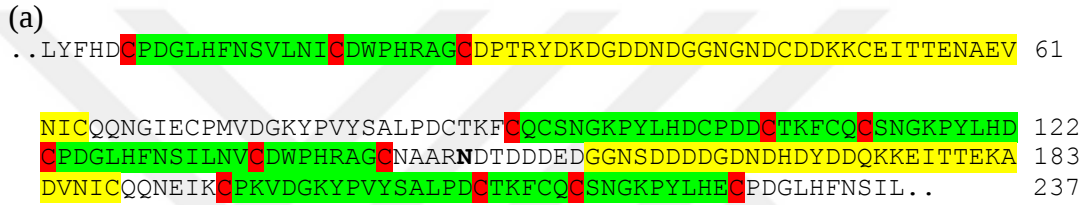
LDEC0240202  IKCPKVDGKYPVYSALPDCTKFCQCSNGKPYLHECPDGLHFNSI----- 237
LDEC022798  IECPKVDGKYPVYSALPDCTKFCQCSNGKPYLHGCPDGLHFNPELNVCDQPMNVNCSSIS 280
*:*****

```

Şekil 4.7 LDEC024202 ve LDEC022798’in alt alta sekans gösterimleri

Yıldızlı bölgeler benzeşen rezidülere ilişkindir

N-terminalden yoksun ve kısmi bir peritrofin olan LDEC024202'nin aynı zamanda C-terminalinin de bir kısmının kopuk olması LDEC022798'deki kitin bağlanma bölgesi 1 ve 3' ün de eksik peritrofin A bölgesi motiflerine sahip olmalarına yol açmıştır. Buna göre 1 adet peritrofin A kitin bağlanma bölgesine sahip olan LDEC024202 sinyal sekansından yoksun, 26,5 kDa tahmini molekül ağırlığına sahip 237 aminoasit uzunluğunda ve 1 adet karakteristik peptite sahiptir. cDNA 719 baz çifti uzunluğundadır. 149. asparajin rezidüsü muhtemel N-tipi glikolizasyona ilişkin bir rezidüdür (Şekil 4.8) LDEC024202'de musin bölgesi bulunmamaktadır. İki adet sisteince zengin yüklü bölgeye sahip olup bu bölgeler şekil 4.8'de gösterildiği gibidir.



Şekil 4.8.a,b LDEC024202 Musin olmayan peritrofin dizi bilgileri

a. Aminoasit dizisi b. Kitin bağlanma bölgeleri. Yeşil fonlu alanlar kitin bağlanma bölgelerini, kırmızı fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri, sarı fonlu alanlar sembolik sisteince zengin bölgeler, kalın yazılmış N rezidüleri N tipi glikolizasyona ilişkin asparajin rezidüleridir

LDEC009423, 753 baz çifti uzunluğunda cDNA tarafından kodlanan, sinyal peptit çıkarıldıktan sonra tahmini moleküler ağırlığı 22.4 kDa olan bir musin olmayan peritrofindir. Dört adet karakteristik peptite sahip ve 192 aminoasit uzunluğundadır. NetNGlyc 1.0 programı sonuçlarına göre 39 ve 122. asparajin rezidüleri potansiyel N-tipi glikolizasyon noktalarıdır (Şekil 4.9.a). Peritrofin A bölgesi motifinde iki kitin bağlanma bölgesi içeren bu peritrofin bir basit peritrofindir. Basit peritrofinlerin kitin bağlama özelliği kompleks ya da ikili peritrofinlere göre daha az olduğundan bunlar midenin ön kısmında sentezlenir ve kitin fibrillerin uç kısımlarını bağlayarak stabiliteyi sağlarlar (Agarwal vd. 2010). Çok sayıda kitin bağlanma bölgesine sahip olanlar ise çoklu yönlerden kitin fibrilleri çapraz bağlarla birbirine bağlayarak (Wang vd. 2004) sağlam bir hamak yapısı oluşturur.

(a)

MKHFATALLLFWGFVEIYA DYPT CPELDERATYFADPYNC SQYYE CSNGIRNHMTCPEDL	60
YWNDILTKCDYLENVDC NSHNTTPTPR CPYDPDKIVYSVDPNDCKSFYECYLGymFWQTC	120
PNDTYWNHLMNYCDDFENVDC TNI CGGKSDGTLIPDPHTKTQFYECVVGVGIIHFNCPQGT	180
QFDPEELKCLNV	192

(b)

CBD1	CPELDERATYFADPYNC SQYYE CSNGIRNHMTCPEDL YWNDILTKCDYLENVDC	54
CBD2	CPYDPDKIVYSVDPNDCKSFYECYLGymFWQTC PNDTYWNHLMNYCDDFENVDC	54
CBD'	CGGKSDGTLIPDPHTKTQFYECVVGVGIIHFNCPQGTQFDPEELKC	46

Şekil 4.9.a,b LDEC009423 Musin olmayan peritrofin dizi bilgileri

a. Aminoasit dizisi b. Kitin bağlanma bölgeleri. Yeşil fonlu alanlar kitin bağlanma bölgelerini, kırmızı fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri, mavi fonlu alanlar 4 sisteinli muhtemel yeni bir kitin bağlanma bölgesini temsil etmektedir. Lila fonlu rezidüler aromatik aminoasit rezidülerini, kalın yazılmış N rezidüleri N tipi glikolizasyona ilişkin asparajin rezidüleridir. Altı çizili ve italic rezidüler sinyal peptiti temsil etmektedir

LDEC009420; bir sinyal sekansından yoksun kısmi diziye sahip olup tahmini 16 kDa molekül ağırlığına sahiptir. Beş adet karakteristik peptite sahip ve cDNA'sı 2619 baz çifti uzunluğundadır. 141 aminoasit uzunluğundadır. Tek bir peritrofin A kitin bağlanma bölgesine sahiptir ve bir basit peritrofindir (Şekil 4.10.a,b). 108. asparajin rezidüsü NetNGlyc 1.0 tahmin programına göre muhtemel N-tipi glikolizasyon noktasıdır (Şekil 4.10) NetOGlyc 3.1 tahmin sonuçlarına göre T²⁷'de tek bir O-tipi glikolizasyon bölgesine sahip olan LDEC009420 bir Musin olmayan peritrofindir (Şekil 4.10)

(a)

..LIKKIMKKLNIWKVHIKKCTFFLTGPTPLPT CFYSESSVYYYDPTDCKKVYDC NGKGTLYS	60
ETCPDGLYWNHIQNYCDDFDNVDC TRGGGTVSV CSNLPD GALVPHPW NPSKFYEC VRGIP	120
VTFTCEGKQVFD PKHV CVDA	141

(b)

CBD 1	CFYSESSVYYYDPTDCKKVYDC NGKGTLYSET CPDGLYWNHIQNYCDDFDNVDC	53
CBD'	CSNLPD GALVPHPW NPSKFYEC VRGIPVTFT CEGKQVFD PKHV CVDA	46

Şekil 4.10.a,b LDEC009420 Musin olmayan peritrofin dizi bilgileri

a. Aminoasit dizisi b. Kitin bağlanma bölgeleri. Yeşil fonlu alanlar kitin bağlanma bölgelerini, kırmızı fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri, mavi fonlu alanlar 4 sisteinli muhtemel yeni bir kitin bağlanma bölgesini temsil etmektedir. Kalın yazılmış N rezidüleri N-tipi glikolizasyona ilişkin asparajin rezidüleridir

Her yedi peritrofin de *T. castaneum* ve *H. oblita* peritrofinlerinde olduğu gibi yalnızca peritrofin A bölgesi kitin bağlanma bölgelerine sahiptir. Peritrofin A bölgesi tipinde kitin bağlanma bölgeleri yaklaşık 48-57 aminoasit uzunluğunda ve 6 adet sistein rezidüsüne sahip olup genel dizilim kuralı lepidopterlerde $C^1X_{13-18}C^2X_5C^3X_{9-11}C^4X_{10-13}C^5X_{7-8}C^6$ iken dipterlerde buna ek olarak $C^1X_{11-21}C^2X_5C^3X_{9-19}C^4X_{10-14}C^5X_{4-16}C^6$ şeklinde de görülebilmekte (Toprak vd. 2010), coleopterlerde ise $C^1X_{11-17}C^2X_5C^3X_{9-14}C^4X_{12}C^5X_{5-7}C^6$ biçiminde olmaktadır. Ayrıca bu genel şablona ek olarak modifiye PAD yapıları da görülebilmektedir. *L. decemlineata* Peritrofin A bölgeleri 52-54 adet aminoasit ile uzunluk olarak *T. castaneum* peritrofinleri ile oldukça benzerlik gösterirken genel dizilim kuralı $C^1X_{13-17}C^2X_5C^3X_9C^4X_{12}C^5X_{5-7}C^6$ şeklinde olmaktadır.

4.3 Enzimler

Leptinotarsa decemlineata larval peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu peritrofik matriks yapısında 6 adet kitin metabolizması, 59 adet sindirim, 3 adet de lipit metabolizmasına ilişkin enzim belirlenmiştir.

4.3.1 Kitin metabolizmasına ilişkin enzimler

4.3.1.1 Kitinaz

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 3 adet kitinaz bulunmuştur. Bunlardan LDEC004443 ve LDEC018229'da D¹⁴⁶ ve E¹⁵⁰ katalitik rezidüleri (Girard ve Joannin 1999) *Phaedon cochleariae* Fabricius (Coleoptera: Chrysomelidae) numaralandırması Uniprot erişim no: O97403] korunmuştur. LDEC010425 ise bu rezidülerden yoksun ve inaktif olarak görülmektedir (Şekil 4.11).

LDEC004443	1	--MQHSVIFCVATVVF-----	14
LDEC010425	1	-MQQFLLISSVLLIFSSISSVSGGNVFCYFASWTFYRTGKGFVNNIDPSLCTHISFT	59
LDEC010229	1	-MKQIILITSSLFVLCSSI--SAGGNVFCYFASWTFYRPGNGKFDVTNIDPSLCTHISFA	57
Phaedon_cochlea..	1	MKNQVFISFCVLTILIFSSISIVSGRNIVCYFASWTFYRPGNGLFDVSNIEPDLCTHINFA	60
		* : .: ::	
LDEC004443	15	-----SLGFISPDGFKKIVELKKYNPQLKVLVSMGGWNEGSGNYSNVA	57
LDEC010425	60	FVGLGDDGTVKILDPWESNQEYGPKGFEHLIGLKQONPDLKVLVSMGGWNEGSGKYSQLA	119
LDEC010229	58	FVGVGENATVRIIDFWESNEDYGPKGFEHLVGLKQOHENLKVLLSMGGWNESSKFSYVA	117
Phaedon_cochlea..	61	FIGLHEDGTINIIDKNESDDDGKYHGFRNLLDLRNSHPSLKVLSMGGWNEGTFKNSKVA	120
		* .**::: :: :*.***:*****.: :* :*	
LDEC004443	58	KDPVLRKITLARNVLEFVQSKSEDFGFDLDWEVPGSRNGSHPDIDKENTIALLTEISDLLKP	117
LDEC010425	120	KNPTLRKSFASNVLFQFKTWKEDGFELDWA VPGFRDGSNPAIDK-----	163
LDEC010229	118	RYPFLRKRLASNVLAFVKQWKEDGFELDWEVPGFRDGSNPAIDRDDVTALMSDLRHVLAP	177
Phaedon_cochlea..	121	ADPVLRLKITLANNVGAFIRQVGEDGFEDIDWEVPGSREGSNVTIDKDNFVALLEDLSAVLHP	180
		* ** : * ** *: : ****:*** ** *:*** :*	

Şekil 4.11 *Leptinotarsa decemlineata* ve *Phaedon cochleariae* kitinazları

Katalitik bölge kırmızı çerçeve içinde gösterilmiştir. Oklar D¹⁴⁶ ve E¹⁵⁰ katalitik rezidülerini göstermektedir

Kitinazlar; mikroorganizmalar, bitkiler, böcekler ve memeliler olmak üzere geniş bir canlı yelpazesinde bulunan O-glikozit hidrolaz enzim superfamilyasına ait ve kitin metabolizmasında yer alan enzim türlerinden biridir (Kramer ve Muthukrishnan 2005). Böcek kitinazları ise glikozid hidrolaz 18 ailesine mensup ve gerek dış iskelete ilişkin kitin metabolizmasında, gerekse de peritrofik matriks formasyonunda yer almaktadır (Kramer ve Muthukrishnan 1997). Peritrofik matriks yapısında yer alan endo kitinazların ekspresyonu deri değiştirme zamanlarında maksimum seviyeye ulaşarak peritrofik matriks formasyonunu sağlarken (Zheng vd. 2003) aktif beslenen larva ve ergin peritrofik matrikslerinde de belli bir düzeyde ekspresyon görülmesi (Girard ve Jouanin 1999; Zhu vd. 2008; Toprak vd. 2014) bu kitinazların asgari düzeyde bir kitinolitik aktivite göstermek suretiyle peritrofik matriksi hafifçe şekillendirdiğine delil olarak sunulmaktadır (Hegedus vd. 2016).

4.3.1.2 Kitin deasetilaz

Mevcut proteomik analiz sonuçlarına göre 1 adet kitin deasetilaz enzimi *L. decemlineata* peritrofik matriks yapısında yer almaktadır. Onaltı aminoasit uzunluğundaki sinyal sekansı dışında kalan tahmini moleküler ağırlığı 36.95 kDa'dır.

Bu kitin deasetilaz, kitin deasetilazların karakteristik 5 adet karakteristik motifindeki (Dixit vd. 2008) katalitik aminoasit rezidülerinden yoksun olduğundan (Şekil 4.12) inaktif bir enzimdir. Bu sebepten *T. castaneum* inaktif kitin deasetilaz (Uniprot erişim no: A8W492) ile en yüksek blast sonucu vermiş, yapılan sekans alignment ve motifler şekil 4.12’de gösterilmiştir. Burada sözü geçen motif 1 orjinal olarak TFDD şeklinde olup bu motifteki D’lerden biri çinko, diğeri substrattan kopan asetatı bağlamakta, Motif 2 esas olarak H[S/T]xxHP şeklinde olup buradaki H’ler metal iyonuna bağlanmakta, S ya da T’ler de ikinci H ile hidrojen bağı kurmaktadır (Dixit vd. 2008). Motif 3 esasen RXPY/F şeklinde olup, bu bölge de çinko bağlama, asetat bağlama ve katalitik D’nin aktivitesini koordine eden kısımdır (Dixit vd. 2008). Motif 4 DxxDW şeklinde olup buradaki W aktif cebin formasyonunu sağlamakta iken, Motif 5’deki L ve H asetat metil gruplarına bağlanan cebi meydana getirmektedir ve buradaki H son ürün olan asetat ile hidrojen bağı kurmaktadır (Dixit vd. 2008).

LDEC021542	1	LTDIKPYVFRLLGNCMRTAIIMKFAIVLSLFLVALEAVPSAVGEKASVCSDDDEC--TDQC	58
TriboliumKitosan	1	-----MKTTTV-----ILLCTWAVLA---QSMSIKDAEKCSDEKCKIGDNC	38
		*::: *::: *::: *::: *::: *::: *::: *::: *	
		Motif 1	
LDEC021542	59	RCSSAEHPLPDS-----DLEDIPQPLFFNRPNDGPVIGATFFVPHEYT	102
TriboliumKitosan	39	RCSSTKSPLDGDAPQLITLTFDEAVVNNIFTDVKPLLFDRKNPDGNPISATFFVPHEYT	98
		****:: ** ..	
		Motif 2	
LDEC021542	103	NYKMVNDVFNLGFEVA-----IYWRNATEEILTQEFDGQKKIISKFANIPTENII	152
TriboliumKitosan	99	DYRRVQELYVQGFEIGVNSITKNSTAEYWLKASEDVLREEFEGQRILMSHFANIPEDIV	158

		Motif 3 Motif 4 Motif 5	
LDEC021542	153	GVRTPLQLLAGNISIKAYQAAGLQYDSWPTTPIKPLFPYTLDYLLSTQECNLGNECPNEA	212
TriboliumKitosan	159	GARTPLQLQGDASVNAYVASQVAYDSWTSRSTSMFPYTLDYLLSTQECRTGTTCPKDP	218

LDEC021542	213	FPDFWILPINDLNGNET----WCNTMSDCNVVGTADQIADWLTNEVDIIRNNTKLPMTLI	268
TriboliumKitosan	219	HAGFWVAPIINIQGNSTDGILECNSLNTCNFHGTAEIEAQWLLSQIERERSTTKAPLSLM	278
		. **:: ** ::::** *::: ** *:::***::*** *::: *..** *:::*	
LDEC021542	269	VNSNWFDFIANSYAGFEKFLNRLQEKDVFVLSQKQVLDWMKNPVTLSFKTESPSNSAS	328
TriboliumKitosan	279	VPSSWFRFTDINSYEGFKTFLDELAKLNDVFLVSLKQVIDWTKNPVSASDFKTDVPERTAD	338
		* *..** * **** *:::*** *:::***** *:::*** *:::*** *:::*	
LDEC021542	329	CHPV-RCTL-DKDGTRYMDSCVACPKVYPWLGNDGDKK-----	366
TriboliumKitosan	339	CDNPRNCPLRNTNGDLRYMMSCEPEVYPWLGNDGQAETTTTAPTTAEPTTPTPEETT	398
		*. *..* *:::*** *:::***** *:::***** *:::***** *:::*****	
LDEC021542	367	-----	366
TriboliumKitosan	399	TPEAF	403

Şekil 4.12 *Leptinotarsa decemlineata* ve *Tribolium castaneum* kitin deasetilazları

Kırmızı çizgili bölge katalitik bölgeyi, kırmızı kutu ile çevrili bölgeler ise motifleri temsil etmektedir. Bu motiflerdeki rezidüler korunmadığından her iki enzim de inaktif olarak görülmektedir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

Kitin deasetilazlar kitinin deasetilasyon yoluyla fiziksel ve kimyasal özelliklerinin değişmesi ile birlikte peritrofik matriksin de yoğunluğu ve geçirgenliği değişmektedir (Toprak vd. 2010). Deasetilasyon sonucu ürün olarak elde edilen kitosanın peritrofik matrikse bir elastikiyet sağladığı öne sürülebilir. Kitin deasetilazların patojenlere karşı hassasiyete de bir etkisi bulunmaktadır. Kitin deasetilaz genlerinin patojen istilası sonrasında böcek tarafından ekspresyonunun azalması PM geçirgenliğini azaltarak bakulovirüse karşı hassasiyeti de azaltmaktadır (Jakubowska vd. 2010).

4.3.1.3 N-asetilgalaktozaminidaz

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucunda 2 adet GH27 ailesine ait N-terminalinden yoksun enzim bulunmuştur. LC-MS/MS sonuçlarında α -N-Acetylgalactosaminidase ilk adı ile yer alan bu proteinler α -bağlı D-N-acetylgalactosamine rezidülerini proteinlere bağlanmış oligosakkaritlerden ve N-glikanlardan ayıran spesifik ektoglikozidazlardır. Bu enzimler Uniprot protein veri tabanında diğer Coleopter türlerinin GH27 enzim türleriyle yüksek benzerlik göstermişlerdir (*D. ponderosae* N-asetilgalaktozaminidaz Uniprot erişim no: J3JUA1, % 71.2) (Şekil 4.13). D²⁰¹ katalitik rezidüsünü içeren CNLWRNYDDIQDSW motifi (Davis vd. 1993) şekil 4.13’de görülmektedir.

```

LDEC003818          LQNLSGIVKELRLGLSKLSEMYKIWTSLVVV-IYLGSNVTPLENGLARTPPMGWLAWERF 59
TR|J3JUA1|J3JUA1_DENPD -----MFKKWTSSVGATLAVLISSAVSLNGLARTPPMGWLAWERF 40
TR|D1ZZP5|D1ZZP5_TRICA -----MCQKCQIGILVFCLISGGIALENGLARTPPMGWLAWERF 39
SP|Q90744|NAGAB_CHICK -----LENGLARTPPMGWLAWERF 19
*****

LDEC003818          RCNTDCKNDPNCISENLFRTMADILVNEGYASAGYEYINVDDCWLEKERNAYGELVADR 119
TR|J3JUA1|J3JUA1_DENPD RCNTDCKNDPNCISENLFRTMADIVVSEGYANVGYEYINVDDCWLEKERNQYGELVPDR 100
TR|D1ZZP5|D1ZZP5_TRICA RCNTDCKNDPNCISENLFRTMADIVISEGYAAAGYEYINVDDCWLEKERDRFGQLVPDR 99
SP|Q90744|NAGAB_CHICK RCNVNCREDPQCISEMLFMEMADRIAEDGWRELGYKYINIDDCWAAKQDAEGRVLVDP 79
***.:*:*:* :*** ** ** :.:* :*:***:*** *:*: *.** *

LDEC003818          VRFPRGMKALSAYVHSGKLKFGIYEDYGNYTACAGYPGV-LGFLESFASTFASWDVDVYVKL 178
TR|J3JUA1|J3JUA1_DENPD TRFPRGMKALSDYVHAKGLKFGIYEDFGNYTCAGYPGV-IGNLQQDAETFASWDVDVYVKL 159
TR|U4UPP5|U4UPP5_DENPD TRFPRGMKALSDYVHAKGLKFGIYEDFGNYTCAGYPGV-IGNLQQDAETFASWDVDVYVKL 159
TR|D1ZZP5|D1ZZP5_TRICA QRFPGRGMKALADYVHSGKLKFGIYEDFGNYTCAGYPGV-LGYLRDLETFASWDVDVYVKL 158
SP|Q90744|NAGAB_CHICK ERFPRGIKALADYVHARGLKLDIYDGLGRLTCGGYPGTTLDRLVEQDAQTFAEWGVDMLKL 139
*****:***: ***:****: ** * *. **,****. : :. **,****. * ** :**

LDEC003818          DGCYAHPRDMDRGYPEFGYQLNRTG----- 203
TR|J3JUA1|J3JUA1_DENPD DGCYAHPSMDRGYPEFGFYLNRTGRAMIYSCSWPVYQIYA-----GMAPNFTSIIQS 213
TR|D1ZZP5|D1ZZP5_TRICA DGCYAHPSMDRGYPEFGFYLNQTGRAMMYSCSWPVYQIYA-----GMQPNFTSIIHC 212
SP|Q90744|NAGAB_CHICK DGCYSSGKEQAQGPQMARALNSTGRPIVYSCSWPAYQGGL-----PPKVNYTLLGEI 193
****: : :****:. ** **

LDEC003818          -----HSWASVESIIDYYGNNQDVIVPNAGPGHWNPDPMVSIELYREMFF---- 249
TR|J3JUA1|J3JUA1_DENPD NMWRNFDI IQDSWASVESIIDYYGNNQDVIVPNAGPGHWNPDMLIIGNFGLSYEQSKTQ 273
TR|D1ZZP5|D1ZZP5_TRICA NLWRNFDI IQDSWASVESIIDYYGNNQDVIVANAGPGHWNPDMLIIGNFGLSYEQSKTQ 272
SP|Q90744|NAGAB_CHICK NLWRNFDI IQDSWDSVLSIVDWFFTNQDVLQPFAGPGHWNPDMLIIGNFGLSYEQSRSQ 253
. ** ** *:*:*. :.****: *****: * : .

```

Şekil 4.13 *Leptinotarsa decemlineata* N-asetilgalaktozaminidazlarından LDEC003818'in diğer canlı türlerindeki glikozit hidrolaz 27 grubu enzimlerle alt alta dizilim gösterimi

Yukarıdan aşağı sırasıyla *Dendroctonus ponderosae* N-asetilgalaktozaminidaz Uniprot erişim no: J3JUA1, *Tribolium castaneum* glikozit hidrolaz 27 Uniprot erişim no: D1ZZP5, *Gallus gallus* Linnaeus (Galliformes: Phasianidae) Uniprot erişim no: Q90744. Kırmızı fonla gösterilmiş CNLWRNYDDIQDSW rezidülerinin içinde yer alan sarı fonlu D²⁰¹ katalitik rezidü olarak verilmektedir (Davis vd. 1993). Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

4.3.2 Sindirim enzimleri

4.3.2.1 Serin proteazları

Alkali mide pH derecesine sahip böceklerde protein katabolizmasını domine eden serin proteazları (Jackson vd. 2004), asidik bir mide ortamına sahip olan *L. decemlineata*'nın mevcut proteomik analizinde de 1 adet tripsin, 2 adet elastaz, 1 adet de kimotripsin benzeri inaktif serin proteazı olmak üzere 4 adet bulunmaktadır (Şekil 4.14). *L. decemlineata* serin proteazları S1 serin peptidaz (IPR001314) ailesine ait olup H⁵⁷, D¹⁰² ve S¹⁹⁵ (sığır kimotripsin numaralandırması, Rawlings ve Barrett, 1993) katalitik rezidülerini içeren korunmuş TAAHC, DIAL ve GDSGGP genel motiflerine sahiptir.

Burada H⁵⁷, D¹⁰² ve S¹⁹⁵ rezidülerini eksiksiz bulundurmayan motifler katalitik aktivite göstermeyen inaktif formlar olarak tanımlanmıştır (Rawlings ve Barrett, 1993). 189. rezidü enzim türü için karakteristik olup burada D bulunduranlar tripsin (Şekil 4.14.a), S bulunduranlar kimotripsin (Şekil 4.14.b), G bulunduranlar elastaz olarak sınıflandırılmıştır (Şekil 4.14.c, d) (Toprak vd. 2016).

(a)

LDEC010984 Tripsin

MLKLIVVLAVSYVVLATQKSKYSIPANVRIIGGEDADIAEFPWQISLQRNHEHS	54
CGGFLISNTWVA TAAH CLFTGSNTNLYIRAGSSRTDSGGQVSKVDRFIVHPYYN	108
DSSLDY DVALL QLVSPVTPPNATAAALPEAGKAVPVGAMLTVTGWGYTFNDKIL	162
APVILQQVSIPILSHAACSRAYAGESITSQMFCAGLYGTGGK DSCQGDS GGPAV	216
ADGEVVGIVSW G NGCGDPYFP G VYVKVSSLRDWIKQVTEI	256

b)

LDEC016760 Kimotripsin-benzeri (İnaktif)

MKILLIFAVFSVSQAVPKLSDYFVHPYQRQHQPRLPIGLRIIGGNDASPHAY	54
PYQVGIAVKVEVILGAHNVTAEEDSQVRLVSDIVVHEEWDRTLTN DIAL IKL	108
PSPVKETDAIKIIDIAAGRDSFVGDKG	135

(c)

LDEC011912 Elastaz

LRNILERLGKIRIVCDDIMLLKLIFCLWSFSSVRGQTFKSLTPRLRIIGGDEAV	54
PHAFPYQVGLLINNRALCGASLISENYVL TAAH CATEIYNNNVEVILGAHNITA	108
NETSQVRIKGTDIHIIHENYDYTSFQN DIAL IRLASPAPLNDVIKTVALPSRRDR	162
GKTYLNQETTSIGWGLTEDKHNPTLKDITSTLRVVNVTVMDLDECADDYNDDEET	216
GVVYVSEVNICTTGYKNK GTCNGDS GGPLLYKSKQIGIVSIGSTLCMCSPSVF	270
TKVAWFLDWIEEKTDVAIS	289

(d)

LDEC010492 Elastaz

MYFKLGCIVWISIVLANSASNLKIIIGGEPADIKDYPYIVSLYNNHDYWCDGSIL	54
DEYTL TAAH CVIESQTPGDYFILYGNTNVSSGNKMQITRLIHHADFIIEPPYT	108
Y DIAI IKLTEPISFGETAQPVKLPKPHESTPANKTASLAGWGENDRRKWHDKTN	162
PIRIGDIVLIVDEKAPRNQWIIGKIEETFPKGDVIRIVRIRNKHGTYVRPVTK	216
AFTTPENLHAVNLTIFSDEECVDSYHDIEEGGVNPETELCAGVPEGGKGSCH GD	270
SGG PLVIDGVQYGIVSY S NGCAVKGY P GVYTKVSGYLDWIEKHR	314

Şekil 4.14.a,b,c,d *Leptinotarsa decemlineata* serin proteazları

a. Tripsin b. Kimotripsin benzeri c. ve d. Elastaz. Katalitik bölgeler kırmızı ile yazılmış, katalitik rezidüler gri fonla vurgulanmıştır

Serin proteazları protein katabolizmasının dışında peritrofik matriks formasyonunda da görev alabilmekte (Rose vd. 2014), peritrofik matriks proteinlerini tamamıyla kitin bağlanma kabiliyetini kaybettirmeden degrade edebilmektedir. Hatta çok sayıda kitin bağlanma bölgesi içeren peritrofinlerin bu yüksek sayı sayesinde bu duruma toleranslı olabileceği de düşünülmektedir (Wang vd. 2004).

4.3.2.2 Karboksipeptidazlar

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucunda bulunan 5 adet karboksipeptidazdan 2 adeti serin karboksipeptidaz ailesinin S28, 3 adeti de S10 olmak üzere iki farklı grubuna ayrılmışlardır. S28 Prolikarboksipeptidazlar katalitik S¹⁷⁹-D⁴³⁰-H⁴⁵⁵ (insan lizozomal Pro-X karboksipeptidaz Uniprot ID: P42785) rezidülerine sahiptirler (Goptar vd. 2013) (Şekil 4.15.a). S10 serin karboksipeptidaz ailesinde bu rezidülerin numaraları sırasıyla 204-388-448 (insan S10 karboksipeptidaz Uniprot erişim no: Q9H3G5) şeklindedir (Şekil 4.15.b). Bu rezidüler *L. decemlineata* karboksipeptidazlarında da korunmuştur. Karboksipeptidazlar; proteinlerden C-terminal amino asit rezidülerini ayıran ekto peptidazlar olup serin ya da metalloproteaz proteinaz ailelerinden birine aittirler (Parussini vd. 2003). Asidik ortamda faaliyet gösteren serin karboksipeptidazlar aynı zamanda esteraz ve deaminidaz aktivitesi de gösterebilir (Remington ve Breddam 1994).

(a)

LDEC020078 S10 Serin karboksipeptidaz

MLTCVMVMLENRCSFLLKLI IKMILRLQGGPSSISTFGRFGENGPFNNNDNK	54
VDIREHYWSKSHSILYINNPAGNGFTFTNGGYARNQTKVGDDLFETLQRFFTL	108
FPEIQKNDFFITEEAHRGKYVPTLEHQFRYADYLLECLTWAGESFETTMIKTL	162
VVISLIHFSWAFLRPFQRKIDADLRFGDAGEPLILTPLLRRGQIEEARLAAEV	216
HLEDLKNVTSYSGYLTVDETFNSNLFFWFFPSETDYQNDPVILWLQGGPGSS	270
MFGLFSENGPFFFTSKNVIDIREHRWSRRHSVLYIDNPAGTGFSFTNGGYARN	314
QTKVGNDLFETLQQFFTLFPEIQKNDFFVTGESYGGKYVPALGYAIHHRNPEA	368
EIKINLQGMAIGNGLSDPENQFRYADYLQQIGLIDRRTRNAMHSLEHHCSEAI	422
RKGEYQKALDILDEDFNSNNSIFSVATGYENVYNHLNPFDTVDENSMGIFFOR	476
ADVRS AIHVGNTSFGDDKVYENLELDIVKSIVPWVSELLSHYRMLFYNGQLDI	530
IVAYPMMVTYLEKMKFSAHEEYKKAPRHVWKVDQDLAGYVKSAGNLTEVLVRN	584
AGHLVPADQPKWSLDMISKFVRNEYIAGPI	614

(b)

LDEC016394 S28 Prolikarboksipeptidaz

<u>MTKL FVLISIAVLLCIVETGHCWRFF</u> YNGRVVDKDYQNTKSWNLQSSPSKYERW	54
FTQKLDHFNPNDERTWKQRYVNDDEFVNKQRNIAFLMIGGEASADWMESGAW	108
IDYAKEFKPICFQLEHRYYGKSHPTEDLRITKNLKFLLSSQQALVDVAYFIENMNI	162
QYELSPDVKWIAFGGSYPGSLAAWLRQKYPHLVHGAMSASGPLLAELNFDQYFK	216
VVEDDLRLYSDDCLNAVQEGTIQVNTLLKHKLGQRNLDTLFLCDPIGRNVENS	270
LDISNFFSTLAGNFAGIAQYNKDNRKSNRQHNVTLDVLCNIMVNQSIGPQITRL	314
SAVNNLILSITNQECLDYKYDKMISELRNISWDSITSEGGRQWTYQTCTEFGFY	368
QTSYKPKQIFGDKFPLDFSVQQCTDIFGPRYNLTFLQDAVERTNIMYGALNIDV	422
TNVFVHGSVD PWHALGITKTLENRAPIYIEGGAHCSNMPKSENDTPQLRAA	476
RVQIQQLIGSWLDL	490

Şekil 4.15 *Leptinotarsa decemlineata* a. S10, b. S28 karboksipeptidaz ailelerinden proteazlardaki katalitik rezidülerin görünümü

Altı çizili italik rezidüler sinyal peptiti temsil etmektedir

4.3.2.3 Sistein proteazları

L. decemlineata peritrofik matriks proteomic analizleri sonucunda 6 adet Katepsin B, 7 adet Katepsin L ve L1 benzeri olmak üzere toplam 13 adet sistein proteazı bulunmuştur. Sistein proteazları; Peptidaz C1A (IPR013128) ailesinden olup papain numaralandırmasına göre C²⁵ ve H¹⁵⁹ katalitik rezidülerine sahiptir (İnsan Katepsin B numaralandırması, Rawlings vd. 2014). Bunun dışında iki aktif rezidüsü daha bulunur. Bunlar; Q¹⁹ ve N¹⁷⁵ olup molekül stabilitesini sağlarlar (Rawlings ve Barret 1993) (Şekil 4.16).

```

LDEC007042      TNIPDSINWVEKGAVLPVRDQKDEESYVAISAVEGIEGQIFIKYNETIALSAQQQLVDGV 98
LDEC002053      LEVPDSIDWTEKGAVLDIKDQGDGSCWAFSSTGALEGNNAIINNVIPLSEQQLLDSA 164
LDEC002055      LEVPDSIDWTEKGAVLEVVDQNPQSCWAFSATGALEGNNAIINNVIPLSEQQLLDSG 167
LDEC002059      LEVPDSIDWTQKGAVLDVKYQGGGSCWAFSATGALEGNNAIINNVIPLSEQQLLDSK 167
Papain          --IPEYVDWRQKGAVTVPVKNQSGSCWAFSAVVTIEGIIKIRTGNLNQYSEQQLLDDR 58
                :  ::* .. ** : * * * .::*: * *:***

LDEC007042      -YPNGCLE--EPVRDITLDYLVD-TGLTTEADYPYTGVGKGCIRGN--RS-VHIRGYFFLS 151
LDEC002053      SYGNNGCNYGGNMAAAFEYVTD-YGIEADQSYSYKGRQTVQCQYDANKIV-LKIKGYKNVT 222
LDEC002055      SYGNNGDCDEGGIMSAAFEYVRD-YGIEAEESYPYKSIE TVCQYDASKTI-LKIKGYKNVT 225
LDEC002059      PYGNDDCEHGGILMSFAFDYVLD-KGIEADSSYPYKGIDTPCQYDAKKTIV-LKIKGYKNVS 225
Papain          R--SYGCN-GGYPWSALQLVAQ-YGIHYRNTYPYEGVQRYCRSREKGPYAAKTGDGVRQVQ 114
                . :      :: : : * * . * * :

LDEC007042      -NDEIDLKNQVATVGPISVTLNTH--QWQSYGKGIFDNPECSASVINHSVLVVGYGSEN- 207
LDEC002053      -ASEEELRKAVGTIGPISIAINAD--PLHLYIGGILSGRGCS-ELDHAVLAVGYGEVSQ 278
LDEC002055      -TSEELRKAVGTIGPISIAMNAD--PLQLYFGGILSGRGCTD-ELDHAVLAVGYGEVSQ 281
LDEC002059      -ISEEELKKA VGTVGPVSAIDAD--PIQLYFGGILDGLFCTH-DLNHGVAVGYGEEDH 281
Papain          PYNQGALLYS-IANQPVSVVLQAAGKDFQLYRGGIFVGPCGN--KVDHAVAAGVYGPV-- 169
                .: *      *:::~::~ : *      ::*.* .****

LDEC007042      ---GQEWLIKNSWGTSGWEDGYIRLARNKNG---QCGIGLYSCYPVV- 249
LDEC002053      SSAKIKFWKVKNSWGDYWGEDGYFRIKRDANN---LCGIANDPSYPVLQ 324
LDEC002055      SSGNTKFWKVKNSWGDYWGEGYFRIKRDANN---LCGIADDPYTPVL- 326
LDEC002059      LFGKKKFWKVKNSWGDWGEQGYFRIKRDANN---LCGIADKASYPIL- 326
Papain          -----YILIKNSWGTGWGENGYIRIKRGTGNSYGVCGLYTSSFPVKV 212

```

Şekil 4.16 *Leptinotarsa decemlineata* Katepsin L1-benzeri proteazları ve papain ile birlikte aktif rezidülerinin gösterimi

Gri fonlu kırmızı rezidüler katalitik rezidüleri temsil etmektedir. LDEC007042 C²⁵ aktif rezidüsünden yoksun olup inaktif olarak görülmektedir. Mavi fonlu sisteinler muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sisteinleri temsil etmektedir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

Katepsin B grubu enzimlerden LDEC010881 ve LDEC018465 ekto peptidaz aktivitesi göstermektedir. Ektopeptidaz aktivitesi için H¹¹⁰ ve H¹¹¹ aminoasit rezidülerinin asidik ortamda ardışık olarak bulunması gerekmektedir (Martynov vd. 2015) (Şekil 4.17).

```

LDEC018465      CGSCWAFAAVEAMSDRICIHSNGEKQILVSAEDLLSCCGIEKCGNGCDGGYPAAAWYWY 175
LDEC010871      CGSCWAVAATSAMSDRICIHSNGEKQIFVSEEDLISCCGI-LCGLGCGGGYPLQAWIYWQ 165
LDEC010881      CGSCWAVAATSAMSDRICIHSNGKKQISVSDEDLSCCS--ECGDGCHGGYHIEAWNYWQ 164
Papain          CGSCWAFSAVVTIEGIIKIRTGNLNQ--YSEQELLDGD---RRSYGCNGGGYPWSALQLVA 76
                *****..* .:: * *:: : * ::* . * . **.*: *

LDEC018465      TDGLASGGL--YQNSTQGCKAYSCLKPCDHHIKGGINCT--GHASTPACTKQCDN-STLDY 230
LDEC010871      LQGLVSGGP--YN-STTGCKAYSMSPCDHTTGSYPPEGLYPTPACHKQCDASPLSY 222
LDEC010881      KTGL-----GCRAYSLAPCEHHTTGSIPACPKDVS LTPRCNKQCDKSSLSY 211
Papain          QYGIHYRNTYPYEGVQRYCRSREKGPYAAKTGDGVRQVQ----- 114

```

Şekil 4.17 Bazı *Leptinotarsa decemlineata* ektopeptidaz aktivitesi gösteren Katepsin B türü sistein proteazlarının motiflerinin papain ile birlikte gösterimi

Sarı fonla ardışık boyalı H'ler ektopeptidaz aktivitesine ilişkindir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

Önemli hayvansal sistein proteazları Katepsin B, H, ve L aileleridir. Bunlardan Katepsin H aminopeptidaz aktivitesi gösterirken Katepsin B düşük düzeyde endopeptidaz, yüksek

düzeyde dipeptidaz aktivitesi gösterir (Cristofaletti vd. 2005). Bu durum hayvansal Katepsin B için spesifik olup böyle Katepsin B'ler dipeptidyl karboksipeptidaz özelliği göstermektedir (Tsuji vd. 2008). Katepsin L grubu ise sadece endopeptidaz aktivitesi göstermektedir (Barrett vd. 1998).

4.3.2.4 Aspartik proteazlar

L. decemlineata peritrofik matriks proteomic analizleri sonucunda toplam 4 adet Katepsin D benzeri Aspartik Peptidaz A1 ailesi (IPR001461) peptidaz bulunmuştur. Bunların katalitik rezidüleri iki adet aspartik asitten ibarettir (Ahn ve Salzman 2009). Bunlar D⁷⁷ ve D²⁷³ (Sığır Katepsin D numaralandırması Uniprot ID: P80209) rezidüleridir. Tüm katalitik rezidüleri eksiksiz korunmuş olan LDEC008159' da bunların karşılığı D⁸⁶ ve D²²⁵ rezidüleri olup şekil 4.18'de gösterilmiştir. LDEC015194'de de her iki katalitik rezidü korunmuştur. LDEC008160 ve LDEC008161 N terminalinden yoksun olmalarına karşın Uniprot data bankasındaki ortologları birer sinyal peptite sahip olduğundan bunlar da hücre dışı protein olarak ele alınabilirler. LDEC008161' de katalitik rezidüler korunmamıştır.

<i><u>MRLLVSAICLI</u>AVINADFIRVPLTKINPARSILRETGYEAVKKNLLRKYNGSDI</i>	54
SGQVVLTNYLDAVYYGPITIGTPGQNFNVIFDTGSSISWVPSEKCDKDHAPCAI	108
RNRYDSKKSSTYKPNGQKIDLAFQSYSNLSGILSTDTVEVAGVAVKGQSFVEAI	162
QQTGIEFLIGNFDGVLGMGHPQYYEGDFTYFPVTGKEYWQIKMDGVNIASEKLC	216
NGGCQAVFDTASRFIAGPRAEIEKLQEVIGAGLFIIDEYLLDCDKIPSLPDISFV	270
LGGKNFTFSPSEYMLQSTSKYIVQCSSGFIAMDDVPPNGPSWILGDVFLKKYYT	314
EFDFGNERV	323

Şekil 4.18 *Leptinotarsa decemlineata* LDEC008159 kodlu aspartik proteazı

Altı çizili italik rezidüler sinyal peptiti temsil etmektedir

Aspartik peptidaz A1 ailesi protein türünden besinlerin sindiriminde görev alan bir ailedir. Katepsin D bu grupta hem omurgalı hem omurgasızlarda proteinlerin hücre içi ve hücre dışı sindiriminden sorumlu olan bir enzimdir (Ahn ve Salzman 2009). Bu enzimler pH 3.5-5 optimum değerlerinde çalışan, asidik mide ortamına sahip coleopterlerde sindirim görevi üstlenebilir.

4.3.2.5 Glikozit hidrolazlar (GH)

L. decemlineata peritrofik matriks proteomic analizleri sonucunda 10 adet GH28, 7 adet GH45, 2 adet GH48, 2 adet GH13, 1 adet GH30, 1 adet GH35, 2 adet GH31, 1 adet GH2 ve 8 adet de GH1 grubu glikozit hidrolaz enzimi bulunmuştur.

GH28 grubu enzimler genel olarak endopolygalacturonaz (pectin katabolizması) adıyla bilinmektedir. *Aspergillus niger* numaralandırmasına göre (Uniprot erişim no: P26214) D¹⁸⁰ ve D²⁰² katalitik rezidüleri, D²⁰¹ ise proton donörüdür (Pauchet vd. 2010) (Şekil 4.19).



```

LDEC003254      --MYMTRQFLLVIESIMLLGLVFLVAVVANSASPTNLTVDVGASCTITKFNQVSSVLNS 58
TR|E7CJ01|E7CJ01_LEPDE -----MLLLGLVFLVAVVANSASPTNLTVDVGASCTITKFNQVSSVLNS 44
TR|C3UTC2|C3UTC2_CHRTR --MFSRLRF-----SVIATA---FAAVSALPTQNETLSIGGSCITKEFSQVSSVISS 47
TR|E7CJ02|E7CJ02_LEPDE MSLLSVIIA-----SLL--V---TLT-----AAKPSFTGDNCTITEFSQVESVSAK 41
TR|E7CIR8|E7CIR8_CHRTR --MLSLRLI-----ALLSAA---SIA-----VQATPVDSSCAITNFDQVASVVDK 41
AspergillusNiger -----MHSFASLLAY----GLVAGATFASASPIEARDSCFTTAAAKAGKAK 44
                ::      .      .      .      .      .      .      .      .

LDEC003254      CTNVVVKNLVVDAGQTLKFLK-AGATLTTFEGTTTTFAYAEWKGPLIWIKNGITVVGAGQ 117
TR|E7CJ01|E7CJ01_LEPDE CTNVVVKNLVVDAGQTLKFLK-AGATLTTFEGTTTTFAYAEWKGPLIWIKNGITVVGAGQ 103
TR|C3UTC2|C3UTC2_CHRTR CTNIVISGLSVPGGKTLDLKLLK-GTTLTFEGKTVFGVAHWGDLQLISGEKITVKGASG 106
TR|E7CJ02|E7CJ02_LEPDE CTNIIIVSNLQVPGGETLDFKFKPGVHITFEKGTTFGYQLWKGPLIRIQGVGITVTGAPG 101
TR|E7CIR8|E7CIR8_CHRTR CTDIVISNLEVPAGETLDLEFKKTVGVKVTFEGRITTFGYKEWKGPLLRKIGKAITVVGAE 101
AspergillusNiger CSTITLNNIEVPAGTTLDLTGLTSGTKVIFEGTTTTFYEEWAGPLISMSGEHITVTGASG 104
                *: : : . : * . * *: :      * : : * * * * . * * * : : * * * * *

LDEC003254      HKLDGRGEKWWDGKGD--GGKVKPQFMFIQATGGSVLKNINMYNCPHQCVGISDSHDVTIS 176
TR|E7CJ01|E7CJ01_LEPDE HKLDGRGEKWWDGKGD--GGKVKPQFMFIQATGGSVLKNINMYNCPHQCVGISDSHDVTIS 162
TR|C3UTC2|C3UTC2_CHRTR SVLDGQGAKYWDGKGD--GGVKKPKFVRVKASGGSVLTGLHLVNCPRQCVSVNSCDHVTLS 165
TR|E7CJ02|E7CJ02_LEPDE SVLDGQGALYWEGKN--GKTKPKFFKIKVKEGVSFKDIHLNCPVHCVSVMMSDHTLS 159
TR|E7CIR8|E7CIR8_CHRTR SVLDGQGQLYWDGKGGNGGDKPKFFKIKATEGSHFKNINLLNCPVQCTSIDHSGPLTSL 161
AspergillusNiger HLINCDGARWWDGKGT--SGKKKPKFFYAHGLDSSSITGLNINPTPLMAFSVQAND--ITFT 162
                :: * :*: * . * *: : : . * : : : * * . : : : *: :

LDEC003254      NWQLDSSAGNPVNGKEVGHNTDGFGLYKSNYILLDGIIVVRNQDDCICINGGSHLTFRNLW 236
TR|E7CJ01|E7CJ01_LEPDE NWQLDSSAGNPVNGKEVGHNTDGFGLYKSNYILLDGIIVVRNQDDCICINGGSHLTFRNLW 222
TR|C3UTC2|C3UTC2_CHRTR NWNVDVSAGDK---NKLGHNTDGFDISSTSNLLIENSVVKNQDDCVAVNKAQHVTISKLQ 222
TR|E7CJ02|E7CJ02_LEPDE GWNIDVSAGDK---DELGHNTDGFDISSETNNILIEAIVQNQDDCVAVNQGFNMFTFRNLE 216
TR|E7CIR8|E7CIR8_CHRTR GWNIDVSAGDK---NNLGHNTDGFDIINTDGLVIEDAIVKNQDDCIAVNQGTNFVFSNLE 218
AspergillusNiger DVTINNADGD---TQGGHNTDAFDVGNSVGVNIIKPWVHNQDDCLAVNSGENIWFVGGT 218
                :: : * : : : * * * * . * : : : : * : * * * : : * : : :

LDEC003254      CYGGHGLRI----- 245
TR|E7CJ01|E7CJ01_LEPDE CYGGHGLSISGSMSTDYNLNVVSDVHFEHCHVSDSRNGIHIKTIADGGKGMKMSGLYFSD 282
TR|C3UTC2|C3UTC2_CHRTR CSGGHGLSLSVGMKSTSAEANVVKDVHFVDCVTNSDNGIHIKTHSDGAHGTIDNVSYKN 282
TR|E7CJ02|E7CJ02_LEPDE CIGGHGLSLSVGMMSHEVI-KNTVANVTFRDSIVKNSRNGIHKHTNSGEGLRIDITYKN 275
TR|E7CIR8|E7CIR8_CHRTR CYGGHGLSLSVGTSHDIL-KNTVRNVFTFTNSVVAKSNGIHIKHTNSGQGIIEDITYSN 277
AspergillusNiger CIGGHGLSIGSVG---DRSNVNVKNVTIEHSTVSNSENAVRIKTIS-GATGSVSEITYSN 274
                * * * * * :

LDEC003254      -----STYGINVEQNYRNNGGPSGKPNNNVPIDTLEINGVTGTNLGPWSVKAYILCASG 299
TR|E7CJ01|E7CJ01_LEPDE IQLSGISTYGINVEQNYRNNGGPSGKPNNNVPIDTLEINGVTGTNLGPWSVKAYILCASG 342
TR|C3UTC2|C3UTC2_CHRTR IHLSGIAKFGVNIQQDYEN-GHSTGKPKNNIPITGLSITGVTGSMTSNSKAVYILCASG 341
TR|E7CJ02|E7CJ02_LEPDE IEMTGIWRYGVNVEQDYKN-GKSTGNATNNIPIRGLTLTNVNGQLTGPEVSPVYILCGSE 334
TR|E7CIR8|E7CIR8_CHRTR IRMTDIWKYAVNIEQDYKQ-GKPTGHPDNIPIKGLTLKQVSGTLTGDESVPVYIICADG 336
AspergillusNiger IVMSGISDYGVVIIQQDYED-GKPTGKPTNGVTIQDVKLESVTSVSDS-GATEIYLLCGSG 332
                :: : *: : * : * . : : * : : : * . * : : : * *: :

```

Şekil 4.19 *Leptinotarsa decemlineata* GH28 grubu enzimlerden LDEC003254'ün Uniprot protein bankasındaki çeşitli böceklere ait glikozit hidrolazlarla alt alta sekans gösterimi

Yukarıdan aşağı sırasıyla *Leptinotarsa decemlineata* (Uniprot erişim no: E7CJ01 ve E7CJ02), *Chrysomela tremula* (Uniprot erişim no: C3UTC2 ve E7CIR8) ve *Aspergillus niger* ile sekans dizisinin karşılaştırılması. Gri fonlu kırmızı rezidüer katalitik aktivite göstermektedir. Sarı fonlu aspartik asitler proton donörüdür. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

L. decemlineata peritrofik matriks proteomic analizleri sonucunda bulunan 2 adet GH13 kökenli enziminden LDEC018941 *Anoplophora glabripennis* (Mothschulsky, 1853) (Coleoptera: Cerambycidae) Alpha-amylase (Uniprot erişim no: V5GT12) ile ortolog olup (Benzerlik oranı % 72.6) D²⁰³, E²⁴⁰, D³⁰⁵ aktif rezidülerine sahiptir; H¹¹⁸, H²⁰⁷ ve

H³⁰⁴ de substrat bağlamaya ilişkin korunmuş rezidülerdir (Girard ve Jouanin 1999) (Şekil 4.20).

LDEC018941	ISPPSENAVI---GDRPWWERYQPVS YILTRSGNEGELADMIRRCNAVGRIYVDLLMN	117
TR V5GT12 V5GT12_ANOGL	ISPPNENEVIQNGDRPWWERYQPVS YQLNTRSGDQSALADMISRCNAVGRIYVDAVFN	120
TR U3N8Z8 U3N8Z8_TRICA	VSPPNENLVVT--SSNRFPWWERYQPVS YILNTRSGDEAALADMISRCNAVGRIYVDVTIN	117
SP O97396 AMY_PHACE	ISPPAENTVI---GDRPWWERYQPIS YALNTRSGDESALASMIIRRCNNAGRIYVDAVFN	116
SP P56634 AMY_TENMO	ISPPNEYLVA---DGRPWWERYQPVS YIINTRSGDESAFTDMTRRCNDAGRIYVDAVIN	98
	:*** * * *****:* * :.*****:. :.* ** .***** :.*	
LDEC018941	DMAAQGGSGTAGSTCDPGSKYFPAVPYNSDDFHPTCTVNNYNDAANVRNCELVGLPDLQ	177
TR V5GT12 V5GT12_ANOGL	HMAAIGGTGTAGNTCDPDSKSYPGVPGSDNFHTTCTVNNYNDAENVRNCELVGLKDLDQ	180
TR Q26854 Q26854_TRICA	HMTGMGGTGTAGSQADRDGKNYPVPYSGDFHDSCTVNNYQDASNVNCELVGLADLNQ	177
SP O97396 AMY_PHACE	HMSATSGIGTGSSCDVEPSASPAVPYSGDFHGRCTSNNYQDPNNIRNCWLSGLPDLQ	176
SP P56634 AMY_TENMO	HMTGMNGVGTSGSSADHDGMNYPVPYSGDFHSPCEVNNYQDADNVNCELVGLRDLNQ	158
	.*: . * ** * . * *.*: * :.* * ** * *.* * ** * *	
LDEC018941	SKDGVQRKLVAYIDHLIDLGAGFRVDAAKHMWPADLAAIYGMAKNLNTDHGFAEGSRPF	237
TR V5GT12 V5GT12_ANOGL	SQDYVRQKIVAFLDQCVDLGAGFRVDAAKHMWPADLQAIYGSVKDLSTDHGFASGTRPF	240
TR Q26854 Q26854_TRICA	GSDYVRSKII EYMNHLVDLGAGFRVDAAKHMWPADLEAIYGLKNLNTDHGFLGQKPF	237
SP O97396 AMY_PHACE	SKDYVRDKILEYLNHLVDLGAGFRVDAAKHMWPADLQVIYGRVKDLNTDHGFSQGSRPF	236
SP P56634 AMY_TENMO	GSDYVRGLIDYMNHMIDLGAGFRVDAAKHMSPGDL SVIFSGLKNLNTDYGFADGARPF	218
	. * ** :. :. :. :. :***** * ** .*: . *.*. . :.*	
LDEC018941	FFQEVIDLGGEAISKKEYIGFGTVLEFKFGVELGNAFQGHNALHNLKNWGPWGGLLESGD	297
TR V5GT12 V5GT12_ANOGL	FFQEVIDLGGEAISKDEYTDGFTVLEFKYGT EIGNAFQGHNALKYLTWGPWGGLLEGT	300
TR Q26854 Q26854_TRICA	IFQEVIDLGGEAISKHEYTGFGTVIEFQYGLSLGNAFQGGNQLANLANWGPEWNLLDGLD	297
SP O97396 AMY_PHACE	FYQEVIDLGGEGVSKNEYTGFGTVLEFKYGT EIGNAFQGNALHNLENWGPAWGLLEGT	296
SP P56634 AMY_TENMO	IYQEVIDLGGEAISKNEYTGFGCVLEFQFGVSLGNAFQGGNQLKNLANWGPEWGLLEGLD	278
	:*****:. :.* ** * *.*: * :.***** * * .*** * ** . *	
LDEC018941	AVVFIDNHDNQRGDDNRLITYKNPKPYKAAIAYMLAHPLYTTRIMSSSFDNAHQGPSS	357
TR V5GT12 V5GT12_ANOGL	AVVFIDNHDNQRGTGSSSIITYKNPKPYKMAIAFMLAHPLYGTTRIMSSSFDNDQGPND	360
TR Q26854 Q26854_TRICA	AVAFIDNHDNQRGTGGSQILTYKNPKPYKMAIAFMLAHPLYGTTRLMSSSFAFDNDQGPND	357
SP O97396 AMY_PHACE	AVVFIDNHDNQRGTGSGAILTYKNPRPYKMAIGFMLAHPLYGTTRIMSSSFDYNDQGPPTQ	356
SP P56634 AMY_TENMO	AVVFVDNHDNQRGTGGSQILTYKNPKPYKMAIAFMLAHPLYGTTRIMSSSFDNTDNDQGPND	338
	..****** *.******:*** **.*:***** **.*:***: * .***** .	

Şekil 4.20 *Leptinotarsa decemlineata* GH13 enzimlerinden LDEC018941'in çeşitli böceklerdeki türdeşleriyle sekans diziliminin birlikte gösterimi

Uniprot erişim numaraları V5GT12, Q26854, O97396 ve P56634 olan böcekler sırasıyla *Anoplophora glabripennis*, *Tribolium castaneum*, *Phaedon cochleariae*, ve *Tenebrio molitor* Linnaeus (Coleoptera: Tenebrionidae). Katalitik rezidüler D²⁰⁴, E²⁴¹, D³⁰⁶ gri fonlu kırmızı ile, substrat bağlamaya ilişkin H'ler sarı fonla gösterilmiştir. LDEC013919 ise % 67,6' lık bir benzerliğe rağmen kopuk ve aktif rezidülerden yoksun sekansı ile *Anoplophora glabripennis* (Uniprot erişim no: V5I8D9) maltazının homologudur. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

GH45 grubu ise ağırlıklı olarak Endo-beta-1,4-glucanase (selüloz katabolizması) oluşmaktadır (Şekil 4.21). Katalitik rezidü, D⁴³ ve proton donörü D¹⁵⁶'dır (Pauchet vd. 2010).

```

LDEC024072          MKLIVLSLAILAAFDYSTSEYSPTIIPINGGREGDGITTRYWDCCAPSCAWDQII-HTKN 59
TR|K7DW99|K7DW99_PHACE MKSLIL-VSVL--LAYCHAEPSPTIIPQGGVQGDGVTRYWDCCATSCAWDHIV-HTKN 56
TR|E7CIY3|E7CIY3_LEPDE MKGFVLLITVAFFDASTGEPSPEIIPVEGGLSGDGITTRYWDCCKPSCGWADLVNNTRF 60
TR|E7CIS3|E7CIS3_CHRTR MKLSVILTTYLSLGYSAASEPSPTIIPRQGGLSGTGITTRYWDCCKPSCSWADHVTYTKN 60

LDEC024072          RKPVQTCEIDGRNSTVEQNAQSGCYDG--GVAYMCSNQVAWVVNSTLAYGFSAASFTGG 117
TR|K7DW99|K7DW99_PHACE GQPVTCTCKDGRTHSTKENNAQSGCSAG--GVAYSCSNQVAWVINSTLAYGFSAASFSGG 114
TR|E7CIY3|E7CIY3_LEPDE KTPVHTCAIDGIEII--DPQQQSGCADV--GAAYTCSNQPFVNSTLAYGFSAVSFTGG 116
TR|E7CIS3|E7CIS3_CHRTR ATPVTSCSVGVTEI--DAGIQSGCAEDGSGSSYTCSNQPFIVNSTLAYGFSAASFSGG 118

LDEC024072          VDTDQCCICVLLSFKGQLTGKKFLVQITNTGSPLAINQFDLAMPGGGVGIFEKGCSSQWG 177
TR|K7DWA7|K7DWA7_PHACE IDNGQCCICVLLSFKGQLAGKQMLVQVTNTGSDLGKNHFDLAMPGGGVGIFTLGCSQWG 175
TR|E7CIY3|E7CIY3_LEPDE EDYHMCCSCMLLNQFQQLSGKKMLVQITNTGSPLAVNQFDIELPGGGVGIYPHGCMKQWN 176
TR|E7CIS3|E7CIS3_CHRTR EDYGWCCSCMLLSFQQLAGKQMLVQVTNTGSPLSTNQFDIELPGGGVGLYPYGCAQWG 178

```

Şekil 4.21 *Leptinotarsa decemlineata* LDEC024072 kodlu Endo-beta-1,4-glucanase enziminin çeşitli böceklerdeki türdeşleri ile sekans gösterimi

Katalitik rezidüler D⁴³ gri fonlu kırmızı ile, proton donörü D¹⁵⁶ ise sarı fonla gösterilmiştir (Pauchet vd. 2010). Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu bir adet GH35 ailesinden LDEC014277 kodlu Beta-galaktozidaz-1-benzeri tipi protein tanımlanmıştır. 5 adet karakteristik peptite sahip, molekül ağırlığı 80.1 kDa olan bu protein 714 aminoasit uzunluğundadır. Katalitik aktiviteli korunmuş rezidüleri E²⁰¹ ve E²⁷⁷ (İnsan Beta-galaktozidaz-1-benzeri protein 2; Uniprot erişim no: Q8IW92) olarak görülmektedir (Clark vd. 2003) (Şekil 4.22).

```

LDEC014277 -----MMIPVLLFSAFTLSSAKVLNVTADLPTNYEYEEAGGVESGLTDN 45
Human      MTTWSLRRRPARTLGLLLLVVLGFLVL-----RRLDWSTLVPL-----RLRHRQLGLQAK 50
           ::: *** * .: : * : : * . : ** :

LDEC014277 KPNFYLNKGKEIFIYSGAFHYFRVHKTYWRDRLRKMRAAGLNTVETIYPWNLHEPRSAAGN 105
Human      GWNFMLEDSTFWIFGGSIHVFRVPREYWRDRLRKMKACGLNTLTITYVPWNLHEPERGKFD 110
           ** *:.. ::*:.*::***** : ***** **:*.****: **:*****. . :

LDEC014277 LVREQQNPYSLGVVTKQARSGTYHHHEERSSGFYPQHSCLQVRRGLQLQKGRSAVLSNLQ 165
Human      FSGNLDLEA---FVLMAAE-----IGLW 130
           : : : .* *. .*

LDEC014277 ALLRPCSREPNLCKEGEDDDVDEEDVMNEIIPWTREKHELEDDDEPPESFQIRTSNAAY 225
Human      VILR---PGPYICSEMDL-----GGLPSWLLQD-----PGMRLRTTYKGF 167
           .:** * :*. * : . : * :. .:****: .:

LDEC014277 MKHVTKYFNVLMPIAPHQFTEGGPIIMFQVENEYISGKHDLYLQLLRNLMSKGIKE 285
Human      TEAVDLYFDHLSRVVPLQYKRGGPPIAVQVENEYGSYNK-DPAYMPYVKKALEDRGIVE 286
           : * **: ** :.* *:..***** .*****. .* * *: : : : :.*** *

LDEC014277 LLVTADNPDKETYGTLPLDLFLMTGNFSDKN--PKTQLNILKSIQPNRPTMTMEYWGWWDF 343
Human      LLLTSDNKDGLSKGIVQGVLATI-NLQSTHELQLLTTFLENVQGTQPKMVMYWTGWGDFS 285
           **:*.*** * : * : : : * : :. : .:* .:* .:*.*** *****

```

Şekil 4.22 *Leptinotarsa decemlineata* GH 35 enzimi

Katalitik rezidüler E²⁰² ve E²⁷⁷ gri fonlu kırmızı ile gösterilmiştir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 2 adet GH31 ailesinden hidrolaz bulunmuştur. Bunlardan LDEC014768 kodlu bir varsayımsal O-Glikozil hidrolaz, *L. decemlineata* GH31 (Uniprot ID: X2D6A1) ile sekans bazında % 99.8 benzerlik göstermiştir. LDEC011381 ise D⁵¹¹, E⁵¹⁴, D⁵⁸⁷ korunmuş katalitik rezidüleri ile birlikte (Hirschhorn vd. 2002) insan nötr alfa-glikozidaz C (Uniprot ID: Q8TET4) ile % 43' lük bir sekans benzerliğine sahiptir (Şekil 4.23).

```

LDEC011381 IDFMIPASDYSSWFAFDKFNSTETLAGIWNDMNEPAVFDDTIEKTLFPFEVLHAGGVK 279
Human      LDFTNPKVREWYSSLFAPVYQGSTDIL-FLWNDMNEPSVFRGP-EQTMQKNAIHGHNWE 536
           **: * :. :**** ** :****: * :*****:** . *: : :.* * :

LDEC011381 HGDIHNIYGFMQTRATHKGLMDRDQKKRPFILSRSTFAGSQRYAAMWTGDN SATWNHFA 339
Human      HRELHNIYGFIHQMATAEGLIKRSGKERPFVLTRSFAGSQKYGAVWTGNTAEWSNLK 596
           * :***** : ** :***:.*: * :*****:*** *****:*.*****:* * :

```

Şekil 4.23 *Leptinotarsa decemlineata* LDEC011381 kodlu GH31 enziminin insan GH31 enzimi ile birlikte sekans gösterimi

Katalitik rezidüler gri fonlu kırmızı ile gösterilmiştir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

GH31 ve GH35 grubu enzimlerin varlığı odunsu dokuların arasındaki galaktan polimerlerin ya da çeşitli mikroorganizmaların da besin elde etmek için substrat olarak kullanılabileceğini işaret etmektedir (Scully vd. 2013).

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu GH48 ailesine ait iki adet varsayımsal selüloz tanımlanmıştır. Bunlardan LDEC006357 Uniprot ID: E7CIZ1 *L. decemlineata* selüloz ile %99.5, LDEC004844 de yine Uniprot ID: E7CIZ2 olan bir başka *L. decemlineata* selüloz ile % 99.4 benzerlik taşımaktadır. E⁷³ katalitik rezidüsü ve E⁸⁴ katalitik proton donörü (Reverbel-Leroy vd. 1996) (*Clostridium cellulolyticum* Endoglukanaz F numaralandırması Uniprot ID: P37698) korunmuştur (Şekil 4.24).

```

LDEC006357 -----MLLGIMKTFIVFLVGCVSLINGGEYLNRFQQYNKIHDAANGYF 44
LDEC004844 ----LKSRGY----EMKLLS----IALALAGLTLVNCAGVYKQRFLEQYNKIHNNENGYF 48
Clostridium MSKNFKRVGAVAVAAAMSLSIMAT---TSINAASSPANKVYQDRFESMYSKIKDPANGYF 57
               * .               . .               * : * * . * . * : : * * * *

LDEC006357 SPKGIPYHAVETLIVEAPDYGHQTTSEAYSYYLWLEAMYGAVNGDFSFTAAWQNMETYM 104
LDEC004844 SKEGVVPYHAVETLIIEACDHGHQTTSEAYSYYIWLEAMNGAISGNFSSFNAAWKNMEDYI 108
Clostridium SEQGIPYHSIETLMVEAPDYGHVTTSEAMSYMWLEAMHGRFSGDFTGFDKSWSVTEQYL 117
* : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :
               * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :

LDEC006357 IPNHASQPTNN--YYNPGKPATFAPEGDPNPQYPSQMQFNVPVQGDPPIYQELVNTYGTSD 162
LDEC004844 IPSHTSQPNTD--LYNPKNPATYAPAMDTPEQWPTSLEPGVPVGEDPLFQELQTTYNTYD 166
Clostridium IPTEKDQPNSTMSRYDANKPATYAPEFQDPSKYPSPLDTSQPVGRDPINSQLTSAAYGTSM 177
**.. .**... * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :

```

Şekil 4.24 *Leptinotarsa decemlineata* GH 48 varsayımsal selülozlarının *Clostridium* sekansı ile birlikte gösterimi

E⁷³ ve E⁸⁴ katalitik rezidüleri gri fonlu kırmızı ile gösterilmiştir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu GH2 ailesinden bir β -mannozidaz tanımlanmıştır. 5 karakteristik peptit ile temsil edilip 20 aminoasit uzunluğundaki sinyal peptiti çıkarıldıktan sonraki tahmini moleküler ağırlığı 55.6 kDa'dır. Uzunluğu 509 aminoasittir. E⁴⁵⁷ (Chen vd. 1995) (Sığır Beta-mannosidase numaralandırması-Uniprot ID: Q29444) korunmuş aktif rezidüsüne sahiptir (Şekil 4.25).

LDEC005220 MTTNLILVLT LHLFLSACEAAN-----IQNLGGEWLLREANGKYEDLKATVPGGIYSDLM 55
 Bovine -----MLLRLLLLLAPCGAGFATKVVISLRGNWKIHSNGSL-QLPATVPGCVHSALF 53
 ::* * *: *: * * . * * *: * : : : * : * * * * : * * :

LDEC005220 NNNIIGDIFFGYGDSETKWVPRLNWTTYRNFSDANTLNKENVNLVLEGLDTFANVFVNG 115
 Bovine NKRIIKDPYYRFNNLDYRWIALDNWTYIKKFKLHSDMSTWSKVNLFEGIDTVAVVLLNS 113
 :. * : : : : * : * * * : * : : : . : * * * : * : * * * * :

LDEC005220 KKVGESRNMFVRYIFDVKDQLKVGNNIEVQFLSPIEVSARLAEQQSKLYDVPPDCPDAA 175
 Bovine VPIGKTDNMFRRYSFDITHTVKA-VNIEVRFQSPVVYANQRS-ERHTAYWVPPNCPVPV 171
 :*: * * * * *: : : : * . * * * : * * : : : : : * * * : * * .

LDEC005220 YRGECHVNMIKMQASFSDI-----YIESFDESAIRYIVTDVTESEDGDY 222
 Bovine QDGECHVNFIRKMQCSFGWDWGSPFPTQGIWKDVRIEAYNVCHLNFMFTPIYDNYMKTW 231
 * * * * : * * * . * . * * * : : . : * : : . : . *

LDEC005220 LLNFDITYLANNKKGTVTGILMYTTLKDIQMTQVNHVDAMNAYNETVTTTVQI-SKSF 281
 Bovine NLKIESSFDVSSKLVSGEAIVA--IPELNIQQTNNIEL---QHGERVELFVKIDKAI 286
 * : : : : : . . * : * : : : : * : * : : : . * . * : * . :

LDEC005220 VNTWWPNGYGADHLYNLNVVFSNEVSSEHDIKNVRVGFRTVELVQDSL----- 329
 Bovine VETWWPHGHGNQTYNMSVIFELDGGLRF-EKSAKVYFRTVELVEEPIQNSPGLSFYFKI 345
 * : * * * : * : * : * : * : . . . * : * * * * * : : :

LDEC005220 -----GSNEIPVDILPERGQNKTTIKLLMAAHD SHMMLRVWGGGVYESDYFYDLA 381
 Bovine NGLPIFLKGSNWIPADSFQDRV-TSAMLRLLLQSVVDANMNALRVWGGGVYEQDEFYELC 404
 * * * * . * : : * . : : : * : . * : * * * * * * * . * * : * .

LDEC005220 DELGIVIWQDFMFACAMYQSDENYRSNVIDEVRHQVKRLRSHASVALYSGNNENEGALVD 441
 Bovine DELGIMIWQDFMFACALYPTDKDFMDSVREEVTHQVRRLKSHPSIITWSGNNENEAALMM 464
 * * * * : * * * * * * : * : : . * : * * * * * * * : : * * * * * * :

LDEC005220 DWYGTKNNF-TLYKNDYVTLYIDTIKTEFDRITHNRGIFVSSSPSNGKKTVDGYVSTYP 500
 Bovine GWYDTKPGYLQTYIKDYVTLYVKNI RTIVLEG-DQTRPFITSSPTNGAKTIAEGWLSNP 523
 . * * . * * : . * : * * * * : . * : * . : . : * : * * * : * * : * : * * :

LDEC005220 GNPLYGDGA----- 509
 Bovine YDLNYGDVHFYDYVSDCWNWRTFPKARFVSEYGYQSWPSFSTLEKVSSEEDWSYRSSFAL 583

Şekil 4.25 *Leptinotarsa decemlineata* β -mannozidazı

E⁴⁵⁷ katalitik rezidüleri gri fonlu kırmızı ile gösterilmiştir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

Alfa-galaktozidaz, α -mannozidaz ve β -mannozidazlar optimum asidik pH derecelerinde glikoproteinlerden karbonhidrat bileşiklerini ayıran, ayrıca şeker katabolizması suretiyle hemiselüloz sindiriminin son halkasını tamamlayan enzimler olarak tanımlanmaktadır (Terra vd. 1996). Bu enzimler sindirim rollerinin yanı sıra patojenlere karşı savunmada da rol alabilmektedir.

L. decemlineata peritrofik matriks proteomic analizleri sonucunda bulunan 8 adet GH1 (IPR001360) ailesine ait enzim LC-MS/MS analizleri sonrası Mirosinaz ilk adı ile adlandırılmıştır (Şekil 4.26). *B. brassicae* numaralandırmasına göre Q¹⁹, W¹²³, N¹⁶⁶,

Y³⁰⁹ ve E⁴²³ substrat tanıma ve proton donörü işlevi göstermektedir. E¹⁶⁷ ve E³⁷⁴ ise katalitik rezidülerdir (Beran vd. 2014).

LDEC000918	MARTSLLVFCICFINGILSYDLNDNKFPDDFLFGVATAAYQIEGAWNEGGKGENIWDNVC	60
Pstriola	MWKIELLIYSL-VIVGTSCSSVNNKKFPDSFLLGTATAAYQIEGAWNEDGKGENIWDRTC	59
Brevicorynebrassicae	-----MDYKFPKDFMFGTSTASYQIEGGWNEGGKGENIWDRLV	38
	: **..*::*::**..**..**..**..**..**..	
LDEC000918	HRVSPVNVNNDTGDIACDSYHKYKEDVALLKDLGVDVYRFSLSWSRILPNGFDNKINVEG	120
Pstriola	HSDPTRIFNNENADIACDSYHKYKEDVALLKDLGVSVYRFSISWSRILPTGYLNEINQLG	119
Brevicorynebrassicae	HTSPEVIKDGTTNGDIACDSYHKYKEDVAIKDLNLKFYRFSISWARIAPSGVMNSLEPKG	98
	* * :*****::**..**..**..**..**..**..	
LDEC000918	INYYKNLIRELLDNNIKPLVTIYHWDLPQVLQDAGWESEFIIIDAYLDYARVCFREFGDD	180
Pstriola	INYYKNLISELKANNIEPLVTIFHWDLPLQDQIGGFNDRIIRRYVEYARVVFDFNGDD	179
Brevicorynebrassicae	IAYNNLINELIKNDIIPLVMTYHWDLPQVLQDLGGWVNPIMSDYFKEYARVLFYFGDR	158
	* **..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..	
LDEC000918	VKYWLTFFNEPKQTCCHAGYASGDKAPLIISPGVGEYLCSRNLALLAHKAWHLYNNEFRSKQ	240
Pstriola	VKYWITFFNEPKQTCCHGGYAALGDAPFINSSGIGEYLCTHNLKKAHAETYHMYNKEFRDKQ	239
Brevicorynebrassicae	VKWWITFFNEPIAVCK-GYSIKAYAPNLNLTGHTGHYLAGHTQLIAHGKAYRLYEEMFKPTQ	217
	**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..	
LDEC000918	QGRVGITIDSNWYEPASN-SSEDLAASETALRFNYGCIADPVIHGDWPKQMKENIARRSK	299
Pstriola	NGRIGITIDTVWAEPSK-DKADVEAADRLIQFTYGWYAHVPVTHGDYPEVMKQFVGERSA	298
Brevicorynebrassicae	NGKISISISGVFFMPKNAESDDDIETAERANQFERGWFGHPVYKGDYPPIMKKWVDQKSK	277
	:*::**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..	
LDEC000918	AQGYRKSRLPEFTEEEIKYMRNTVDFLGLNTYTSSVVRAIAQPDTTTLGLSEDTEVDEWQ	359
Pstriola	KQGFSESRLPKFSKAEIHGMKNVTDFLGLNTYTSSVMAKHKNDEEKTAIDWDQDSEVDTYF	358
Brevicorynebrassicae	EEGLPWSKLPKFTKDEIKLLKGTADFYALNHYSRLVTFGSDPNPNF--NPDASYVTSV	334
	:* * **..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..	
LDEC000918	PEDWE-GSASSWLKVAPWGARKLLKWLKYAYNDTPIMVTENGYSDEGT-LNDERRINYYQ	417
Pstriola	KPEWP-STASSWLKIVPWGMRKILNWNKNYEGLPPIIVTENGVSSENGTTLEDDVRIDYYR	417
Brevicorynebrassicae	DEAWLKPNETPYIIPVPEGLRKLILWLKNEYGNPQLLITENGYGDDGQ-LDDFEKISYLK	393
	* . : : . * * **..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..	
LDEC000918	GYISNIRDAMEKDDVNVIGYTAWSFMDNFEWLRGYSEHFGLYHVDFNSPNRTRTKKDSAI	477
Pstriola	DHLSGVRDALD-DGVNVIGYTAWSMMDNFEWTRGYSEKFGLYSVDFNDPERKRTPKKSVS	476
Brevicorynebrassicae	NYLNATLQAMYEDKCNVIGYTVWSLLDNFEWFGYYSIHFGLVKIDFNDPQRTTRTKRESYT	453
	..:. :*: * *******..***** **..**..**..**..**..**..**..	

Şekil 4.26 *Leptinotarsa decemlineata* GH 1 ailesinden LDEC000918 kodlu enzimin *Phyllotreta striolata* Fabricius (Coleoptera: Chrysomelidae) (Uniprot erişim no: A0A059U5M8) ve *Brevicoryne brassicae* Linnaeus (Hemiptera: Aphididae) Uniprot erişim no: A0A059U5M8) GH 1 enzimleri ile birlikte sekans gösterimi

B. brassicae numaralandırmasına göre sarı fonla gösterilen Q¹⁹, W¹²³, N¹⁶⁶, Y³⁰⁹ ve E⁴²³ substrat tanıma ve proton donörü işlevi göstermektedir. Kırmızı yazılı gri fonla gösterilen E¹⁶⁷ ve E³⁷⁴ katalitik rezidülerdir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

GH1 ailesi myrosinazları aynı aileden olan β -glikozidazlar ile oldukça benzer sekansa sahiptir. Myrosinazlara özgü olan β -thioglikozidaz aktivitesinin belirlenmesi substrat düzeyinde daha detaylı çalışmaların yapılmasını gerektirmektedir (Beran vd. 2014). Myrosinazlar bitkisel glikozinolatların hidrolize edilmek suretiyle böceklerin kendine

özgü savunma mekanizmalarının yaratılmasında kullanılan enzimler olarak bilinmektedir (Beran vd. 2014). Bu glikozinolatların ağırlıklı olarak Cruciferae takımından bitkilerde bulunduğu göz önüne alındığında (Beran vd. 2014) *Solanum tuberosum* üzerinde kültüre alınmış mevcut çalışmadaki patates böceklerine ait GH1 enzim grubunun β -glikozidaz aktivitesi gösterebileceği düşünülebilir.

Glikozit hidrolazlar; en genel anlamda karbonhidrat sindirimi denildiğinde akla gelen enzim grubudur. Chrysomeloidea and Curculionoidea üst familyalarından çoğu böcek hücre duvarı sindirimini gerçekleştirmeye yönelik enzimlere de sahiptir (Kirsch vd. 2012). β -glukanaz, ksilenaz ve pektinazların bitki, lizozimlerin bakteri, kitinaz ve β -1,3 glukanazların ise fungal hücre duvarlarını hedef aldıkları bildirilmiştir (Terra ve Ferreira 2012).

4.3.2.6 Lipit metabolizmasına ilişkin enzimler

L. decemlineata peritrofik matriks proteomic analizleri sonucunda 3 adet lipit metabolizması ile doğrudan ilgili enzim tespit edilmiştir. Bunlar böcek bağırsak lipazları olup Triaçilgliserol lipaz (IPR000734), Lipaz ökaryotik (IPR025483) olmak üzere iki grupta toplanmıştır. *L. decemlineata* pankreatik triaçilgliserol lipazları 2 adet olup S¹⁶⁹, D¹⁹³ ve H²⁸⁰ (Pistillo vd. 1998) (İnsan Pankreatik Triaçilgliserol Lipaz Uniprot ID: P16233) katalitik üçlü rezidülerine sahip ve korunmuş GX SXG motifleri bulunmaktadır. Triaçilgliserol lipazlarda ayrıca pankreatik lipaz bölgesinin yanı sıra aminoasit sekansının karboksil ucuna yakın bölümünde sisteince zengin bir bölge bulunmaktadır (Toprak vd. 2008) *L. decemlineata* aktif triaçilgliserol lipazlarında bu bölge CX₇CX₂₂CX₁₀C konsensusuna sahip olup bu anlamda insan (Uniprot ID: P16233) ve sığır (Uniprot ID: F1MP55) triaçilgliserol lipazlarıyla da uyumaktadır (Şekil 4.27).

```

LDEC013885 DVNIFCVDWSSIALKTYLEAFAAVPDVGRLTGELIKVLITDHGLNINKIFIVGHS164SLGAHV 178
LDEC013889 DINVFVVDWSPISKTYISAQGCVPKVGGFVADFVRS164LQQNF164KL164NLSK164VK164FV164GH164SLGAHV 150
Human SVNCICVDWKGGSRGTGYTQASQNIRIVGAEVAYFVEFLQSAFGYSPSNVHVI164GHS164SLGAHA 174
Bovine KVN164CICVDWEHGAWTKYTQAVHNTRVVGAEIAFFIQGLSTELGYGPENVH164LI164GHS164SLGAQL 176
      .:* : ***. : . * . *      ** . :. : *      . :. : .:*****:

LDEC013885 AGRIGEDFKGNLPLIVGLD164PAGPGFFYEITNNRLDPTDAQFVHVIHTNTAFL-----GF 232
LDEC013889 CGCAGTALGGQVSRIVGLD164PAGPLFSLSNKENRLDKSSAKYVEVIHTNGGML-----GF 204
Human AGEAGRRTNGTIGRITGLD164PAEPCFQGTPELVRLDPSDAKFVDVIHTDGAPIVPNLGFGM 234
Bovine AAEAGRRLGGQVGRITVIE164SWMP164CF164SN164DPTGSL164LN164PSK164SMM164VD164VM164ATESI164QL164LP164FV164ST164GQ 236
      .. *      * : * . : :      * *      * : . : . * . * : * :      *

LDEC013885 RRTLGHVDYYPNGGEFQPGC164PLDIT164-----GSC164SH164TRS164YEL164YAESIVN164- 275
LDEC013889 NDQLGHSDYYPNGGR164TQPGCGVDLT-----GSC164SH164SRS164YEY164YAESLSN164- 247
Human SQVVGHLDFFPNGGVEMPGCKKNILSQIVDIDGIWEGTRDFAACN164HLRSYKY164YTDSIVNP 294
Bovine TQDWGHCELVPGGGIFLMGCG164PSMS164RMIEVLNCGQGIG164QDFVAC164SH164LSYKY164YSSSILNP 296
      ** : * . **      ** . :      : * . * *** : * . * : *

LDEC013885 GG164FS164AER164CNSQWDYDTGNCEDN---MQSOMGGYSP---DEG----- 310
LDEC013889 NRFEARECGSIKD164YTS164GKCNNA---KRSFMC164PFIL---DTS-AHGKFFLETNSKSPFAK 299
Human DGFAGFPCASYNVFTANKCFPCPSGGCPQMGHYADRYPGKTNDVGQKFYLD164TGDASNFAR 354
Bovine DGFLGYPCASYEEFQEGGCFPCPAGGCPKMGHYADQFQGKTSAVGQTFFLNTGSSGNFTS 356
      . * . * * : . *      * :      . .

```

Şekil. 4.27 *Leptinotarsa decemlineata* Triaçilgliserol lipazlarının insan ve sığır pankreatik lipazları ile birlikte sekans gösterimi

Gri fonlu kırmızı rezidüler katalitik rezidüler, sarı fonlu rezidü korunmamış rezidü, yeşil fonlu bölge sisteince zengin bölge, kırmızı fonlu sisteinler CX₇CX₂₂CX₁₀C motifine ilişkin sisteinlerdir. Mor fonlu bölge GX₅XG motifini kapsamaktadır. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

Ökaryotik lipazlar da GX₅XG korunmuş motiflerine sahiptir (Pistillo vd. 1998). Mevcut proteom analizlerinde tespit edilen tek ökaryotik lipaz olan LDEC01872, S¹⁶⁴ ve H³⁶⁹ katalitik rezidülerinden (Pistillo vd. 1998) (*D. melanogaster* numaralandırması. Uniprot ID: O46108) H³⁶⁹dan yoksun olduğundan bu hidrolazın inaktif olduğu öne sürülebilir (Şekil 4.28).

```

LDEC018727      ADAGFDVWLGNNRGNTWSRNLH-----NFEDCGHYDLPAKIDYIIATTGQDRI 168
D.melanogaster  ADAGYDVWMGNARGNTYSKAHKYWPTYWQIFWNFSWNEIGMYDVPAMIDVVLAKTGQQQV 158
                ***:***:* * *: * * *: * *: * *: * *: * *: * *: * *: * *: * *:
                .::: * *: * *: * *: * *: * *: * *: * *: * *: * *: * *:

LDEC018727      FYVCHSQGTSQYFAMASLRPEYNDKIALMTALAPVAYMKHLASPLRLAVKYMEAISLAA 228
D.melanogaster  QYVCHSQGTTVYLVVMVSEYNDKIKSAHLLGPAAYMGNMKSPLTRAFAPILGQPNAIV 218
                *****: *:.*. * ***** *:.*** :: * * * . : . .
                *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:.

LDEC018727      DILKINELLGHSELLSLAARLACSDGSPFQEICATFLFFLCGFDSPEMERNIIPVLATNS 288
D.melanogaster  EVCGSMEFMPSNKFQDLGIEMCQATSPYADMCANEIFLIGGYDTEQLDYELLEHIKATS 278
                :: *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:.

LDEC018727      PAGISTKMLKHYGQEIRSGFFRQYDYGGLQNLAKYNSLTPPSFNMSAATAPVALYYSX-- 346
D.melanogaster  PAGASVNLHFCQEYNSGKFRKFDYTALRNPYEGSYFFPDYKLKNAKAPVLLYYGAND 338
                *** *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:. *:.

LDEC018727      -----
D.melanogaster  WMCDVSDVRKLRLDELPNMA LDYLVFPEKWAHLDFIWGTEARKYVYDEV LKMQMSYE 394

```

Şekil 4.28 *Leptinotarsa decemlineata* ökaryotik lipazının *Drosophila melanogaster* model ökaryotik lipazı ile alt alta sekans gösterimi

Gri fonlu kırmızı rezidüler katalitik rezidüler, mor fonlu bölge GXSSG motifini kapsamaktadır. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

4.4 Taşıyıcı Proteinler

4.4.1 Ferritin

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu iki adet ‘heavy chain’, iki adet de ‘light chain’ ferritin iyon taşıyıcısı bulunmuştur. Böcek light chain ferritinlerinin heavy chain ferritinleri karakterize eden ferrokسيداز merkezinden yoksun olduğu, (Dunkov ve Georgieva 1999); bunun yerine kimyasal denatürasyona karşı yüksek stabilite gösteren tuz köprülerine sahip olduğu bilinmektedir (Charlesworth vd. 1997); bu durum LDEC005287 ve LDEC014063 için de böyle olmaktadır (Şekil 4.29). Her ikisinde de ayrıca birer adet N-tipi glikolizasyona ilişkin asparajin rezidüsü görülmektedir. Bir ferritin glikolize olması onun stabilitesini arttırmakta, reseptörü bulmasını ve bağlanmasını da kolaylaştırmaktadır (Nichol ve Locke 1999). Her ikisinde de N-terminale yakın bölgedeki 3 adet C rezidüsü korunmuştur. C²⁶, C³⁴, C⁴⁶ (*Apriona germari* Hope (Coleoptera: Cerambycidae) numaralandırması Uniprot erişim no: Q8MUW9) olmak üzere bu 3 adet sisteinin protein-protein interaksiyonlarında veya endoplazmik retikulumda lipid molekülleri eklenmek suretiyle ferritin degrades


```

LDEC014064 MKSIILTTFVICVIGLASSALECSYKELDIPKDWIDMEKACVKKMRAQVEDELKAAMQYM 60
LDEC005286 MRSIILAVFFVCAIGLASPALQCSHKELDIPKDWIDMDQLCIQKMRGQVEEELKAAMQYM 60
Apriona MKFFFAFAVFFVCSIAFVSAEIECRGENVNVPTDWLDMQQFCVSSVRNQIEEELKAAMQYM 60
*: : : : : : * * : : * : : : * : : : * : : : * : : : * : : : * : : : * : : : *

LDEC014064 AMGAHFSKDTVNRPGFAEIFFKSASEEREHAIKLISYLLMRGELTSKVSSLIK-RNLMP 119
LDEC005286 AMGAHFSKDTVNRPGFADMFFKSASEEREHAIKLISYLLMRGELTSKVSSLIK-RNLMP 119
Apriona AMGAHFSKDIVNRPGFAKMFEEAASEEROHAIKLISYLLMRGELTSKVSELIRSRKLPQ 120
***** : : : : : : * : : : * : : : * : : : * : : : * : : : * : : : *

LDEC014064 QTTWTNGVSALKDALKLEASVTRKIRDVIKVCCEAKSFNDYHLVDYLSGDFLGEQYQGQR 179
LDEC005286 QTTWINGVSALKDALRLEASVTRKIRDVIKVCCEGATSYNDYHLVDYLTGDFLEQYHGQR 179
Apriona KTYWDSGVEALKDALNLEASVTKKIRKVIKNCEE-DSFNDYHIVDYLTGDFLTEQYQGQR 179
: * * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : * : *

LDEC014064 DIAGKISTLEKMTEKHGALGEWLFDDKLLKGEL 212
LDEC005286 DIAGKVSTLEKMTEKHGALGEWLFDDKLLKGEL 212
Apriona DIAGKVSTLEKLVKHGALGEFLFDKLLNGEL 212
***** : : : : : : * : : : * : : : * : : : * : : : * : : : * : : : *

```

Şekil 4.30 *Leptinotarsa decemlineata* heavy chain ferritinlerinin *Apriona germari* heavy chain ferritini ile alt alta sekans gösterimi

Sarı fonlu rezidüler korunmuş sistein rezidüleri, gri fonlu kırmızı yazılmış rezidüler ise feroksidaz merkezine ilişkin aminoasitleri göstermektedir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

4.4.2 Juvenil hormon bağlayan proteinler

Hemolimf juvenil hormon bağlayan protein (IPR010562) ailesinden 4 adet juvenil hormon bağlayan protein *L. decemlineata* peritrofik matriksinde yer almaktadır. Juvenil hormon bağlayan proteinler juvenile hormonu bağlayarak spesifik olmayan esterazlar tarafından degradasyona uğramadan hedef dokuya ulaşmalarını sağlamaktadır (Ritdachyeng vd. 2012). Bunların yüksek ve düşük moleküler ağırlığa sahip olanları bulunmakta olup düşük moleküler ağırlığa sahip olanlar 25-35 kDa arasında değişen kütlelerdedir (Trowell 1992). *L. decemlineata* peritrofik matriksinde yer alan juvenil hormon bağlayan proteinlerin tamamı 18-28 kDa aralığında molekül ağırlığına sahip olup düşük molekül ağırlıklı olanlar grubuna girmektedir. Disülfid köprüleri juvenil hormon bağlanması adına önemli bir role sahiptir (Wojtasek ve Prestwich 1995). LDEC009735'de 33. ve 233. rezidülerdeki sisteinlerle muhtemel disülfid köprüleri kurulabilecekken tek bir sistein rezidüsüne sahip LDEC000780'in ve sistein içermeyen LDEC013494'ün juvenil hormon bağlama niteliği olmadığı öne sürülebilir (Şekil 4.31). Öte yandan amino asit sekansındaki hidrofobik bölgelerin disülfid köprüleriyle kontakt kuran ve juvenil hormon'un lipofilik bölgelerini tanıyan kısımlar olarak juvenil hormon

bağlama kapasitesinde olduğu da ileri sürülmüştür (Touhara ve Prestwich 1992). Buna göre LDEC009735’de C³³ rezidüdünü de içeren L²⁶ ile P⁴³ arasındaki böyle bir hidrofobik dizinin benzer bir rol üstleneceği düşünülebilir (Şekil 4.31).

```

LDEC009735 MKMVALKLLTFVALVYTANASTDRE LALKLAS LKKVIISGLPSLHIPSHDPLVFNHNL 60
LDEC000780 MKLLVSAIIL-----LSAQAFGGYV--FRISS-----PIDIKTEPVFSPY E 40
LDEC013494 MISAAFSFLL-----LLAPAFGGYV--FLYVN-----DRKADDSTVI----- 35
          * . ::          * * . : .          . *:

LDEC009735 WHGDIGIASGTLNVTNLVWHGIPNWSVDIEQFS-DD-SDSNAILKYTLWWPKFVFTSKYS 118
LDEC000780 YHPK----NDVFNFDYFWNLSH-TGFDNSQILDHVDVATLSLNFTTFSPHVQKSVYA 95
LDEC013494 -----L-SDSDD----- 41
          . .

LDEC009735 LYANVAL----IPTHFAGD-----LNVTLASTTWSGEVNFTKPGFNIEGVEGLTSLW 167
LDEC000780 ASGVVLYNKTRDPDIIWGSGPVVKELYNTTILHQIR--SVQYEQDGK-----SYLRVDS 147
LDEC013494 -----NRLEKKSRYMNLIAVNSDNVTIVHQLK--SNQVVKNGE-----TYLEITS 86
          . .          *.*:          . : : *          * :

LDEC009735 NSVQVHFDFDTGLG---PFNGMVSNTLSGFVKGFDTGAMG-----NTLGEALKTR 214
LDEC000780 YNVSVSLEDFITFDYQNLNGTRPD-LAKRTGEYINANAPYITANQQPYVETFLAGMFKEY 206
LDEC013494 YDTSIQMDLITLDYGNLYNGTNPE-LAKDTKDYLNIEIAMLVSDIGGKIEIFFGDMFKTY 145
          ...: :*: :. :** : *: . ::: *          .. :*

LDEC009735 LNTAWFQHNERIDKILEY RNN 236
LDEC000780 AK-AII-GSVSIDELIH----- 221
LDEC013494 AN-LIF-GSVPLNKIVPDFQ-163

```

Şekil 4.31 *Leptinotarsa decemlineata* juvenil hormon bağlayan proteinlerinin alt alta sekans gösterimi

Açık mavi fonla gösterilen bölge juvenil hormon bağlayan varsayımsal bir hidrofobik bölgesidir. Kırmızı fonlu sisteinler disülfid köprülerine ilişkindir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

4.4.3 Hekzamerin-depo proteinleri

Böcek depo proteinleri yaklaşık 70-80 kDa moleküler ağırlığa sahip proteinlerdir ve kelime anlamı olarak hemolimften besin çekilip fat body de depolanması anlamı ima edilmektedir (Haunerland 1996). Son yıllarda bu proteinlerin kütikular formasyon ve melanizasyon, humoral savunma ve madde taşınması gibi diğer roller üstlendiği de öne sürülmüştür (Burmester 1999). *L. decemlineata* peritrofik matriks kompozisyonunda yer alan 1 adet hemosiyanin/hekzamerin (IPR013788) grubuna ait protein 19 karakteristik peptit ile temsil edilmekte, sekansı toplamda 702 aminoasitten oluşmaktadır. Sinyal peptit haricindeki moleküler ağırlığı 81.6 kDa’dır. LDEC012813, *L. decemlineata*

diapause protein 1 (Uniprot ID: Q25271) ile sekans karşılaştırma analizi sonuçlarında % 100 bir benzerlik göstermiştir (Şekil 4.32).

LDEC012813	MKISLVFLVGFTAVLSNPVADTNYLKREQQILKLLYHVNQPSTYPEHVEIGKSCMFCEK	60
TR Q25271 Q25271_LEPDE	-----LKLLYHVNQPSTYPEHVEIGKSCMFCEK	28

LDEC012813	GSLYDKYEKREVVDNWQFWRFGLLPRGEVFSVFYEEHLRQAIALFKLFYYAKTYDEFHR	120
TR Q25271 Q25271_LEPDE	GSLYDKYEKREVVDNWQFWRFGLLPRGEVFSVFYEEHLRQAIALFKLFYYAKTYDEFHR	88

LDEC012813	VATWARQNVNEGFMFVYAFSVAIIHRPDCRRLMLPPIYEIKPHYFFNKEVINKAYYYKQVH	180
TR Q25271 Q25271_LEPDE	VATWARQNVNEGFMFVYAFSVAIIHRPDCRRLMLPPIYEIKPHYFFNKEVINKAYYYKQVH	148

LDEC012813	NSRDVHQNPGSFPGYTIQTNYTHDHMNLGHEQSLSYFLEDIDMNSLYYYNLYPFWMSS	240
TR Q25271 Q25271_LEPDE	NSRDVHQNPGSFPGYTIQTNYTHDHMNLGHEQSLSYFLEDIDMNSLYYYNLYPFWMSS	208

LDEC012813	EEFGWKDSNRGYLYYFAHQQLLARYYLERMANGAGDIHTLDVDSPIQTPYNPSMVYPCGA	300
TR Q25271 Q25271_LEPDE	EEFGWKDSNRGYLYYFAHQQLLARYYLERMANGAGDIHTLDVDSPIQTPYNPSMVYPCGA	268

LDEC012813	EFPSRPKFAKLHEYFFNYGKKWSWSRFGTNSFDFMADYDRMNDAIQGGFVDTKGNKIE	360
TR Q25271 Q25271_LEPDE	EFPSRPKFAKLHEYFFNYGKKWSWSRFGTNSFDFMADYDRMNDAIQGGFVDTKGNKIE	328

LDEC012813	LDTPEGFNVNLGNIQSNWDSPNRKFGALWSYLRHFFGYSYAPVNNYREVPSALEHYETC	420
TR Q25271 Q25271_LEPDE	LDTPEGFNVNLGNIQSNWDSPNRKFGALWSYLRHFFGYSYAPVNNYREVPSALEHYETC	388

LDEC012813	MRDPMFFQIAKKMIMKFQRYLSDLPPYTEEELLFPGVSVEGLEFDPLITYNDWSYSDLTN	480
TR Q25271 Q25271_LEPDE	MRDPMFFQIAKKMIMKFQRYLSDLPPYTEEELLFPGVSVEGLEFDPLITYNDWSYSDLTN	448

LDEC012813	GVFYNNQEDAKTFDIRVRQYRLNHKPFYTIKIKVTSKQAQKAVVKVFMGPAYDKNGETMFL	540
TR Q25271 Q25271_LEPDE	GVFYNNQEDAKTFDIRVRQYRLNHKPFYTIKIKVTSKQAQKAVVKVFMGPAYDKNGETMFL	508

LDEC012813	NENRLNFLILEHFVHDLKAGENVITRSSHEMRFYAPDKMSFRDMYKRKVAALLEGDGEFKI	600
TR Q25271 Q25271_LEPDE	NENRLNFLILEHFVHDLKAGENVITRSSHEMRFYAPDKMSFRDMYKRKVAALLEGDGEFKI	568

LDEC012813	DERQNYFHWPRFQFMLPRGSSAGTPYRFFVIVYPYEPYHEGKYETDGIPAPGSGGVFIDNR	660
TR Q25271 Q25271_LEPDE	DERQNYFHWPRFQFMLPRGSSAGTPYRFFVIVYPYEPYHEGKYETDGIPAPGSGGVFIDNR	628

LDEC012813	TAGFPFDRVIRFEKMWYPLANGQFQEAQVYFKDIYDINAPHH	702
TR Q25271 Q25271_LEPDE	TAGFPFDRVIRFEKMWYPLANGQFQEAQVYFKDIYDINAPHH	670

Şekil 4.32 Mevcut çalışmadaki depo protein LDEC012813 ve Uniprot protein bankasındaki Q25271 erişim numaralı *Leptinotarsa decemlineata* depo proteininin alt alta sekans gösterimi

Altı çizili italik rezidüer sinyal peptiti temsil etmekte olup Uniprot protein bankasındaki depo proteinde N-terminal bulunmamaktadır. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

Arilforin tipindeki bu heksamerin (Koopmanschap vd. 1995) bolca aromatik amino asit rezidülerine sahip olup son dönem larvalarda depolanmakta, başkalaşım sürecinde

kaybolmakta, erginlerde ise sadece diyapoz sürecinin tetiklendiği kısa gün koşullarında ortaya çıkmaktadır (Koopmanschap vd. 1995). SignalP tahmin sonuçlarına göre bir SPSP (Secretory Pathway Signal Peptide) sekansı ile başlayan bu secreted proteinin peritrofik matriks yapısındaki işlevi ise bilinmemektedir.

4.5 Savunma Peptitleri

4.5.1 Lektinler

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 1 adet C-tipi lektin tanımlanmıştır. Ancak tipik bir mannoz bağlayıcı lektin motifi olan E²⁶⁷-P²⁶⁸-N²⁶⁹ motifi (*H. armigera* C- tipi lektin numaralandırması Uniprot erişim no: Q19AB1) (Chai vd. 2008) LDEC008648’ de korunmamıştır (Şekil 4.33). EPN motifinin yerini EPS motifinin alması onu düşük düzeyde bir mannoz bağlayıcı lektin yapmaktadır (Cheng vd. 2014).

SKN**EPS**D----NG---TCLEVTQDSS-DISMS**WNR**adctknnnyiicegdgnqtttkpdss 52

Şekil 4.33 *Leptinotarsa decemlineata* LDEC008648 kodlu C-tipi lektininin motifleri

WNR motifi Ca⁺² bağlanmasını koordine etmektedir

Lektinler diğer karbonhidrat bağlayıcı sindirim enzimlerinden karbonhidratı sadece bağlayarak herhangi bir sindirim reaksiyonuna girmemeleriyle ayrılır (Terra vd. 1996). Çoğu böcekte bunların sentez yeri ‘fat body’ olup, buradan hemolimfe salgılanmaktadırlar. (Chai vd. 2008). Lektinlerde genellikle çoklu bileşen bağlanma bölgeleri bulunmaktadır (Terra vd. 1996). Peritrofik matriks yapısında yer alan C-tipi lektinler peritrofik matriks musinlerindeki O-tipi glikolize olmuş glikanlarda lokalize olarak (Toprak vd. 2016) karbonhidratlı bileşenleri yakalamak suretiyle patojenlere karşı savunma stratejisinin bir parçası olabilmektedir (Huang vd. 2015).

4.5.2 Taumatin

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu peritrofik matriks yapısında 1 adet Taumatin (IPR001938) proteinine rastlanmıştır. Sinyal peptit hariç 21.5 kDa ağırlığındaki bu protein 2 karakteristik peptite sahip ve 214 aminoasit uzunluğundadır (Şekil 4.34).

```
MLKLVTLCILLTTVLAVEFQITNREIGAIWVGCQGNAGKPALANGGFILEAGAT 54
ISVYSPDDWAGRFWARTWCDVNTKHCLTGDGDRLECGGNGGAPPASLVEITLK 108
GYGEQDYDISLVDGFNIAAACPNELKLNTEHGVVGCKSAFLAFNTDQYCCORGA 162
FGTPESCRSSTWVPDYPNFFKSRCPDAYSYAYDDHKSTFTCQAQKYLITFGV 214
```

Şekil 4.34 LDEC003727 tüm sekansı

Muhtemel disülfid köprülerine ilişkin sistein rezidüleri kırmızı fonla belirtilmiştir. Altı çizili italik rezidüler sinyal peptite ilişkindir

Taumatin homoloğu genler bitkilerde iyi bilinen antimikrobiyal genler olup (Cao vd. 2016) yakın zamanda *T. castaneum*' dan da taumatin proteinleri elde edilmiş, bunların *Beauveria bassiana* ve *Fusarium culmorum* gibi fungal patojenlere karşı antifungal özellik gösterdiği vurgulanmıştır (Altınçiçek vd. 2008). Taumatin proteinleri yakın zamanda *A. glabripennis* mide transkriptomunda rapor edilmiş olmasına karşın (Şekil 4.35) (Scully vd. 2013) peritrofik matriksteki varlığı mevcut çalışmada ilk kez rapor edilmektedir.

Bu protein daha önce *M. domestica* peritrofik matriks proteomik analizlerinde de rapor edilmiş, böceklerin anti-bakteriyel özellikli savunmasındaki en etkin proteinlerden biri olduğu belirtilmiştir (Wang vd. 2016) *A. glabripennis* mide transkriptomunda rapor edilmiş olan peptidoglikan tanıyan protein, % 50.4 ile *L. decemlineata* peptidoglikan tanıyan proteine en yüksek benzerlik gösteren protein olmuştur (Şekil 4.37).

LDEC003767	61	RRLEDANPTKSAKELATLILQLRQDGIISTG--RSTDIRWALPFSPSNYESVKQTIFFE	118
V5GXA9 V5GXA9_ANOGL	61	RRLEDNNPTTISRELSALILHRLRQDGIIMGTIRSTGVTDLREGVPPSTKRLEAYKSTLILQ	120
N6U158 N6U158_DENPD	1	-----MTPRELALHILHRLRQDGIITQIG--RTIDEREGLAYSASRPERYKFRVLLQ	49
		: **: *:***** *	
LDEC003767	119	KFITSSSLELLYGDLDPVEICSFHYMISSITNITKRGDEASTCSRSARYTSRMRRDVQKS	178
V5GXA9 V5GXA9_ANOGL	121	RFLTNIITVDLNFGLDLEPAEVCSLHFLISSIVENRVASDEITTCSSRSRYTSRIIFRKREG	180
N6U158 N6U158_DENPD	50	SLLPNAEQTLASGQLSDFERCSLHYLISNTIADMQRENEALCSRSRSRYTLRIHRRRRE	109
		: *: * *: * *:***** *	
LDEC003767	179	EFAAE-----VMEDFQPRFVADSEKSCQCPENGVVYTN	212
V5GXA9 V5GXA9_ANOGL	181	EEPPVTEEPVIPDLPEVDGNSGGDNVEVVEGVGEGVRSILGSTSDVSCQPIELGVVYTN	240
N6U158 N6U158_DENPD	110	DDTDETELVNQD-----SGGNLG-----LLS-TNVARNLSQCPIELGVVQTO	151
		: : : ***** *	
LDEC003767	213	YGTIVKVGQVLNGIATGFQAQNYG--ECDNRYATTVSGEIVEAAEFVGTENIKIGAPGGWN	270
V5GXA9 V5GXA9_ANOGL	241	HGTIKAGQVLVGIATGFNAETVS--GSDNRYASTIAGEIAEAALAQATTIVIGASGGWN	298
N6U158 N6U158_DENPD	152	SGTIKAGNVLAGIAAGLNPTVGNNGTVDNRYAATTIGELAEASLYQADPTISLGASGGWN	211
		: *: * *: * *: * *:***** *	
LDEC003767	271	STINPKYYFLQKKDKLDVTDAEIRGSIDGLYMALKMDKWKSTFSDLKISQIIDLYYSPQQ	330
V5GXA9 V5GXA9_ANOGL	299	STLNPRYFFLQNRNTQQTDDAEIRGSLDGLYMARLDSWRQSFSDIKVQSILDLYYASYQ	358
N6U158 N6U158_DENPD	212	STINPKYYFLQNNLLQATDAELRGALDGLYISLRMTNLTSAFADLKISQIIDMYSPYD	271
		: *: * *: * *: * *:***** *	
LDEC003767	331	KGVFDPSFKACNRNIFFSMASTDKLRTEITLNLMAPISSGA-GYRITVKPDPFYPDLANAST	389
V5GXA9 V5GXA9_ANOGL	359	RGVFDESFRSCNRSLLYTELVDPETLRAQIQAFMGPLDDASQYQGIVSSAAEELITTAAL	418
N6U158 N6U158_DENPD	272	KGVFDSSFKACNRNILEYTEMITSETMRTQLNFMPLNTAALSGISLTRDAEVLNNSST	331
		: ***** *: * *: * *: * *:***** *	
LDEC003767	390	QAFNLNIPQLS-SDLTCIPK-GNIERVATDLFIFIDASWNYNIISKVLS-----	436
V5GXA9 V5GXA9_ANOGL	419	SSFNSYFTQMNNTNDLACTPDNSNIERVATDLIFLDTSWNYNTVQSILSYVLNDNIDVNR	478
N6U158 N6U158_DENPD	332	SAFGSYLPQMTSADLTCAIN-LSIERVKTDLLIFIDSGWQEGTLQSVLSYILNNDVNP	390
		: *: * *: * *: * *:***** *	

Şekil 4.37 LDEC003767'nin sırasıyla *Anoplophora glabripennis* ve *Dendroctonus ponderosae* Hopkins (Coleoptera: Curculionidae) ile birlikte sekans gösterimi

Uniprot erişim numaraları mavi renkli yazılmıştır. Koyu gri renkil fon tüm proteinlerde korunan rezidüleri temsil etmektedir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

4.5.4 Repat benzeri proteinler

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 4 adet Repat benzeri savunma proteini tanımlanmıştır. Bunların tamamı MBF2 transkripsiyon aktivatör korunmuş bölgelerine sahiptir (IPR031734) (Şekil 4.38).

MIKTFVVVFALACQFAHGIVDPREQFEIREGNCTYARLGDLVFEDHVHLTRIPF	54
ITRNTTSSWHGDQTI FCILALSQKPASKGSTVFIKEGGVNRITYVTLEFHSSKNH	108
GLEYNVQVFGRFR	121

Şekil 4.38 Bir *Leptinotarsa decemlineata* Repat proteini olan LDEC014461'in NCBI Conserved Domain Search seçeneğinde tarandığında elde edilen MBF2 bölgesinin gösterimi

Gri fonlu bölge MBF2 bölgesini tahmini olarak temsil etmektedir. Altı çizili italik rezidüler sinyal peptidi göstermektedir

Bu proteinler daha önce *B. mori*'de çalışılmış MBF2 bölgesine sahip olan bu proteinlerin TATA bölgesine bağlanan proteinle interaksyona girerek transkripsiyonu aktifleştirdiği belirlenmiştir (Li vd. 1994). Korunmuş rezidü yapıları bilinmeyen bu proteinlerin protein bankalarında herhangi bir ortoloğu da bulunmamaktadır. Çok düşük benzerlik oranına sahip proteinler blast sonuçlarında yer almaktadır.

4.6 Detoksifikasyon ve strese ilişkin proteinler

4.6.1 Karboksilesterazlar

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizlerinde 3 adet karboksilesteraz, tip-B (IPR002018) ailesinden karboksilesteraz tanımlanmıştır. *L. decemlineata* karboksilesterazlarının tamamı Uniprot protein bankasındaki diğer *L. decemlineata* karboksilesterazları ile %90 ve üstü oranlarda mevcut sekans benzerliği taşısa da kopuk sekanslara sahip ve katalitik rezidüleri korunmamıştır.

Karboksilesterazlar böceklerde insektisidal dirençte, özellikle de organik fosfatlı insektisitlere karşı detoksifikasyonda rol almaktadır (Cui vd. 2015). Daha önce *B. mori* peritrofik matriksinde varlığı rapor edilen bu enzim, peritrofik matriksin sadece patojen, toksin ya da bitki alelokimyasallarına karşı değil sentetik insektisitlere karşı da bir kimyasal bariyer görevi üstlendiğini düşündürmektedir.

4.6.2 Tiyo redüktaz

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 6 adet Gamma interferon inducible lysosomal thiol reductase GILT (IPR004911) grubundan tiyo redüktaz enzimi bulunmuştur. Gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase (GILT), CQHGX₂ECX₂NX₄C karakteristik motifine ve CXXC ya da CXXS aktif rezidülerine sahiptir (Kongton vd. 2014) (Şekil 4.39).

```
MWFLLSALFVSANSASPTTVSVYYESLCPYCIDFIRDQLAPAYYKIGDKIKV 54
DEVNGKLIFI CQHGESECYANRIQACALDLGVGNSGIEFALCAMSSSNPSSEEI 108
LKQCAIDHKIDWDQIENCYQSKKADDLLMEYANRTISVSPPI LGTPAIALDNHY 162
METLTDIAQMSLQETIEFLQSGGTCYWCCASVNWKQKSKYTYVFK 207
```

Şekil 4.39 Eksiksiz bir sekansa sahip olan LDEC021796’de bu karakteristik motiflerin gösterimi

Kırmızı renkle yazılmış gri fonlu bölgeler aktif rezidüleri, yeşil fonlu bölgeler ise GILT karakteristik CQHGX₂ECX₂NX₄C motifini temsil etmektedir. Altı çizili italik rezidüler sinyal peptidi göstermektedir

GILT adaptif bağışıklık sistemine sahip omurgalı canlılarda asidik ortamda tiyo redüktaz aktivitesi göstererek protein antijenlerin disülfid köprülerinin sayılarını azaltır; bu şekilde bağışıklık sisteminde rol oynar (Arunachalam vd. 2000). Bu katalizlemeyi sahip olduğu CXXC aktif rezidüleri sayesinde yapar. Ancak bu motifin fonksiyonları henüz tam olarak aydınlatılamamıştır. Diğer yandan *Drosophila melanogaster*’ de *E. coli* enfeksiyonundan sonra GILT genlerinin ekspresyonunun artışı bu proteinlerin adaptif savunma sisteminden yoksun omurgasızlarda da bakteriyel patojenlere karşı savunmada bir rol üstlendiğini ortaya koymuştur (Kongton vd. 2014).

4.6.3 Sitokrom P450

L. decemlineata peritrofik matriks kompozisyonunda Sitokrom P450, E-sınıfı, grup I (IPR002401) ailesinden bir protein tanımlanmıştır. İki adet karakteristik peptit ile temsil edilen bu protein 527 aminoasit uzunluğundadır. Sinyal sekansı hariç tahmin edilen moleküler ağırlığı 58.9 kda’dır. Uniprot ID: A0A0F6P2P2 olan bir *L. decemlineata* sitokrom P450 proteini ile % 77 oranında bir benzerlik göstermiştir. Demir bağlanma

bölgesinin FXXGXXXCXG karakteristik motifi (Rose vd. 1997) LDEC013287’de korunmuş olup buradaki C’in demir iyonu ile interaksiyona giren bir ligand olduğu bilinmektedir (Nebert ve Gonzalez 1987). G⁷², F¹⁹¹, G³²⁸, E³⁸⁵, R³⁸⁸, P⁴⁴² ve F⁴⁷⁵ gibi ökaryot ve prokaryot sitokrom P450 proteinlerinin temel korunmuş amino asit rezidüleri (Rose vd. 1997) de LDEC013287’de korunmuştur (Şekil 4.40).

<i>MIQWFLGAAALVAIFYYFYIKPWNWYRERGVKQEGHPIQLYIDSRQAIKNNV</i>	54
LDRIVGYYNQFQGTRYHGIYHMSAPTLVIKDPELLRRITVKDFDHFTNHRNFIP	108
EEADPLFGKNLFFSKGQQWRKMRPILSPSFTSSKMRTTFVLISKCTEDFVNHF	162
KKDEKCIIEIMKDAFTRFTNDVIATSAFGVEVNSLKEPDNEFYSGKKLTDVKN	216
SGILFKYIGYPLVPKLIKYLGLTYMNPTANRFFCDLVDNTMQVREKNNIIRPDM	270
IHLLMEARKGEHQKEENTVIDTGFATAKEADLGKGQATELTNSDITAQALLFFF	314
AGFDSVSSLMCFMSHELAIHPDIQTRLRNEIEDTLAECGGKITYEALLKMKYMD	368
MVIS ES LRKWPSTVSTDRVCTKPYTIEAMNADEKPLHIEKGITLMIPMVGIIHYD	422
PKYYPDPERFDPERFSDENKGKIDPFTYMPFGLGPRICIGSRFALLETKLLFFH	476
LLSHFELVPVEKTQIPLKLSKWTFTNLMAEKGFWLGLKRLQK	517

Şekil 4.40 LDEC013287 aminoasit dizilimi

Kırmızı ile yazılmış rezidüler ökaryot ve prokaryot sitokrom P450 proteinlerinin temel korunmuş amino asit rezidülerini temsil etmektedir. Yeşil fonlu bölge FXXGXXXCXG motifine sahip demir bağlama bölgesini göstermektedir. Altı çizili italik rezidüler sinyal peptite ilişkindir

Sitokrom P450 monooksijenazlar sadece yağ asitleri, steroidler, hormonlar ve vitaminlerin metabolizmasında değil böcek tarafından edinilen kimyasallar ve insektisitlerin de substratı konumunda olup (Berge vd 1998; Schuler 1996) bu anlamda bir detoksifikasyon görevi de üstlenmektedir. Bu enzimin varlığı mevcut proteomik analiz ile gün yüzüne çıkmakta olan peritrofik matriksin sentetik insektisitlere karşı detoksifikasyon rolünü pekiştirmektedir.

4.6.4 Multi-bakır oksidaz

LC-MS/MS sonuçlarında Lakaz-1-benzeri izoform X2 ilk adı ile adlandırılmış bir adet multi-bakır oksidaz enzimi mevcut *L. decemlineata* peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu tanımlanmıştır. 19 adet karakteristik peptit ile temsil edilen ve 643 aminoasit uzunluğundaki bu proteinin sinyal peptit dışında kalan moleküler ağırlığı 70.6 kDa’dır. Bu protein iyon bağlamada rol alan 10 adet histidin ve 1 adet sistein rezidülerinin (Lang vd. 2012) tamamını barındırmaktadır (Şekil 4.41).

<i>MLPLLVLVLFHFFAEIQGNFVHIDKPSGPRKMLPYSEPPSHPCARICKKGASPM</i>	54
<i>TCRYTFEVEYYYTMGRACYDCPFNVTD CYRPGCIPAEGSKRGAVSVNRQIPGPA</i>	108
<i>IEVCLGDRIVV DVVNKMTSESTTMHW HGIHQKETPYADGV PYVAQCPTLPYDTF</i>	162
<i>RYSFDALQAGTHWY HSHIGMQRADGDFGPMVIRIPDEDNVLAGFYDYDLSSHII</i>	216
<i>SICDWDDSLSLERYLGHVNSDGGNKPKSII INGLGRNKEFEKDGKIIHMPTARF</i>	270
<i>FVDQGYRYRFRVLNSGVMNCPLELSIDNHTFTLISTDGNDVMPVEAKSLIIFSG</i>	314
<i>ERFDIIVEANQMD DLYWIRVKGLQDCGPDYNKVFQLAVLHYTGADATLENHPKE</i>	368
<i>VVDYENAHLEGLQINSITGESSENFLSIPDLQAIQEWDESLKEKPDFKYIISFD</i>	422
<i>FEAINNSDFQSKPNLRFNNLDVERKRKTPQLNHISLKMPNFALLPSRNQVSDDI</i>	476
<i>FCNKENMVDQNCTVEECKCYHAVKIPLNATVELIFIDEAAGSVGNHPMH LHGFN</i>	530
<i>FRVVGMEKIGDSVTPEEIESRDKLGLLKRNLVDAPLKDTVNPAGGYTIVRFQA</i>	584
<i>SNPGYWILHCHLEFHAELGMSMLLQVGEKEDMVPVDPDNFPSCGDYTPDW</i>	633

Şekil 4.41 LDEC008679 kodlu *Leptinotarsa decemlineata* multi-bakır oksidaz enzimi full sekansı

İyon bağlamada rol alan rezidüler kırmızı renkle gösterilmiştir. Altı çizili italik rezidüler sinyal peptidi göstermektedir

Multi-bakır oksidazlar Dinglasan vd. (2009) tarafından 2009 yılında *A. gambie* peritrofik matriksinde bulunmuş, 2011 yılında Baker vd. (2011) tarafından da ilgili genin ergin *A. gambie* erkeklerinde düşük düzeyde eksprese olduğu belirtilmiştir. Multi-bakır oksidazların böcek tarafından edinilen demir ve bakır metabolizmasında görev yaptığı, özellikle toksik fenolik bileşikleri oksitleyerek detoksifikasyonda rol aldığı (Dittmer vd. 2004) ya da bunların peritrofik matrikse çapraz bağlarla bağlanarak sindirim sonrası peritrofik matriksle birlikte atılmasını sağladığı sanılmaktadır (Lang vd. 2012).

4.6.5 Peroksiredoksin

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 1 adet peroksiredoksin-2 proteini bulunmuştur. Bu protein 5 adet karakteristik peptit ile temsil edilmekte, sinyal peptit hariç tahmini moleküler ağırlığı 23.7 kDa'dır. Toplam sekans 230 aminoasitten oluşmaktadır. LDEC018561 iki sisteinli peroksiredoksinler grubundan olup FFYPLDFTFVCPT EI ve HGEVCPA fonksiyonel sistein içeren motifler (Shi vd. 2012) (C¹²⁷ ve C²⁴⁸ Sığır Peroksiredoksin Uniprot erişim no: Q9BGI2) tamamen korunmuştur (Şekil 4.42).

MIRIPLTLLTITFVVASAADNEALKKLVAGNLEFTSNVYKKQAESVKENLLISG 54
 ISAKIVLSLLSQGAKGETKTELQHGISETDD SINAYKDLISKLDQSNEHLTLKT 108
 ANRIYAAEGFKILDSFRKISEDPEAGTENVDGDNLTGTARNINNWVANQTNNK 162
 ITNLISPQLNDGTKLVLVNTLYFKDKWLHRFEEHRTKKGIFYTSSTKSKEIDL 216
 MHTDGTENYRRCNYYKAQFLEIPFKQSNISIHVLVLSNDKDGLTSLEPHIKDILV 270
 PHSYHPRKVALGVEKVFDGQQSDLTGISDSNSVSQGR LAVDFVTQQTFINVTEA 314
 GVEAAAAATAVGGSSITATEPPAIVFKADHPFLYYIRDNESGLILFVGKFTN 365

Şekil 4.44 *Leptinotarsa decemlineata* LDEC011881 kodlu serpininin inhibasyon dizisinin motifi

Lila fonla taranmış bölge serpin kaidesi, yeşil fonla taranmış bölge reaktif merkez, sarı fonlu bölge ise serpin işaret sekansını temsil etmektedir (Chamankhah vd. 2003) Altı çizili italik rezidüler sinyal peptiti göstermektedir

Serpinler serin proteazlarını geri dönüşümsüz olarak inhibe ederek normal fizyolojik proses içinde veya patolojik durumlarda proteolitik aktivitenin regülasyonunu sağlarlar (Janciauskiene 2001). Serpinlerin peritrofik matriksteki varlığı; serin proteazları ile birlikte peritrofik matriksin formasyonuna ilişkin bir rol üstlendikleri şeklinde yorumlanabilir (Chamankhah vd. 2003).

4.7.2 Saposin

Saposinler memelilerde spingosin ve seramide hidrolizinde enzim aktivatörü olarak görev yapan moleküllerdir (Harzer vd. 2001). *L. decemlineata* peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu bir adet Saposin (IPR008373) grubu protein bulunmuştur. Dört adet karakteristik peptit ile temsil edilen bu protein 104 aminoasit uzunluğundadır. Sinyal sekansı haricinde, geriye kalan tahmini molekül ağırlığı 9.5 kDa' dur. Bu protein Interpro protein analiz sonuçlarına göre Saposin B tipi bölge (IPR008139) içermektedir. Bu bölge temel olarak 6 adet sistein rezidüsü ve 3 adet disülfid köprüsü ile tanımlanmaktadır (Şekil 4.45).

MNKFSLVIVAVIFGAMVVIAEEDSNLESVQCDIEMALKEIKNIVKSDHTEAEI 54
 GNIVHGI EKLPGF FGKE DKLVD EY GKQI IDSLVNKVD EKVCHF I K 104

Şekil 4.45 LDEC002545 kodlu *Leptinotarsa decemlineata* saposininde saposin B bölgesinin (yeşil fon) ve korunmuş sistein rezidülerinin (kırmızı fon) gösterimi

Saposin B'ler spesifik olmayan aktivatörlerdir, çoğu glikolipit ve gliserolün hidrolizini katalizler (Ponting 1994). Saposin B'ler hücrel membranların lizize uğradığı

durumlarda genellikle aktif olmaktadır (Hoffman ve Tschopp 1996). Bunlar gram negatif bakterilerin dış membranlarının ana bileşenlerinden biri olan lipopolisakkaritlerin degradasyonundan sorumludurlar (Ponting 1994). Bu proteinlerin patates böceği larvasında *Chromobacterium subtsugae* (Betaproteobacteria) gibi gram negatif bakterilerin enfeksiyonuna karşı savunma olarak sentezlenebileceği öne sürülebilir.

4.7.3 Asit fosfataz

Histidin fosfataz ailesi, kısım-2 (IPR000560) grubundan bir asit fosfataz mevcut proteom analizleri sonucu peritrofik matriks yapısında tespit edilmiştir. Bu protein 9 karakteristik peptit ile temsil edilmekte, toplam uzunluğu 367 aminoasit olmaktadır. Sinyal peptit haricindeki tahmini moleküler ağırlığı 41.5 kDa'dır. Korunmuş H aktif rezidüleri ve disülfid köprülerine ilişkin sistein rezidüleri şekil 4.46'da gösterildiği gibidir.

```

LDEC022220      -----MKGVLFTFIIISLHLIKSEFVIEKPPDELISVAVFFR H GDRSPTKSFNDKYFD 53
SP|B1H1P9|PPAL_XENLA  MADGSLGSGPQLGLIALLVLLFSAPLAQSRELRFVTLVYR H GDRSPVHGYPDVBH-K 59
                  . * : * * : . * * * : : : : : : : : : : : : : .

LDEC022220      LRYWPMGFGQLTEYGIDRQYKLGQWFRSRYNLSFLSEESPNDIHVYSTDVRTLSAAAN 113
SP|B1H1P9|PPAL_XENLA  ESVWPQGYGQLTQVGGMQHWDLGQELRARYKGFLNESYNRHEIYVRSTDVRTLSAEAN 119
                  ** * : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : *

LDEC022220      LAGFYPPKNDQIWNQNLLWRPIPIHTSPRIKDDIIT-RKRNCPKYDKHYEKVKESDFFKA 172
SP|B1H1P9|PPAL_XENLA  LAGLYPPEGPIIFNPNIWTQPIPIHTIPESEDQLLKFPISP C PAYVKLQEETRQSAEYIN 179
                  *** : : : : . * : * : * : : : : : : : : : : : : : : : :

LDEC022220      INKNYSDFYNLVSEYTGWKVNIGEIRTLRSVLYCYKNYNVSFIPEWAPTLDQSVLDYLS 232
SP|B1H1P9|PPAL_XENLA  MTTYKAFQMVANKTGLSDCTLESVWSVYDTLFC E KETHNFS-LPTWATADVLSKLNKLK 238
                  : . . * . * : : : : * * . : : : : : : : * : * : * : * : * : * .

LDEC022220      GLAYQR---NSYTKKLKRLGIGPFDFYLSHFDNVTN-VSSTRFLMMSG H DTSLSILN 288
SP|B1H1P9|PPAL_XENLA  DFSFVFLFGVHERVKARLQGGVLVDQILKNMTAAANNASNGLLAYS A H DSTLGALQL 298
                  . : : : : * * * : . * : : : : . : * . . : : * . * : : * : :

LDEC022220      AMGVFDLQPINFAEVVIWELKRKVDTKSFYINLYQ-RKSEDDLVLRLIEG E EFD GYEDF 347
SP|B1H1P9|PPAL_XENLA  ALDVYNGKQAPYASCHIFELYKED-SGNFTVQMYFRNESGKTPYPVSLPG A H A H PLQDF 357
                  * : . : : : : : * . * : * : : : : * : : * . : : : * * . * : *

LDEC022220      KRIMKPISINIHWEKE E FE----- 367
SP|B1H1P9|PPAL_XENLA  QSLQPII--AQDWE E E QTSFIMTEETIIGLTIGAIALFIIIVVLMMLSCNEPKDDGY 415
                  : : : : * * : : * : * *

```

Şekil 4.46 LDEC022220 ve *Xenopus laevis* Daudin (Anura: Pipidae) asit fosfatazlarının (Uniprot erişim no: B1H1P9) birlikte sekans gösterimi

Kırmızı renkle yazılmış gri fonlu rezidüler aktif rezidülerdir. Kırmızı fonlu sistein rezidüleri disülfid köprülerine ilişkindir. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

Bu proteinin peritrofik matriks yapısındaki işlevi bilinmemektedir.

4.7.4 Spingomiyelin fosfodiesteraz

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 1 adet Spingomiyelin fosfodiesteraz (IPR011160) enzim ailesinden spingomiyelin fosfodiesteraz bulunmuştur. Yedi adet karakteristik peptit ile temsil edilen bu protein 516 aminoasit uzunluğundadır. Spingomiyelin fosfodiesteraz, spingomiyelinin seramide hidrolizini katalizler ve bu seramid de daha sonra spingosin ve spingosin 1-fosfat gibi biyoaktif lipitlere dönüşebilir (Andrieu-Abadie 2002; Ribeiro vd. 2014). Ancak bu sürecin detayları günümüz için bilinmemektedir. Uniprot protein bankasında en yüksek blast skoru veren Coleopterlerle yapılan alt alta sekans gösteriminde korunmuş rezidüler şekil 4.47’de verildiği gibidir.

LDEC017049	52	KFSSGLGEVSMNDILTYIVKNTQKIDGKICALILQSIGCEKGNVYEWEIFEPGNTVKK	111
Anoplophora	116	RVCDCGII-NANLGIEMYIINDNADLKNTSVCGILITNYNCDSGNAYETVEVESGKTIVDK	174
Tribolium	115	RVCCKGAI-ERHIDILLYIVDNTPDLDSTRVCGSVLQSIGCSSGNFNFWSTQLESSEGSPT	173
Dendroctonus	713	EVCTGVI-DLNLPIFAFYLVDADSLQGERICQDVILQKSGCNO-TTFEWSIDIEEGKTIVPR	770
LDEC017049	112	P-KPDGKIKENILHLTDLHYDEPLYTENKTKDGEPLCCONDQKANNA-SDACGYWSSPE	169
Anoplophora	175	V-KANGTNTFNILHISDIHYDEPLYTPGKSSQGEPLCCODDQPDGTDD-SNTCGYWSYDYS	232
Tribolium	174	PKSYDKKQSEKILHLSDFHEDDYTPGGNEDGEPICCSQDQKPNSS-ETTCGYWSSYK	232
Dendroctonus	771	KNPSNPSTFNILQISDFHYDEPLYMQGKTKACTREVCOSDQEDGDASEGTACGYWSEYN	830
LDEC017049	170	NADVPLHTIEAMLNQTQSHEFEYVYFTGDMVSHRVWDTSVESNKKIITEILDQEVKY-YK	228
Anoplophora	233	DADTPFHTMQEALRESGTHFEFDYVYFTGDFVSHRVWSTSVENNRDII-AVTDQFKAY-YN	290
Tribolium	233	EADTSWKLVKETVKQINTHOFDLYVYFTGDIISHRVWETSIERNTKSLQIYSYMKKK-FN	291
Dendroctonus	831	NVDASEALVDESIRKANEFDFFEYVYFTGDIVTHRVWSTSVENNRDMKLIIFRKMKSAFSG	890
LDEC017049	229	KPVYFVLGNHAEHVNVEFSPDEIN-GSLSTQWLYDMILEKWSWLPKDEVKDTILKGGYYT	287
Anoplophora	291	VPVYFVLGNHPEHPLNVWSSDGVDDATLSTQWVFDLVAEQWGEWLTEDAKKTILKGGYYT	350
Tribolium	292	VPVYFVLGNHPEHPLDQWPLDVQDEIISNRWLFELVAKLWSPLVGDISSETVILKGGYYT	351
Dendroctonus	891	KPIYFVLGNHPEHPLNEFAIGDDVDAAALNTDWLYQLIIEFSTWLPKSAQETIKRGGYYT	950
LDEC017049	288	VLAQKGLRIVVLNNVCSFENWVLLYDDRDEYGOGLKWLAEVLHKAENNEEIVHILAHIPT	347
Anoplophora	351	VSPRKGFRIVALNSNVCIYVNWVLLVNDSEDDHDLANLAEVLDAEKNSSESVHILMHIPT	410
Tribolium	352	VSPKAGFRIIATNSNPCYVNWVLLVNDSEYGOGLQWLADTLEAEKNDERVHILSHVPS	411
Dendroctonus	951	VSPREGFRIIATNSNVAYFMNWVLLHNDTDFGQLTFLAQTLKEAEERGEIVHILSHIPS	1010
LDEC017049	348	K--SCLKVWAREYRKIIIFRESNTVAAQFYGHTRDQTHIYYN--NKSEAMNVGWNGGSLM	403
Anoplophora	411	GSSECLSSWSREERKILRRESNTIIGHFSGHTRDRLWVYYD--DDEQAVGVSWNGASVT	468
Tribolium	412	GTSECLSVWAREYSKIVREFANTIAQGFVGHTRHODEFYVYVYNCSDDTQAVGAAFNGAAVT	471
Dendroctonus	1011	GKADLLQVMSREYHRIIFRESNTIAAQFNGHTRHDKQFMVYHSSANVSEAINIANGASVI	1070
LDEC017049	404	P-DEANPNYKLYTIDAKVFDVLDAETWTFNLTLANE--MKEIEFWKKLYSEKEAYGMDGLL	460
Anoplophora	469	PFSNSNPSYKLYQIDGETFDVLDFEWTFNLTLANLNPTRDQVWYKLYSEKEAYGVGSME	528
Tribolium	472	PWIESNPSYKIFDVDSKSNLLDYEWTFNLTLANSQSPAPLEWYKLYRETEAYEVDNLS	531
Dendroctonus	1071	C-DKSNESEFKIINVDHENEVDVIDTEWTFNLTLANLAEDAIPWYKLYSERESEGTRSLA	1129
LDEC017049	461	PANLDELVRNMAANDTFIELYNNFYRDSB--YDHTCDEACKMRLLCEMVTTEQSKDE--	516
Anoplophora	529	PSEVDKLLTRMAEDHSLICKYNYKFRNSDVAVKNGENTSCOKSLLCEMVTIVHEDTEKC	588
Tribolium	532	PTEVKKLLYKMAENHALLDDYKRYVRNGDPGVEKGGDDSCKKSLCKIATITIEDDTQC	591
Dendroctonus	1130	HEEFSELLPKMAANHLLDDYHKRYVRNSDVAMESGGDDNSCKKNYLCEIATISQVEDSTQC	1189

Şekil 4.47 LDEC017049 ve Uniprot protein bankasında en yüksek skoru veren Coleopterlerle yapılan alt alta sekans gösterimi

Yukarıdan aşağı sırasıyla *Anoplophora glabripennis*, *Tribolium castaneum* ve *Dendroctonus ponderase* spingomiyelin fosfodiesterazları. Uniprot erişim numaraları sırasıyla: V5GSZ1, A0A139WJ10, U4UGX9. Sekansların altındaki yıldızlar her iki sekansta da alt alta gelen rezidüleri temsil etmektedir. Üst üste iki noktalı gösterim Gonnet PAM 250 matrisinde 0.5 ve üzeri skor verecek düzeyde benzer özelliklere sahip proteinleri simgelemektedir

4.7.5 Kategori dışı proteinler

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri LC-MS/MS sonuçlarında LDEC007619 Sıcaklık Şaperonu 70, LDEC007619 Endoplazmin, LDEC007614 Kalretikülin, LDEC012345 Dolikol-difosfooligosakkarit-protein glikoziltransferaz alt Ünite 1, LDEC007078 protein disülfid-izomeraz, LDEC001030 protein disülfid-izomeraz A3, LDEC020299 peptidil-prolil cis-trans izomeraz 5, LDEC001024 V-tip Proton ATPaz Alt Ünitesi S1, LDEC001473 Peptid Transfer Proteinini 1, LDEC008853 Uzama faktörü 1-gamma, LDEC007843 Protokatedrin , LDEC021171 60S Ribozomal Protein L5, LDEC006718 İnsülin-benzeri büyüme faktörü-bağlayan protein, LDEC017108 60S asidik ribosomal protein L23, LDEC006672 biyolojik saat kontrollü protein, LDEC001745 Apiraz izoform X2, LDEC016298 40S Ribosomal Protein S9, LDEC001839 E.R Proteinini 29 , LDEC006175 Glikozilseramidaz-benzeri isimlerinde 19 adet protein, hücresel ve membransal varlıklarıyla bilinen ancak peritrofik matriksteki işlevleri henüz açıklanamamış olan bir gruptur.

4.7.6 Ortoloğu ve/veya korunmuş rezidüleri olmayan proteinler

L. decemlineata peritrofik matriks proteomik analizleri sonucu 10 adet korunmuş rezidüsü olmayan, 1 adet de ortoloğu olmayan yeni protein tespit edilmiştir. Bu proteinlerin işlevleri ve özellikleri gelecekte yapılacak olan moleküler düzeydeki çalışmalarla aydınlatılabilecektir.

Yukarıda özellikleri açıklanan tüm proteinler gruplar halinde çizelge 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4.1 *L. decemlineata* larval peritrofik matriks protein raporu

Protein Kodu	Grup/Familya	İsim
Peritrofinler		
LDEC018409	Peritrofin A	Böcek Bağırsak Musini
LDEC019539	Modifiye Peritrofin A	Böcek Bağırsak Musini
LDEC005654	Peritrofin A	Böcek Bağırsak Musini
LDEC022798	Peritrofin A	Musin Olmayan Peritrofin
LDEC024202	Peritrofin A	Musin Olmayan Peritrofin
LDEC009423	Peritrofin A	Musin Olmayan Peritrofin
LDEC009420	Peritrofin A	Musin Olmayan Peritrofin
Kitin Metabolizmasına İlişkin Enzimler		
LDEC004443	Glikozit Hidrolaz 18 PSSM Id: 299167	Kitinaz Benzeri Protein
LDEC010425	Glikozit Hidrolaz 18 PSSM Id: 299167	Kitinaz
LDEC018229	Glikozit Hidrolaz 18 PSSM Id: 299167	Kitinaz Benzeri Protein
LDEC021542	Karbonhidrat esteraz 4 üstfamilyası PSSM Id: 301698	Kitin deasetilaz propeptit
LDEC003817	Glikozit Hidrolaz 27 (IPR002241)	Alfa-N-asetilgalaktozaminidaz
LDEC003818	Glikozit Hidrolaz 27 (IPR002241)	Alfa-N-asetilgalaktozaminidaz
Sindirim Enzimleri		
LDEC010492	Peptidaz S1A (IPR001314) Serin Proteaz	Elastaz
LDEC010984	Peptidaz S1A (IPR001314) Serin Proteaz	Tripsin
LDEC011912	Peptidaz S1A (IPR001314) Serin Proteaz	Elastaz
LDEC016760	Peptidaz S1A (IPR001314) Serin Proteaz	Kimotripsin Benzeri
LDEC016394	Peptidaz S28 (IPR008758) Serin Karboksipeptidaz	Prolikarboksipeptidaz
LDEC000238	Peptidaz S28, (IPR008758) Serin Karboksipeptidaz	Prolikarboksipeptidaz
LDEC020078	Peptidaz S10 (IPR001563) Serin Karboksipeptidaz	Venom Serin Karboksipeptidaz
LDEC003142	Peptidaz S10 (IPR001563) Serin Karboksipeptidaz	Serin Karboksipeptidaz Benzeri
LDEC009819	Peptidaz S10, Serin karboksipeptidaz (IPR001563)	Venom Serin Karboksipeptidaz

Çizelge 4.1 *L. decemlineata* larval peritrofik matriks protein raporu (devam)

LDEC010875	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin B
LDEC002052	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin L1 Benzeri
LDEC002059	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin L1 Benzeri
LDEC002055	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin L1 Benzeri
LDEC002053	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin L1 Benzeri
LDEC005692	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin L1 Benzeri
LDEC010881	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin B
LDEC018464	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin B
LDEC018465	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin B
LDEC007042	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin L1 Benzeri
LDEC010871	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin B
LDEC010880	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin B
LDEC009139	Peptidaz C1A (IPR013128) Sistein Proteaz	Katepsin L
LDEC008159	Lizozomal Aspartik Proteaz (IPR033144)	Katepsin D
LDEC008160	Lizozomal Aspartik Proteaz (IPR033144)	Katepsin D
LDEC008161	Aspartik Peptidaz A1 ailesi (IPR001461)	Aspartik Proteaz
LDEC015194	Aspartik Peptidaz A1 ailesi (IPR001461)	Aspartik Proteaz
LDEC001677	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC008120	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC008121	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC008123	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC009104	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC003254	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC005425	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC008122	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC006564	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC001678	Glikozit Hidrolaz 28 (IPR000743)	Endopoligalaktronaz
LDEC013919	Glikozit Hidrolaz 13 (IPR015902)	Maltaz İzofom

Çizelge 4.1 *L. decemlineata* larval peritrofik matriks protein raporu (devam)

LDEC018941	Glikozit Hidrolaz 13 Alfa-amilaz (IPR006046)	Alfa-amilaz
LDEC024072	Glikozit Hidrolaz 45 (IPR000334)	Endo-beta-1,4 glukanaz
LDEC000757	Glikozit Hidrolaz 45 (IPR000334)	Endo-beta-1,4 glukanaz
LDEC000758	Glikozit Hidrolaz 45 (IPR000334)	Endo-beta-1,4 glukanaz
LDEC014788	Glikozit Hidrolaz 45 (IPR000334)	Endo-beta-1,4 glukanaz
LDEC014789	Glikozit Hidrolaz 45 (IPR000334)	Endo-beta-1,4 glukanaz
LDEC014791	Glikozit Hidrolaz 45 (IPR000334)	Endo-beta-1,4 glukanaz
LDEC020286	Glikozit Hidrolaz 45 (IPR000334)	Endo-beta-1,4 glukanaz
LDEC014277	Glikozit Hidrolaz 35 (IPR001944)	Beta galaktozidaz-1 Benzeri
LDEC006357	Glikozit Hidrolaz 48 (IPR000556)	Beta Sellülobiyaz
LDEC004844	Glikozit Hidrolaz 48 (IPR000556)	Beta Sellülobiyaz
LDEC014768	Glikozit Hidrolaz 31 (IPR000322)	Varsayımsal O-Glikozil Hidrolaz
LDEC011381	Glikozit Hidrolaz 31 (IPR000322)	Nötr α -glikozidaz AB İzofom
LDEC005220	Glikozit Hidrolaz 2 PSSM Id: 302704	β -mannozidaz
LDEC000918	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz
LDEC000922	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz
LDEC001223	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz 1 benzeri
LDEC009454	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz 1 benzeri
LDEC017660	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz 1 benzeri
LDEC001224	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz 1 benzeri
LDEC006669	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz 1 benzeri
LDEC008409	Glikozit Hidrolaz 1 (IPR001360)	Mirosinaz 1 benzeri

Lipit Metabolizmasına İlişkin Enzimler

LDEC013885	Triaçilgliserol Lipaz (IPR000734)	Pankreatik Triaçilgliserol Lipaz-benzeri
LDEC013889	Triaçilgliserol Lipaz (IPR000734)	Fosfolipaz A1-benzeri
LDEC018727	Lipaz-Ökaryotik (IPR025483)	Lipaz 3-benzeri

Taşıyıcı Proteinler

LDEC005287	Ferritin (IPR001519)	Düşük Alt-ünite
LDEC014063	Ferritin (IPR001519)	Ferritin light oocyte isoform
LDEC014064	Ferritin (IPR001519)	Ferritin
LDEC005286	Ferritin (IPR001519)	Ferritin
LDEC000780	Hemolimf juvenil hormon bağlayan protein(IPR010562)	Juvenil Hormon Bağlayan Protein
LDEC013494	Hemolimf juvenil hormon bağlayan protein(IPR010562)	Juvenil Hormon Bağlayan Protein
LDEC009735	Hemolimf juvenil hormon bağlayan protein(IPR010562)	Juvenil Hormon Bağlayan Protein

Çizelge 4.1 *L. decemlineata* larval peritrofik matriks protein raporu (devam)

LDEC012813 Hemocyanin/hexamerin (IPR013788) Depo proteini

Savunma Peptitleri

LDEC008648 C-tipi Lektin PSSM Id: 295302 Alfa-N-asetilgalaktozamin Spesifik Lektin-benzeri

LDEC003727 Taumatin (IPR001938) Taumatin-benzeri Protein 1b

LDEC003767 Peptidoglikan Tanıyan Protein İzofom F (IPR015510)

LDEC003442 Transkripsiyon aktivatör MBF2 REPAT- Benzeri (IPR031734)

LDEC014460 Transkripsiyon aktivatör MBF2 REPAT- Benzeri (IPR031734)

LDEC014461 Transkripsiyon aktivatör MBF2 REPAT- Benzeri (IPR031734)

LDEC014462 Transkripsiyon aktivatör MBF2 REPAT- Benzeri (IPR031734)

Detoksifikasyon ve Oksidatif Strese İlişkin Enzimler

LDEC015216 Karboksilesteraz-B (IPR002018) Karboksilesteraz

LDEC015218 Karboksilesteraz-B (IPR002018) Karboksilesteraz

LDEC017562 Karboksilesteraz-B (IPR002018) Karboksilik Ester Hidrolaz

LDEC013287 Sitokrom P450, E-sınıfı Sitokrom P450e2-Benzeri (IPR002401)

LDEC003788 GILT (IPR004911) Tiyo Redüktaz

LDEC019971 GILT (IPR004911) Tiyo Redüktaz

LDEC021796 GILT (IPR004911) Tiyo Redüktaz

LDEC021798 GILT (IPR004911) Tiyo Redüktaz

LDEC003785 GILT (IPR004911) Tiyo Redüktaz

LDEC003786 GILT (IPR004911) Tiyo Redüktaz Benzeri Protein

LDEC008679 Multibakır Oksidaz Tip-2 Lakaz 1-benzeri İzofom X2 (IPR011706)

LDEC018561 Peroksiredoksin PSSM-Id: 239313 Peroksiredoksin-2

LDEC016932 Açıltransferaz 3 (IPR002656) Açıltransferaz

Diğer Proteinler

LDEC017881 Serpin (IPR000215) Alaserpin

LDEC011881 Serpin (IPR000215) Alaserpin

LDEC002545 Saposin (IPR008373) Saposin-B

LDEC022220 Histidin Fosfat (IPR000560) Asit Fosfat

LDEC017049 Spingomiyelin Fosfodiesteraz Spingomiyelin Fosfodiesteraz Benzeri (IPR011160)

Çizelge 4.1 L. decemlineata larval peritrofik matriks protein raporu (devam)

Kategori Dışı Proteinler

LDEC018935	Sıcaklık Şaperonu 70 (IPR013126)	Sıcaklık Şaperonu 70
LDEC007619	Sıcaklık Şaperonu 90 (IPR001404)	Endoplazmin
LDEC007078	Protein disülfid-izomeraz PSSM-Id: 273454	Protein disülfid-izomeraz
LDEC001030	Protein disülfid-izomeraz PSSM-Id: 273454	Protein disülfid-izomeraz A3
LDEC012345	Dolikol-difosfooligosakkarit-protein Glikoziltransferaz Alt Ünite 1 (IPR008814)	Dolikol-difosfooligosakkarit-protein Glikoziltransferaz Alt Ünite
LDEC007614	Kalretikülin (IPR009169)	Kalretikülin
LDEC020299	Siklofilin Tipi Peptidil-Prolil Cis-trans İzomeraz (IPR024936)	Peptidil-Prolil Cis-trans İzomeraz
LDEC001024	ATPaz, V1 Kompleks, Alt Ünitesi S1 (IPR008388)	V-tip Proton ATPaz Alt Ünitesi S1
LDEC001473	Proton-bağımlı Oligopeptit Transfer Proteinini (IPR000109)	Peptit Transfer Proteinini 1
LDEC007843	Kathedrin-benzeri (IPR015919)	Protokathedrin-4
LDEC006175	Glikozit Hidrolaz 30 (IPR001139)	Glikozilseramidaz-benzeri
LDEC021171	Ribozomal Protein L5 Ökaryotik (IPR005485)	60S Ribozomal Protein L5
LDEC006718	PSSM Id: 278422	Insulin-benzeri Büyüme Faktörü-bağlayan Protein
LDEC017108	60S acidic ribosomal protein L23	-
LDEC006672	Hemolimf Juvenil Hormon Bağlayan Protein (IPR010562)	Biyolojik Saat Kontrollü Protein
LDEC001745	5'-Nükleotidaz/Apirase (IPR006179)	Apiraz İzofom X2
LDEC016298	Ribozomal Protein S4/S9 (IPR022801)	40S Ribozomal Protein S9
LDEC001839	E.R. Protein 29 PSSM Id: 295471	E.R. Proteinini 29
LDEC008853	Uzama Faktörü Gama C-terminal Bölgesi	Uzama Faktörü Gama-1

Ortoloğu ve/veya Korunmuş Rezidüleri Olmayan Proteinler

LDEC000777	
LDEC011310	
LDEC011312	
LDEC011313	
LDEC004241	
LDEC020877	Akar Alerjen, Grup-7 (IPR020234)
LDEC004242	
LDEC006904	

Çizelge 4.1 *L. decemlineata* larval peritrofik matriks protein raporu (devam)

LDEC009315

LDEC004240

LDEC002263



5. SONUÇ

Patates böceği, hem Türkiye’de, hem de dünyada patates yetiştirilen tüm bölgelerde görülen oldukça tahripkar bir patates zararlısıdır. Tarım alanlarındaki değişen çevre koşullarına iyi adapte olabilen biyolojisi, sağlam morfolojik yapısı ve başarılı fizyolojisi sayesinde mücadelesi zor olan bu böcekten daha etkin bir mücadele için moleküler tekniklerin kullanımı gerekmektedir.

Mevcut çalışmada jel elektroforezi ve triptik peptitlerin kütle spektrometresi ile varlığı belirlenen 138 adet protein, peritofinler (musin ve musin olmayanlar), kitin metabolizmasına ilişkin enzimler (kitinaz, kitin deasetilaz, N-asetilgalaktozaminidaz), sindirim enzimleri (proteazlar, lipazlar, glikozit hidrolazlar), detoksifikasyon ve strese ilişkin proteinler (oksidazlar, tiyol redüktazlar, esterazlar), taşıyıcı proteinler (ferritin, juvenil hormon bağlayan proteinler, böcek depo proteinleri), savunma peptitleri (repat, taumatin, peptidoglikan tanıyan protein), çeşitli fonksiyonlara sahip diğer proteinler ve ortoloğu ya da korunmuş rezidüleri olmayan belirsiz proteinler olarak sınıflandırılmıştır.

Dünyada ilk kez bir coleopter böceğinin peritrofik matriks protein kompozisyonunu belirleyen bu çalışma, coleopter böceklerinin peritrofik matriks kompozisyonunun daha önce çalışılmış dipter ve lepidopter peritrofik matrikslerinin kompozisyonlarından farklı olduğunu ortaya koymuştur.

Nihayetinde bu protein kompozisyonunu bütün olarak açıklayan bir peritrofik matriks modellemesi oluşturulmuştur (Şekil 5.1).

“N-Asetilgalaktozaminidaz” geni tarafından koordine edilmektedir. Diğer taraftan N-asetilglukozamin moleküllerinin deasetilasyon yoluyla D-glukozamine dönüştürülmesinden sorumlu olarak 1 adet “Kitin deasetilaz (LdCDA)” geni görülmektedir.

L. decemlineata peritrofik matriksinin temel yapıtaşı protein olarak peritrofinler karşımıza çıkmaktadır. Peritrofinler sahip oldukları kitin bağlanma domainleri ile kitin mikrofibrillerini birbirine bağlamakta ve peritrofik matriksin adeta bir hamak gibi olan gözenekli yapısının oluşturmaktadır. Bununla birlikte mevcut proteomik verileri ışığında kitin bağlanma domainlerinin sayısının lepidopter sistemlerde olduğu gibi çok sayıda bulunmadığı dikkati çekmektedir. Bu kitin bağlanma domainleri sadece PAD tipinde olup, 7 sistein rezidüsüne sahip bazı modifiye PAD’ler de dikkati çekmektedir. Yine 3 peritrofinde, 4 sistein rezidüsüne sahip oldukça korunmuş bir motif proteinlerin karboksi tarafında görülmektedir. Diğer taraftan kitin bağlanma domainleri bütün peritrofinlerin temel bileşeni olmakla birlikte böcek bağırsak musinleri sahip oldukları ilave musin domainleri ile peritrofik matriksin gözeneklerinden besin partiküllerinin kolay geçişi ve proteaz-kitinaz gibi enzimlerin hidrolitik zararına karşı peritrofik matriksi korumaktadır. Bununla birlikte musinlerin mevcut O-tipi Glikolizasyon potansiyelleri değerlendirildiğinde sınırlı seviyede bir potansiyel dikkati çekmekte ve özellikle lepidopter sistemlerdekinin tersine bir durum çıkmaktadır. Buna göre *L. decemlineata* peritrofik matriksinin peritrofinler bazında, lepidopter ve dipter sistemlere göre daha yalın olduğu ve temel olarak basit ve kompleks tipte peritrofinlerden oluştuğu dikkati çekmektedir. Burada tek ya da iki kitin bağlanma bölgesinden oluşan basit peritrofinlerin kitin fibrillerin uçlarını ya da gediklerini kapatan birer yama vazifesi gördüğü, çoklu kitin bağlanma bölgesi içerenlerin de her yönden kitin fibrilleri birbirine bağlayarak bu hamak yapısını bir arada tuttukları görülmektedir. N-tipi glikolizasyon potansiyelleri dikkate alındığında ise özellikle ilgili asparajin rezidülerinin lepidopter ve dipter sistemlerin aksine kitin bağlanma domainleri arasında “spacer” alanlardan değil, doğrudan kitin bağlanma domain içerisinden çıktığı görülmektedir. Bu durum protein-protein interaksiyonunda kitin bağlanma domainlerinin N-tipi glikolizasyon alanlarını adeta kitin gibi tanımasını sağlayabilir. Ancak ilgili rezidülerin kitin bağlanma domain içerisinden çıkması daha rijit ve stabil protein kombinasyonları oluşturabilir. Kitin

bağlanma bölgesi sayısının azlığı ve O-tipi glikolizasyon potansiyelindeki düşüklük, bu şekilde tolere edilebilir.

L. decemlineata peritrofik matriksinin yapısında karbohidrat, protein ve lipid hidrolizinde rol alan bazı sindirim enzimleri de dikkati çekmektedir. Bu enzimler arasında özellikle karbonhidrat hidrolizinden sorumlu olan pek çok farklı glikozit hidrolazın dominant enzim profilini oluşturduğu görülmektedir. Burada yedikleri bitkilerin selüloz/odun dokularından da besin olarak yararlanmaya olanak sağlayan glikozit hidrolaz 28 ve 45 grubu enzimler, bu böceğin peritrofik matriks proteomik analizlerine özgü yenilikler olarak karşımıza çıkmaktadır. Bunları sırasıyla protein ve lipid hidrolizlerinden sorumlu enzimler takip etmektedir. Protein hidrolizinde majör aktörler aspartik proteazları, karboksipeptidazlar, serin proteazları ve sistein proteazları görülmekte ancak lepidopter sistemlerin aksine serin proteazlarının değil de sistein proteazlarının dominant olduğu görülmektedir.

L. decemlineata peritrofik matriksinin yapısında dikkati çeken dominant protein grupları arasında insektisit ve bitkilerde bulunan allelokimyasallar gibi çeşitli toksik maddelerin detoksifikasyondan sorumlu olan Karboksilesteraz, Sitokrom P450, Açıltransferaz, GILT proteinleri yer almaktadır. İlgili proteinlerin kuvvetli kovalent bağlarla peritrofik matriksin yapısında yer alması, peritrofik matriksin aynı zamanda önemli bir detoksifikasyon yeri olduğunu göstermektedir. Nitekim bu durum *L. decemlineata* gibi insektisit detoksifikasyonu ve direnç çalışmalarında model olarak kullanılan bir zararlının detoksifikasyon yeteneğinde potansiyel bir mekanizma olarak düşünülebilir. Benzer şekilde Multibakır peroksidaz ve Peroksiredoksin gibi antioksidan moleküllerin peritrofik matriksin yapısında bulunması ise peritrofik matriksin antioksidan rolünün genetik arka planını oluşturduğu düşünülmektedir. Protein kompozisyonunda yer alan detoksifikasyon ve antioksidan türü enzimlerin sayıca fazlalığı ve çeşitliliği, bir yandan peritrofik matriksin sadece bitkisel toksinlere ve patojenlere karşı bir kimyasal bariyer olmadığını, aynı zamanda sentetik insektisitlere karşı da koruyucu bir rol üstlenebileceğini göstererek ezber bozarken, öte yandan bu böceğin bilinen başarılı direnç geliştirme stratejileriyle de tutarlıdır.

L. decemlineata, *Bacillus thuringiensis* gibi entomopatojen etmenlerin de enfekte ettiđi başlıca zararlılar arasında yer almaktadır. Mevcut proteomik verileri ışığında Repat, C-tipi lektin, Peptidoglikan tanıyan protein ve taumatin gibi savunma proteinleri *L. decemlineata* peritrofik matriksinin yapısında bulunmuştur. Bu durum, peritrofik matriksin patojenlere karşı savunma reaksiyonlarında yer alması rolüyle uyumlu bulunmuştur.



KAYNAKLAR

- Adang, M. and Spence, K.D. 1983. Permeability of the peritrophic membrane of the Douglas fir tussock moth (*Orgyia pseudotsugata*). Comparative Biochemistry and Physiology Part A Physiology, 75(2); 233-238.
- Agrawal, J.S., Arakane, Y., Osman, G., Kramer, K.J., Beeman, R.W. and Muthukrishnan, S. 2010. Genes encoding proteins with peritrophin A-type chitin-binding domains in *Tribolium castaneum* are grouped into three distinct families based on phylogeny, expression and function. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 40(3); 214-227.
- Ahn, J.E. and Salzman, K.H. 2009. CmCatD, a cathepsin D-like protease has a potential role in insect defense against a phytocystatin. Journal of Insect Physiology, 55(8); 678-685.
- Altincicek, B., Knorr, E. and Vilcinskas, A. 2008. Beetle immunity: Identification of immune-inducible genes from the model insect *Tribolium castaneum*. Developmental & Comparative Immunology, 32(5); 585-595.
- Alyokhin, A., Baker, M., Mota-Sanchez, D., Dively, G. and Grafius, E. 2008. Colorado potato beetle resistance to insecticides. American Journal of Potato Research, 85(6); 395- 413.
- Andrews, S.C., Arosio, P., Bottke, W., Briat, J.F. and Darl, M. 1992. Structure, function, and evolution of ferritins. Journal of Inorganic Biochemistry, 47(1); 161-174.
- Andrieu-Abadie, N. and Levade, T. 2002. Sphingomyelin hydrolysis during apoptosis. Biochimica et Biophysica Acta, 1585(2-3);126-134.
- Anonim. 2016. Web Sitesi: http://www.tarim.gov.tr/GKGM/Belgeler/BitkiSağlığı/Hizmetleri/hastalik_zararlilari_ile_mücadele_dokumanlari/patates.pdf. Erişim Tarihi: 01.02.2016.
- Anonymous. 1992. Web Sitesi: <http://www.publications.gc.ca/collections/Collection/A43-1878-1992E.pdf>, Erişim tarihi: 01.02.2016.
- Anonymous. 2012. Web Sitesi: <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx> Erişim Tarihi: 22 02.2016.
- Anonymous. 2013. Web Sitesi: <http://www.fao.org/3/a-i4691e.pdf> Erişim Tarihi: 22 02.2016.
- Arakane, Y., Muthukrishnan, S., Kramer, K.J., Specht, C.A., Tomoyasu, Y., Lorenzen, M. D., Kanost, M. and Beeman, R.W. 2005. The *Tribolium* chitin synthase genes TcCHS1 and TcCHS2 are specialized for synthesis of epidermal cuticle and

- midgut peritrophic matrix. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 14(5), 453-463.
- Arioğlu, H.H. 2002. Nişasta ve Şeker Bitkileri Ders Kitabı. Ders Kitapları Yayın No:A-57. 234. Adana.
- Arunachalam, B., Phan, U.T., Geuze, H.J. and Cresswell, P. Enzymatic reduction of disulfide bonds in lysosomes: characterization of a gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase (GILT). 2000. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(2); 745–750.
- Baker, D.A., Nolan, T., Fischer, B., Pinder, A. and Crisanti, A. 2011. A comprehensive gene expression atlas of sex and tissue-specificity in the malaria mosquito, *Anopheles gambiae*. *BMC Genomics*, 12(7); 296.
- Barbehenn, R.V. 2001. Roles of Peritrophic Membranes in Protecting Herbivorous Insects From Ingested Plant Allelochemicals. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology* 47(2); 86–99.
- Barbehenn, R.V. and Martin, M.M. 1997. Permeability of the peritrophic envelopes of herbivorous insects to dextran sulfate: a test of the polyanion exclusion hypothesis. *Journal of Insect Physiology*, 43(3); 243–249.
- Barbehenn, R.V. and Stannard, J., 2004. Antioxidant defense of the midgut epithelium by the peritrophic envelope in caterpillars. *Journal of Insect Physiology*, 50(9); 783–790.
- Barrett, A.J., Rawlings, N.D. and Wasner, J.F. 1998. *Handbook of Proteolytic Enzymes*. Protein Science. 8(3); 693-694.
- Bellizzi, J.J., Widom, J., Kemp, C., Lu, J.Y., Das, A.K., Hofmann, S.L. and Clardy, J. 2000. The crystal structure of palmitoyl protein thioesterase 1 and the molecular basis of infantile neuronal ceroid lipofuscinosis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(9); 4573–4578.
- Berge, J.B., Feyereisen, R. and Amichot, M. 1998. Cytochrome P450 monooxygenases and insecticide resistance in insects. *Philosophical Transactions Biological Science*, 353(1376); 1701–1705.
- Beran, F., Pauchet, Y., Kunert, G., Reichelt, M., Wielsch, N., Vogel, H., Reinecke, A., Svatoš, A., Mewis, I., Schmid, D., Ramasamy, S., Ulrichs, C., Hansson, B.S., Gershenzon, J. and Heckel, D. G. 2014. *Phyllotreta striolata* flea beetles use host plant defense compounds to create their own glucosinolate-myrosinase system. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 111(20); 7349–7354.
- Berini, F., Caccia, S., Franzetti, E., Congiu, T., Marinelli, F., Casartelli, M. and Tettamanti, G. 2016. Effects of *Trichoderma viride* chitinases on the peritrophic matrix of Lepidoptera. *Pest Management. Science*, 72(5); 980–989.

- Bolognesi, R., Ribeiro, A.F., Terra, W.R. and Ferreira, C. 2001. The peritrophic membrane of *Spodoptera frugiperda*: Secretion of peritrophins and role in immobilization and recycling digestive enzymes. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology* 47; 62–75.
- Bruess, C.T. 1940. Food preferences of the Colorado potato beetle, *Leptinotarsa decemlineata* (Say). *Psyche*, 47; 38-43.
- Burmester, T. 1999. Evolution and Function of the Insect Hexamerins. *European Journal of Entomology*, 96; 213-225.
- Cai, Y., Gaffney, S.H., Lilley, T.H. and Haslam, E. 1989. Carbohydrate-polyphenol complexation. In: Hemingway, R.W., Karchesy, J.J. (eds). Plenum Press 307–322, New York, USA.
- Cai Y, Gaffney S.H, Lilley, T.H, Magnolato, D, Martin, R, Spencer, C.M. and Haslam, E. 1990. Polyphenol interactions Part 4. Model studies with caffeine and cyclodextrins. *Journal of the Chemical Society, Perkin Transactions 2*, 2002(12); 2197–2209.
- Caldeira, W., Dias, A.B., Terra, W.R. and Ribeiro, A.F. 2007. Digestive enzyme compartmentalization and recycling and sites of absorption and secretion along the midgut of *Dermestes maculatus* (Coleoptera) larvae. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology* 64(1); 1–18.
- Cao, J., Lv, Y., Hou, Z., Li, X. and Ding, L. 2016. Expansion and evolution of thaumatin-like protein (TLP) gene family in six plants. *Plant Growth Regulation*, 79(3); 299-307.
- Chai L.-Q., Tian Y.-Y., Yang D.-T., Wang J.-X. and Zhao X.-F. 2008. Molecular cloning and characterization of a C-type lectin from the cotton bollworm, *Helicoverpa armigera*. *Developmental and Comparative Immunology*, 32 (1); 71-83.
- Chamankhah, M., Braun, L., Visal-Shah, S., O'Grady, M., Baldwin, D., Shi, X., Hemmingsen, S.M., Alting-Mees, M. and Hegedus, D.D. 2003. *Mamestra configurata* serpin-1 homologues: cloning, localization and developmental regulation. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 33(3); 355-369.
- Charlesworth, A., Georgieva, T., Gospodov, I., Law, J.H., Dunkov, B.C., Ralcheva, N., Barillas-Mury, C., Ralchev, K. and Kafatos, F.C. 1997. Isolation and properties of *Drosophila melanogaster* ferritin. Molecular cloning of a cDNA that encodes one subunit, and localization of the gene on the third chromosome. *European Journal of Biochemistry*, 247(2); 470–475.
- Chen, H., Leipprandt, J.R., Traviss, C.E., Sopher, B.L., Jones, M.Z., Cavanagh, K.T. and Friderici, K.H. 1995. Molecular cloning and characterization of bovine beta-mannosidase. *The Journal of Biological Chemistry*, 270(8); 3841-3848.

- Cheng, J., Wang, Y., Li, F., Liu, J., Sun, Y. and Wu, J. 2014. Cloning and characterization of amannose binding C-type lectin gene from salivary gland of *Aedes albopictus*. *Parasites and Vectors*, 7; 337.
- Cho, W.L. and Raikhel, A.S., 1992. Cloning of cDNA for mosquito lysosomal aspartic protease—sequence-analysis of an insect lysosomal-enzyme similar to cathepsin D and E. *Journal of Biological Chemistry*, 267(30); 21823–21829.
- Clark, H.F., Gurney, A.L., Abaya, E., Baker, K., Baldwin, D.T., Brush, J., Chen, J., Chow, B., Chui, C., Crowley, C., Currell, B., Deuel, B., Dowd, P., Eaton, D., Foster, J.S., Grimaldi, C., Gu, Q., Hass, P.E., Heldens, S., Huang, A., Kim, H.S., Klimowski, L., Jin, Y., Johnson, S., Lee, J., Lewis, L., Liao, D., Mark, M.R., Robbie, E., Sanchez, C., Schoenfeld, J., Seshagiri, S., Simmons, L., Singh, J., Smith, V., Stinson, J., Vagts, A., Vandlen, R.L., Watanabe, C., Wieand, D., Woods, K., Xie, M.-H., Yansura, D.G., Yi, S., Yu, G., Yuan, J., Zhang, M., Zhang, Z., Goddard, A.D., Wood, W.I., Godowski, P.J. and Gray, A.M. 2003. The secreted protein discovery initiative (SPDI), a large-scale effort to identify novel human secreted and transmembrane proteins: a bioinformatics assessment. *Genome Research*, 13(10); 2265-22670.
- Cristofolletti, P.T., Ribeiro, A.F. and Terra, W.R. 2005. The cathepsin L-like proteinases from the midgut of *Tenebrio molitor* larvae: sequence, properties, immunocytochemical localization and function. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 35(8); 883–901.
- Cui, F., Li, M., Chang, H., Mao, Y., Zhang, H.Y., Lu, L.X., Yan, S.G., Lang, M.L., Liu, L. and Qiao, C.L. 2015. Carboxylesterase-mediated insecticide resistance: Quantitative increase induces broader metabolic resistance than qualitative change. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 121; 88-96.
- Davis, M.O., Hata, D.J., Smith, D. and Walker, J.C. 1993. Cloning and sequence of a chicken alpha-N-acetylgalactosaminidase gene. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1216(2); 296-298.
- Derksen, A.CG. and Granados, R.R. 1988. Alteration of a lepidopteran peritrophic membrane by baculoviruses and enhancement of viral infectivity. *Virology*, 167(1); 242-250.
- DeVeau, E.J.I. and Schultz, J.C. 1992. Reassessment of interactions between gut detergents and tannins in Lepidoptera and significance for gypsy moth larvae. *Journal of Chemical Ecology*, 18(8); 1437–1453.
- Devenport, M., Fujioka, H., Donnelly-Doman, M., Shen, Z. and Lorena, M. 2005. Storage and secretion of Ag-Aper14, a novel peritrophic matrix protein, and Ag-Muc1 from the mosquito *Anopheles gambiae*. *Cell and Tissue Research*, 320(1); 175–185.

- Devenport, M., Alvarenga, P.H., Shao, L., Fujioka, H., Bianconi, M.L., Oliveira, P.L. and Jacobs-Lorena, M. 2006. Identification of the *Aedes aegypti* peritrophic matrix protein AeIMUCI as a heme-binding protein. *Biochemistry*, 45(31); 9540-9549.
- Devine, P. L. and McKenzie, F. 1992. Mucins: structure, function, and associations with malignancy. *BioEssays*, 14(9); 619-25.
- Dinglasan, R.R., Devenport, M., Florens, L., Johnson, J.R., McHugh, C.A., Donnelly-Doman, M., Carucci, D.J., Yates, Jr. and Jacobs-Lorena, M. 2009. The *Anopheles gambiae* adult midgut peritrophic matrix proteome. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 39(2); 125-134.
- Dittmer, N., Suderman, R. and Jiang, H. 2004. Characterization of cDNAs encoding putative laccase-like multicopper oxidases and developmental expression in the tobacco hornworm, *Manduca sexta*, and the malaria mosquito, *Anopheles gambiae*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 34(1); 29-41.
- Dixit, R., Arakane, Y., Specht, C.A., Richard, C., Kramer, K.J., Beeman, R.W. and Muthukrishnan, S. 2008. Domain organization and phylogenetic analysis of proteins from the chitin deacetylase gene family of *Tribolium castaneum* and three other species of insects. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 38(4); 440-451.
- Dunkov, B.C. and Georgieva, T. 1999. Organization of the ferritin genes in *Drosophila melanogaster*. *DNA and Cell Biology*, 18(12); 937-944.
- Esteves, A. and Ehrlich, R. 2006. Invertebrate intracellular fatty acid binding proteins. *Comparative Biochemistry and Physiology Part C: Toxicology & Pharmacology*, 142(3-4); 262-274.
- Ferreira, C. and Terra, W.R. 1989. Spatial organization of digestion, secretory mechanisms and digestive enzyme properties in *Pheropsophus aequinoctialis* (Coleoptera: Carabidae). *Insect Biochemistry*, 19(4); 383-91.
- Folli, C., Ramazzina, I., Percudani, R. and Berni, R. 2005. Ligand-binding specificity of an invertebrate (*Manduca sexta*) putative cellular retinoic acid binding protein. *Biochimica et Biophysica Acta-Proteins Proteomics*, 1747(2); 229-237.
- Ganformina, M.D., Gutierrez, G., Bastiani, M. and Sánchez, D. 2000. A phylogenetic analysis of the lipocalin protein family. *Molecular Biology and Evolution* 17; 114-126.
- Girard, C. and Jouanin, L. 1999. Molecular cloning of a gut-specific chitinase cDNA from the beetle *Phaedon cochleariae*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 29(6); 549-556.
- Goptar, I.A., Shagin, D.A., Shagina, I.A., Mudrik, E.S., Smirnova, Y.A., Zhuzhikov, D.P., Belozersky, M.A., Dunaevsky, Y.E., Oppert, B.,

- Filippova, I.Y. and Elpidina, E.N. A digestive prolyl carboxypeptidase in *Tenebrio molitor* larvae. 2013. *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 43(6); 501-509.
- Guo, W., Li, G., Pang, Y. and Wang, P. 2005. A novel chitin-binding protein identified from the peritrophic membrane of the cabbage looper, *Trichoplusia ni*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 35(11); 1224-1234.
- Harzer, K., Hiraiwa, M. and Paton, B.C. 2001. Saposins (sap) A and C activate the degradation of galactosylsphingosine. *FEBS Letters* 508(1); 107–110.
- Haslam, E., Lilley, T.H., Warminski, E., Liao, H., Cai, Y., Martin, R., Gaffney, S.H., Goulding, P.N. and Luck, G. 1992. Polyphenol complexation: a study in molecular recognition, In: *Phenolic compounds in food and their effects on health. I: analysis, occurrence, and chemistry*. Ho, C.T., Lee, C.Y., Huang, M.T. (eds) American Chemical Society, 8–50, Washington DC.
- Haunerland, N.H. 1996. Insect storage proteins; gene families and receptors. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 26(8-9); 755–765.
- Hayakawa, T., Shitomi, Y., Miyamoto, K. and Hori, H. 2004. GalNAc pretreatment inhibits trapping of *Bacillus thuringiensis* Cry1Ac on the peritrophic membrane of *Bombyx mori*. *FEBS Letters*, 576(3); 331–335.
- Hegedus, D., Erlandson, M., Gillott, C. and Toprak, U. 2009. New Insights into Peritrophic Matrix Synthesis, Architecture, and Function. *The Annual Review of Entomology*, 54(1); 285–302.
- Hegedus, D., Toprak, U. and Erlandson, M. 2016. Lepidopteran peritrophic matrix composition, function, and formation. In: *Short Views On Insect Genomics and Proteomics: Insect Proteomics*, Vol. 2. Raman, C., Goldsmith, M.R., Agunbiade, T.A. (eds). Springer, 63-89.
- Hirschhorn, R., Huie, M.L. and Kasper, J.S. 2002. Computer assisted cloning of human neutral alpha-glucosidase C (GANC): a new paralog in the glycosyl hydrolase gene family 31. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 99 (21); 13642-13646.
- Hofmann, K. and Tschopp, J. 1996. Cytotoxic T cells: more weapons for new targets? *Trends in Microbiology*, 4 (3); 91–94.
- Horton, D. 1987. In *Potatoes*. Westview Press, 5-20, CO.
- Huang, M., Zhang, H., Jiang, S., Wang, L., Liu, R., Yi, Q. and Song, L. 2015. An EPD/WSD motifs containing C-type lectin from *Argopectens irradians* recognizes and binds microbes with broad spectrum. *Fish and Shellfish Immunology*, 43(1); 287–293.
- Ikeda, I., Imasato, Y., Sasaki, E., Nakayama, M., Nagao, H., Takeo, T., Yayabe, F. and Sugano, M. 1992. Tea catechins decrease micellar solubility and intestinal

- absorption of cholesterol in rats. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1127(2); 141–146.
- Jackson, T.A., Christeller, J.T., McHenry, J.Z. and Laing, W.A. 2004. Quantification and kinetics of the decline in grass grub endopeptidase activity during initiation of amber disease. *Journal of Invertebrate Pathology*, 86(3): 72–76.
- Jakubowska, A. K., Caccia, S., Gordon, K. H., Ferré, J. and Herrero, S. 2010. Downregulation of a chitin deacetylase-like protein in response to baculovirus infection and its application for improving baculovirus infectivity. *Journal of Virology*, 84(5); 2546–2555.
- Janciauskiene, S. 2001. Conformational properties of serine proteinase inhibitors (serpins) confer multiple pathophysiological roles, *Biochimica et Biophysica Acta*, 1535(3); 221–235.
- Jordao, B.P., Capella, A.N., Terra, W.R., Ribeiro, A.F. and Ferreira, C. 1999. Nature of the anchors of membranebound aminopeptidase, amylase, and trypsin and secretory mechanisms in *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera) midgut cells. *Journal of Insect Physiology*, 45(1); 29–37.
- Jordao, B.P. and Terra, W.R. 1991. Regional distribution and substrate specificity of digestive enzymes involved in terminal digestion in *Musca domestica* hind-midguts. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, 17(2); 157–168.
- Kawakita, H., Miyamoto, K., Wada, S. and Mitsuhashi, W. 2016. Analysis of the ultrastructure and formation pattern of the peritrophic membrane in the cupreous chafer, *Anomala cuprea* (Coleoptera: Scarabaeidae). *Applied Entomology and Zoology*, 51(1); 133–142.
- Kayser, H. 2005. Lipocalins and structurally related ligand-binding proteins. *Comprehensive Molecular Insect Science Volume 4: Biochemistry and Molecular Biology*. Iatrou, K., Gill, S.S. (eds), Elsevier, 267–306, Oxford, UK.
- Kirsch, R., Wielsch, N., Vogel, H., Svatoš, A., Heckel, D.G. and Pauchet, Y. 2012. Combining proteomics and transcriptome sequencing to identify active plant-cell-wall-degrading enzymes in a leaf beetle. *BMC Genomics*, 2012(13); 587.
- Klowden, M.J. 2007. *Physiological Systems in Insects* (2.Bask1). Academic Press, 696, USA.
- Kongton, K., McCall, K. and Phongdara, A. 2014. Identification of gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase (gilt) homologues in the fruit fly *Drosophila melanogaster*. 2014. *Developmental and Comparative Immunology*, 44(2); 389–396.
- Koopmanschap, A.B., Lammers, L.H.M. and Kort, C.A.D. 1995. The structure of the gene encoding diapause protein 1 of the Colorado potato beetle (*Leptinotarsa decemlineata*). *Journal of Insect Physiology*, 41(6); 509–518.

- Kramer, K.J. and Muthukrishnan, S. 1997. Insect chitinases: Molecular biology and potential use as biopesticides. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 27(11); 887–900.
- Kramer, K.J. and Muthukrishnan, S. 2005. Chitin metabolism in insects. In: *Comprehensive Molecular Insect Science*. Gilbert LI, Iatrou K, Gill S, (eds). Elsevier, 3300, Oxford, UK.
- Lang, M., Kanost, M.R. and Gorman, M.J. 2012. Multicopper oxidase-3 is a laccase associated with the peritrophic matrix of *Anopheles gambiae*. *PLoS ONE*, 7(3); e33985.
- Lawson, D.M., Treffry, A., Artymiuk, P.J., Harrison, P.M. and Yewdall, S.J. 1989. Identification of the ferroxidase centre in ferritin. *FEBS Letters*, 254(1-2); 207–210.
- Lehane, M.J. 1976. Formation and histochemical structure of the peritrophic membrane in the stablefly, *Stomoxys calcitrans*. *Journal of Insect Physiology*, 22(11); 1551–1557.
- Lehane, M.J. 1997. Peritrophic matrix structure and function. *Annual Reviews of Entomology*, 42; 525–550.
- Li, F-Q., Ueda, H. and Hirose, S. 1994. Mediators of activation of fushi tarazu gene transcription by BmFTZ-F1. *Molecular and Cellular Biology*, 14(5); 3013–3021.
- Martynov, A.G., Elpidina, E.N., Perkin, L. and Oppert, B. Functional analysis of C1 family cysteine peptidases in the larval gut of *Tenebrio molitor* and *Tribolium castaneum*. 2015. *BMC Genomics*, Feb-14; 16-75.
- McDonald, M., Mila, I. and Scalbert, A. 1996. Precipitation of metal ions by plant polyphenols: optimal conditions and origin of precipitation. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 44(2); 599–606.
- Molnar, K., Borhegyi, N.H., Csikos, G. and Sass, M. 2001. Distribution of serpins in the tissues of the tobacco hornworm (*Manduca sexta*) larvae. Existence of new serpins possibly encoded by a gene distinct from the serpin-1 gene. *Journal of Insect Physiology*, 47(7); 675–687.
- Murdiati, T.B., McSweeney, C.S. and Lowry, J.B. 1991. Complexing of toxic hydrolyzable tannins of yellow-wood (*Terminalia oblongata*) and harendong (*Clidemia hirta*) with reactive substances: an approach to preventing toxicity. *Journal of Applied Toxicology*, 11(5); 333–338.
- Nebert, D., W. and Gonzalez, F.J. 1987. P450 genes: Structure, evolution, and regulation. *Annual Review of Biochemistry*, 56; 945–993.
- Nichol, H., Law, J.H. and Winzerling, J.J. 2002. Iron metabolism in insects. *Annual Review of Entomology*, 47; 535–559.

- Nichol, H. and Locke, M. 1999. Secreted ferritin subunits are of two kinds in insects molecular cloning of cDNAs encoding two major subunits of secreted ferritin from *Calpodes ethlius*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 29(11); 999–1013.
- Olmstead, R.G. and Bohs, L. 2007. A Summary of molecular systematic research in Solanaceae: 1982-2006. *Acta Horticulturae* 745; 255–268.
- Parussini, F., Garcia, M., Mucci, J., Agüero, F., Sanchez, D., Hellman, U., Aslund, L. and Cazzulo, J.J. 2003. Characterization of a lysosomal serine carboxypeptidase from *Trypanosoma cruzi*. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 131(1); 11–23.
- Pascoa, V., Oliveira, P.L., Dansa-Petretski, M., Silva, J.R., Alvarenga, P.H., Jacobs-Lorena, M. and Lemos, F.J.A. 2002. *Aedes aegypti* peritrophic matrix and its interaction with heme during blood digestion. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 32(5); 517–523.
- Peng, J., Zhong, J. and Granados, R.R. 1999. A baculovirus enhancer alters the permeability of a mucosal midgut peritrophic matrix from lepidopteran larvae. *Journal of Insect Physiology*, 45(2); 159–166.
- Perez-Vilar, J. and Hill, R.L. 1999. The structure and assembly of secreted mucins. *Journal of Biological Chemistry*, 274(45); 31751–31754.
- Peters, W., Kolb, H. and Kolb-Bachofen, V. 1983. Evidence for a sugar receptor (lectin) in the peritrophic membrane of the blowfly larva, *Calliphora erythrocephala* Mg. (Diptera). *Journal of Insect Physiology*, 29(3); 275–80.
- Peters, W. and Kalnins, M. 1985. Aminopeptidases as immobilized enzymes on the peritrophic membranes of insects. *Entomologia Generalis*, 11(1); 25–32.
- Pistillo, D., Manzi, A., Tino, A., Pilo-Boyl, P., Graziani, F. and Malva, C. 1998. The *Drosophila melanogaster* lipase homologs: a gene family with tissue and developmental specific expression. *Journal of Molecular Biology*, 276; 877–885.
- Ponting, C.P. 1994. Acid sphingomyelinase possesses a domain homologous to its activator proteins: Saposins B and D. *Protein Science*, 3; 359–361.
- Racca, P., Tschöpe, B., Falke, K., Kleinhenz, B. and Rossberg, D. 2014. Forecasting of Colorado potato beetle development with computer aided system SIMLEP decision support system. In: *Integrated Pest Management- Current concepts and ecological perspective*. Abrol, P.D. (eds), Elsevier Academic Prints, 79–91, USA.
- Rawlings, N.D. and Barrett, A.J. 1993. Evolutionary families of peptidases. *Biochemical Journal*, 290(1); 205–218.

- Rawlings, N.D., Walle, M., Barrett, A.J. and Bateman, A. 2012. MEROPS: the database of proteolytic enzymes, their substrates and inhibitors. *Nucleic Acids Research*, 42; 503–509.
- Remington, S.J. and Breddam, K. 1994. Carboxypeptidases C and D Methods in *Enzymology*, 244; 231–248.
- Reverbel-Leroy, C., Belaich, A., Bernadac, A., Gaudin, C., Belaich, J.-P. and Tardif, C. 1996. Molecular study and overexpression of the *Clostridium cellulolyticum* celF cellulase gene in *Escherichia coli*. *Microbiology*, 4; 1013-1023.
- Ribeiro, J.M.C., Genta, F.A., Sorgine, M.H.F., Logullo, R., Mesquita, R.D., Paiva-Silva, G.O., Majerowicz, D., Medeiros, M., Koerich, L., Terra, W.R., Ferreira, C., Pimentel, A. C., Bisch, P.M., Leite, D.C., Diniz, M.P.P., Junior, J.L., Da Silva, M.L., Araujo, R.N., Gandara, A.C.P., Brosson, S.D., Salmon, D.S., Bousbata, S., González-Caballero, N., Silber, A.M., Bezerra, M.A., Gondim, K.C., Silva-Neto, M.A.C., Atella, G.C., Araujo, H., Dias, F.A., Polycarpo, C., Vionette-Amaral, R.J., Fampa, P., Melo, A.C.A, Tanaka, A.S., Balczun, C., Oliveira, J.H.M, Gonçalves, R.L.S., Lazoski, C., Rivera-Pomar, R., Diambra, L., G.A., Garcia, E.S., Azambuja, P., Braz, G.R.C. and Oliveira P.L. 2014. An insight into the transcriptome of the digestive tract of the bloodsucking bug, *Rhodnius prolixus*. *PLoS Neglected Tropical Diseases*. 8(1); 25-94.
- Ritdachyeng, E., Manaboon, M., Tobe, S.S. and Singtripop, T. 2012. Molecular characterization and gene expression of juvenile hormone binding protein in the bamboo borer, *Omphisa fuscidentalis*. *Journal of Insect Physiology*, 58(11); 1493-1501.
- Rivnay, E. 1928. External morphology of the Colorado potato beetle [*Leptinotarsa decemlineata* (Say)]. *New York Entomological Society*, 36; 125-145.
- Rose, R.L., Goh, D., Thompson D.M., Verma, D.K., Heckel, D.G., Gahan, J.L., Roe, R.M. and Hodgson, E. 1997. Cytochrome P450 (CYP)9A1 in *Heliothis virescens*: the first member of a new CYP family. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 27(6); 605-615.
- Rose, C., Belmonte, R., Armstrong, S.D., Molyneux, G., Haines, L.R., Lehane, M.J., Wastling, J. and Serrano, A. 2014. An investigation into the protein composition of the teneral *Glossina morsitans morsitans* peritrophic matrix. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(4); e2691.
- Santos, C.D. and Terra, W.R. 1986. Distribution and characterization of oligomeric digestive enzymes from *Erinnyis ello* larvae and inferences concerning secretory mechanisms and the permeability of the peritrophic membrane. *Insect Biochemistry*, 16 (4); 691–700.
- Sarauer, B.L., Gillott, C. and Hegedus, D. 2003. Characterization of an intestinal mucin from the peritrophic matrix of the diamondback moth, *Plutella xylostella*. *Insect Molecular Biology*, 12(4); 333–343.

- Schuler, M.A. 1996 The role of cytochrome P450 monooxygenases in plant–insect interactions. *Plant Physiology*, 112(4); 1411–1419.
- Scully, E.D., Hoover, K., Carlson, J.E., Tien, M. and Geib, S.M. 2013. Midgut transcriptome profiling of *Anoplophora glabripennis*, a lignocellulose degrading cerambycid beetle. *BMC Genomics*, 14(1); 850.
- Shao, L., Devenport, M., Fujioka, H., Ghosh, A. and Jacobs-Lorena, M. 2005. Identification and characterization of a novel peritrophic matrix protein, Ae-Aper50, and the microvillar membrane protein, AEG12, from the mosquito, *Aedes aegypti*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 35(9); 947-959.
- Shen, Z. and Lorena, M. 1998. A type I peritrophic matrix protein from the malaria vector *Anopheles gambiae* binds to chitin. Cloning, expression, and characterization. *The Journal of Biological Chemistry*, 273(28); 17665-17670.
- Shi, G.Q., Yu, Q.Y., Shi, L. and Zhang, Z. 2012. Molecular cloning and characterization of peroxiredoxin 4 involved in protection against oxidative stress in the silkworm *Bombyx mori*. *Insect Molecular Biology*, 21(6); 581–592.
- Silva, S., Serrao, J.E. and Mezencio, J.M.S. 2005. Peritrophic membrane protein in the larval stingless bee *Melipona quadrifasciata* anthidioides: Immunolocalization of secretory sites. *Acta Histochemica* 107(1); 23-30.
- Slabbert, N. 1992. Complexation of condensed tannins with metal ions. In: *Plant polyphenols*. Hemingway, R.W., Laks, P.E. (eds). Plenum Press, 421–436, New York.
- Stoltz, D.B. and Summers, M.D. 1971. Pathway of infection of mosquito iridescent virus. I. Preliminary observations on the fate of ingested virus. *Journal of Virology*, 8(6); 900-909.
- Sudha, P.M. and Muthu, S.P. 1988. Damage to the midgut epithelium caused by food in the absence of peritrophic membrane. *Current Science*, 57(11); 624–625.
- Summers, C.B. and Felton, G.W. 1996. Peritrophic envelope as a functional antioxidant. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, 32(1); 131–142.
- Takechi, M. and Tanaka, Y. 1987. Binding of 1,2,3,4,6-pentagalloylglucose to proteins, lipids, nucleic acids and sugars. *Phytochemistry*, 26(1); 95–97.
- Takesue, Y., Yokota, K., Miyajima, S., Taguchi, R. and Ikezawa, H. 1989. Membrane anchors of alkaline phosphatase and trehalase associated with the plasma membrane of larval midgut epithelial cells of the silkworm, *Bombyx mori*. *Journal of Biochemistry*. 105(6); 998–1001.
- Tellam, R.L., 1996. The peritrophic matrix. In: *Biology of the Insect Midgut*. Lehane, M.J., Billingsley, P.F. (eds). Chapman & Hall, 86-114, London, UK.

- Tellam, R.L., Vuocolo, T., Eisemann, C., Briscoe, S., Elvin, C. and Pearson, R. 2003. Identification of an immuno-protective mucin-like protein, peritrophin-55, from the peritrophic matrix of *Lucilia cuprina* larvae. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 33(2); 239-252.
- Terra, W. 1990. Evolution of digestive systems of insects. *Annual Review of Entomology*, 35; 181-200.
- Terra, W., Ferreira, C., Jordao, B.P. and Dillon, R.J. 1996. Digestive enzymes. In: *Biology of Insect Midgut*. Lehane, M.J., Billingsley, P.F. (eds). Chapman & Hall, 153-186, London, UK.
- Terra, W.R. and Ferreira, C. 2005. Biochemistry of Digestion. *Comprehensive Molecular Insect Science Volume 4: Biochemistry and Molecular Biology*. Iatrou, K., Gill, S.S. (eds), Elsevier, 171-224, Oxford, UK.
- Terra, W.R. and Ferreira, C. 2012. Biochemistry and molecular biology of digestion. In: *Insect Molecular Biology and Biochemistry*. Gilbert, L.I. (ed). Elsevier, 366-406, China.
- Theopold, U., Samakovlis, C., Erdjument-Bromage, H., Dillon, N., Axelsson, B., Schmidt, O., Tempst, P. and Hultmark, D. 1996. Helix pomatia lectin, an inducer of *Drosophila* immune response, binds to hemomucin, a novel surface mucin. *Journal of Biological Chemistry* 271, 12708-12715.
- Toprak, U., Baldwin, D., Erlandson, M., Gillott, C., Hou, X., Coutu, C. and Hegedus, D. D. 2008. A chitin deacetylase and putative insect intestinal lipases are integral components of *Mamestra configurata* peritrophic matrix. *Insect Molecular Biology*, 17; 573–585.
- Toprak, U., Erlandson, M. and Hegedus, D. D. 2010. Peritrophic matrix proteins. *Trends in Entomology*, 6; 23–51.
- Toprak, U., Harris, S., Baldwin, D., Theilmann, D.A., Gillott, C., Hegedus, D.D., and Erlandson, M. 2012. The role of enhancin in *Mamestra configurata* nucleopolyhedrovirus virulence: Selective degradation of host peritrophic matrix proteins. *Journal of General Virology*, 93(4); 744-753.
- Toprak, U., Hegedus, D.D., Baldwin, D., Coutu, C. and Erlandson, M. 2014. Spatial and temporal synthesis of *Mamestra configurata* peritrophic matrix through a larval stadium. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, 54; 89-97.
- Toprak, U., Erlandson, M., Baldwin, D., Karcz, S., Wan, L., Coutu, C., Gillott, C. and Hegedus, D. 2016. Identification of the *Mamestra configurata* (Lepidoptera: Noctuidae) peritrophic matrix proteins and enzymes involved in peritrophic matrix chitin metabolism. *Insect Science* 23(5); 656–674.
- Touhara, K. and Prestwich, G.D. 1992. Binding site mapping of a photoaffinity-labeled juvenile hormone binding protein. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 182(2); 466–473.

- Trowell, S.C., 1992. High affinity juvenile hormone carrier proteins in the haemolymph of insects. *Comparative Biochemistry and Physiology* 103, 795–808.
- Tsuji, A., Kikuchi, Y., Ogawa, K., Saika, H., Yuasa, K. and Nagahama, M. 2008. Purification and characterization of cathepsin B-like cysteine protease from cotyledons of daikon radish, *Raphanus sativus*. *FEBS Journal*, 275(21); 5429-5443.
- Wade, V.J., Levi, S., Arosio, P., Treffry, A., Harrison, P.M. and Mann, S. 1991. Influence of site-directed modification on the formation of iron cores in ferritin. *Journal of Molecular Biology*, 221(4); 1443-1452.
- Wang, P. and Granados, R.R. 1997. An intestinal mucin is the target substrate for a baculovirus enhancer. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 94(13); 6977-6982.
- Wang, P., Guoxun, L. and Granados, R. 2004. Identification of two new peritrophic membrane proteins from larval *Trichoplusia ni*: structural characteristics and their functions in the protease rich insect gut. *Insect Biochemistry and Molecular Biology* 34(3); 215–227.
- Wang, Y., XIU, J.F., Cheng, J.Z., Luo, M., Zhao, P., Shang, X.L., Wang, T. and Wu, J.W. 2016. Proteomic analysis of the peritrophic matrix from the midgut of third instar larvae, *Musca domestica*. *Biomedical and Environmental Science*, 29(1); 56-65.
- Wijffels, G., Eisemann, C., Riding, G., Pearson, R., Jones, A., Willadsen, P. and Tellam, R. 2001. A novel family of chitin-binding proteins from insect type 2 peritrophic matrix: cDNA sequences, chitin binding activity, and cellular localization. *The Journal of Biological Chemistry*, 276; 15527-15536.
- Wiwat, C., Thaithanun, S., Pantuwatana, S. and Bhumiratana, A. 2000. Toxicity of chitinase producing *Bacillus thuringiensis* sp. *Kurstaki* HD-1 towards *Plutella xylostella*. *Journal of Invertebrate Pathology*, 76(4); 270–277.
- Wojtasek, H. and Prestwich, G.D. Key disulfide bonds in an insect hormone binding protein: cDNA cloning of a juvenile hormone binding protein of *Heliothis virescens* and ligand by native and mutant forms. 1995. *Biochemistry*, 34(15); 5234–5241.
- Yin, J., Wei, Z-J., Li, K-B., Cao, Y-Z., Guo, W., 2010. Identification and molecular characterization of a new member of the peritrophic membrane proteins from the meadow moth, *Loxostege sticticalis*. *International Journal of Biological Sciences*, 6(5); 491-498.
- Yu, H., Xu, J., Liu, Q., Liu, T.-X. and Wang, D. 2015. Ha83, a chitin binding domain encoding gene, is important to *Helicoverpa armigera* nucleopolyhedrovirus budded virus production and occlusion body assembling. *Scientific Reports*, (2015)5; 2011-2022.

- Zhang, M. and Kubo, I. 1992. Possible function of ecdysteroid 22-O-acyltransferase in the larval gut of tobacco budworm, *Heliothis virescens*. *Journal of Chemical Ecology* 18(7); 1139–1149.
- Zhao, D., Guo, W., Li, S., Li, R., Xu D. and Lu, X. 2014. Identification of a new peritrophic membrane protein from larval *Holotrichia parallela* (Coleoptera: Motschulsky). *Molecules*, 3(19); 17799-17809.
- Zheng, Y.P., Retnakaran, A., Krell, P.J., Arif, B.M., Primavera, M. and Feng, Q.L. 2003. Temporal, spatial and induced expression of chitinase in the spruce budworm, *Choristoneura fumiferana*. *Journal of Insect Physiology*, 49(3); 241–247.
- Zhong, X., Zhang, L., Zou, Y., Yi, Q., Zhao, P., Xia, Q. and Xiang, Z. 2012. Shotgun analysis on the peritrophic membrane of the silkworm *Bombyx mori*. *BMB Reports*, 45(11); 665–670.
- Zhou, H.H., Tan, X.M., Li, C.Y., Shen, C.P., Sun, X.G. and Li, G.X. 2009. The peritrophic matrix of two grubs, *Holotrichia oblita* and *H. parallela* (Coleoptera: Melolonthidae) and the effects of *Helicoverpa armigera* (Lepidoptera: Noctuidae) granulovirus enhancin on its structure. *Entomological News*, 120(5); 509-517.
- Zhu, Q., Arakane, Y., Beeman, R. W., Kramer, K. J. and Muthukrishnan, S. 2008. Functional specialization among insect chitinase family genes revealed by RNA interference. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 105(18); 6650–6655.

EKLER

EK 1 *L. decemlineata* Protein İstatistikleri Tablosu

EK 2 *L. decemlineata* Peptit İstatistikleri Tablosu

EK 1 *L. decemlineata* Protein İstatistikleri Tablosu

Protein kodu	Örnek Tipi	Protein moleküler ağırlığı (Da)	Protein bulunma yüzdesi	Karakter. peptit sayısı	Karakter. spektrum sayısı	Top. spek. sayısı	Toplam spektrum yüzdesi	Sekans Örtüşme Yüzdesi
LDEC000238	CPB-LV	46.857,90	%100,00	10	10	97	%0,01	%32,00
LDEC000757	CPB-LV	26.890,20	%100,00	2	3	27	%0,00	%10,80
LDEC000777	CPB-LV	13.498,40	%100,00	4	5	57	%0,01	%41,90
LDEC000780	CPB-LV	25.901,80	%100,00	8	14	398	%0,05	%40,60
LDEC000918	CPB-LV	56.923,30	%100,00	16	22	411	%0,05	%39,90
LDEC000922	CPB-LV	56.907,90	%100,00	5	8	83	%0,01	%17,50
LDEC001024	CPB-LV	43.421,20	%100,00	2	2	9	%0,00	%5,74
LDEC001030	CPB-LV	48.618,20	%100,00	9	9	78	%0,01	%21,40
LDEC001223	CPB-LV	80.564,20	%100,00	18	32	467	%0,06	%39,40
LDEC001224	CPB-LV	29.151,70	%100,00	9	15	205	%0,03	%38,30
LDEC001473	CPB-LV	51.592,30	%100,00	2	2	22	%0,00	%8,76
LDEC001677	CPB-LV	27.951,00	%100,00	17	50	1008	%0,13	%77,10
LDEC001678	CPB-LV	10.528,30	%100,00	6	9	212	%0,03	%51,00
LDEC001745	CPB-LV	70.475,30	%100,00	2	2	11	%0,00	%4,24
LDEC001839	CPB-LV	20.679,10	%100,00	2	2	3	%0,00	%14,80
LDEC002052	CPB-LV	36.881,10	%100,00	8	11	73	%0,01	%26,70
LDEC002053	CPB-LV	36.035,70	%100,00	8	16	137	%0,02	%40,40
LDEC002055	CPB-LV	36.338,00	%100,00	6	13	171	%0,02	%34,40
LDEC002057	CPB-LV	62.964,60	%100,00	9	19	167	%0,02	%16,40
LDEC002059	CPB-LV	36.305,20	%100,00	14	38	676	%0,09	%42,60
LDEC002263	CPB-LV	28.860,70	%100,00	2	3	5	%0,00	%9,77
LDEC002544	CPB-LV	22.457,80	%100,00	3	3	9	%0,00	%14,30
LDEC002545	CPB-LV	11.577,50	%100,00	4	9	109	%0,01	%41,30
LDEC003142	CPB-LV	47.560,60	%100,00	19	27	205	%0,03	%43,60
LDEC003254	CPB-LV	35.512,30	%100,00	11	19	488	%0,07	%65,30
LDEC003727	CPB-LV	24.830,20	%100,00	2	2	6	%0,00	%14,90
LDEC003767	CPB-LV	48.681,60	%100,00	4	4	4	%0,00	%11,00
LDEC003785	CPB-LV	28.024,40	%100,00	6	16	259	%0,03	%41,90
LDEC003786	CPB-LV	16.280,10	%100,00	3	4	11	%0,00	%23,90
LDEC003788	CPB-LV	26.382,30	%100,00	2	2	5	%0,00	%7,66
LDEC004240	CPB-LV	15.138,50	%100,00	4	14	412	%0,05	%21,20
LDEC004241	CPB-LV	13.704,60	%100,00	5	19	461	%0,06	%64,80
LDEC004242	CPB-LV	15.425,30	%100,00	5	10	141	%0,02	%33,10
LDEC004443	CPB-LV	35.998,70	%100,00	7	7	125	%0,02	%22,00
LDEC004844	CPB-LV	72.248,10	%100,00	15	18	253	%0,03	%29,10
LDEC005220	CPB-LV	59.818,70	%100,00	5	5	51	%0,01	%17,50
LDEC005286	CPB-LV	24.009,90	%100,00	5	6	74	%0,01	%55,20
LDEC005287	CPB-LV	27.792,00	%100,00	10	10	28	%0,00	%49,00
LDEC005425	CPB-LV	39.824,80	%100,00	14	30	546	%0,07	%40,50
LDEC005654	CPB-LV	15.935,40	%100,00	8	26	1454	%0,19	%34,50
LDEC005689	CPB-LV	28.402,20	%100,00	10	18	112	%0,01	%43,50
LDEC005692	CPB-LV	31.443,10	%100,00	2	2	18	%0,00	%8,27
LDEC006175	CPB-LV	42.380,10	%100,00	3	4	5	%0,00	%12,80
LDEC006258	CPB-LV	250.110,50	%100,00	8	8	19	%0,00	%4,67
LDEC006357	CPB-LV	73.361,00	%100,00	24	57	2423	%0,32	%54,90
LDEC006564	CPB-LV	18.100,90	%100,00	2	2	7	%0,00	%17,60
LDEC006669	CPB-LV	44.125,60	%100,00	2	2	7	%0,00	%6,05
LDEC006672	CPB-LV	26.599,00	%100,00	2	3	19	%0,00	%16,60
LDEC006718	CPB-LV	114.718,10	%100,00	16	20	357	%0,05	%20,40
LDEC006904	CPB-LV	22.436,00	%100,00	3	3	11	%0,00	%15,70
LDEC007042	CPB-LV	27.603,00	%100,00	4	5	69	%0,01	%24,10
LDEC007078	CPB-LV	43.965,40	%100,00	8	8	64	%0,01	%25,30
LDEC007614	CPB-LV	46.411,00	%100,00	17	23	248	%0,03	%52,10
LDEC007619	CPB-LV	73.098,40	%100,00	9	10	62	%0,01	%16,00
LDEC007843	CPB-LV	32.428,60	%100,00	11	15	192	%0,03	%47,50
LDEC008120	CPB-LV	75.815,00	%100,00	17	20	97	%0,01	%30,80
LDEC008121	CPB-LV	39.164,00	%100,00	2	2	3	%0,00	%7,20
LDEC008122	CPB-LV	29.843,40	%100,00	9	22	221	%0,03	%50,50
LDEC008123	CPB-LV	41.181,60	%100,00	8	9	29	%0,00	%33,80
LDEC008159	CPB-LV	36.748,10	%100,00	7	12	96	%0,01	%16,20
LDEC008160	CPB-LV	30.903,30	%100,00	11	22	613	%0,08	%56,10
LDEC008161	CPB-LV	12.755,50	%100,00	3	4	287	%0,04	%29,50
LDEC008409	CPB-LV	17.718,20	%100,00	2	2	10	%0,00	%19,50
LDEC008648	CPB-LV	18.991,90	%100,00	6	20	163	%0,02	%56,80
LDEC008679	CPB-LV	73.330,40	%100,00	19	27	485	%0,06	%34,70

LDEC008853	CPB-LV	28.515,60	%100,00	2	2	20	%0,00	%15,10
LDEC009104	CPB-LV	42.391,40	%100,00	4	5	55	%0,01	%15,40
LDEC009139	CPB-LV	30.490,70	%100,00	5	8	179	%0,02	%16,90
LDEC009315	CPB-LV	13.591,80	%100,00	2	3	14	%0,00	%15,70
LDEC009420	CPB-LV	16.024,20	%100,00	5	16	460	%0,06	%43,30
LDEC009423	CPB-LV	25.905,30	%100,00	4	6	16	%0,00	%21,20
LDEC009454	CPB-LV	43.630,30	%100,00	9	11	141	%0,02	%37,20
LDEC009735	CPB-LV	26.110,60	%100,00	2	3	55	%0,01	%15,70
LDEC009819	CPB-LV	51.561,10	%100,00	7	7	30	%0,00	%17,40
LDEC010425	CPB-LV	33.810,00	%100,00	7	7	97	%0,01	%29,40
LDEC010871	CPB-LV	28.904,40	%100,00	4	4	69	%0,01	%27,80
LDEC010875	CPB-LV	20.468,80	%100,00	2	2	108	%0,01	%18,40
LDEC010881	CPB-LV	36.263,70	%100,00	14	25	620	%0,08	%68,20
LDEC010984	CPB-LV	27.110,60	%100,00	2	3	14	%0,00	%12,50
LDEC011310	CPB-LV	10.771,30	%100,00	4	5	81	%0,01	%42,70
LDEC011312	CPB-LV	33.944,50	%100,00	24	61	1477	%0,20	%60,80
LDEC011313	CPB-LV	27.182,60	%100,00	24	47	2096	%0,28	%72,00
LDEC011381	CPB-LV	66.143,40	%100,00	15	19	338	%0,05	%29,50
LDEC011912	CPB-LV	32.000,30	%100,00	6	13	36	%0,00	%33,90
LDEC012345	CPB-LV	65.984,40	%100,00	3	3	4	%0,00	%7,52
LDEC012813	CPB-LV	83.409,20	%100,00	19	26	123	%0,02	%33,20
LDEC013287	CPB-LV	61.257,30	%100,00	2	2	4	%0,00	%4,17
LDEC013494	CPB-LV	18.402,10	%100,00	2	2	36	%0,00	%14,70
LDEC013885	CPB-LV	34.339,10	%100,00	5	5	53	%0,01	%36,50
LDEC013889	CPB-LV	32.782,50	%100,00	2	2	4	%0,00	%3,67
LDEC013919	CPB-LV	23.132,10	%100,00	2	2	24	%0,00	%16,50
LDEC014063	CPB-LV	25.815,30	%100,00	9	18	74	%0,01	%42,90
LDEC014064	CPB-LV	23.957,00	%100,00	6	9	128	%0,02	%57,10
LDEC014277	CPB-LV	81.939,10	%100,00	5	5	17	%0,00	%11,10
LDEC014460	CPB-LV	13.520,40	%100,00	3	6	18	%0,00	%43,00
LDEC014461	CPB-LV	13.794,60	%100,00	3	6	14	%0,00	%31,40
LDEC014462	CPB-LV	15.200,80	%100,00	2	4	39	%0,01	%19,50
LDEC014768	CPB-LV	58.908,20	%100,00	12	15	128	%0,02	%28,70
LDEC014788	CPB-LV	27.495,50	%100,00	5	7	34	%0,00	%37,50
LDEC014789	CPB-LV	25.402,10	%100,00	7	17	137	%0,02	%33,10
LDEC014791	CPB-LV	25.902,00	%100,00	5	8	67	%0,01	%32,60
LDEC015194	CPB-LV	43.559,50	%100,00	5	8	155	%0,02	%15,90
LDEC016298	CPB-LV	17.839,10	%100,00	4	4	18	%0,00	%26,10
LDEC016760	CPB-LV	15.015,40	%100,00	2	2	9	%0,00	%14,10
LDEC016932	CPB-LV	52.631,40	%100,00	4	4	9	%0,00	%11,40
LDEC017049	CPB-LV	60.055,30	%100,00	7	9	130	%0,02	%20,70
LDEC017108	CPB-LV	14.854,60	%100,00	3	3	13	%0,00	%37,90
LDEC017562	CPB-LV	32.127,90	%100,00	6	8	85	%0,01	%23,70
LDEC017660	CPB-LV	57.159,50	%100,00	9	13	154	%0,02	%32,10
LDEC017881	CPB-LV	36.237,10	%100,00	5	6	18	%0,00	%17,10
LDEC018229	CPB-LV	44.734,40	%100,00	12	17	155	%0,02	%40,80
LDEC018409	CPB-LV	70.613,70	%100,00	6	9	55	%0,01	%9,88
LDEC018465	CPB-LV	37.939,90	%100,00	5	7	70	%0,01	%23,80
LDEC018561	CPB-LV	25.702,10	%100,00	5	6	29	%0,00	%24,80
LDEC018727	CPB-LV	38.536,80	%100,00	2	2	19	%0,00	%7,23
LDEC018935	CPB-LV	72.828,10	%100,00	12	12	159	%0,02	%28,50
LDEC018941	CPB-LV	53.684,80	%100,00	22	44	690	%0,09	%77,50
LDEC019539	CPB-LV	12.015,10	%100,00	2	2	5	%0,00	%37,60
LDEC019971	CPB-LV	7.185,60	%100,00	3	4	65	%0,01	%39,10
LDEC020078	CPB-LV	70.408,10	%100,00	14	23	396	%0,05	%27,90
LDEC020286	CPB-LV	28.070,10	%100,00	2	2	6	%0,00	%21,60
LDEC020299	CPB-LV	13.470,40	%100,00	2	2	4	%0,00	%16,30
LDEC020877	CPB-LV	20.902,40	%100,00	2	3	13	%0,00	%16,80
LDEC021171	CPB-LV	25.586,10	%100,00	3	4	42	%0,01	%30,50
LDEC021542	CPB-LV	41.214,70	%100,00	11	26	533	%0,07	%33,10
LDEC021796	CPB-LV	23.176,10	%100,00	4	9	150	%0,02	%21,70
LDEC021798	CPB-LV	22.630,20	%100,00	3	4	44	%0,01	%20,40
LDEC022220	CPB-LV	43.407,70	%100,00	9	11	47	%0,01	%30,20
LDEC022798	CPB-LV	30.891,60	%100,00	2	2	49	%0,01	%13,90

EK 2 *L. decemlineata* Peptit İstatistikleri Tablosu

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC000238	YNLSQDVK	K	W	%99,00	46	32,6	966,49	144	151
LDEC000238	YDTLVEYIR	R	E	%99,70	52,2	52,2	1.171,60	261	269
LDEC000238	VGFMAEYAAEIK	R	A	%99,70	73,7	73,7	1.344,65	97	108
LDEC000238	TSEKDPPELK	R	K	%99,70	50,8	32,4	1.143,59	385	394
LDEC000238	QVIGEDCLDFR	K	Y	%99,70	54,2	54,2	1.351,63	250	260
LDEC000238	QALADLAFFVDAMK	R	V	%99,70	78,8	78,8	1.555,78	128	141
LDEC000238	GVSHGAVLYR	K	T	%99,70	38,6	38,6	1.058,57	375	384
LDEC000238	VKYNLSQDVK	K	W	%97,40	27,6	27,6	1.193,65	142	151
LDEC000238	NVASPAFLIK	R	G	%99,70	32,3	32,3	1.059,62	365	374
LDEC000757	EECDTLLPEPLR	R	S	%99,70	46	46	1.471,71	201	212
LDEC000757	FDFMEGIPNPDVSFK	R	Q	%99,70	72,1	72,1	1.758,80	219	233
LDEC000758	FRFEFMESVPVPK	R	V	%99,30	29,3	29,3	1.628,81	712	724
LDEC000758	ELVDTTGCELRV	K	-	%99,70	77,6	77,6	1.391,68	1191	1202
LDEC000758	VNFVQVECPK	K	E	%99,70	74,1	74,1	1.219,61	725	734
LDEC000758	YGGISTEECEDELPIQLQ PGCHFR	R	F	%99,70	55,7	55,7	2.835,27	1146	1169
LDEC000758	FEFMESVPVPK	R	V	%99,70	40,9	40,9	1.325,64	714	724
LDEC000758	ELVDTTGCELR	K	-	%99,70	76,7	40,5	1.306,63	1191	1201
LDEC000758	ELVDISHCNLK	K	Y	%99,60	35,4	23,3	1.327,67	504	514
LDEC000758	FQFMEGVNPDVTFIQV ECPK	R	E	%99,70	60,7	60,7	2.512,19	1170	1190
LDEC000777	DAIEDEMAVAIVNFPGE YK	K	T	%99,70	47,6	47,6	2.127,98	48	66
LDEC000777	ITNLNPGNGGEVK	R	T	%99,70	56,1	56,1	1.312,69	77	89
LDEC000777	TMTEAVFAK	K	K	%99,70	43,4	43,4	1.013,50	90	98
LDEC000777	TMTEAVFAKK	K	L	%99,70	53,3	42,3	1.141,59	90	99
LDEC000777	TNDQPIACVR	K	I	%99,70	56,7	56,7	1.173,57	67	76
LDEC000780	DPDIHWGSGPVVK	R	E	%99,70	86,1	73,6	1.382,73	115	127
LDEC000780	SVQYEQDGK	R	S	%99,70	46,2	46,2	1.053,48	140	148
LDEC000780	SVQYEQDGKSYLR	R	V	%99,70	53,6	53,6	1.572,77	140	152
LDEC000780	TEPVFSPYCEYHPK	K	N	%99,70	71,5	71,5	1.753,79	39	52
LDEC000780	TRDPDIHWGSGPVVK	K	E	%99,70	90,6	67,5	1.639,88	113	127
LDEC000780	RTGEYINANAPYITANQ QPYVETFLAGMFK	K	E	%99,70	73,4	73,4	3.423,67	183	212
LDEC000780	AIIGSVSIDELIH	K	-	%99,70	78,4	78,4	1.366,76	217	229
LDEC000780	ISSPIDIK	R	T	%97,70	38,5	17,7	872,51	31	38
LDEC000918	INYYQGYISNIR	R	D	%99,70	73	73	1.503,76	413	424
LDEC000918	AWHLYNNEFR	K	S	%99,70	39,1	39,1	1.349,64	228	237
LDEC000918	DLGVDVYR	K	F	%99,00	42,9	42,9	936,48	92	99
LDEC000918	DSAIWYQNLMK	K	T	%99,70	50,8	50,8	1.384,66	474	484
LDEC000918	YAYNDTPIMVTENGYSDEGTLNDR	K	R	%99,70	64,3	64,3	2.883,23	387	411
LDEC000918	EFGDDVKYWLTFNEPK	R	Q	%98,40	35,6	0	1.987,94	176	191
LDEC000918	FNYGCIADPVIHGDWPK	R	Q	%99,70	38,2	38,2	2.038,91	272	288
LDEC000918	GENIWDNVCHR	K	V	%99,70	41	41	1.413,63	52	62
LDEC000918	YAYNDTPIMVTENGYSDEGTLNDERR	K	I	%99,70	73,5	73,5	3.039,33	387	412
LDEC000918	INVEGINYYK	K	N	%99,70	68,7	68,7	1.212,63	116	125
LDEC000918	LPEFTEEEIK	R	Y	%99,60	46,7	0	1.234,62	308	317
LDEC000918	LPEFTEEEIKYMR	R	N	%99,70	35,2	35,2	1.700,82	308	320
LDEC000918	NLLLAHSK	R	A	%99,00	35,5	35,5	895,54	220	227
LDEC000918	SRLPEFTEEEIK	K	Y	%99,70	65,8	41	1.477,75	306	317
LDEC000918	GYSEHFGLYHVDNFSPNR	R	T	%99,70	47,4	47,4	2.138,97	451	468

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC000918	NTVDFLGLNTYTSSVVR	R	A	%99,70	89,5	78,5	1.885,97	321	337
LDEC000922	DLGVDFYR	K	F	%99,00	38	38	984,48	94	101
LDEC000922	DNGDVACDSYHK	R	Y	%99,70	64,3	64,3	1.380,55	73	84
LDEC000922	ILPNGIDDKISVDGVNYY K	R	N	%99,70	35,9	35,9	2.123,10	109	127
LDEC000922	TWHLYNNAVYR	K	N	%99,70	48,1	48,1	1.322,66	230	239
LDEC000922	NTYGNPEIHTENGLSDD DSTLEDDNRIR	K	F	%99,70	48,5	48,5	3.279,53	388	416
LDEC001024	DFQIQVFFDK	R	L	%99,70	44,8	44,8	1.286,64	308	317
LDEC001024	ALPEETEVEPVK	R	E	%99,70	53,5	53,5	1.340,69	169	180
LDEC001030	SEPIPETNDEPVKVAVAK	K	N	%99,70	36	36	1.923,01	298	315
LDEC001030	SEPIPETNDEPVK	K	V	%99,70	58,8	58,8	1.454,70	298	310
LDEC001030	NGEVSQDYNGPR	R	E	%99,70	40,7	40,7	1.335,59	105	116
LDEC001030	NFDDIVTNNGK	K	D	%99,70	41,2	41,2	1.236,59	316	326
LDEC001030	NDPPVALIK	R	V	%95,80	27	27	966,56	70	78
LDEC001030	LTPVYEEVAEK	K	L	%99,70	49,1	38	1.277,66	343	353
LDEC001030	LKNEDVAIVK	K	M	%99,70	49,7	38	1.128,66	354	363
LDEC001030	ESAVVGFEK	K	E	%99,70	50	50	1.112,56	151	160
LDEC001030	AQVGPSSVELK	K	T	%99,70	40,2	40,2	1.114,61	127	137
LDEC001030	KLTPVYEEVAEK	K	L	%99,70	40	40	1.405,76	342	353
LDEC001223	QFVYGYMYANPVIK	R	G	%99,70	71,2	71,2	1.545,78	279	291
LDEC001223	QICHSGYGNNGGFAPAKP SPGIGEYVCAR	K	H	%99,30	29,4	29,4	2.950,37	200	227
LDEC001223	SSWGTAAGWFK	K	C	%99,70	65,4	65,4	1.268,61	370	381
LDEC001223	SWVTINEPK	K	Q	%99,70	39,8	25,5	1.073,56	191	199
LDEC001223	VSDHTNGDVASDSYHFY K	R	Q	%99,70	73,4	73,4	2.041,89	611	628
LDEC001223	VVDWFVDYAR	K	L	%99,70	56,7	56,7	1.269,63	170	179
LDEC001223	QDVAAMKEVGVNYYR	K	F	%99,70	59,4	59,4	1.758,85	629	643
LDEC001223	GEQVWDTFAHEHPER	K	F	%99,70	35,8	35,8	1.837,83	60	74
LDEC001223	GIQAMVTLHHWDIPTAL EK	K	Q	%99,70	65,3	65,3	2.176,12	679	697
LDEC001223	HIAVGVATAAYQIEGAW K NLDGK	K	G	%99,70	77,5	77,5	2.284,17	38	59
LDEC001223	HIAVGVATAAYQIEGAW K NLDGKGEQVWDTFAHE HPER	K	F	%96,10	46,1	0	4.103,96	38	74
LDEC001223	ANGDVASDSYHFYK	R	E	%99,70	81,1	81,1	1.573,69	79	92
LDEC001223	ILPDGTVNNINQAGVDY YVR	R	V	%99,70	84,2	84,2	2.221,12	115	134
LDEC001223	NTIVIDSDWYEPTSYSEA R DAVAAETKR	R	Q	%99,70	80,8	80,8	3.031,42	252	278
LDEC001223	ANGDVASDSYHFYKED VAAMK	R	E	%99,70	60,5	60,5	2.334,03	79	99
LDEC001223	LPPFSEEEVALIK	R	D	%99,70	57,7	38,8	1.471,80	316	328
LDEC001223	NTIVIDSDWYEPTSYSEA R DAVAAETK	R	R	%99,70	73,2	73,2	2.875,32	252	277
LDEC001223	GEQVWDTFIHDNPSR	K	V	%99,70	70,8	70,8	1.800,83	596	610
LDEC001223	ILPDGTLKK	R	I	%99,60	37,3	21	984,61	651	659
LDEC001224	ADAIAAEIKR	K	Q	%99,70	57,9	57,9	1.057,60	19	28
LDEC001224	ADAIAAEIK	K	R	%99,70	41,2	41,2	901,50	19	27
LDEC001224	EIVITENGVSDDTTGTLR	K	D	%99,70	84,3	84,3	1.804,93	152	168
LDEC001224	HTYGDKEIVITENGVSDDT TGTLR	K	D	%99,70	79,9	79,9	2.506,24	146	168
LDEC001224	IMIDNIAK	K	Y	%99,00	48,1	28,6	933,51	47	54
LDEC001224	LGMYYINMSDPEK	K	R	%99,70	48,7	48,7	1.592,70	215	227
LDEC001224	NTIVIDSDWYEPATHSK	R	A	%99,70	83,9	83,9	1.975,94	2	18
LDEC001224	QFVYGYMYAHPIVYGNW PK	R	I	%99,70	47,5	47,5	2.186,05	29	46

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC001224	TAAIDWFK	K	I	%99,00	48	48	951,49	124	131
LDEC001677	SSCTASPVK	K	A	%99,70	67,7	52,9	950,46	252	260
LDEC001677	KLGHNTDGFDISSSK	K	N	%99,70	90,5	75,6	1.605,79	69	83
LDEC001677	LDGQGPAYWDGK	K	G	%99,70	69,2	58,9	1.306,61	3	14
LDEC001677	ILCAQGGCSNWVWSGV SLSDAAK	K	K	%99,70	82,7	82,7	2.466,15	228	250
LDEC001677	KFGINIEQDYENGKPTG KPK	R	N	%99,70	75,7	75,7	2.263,17	182	201
LDEC001677	LDGQGPAYWDGKGEK	K	T	%99,70	86,1	73,7	1.620,77	3	17
LDEC001677	LGHNTDGFDISSSK	K	N	%99,70	87,3	73,8	1.477,69	70	83
LDEC001677	NIHCSGGHGLSISVGQSK	R	T	%99,70	85,6	75,3	1.851,91	111	128
LDEC001677	NLIIDNAHVTNQDDCIA VNK	K	G	%99,70	83,2	83,2	2.281,12	84	103
LDEC001677	NLIIDNAHVTNQDDCIA VNKGSNMIFR	K	N	%98,40	36,2	15,2	3.088,49	84	110
LDEC001677	GSLTDVTYQNIEMSGIR	K	K	%99,70	83,6	83,6	1.899,91	165	181
LDEC001677	NLQLLNCVPVCVSIIDSCS DLTSLNFDNSAGKK	K	L	%99,70	71,3	71,3	3.824,83	36	69
LDEC001677	GSLTDVTYQNIEMSGIR K	K	F	%99,70	83,9	83,9	2.028,01	165	182
LDEC001677	GIRGHMTGSNSMAVK	K	I	%96,00	27,3	27,3	1.577,75	213	227
LDEC001677	FGINIEQDYENGKPTGKP K	K	N	%99,70	83	83	2.135,08	183	201
LDEC001677	TGSFEDNTIK	K	N	%99,70	72,9	72,9	1.111,53	129	138
LDEC001677	NLQLLNCVPVCVSIIDSCS DLTSLNFDNSAGK	K	K	%99,70	79,5	79,5	3.696,73	36	68
LDEC001678	LTFQGTTK	K	F	%99,00	44,5	30,7	895,49	70	77
LDEC001678	FEHHVWKGPLVIISGNK	K	I	%99,70	37,3	37,3	1.961,08	78	94
LDEC001678	TLELNLKDNAK	K	L	%99,70	59,4	59,4	1.258,70	59	69
LDEC001678	SCSNIVISGLTVPAGK	K	T	%99,70	86,8	74	1.602,85	43	58
LDEC001678	LTFQGTTKFEHHVWK	K	G	%97,00	35,8	23,2	1.858,96	70	84
LDEC001678	GPLVIISGNK	K	I	%99,70	63,2	50,2	997,60	85	94
LDEC001745	IVIPSFLTGGGDGFK	K	V	%99,70	64,1	64,1	1.507,82	569	583
LDEC001745	HRNPVFQEISGR	R	I	%99,70	34,6	34,6	1.439,75	608	619
LDEC001839	DYGEKDNEELAEK	K	Y	%99,70	56,5	56,5	1.539,68	81	93
LDEC001839	LFVQGEDEPFSPFK	R	N	%99,70	50,7	50,7	1.639,80	107	120
LDEC002052	SAVGTIGPISVGIQADSL R	K	F	%99,70	83,3	83,3	1.841,01	242	260
LDEC002052	LQSDESELK	K	S	%99,70	51,6	39,6	1.048,52	233	241
LDEC002052	KLQSDESELK	K	S	%99,70	61,2	41,3	1.176,61	232	241
LDEC002052	CLGQLNHAVLAVGYNA ENGK	R	K	%99,70	82,8	82,8	2.128,06	271	290
LDEC002052	FYGGGIFNGR	R	C	%99,70	46,4	46,4	1.087,53	261	270
LDEC002052	DYGIEAENSYPYK	K	K	%99,70	66,7	66,7	1.548,69	198	210
LDEC002052	DYGIEAENSYPYKK	K	E	%99,70	70,9	70,9	1.676,78	198	211
LDEC002052	EQSTCQFNSENSVLK	K	I	%99,70	88,8	77,6	1.784,81	212	226
LDEC002053	DANNLCGIANDPSYPVL Q	R	-	%99,70	76,8	76,8	1.960,91	307	324
LDEC002053	AVGTIGPISIAINADPLHL YIGGILSGR	K	G	%99,70	40,2	40,2	2.788,57	231	258
LDEC002053	NSWGDYWGEGDYFR	K	I	%99,70	72,8	72,8	1.751,71	290	303
LDEC002053	GCSDELDAHVLAVGYG EVSQSSAK	R	I	%99,70	82,6	82,6	2.493,16	259	282
LDEC002053	GAVLDIKDQGDGCSW AFSSTGALEGQNAILNN VK	K	I	%99,70	79,4	79,4	3.695,74	117	151
LDEC002053	QTVCCQYDANK	R	I	%99,70	67,2	67,2	1.226,55	201	210
LDEC002053	VKNSWGDYWGEGDYFR	K	I	%99,70	40,9	40,9	1.978,87	288	303

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC002053	DQGDCGSCWAFSSTGAL K EGQNAILNNVK	K	I	%99,70	81,5	81,5	2.999,33	124	151
LDEC002055	NSWGDYWGEEK	K	G	%99,70	43,1	43,1	1.241,52	293	302
LDEC002055	DYGIEAEESYPYK	R	S	%99,70	61,1	61,1	1.563,69	189	201
LDEC002055	SIETVCQYDASK	K	T	%99,70	59,7	59,7	1.400,64	202	213
LDEC002055	IPLSEQQLDCSGSYGNG R DCDEGGIMSAAFEYVR	R	D	%99,70	51,8	28,4	3.754,63	155	188
LDEC002055	GCTDELHGVLA VGYG R EVSQSSGNTK	R	F	%99,70	81,3	81,3	2.680,22	262	287
LDEC002055	DANNLCGIADDP TYPVL R	R	-	%99,70	80	80	1.847,85	310	326
LDEC002057	ASEVELKK	R	A	%99,00	52,8	38,7	903,51	211	218
LDEC002057	CIKDLDAHVLAVGYGSE R NGR	R	K	%99,70	44,9	44,9	2.174,07	344	363
LDEC002057	DLDAHVLAVGYGSENG K R	K	K	%99,70	79,6	79,6	1.772,86	347	363
LDEC002057	LYGGGVITTR	R	C	%99,70	69	69	1.036,58	334	343
LDEC002057	VKTPLSEQQLDCSSSY K GNGDCDEGGLMTNAFK	K	Y	%98,10	27,9	27,9	3.637,61	138	170
LDEC002057	TWGDHGYFK	K	L	%99,70	41,8	41,8	1.110,50	375	383
LDEC002057	GIEAGSSYPYQGR	K	V	%99,70	84,6	84,6	1.384,65	176	188
LDEC002057	TPLSEQQLDCSSSYGN K GDCDEGGLMTNAFK	K	Y	%99,70	84,4	55,9	3.410,45	140	170
LDEC002057	DLDAHVLAVGYGSENG K RK	K	Y	%99,70	67,1	67,1	1.900,95	347	364
LDEC002059	NSWGKDWGEQGYFR	K	I	%99,70	77	77	1.729,77	293	306
LDEC002059	IPLSEQQLDCSKPYGND K DCEHGGGLMSFAFDYVL DK	K	G	%99,70	78,8	45,6	4.177,88	155	190
LDEC002059	NVSISEELK	K	K	%97,60	39	14,9	1.147,58	223	232
LDEC002059	DANNLCGIADKASYPIL R	R	-	%99,70	63,5	63,5	1.834,90	310	326
LDEC002059	DANNLCGIADK	R	A	%99,70	69	56,2	1.190,55	310	320
LDEC002059	YQGCGSCWAFSATGA K LEGQNAIVNNVK	K	I	%99,70	84,9	84,9	2.959,35	127	154
LDEC002059	RDANNLCGIADK	K	A	%99,70	64,5	50,1	1.346,65	309	320
LDEC002059	NVSISEELKK	K	A	%99,70	59,5	59,5	1.275,68	223	233
LDEC002059	GIEADSSYPYKGIDTPCQ K YDAK	K	K	%99,70	81	81	2.478,11	191	212
LDEC002059	DWGEQGYFR	K	I	%99,70	42,5	42,5	1.157,50	298	306
LDEC002059	FGIFQSNLR	R	K	%99,70	37,4	37,4	1.081,58	44	52
LDEC002059	GIDTPCQYDAK	K	K	%99,70	63,2	63,2	1.281,58	202	212
LDEC002059	GIDTPCQYDAKK	K	T	%99,70	66,3	66,3	1.395,66	202	213
LDEC002059	GIEADSSYPYK	K	G	%99,70	83,3	83,3	1.229,57	191	201
LDEC002544	SVCENVVDQYGK	R	Q	%99,70	48,4	48,4	1.397,64	71	82
LDEC002544	LLVNEIKK	K	L	%96,00	46,4	10,7	956,61	135	142
LDEC002544	KECDHLIDK	K	Y	%95,70	32	17,9	1.157,56	170	178
LDEC002545	SDHTEAEIGNIVHGICEK K	K	L	%99,70	81,4	81,4	2.008,94	47	64
LDEC002545	QIIDSLVNKVDCEK	K	V	%99,70	75,5	75,5	1.660,86	83	96
LDEC002545	QIIDSLVNK	K	V	%99,70	42,1	42,1	1.029,59	83	91
LDEC002545	ECDKLVD EYGK	K	Q	%99,70	76,3	63,5	1.355,62	72	82
LDEC003142	KGEIASTLK	R	G	%99,70	62	35,4	946,56	173	181
LDEC003142	FYETLPEFK	K	K	%99,70	39,2	39,2	1.173,58	136	144
LDEC003142	FYETLPEFKK	K	V	%96,80	26,1	26,1	1.301,68	136	145
LDEC003142	SSWESSER	K	S	%99,00	35,3	17,6	967,41	363	370
LDEC003142	TNVDLT TTNR	K	Q	%99,70	50,6	50,6	1.134,58	114	123
LDEC003142	WISEVANVDLYNILK	R	K	%99,70	83,1	83,1	1.689,94	246	260
LDEC003142	IDVILNGPVR	K	E	%99,70	53,7	41,7	1.095,65	284	293
LDEC003142	YGNFAFYWIDR	K	S	%99,70	52,3	52,3	1.451,67	386	396
LDEC003142	KFYETLPEFK	K	K	%99,70	44,4	29,6	1.301,68	135	144

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC003142	VPLYIFCESYGGK	K	M	%99,70	49,2	49,2	1.532,75	146	158
LDEC003142	KVPLYIFCESYGGK	K	M	%99,70	72,6	60,7	1.660,84	145	158
LDEC003142	SAFANDGYQGYVK	R	K	%99,70	70,1	70,1	1.582,72	371	384
LDEC003142	QIADDFLVFLKK	R	F	%99,70	71,6	71,6	1.436,82	124	135
LDEC003142	QALDQGKFEEATSYWV QTER	K	V	%99,70	76,3	76,3	2.386,13	226	245
LDEC003142	NANILFVDNPVGVGFSN AK	K	T	%99,70	83,2	83,2	1.976,02	95	113
LDEC003142	KYGNFAFYWIDR	K	S	%99,70	40,4	40,4	1.579,77	385	396
LDEC003142	SAFANDGYQGYVKK	R	Y	%99,70	78	78	1.710,81	371	385
LDEC003142	SGHMPIDNPNSAMDYIL K	R	D	%99,70	72,1	72,1	2.019,95	397	414
LDEC003142	MTAEIALVIDNAAR	K	K	%99,70	82,8	82,8	1.503,78	159	172
LDEC003254	AGATLTFEGTTTFAYAE WK	K	G	%99,70	76,9	66,9	2.064,99	81	99
LDEC003254	FNQVSSVLNSCTNVVVK	K	N	%99,70	76,7	76,7	1.894,97	49	65
LDEC003254	AYILCASGACK	K	N	%99,70	66,2	56,2	1.213,57	292	302
LDEC003254	ISTYGINVEQNYR	R	N	%99,70	38,5	38,5	1.556,77	245	257
LDEC003254	NQDDCICINGGSHLTFR	R	N	%99,70	57,3	57,3	2.006,88	217	233
LDEC003254	NNGGPSGKPNNNVPIDT LEINGVTGTLNGPWSVK	R	A	%99,70	80,9	80,9	3.460,75	258	291
LDEC003254	NLVVDAGQTLK	K	L	%99,70	57,9	57,9	1.157,65	66	76
LDEC003254	SNYILLDGIVVR	K	N	%99,70	63,5	63,5	1.361,78	205	216
LDEC003254	NINMYNCPHQCVGISDS DHVTISNWQLDSSAGNP VNGK	K	E	%95,80	44,2	-3,14	4.245,87	154	191
LDEC003254	GNGITVVGAGQGHK	K	L	%99,70	84,4	84,4	1.237,66	107	119
LDEC003254	VKPQFMFIQATGGSVLK	K	N	%99,70	84,3	84,3	1.867,01	137	153
LDEC003442	GLHYRFEVYTA	R	-	%99,50	29,8	29,8	1.355,67	113	123
LDEC003442	VSIIGGGVGSEFVEIK	K	I	%99,70	82,2	82,2	1.590,87	90	105
LDEC003727	SSTWPVDYPNFFK	R	S	%99,70	51,2	51,2	1.587,75	185	197
LDEC003727	GAFGTPESCR	R	S	%95,30	24,7	24,7	1.081,47	175	184
LDEC003767	WALPFSPSNYESVK	R	Q	%99,10	29	29	1.624,80	99	112
LDEC003767	LRQDGIHSTGR	R	S	%96,10	26,5	26,5	1.215,68	83	93
LDEC003767	ISQIDLYYSPQK	K	G	%99,70	37,5	37,5	1.695,90	318	331
LDEC003767	ELATLILQR	K	L	%96,00	30,1	18,2	1.056,64	74	82
LDEC003785	VHSCALDLAQGDQGIR	K	F	%99,70	84,6	84,6	1.739,85	133	148
LDEC003785	CAEDNNISWDDIQNCLK	K	S	%99,70	82,9	82,9	2.051,88	168	184
LDEC003785	FVMCSMASPDATADFEFS K	R	K	%99,70	83,8	83,8	2.025,82	149	166
LDEC003785	FVMCSMASPDATADFEFS KK	R	C	%99,70	76,1	76,1	2.167,93	149	167
LDEC003785	LAHVPTVVLNDFQEIL STIAR	K	N	%99,70	68,2	68,2	2.450,34	206	227
LDEC003785	LSFTCQHGAECYGSK	K	V	%99,70	67,7	67,7	1.841,79	117	132
LDEC003786	YIFTCQHGAECYGNK	K	V	%99,70	66,7	66,7	2.047,86	73	88
LDEC003786	DQLSPGYK	K	V	%99,00	28,9	28,9	907,45	41	48
LDEC003786	VKVDLIPFGK	K	A	%99,70	44	44	1.115,68	54	63
LDEC003788	LLAQNGVR	K	T	%99,00	44,1	31,2	870,52	169	176
LDEC003788	SGVSWTSLQK	K	C	%99,70	42,9	27,1	1.092,57	150	159
LDEC004240	YPVNGGWSVAEGCITR	K	Y	%99,70	89,6	74,1	1.766,82	85	100
LDEC004240	IETFSSLYQLK	R	Y	%99,70	65,4	52,2	1.328,71	74	84
LDEC004240	RIETFSSLYQLK	K	Y	%99,70	67,3	56,7	1.484,81	73	84
LDEC004240	IETFSSLYQLKYPVNGG WSVAEGCITR	R	Y	%99,70	68,5	68,5	3.075,52	74	100
LDEC004241	RVETFSNLYQLR	R	H	%99,70	68	68	1.525,81	65	76
LDEC004241	IKDSHVPNSNYELHAVIN K YLEAWALYPDPEATLR	K	R	%99,70	52,8	52,8	3.938,97	31	64

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC004241	DSHVPNSNYELHAVINY K LEAWALYPDPEATLR	R		%99,70	51,4	51,4	3.697,79	33	64
LDEC004241	HPVNGGWSVAEGCSNIY R TPGGAYNYVTLDDVDYR	D		%99,70	84,9	84,9	3.645,67	77	109
LDEC004241	VETFSNLYQLR	R	H	%99,70	72,5	60,1	1.369,71	66	76
LDEC004242	IESFVQLFGVK	R	H	%99,70	57,7	57,7	1.266,71	83	93
LDEC004242	HSISDGWNVAVGCSLLY K R	S		%99,70	82,9	82,9	2.033,99	94	111
LDEC004242	ALEEAYEMYPLDVKR K	I		%99,70	81,5	81,5	1.957,92	67	82
LDEC004242	ALEEAYEMYPLDVDK K	R		%99,70	84,4	67,7	1.801,82	67	81
LDEC004242	RIESFVQLFGVK	K	H	%99,70	54,8	54,8	1.422,81	82	93
LDEC004443	GLLFTAAGVAGGIER	R	I	%99,70	86,2	75,3	1.374,77	119	132
LDEC004443	IGDVDQWVGYEDEK	R	S	%99,70	76,9	76,9	1.652,74	256	269
LDEC004443	IGDVDQWVGYEDEKSL GYK	R	V	%99,70	42,4	42,4	2.201,04	256	274
LDEC004443	INLGYPDIPR	R	L	%99,70	47,9	32,1	1.060,58	133	141
LDEC004443	NVLEFVQSK	R	S	%99,70	46,6	46,6	1.063,58	69	77
LDEC004443	SFDGFDLDWEYPGSR	K	N	%99,70	85	85	1.790,77	78	92
LDEC004443	SLGYKVEFAK	K	Q	%99,70	49,3	49,3	1.141,63	270	279
LDEC005220	DIYIESFDESAIR	K	Y	%99,70	46,9	46,9	1.557,74	212	224
LDEC005220	VGNNEIEVQFLSPIEVS A R	L		%99,70	86,7	76,5	2.101,09	155	173
LDEC005220	SHASVALYSGNNENEGA R LVDDWYGTK	N		%99,70	60,7	60,7	2.797,27	439	464
LDEC005220	SNVIDEVR	R	H	%99,00	54,8	43	931,48	424	431
LDEC005220	GTVTGILMYTTLK	K	D	%99,70	44,6	44,6	1.512,83	253	266
LDEC005220	GIFVSSSPNGK	R	K	%99,70	40,1	40,1	1.179,60	494	505
LDEC005286	VCEGATSYNDYHLVDY K LTGDFLEEQYHGQR	D		%99,70	70	70	3.579,58	150	179
LDEC005286	NLMPAQTTWINGVSALK R	D		%99,70	76	76	1.859,97	115	131
LDEC005286	DTVNRPGFADMFFK	K	S	%99,30	31,5	31,5	1.660,78	69	82
LDEC005286	DWIDMDQLCIQK	K	M	%99,70	44,3	44,3	1.580,71	33	44
LDEC005286	MRGQVEEELK	K	A	%95,20	30,4	17	1.234,61	45	54
LDEC005287	SLSDSKWEEGIELIK	R	Y	%99,70	69,6	69,6	1.733,90	111	125
LDEC005287	SFHDPEISDHLEK	K	E	%99,70	32,2	32,2	1.553,72	188	200
LDEC005287	SFHDPEISDHLEKEFVHK K	Q		%99,40	32	32	2.194,06	188	205
LDEC005287	FANHHFIR	K	S	%98,90	30,1	30,1	1.041,54	77	84
LDEC005287	YGAIDAVQPELQK	R	F	%99,70	77,6	77,6	1.431,75	64	76
LDEC005287	RGGYMNFAAISED LALE K NEVDR	S		%99,70	37,9	37,9	2.486,16	130	151
LDEC005287	FALEAHEIHSEATR	K	K	%99,70	33,2	33,2	1.610,79	171	184
LDEC005287	FALEAHEIHSEATRK	K	S	%99,70	38,4	38,4	1.738,89	171	185
LDEC005287	SFELYELAAVAK	R	A	%99,70	55,3	55,3	1.340,71	152	163
LDEC005287	SFEYLLMSTHFANYEK	R	N	%99,70	53,9	53,9	1.995,92	85	100
LDEC005425	VKEGSVFK	K	D	%99,00	40	40	893,51	137	144
LDEC005425	TTFGYQLWKGPLIR	K	I	%99,70	41,6	41,6	1.679,93	83	96
LDEC005425	STGNATNNIPR	K	G	%99,70	79,9	64,5	1.257,65	299	310
LDEC005425	NTVANVTFR	K	D	%99,70	46,3	46,3	1.021,54	244	252
LDEC005425	TTFGYQLWK	K	G	%99,60	31,4	31,4	1.143,58	83	91
LDEC005425	CTNIIVSNLQVPGGETLD K FK	F		%99,70	83,4	83,4	2.205,12	50	69
LDEC005425	CTNIIVSNLQVPGGETLD K FKFK	K		%99,70	66,8	66,8	2.480,29	50	71
LDEC005425	FKKPGVHITFEGK	K	T	%99,70	60	60	1.487,84	70	82
LDEC005425	GASNPSSCNYEPR	R	G	%99,70	84,4	84,4	1.438,60	350	362
LDEC005425	GPLIRIQGVGITVTGAPG K SVLDGQGALYWEGK	N		%97,60	58,8	17	3.210,72	92	123

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC005425	NLECI GG HGLSL SVGMS HEVIK	R	N	%99,70	83,3	83,3	2.337,17	222	243
LDEC005425	KPGVHITFEGK	K	T	%99,70	70,3	70,3	1.212,67	72	82
LDEC005425	IQGVGITVTGAPGSVLD GQGALYWEGK	R	N	%99,70	81	81	2.673,39	97	123
LDEC005425	THTNSGEGLIR	K	D	%99,70	55,9	55,9	1.184,60	267	277
LDEC005654	FYECSKGS AIHFTCP EGK	K	R	%99,70	78,9	78,9	2.117,94	115	132
LDEC005654	FYECTDGKK	K	V	%99,70	48,5	48,5	1.161,52	41	49
LDEC005654	VLQDCPDDLFWNIK	K	L	%99,70	89,6	45,4	1.763,83	50	63
LDEC005654	RWVDPTVK	K	C	%99,00	37,5	23,9	1.000,56	133	140
LDEC005654	KVLQDCPDDLFWNIK	K	L	%99,70	85,2	69,5	1.890,94	49	63
LDEC005654	GSAIHFTCP EGKR	K	W	%99,70	88,6	76,9	1.459,71	121	133
LDEC005654	GSAIHFTCP EGK	K	R	%99,70	79	63	1.303,61	121	132
LDEC005654	FYECTDGK	K	K	%99,00	39,4	14,6	1.019,41	41	48
LDEC005689	NADNQCGIATR	R	A	%99,70	73,2	73,2	1.219,55	239	249
LDEC005689	NTEGDLTHAVLVTGYGS QDGKDYWIVK	K	N	%99,70	84,2	84,2	2.966,45	195	221
LDEC005689	SQGSCGSCWAFSTTGSV ESHNFIK	K	T	%99,70	79,7	79,7	2.634,13	58	81
LDEC005689	NSWGDNWGK	K	D	%99,60	31,2	31,2	1.063,46	222	230
LDEC005689	NDEIDLQK	K	A	%99,00	46,4	21	974,48	155	162
LDEC005689	LISLSEQLVDCVK	K	N	%99,70	83	83	1.631,87	85	98
LDEC005689	KNDEIDLQK	K	A	%99,70	71,9	40	1.102,57	154	162
LDEC005689	NTEGDLTHAVLVTGYGS QDGK	K	D	%99,70	82,7	82,7	2.162,04	195	215
LDEC005689	GILNDPQCK	R	N	%99,70	39,5	28,8	1.058,53	186	194
LDEC005689	DGYLWMSR	K	N	%99,00	30,4	30,4	1.027,47	231	238
LDEC005692	ANGLMEQTAYPYETK	R	V	%99,70	85	73	1.731,79	140	154
LDEC005692	GDEYDLKR	R	N	%96,40	33,9	0,42	995,48	178	185
LDEC006175	RPDGGVAIILNQYHPV K	R	G	%99,30	30,5	30,5	2.119,17	330	348
LDEC006175	LDPGYVVTYTSNK	K	E	%99,70	34,7	34,7	1.520,73	57	69
LDEC006175	IYSSQFDDKVPVTAFR	R	R	%99,40	30,2	30,2	1.873,93	314	329
LDEC006258	QNQINQQYDR	R	L	%99,10	33,2	21,3	1.306,61	1026	1035
LDEC006258	STFLSTEEFGHDLHVEV LQR	K	K	%99,70	48,9	48,9	2.473,20	173	193
LDEC006258	DADETVAWIAEK	R	D	%99,70	49,3	49,3	1.347,64	267	278
LDEC006258	ETVQALYDYTEK	R	S	%99,10	28,7	28,7	1.459,70	974	985
LDEC006258	LLDSLQVQQLFR	R	D	%99,60	32,2	32,2	1.459,83	784	795
LDEC006258	LNEANTLHQFFR	R	D	%99,70	31,2	31,2	1.489,75	1701	1712
LDEC006258	LQEASQQQFNR	K	T	%99,70	62,7	62,7	1.476,72	678	689
LDEC006258	VSEVNELADK	R	L	%99,70	50	50	1.103,56	209	218
LDEC006357	GPQESVWR	R	T	%99,00	56,2	56,2	958,47	203	210
LDEC006357	YAFFDKYFK	R	K	%99,70	42,4	42,4	1.228,60	290	298
LDEC006357	AIQAAFWALQWAKDK	R	N	%99,70	60,4	60,4	1.746,93	254	268
LDEC006357	APTTFIGIRPWYK	K	N	%99,70	76,9	76,9	1.549,85	587	599
LDEC006357	EGAFAGGATNSYEGR	K	Y	%99,70	84,4	73,9	1.486,66	393	407
LDEC006357	FGGQNGFLDLFVGDSHY EQQWK	R	Y	%99,70	83,3	83,3	2.572,19	222	243
LDEC006357	GLLDGIWNNHQTTK	K	G	%99,70	90,2	76,9	1.596,81	538	551
LDEC006357	YTIASDAEAR	K	A	%99,70	69,7	69,7	1.096,53	244	253
LDEC006357	NDPDWPKVEAYLNGGP APK	K	F	%99,70	85,1	85,1	2.068,01	600	618
LDEC006357	WFGMQAWSTDR	R	L	%99,70	62,8	62,8	1.384,61	439	449
LDEC006357	VEAYLNGGPAPK	K	F	%99,70	75,4	64,2	1.215,64	607	618
LDEC006357	TIPQTTCDNFR	R	F	%99,70	51,2	51,2	1.352,63	211	221
LDEC006357	SPTGVSDWEMSLER	K	Q	%99,70	83,7	83,7	1.609,72	368	381
LDEC006357	QIEFYEYLQSK	R	E	%99,70	61,7	51,3	1.447,71	382	392

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC006357	YGFGNQPGQCQLGPSVE K GPSFMNSFQR		G	%99,70	77,2	77,2	3.005,33	176	202
LDEC006357	AIQAAFWALQWAK R	R	D	%99,70	64,7	64,7	1.503,81	254	266
LDEC006357	GVAMEEVMDAYSQFNE K EVYVPPGWVGHYPDGT EIK		A	%99,70	84,5	84,5	3.975,77	552	586
LDEC006357	YGTDIGSASALAR K	K	T	%99,70	85	85	1.281,64	506	518
LDEC006357	LAQYYYVSGDEK R	R	V	%99,70	79	79	1.435,67	450	461
LDEC006357	ISDFYAHFGYQNPMTAY R VMSK		V	%99,70	70,9	42,2	2.486,12	340	360
LDEC006357	IPEWLDWSGVPPAVDVS K IEK		Y	%99,70	55,9	55,9	2.237,15	486	505
LDEC006357	IHDAANGYFSPK K	K	G	%99,70	89,6	75,3	1.319,64	36	47
LDEC006357	IGNCIGTYACPGGYGK K	K	D	%99,70	89,4	59,2	1.701,77	300	315
LDEC006357	WVNWVLPEISYDANSY K K		I	%99,70	69,2	69,2	2.084,01	469	485
LDEC006564	GITKPQLINVVASGGSLF K K		D	%99,70	54,2	54,2	1.929,12	113	131
LDEC006564	GDGITVQGTR K	K	N	%99,70	46,4	46,4	1.003,52	85	94
LDEC006669	AHAAYVHMYK K	K	N	%96,60	25,8	25,8	1.206,57	97	106
LDEC006669	INYIADHLQYILK R	R	A	%99,70	66,9	66,9	1.603,88	283	295
LDEC006672	VSLLGISSLVAPFIK K	K	V	%99,70	81,5	81,5	1.543,95	77	91
LDEC006672	DSSELISLLSSIVENVIN SALKPK		N	%99,70	77,2	77,2	2.643,45	198	222
LDEC006904	LGVNFIWSK R	R	I	%99,70	42	42	1.063,59	92	100
LDEC006904	DVPLQTSSNIAR K	K	C	%99,70	55,2	55,2	1.300,69	132	143
LDEC006904	IVDDGLLFIK K	K	N	%99,70	39,8	39,8	1.132,66	60	69
LDEC007042	NSWGTSGWGEDGYIR K	K	L	%99,70	76,7	76,7	1.627,71	216	229
LDEC007042	GAVLPVRDQK K	K	D	%97,40	30,4	20	1.082,63	51	60
LDEC007042	GYFFLSNDEIDLK R	R	N	%99,70	62,3	62,3	1.560,76	146	158
LDEC007042	NQVATVGPISVTLNTHQ K WQSYGK		G	%99,70	75,8	75,8	2.528,29	159	181
LDEC007078	QADDIVSWLLKK R	R	T	%99,70	50,9	40,1	1.415,79	129	140
LDEC007078	MDATVNELEFTK K	K	V	%99,70	45,6	45,6	1.413,66	304	315
LDEC007078	YKPDSDDLSAETIQK K	K	F	%99,70	80,4	80,4	1.709,82	206	220
LDEC007078	VDATEEQDLAEFGVR K	K	G	%99,70	78,6	78,6	1.807,83	93	108
LDEC007078	VAVIGFFK K	K	D	%99,00	39	39	880,53	163	170
LDEC007078	QLAEQSSPIK K	K	L	%99,70	61	48,7	1.100,59	80	89
LDEC007078	QHLLSQDLPEDWDKEPV K K		V	%99,70	34,5	34,5	2.177,09	232	249
LDEC007078	VFQDFLDGK K	K	L	%99,70	45,9	45,9	1.068,54	221	229
LDEC007614	GAWVHPEIDNPEYTPVP K DLYK		Q	%99,70	53,1	53,1	2.440,18	286	306
LDEC007614	HEQNIDCGGGYVK K	K	V	%99,70	76,3	76,3	1.476,65	98	110
LDEC007614	KDEGGDEDEDEDDDA K NEEEHVPQVEETDHDEL		-	%99,70	48,6	48,6	3.798,43	373	405
LDEC007614	FTPFSTEGK K	K	D	%99,70	35,4	35,4	1.013,49	80	88
LDEC007614	KVHVIINHNDK K	K	N	%99,70	50,3	50,3	1.316,74	142	152
LDEC007614	VHVIINHNDK K	K	N	%95,20	25,8	25,8	1.188,65	143	152
LDEC007614	FFNDEKEDAGIQTSEDA K R		F	%99,70	84,6	84,6	2.071,92	55	72
LDEC007614	FSDDTWEQNWIIYSK K	K	H	%99,70	84,8	84,8	1.818,80	26	39
LDEC007614	VFDCSLTPEEMHGDSPLY K R		L	%99,70	36,9	36,9	2.155,91	111	128
LDEC007614	SGTIFDNVLITDDVEYQA K K		A	%99,70	79,7	79,7	2.128,04	322	340
LDEC007614	QIDNPAYK K	K	G	%99,00	48	35	948,48	278	285
LDEC007614	LMFGPDICGPGTK R	R	K	%99,70	62,8	50,3	1.408,66	129	141
LDEC007614	DLVIQFTVK K	K	H	%99,70	39,5	39,5	1.062,62	89	97

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC007614	EALDKAESDAASENDK	K	K	%99,70	77,9	65,7	1.692,76	357	372
LDEC007614	KPEDWDDR	K	A	%99,00	35	20,5	1.060,47	214	221
LDEC007614	EDAGIQTSedar	K	F	%99,70	53,6	53,6	1.291,58	61	72
LDEC007614	KFTPFSTEGK	R	D	%96,80	26	26	1.141,59	79	88
LDEC007619	LIINSLYR	K	N	%99,00	49,5	33,9	991,59	90	97
LDEC007619	ALLFVPTVQPSEFNR	K	Y	%99,70	48,2	48,2	1.804,96	385	400
LDEC007619	ELISNASDALDK	R	I	%99,70	76,2	76,2	1.275,64	105	116
LDEC007619	ELISNASDALDKIR	R	M	%99,70	78,6	60,9	1.544,83	105	118
LDEC007619	LGTIEDPANR	K	T	%99,70	31,7	31,7	1.085,56	492	501
LDEC007619	GTTISLELKPEAK	R	D	%99,70	52,9	42,3	1.386,78	245	257
LDEC007619	GIVDSDDLPLNVSR	R	E	%99,70	69,5	69,5	1.499,77	434	447
LDEC007619	FISSTGGQLTGLAEYVSR	R	M	%99,70	81,8	81,8	1.885,97	510	527
LDEC007619	FAFQTEVNR	K	M	%99,70	40,9	40,9	1.111,55	78	86
LDEC007843	FNVYNEQYIK	R	T	%99,30	29,2	29,2	1.317,65	114	123
LDEC007843	DDGELDFEDIK	K	F	%99,70	49	49	1.295,56	212	222
LDEC007843	DTKPEWTTMIGFEQFNE QEEK	R	V	%99,70	68	68	2.603,16	254	274
LDEC007843	EPQIFDMGFR	K	K	%99,70	39	39	1.255,58	185	194
LDEC007843	YIFYSNDYFDYEQPEQR	K	S	%99,70	81,5	81,5	2.276,98	94	110
LDEC007843	FLTTPSINYQFQESGK	R	Y	%99,70	84,9	84,9	1.987,98	77	93
LDEC007843	ILPGSSTK	K	E	%99,00	44,2	32,5	802,47	177	184
LDEC007843	MDENNHNHFDHR	R	A	%99,70	66,8	66,8	1.444,57	50	60
LDEC007843	TPPDNIYSSDVFLYLK	K	D	%99,70	84	84	1.871,94	196	211
LDEC007843	VGGVSSEPSVR	K	F	%99,70	53,6	39,6	1.073,56	66	76
LDEC007843	EPQIFDMGFRK	K	T	%99,40	30,6	30,6	1.383,67	185	195
LDEC008120	IHQDYPSNDKKPVGNVP IDDLK	R	I	%99,70	39	39	2.492,28	283	304
LDEC008120	IHQDYPADDNKPEGNVPIR	R	V	%99,70	84	84	2.178,06	627	645
LDEC008120	FGVANWDGPLVNIEGN DLR	K	I	%99,70	79,6	79,6	2.086,04	417	435
LDEC008120	DCDITDFSQVPDVVSR	R	C	%99,70	90,1	90,1	1.852,84	367	382
LDEC008120	NSLVFNQDDCIR	R	V	%99,70	72,3	72,3	1.480,69	530	541
LDEC008120	IYGAAGIGFSGQGEEYW DGK	R	G	%99,60	126	126	2.104,96	436	455
LDEC008120	KPVGNVPIDDLK	K	I	%99,70	66,2	66,2	1.294,74	293	304
LDEC008120	LQTGTTLYFK	K	D	%99,70	49,5	38,9	1.171,64	403	412
LDEC008120	SNWAGPLVK	K	I	%99,70	36,6	36,6	971,53	95	103
LDEC008120	MDVPAGETLNLK	K	L	%98,90	28,3	28,3	1.303,66	391	402
LDEC008120	SFEVPAGK	K	T	%99,00	38,2	38,2	834,44	65	72
LDEC008120	VSGTPGSVFDGQGAEY WDGK	K	G	%99,70	80,3	80,3	2.056,92	111	130
LDEC008120	GSDMFFQNIYCK	R	G	%99,70	41,5	41,5	1.525,65	218	229
LDEC008120	VNAHESEFYNNLLNCPLR	R	C	%99,70	54	54	2.303,12	143	161
LDEC008120	VFNQDDCVVVR	R	G	%99,70	70,8	54,8	1.464,69	206	217
LDEC008120	VSGTPGSVFDGQGAEY WDGKGSQGTK	K	K	%96,10	29,8	29,8	2.615,20	111	136
LDEC008120	IHQDYPSNDK	R	K	%99,70	44,7	44,7	1.216,56	283	292
LDEC008121	FDGQGAEYWDGK	K	G	%99,70	32,2	32,2	1.372,58	105	116
LDEC008121	DITLVNSDNGIHLK	K	T	%99,40	37,3	16,3	1.539,80	244	257
LDEC008122	DCTVVNSDNGIHLK	K	T	%99,70	80,9	80,9	1.571,75	158	171
LDEC008122	DGTEGLIQDVTYK	K	N	%99,70	81	81	1.438,71	175	187
LDEC008122	GLTITDVK	R	G	%99,00	33	33	846,49	220	227
LDEC008122	GSGDFNNIHLNCPER	K	C	%99,70	67,7	67,7	1.842,86	45	60
LDEC008122	LGHNTDGFVDVSGTDITV R	K	N	%99,70	81,4	81,4	1.903,91	86	103
LDEC008122	THKDGTEGLIQDVTYK	K	N	%99,70	82	82	1.804,91	172	187

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC008122	CASVHGSHLSLVGWNID R		N	%99,70	72,3	72,3	2.409,16	61	83
	VSAGDK								
LDEC008122	GSTKPVLIIQIK	K	G	%99,70	70,1	52,9	1.183,74	34	44
LDEC008122	NYGLEIQDYDPDHDGHP R		G	%99,70	86,9	76,6	2.733,30	196	219
	VGNVPIR								
LDEC008123	GLIITDFK	R	G	%99,00	42,1	42,1	906,53	324	331
LDEC008123	NQDDCLVVNR	K	G	%99,70	56,5	44,3	1.232,57	213	222
LDEC008123	KPVLIIQIIGSGDFNNIHL K		C	%99,70	47,6	47,6	2.747,47	141	164
	NCPER								
LDEC008123	GSSLTFSGITR	R	F	%99,70	54,4	54,4	1.125,59	85	95
LDEC008123	DGAQGLIQDVITYK	K	N	%99,70	83,7	65,1	1.407,71	279	291
LDEC008123	NYGMQIQDYPNHDGR R		G	%99,70	46,7	46,7	2.784,33	300	323
	PVGNVPIR								
LDEC008123	DCTVVNSDNAIHIK	K	T	%99,70	55,8	41,7	1.585,76	262	275
LDEC008123	VNGELGSKLDGQGAK	K	Y	%99,70	71,8	71,8	1.472,77	115	129
LDEC008159	EYWQIKMDGVNIASEK	K	L	%99,70	55	55	1.926,93	199	214
LDEC008159	KYYTEFDGNER	K	-	%99,70	47,3	47,3	1.568,70	321	332
LDEC008159	DHAPCAIR	K	N	%95,90	27,3	27,3	939,45	102	109
LDEC008159	LCNGGCQAVFDTASR	K	F	%99,70	82,6	82,6	1.655,73	215	229
LDEC008159	MDGVNIASEK	K	L	%99,70	67,1	67,1	1.079,50	205	214
LDEC008159	YYTEFDGNER	K	-	%99,70	50,1	50,1	1.440,61	322	332
LDEC008159	CDKDHAIR	K	N	%99,70	47,1	47,1	1.342,60	99	109
LDEC008160	AIGAKPIIGGEYTIDCR	K	R	%99,70	84,2	84,2	1.833,95	189	205
LDEC008160	GSFTYIPVTR	K	Q	%99,70	47,5	47,5	1.140,60	133	142
LDEC008160	ISSLPDINIVLGKKTFTLK R		G	%99,70	61,3	61,3	2.016,17	207	225
LDEC008160	LCNGGCQAIVDTGTSLII R		I	%99,70	63,2	63,2	2.703,33	160	185
	GPSAEIEK								
LDEC008160	MDGVNVASER	K	L	%99,70	85,2	66,3	1.093,49	150	159
LDEC008160	QGYWQIKMDGVNVASE R		L	%99,70	84,5	84,5	1.996,95	143	159
	R								
LDEC008160	FNVIDFTGSSNLWVPSEK K		C	%99,70	84,7	84,7	2.040,01	22	39
LDEC008160	NYMDAQYYGPITIGTPG K		F	%99,70	84,8	84,8	2.133,00	3	21
	QK								
LDEC008160	ISSLPDINIVLGK	R	T	%99,70	71	71	1.425,83	207	220
LDEC008160	VGGELILGSDPK	K	Y	%99,70	65,3	55,2	1.241,67	117	129
LDEC008160	RISSLPDINIVLGK	R	T	%99,70	61,6	50	1.581,93	206	220
LDEC008161	KYYTEFDLGNNR	R	I	%99,70	70,3	54,5	1.519,72	94	105
LDEC008161	TFTLEPSEYILK	K	V	%99,70	63,5	63,5	1.440,76	48	59
LDEC008161	YISTLPHVK	R	F	%99,70	38,7	38,7	1.057,60	33	41
LDEC008409	LPENTQEINIK	R	G	%99,70	65,1	65,1	1.623,79	90	102
LDEC008409	GTNDFFALNSYTTVLVK K		A	%99,60	30,9	30,9	1.889,96	103	119
LDEC008648	WSKNEPSDNGTCLEVTQ R		A	%96,90	38,7	22,7	3.262,34	117	144
	DSSDISMSWNR								
LDEC008648	NEPSDNGTCLEVTQDSS K		A	%99,70	84,8	84,8	2.858,18	120	144
	DISMSWNR								
LDEC008648	ATQEQGLLFCK	K	N	%99,70	85,6	73,7	1.308,66	49	59
LDEC008648	QENDFLFNTIGSLVDYTT K		S	%99,70	56,8	56,8	3.126,47	72	98
	SDFWTSGLR								
LDEC008648	NLDMGLVSIESK	K	Q	%99,70	69,4	69,4	1.321,67	60	71
LDEC008648	SGDIWYWETTGKPFST R		W	%99,70	76,6	76,6	2.178,03	99	116
	R								
LDEC008679	YTFEVEYYTMR	R	A	%99,70	72	72	1.737,75	63	75
LDEC008679	YLGHVNSDGGNPK	R	S	%99,70	65	65	1.485,74	235	248
LDEC008679	NLVDAPLKDTVNVPA GYTIVR		F	%99,70	78,7	78,7	2.312,26	575	596
LDEC008679	ADGDFGPMVIR	R	I	%99,70	70,1	55,9	1.193,56	190	200
LDEC008679	DTVNVPAAGYTIVR	K	F	%99,70	42,4	42,4	1.461,77	583	596
LDEC008679	ETPYADGVPPYVAQCPTL K		Y	%99,70	56,3	56,3	2.660,23	146	168
	PYDTFR								

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC008679	FFVDQGYR	R	Y	%99,00	33,4	33,4	1.031,49	275	282
LDEC008679	GLQDCGPDYNK	K	V	%99,70	55,1	55,1	1.266,54	351	361
LDEC008679	IGDSVTPEEIESR	K	D	%99,70	84,7	84,7	1.431,70	554	566
LDEC008679	IVVDVVNK	R	M	%99,00	54,9	44	885,54	122	129
LDEC008679	MTSESTTMHWHGIHQK	K	E	%99,60	30,5	30,5	1.942,85	130	145
LDEC008679	VKGLQDCGPDYNK	R	V	%99,70	42,1	42,1	1.493,71	349	361
LDEC008679	MPNFALLPSR	K	N	%99,70	66	55,9	1.161,61	475	484
LDEC008679	NQVSDDIFCNK	R	E	%99,70	56,4	56,4	1.339,59	485	495
LDEC008679	VFQLAVLHYTGADATLE K NHPK	K	E	%99,70	79,6	79,6	2.324,20	362	382
LDEC008679	TPQLNHISLK	K	M	%99,70	60,6	60,6	1.150,66	465	474
LDEC008679	SLIIFSGER	K	F	%99,70	58,1	45,6	1.021,57	323	331
LDEC008679	SIINGLGR	K	N	%99,70	51,4	26	942,57	249	257
LDEC008679	QIPGPAIEVCLGDR	R	I	%99,70	51,9	51,9	1.524,78	108	121
LDEC008853	FYSNEEESK	R	S	%99,70	38,5	38,5	1.132,48	100	108
LDEC008853	KQEAPPEEEEEKPK	K	K	%99,70	87	74	1.909,94	63	78
LDEC008853	KQEDPFAAMPK	K	G	%99,70	34	34	1.277,62	79	89
LDEC009104	VINQDDCIAIR	R	Y	%99,70	82,3	82,3	1.316,66	213	223
LDEC009104	FEYTPWSGPLIR	R	V	%99,70	49,9	49,9	1.465,75	93	104
LDEC009104	NINILNCPHHCIYVGK	K	S	%97,40	26,2	26,2	1.951,96	154	169
LDEC009104	TSYPENVVSNVLIEDSTV K VR	K	S	%99,70	81,7	81,7	2.221,13	250	269
LDEC009139	NSWGTTWGEDGYFR	K	I	%99,70	84,6	84,6	1.675,71	238	251
LDEC009139	LLADEDELKK	K	A	%99,70	65,8	41	1.173,64	174	183
LDEC009139	LLADEDELK	K	K	%99,70	49	32,7	1.045,54	174	182
LDEC009139	VKNSWGTTWGEDGYFR	K	I	%99,70	46	46	1.902,88	236	251
LDEC009139	SCWAFSTGSLEGQNAI HNK	R	V	%99,70	85,2	85,2	2.208,01	83	102
LDEC009315	SCGIETLCDTVK	R	N	%99,70	57,2	57,2	1.382,63	71	82
LDEC009315	CYNACGPR	K	N	%99,00	39,8	39,8	997,40	29	36
LDEC009420	GTLYSETCPDGLYWNHI QNYCDDFDNVDCTR	K	G	%99,70	85,1	85,1	3.828,56	56	86
LDEC009420	QVFDVPKHVCVDA	K	-	%99,70	37,3	37,3	1.513,75	129	141
LDEC009420	GIPVTFTCEGKQVFDPV K	R	H	%99,70	64,7	64,7	2.023,02	118	135
LDEC009420	GIPVTFTCEGK	R	Q	%99,70	55,5	55,5	1.208,60	118	128
LDEC009420	FYECVRGIPVTFTCEGK	K	Q	%98,90	31,8	31,8	2.062,97	112	128
LDEC009423	SDGTLPDPHDK	K	T	%99,70	34,4	34,4	1.280,65	179	190
LDEC009423	IVYSVDPNDCK	K	S	%99,70	52,9	52,9	1.309,61	125	135
LDEC009423	CPYDPDKIVYSVDPNDCK	R	S	%99,70	52,5	52,5	2.184,96	118	135
LDEC009423	NHMTCPEDLYWNDILTK	R	C	%99,70	54,5	37,4	2.165,96	82	98
LDEC009452	FGVATSAYQIEGAWNED K GK	K	G	%99,70	84,7	84,7	2.042,95	76	94
LDEC009454	FGIATASYQIEGAWNED K GK	K	G	%99,70	81,5	81,5	2.056,96	39	57
LDEC009454	MHSAMWNIYQTK	K	Y	%97,20	27,1	27,1	1.541,69	229	240
LDEC009454	VGLALSLSYLPK	R	T	%99,70	62,3	62,3	1.388,81	249	261
LDEC009454	LVGQFQIVDK	R	T	%99,70	57,8	46,5	1.146,65	202	211
LDEC009454	VEALDDTVDK	R	K	%99,70	59,5	31,5	1.104,54	341	350
LDEC009454	NGNVACDSYHK	R	Y	%99,70	61,4	61,4	1.264,54	77	87
LDEC009454	GSFDFIGINNYVTIR	K	V	%99,70	66,7	66,7	1.715,88	326	340
LDEC009454	EQGFESR	R	L	%99,00	33,2	33,2	949,44	305	312
LDEC009454	SLDHLGGWYNPK	K	I	%99,70	50,5	50,5	1.386,68	155	166
LDEC009735	LNTAWFQHNER	R	I	%99,70	50,4	50,4	1.415,68	215	225
LDEC009735	GFLDTGAMGNTLGEAL K	K	T	%99,70	82,3	82,3	1.710,84	196	212
LDEC009819	VSLEEFNQVK	R	S	%99,70	45,8	29,6	1.192,62	51	60

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC009819	GSPNDDIYLGQFLQR	K	G	%99,70	58,5	58,5	1.722,84	307	321
LDEC009819	NDFVFTGESYAGK	K	Y	%99,70	68,3	68,3	1.434,65	182	194
LDEC009819	QIFSNEQQGIK	R	Y	%99,70	51,7	38,3	1.404,75	250	261
LDEC009819	SYAAFLTVDK	K	I	%99,70	47	47	1.114,58	61	70
LDEC009819	VGEDLYEALK	K	Q	%99,70	53	53	1.136,58	161	170
LDEC009819	YIQNEQYDK	K	A	%99,70	39,3	39,3	1.200,55	262	270
LDEC010425	GFEHLIGLK	K	Q	%99,70	54	32	1.013,58	85	93
LDEC010425	HKVDYAISK	K	K	%99,70	70,7	56,1	1.060,58	263	271
LDEC010425	IGGNQWVGVEDVTSK	K	H	%99,70	75,2	75,2	1.765,88	247	262
LDEC010425	ILDPWESNQYGP	K	G	%99,70	73,8	73,8	1.675,80	71	84
LDEC010425	LNLGVLTYGQSYTLADE TK	K	T	%99,70	81,3	81,3	2.086,07	180	198
LDEC010425	TNPYDPA	K	G	%99,00	34,7	34,7	933,44	199	206
LDEC010425	VLVSMGGWNEGSGK	K	Y	%99,70	81,5	81,5	1.436,68	101	114
LDEC010871	CEIINVIR	K	D	%99,00	46,5	28,5	1.016,56	95	102
LDEC010871	EQIQLEILK	R	N	%99,70	48,7	28,5	1.241,71	239	248
LDEC010871	QCDAAHSPSYASDK	K	S	%99,70	81,7	81,7	1.578,69	213	226
LDEC010871	SYGQSSYFVSSR	K	E	%99,70	55,3	55,3	1.367,62	227	238
LDEC010875	DTPIPEFDSR	K	E	%99,70	60,8	60,8	1.263,59	27	37
LDEC010875	QSSFSYQSDK	K	S	%99,70	65,2	65,2	1.176,52	135	144
LDEC010881	SYGQKPYVSNQEK	K	Q	%99,70	66,6	54,1	1.690,81	216	229
LDEC010881	SSLSYQSDK	K	S	%99,70	66	51,5	1.014,47	207	215
LDEC010881	QISVSDLLSCSEC	K	T	%96,60	59,1	9,45	4.061,65	132	165
LDEC010881	GCHGGYHIEAWNYWQK	K	N	%99,00	66	46,6	984,61	230	237
LDEC010881	QIQLEILK	K	N	%99,00	66	46,6	984,61	230	237
LDEC010881	NGPVEAAHFVYTD	K	G	%99,70	55,1	55,1	2.248,08	238	256
LDEC010881	YKR	K	G	%99,70	55,1	55,1	2.248,08	238	256
LDEC010881	NGPVEAAHFVYTD	K	R	%99,70	75,3	75,3	2.091,98	238	255
LDEC010881	YK	K	R	%99,70	75,3	75,3	2.091,98	238	255
LDEC010881	ICHS	R	K	%98,30	35,6	0	929,45	123	130
LDEC010881	SDGK	R	K	%98,30	35,6	0	929,45	123	130
LDEC010881	ENWPD	R	V	%99,50	44,2	2,66	1.316,61	90	99
LDEC010881	CNIIR	R	V	%99,50	44,2	2,66	1.316,61	90	99
LDEC010881	GRNECEIEDDIVAGLPK	R	-	%99,70	70,6	70,6	1.914,92	307	323
LDEC010881	GTPYWL	K	G	%99,70	84,1	84,1	2.137,96	282	299
LDEC010881	VANSWNEDW	K	G	%99,70	84,1	84,1	2.137,96	282	299
LDEC010881	GDK	K	G	%99,70	84,1	84,1	2.137,96	282	299
LDEC010881	AYSLAPCEHHTTG	R	D	%99,70	74,8	74,8	2.211,03	172	191
LDEC010881	SIPAC	R	D	%99,70	74,8	74,8	2.211,03	172	191
LDEC010881	PK	R	D	%99,70	74,8	74,8	2.211,03	172	191
LDEC010881	GVYQNYFGQYEGGHAV	R	I	%99,70	82,5	82,5	1.944,90	257	273
LDEC010881	R	R	I	%99,70	82,5	82,5	1.944,90	257	273
LDEC010881	KSSLSYQSDK	K	S	%99,70	76,1	63,3	1.142,57	206	215
LDEC010881	NECEIEDDIVAGLPK	R	-	%99,70	76,5	76,5	1.701,80	309	323
LDEC010984	TDSGGQVSKVDR	R	F	%99,70	65	52,4	1.248,62	89	100
LDEC010984	AVPVGAMLTVTGWGYT	K	I	%99,70	73,6	73,6	2.143,05	141	160
LDEC010984	FNDK	K	I	%99,70	73,6	73,6	2.143,05	141	160
LDEC011310	AVDTIWSIIDGELAR	K	I	%99,70	42,6	42,6	1.658,88	77	91
LDEC011310	EASENTEELR	K	L	%99,70	81,5	63	1.177,53	58	67
LDEC011310	EASENTEELRLK	K	T	%99,70	62,7	43,9	1.418,71	58	69
LDEC011310	VTETFIDGILEETR	K	N	%99,70	85	85	1.622,83	40	53
LDEC011312	FVIINSIAACMTS	R	-	%99,70	62,4	62,4	1.442,70	297	309
LDEC011312	VITCIQNSRDQAK	K	N	%99,70	53,5	37,2	1.532,79	171	183
LDEC011312	CDLSLAQEVLSIVDLSP	K	I	%99,70	81,8	81,8	2.129,12	196	214
LDEC011312	K	K	I	%99,70	81,8	81,8	2.129,12	196	214
LDEC011312	CLVPNWEIFQDQR	K	F	%99,70	67,8	67,8	1.704,82	284	296
LDEC011312	DNVINDLR	K	G	%99,00	48,3	48,3	959,48	260	267
LDEC011312	VITCIQNSR	K	D	%99,70	65,2	49,1	1.090,57	171	179
LDEC011312	DNVINDLRGLISK	K	I	%99,70	56,2	43,3	1.456,81	260	272
LDEC011312	DQAKNNVVG	R	S	%99,70	81,8	81,8	1.427,76	180	192
LDEC011312	LVDR	R	S	%99,70	81,8	81,8	1.427,76	180	192
LDEC011312	LDELLNSAISDSIQFQEI	K	V	%99,70	85,1	85,1	3.119,57	52	80
LDEC011312	VSVASNGVDK	K	V	%99,70	85,1	85,1	3.119,57	52	80

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC011312	STKCDLSLAQEVLQSIVD R LSPK		I	%99,70	42,8	42,8	2.431,28	193	214
LDEC011312	SIDKVLLK	K	L	%99,00	47	30,3	915,59	44	51
LDEC011312	GDGNTVKVITCIQNSR	R	D	%99,70	59,4	59,4	1.761,89	164	179
LDEC011312	SELFAAVDK	K	I	%99,70	59,9	43,4	979,51	220	228
LDEC011312	NNVVGLVDR	K	S	%99,70	54,5	42,3	985,54	184	192
LDEC011312	IKSELFAAVDK	K	I	%99,70	87,1	69,4	1.220,69	218	228
LDEC011312	NIDAVISNNKDNVINDLR	K	G	%99,70	89,2	74,8	2.027,05	250	267
LDEC011312	NIDAVISNNK	K	D	%99,70	61,3	47	1.087,57	250	259
LDEC011312	IQECDSNWAEEIK	K	C	%99,70	92	74	1.678,74	229	242
LDEC011312	IQECDSNWAEEIKCGA DIIK	K	N	%99,70	60,8	60,8	2.436,12	229	249
LDEC011312	VLDLVNSR	K	L	%99,00	56,3	31,6	915,53	81	88
LDEC011312	ELLNGEK	K	S	%99,00	46,6	18,9	915,51	36	43
LDEC011312	VLDLVNSRLDK	K	I	%99,70	40,4	21,8	1.271,73	81	91
LDEC011312	SELFAAVDKIQECDSN WAEEIK	K	C	%99,70	83,1	83,1	2.653,25	220	242
LDEC011312	VLLKLDLLNSAISDSIQ FQGEIVSVASNGVDK	K	V	%99,70	42	42	3.572,91	48	80
LDEC011313	SLDLLNSRLDK	K	I	%99,10	36,3	17,5	1.273,71	92	102
LDEC011313	SLDLLNSR	K	L	%99,00	52,9	32,1	918,49	92	99
LDEC011313	GPFVDFLK	K	W	%99,00	44,2	33,3	922,50	39	46
LDEC011313	VAKDFVPK	K	C	%99,00	47	35,8	903,53	217	224
LDEC011313	FQKDIVVFAGK	K	A	%99,60	32,2	32,2	1.251,71	77	87
LDEC011313	EVECALDVAGNVIK	K	V	%99,70	85	66	1.530,78	180	193
LDEC011313	EVALVFIDTITK	K	C	%99,70	64,8	64,8	1.348,77	127	138
LDEC011313	IVETIKDAVK	K	V	%99,70	55,8	38,4	1.115,67	207	216
LDEC011313	VISDNVHADILLK	K	I	%99,70	89,2	78,8	1.436,81	194	206
LDEC011313	VFAAANEIQKCSGEK	K	E	%99,70	51,6	51,6	1.651,81	165	179
LDEC011313	VFAAANEIQK	K	C	%99,70	65,1	50,4	1.090,59	165	174
LDEC011313	AGGDQNTAKVINCIEAS R	K	S	%99,70	77,8	77,8	1.903,93	105	122
LDEC011313	SQSKEVALVFIDTITK	R	C	%99,70	65,9	65,9	1.778,99	123	138
LDEC011313	EKVFAAANEIQK	K	C	%99,70	66,9	49,2	1.347,73	163	174
LDEC011313	VINCIEASR	K	S	%99,70	55,8	55,8	1.061,54	114	122
LDEC011313	DLSGLEININDIKEK	K	V	%99,70	90,7	69,6	1.700,91	150	164
LDEC011313	AGGDQNTAK	K	V	%99,70	76,5	52,4	861,41	105	113
LDEC011313	DLSGLEININDIK	K	E	%99,70	81,2	52,6	1.443,77	150	162
LDEC011313	CDLSLANQVLK	K	D	%99,70	73	53,1	1.274,68	139	149
LDEC011313	CSGEKEVECALDVAGN VIK	K	V	%99,70	87,2	74,4	2.077,99	175	193
LDEC011313	DIVVFAGKALDK	K	S	%99,70	56,8	43,7	1.275,73	80	91
LDEC011313	DIVVFAGK	K	A	%99,00	45	31,8	848,49	80	87
LDEC011313	CVTPNLAQHVVQGYEV LNSVSACIVS	K	-	%99,70	50,1	50,1	2.873,39	225	250
LDEC011313	ALDKSLDLLNSR	K	L	%99,70	63,1	63,1	1.344,75	88	99
LDEC011381	FYMDDFISFDYTNK	R	N	%99,70	49,8	49,8	1.821,77	546	559
LDEC011381	TLPFEVLHAGGVK	K	H	%99,70	56,3	56,3	1.367,77	267	279
LDEC011381	YQHIPvFYR	R	L	%99,70	52,6	41,9	1.222,64	417	425
LDEC011381	VDEGWSVHAGGK	R	E	%99,70	67	67	1.241,59	480	491
LDEC011381	EPFLFSEEVQNVIR	R	N	%99,70	75,1	52,7	1.706,87	397	410
LDEC011381	ESEAFTFGVEFDGSER	K	L	%99,70	71,1	71,1	1.806,78	27	42
LDEC011381	EVNAEINIATSPYYR	K	A	%99,70	79,4	79,4	1.902,92	492	507
LDEC011381	FYMDDFISFDYTNKNEYI R YFSMR	R	A	%99,70	48,9	48,9	3.041,30	546	568
LDEC011381	HGDIHNIYGFQMQR	K	A	%99,70	35,7	35,7	1.704,79	280	293
LDEC011381	LYGLFHHAYQLALK	R	E	%99,20	29,4	29,4	1.673,92	43	56
LDEC011381	QITALTGK	R	A	%99,00	43,8	25,9	831,49	148	155

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC011381	REPFLFSEEVQNVIR	R	N	%99,70	78,8	78,8	1.862,98	396	410
LDEC011381	TGDPILRPLFYQYTDINE R	R	D	%99,70	52,9	52,9	2.311,17	433	451
LDEC011381	ETMDDSSDPFR	K	F	%99,70	62,3	49	1.315,51	57	67
LDEC011912	IKGTDIIIHENYDYTSFQN R	R	L	%99,70	42,6	42,6	2.952,51	116	140
LDEC011912	DIALIR								
LDEC011912	LASPAPLNDVIK	R	T	%99,70	60,9	60,9	1.237,72	141	152
LDEC011912	TYLNQETTSIGWGLTED K	K	D	%99,70	64,5	64,5	2.746,37	165	188
LDEC011912	KHNPTLK								
LDEC011912	GTCNGDSGGPLLYK	K	S	%99,70	62,3	62,3	1.452,68	235	248
LDEC011912	GTDIHHENYDYTSFQNDI K	K	L	%99,70	69,6	69,6	2.711,33	118	140
LDEC011912	ALIR								
LDEC011912	IIGGDEAVPHAFPYQVGL R	R	A	%99,70	73,6	73,6	2.493,33	47	69
LDEC011912	LINNR								
LDEC012345	ISGPISIK	K	S	%99,00	44,3	24,2	814,50	367	374
LDEC012345	IQVSDLFGQALKPAPGA R	R	R	%97,10	26,1	26,1	2.423,37	293	316
LDEC012345	VVAQSVK								
LDEC012345	IEDVVVQADEVDGK	R	I	%99,70	37,6	37,6	1.515,75	192	205
LDEC012813	QNYFHWQR	R	F	%96,00	25,7	25,7	1.275,60	604	612
LDEC012813	FGTNSFDFMADYDRR	R	M	%95,80	26,6	26,6	1.857,79	327	341
LDEC012813	LNHKPFTYK	R	I	%99,70	48,7	48,7	1.147,63	502	510
LDEC012813	LNFLILEHFVHDLK	R	A	%97,70	27,5	27,5	1.737,97	545	558
LDEC012813	LMLPPIYEIKPHYFFNK	R	E	%99,70	48,9	48,9	2.166,15	151	167
LDEC012813	LHEYFFNYGK	K	K	%99,70	50	50	1.317,63	311	320
LDEC012813	HFFGYSYAPVNNYR	R	E	%99,70	53,8	53,8	1.734,80	395	408
LDEC012813	MNDAIDQGFVFDTK	R	G	%99,70	84,4	84,4	1.616,73	342	355
LDEC012813	GEVFSVFYEEHLR	R	Q	%99,70	83,4	71,6	1.611,78	88	100
LDEC012813	LLYHVNQPSTYPEHVEI K	K	S	%99,70	76,7	76,7	2.224,14	35	53
LDEC012813	GK								
LDEC012813	FGTNSFDFMADYDR	R	R	%96,90	26,5	26,5	1.701,69	327	340
LDEC012813	FFVIVYPYEPYHEGK	R	Y	%99,70	45,9	45,9	1.887,93	627	641
LDEC012813	DPMFFQIAK	R	K	%97,30	27,3	27,3	1.112,54	423	431
LDEC012813	DIYDINAPHH	K	-	%99,70	38	38	1.194,55	693	702
LDEC012813	AGENVITR	K	S	%99,00	63,6	41,2	859,46	559	566
LDEC012813	AALEGDGEFK	K	I	%99,70	37,4	37,4	1.036,49	590	599
LDEC012813	GYLYYFAHQQLLAR	R	Y	%99,70	62,8	62,8	1.742,90	251	264
LDEC012813	MWYPLANGQFQEA	K	V	%99,70	33,4	33,4	1.698,79	675	688
LDEC012813	NGETMFLNENR	K	L	%99,70	53,4	53,4	1.341,57	534	544
LDEC012813	TAGFPFDR	R	V	%99,00	54,7	44,2	910,44	661	668
LDEC013287	IDPFTYMPFGLGPR	K	I	%97,70	31	20,3	1.626,80	455	468
LDEC013287	ITYEALLK	K	M	%99,00	32,9	32,9	950,56	366	373
LDEC013324	AANVDVEPYWPLFAK	K	A	%99,70	39,1	39,1	1.776,90	34	49
LDEC013324	ELITNIGSGVGSAPSAGG R	R	K	%99,70	73	73	3.205,63	58	93
LDEC013324	AAAPAAAAAAEPAKE EK								
LDEC013494	TYANLIFGSVPLNK	K	I	%99,70	76,7	76,7	1.536,84	144	157
LDEC013494	IEIFFGDMFK	K	T	%99,70	48,5	33,4	1.262,61	134	143
LDEC013885	EIVGNALLEK	R	E	%99,70	45,6	45,6	1.085,62	108	117
LDEC013885	KDQLPVLIDTK	R	D	%99,70	46,4	30,9	1.269,74	65	75
LDEC013885	LDPTDAQFVHVHTNTA R	R	R	%99,70	51,5	51,5	2.499,28	212	233
LDEC013885	FLGFR								
LDEC013885	VLITDHGLNINK	K	I	%99,70	69,1	69,1	1.336,76	155	166
LDEC013885	SYELYAESIVNGGSAER R	R	C	%99,20	32,5	32,5	1.991,93	265	282
LDEC013889	DTLFIHGWK	K	N	%99,70	46,4	34,5	1.229,67	62	71
LDEC013889	KDTLFIHGWK	K	N	%99,70	47,4	47,4	1.357,76	61	71
LDEC013919	SPQIDQGYDISDYR	K	N	%99,70	82,7	82,7	1.656,75	85	98
LDEC013919	SFMDNSNGDGIGDIQGHIS R	R	L	%99,70	72,2	72,2	1.969,92	47	65
LDEC013919	K								

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC013929	HYSGLLEAVIR	R	N	%99,50	30,3	30,3	1.273,65	21	31
LDEC013929	ELDVEHPAAK	R	L	%99,70	31,3	31,3	1.108,56	75	84
LDEC014063	MNKNFHDPEISDHLEHE FVHK	R	Q	%99,70	39	39	2.619,20	167	187
LDEC014063	NFHDPEISDHLEHEFVHK K		Q	%99,70	53,3	53,3	2.230,03	170	187
LDEC014063	IALEANSIHGEATR	R	M	%99,70	83,7	83,7	1.481,77	153	166
LDEC014063	SLSDDKWEEGIELIK	R	Y	%99,70	85,8	72,7	1.761,89	93	107
LDEC014063	RGGQMN FATVSEELLEE K NELER	K	S	%99,70	66,8	66,8	2.551,21	112	133
LDEC014063	RIALEANSIHGEATR	K	M	%99,70	60,4	60,4	1.637,87	152	166
LDEC014063	FTNHHFIR	K	S	%99,00	41,2	26	1.071,55	59	66
LDEC014063	YGAIDVVQPALQK	K	F	%99,70	81,2	81,2	1.401,77	46	58
LDEC014063	NFHDPEISDHLEHEFVHK K QR	K	D	%99,70	60	60	2.514,19	170	189
LDEC014064	AQVEDELK	R	A	%99,00	38,8	25	931,47	47	54
LDEC014064	DALKLEASVTR	K	K	%99,70	58,6	58,6	1.202,67	132	142
LDEC014064	DTVNRPGFAEIFFK	K	S	%99,70	54,8	40,3	1.640,84	69	82
LDEC014064	ELDIPKDWIDMEK	K	A	%99,70	60	60	1.647,79	27	39
LDEC014064	NLMPSQTTWTNGVSAL K	R	D	%99,70	92,9	68,5	1.863,93	115	131
LDEC014064	SFNDYHLVDYLSGDFLG K EQYQGQR	K	D	%99,70	42,8	42,8	2.851,30	156	179
LDEC014064	NLMPSQTTWTNGVSAL K DALK	R	L	%99,70	76,4	76,4	2.291,17	115	135
LDEC014277	NAFGTSMTK	K	N	%99,70	46,8	46,8	972,45	542	550
LDEC014277	MGPVQTL YLPAPLLQSG K	R	N	%99,70	64,1	64,1	1.929,05	671	688
LDEC014277	LDINNGNGQSYGYIVYR	K	K	%99,70	79,8	79,8	1.945,94	483	499
LDEC014277	TNLDIPANGILEIEGR	K	V	%99,70	65,1	54,2	1.724,92	501	516
LDEC014277	AAGLNTVET YIPWNLHE PR	R	S	%99,70	54,2	54,2	2.181,11	82	100
LDEC014460	DGYCTNAVMGDLVFQD R HVHLTR	R	I	%99,70	57,3	38,9	2.564,17	32	53
LDEC014460	EGGLGHSFVTLEFHSTK	K	N	%99,70	57,6	57,6	1.845,91	92	108
LDEC014460	NHGLEYSVQVFGN	K	-	%99,70	81,4	81,4	1.463,69	109	121
LDEC014461	NHGLEYNVQVFGN	K	F	%99,70	71,2	71,2	1.532,76	107	119
LDEC014461	LGDLVFEDHVHLTR	R	I	%99,70	60,1	60,1	1.650,86	38	51
LDEC014461	TYVTLEFHSSK	R	N	%99,70	46,7	46,7	1.311,66	96	106
LDEC014462	NHGLEYNK	K	V	%99,70	38,7	38,7	1.087,55	119	127
LDEC014462	EGGVNHSYVTLEFHSTK	K	N	%99,70	82,4	82,4	1.904,91	102	118
LDEC014768	GANWYGGPQR	K	R	%99,70	40,3	40,3	1.105,52	110	119
LDEC014768	ETHLDAINNYLGKPTGH PNTK	K	M	%99,70	38,1	38,1	2.320,17	209	229
LDEC014768	LIGTLGVGK	K	D	%99,70	41,3	28,9	857,55	52	60
LDEC014768	DIESTVLEFAK	R	D	%99,70	56,6	56,6	1.338,68	245	256
LDEC014768	CYGAQEFTPKD	K	F	%96,40	25,7	25,7	1.315,56	277	287
LDEC014768	ADNYNLIHKPIDGSLK	K	I	%99,70	62,6	62,6	1.773,97	75	90
LDEC014768	ITLYYDVVFR	R	S	%99,70	70,6	70,6	1.288,69	195	204
LDEC014768	NHGYENGQLEIDDNWE K	R	C	%99,70	70,2	70,2	2.060,89	260	276
LDEC014768	SDNFGVAER	R	Y	%99,70	33	33	994,46	142	150
LDEC014768	TQDLPIFVR	R	M	%99,70	38,6	38,6	1.088,61	429	437
LDEC014768	FDAGETDYSPPAVYK	K	N	%99,70	84,1	84,1	1.787,81	380	395
LDEC014768	FGDLVEVR	R	S	%99,00	30,3	30,3	934,50	417	424
LDEC014788	ELLEGCLFR	K	F	%99,70	55,7	55,7	1.136,58	207	215
LDEC014788	VGPEEHDMFDIAMP GSG K VGYYTEGCTTQWNSDV SNWGDQYGGVR	K	D	%98,10	43,9	0	4.902,03	153	196
LDEC014788	GASNPDVYFQQVECPK	K	E	%99,70	78,7	78,7	1.838,84	221	236

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC014788	DEAGCYKLPK	R	E	%99,20	36	36	1.180,57	197	206
LDEC014788	IIEGGIHGPATTTTR	K	Y	%99,70	69,4	69,4	1.422,77	33	46
LDEC014789	FRFEFMENVSNPQVQFQ R QVVC PK	R	K	%99,70	77,3	77,3	2.874,37	204	226
LDEC014789	DMHAVNTCD SK	R	G	%99,70	55	55	1.277,53	57	67
LDEC014789	FEFMENVSNPQVQFQQV R VCPK	R	K	%99,70	82,6	82,6	2.571,20	206	226
LDEC014789	YWDCCKPSCAWVENIK	R	T	%99,70	66,8	66,8	2.115,91	39	54
LDEC014789	SGWGTTTR	R	Y	%99,00	45,3	45,3	865,42	31	38
LDEC014789	GINVLKPSVK	K	S	%99,70	51,3	39,6	1.054,66	68	77
LDEC014789	KLVEITGCNL	K	-	%99,70	59,1	59,1	1.146,62	227	236
LDEC014791	YGGVTSIEECDEL PDVL QEGCR	R	F	%99,70	83,2	39,8	2.526,11	186	207
LDEC014791	FTFMEGVSNPAVSFYQV R K	R	C	%99,70	80,7	80,7	2.066,99	210	227
LDEC014791	SPDIIPIDGGVKGDGVTT R R	R	Y	%99,70	55,3	55,3	1.897,00	21	39
LDEC014791	SPDIIPIDGGVK	R	G	%99,70	54,5	54,5	1.210,67	21	32
LDEC014791	NGIPIQTCQK	K	D	%99,70	35,2	35,2	1.158,59	58	67
LDEC015194	DPISFYLN R	R	-	%99,70	55,1	55,1	1.237,66	368	377
LDEC015194	IRDPIFSIYLN R	K	-	%99,70	52,3	52,3	1.506,84	366	377
LDEC015194	NDDYEPFFYAMY R	K	Q	%99,70	73,7	73,7	1.730,72	350	362
LDEC015194	VPTPGCENHNLYDHGR	K	S	%99,70	74	74	1.865,83	269	284
LDEC015194	SDGIFGLGIK	K	N	%99,70	53,6	39,1	1.006,56	340	349
LDEC015194	TNDSIALY R	R	Y	%99,70	60,9	47,1	1.052,54	74	82
LDEC016298	KTGAAPEEEEE D	K	-	%99,70	41,9	41,9	1.246,54	146	157
LDEC016298	MKLDYVLGLK	R	I	%99,70	55,2	35,9	1.195,68	57	66
LDEC016298	QVVNIPSFLVR	K	L	%99,70	34,6	34,6	1.271,75	105	115
LDEC016298	VGVLDEN R	R	M	%99,00	53,6	53,6	901,47	49	56
LDEC016760	DTLTNDIALIK	R	L	%99,70	58	37,9	1.216,68	97	107
LDEC016760	IIDIAAGR	K	D	%99,00	36,1	20,9	828,49	120	127
LDEC016932	VCSISDNGVTK	K	E	%99,70	63,2	45,6	1.179,57	41	51
LDEC016932	SGPLWKPA MK	R	Q	%96,30	34,2	15,5	1.130,60	355	364
LDEC016932	ILQTSEGNK	K	G	%99,40	39,3	26,7	989,53	230	238
LDEC016932	FIYPGMATSV R	K	G	%98,80	28,2	28,2	1.257,63	76	86
LDEC016932	GDYGNFDEC VK	R	I	%99,70	51	51	1.303,53	87	97
LDEC017049	GGYYTVLAQK	K	G	%99,70	52,8	41,8	1.099,58	283	292
LDEC017049	FSNTVAAQFYGHTHR	R	D	%99,70	83,5	83,5	1.735,83	365	379
LDEC017049	ICALILQSIGCEK	K	G	%99,70	32,8	32,8	1.504,79	81	93
LDEC017049	SEAMNVGWNGGSLMPD K EANPNYK	K	L	%99,70	54,6	54,6	2.513,07	390	412
LDEC017049	VWDTSVESNKK	R	I	%99,70	54,5	54,5	1.292,65	204	214
LDEC017049	AENNEEIVHILAH IPTK	K	S	%99,70	45,3	45,3	1.928,02	332	348
LDEC017049	EAYGMDGLLPANLDEL VR	K	N	%99,70	78,9	78,9	1.991,97	452	469
LDEC017108	VMPAVVIR	K	Q	%96,30	25,4	25,4	900,53	76	83
LDEC017108	GSAITGPVAK	K	E	%99,70	50,5	38,8	900,52	114	123
LDEC017108	ISLALPVGAVINCADNTG R AK	R	N	%99,70	59,2	47,5	1.984,05	16	35
LDEC017108	LPAAACGDMFVATVK	R	K	%99,70	45,3	45,3	1.566,77	52	66
LDEC017562	IIPGNYGLK	K	D	%98,90	35,2	17,9	974,57	170	178
LDEC017562	AAIAQSGSNIVPWAYQR	R	S	%99,70	84,4	84,4	1.831,94	228	244
LDEC017562	IGAALGKPLNEDTSDK	K	L	%99,70	63,1	63,1	1.743,88	253	269
LDEC017562	IGAALGKPLNEDTSDK LLAFLR	K	T	%99,70	78,2	78,2	2.457,34	253	275
LDEC017562	VGAFGFLATGDK	R	I	%99,70	61,8	61,8	1.182,62	158	169
LDEC017562	YFGGDPEK	K	V	%99,00	35,5	35,5	912,41	193	200
LDEC017660	YWMTFNEPK	K	Q	%99,70	32,4	32,4	1.231,55	188	196

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC017660	TFTHGGDNGDITSDSYH K	K	Y	%99,70	71,2	71,2	1.951,84	70	87
LDEC017660	GASDWLTVTPWGSR	K	K	%99,70	60,8	60,8	1.532,75	371	384
LDEC017660	IIITENGYSDFDGLDDDD KR	R	I	%99,70	81,6	81,6	2.287,07	399	418
LDEC017660	LPPFTEKEIAEIK	R	G	%99,50	35,3	24,9	1.514,85	313	325
LDEC017660	DSEVKDWFDDSWEK	K	G	%99,70	47,5	47,5	1.785,76	357	370
LDEC017660	GQVGIVDSNWWEPASD K SAEDKEASETK	K	L	%99,70	77,1	77,1	3.048,41	247	274
LDEC017660	IHYISTYLSSIK	R	D	%99,70	39,7	39,7	1.424,78	419	430
LDEC017660	GTADFLGVNTYSSSLVS HDKEVDK	K	M	%99,70	77,3	77,3	2.569,24	326	349
LDEC017881	LSQDTLTK	K	I	%99,00	45,8	29,1	905,49	275	282
LDEC017881	IKDLIDSGDLNSDTR	K	L	%99,70	49,2	49,2	1.661,83	171	185
LDEC017881	DALTSALNVPIK	K	V	%99,70	68,9	55,1	1.356,74	81	93
LDEC017881	LVLVNAIFYK	R	G	%99,70	70,6	70,6	1.179,71	186	195
LDEC017881	TINSWVEQK	K	T	%96,40	25,6	25,6	1.104,57	158	166
LDEC018229	SITYKTDYAISK	R	N	%99,70	44,9	32,9	1.389,73	353	364
LDEC018229	QEGILGYNEICELHSDW TYVWDDEQKVPKR	R	I	%99,70	57,1	57,1	3.716,71	310	339
LDEC018229	DGSNPALDRDDYTALM SCLR	R	H	%99,70	56,3	56,3	2.241,01	153	172
LDEC018229	GFEHLVGLK	K	Q	%99,70	59,7	59,7	999,56	83	91
LDEC018229	IIDPWESNEDYGPK	R	G	%99,70	67,3	67,3	1.662,76	69	82
LDEC018229	ISGNQWVGVEDVR	R	S	%99,70	84,3	84,3	1.522,73	340	352
LDEC018229	LASNVLAFVK	R	Q	%99,70	83,4	83,4	1.061,64	126	135
LDEC018229	NLGGMMVWAFDNDFF R	K	G	%99,70	70,2	70,2	1.919,81	365	380
LDEC018229	SFTLADESK	R	T	%99,70	56,8	56,8	997,48	283	291
LDEC018229	SFTLADESKTELYAPIQG GGK	R	E	%99,70	85,1	85,1	2.212,11	283	303
LDEC018229	SFTLADESNTELYAPIK	R	G	%99,70	54	54	1.898,94	212	228
LDEC018229	TELYAPIQGGGK	K	E	%99,70	58,8	45,5	1.233,65	292	303
LDEC018409	YYQCTNGIK	K	E	%99,10	29,3	29,3	1.146,52	274	282
LDEC018409	YYQCENGK	K	K	%99,70	38	38	1.175,48	164	172
LDEC018409	NGQQQLLDCPVGLHWS K	K	I	%99,70	48,5	48,5	1.979,98	111	127
LDEC018409	QIMYPADCSK	K	Y	%99,70	39,6	39,6	1.228,53	264	273
LDEC018409	QIVYPADCSK	K	Y	%99,70	40,1	40,1	1.180,57	154	163
LDEC018409	YYQCENGK	K	E	%99,50	30,4	30,4	1.174,52	359	367
LDEC018465	QILVSAEDLLSCCGIEK	K	C	%99,70	83,3	83,3	1.934,96	141	157
LDEC018465	VPYWLNVNSWNEHWG DK	K	G	%99,70	73,5	73,5	2.129,02	273	289
LDEC018465	AYSLKPCDHHIK	K	G	%99,70	32,5	32,5	1.468,74	194	205
LDEC018465	DDTEIPESFDAR	K	K	%99,70	48,3	48,3	1.394,61	87	98
LDEC018465	IIGWGVEEK	K	V	%99,70	37,4	37,4	1.030,56	264	272
LDEC018465	YHDEKDDTEIPESFDAR	R	K	%99,70	33,5	33,5	2.066,89	82	98
LDEC018561	QITMNDLPVGR	R	S	%99,70	39,6	39,6	1.259,64	185	195
LDEC018561	SAPFWESTAVFQGK	K	F	%99,70	77,1	77,1	1.554,76	56	69
LDEC018561	LVQAFQYTDK	R	H	%99,70	56,3	56,3	1.212,63	203	212
LDEC018561	GLFHDPK	R	G	%99,00	37,1	37,1	902,53	173	180
LDEC018561	DYGVFLDDLGHTR	K	G	%99,70	55	55	1.620,80	159	172
LDEC018727	YMEAISLAADILK	K	I	%99,70	58,7	58,7	1.453,76	220	232
LDEC018727	IDYIIATTGQDR	K	I	%99,70	64,9	64,9	1.365,70	156	167
LDEC018935	FDLTGIPAPR	K	G	%99,70	43	43	1.183,65	482	492
LDEC018935	ALSASHQVR	R	I	%99,70	60,9	48,1	968,53	298	306
LDEC018935	SQIFSTASDNQHTVTIQV YEGERPMTK	K	D	%98,80	56,9	-15,9	3.084,46	448	474

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC018935	ELEDVVQPIIAK	K	L	%99,70	34,3	34,3	1.353,76	622	633
LDEC018935	FEELNMDLFR	K	S	%98,20	33,2	17,1	1.329,61	327	336
LDEC018935	NQKPHIQVETSQGNK	K	V	%99,70	56,9	56,9	1.707,88	124	138
LDEC018935	ITPSYVAFTADGER	R	L	%99,70	57,2	57,2	1.526,75	62	75
LDEC018935	IVITNDQNR	K	L	%98,70	28	28	1.072,57	524	532
LDEC018935	NELESYAYSLK	R	N	%99,70	37,7	37,7	1.316,64	563	573
LDEC018935	VEIANDQGNR	R	I	%99,70	63,2	43,2	1.228,63	51	61
LDEC018935	TKMEEAIDEK	K	I	%99,30	41,3	25,1	1.209,57	592	601
LDEC018935	DFTDSTVQHDLK	R	L	%99,70	48,8	48,8	1.405,66	103	114
LDEC018941	NCELVGLPDLQSK	R	D	%99,70	78,1	78,1	1.587,77	166	179
LDEC018941	SGNEGELADMIR	R	R	%99,70	84,1	84,1	1.307,59	90	101
LDEC018941	YQPVSYLTTTR	R	S	%99,70	39,4	39,4	1.340,72	79	89
LDEC018941	GFVAFTVSGDINTTIK	K	T	%99,70	76,9	76,9	1.669,88	419	434
LDEC018941	SVNVDSGSYASVSLSSN	K	-	%99,70	74,3	74,3	3.196,53	459	489
	GDDFVLAIHEESKL								
LDEC018941	SAIVHLFEWK	R	W	%99,70	61,8	61,8	1.229,67	30	39
LDEC018941	AAIAYMLAHPLYTTTR	K	I	%99,70	75,2	75,2	1.707,89	326	340
LDEC018941	GFAGVQISPPSENAVIGD	K	Y	%99,70	50,3	50,3	2.668,33	55	78
	RPWWER								
LDEC018941	KEYIGFGTVLEFK	K	F	%99,70	71,1	71,1	1.530,82	253	265
LDEC018941	FGVELGNAFQGHNALH	K	N	%99,70	73	73	2.138,09	266	284
	WLK								
LDEC018941	HMWPADLAAIYGMAK	K	N	%99,70	56,4	56,4	1.706,80	208	222
LDEC018941	EYIGFGTVLEFK	K	F	%99,70	70,7	56,1	1.402,73	254	265
LDEC018941	IYVDLLMNDMAAQGGS	R	Y	%99,70	84,8	84,8	2.848,24	110	137
	GTAGSTCDPGSK								
LDEC018941	IMSSFDFNAHDQGPSSN	R	W	%99,40	34,5	34,5	4.495,92	341	381
	GNIISPGFNGDGTCTNG								
	WVCEHR								
LDEC018941	NVCQGTGLNDWWDNN	R	G	%99,70	83,6	83,6	2.724,19	393	415
	DNQIAFSR								
LDEC018941	WHQITNMVK	R	F	%99,70	43,9	43,9	1.172,59	382	390
LDEC018941	YFPAVPYNSDDFHPTCT	K	N	%99,70	83,6	83,6	3.261,43	138	165
	VNNYNDAANVR								
LDEC018941	TGLPAGTYCDVISGDR	K	E	%99,70	83,8	83,8	1.681,79	435	450
LDEC018941	TGLPAGTYCDVISGDRE	K	S	%99,70	66,6	66,6	2.516,10	435	458
	NGSCTGK								
LDEC018941	WADIANECENFLGPK	K	G	%99,70	76,8	76,8	1.763,81	40	54
LDEC018941	NLNTDHGFAEGSRPFFF	K	E	%99,50	32,2	32,2	3.423,70	223	253
	QEVIDLGGEAISKK								
LDEC019539	AWLFNCSPGTYFNPEMS	R	A	%99,70	72,3	38,7	3.332,35	69	96
	ECEFGVNCGR								
LDEC019539	ELCASFYECSSGR	K	A	%99,70	57,5	57,5	1.535,63	56	68
LDEC019971	VDLLPYGNSR	K	-	%99,70	51,3	51,3	1.133,60	54	63
LDEC019971	NQLGPAYYQIGDK	K	I	%99,70	55,9	55,9	1.466,73	39	51
LDEC019971	IKVDLLPYGNSR	K	-	%99,70	45	45	1.374,77	52	63
LDEC019972	NLHDITEYLLDDSR	K	C	%99,70	72	72	1.703,82	124	137
LDEC019972	EPLQNIALK	K	N	%99,70	68,5	41,9	1.025,60	115	123
LDEC020078	INLQGMaignGLSDPEN	K	Y	%99,70	84,5	84,5	2.190,06	375	394
	QFR								
LDEC020078	YVPALGYAIHHR	K	N	%99,70	75,8	75,8	1.396,75	356	367
LDEC020078	FSAHEEYK	K	K	%99,00	37,5	37,5	1.010,46	546	553
LDEC020078	FSAHEEYKK	K	A	%99,70	40,3	40,3	1.138,55	546	554
LDEC020078	HSVLYIDNPAGTGFSFTN	R	N	%99,70	84,5	84,5	2.444,16	295	317
	GGYAR								
LDEC020078	LAAEVHLEDLK	R	N	%99,70	73,3	73,3	1.237,68	208	218
LDEC020078	NAGHLVPADQPK	R	W	%99,70	62,1	62,1	1.246,65	583	594
LDEC020078	NAMHSLEHHCSEAIR	R	K	%99,70	78	78	1.807,80	411	425
LDEC020078	NDFFTGESYGGK	K	Y	%99,70	61,8	61,8	1.420,64	343	355

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC020078	VDQDLAGYVK	K	S	%99,70	72,9	62,9	1.107,57	562	571
LDEC020078	VGNDLFETLQQFFTLFPE IQK	K	N	%97,50	27,3	27,3	2.514,29	322	342
LDEC020078	VYENLELDIVK	K	S	%99,70	57,4	57,4	1.334,72	496	506
LDEC020078	YADYLQQIGLIDRR	R	T	%99,70	61,9	41,8	1.723,91	395	408
LDEC020078	YADYLQQIGLIDR	R	R	%99,70	78,2	78,2	1.567,81	395	407
LDEC020286	MLVQITNTGSPLAVNQF DIELPGGGVGIYPHGCM K	K	Q	%99,70	36,8	36,8	3.745,84	158	192
LDEC020286	FQFMEGVSNPPVTFQQV QCPR	R	E	%99,70	40,2	40,2	2.512,17	229	249
LDEC020299	VVIGLFGK	R	T	%99,00	37,7	37,7	832,53	67	74
LDEC020299	ELAEKPVGEGYK	K	G	%99,70	50,4	39	1.319,68	85	96
LDEC020877	VQLSQGMLQDLTTMER	K	G	%99,70	73,6	73,6	1.881,90	116	131
LDEC020877	DHNFDQSPLPDVSFK	R	I	%99,70	90,4	74,4	1.735,79	96	110
LDEC020878	INILSFDK	K	G	%99,70	39,7	39,7	1.209,69	78	87
LDEC020878	NSGSISIR	R	F	%99,00	55,2	30,1	833,45	100	107
LDEC020878	FTYDYNTHVFPLSISGGV EGQNDVK	K	I	%99,70	72,6	72,6	2.900,41	52	77
LDEC020878	DSLDSIVDFVNK	K	A	%99,70	76,8	76,8	1.351,67	143	154
LDEC020878	AHLDDFDIR	K	N	%99,70	53,3	53,3	1.101,53	91	99
LDEC020878	RSLELQVPVK	R	F	%99,70	38	26,1	1.168,70	37	46
LDEC020878	SLELQVPVKFDALK	R	F	%99,70	70	58,3	1.586,92	38	51
LDEC020878	SLELQVPVK	R	F	%99,70	46,3	25	1.012,60	38	46
LDEC021171	LGLDTLYEGTTDVTGDE K YNVEGVENGPGAFR	K	C	%99,70	36,3	36,3	3.288,52	113	143
LDEC021171	KLGLDTLYEGTTDVTGD K EYNVEGVENGPGAFR	K	C	%99,70	51	51	3.416,61	112	143
LDEC021171	RFPGYDNETK	K	N	%99,70	45	24,6	1.226,58	179	188
LDEC021171	SLEEDPEAFKR	R	Q	%99,70	65,7	65,7	1.449,69	210	221
LDEC021171	GAVDGGGLNIPHSTK	K	R	%99,70	83,9	69,8	1.365,71	165	178
LDEC021542	YMDSCVACP	R	V	%99,70	68,6	68,6	1.246,49	344	353
LDEC021542	ANPDGVPIGATFFVPHE YTNK	R	M	%99,70	73,3	73,3	2.437,18	84	105
LDEC021542	ASVCSDDLECTDQCR	K	C	%99,70	84,9	84,9	1.702,61	46	59
LDEC021542	CTLDKDGETR	R	Y	%99,70	67,2	48,8	1.208,56	334	343
LDEC021542	DVFLVSQK	K	Q	%95,70	32,9	16,2	935,52	296	303
LDEC021542	KDVFLVSQK	K	Q	%99,70	59,3	41,7	1.063,61	295	303
LDEC021542	VYPWLGPNPDGDKK	K	-	%99,70	60,3	60,3	1.488,75	354	366
LDEC021542	TESPSNSASCHPVR	K	C	%99,70	87,4	70,7	1.528,68	320	333
LDEC021542	FANIPTENIIGVR	K	T	%99,70	63,6	63,6	1.443,80	143	155
LDEC021542	QVLDWMKNPVTLSEFK	K	T	%99,70	82,1	82,1	1.951,00	304	319
LDEC021542	NPVTLSEFK	K	T	%99,70	64,7	64,7	1.034,55	311	319
LDEC021796	DQLAPAYYK	R	I	%99,70	40,6	40,6	1.068,54	39	47
LDEC021796	IDWDQIENCYQSK	K	K	%99,70	80,3	80,3	1.698,74	118	130
LDEC021796	LIFICQHGESECYANR	K	I	%99,70	84,2	84,2	1.996,90	61	76
LDEC021796	QCAIDHKIDWDQIENCY QSK	K	K	%99,70	71	71	2.551,13	111	130
LDEC021798	IKLELLPSGNSDVLVD GK	K	Y	%99,70	80,4	68,6	2.012,09	52	70
LDEC021798	LELLPSGNSDVLVDGK	K	Y	%99,70	89,4	74,6	1.770,91	54	70
LDEC021798	GEPECYGNR	R	V	%99,70	33,8	33,8	1.081,44	78	86
LDEC021798	IDWDQIENCLHSGK	K	A	%99,70	43,1	43,1	1.714,79	128	141
LDEC022220	SFYINLYQR	K	K	%99,70	34,8	34,8	1.203,62	316	324
LDEC022220	YNSFLSEEYSPNDIHVYS TDVDR	R	T	%99,70	72,3	72,3	2.750,22	83	105
LDEC022220	IKDDIITR	R	K	%99,00	56,7	20,5	973,57	143	150
LDEC022220	IMKPISINIHDWEK	R	E	%99,50	32,3	32,3	1.739,92	350	363

Protein İsmi	Peptit Sekansı	Önceki A.asit	Sonraki A.asit	En İyi Peptit Belirleme Yüzdesi	En İyi Mascot İyon Skoru	En İyi Mascot Delta İyon Skoru	Hesap Edilen +1H Peptit Kütlesi (AMU)	Peptit Başlangıç İndeksi	Peptit Durma İndeksi
LDEC022220	KSEDDLVLQLR	R	I	%99,70	77,7	65,7	1.202,64	325	334
LDEC022220	NDQIWNQNLLWRPIPIH TSPR	K	I	%99,70	52	52	2.598,37	122	142
LDEC022220	YWPMGFGQLTEYGIDR	R	Q	%99,70	58,3	58,3	1.948,89	56	71
LDEC022220	VKESDFFK	K	A	%99,00	48,3	48,3	999,51	164	171
LDEC022220	SRYNFLSEEYSPNDIHV YSTDVDR	R	T	%99,70	48	48	2.993,35	81	105
LDEC024072	FQFMENVDPDVSFIEV QCPAELK	R	A	%99,70	50	50	2.872,32	211	234

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Emre CANER
Doğum Yeri : Ankara
Doğum Yılı : 1983
Medeni Hali : Bekar
Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu

Lise: Afyon Anadolu Öğretmen Lisesi (2001)
Lisans: Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü (Eylül 2010-Haziran 2014)
Yüksek Lisans: Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Anabilim Dalı (Eylül 2014-Ocak 2017)

Çalıştığı Projeler ve Aldığı Görevler

Pamuk Yaprak Kurdu, *Spodoptera littoralis* (Lepidoptera: Noctuidae) ile tarımsal savaşta potansiyel hedef mide genlerinin belirlenmesi.

5. Entomopatojenler ve Mikrobiyal Kontrol Kongresi Düzenleme Kurulu Üyesi ve Öğrenci Konuşmacı.

Uluslararası Kongreler

Toprak, U., Gürkan, M.O., Özdemir, E., Gömeç, S., **Caner, E.** 2015. Efficacy of different formulations of *Spodoptera littoralis* NPV with synergistics targeting midgut defense under greenhouse conditions. 5. Entomopatojenler ve Mikrobiyal Kontrol Kongresi (EMC-5), 9-11 Eylül, Ankara Üniversitesi, Book of Abstracts, 22. Ankara, Türkiye.

Gömeç, S., Özdemir, E., **Caner, E.**, Hegedus, D., Toprak, U. 2015. Modeling midgut defense in response to pathogens in *spodoptera littoralis* (lepidoptera: noctuidae). 5. Entomopatojenler ve Mikrobiyal Kontrol Kongresi (EMC-5), 9-11 Eylül, Ankara Üniversitesi, Book of Abstracts, 52. Ankara, Türkiye.

Özdemir, E., Toprak, U., Bekkaoui, D., Hegedus, D., Gömeç, S., **Caner, E.**, Canlı, H. 2015. Insect intestinal mucins in *Spodoptera littoralis*: Sacrifices of baculoviral infections. 5. Entomopatojenler ve Mikrobiyal Kontrol Kongresi (EMC-5), 9-11 Eylül, Ankara Üniversitesi, Book of Abstracts, 53. Ankara, Türkiye.