

T.C.
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

KARADENİZ BÖLGESİ'NDEKİ BAZI AKARSULARDA YAŞAYAN
BARBUS TAURICUS KESSLER, 1877 TÜRÜNÜN MORFOMETRİK VE
GENETİK YAPISININ BELİRLENMESİ

Melek ÖZPİÇAK

Biyoloji Anabilim Dalı

SAMSUN

2017

Her hakkı saklıdır.

TEZ ONAYI

Melek ÖZPİÇAK tarafından hazırlanan “KARADENİZ BÖLGESİ’NDEKİ BAZI AKARSULARDA YAŞAYAN *BARBUS TAURICUS* KESSLER, 1877 TÜRÜNÜN MORFOMETRİK VE GENETİK YAPISININ BELİRLENMESİ” adlı tez çalışması 03/08/2017 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı’nda **Doktora Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Danışman Prof. Dr. Nazmi POLAT
Biyoloji Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri

Başkan Prof. Dr. Nazmi POLAT
Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Biyoloji Anabilim Dalı

Üye Prof. Dr. Aysun GÜMÜŞ
Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Biyoloji Anabilim Dalı

Üye Prof. Dr. Derya BOSTANCI
Ordu Üniversitesi
Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı

Üye Doç. Dr. Savaş YILMAZ
Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Biyoloji Anabilim Dalı

Üye Doç. Dr. Yılmaz ÇİFTÇİ
Ordu Üniversitesi
Yetiştiricilik ve Balık Hastalıkları Anabilim Dalı

Yukarıdaki sonucu onaylarım..../.../20..

Prof. Dr. Bahtiyar ÖZTÜRK

ETİK BEYAN

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

18/06/2017

Arş. Gör. Melek ÖZPİÇAK

ÖZET

Doktora Tezi

KARADENİZ BÖLGESİ'NDEKİ BAZI AKARSULARDA YAŞAYAN *BARBUS TAURICUS* KESSLER, 1877 TÜRÜNÜN MORFOMETRİK VE GENETİK YAPISININ BELİRLENMESİ

Melek Özpiçak

Ondokuz Mayıs Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Nazmi Polat

Bu tez çalışması, Karadeniz Bölgesi'nde bulunan farklı lokalitelerden örneklenen *Barbus tauricus* türünün morfolometrik ve moleküler yöntemler kullanılarak tür içi varyasyonlarının belirlenmesi amacıyla yürütülmüştür. Çalışmada mtDNA Cyt b ve D-loop ile nDNA'nın RAG 1 gen bölgeleri ve 32 farklı morfolometrik ölçüm değeri kullanılarak *Barbus tauricus* türünde tür içi varyasyonlar belirlenmiştir. Çalışmada boyut farklılıklarının elde edilen verilerde sapmalara sebep olmamaları için veriler standardize edilmiştir. Tür içi varyasyonların belirlenmesi için Ayırım, Kümeleme ve Temel Bileşenler Analizleri gibi çoklu varyans analizleri kullanılmıştır. İstatistiksel analizler, 14 morfolometrik ölçüm değerinin %89.1'lik oranla lokalitelerin birbirlerinden ayırımında kullanılabileceğini ortaya çıkarmıştır ($P < 0.001$). Ancak sadece fenotipe dayalı olarak gerçekleştirilen incelemeler çalışmalarda birtakım karışıklıkların ortaya çıkmasına ve dolayısıyla sistematik çalışmaların çıkmaza girmesine sebep olmaktadır. Bu sebeple tez çalışmasının genetik kısmında Cyt b gen bölgesinin 1141 bp'lik tam dizilimi ile D-loop (599 bp) ve RAG 1 (1477 bp) bölgelerinin kısmi dizilimleri elde edilmiştir. Çalışmada Cyt b, D-loop ve RAG 1 bölgeleri için sırasıyla 11 haplotip, 27 haplotip ve 34 haplotip belirlenmiştir. AMOVA analizi ile elde edilen moleküler veriler *B. tauricus* türünde tür içi varyasyonları bulunduğunu ve varyasyonun %26.61'inin popülasyonlar arasında olduğunu ortaya çıkarmıştır. F_{ST} değerinin sıfırdan anlamlı olarak yüksek bulunması ($F_{ST} = 0.59310$) tüm popülasyon ve lokuslar için hesaplanan F_{ST} değerinin *B. tauricus* popülasyonlarındaki genetik heterojeniteyi doğruladığını desteklemiştir.

Böylelikle tez çalışmasında Cyprinidae familyası içerisinde yer alan ve birincil tatlısu balıklarından birisi olan *Barbus tauricus* türünün morfolometrik ve genetik özelliklerinin birlikte değerlendirilerek farklı lokasyonlar arasındaki tür içi varyasyonları ortaya çıkarılmıştır.

Haziran 2017, 235 sayfa

Anahtar Kelimeler: Karadeniz Bölgesi, Morfolometri, Moleküler, mtDNA, nDNA, *Barbus tauricus*



ABSTRACT

Doctoral Dissertation

DETERMINATION OF MORPHOMETRIC AND GENETIC STRUCTURE
OF *BARBUS TAURICUS* KESSLER, 1877 INHABITING A FEW STREAMS
ALONG THE BLACK SEA REGION

Melek Özpiçak

Ondokuz Mayıs University
Graduate School of Sciences
Department of Biology

Supervisor: Prof. Dr. Nazmi Polat

This doctoral dissertation was carried out in order to determine the intraspecies variation in *Barbus tauricus* populations sampled from different localities in the Black Sea Region by using morphometric and molecular methods. In this study, intra-species variations in the species of *Barbus tauricus* were determined using mtDNA Cyt b, D-loop and RAG 1 gene regions of nDNA and 32 different morphometric measurement values. In order to provide a data set independent from size-specific variations, the morphometric measurements have been standardized. Multivariate analyzes such as Discriminant, Cluster and Principle Component were used to assess intraspecies variations. Statistical analysis revealed that 14 morphometric measurement values can be used in discrimination of localities by 89.1% ($P < 0.001$). However, researches based on only phenotypes lead to some confusion and therefore in systematic studies. Therefore, in the part of the thesis including genetic research, partial sequences of D-loop (599 bp) and RAG 1 (1477 bp) regions, total sequence of 1141 bp of the Cyt b gene region were obtained. In the study, 11 haplotypes, 27 haplotypes and 34 haplotypes were determined for Cyt b, D-loop and RAG 1 regions, respectively. The molecular data obtained by AMOVA revealed that there were intraspecific variations of *B. tauricus* and that 26.61% of the variation were among the populations. The F_{ST} value was significantly higher than zero ($F_{ST} = 0.59310$). The F_{ST} value estimated for all populations and loci confirms genetic heterogeneity in *B. tauricus* populations.

In this thesis, the morphometric and genetic characteristics of *Barbus tauricus*, one of the primary freshwater fishes in the Cyprinidae family were evaluated to reveal species variation among different locations.

June 2017, 235 pages

Keywords: Blacksea Region, Morphometry, Molecular, mtDNA, nDNA, *Barbus tauricus*



ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR

Doktora tez çalışmam süresince bana olan güven ve desteğini daima hissettiren, akademik eğitim hayatım süresince emeğini üzerimden esirgemeyen, çalışmalarımın yönlendirilmesi ve sonuçlandırılmasında büyük emeği geçen, bir baba şevkiyle daima yanıbaşımdaya duran tez danışmanım değerli hocam Prof. Dr. Nazmi POLAT'a sevgi, saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmamın her aşamasında fikirleri ile beni yönlendiren Tez İzleme Komitesi üyeleri Prof. Dr. Derya BOSTANCI ve Doç. Dr. Savaş YILMAZ ile tez çalışmamdan desteklerini esirgemeyen Doç. Dr. Yılmaz ÇİFTÇİ'ye şükranlarımı sunarım.

Çalışmalarım süresince daima desteğini hissettiğim canım kardeşim Arş. Gör. Semra SAYGIN'a ve hem maddi hem manevi yönden beni yalnız bırakmayan aileme teşekkür ederim.

Çalışmalarım esnasında desteğini esirgemeyen ve yanıbaşımdaya dimdik duran sevgili eşim İbrahim ÖZPİÇAK'a çok teşekkür ederim.

Bu tez çalışması, PYO.FEN.1901.13.008 nolu Bilimsel Araştırma Projesi olarak Ondokuz Mayıs Üniversitesi tarafından desteklenmiştir.



İÇİNDEKİLER DİZİNİ

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	iii
ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR	v
İÇİNDEKİLER DİZİNİ	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	ix
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xiii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xvii
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Geleneksel (Morfolojik-Morfometrik) Yöntemler.....	5
1.2. Moleküler Çalışmalarda Yaygın Olarak Tercih Edilen Yöntemlerden Bazıları.....	11
1.2.1. Protein analiz metotları	12
1.2.2. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR).....	14
1.2.3. Kesici enzim parçaları uzunluk polimorfizmi (RFLP).....	16
1.2.4. Dizileme metodu	17
1.2.5. DNA barkodlama	17
1.2.6. mtDNA	18
1.2.7. nDNA	21
1.3. Cyprinidae Familyası Hakkında Genel Bilgi	21
1.4. <i>Barbus</i> Cinsi Hakkında Genel Bilgi	24
1.4.1. <i>Barbus tauricus</i> Kessler, 1877	26
1.5. Cyprinidae Familyası ile İlgili Gerçekleştirilmiş Morfometrik ve Moleküler Çalışmalar	28
1.6. <i>Barbus</i> Cinsi İle İlgili Gerçekleştirilmiş Olan Morfometrik ve Moleküler Çalışmalar	31
2. MATERYAL VE YÖNTEM	35
2.1. Arazi Çalışmaları.....	35
2.2. Laboratuvar Çalışmaları	38
2.2.1. Morfometrik çalışmalar.....	38
2.2.2. Moleküler çalışmalar.....	41
2.2.2.1. Toplam DNA'nın eldesi.....	42
2.2.2.2. mtDNA ve nDNA dizi analizi	42
2.2.2.3. PCR protokolü	43
2.3. Veri Analizleri	45
2.3.1. Morfometrik verilerin analizi.....	45
2.3.2. Genetik verilerin analizi.....	47
2.3.2.1. Dizin hizalama ve filogenetik analizler.....	47
3. BULGULAR	51
3.1. Morfometrik Bulgular	51
3.1.1. Çok değişkenli analiz yöntemleri.....	75
3.2. Genetik Bulgular	82
3.2.1. mtDNA Cyt b gen bölgesi dizi karakterleri, haplotip, nükleotit özellikleri ve filogenetik analizleri.....	83

3.2.2. mtDNA D-loop gen bölgesi dizi karakterleri, haplotip, nükleotit özellikleri ve filogenetik analizleri.....	98
3.2.3. nDNA RAG 1 gen bölgesi dizi karakterleri, haplotip, nükleotit özellikleri ve filogenetik analizleri.....	115
3.2.4. Moleküler varyans analizi (AMOVA)	131
4. TARTIŞMA.....	133
4.1. Morfometrik Verilerin Değerlendirilmesi	133
4.2. Genetik Özelliklerin Değerlendirilmesi.....	139
5. SONUÇ ve ÖNERİLER	145
KAYNAKLAR.....	149
EKLER	177
EK-1. KARASU ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİ GRAFİKLERİ	177
EK-2. KARADERE ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİ GRAFİKLERİ.....	187
EK-3. SOLAKLI ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ	195
EK-4. AKÇAY ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ	203
EK-5. TERME ÇAYI ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ.....	211
EK-6. ENGİZ ÇAYI ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ.....	219
EK-7. DEĞİRMENAĞZI DERESİ ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ.....	227
ÖZGEÇMİŞ	235

SİMGELER VE KISALTMALAR

SİMGELER

%	Yüzde
°C	Santigrat Derece
kb	Kilobaz
cm	Santimetre
cm ²	Santimetrekare
ml	Mililitre
mg	Miligram
mm	Milimetre
g	Gram
p	Önem Düzeyi
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
∞	Sonsuzluk
N	Birey Sayısı
y	Değişken
x	Total Boy
a	Regresyon Denkleminin Kesişim Noktası
b	Boy-ağırlık ilişkisi Denkleminin Regresyon Katsayısı
r ²	Regresyon Katsayısı
F _{ST}	Populasyonlararası genetik farklılık değeri
V _a	Gruplar arası varyans bileşeni
V _b	Populasyonlar arası (gruplar içi) varyans bileşeni
V _c	Populasyonlar içi varyans bileşeni

KISALTMALAR

AMOVA	Moleküler Varyans Analizi
bç	Baz çifti
mtDNA	Mitokondriyal DNA
nDNA	Nüklear DNA
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RFLP	Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi
tRNA	Taşıyıcı RNA
rRNA	Ribozomal RNA
NADH	Nikotinamid Adenin Nükleotit
ATP	Adenozin Trifosfat
AY	Anal Yüzgeç
DY	Dorsal Yüzgeç
FD	Farinks Dişi

PY	Pektoral Yüzgeç
VY	Ventral Yüzgeç
L.LAT	Linealateral
PHYLP	The Phylogeny Inference Package
DNAPARS	DNA Parsimony Program
Cyt b	Sitokrom b
COI	Sitokrom Oksidaz Altbirim I
RAPD	Rastgele Arttırılmış Polimorfik DNA
TB	Total Boy
ÇB	Çatal Boy
SB	Standart Boy
MAKS	Maksimum Vücut Yüksekliği
MIN	Mimimum Vücut Yüksekliği
MVG	Maksimum Vücut Genişliği
MnVG	Minimum Vücut Genişliği
DYÖ	Dorsal Yüzgeç Önünden Vücut Genişliği
DYD	Dorsal Yüzgeç Düzeyinde Vücut Genişliği
PreD	Predorsal Mesafe
PostD	Postdorsal Mesafe
PreP	Prepektoral Mesafe
PreV	Preventral Mesafe
PreA	Prealanal Mesafe
KPED	Kaudal Pedünkül Boyu
D-K	Dorsal- Kaudal Arası Mesafe
P-V	Pektoral-Ventral Arası Mesafe
V-A	Ventral-Anal Arası Mesafe
A-K	Anal-Kaudal Arası Mesafe
P-A	Pektoral-Anal Arası Mesafe
VYU	Ventral Yüzgeç Uzunluğu
PYU	Pektoral Yüzgeç Uzunluğu
PTU	Pektoral Yüzgeç Taban Uzunluğu
DTU	Dorsal Yüzgeç Taban Uzunluğu
VTU	Ventral Yüzgeç Taban Uzunluğu
AYU	Anal Yüzgeç Uzunluğu
ATU	Anal Yüzgeç Taban Uzunluğu
KYU	Kaudal Yüzgeç Uzunluğu
KYY	Kaudal Yüzgeç Yüksekliği
BB	Baş Boyu
BY	Baş Yüksekliği
BG	Baş Genişliği
PreO	Preorbital Mesafe
PostO	Postorbital Mesafe
İNM	İnter-nasal Mesafe
İOM	İnter-orbital Mesafe
PreOp	Preoperkül Mesafesi
OpU	Operkül Uzunluğu
GÇ	Göz Çapı
PÇ	Pupil Çapı
RB	Rostral Barbel Uzunluğu

MB	Mandibular Barbel Uzunluđu
ABU	Anteriyor Bıyık Uzunluđu
PBU	Posteriyor Bıyık Uzunluđu
SPSS	Statistical Package For The Social Science
PCA	Temel Bileşenler Analizi
DA	Ayrım Analiz
CA	Kümeleme Analizi
PAST	Paleontological Statistics Software
RAG1	Rekombinasyon Aktive Edici Gen
sn	Saniye
MEGA	Molecular Genetic Evolutionary Genetics Analysis
DnaSP	DNA Sequence Polymorphism
Std.	Standart
VU	Hassas
HES	Hidroelektrik Santrali
D	Dişi
E	Erkek



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1. 1. Genel bir balık şekli (Keskin, 2007’den uyarlanmıştır).....	7
Şekil 1.2. A) Geleneksel yöntemler kullanılarak alınan ölçümler B)Truss network yöntemi (Takács vd, 2016 ve Küçük vd, 2014’den uyarlanmıştır)	9
Şekil 1.3. Bir popülasyondan alınan iki farklı balığın elektroforez yöntemi kullanılarak genotip tayini (Turan, 2000).....	13
Şekil 1.4. Polimeraz zincir reaksiyonunun şemasal gösterimi (Park ve Moran, 1994’den uyarlanmıştır).....	15
Şekil 1.5. RFLP yönteminin şematize edilerek gösterimi (Turan, 2000).....	16
Şekil 1.6. Balık mitokondrisinde genlerin dizilimi (Sorenson, 2003)	19
Şekil 1.7. <i>Barbus tauricus</i> Kessler, 1877	26
Şekil 1.8. (1) <i>B. t waleckii</i> , (2) <i>B. t. bergi</i> , (3) <i>B. t. tauricus</i> , (4) <i>B. t. kubanicus</i> , (5) <i>B. t. escherichii</i> (6) <i>B. t. oligolepis</i> alt türlerinin dağılımı (Bănărescu ve Bogutskaya, 2003).....	28
Şekil 2.1. Örneklem alanları.....	36
Şekil 2.2. Ölçümü yapılan vücut kısımları (İlhan, 2006 ve Kondaş, 2012’den düzenlenmiştir)	40
Şekil 2.3. Ölçümü yapılan vücut genişliklerinden bazıları (İlhan, 2006 ve Kondaş, 2012’den düzenlenmiştir)	41
Şekil 3.1. <i>Barbus tauricus</i> türü örneklerinin cinsiyet durumları (a) Dişi Birey, (b) Erkek Birey.....	52
Şekil 3.2. SPSS 20.0 kullanılarak Ayrım Analizi (DA) ile lokalitelerin gösterimi ...	77
Şekil 3.3. Temel Bileşenler Analizi (PCA) ile lokalitelerin eksenler üzerindeki dağılımları.....	79
Şekil 3.4. Hiyerarşik Kümeleme Analizi ile lokalitelerin benzerliklerinin gösterilmesi	80
Şekil 3.5. Popülasyonların ve ilgili morfometrik ölçümlerin PCA ile gösterimi.....	81
Şekil 3.6. Jel görüntülemesi gerçekleştirilmiş olan DNA	82

Şekil 3.7. Cyt b sekans sonuçlarının ChromasPro ile görüntülenmesi.....	83
Şekil 3.8. Cyt b bölgesinin MEGA7 kullanılarak baz dizilimlerinin belirlenmesi	84
Şekil 3.9. TCS (Clement vd, 2000) kullanılarak oluşturulmuş olan parsinomi ağı ...	89
Şekil 3.10. Cyt b gen bölgesi için SplitsTree programı (Huson ve Bryant, 2006) kullanılarak oluşturulmuş olan ağaç modeli	90
Şekil 3.11. <i>B. tauricus</i> türünün Cyt b gen bölgesi için oluşturulmuş olan NJ ağaç modeli (Orijinal ağaç).....	91
Şekil 3.12. <i>B. tauricus</i> türünün Cyt b gen bölgesi için oluşturulmuş olan NJ ağaç modeli (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)	92
Şekil 3.13. <i>Barbus tauricus</i> türünün Cyt b gen bölgesi bakımından oluşturulan ML (Maksimum Olasılık) ağacı (Orjinal Ağaç).....	93
Şekil 3.14. <i>B. tauricus</i> türünün Cyt b gen bölgesi için oluşturulmuş olan ML ağaç modeli (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)	94
Şekil 3.15. <i>Barbus tauricus</i> türünün Cyt b gen bölgesi bakımından oluşturulan MP (Maksimum Olasılık) ağacı (Orjinal Ağaç).....	95
Şekil 3.16. <i>B. tauricus</i> türünün Cyt b gen bölgesi için oluşturulmuş olan MP ağaç modeli (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)	96
Şekil 3.17. D-loop sekans sonuçlarının ChromasPro ile görüntülenmesi	98
Şekil 3.18. D-loop bölgesinin MEGA7 kullanılarak baz dizilimlerinin belirlenmesi	99
Şekil 3.19. D-loop Kontrol Bölgesi için TCS (Clement vd, 2000) kullanılarak oluşturulmuş olan parsinomi ağı	103
Şekil 3.20. (a) D-loop bölgesi için dış grup kullanılmadan oluşturulmuş ağaç haplotip modeli (b) D-loop bölgesi için dış grup kullanılarak oluşturulmuş ağaç haplotip modeli.....	104
Şekil 3.21. <i>Barbus tauricus</i> türünün D-loop gen bölgesine ait NJ ağacı (Orjinal ağaç)	106
Şekil 3.22. <i>Barbus tauricus</i> türünün D-loop gen bölgesine ait NJ ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)	107
Şekil 3.24. <i>Barbus tauricus</i> türünün D-loop gen bölgesine ait Maksimum Olasılık (ML) ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)	109
Şekil 3.25. <i>Barbus tauricus</i> türünün D-loop gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Orjinal ağaç).....	110

Şekil 3.26. <i>B.tauricus</i> türünün D-loop gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir).....	111
Şekil 3.27. RAG 1 gen bölgesinin F ve R primerler kullanılarak okunması ile elde edilen dizilerin ChromasPro ile görüntülenmesi (F: Forward, R: Reverse)	115
Şekil 3.28. RAG 1 bölgesinin MEGA7 kullanılarak baz dizilimlerinin belirlenmesi	116
Şekil 3.29. RAG 1 bölgesi için TCS (Clement vd, 2000) kullanılarak oluşturulmuş olan parsinomi ağı	120
Şekil 3.30. RAG 1 bölgesi için dış grup kullanılmadan oluşturulmuş haplotip ağaç modeli.....	121
Şekil 3.31. <i>B.tauricus</i> türünün RAG 1 gen bölgesine ait NJ ağacı (Orjinal ağaç)...	122
Şekil 3.32. <i>B.tauricus</i> türünün RAG 1 gen bölgesine ait NJ ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)	123
Şekil 3. 33. <i>B.tauricus</i> türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Olasılık (ML) ağacı (Orjinal ağaç)	124
Şekil 3. 34. <i>B.tauricus</i> türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Olasılık (ML) ağacı (Seç bağla 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir).....	125
Şekil 3. 35. <i>B.tauricus</i> türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Orjinal ağaç)	126
Şekil 3. 36. <i>B.tauricus</i> türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Seç bağla 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir).....	127



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1. Örnekleme lokaliteleri ve yakalanacak örnek miktarları	37
Çizelge 2.2. Balıklarda kullanılan bazı morfometrik ölçümler (Kontaş, 2012'den uyarlanmıştır).....	39
Çizelge 2.3. Çalışmada kullanılan mtDNA segmentleri ve primer sekansları.....	45
Çizelge 2.4. Cytb gen bölgesi için uygulanan PCR protokolü.....	46
Çizelge 2.5. D-loop gen bölgesi için uygulanan PCR protokolü.	47
Çizelge 2.6. RAG 1 gen bölgesi için uygulanan PCR protokolü.....	46
Çizelge 3.1. Karadere (Trabzon) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)	54
Çizelge 3.2. Solaklı (Trabzon) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)	55
Çizelge 3.3. Terme Çayı (Samsun) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)	56
Çizelge 3.4. Akçay (Samsun) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart).....	57
Çizelge 3.5. Engiz Çayı (Samsun)'ndan yakalanan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart).....	58
Çizelge 3.6. Değirmenağzı Deresi (Düzce)'nden yakalanan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart).....	59
Çizelge 3.7. Karasu Çayı (Sakarya)'ndan yakalanan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)	60
Çizelge 3.8. Morfometrik verilerin lokalitelere göre %VK değerleri.....	62
Çizelge 3.9. Lokalitelere göre %SB oranları (SB: Standart Boy)	63
Çizelge 3.10. Karasu Çayı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R ² ve P değerleri	65
Çizelge 3.11. Karadere örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R ² ve P değerleri	66

Çizelge 3.12. Solaklı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R^2 ve P değerleri	68
Çizelge 3.13. Akçay örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R^2 ve P değerleri	69
Çizelge 3.14. Terme Çayı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R^2 ve P değerleri	71
Çizelge 3.15. Engiz Çayı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R^2 ve P değerleri	73
Çizelge 3.16. Değirmenağzı Deresi örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R^2 ve P değerleri.....	74
Çizelge 3.17. Ayrım Analizine göre populasyonların morfometrik veriler ile karşılaştırılma sonuçlarının Eigenvalue, %Varyans, %Kümülatif Varyans ve Kanonik Korelasyon değerleri.....	75
Çizelge 3.18. Ayrım Analizi (DA) kullanılarak lokalitelerin ayrımında kullanılacak morfometrik karakterler.....	76
Çizelge 3.19. DA kullanılarak morfolojik karakterlerin populasyonların ayrımlarında kullanılmasında elde edilen fonksiyonların Wilks' Lambda test sonuçları.....	77
Çizelge 3.20. Ayırt edici karakterler kullanılarak lokalitelerin sınıflandırılma sonuçları.....	78
Çizelge 3.21. Cyt b gen bölgesi için nükleotid dönüşümlerinin hesaplanması (*Transisyon oranları koyu; Transversiyon oranları açık renkler ile ifade edilmiştir.).....	84
Çizelge 3.22. Çalışılan populasyon örneklerine ait Cyt b geninin nükleotit frekansları	85
Çizelge 3.23. Cyt b gen bölgesi sekansına göre oluşan haplotipler	87
Çizelge 3.24. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen bıyıklı balık bireyleri için belirlenen Cyt b haplotiplerinin populasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)'e göre verilmiştir)	88
Çizelge 3.25. Mitokondriyal DNA Cyt b genlerini içeren veriler açısından <i>Barbus tauricus</i> populasyonları arasındaki ortalama nükleotit çeşitliliği ve net nükleotit çeşitliliği (Alt diagonal d_{XY} , Üst diagonal d_A)....	89
Çizelge 3.26. Cyt b gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi....	97
Çizelge 3.27. D-loop gen bölgesi için nükleotid dönüşümlerinin hesaplanması (*Transisyon oranları koyu; Transversiyon oranları açık renkler ile ifade edilmiştir.)....	99

Çizelge 3.28. D-loop gen bölgesi sekansına göre haplotipler.....	100
Çizelge 3.29. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen bıyıklı balık bireyleri için belirlenen D-loop haplotiplerinin populasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)' e göre verilmiştir.).....	101
Çizelge 3.30. mtDNA D-loop genlerini içeren veriler açısından <i>Barbus tauricus</i> populasyonları arasındaki ortalama nükleotit çeşitliliği ve net nükleotit çeşitliliği (Alt diagonal d_{XY} , Üst diagonal d_A).	102
Çizelge 3.31. D-loop gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi.....	113
Çizelge 3.32. RAG 1 gen bölgesi için nükleotid dönüşümlerinin hesaplanması (*Transisyon oranları koyu; Transversiyon oranları açık renklerle ifade edilmiştir).	116
Çizelge 3.33. RAG 1 gen bölgesi sekansına göre haplotipler.....	117
Çizelge 3.34. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen Bıyıklı balık bireyleri için belirlenen RAG 1 haplotiplerinin populasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)'e göre verilmiştir).	118
Çizelge 3.35. RAG 1 gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi.....	128
Çizelge 3.36. Populasyonlar arası moleküler varyans analizi (AMOVA).	131
Çizelge 4.1. Lokalitelere göre cinsiyet dağılımları, boy ve ağırlık değerleri.....	135
Çizelge 4.2. Farklı canlı sınıflarının Cyt b nükleotit frekansları.....	142
Çizelge 4.3. Tez çalışması ile diğer çalışmalarda mevcut Haplotip çeşitliliği (H_d) ve Nükleotit çeşitliliği (P_i) değerlerinin karşılaştırılması.	142



1. GİRİŞ

Türkiye, dünyadaki konumu itibariyle kıtalar arasında bir köprü durumunda olmasından dolayı oldukça önemli bir noktadadır. Aynı zamanda Anadolu, yeryüzünün pek çok bölgesine göre oldukça zengin olan biyoçeşitliliği ile de dikkat çekmektedir. Tüm canlıların farklılaşmasının temelinde zoocoğrafik bir etmen mevcuttur. Anadolu hem jeolojik hem de klimatolojik olaylar bakımından dünyanın en hareketli bölgesini oluşturmaktadır. Ayrıca kıtalar arasında yer almasından dolayı, farklı kökenli canlıların barınma ve geçiş yeri olarak bilinmektedir (Demirsoy, 2002). Bu durum Anadolu'nun biyolojik çeşitliliğinin sebeplerinden biri olarak değerlendirilmektedir.

Dünya çapında bilinen ve tanımlanmış olan 33.600 balık türü mevcuttur. Türkiye sularında toplamda 865 balık türü yaşamaktadır (Froese ve Pauly, 2017). Tatlısular dünyadaki toplam su kütleinin % 0.01'lik kısmını ve toplam dünya yüzeyinin % 0.8'lik kısmını oluşturmaktadır. Görüldüğü üzere tüm su kütleinin bu oldukça zayıf olan kısmı neredeyse 2 milyon canlının (sadece % 6'lık bir kısmı tanımlanmıştır) 100.000 türünü barındırmaktadır (Dudgeon vd, 2006). Türkiye'deki tatlısu kaynaklarında ise 371 balık türü bulunmaktadır (Froese ve Pauly, 2017). Anadolu'daki tatlısu balık faunasının sistematüğini anlayabilmek için, Anadolu'nun jeolojik oluşumunu, su sistemlerinin izolasyonunu, bu izolasyonların zamanlarını ve türleşmeye olan etkilerini göz önünde bulundurmak gerekir (Özdemir, 2013). Yüzyılı aşkın bir süredir bilim insanları canlıların iç ve dış morfolojilerini inceleyerek biyoçeşitliliği ortaya çıkarmaya çalışmışlardır. Tatlısu balık faunasının dağılımlarını anlayabilmek ise ekolojik ölçeklerin teknik olarak anlaşılması oldukça zor olduğu için sınırlıdır (Lamphere ve Blum, 2012).

Tatlısu balıklarının dağılımı, paleocoğrafya ve özellikle kara parçalarının jeolojik gelişiminin sonucu olarak havza bağlantılarının oluşumu ile yakından ilişkilidir (Bianco, 1990; Bermingham ve Martin, 1998). Hidrografik sistemin evrimi ise tatlısu balıklarının dağılımının, çeşitliliğinin ve türleşmesinin asıl sebebidir (Bermingham ve Martin, 1998). Nehirler, dereler, çaylar, göller, bataklıklar, zaman zaman kuruyan sular, yeraltı suları, her iklim kuşağında, tamamen farklı özelliklerde

tatlısu biyotopları meydana getirdiklerinden dolayı, tatlısu balıklarında çeşitlenme için çok etkili bir doğal seçim ortaya çıkmıştır. Bunun yanı sıra bu biyotopların birbirinden yalıtılması ise türleşmeyi hızlandırmıştır (Demirsoy, 1998).

Son buzul dönemi (yaklaşık olarak 20000 yıl önce) süresince Orta ve Doğu Avrupa'nın, tatlısu balıklarının hayatta kalabilmeleri için bir sığınak görevi gördüğüne dair kanıtlar mevcuttur (Durand vd, 1999; Bernatchez, 2001; Kotlík ve Berrebi, 2002; Weiss vd, 2002). Karadeniz ve Hazar Denizi Havzaları da dahil olmak üzere Ponto-Hazar Bölgesi buzul dönemi sonrasında tatlısu balıklarının koloni oluşturdıkları en önemli sığınak alanlarından birisi olmuştur (Bănărescu, 1991). Türkiye'deki tatlısu balıklarının yüksek tür çeşitliliği, farklı su sistemleri arasındaki habitat çeşitliliğine ve çeşitli izolasyonlara (coğrafik, genetik, vb.) bağlıdır. Ayrıca son zamanlarda gerçekleştirilen çalışmalar ile birlikte tanımlanan tür sayısında ciddi dalgalanmalar ortaya çıkmıştır (Erkakan vd, 1998; Erkakan vd, 2008; Turan vd, 2011; Turan vd, 2014; Elp vd, 2015; Çiçek vd, 2015). Hem tatlısu hem de tuzlu sularda yaşayan türler ile ilgili sistematik tabanlı çalışmalar da bu bağlamda çeşitli tartışmalara yol açmaktadır.

Organizmaların taksonomik olarak sınıflandırılmaları ve biyolojik yaşamın anlaşılmasının her ikisi de morfolojik karakterlerin tanımlanmasına dayanmaktadır (Adams vd, 2004). Fenotipik olarak birbirlerine çok benzer türler olduğu zaman gerçekleştirilen çalışmalar birtakım karışıklıklara sebep olmaktadır. Balıkçılık yönetimi ve biyoloji açısından bakıldığında çevresel ve genetik faktörlerin etkisiyle oluşan fenotipik varyasyonun belirlenmesi büyük önem taşımaktadır (Çiftci, 2006). Balıkçılık biliminde; balıkları, populasyonları veya türleri ve zaman içerisinde bu grupların temsilcilerini tespit etmedeki birçok taksonomik ve sistematik problemin çözümü için çeşitli tekniklere ihtiyaç duyulmuştur. Bu farklı grupların tespit edilmesinde morfometrik ölçümler, meristik karakterler, otolit özellikleri ve parazitler gibi değişik fenotipik teknikler geliştirilmiş, birçok populasyon ve tür incelenmiştir. Bununla birlikte; fenotipik tekniklerin kullanımı, fenotipik varyasyonun doğrudan genetik kontrolün etkisi altında olmaması ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlanmıştır. Çünkü genetik tekniklerin balıkçılık biliminde kullanımı ile daha önce fenotipik olarak farklı olan birçok populasyon veya türün genetik olarak farklı olmadığı ortaya çıkmıştır. Buna

bağlı olarak; balıkçılık araştırmalarında moleküler genetik tekniklerin kullanımı, genetik verilerin kullanılma imkanlarının artması ve genetik verilerin değer ve öneminin fark edilmesinden dolayı şaşırtıcı bir şekilde artmıştır (Turan, 2000).

Balık türlerinin tanımlanması geleneksel olarak vücut şekli, renk, pul tipi ve sayısı, yüzgeçlerin bağlantı pozisyonları ve sayısı, yüzgeç ışınlarnın tipi veya çeşitli vücut kısımlarından alınan ölçümler gibi dış morfolojik yapılara dayanmaktadır (Strauss ve Bond, 1990). Yine de çoğu durumda balıkların çeşitli gelişim safhalarındaki morfolojik karakterler ile tanımlanmaları oldukça zordur. Bu bakımdan da DNA tabanlı tanımlama metotları güçlü bir analitik etki veya alternatif bir yol olarak değerlendirilmektedir (Teletchea, 2009). Son yıllarda, belirli bir bölgedeki balık stoklarının sürdürülebilirliğinin sağlanması ve bu stoklardan maksimum kapasitede verim elde edilebilmesi için türün genetik çeşitliliğinin ve populasyon dağılımının çok iyi bilinmesinin gerekli olduğu kabul edilen bir gerçek haline gelmiştir (Stabile vd, 1996; Hewitt, 1996; Saccone vd, 2000).

Coğrafik izolasyon, değişen çevre, populasyon genetiğindeki dar boğaz problemi, gen akışı ve seçim, populasyonların genetik yapıları üzerinde oldukça önemli etkilere sahiptir (Li vd, 2007). Bugüne kadar yapılan çok sayıda çalışma ile biyocoğrafya ve uzun dönem iklim değişikliklerinin, tür içinde genetik çeşitliliğe ve morfolojik varyasyonların oluşumuna birinci dereceden etki ettiği tespit edilmiştir (Mayr, 1942; Stiling, 1992; Raven ve Johnson, 1995; Cabral vd, 2003; Pinheiro vd, 2005; Mahe vd, 2014). Varyasyonlara sebep olan faktörler arasında özellikle biyocoğrafyanın genetik izolasyon mekanizmalarının oluşumunda oldukça önemli bir rolünün olduğu bilinmektedir. Dünyadaki biyolojik çeşitliliğin dağılışı, genellikle türlerin çeşitliliği olarak ölçülmektedir. Ancak türler içerisinde çoğu zaman coğrafik izolasyona bağlı olarak alt türler oluşur ve genetik çalışmalar alt tür çeşitliliği ile ilgili çalışmalara çok büyük katkı sağlamaktadır. Sıcak, ılıman ve tropikal bölgelerdeki dağlık alanlarda yayılış alanı bulan türler, soylar ve allel seviyelerinde gösterdikleri çeşitlilik nedeniyle bu bağlamda çok önemli olarak değerlendirilirler (Hewitt, 2004).

Tarih boyunca balıkların morfolojisi ve taksonomisi, gerçekleştirilen çalışmalarda birincil bilgi kaynağını oluşturmuştur. Sistematikle uğraşan ihtiyologlar çoğunlukla taksonomik karakterlerin belirlenmesinde morfolojiyi kullanmaya devam

etmektedirler (Karataş, 2010). Metrik ve meristik karakterler balık taksonomisinde hibrid türlerin tespiti, populasyonlar arasındaki benzerlikler ve farklılıkların belirlenmesi gibi çalışmalarda yaygın bir şekilde kullanılmaktadır (Pepin ve Carr, 1993; Thorpe ve Baez, 1987; Bilici vd, 2016; Hedeyati vd, 2016; Doung vd, 2017; Khaefi vd, 2017). Ancak moleküler tekniklerin geliştirilmesiyle birlikte sistematik ve filogeni çalışmalarında bu teknikler de tercih edilmeye başlanmıştır (He vd, 2008; Jørgensen vd, 2008; Livi vd, 2013; Jackson vd, 2014; Levin vd, 2017; Shuli vd, 2017).

Gerçekleştirilen çalışmalar ile tür tayinlerinin hem morfolojik hem de moleküler çalışmaların birbirlerini destekleyerek yapılmasının gerekli olduğu ortaya çıkarılmıştır. Morfoloji çalışmaları cinslerin tanımlanmalarında oldukça başarılı sonuçlar verirken türlerin tanımlanmasında birtakım zorluklar ortaya çıkabilmektedir. Balık türlerinin tanımlanmasındaki geleneksel ve en pratik yol morfolojik karakterlere dayanmaktadır fakat morfolojik olarak benzer türler mevcut olduğu taktirde genetik bulgular türlerin tanımlanmasını desteklemektedir (Avisé ve Hambrick, 1996; Ogden, 2008).

DNA biyokimyasal, fizyolojik, morfolojik ve etolojik değişimlere bağlı olarak yeni türlerin ve grupların ortaya çıkmasını sağlayan mutasyonları biriktirmektedir (Semina vd, 2007). Tür tayinlerinin hem morfolojik farklılıklar göz önünde bulundurularak hem de moleküler açıdan da desteklenmesi oldukça önemli bir olgu haline gelmiştir. Moleküler veriler, coğrafik alanlar arasındaki ilişkilerin ve zoocoğrafik alt bölümlerin incelenerek populasyonlar arasındaki filocoğrafik ilişkilerin ortaya çıkarılmasını sağlar (Stepien ve Kocher, 1997). Aynı zamanda populasyon içi ve populasyonlar arası genetik ilişkilerin de ortaya çıkarılması oldukça önemlidir. Bu bağlamda stok ve tür tespitinde, türler arasındaki ve tür içi ilişkilerin belirlenmesinde farklı moleküler teknikler kullanılmaktadır. Bu teknikler; protein elektroforezi, mtDNA ve nDNA analizleri, polimeraz zincir reaksiyonu analizleri (PZR), restriksiyon fragmenti uzunluk polimorfizmi (RFLP), zincirleme metodu (Sekans analizi), DNA parmak izi vs. olarak sıralanabilir.

Hem morfolojik hem de moleküler veriler üst seviyedeki ilişkilerin ayırt edilebilmesi için bazı sınırlılıklara sahiptir. Her iki tip veride de temel problem homolog karakterlerin ayırt edilebilmesi ve istatistiksel olarak soy ayrımlarının

tanımlanabilmesi için yeterli miktarda siynapomorfiz karakterin tanımlanmasıdır. Uygun moleküllerin tanımlanmasında ve analitik tekniklerin geliştirilmesinde oldukça önemli adımlar atılmasına rağmen, balık filogenisiyle ilgili olarak aynı soydan gelen türler arasındaki ilişkilerin yorumlanması halen problemlidir (Stepien ve Kocher, 1997). Bu bağlamda gerçekleştirilen çalışmalar ile hem sistematik hem de filogeni çalışmalarında ortaya çıkan karışıklıkların önüne geçilmeye çalışılmaktadır.

Bu çalışmanın amacını Karadeniz Bölgesi kıyı şeridi boyunca bulunan bazı tatlısu kaynaklarında yaşayan *Barbus tauricus* Kessler, 1877 türünün mtDNA ve nDNA analiz yöntemleri kullanılarak tür içi genetik çeşitliliğin incelenmesi, fenotipik ve genetiksel farklılıkların ortaya çıkarılması, morfometrik bazı ölçümlerin alınarak lokaliteler arasında kıyaslamaların yapılması ve farklılıkların tespit edilmesi oluşturmaktadır.

1.1. Geleneksel (Morfolojik-Morfometrik) Yöntemler

Balıklarda tür tayini yapılırken öncelikli olarak morfolojik çalışmalar gerçekleştirilmektedir. Canlıların gelişimi, yapısı ve morfolojik benzerlikleri, farklılıkları ve yaşam biçimleri, canlılar arasındaki ayırt edici ölçütlerin belirlenmesini sağlamıştır (Bat vd, 2008).

Morfolojik karakterler, biyoloji biliminin gelişmeye başlamasından itibaren temel özellikler olarak değerlendirilmektedirler. Aslında farklı yaşam formlarının morfolojik olarak tanımlanmaları hem organizmaların taksonomik olarak sınıflandırılmaları hem de yaşamın gelişim basamaklarının anlaşılmasının ilk kısmını oluşturmaktadır (Takács vd, 2016). Morfolojik çalışmalar meristik ve devamlı ölçülebilir morfometrik değişkenlerin karşılaştırılmasını ve analiz edilmesini sağlamaktadır (Turan vd, 2004a). Ayrıca morfometrik karakterler seçilebilir ve nümerik değerlere dönüştürülebildikleri için istatistiksel metotlar kullanılarak analiz edilebilmektedirler (Goodall, 1991; Carpenter vd, 1996). Morfolojik karakterler türlerin ayrımında kullanılabilecekleri gibi (Creech, 1992; Doadrio vd, 2002) eşeysel dimorfizimden kaynaklı (Rohlf, 1990; Kitano vd, 2007) veya populasyon seviyesinde (Jørgensen vd, 2008; Herler vd, 2010) meydana gelen farklılaşmaların ortaya çıkarılması gibi tür içi farklılıkların da tanımlanmasında kullanılmaktadır. Meristik ve morfometrik karakterler stoklar arasındaki ilişkilerin belirlenebilmeleri,

ayrımalarının yapılabilmesi için oldukça güçlü belirteçlerdir (Ihssen vd, 1981; Melvin vd, 1992).

Geçmiş çalışmalarda bilim insanları morfometrik karakterlerin tamamıyla genetik özelliklerin etkisi altında olduklarını ileri sürmüşlerdir fakat son yıllarda gerçekleştirilen çalışmalar ile birlikte suyun fizikokimyasal özellikleri, habitat veya substrat tipi gibi parametrelerin de morfolojik varyasyona sebep olduğu kanıtlanmıştır (Cabral vd, 2003; Nahar vd, 2015; Sharker vd, 2015). Bir balık türüne ait morfometrik karakterlerin her biri direkt olarak çevresel farklılıklardan etkilenmektedir. Morfometrik karakterler, şekilsel değişimleri saptayarak, canlının gelişimindeki önemi ölçmek için bir nitelik olarak kullanılabilir (Chaklader vd, 2016).

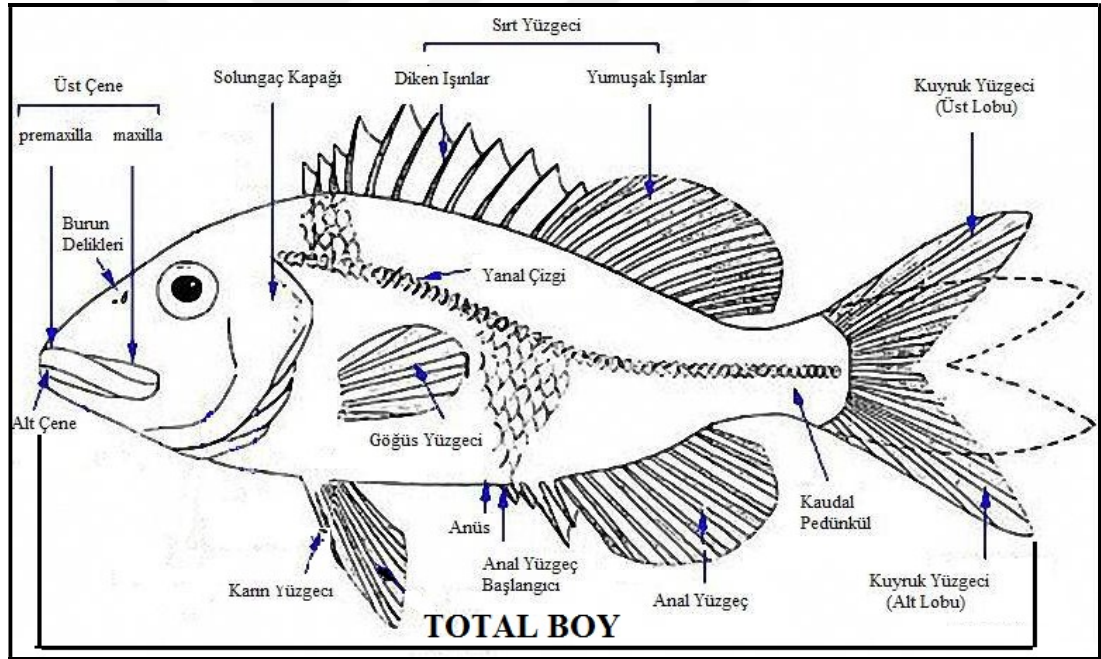
Balıkların teşhisinde ayırt edici morfolojik özelliklerden biri olan meristik karakterler; farklı türlerin tanımlanması, stoklar arasındaki ilişki ve farklılıkların belirlenmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Ihssen vd, 1981; Casselman vd, 1981; Bookstein, 1982; Bird vd, 1986; Friedland ve Reddin, 1994; Turan, 2000). Meristik karakterler, genellikle yüzgeç ışın sayısı veya omurlar gibi tekrar eden sayımları içermektedir (Coyle, 1998). Ancak çeşitli çalışmalar sıcaklık, tuzluluk, oksijen stresi gibi çevresel faktörlerin meristik karakterlerin oluşumlarından sorumlu genleri etkilediğini ortaya çıkarmıştır (Trojnar, 1977; Todd vd, 1981).

Geleneksel yöntemler içerisinde Sayısal (Nümerik) Taksonomi, Sitotaksonomi, Üreme İzolasyonu Testleri, Immunotaksonomi, Anatomik Karakterler, Renk ve Kemotaksonomi sayılabilir. Morfolojik karakterlerin önemli oluşunun sebebi fenotipin genotipi yansıtmaları yanında, pratikte taksonomistin sadece dış morfolojiyle karşı karşıya bulunmasıdır. Balık türlerinin tanımlanması geleneksel olarak vücut şekli, renk, pul tipi ve sayısı, yüzgeçlerin bağlantı pozisyonları ve sayısı, yüzgeç ışınlarının tipi veya çeşitli vücut kısımlarından alınan ölçümler gibi dış morfolojik yapılara dayanmaktadır (Strauss ve Bond, 1990).

Morfolojik çalışmalar özellikle türlerin tanımlanması ve cinslere yerleştirilmelerinde başarılı sonuçlar vermektedir. Her ne kadar bu çalışmalar cinsleri kolaylıkla tanımlamada kullanılsalar da, bir cinsi kapsayan tür seviyesinin üzerindeki ilişkiler ile ilgili bir hipotez sunmaları oldukça zordur. Çünkü en basit olarak

karakterlerin birbirleriyle uyumları oldukça azdır (Stepien ve Kocher, 1997). Morfolojik oranlarda istatistiki güçlüklerle karşılaşılması, direkt gözlem, ölçüm ve sayıma dayanan morfolojik karakterler arasındaki benzerlik ve farklılıklar, tür ve tür altı seviyelerinde yetersiz kalmaktadır. Bu sebeple de balıkların daha ince yapılarında özelleşmiş ayırıcı karakterlerin bulunabileceği düşünülmektedir (Yılmaz, 1997).

Morfometri çalışmalarının başlangıcı 1894 yılında İngiliz Kraliyet Ailesi'nin kurmuş olduğu “Bitki ve Hayvanların Ölçülebilir Karakterlerinde İstatistiksel Analizlerin Yönetilmesi Komitesi” ile başlamıştır (Cadrin, 2000). Bu komitenin birincil görevini farklı ırkları olduğu bilinen Atlantik ringa (*Clupea harengus*)’nın yerel formları arasındaki morfometrik varyasyonu test etmek oluşturmaktadır. Morfolojik karakterler çeşitli taksonomik kategoriler arasındaki ilişkileri ve ayrılıkları ölçmek için balıkçılık biyolojisi çalışmalarında kullanılmaktadır (Şekil 1.1) (Turan, 1999).



Şekil 1. 1. Genel bir balık şekli (Keskin, 2007’den uyarlanmıştır)

Morfometri; biyoloji, geometri ve istatistik konularını da içine alarak organizmaların geometrik şekillerinin çalışılması olarak da bilinmektedir (Sathianandan, 2003). Son yıllarda bilgisayara dayalı analiz programlarının da geliştirilmesiyle birlikte gerçekleştirilen morfometri çalışmalarında çeşitlenme ve birtakım ilerlemeler meydana gelmiştir. Stok ayırım çalışmalarında morfometrik

karakterlerin kullanımları ön plana çıkmaktadır. Morfolojik çalışmalar; bir veya daha fazla sayıdaki ölçülebilir nitelik için sayısal veri içermektedir ve bu veriler gruplar arasında karşılaştırılabilmektedir (Adams vd, 2004). Korelasyon katsayısı (Pearson, 1895), varyans analizi (Fisher, 1935) ve temel bileşenler analizi (Pearson, 1901; Hotelling, 1933) gibi istatistiksel yöntemlerin gelişmesi sayısal ifadelerin daha anlamlı hale gelmesini sağlamıştır. Yirminci yüzyılın ortalarından itibaren “morfolojik şekil” kavramının sayısal olarak ifade edilmeye başlanması ile birlikte, populasyonlar arasındaki varyasyonların tanımlanması farklı istatistiksel teknikler ile birlikte gerçekleştirilmiştir ve böylece modernleştirilmiş morfometri başlamıştır (Adams vd, 2004).

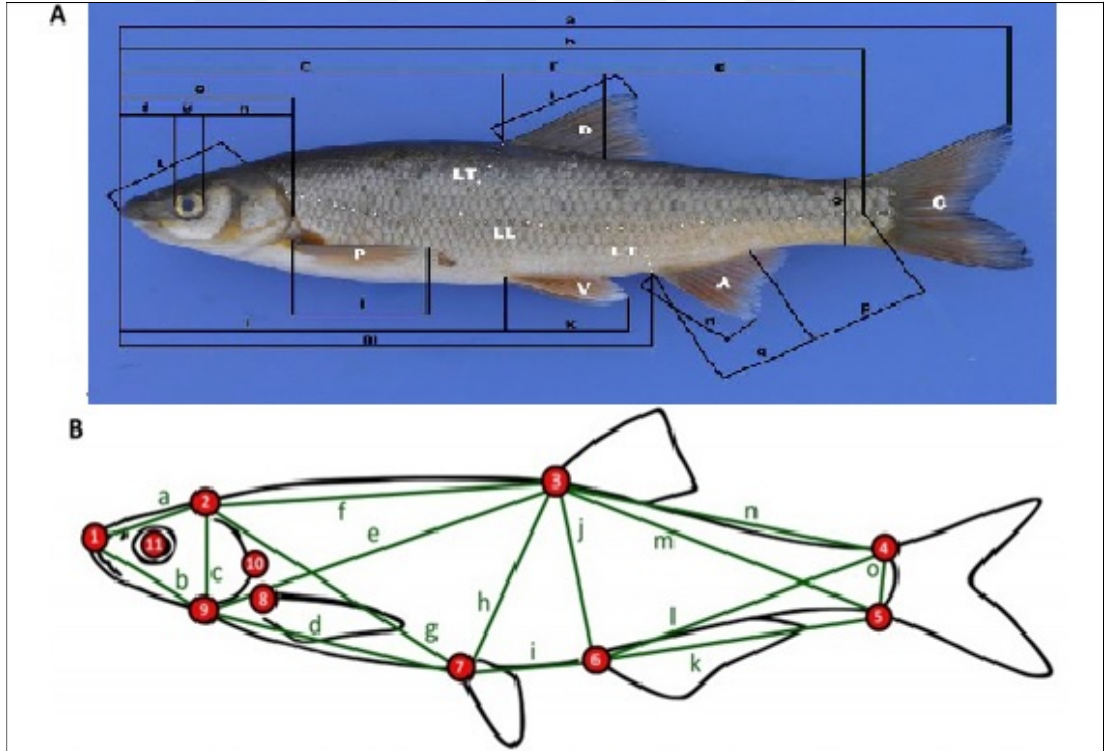
Günümüzde kumpas gibi ölçüm aletlerinin kullanılması ile gerçekleştirilmiş olan birçok morfometri çalışması mevcuttur (Gharaei, 2012; Sharma vd, 2014; Zengin vd, 2015; Bilici vd, 2016; Çiçek vd, 2016; Hedeyati vd, 2016; Van Ginneken vd, 2017). Ancak sadece ham veriler kullanılarak gerçekleştirilen çalışmalarda coğrafik varyasyonların göz ardı edilmesi ve ölçümsel hataların fazla olması, ölçüm aletleri kullanılarak yapılan çalışmalar için çıkmazların oluşmasına sebep olmuştur. Dolayısıyla bu tür çalışmalar varyasyonlardan kaynaklı boyut farklılıklarının ortamdan elenmesi ve de ölçümsel hataların kaldırılması için istatistiksel yöntemler ile desteklenmektedir. Aksi takdirde elde edilen sonuçların doğrulukları tartışmalı bir konu oluşturacaktır. Ancak Şekil Analiz Yöntemleri veya Truss Network gibi yöntemlere oranla daha kolay sonuçlar verdikleri için de birçok araştırmacı tarafından doğru istatistiksel analiz yöntemlerinin kullanılması ile birlikte kumpas kullanımı çalışmalarda tercih edilmektedir.

Son yıllarda özellikle Truss-Network yöntemiyle birlikte morfometri çalışmalarında ciddi miktarlarda bir artışın olduğu da yadsınamaz bir gerçek haline gelmiştir (Corti vd, 1988; Shepherd, 1991; Turan vd, 2004b; Bagherian ve Rahmani, 2009; Çakmak ve Alp, 2010; Kohestan-Eskandari vd, 2013; Mohaddasi vd, 2013; Kohestan-Eskandari vd, 2014; Verma vd, 2014; Azrita, 2015; Moushomi ve Saha, 2015; Miyan vd, 2016; Takács vd, 2016; Kashyap vd, 2016).

Strauss ve Bookstein (1982) tarafından “Balıkların vücudu üzerindeki ağ” olarak tanımlanan bu yöntem balıkların çok boyutlu şekillerini ölçme esasına dayanmaktadır. Truss-Network yöntemi veya geometrik morfometri ile birlikte

balıkların şekilleri vücut boyunca geçen belirli nokta çiftleri arasındaki mesafeler ile tanımlanmaktadır (Şekil 1.2). Bu yöntem horizontal ve vertikal düzlemlerde balık şeklindeki farklılıkları saptamak için kullanılmaktadır (Strauss ve Bookstein, 1982). Truss-Network yönteminde örneklerin resimleri üzerindeki işaretleyiciler kullanılarak 2 ve 3 boyutlu koordinat düzlemlerindeki ölçüm değerlerinden elde edilen veriler değerlendirilir.

Bu metot ile birlikte (1) bir grup işaretleyici kullanılarak (homolog yapılar üzerinde) şekilsel farklılıklar saptanmaktadır (2) işaretleyiciler boyunca mesafeler kullanılarak bir harita oluşturulur ve oluşturulan bu haritalar uzun süreler saklanabilir (3) rastlantısal ölçüm hataları fark edilebilir ve telafi edilebilir (4) bireysel örneklerin ortalama şekilleri belirlenir ve hesaplamalar gerçekleştirilir (5) populasyonlar içerisindeki allometri ve büyüme, kısa ve öz bir şekilde karakterize edilir ve görselleştirilebilir (6) gruplar arasındaki biçimsel ve şekilsel karşılaştırmalar, farklılıklar standardize edilerek kolaylıkla belirlenir (Strauss ve Bookstein, 1982).



Şekil 1.2. A) Geleneksel yöntemler kullanılarak alınan ölçümler B)Truss network yöntemi (Takács vd, 2016 ve Küçük vd, 2014'den uyarlanmıştır)

Fenotipik tekniklerin kullanımı, bir türe ait populasyon tespitinde fenotipik değişimin doğrudan genetik kontrolün etkisi altında olmayışı ve çevresel faktörlerin değişiminden etkilenmesinden dolayı sınırlı hale gelmiştir (Allendorf vd, 1987). Farklı coğrafik populasyonlar arasındaki morfometrik değişkenlik muhakkak ki her bir alandaki hem genetik hem de çevresel şartlar ile ilişkilidir (Kinsey vd, 1994). Genellikle aynı morfometrik karakterlere sahip olan organizmalar stok olarak bilinmektedir. Stoklar arasındaki morfometrik varyasyon stok yapısının belirlenmesi için bir temel oluşturmaktadır ve böylelikle kısa sürede meydana gelen çevresel varyasyon çalışmalarında kullanılabilecekleri için balıkçılık idaresinde çok daha kullanışlıdır (Begg vd, 1999).

Bir türe ait populasyonlar arasındaki fenotipik varyasyon; gelişim zamanlarındaki farklılaşmalar, göçün sınırlanması veya uzun süreli izolasyon gibi olaylar ile ortaya çıkmaktadır (Cadrin vd, 2005). Aynı zamanda hem morfometrik hem de meristik karakterler çevresel değişimlerden oldukça fazla miktarda etkilenmektedir (Ihssen vd, 1981). Balıklarda gözlenen fenotipik esneklik, onların davranış ve fizyolojilerinde meydana gelen modifikasyonlar nedeniyle çevresel değişimlere adapte olmalarını sağlamaktadır. Bu modifikasyonlar; çevresel varyasyonun etkilerini azaltarak, balıkların, morfoloji, üreme ve yaşam sürelerinde değişimlere yol açmaktadır (Stearns, 1983; Meyer, 1987). Populasyonların coğrafik olarak izole olmuş olmaları ve ırkların karışması populasyonlar arasında morfolojik varyasyonlara sebep olabilmektedir. Bu morfolojik varyasyonlar populasyonların farklılaşmasının temeli olarak değerlendirilebilmektedir (Bookstein, 1991).

Bazı durumlarda morfolojik özellikler aynı populasyonda bile türlerin tanımlanmasında ve ayrımlarının yapılmasında oldukça sınırlı kalabilirler. Çünkü bu özellikler, türler arasında çok küçük varyasyonlar veya farklılıklar gösterebilmektedir (Teletchea, 2009). Bahsedilen tüm bu sebeplerden dolayı gerçekleştirilen çalışmalar göstermiştir ki morfometrik çalışmalar hem tür içi hem de türler arasındaki ilişkilerin ortaya çıkarılmasında tek başına yetersiz kalmaktadır. Aynı zamanda sadece morfometriye dayalı olarak gerçekleştirilen tür tayinleri de sistematikte bir takım karışıkların ortaya çıkmasına sebep olmaktadır.

1.2. Moleküler Çalışmalarda Yaygın Olarak Tercih Edilen Yöntemlerden Bazıları

Son yıllarda taksonomik çalışmalara yönelik tür içi, türler arası genetik farklılığı ve çeşitliliği ortaya koymak için birçok moleküler teknik geliştirilmiş ve kullanılmaya başlanmıştır. Moleküler tekniklerin organizmalar arasındaki benzerliklerin çalışılmasında kullanılması 1970'lerden itibaren başlamıştır. Tek başına kullanılan fenotipik teknikler (ekoloji, markalama, parazitler, fizyoloji, morfometrik, meristik vb.) genotipik dayanağı olmadığından ve çevresel etkilere göre değişiklik gösterdiğinden yanıltıcı olabilmektedir. Dolayısı ile yapılan çalışmalarda çevresel varyasyonlar göz ardı edildiği için birtakım karışıklıklar oluşmaktadır. Bu nedenle tek başlarına morfometrik tekniklerin kullanımı özellikle tür içi çalışmalarda ciddi seviyelerde yanıltıcı olmaktadır ve de desteğe ihtiyaç duyulmaktadır. Bu sebeple moleküler genetik teknikler morfometrik veriler ile birlikte değerlendirildiklerinde çok daha güvenilir sonuçlar elde edilmiştir (Turan, 2002).

Son yıllardaki teknolojik gelişime bağlı olarak moleküler tekniklerin artış göstermesi balık sistematigi çalışmalarının gelişmesine katkı sağlamıştır. Moleküler sistematik için geliştirilen metotlar (Hillis vd, 1996; Ferraris ve Palumbi, 1996) balıklar arasındaki ilişkilerin analiz edilebilmeleri için yeni bir takım karakterler ileri sürmektedirler (Carvalho ve Pitcher, 1995) ve populasyonların sistematik kategorilere yerleştirilmelerinde başvuru yöntemleri olarak değerlendirilirler (Stepien ve Kocher, 1997). Moleküler çalışmalar kullanılarak kriptik türler belirlenebileceği gibi (Avice, 1994), hatalı tanımlanmış balık grupları da tekrar tanımlanabilmektedir.

Moleküler sistematik çalışmalarının en büyük başarıları filogeni analizleri için en uygun ve fazla sayıdaki karakteri ortaya çıkarmalarıdır. Bu verilerin kullanılabilirliği henüz ortaya çıkarılmamış olan birçok cins içi filogenetik özelliklerin çözülmesini sağlayabilmektedir (Avice vd, 1987).

Moleküler tekniklerin kullanılmaya başlanması ile birlikte populasyonlar içindeki bireyler arasında, aynı türün populasyonları arasında ve taksonomik seviyede farklı türler mevcut olduğu takdirde genetik varyasyonun tahmini mümkün kılınmaktadır. Moleküler belirteçler kullanılarak yapılan çalışmalar sonucunda lokal

populasyonların ve sucul türlerin üreme farklılıkları gösteren, izole halde küçük gruplara bölünmüş oldukları gözlenmiştir (Çiftci ve Okumuş, 2002). Böylelikle de gerçekleştirilen çalışmalarda taksonomik seviyelerdeki karışıklıkların önüne geçilmeye çalışılmıştır.

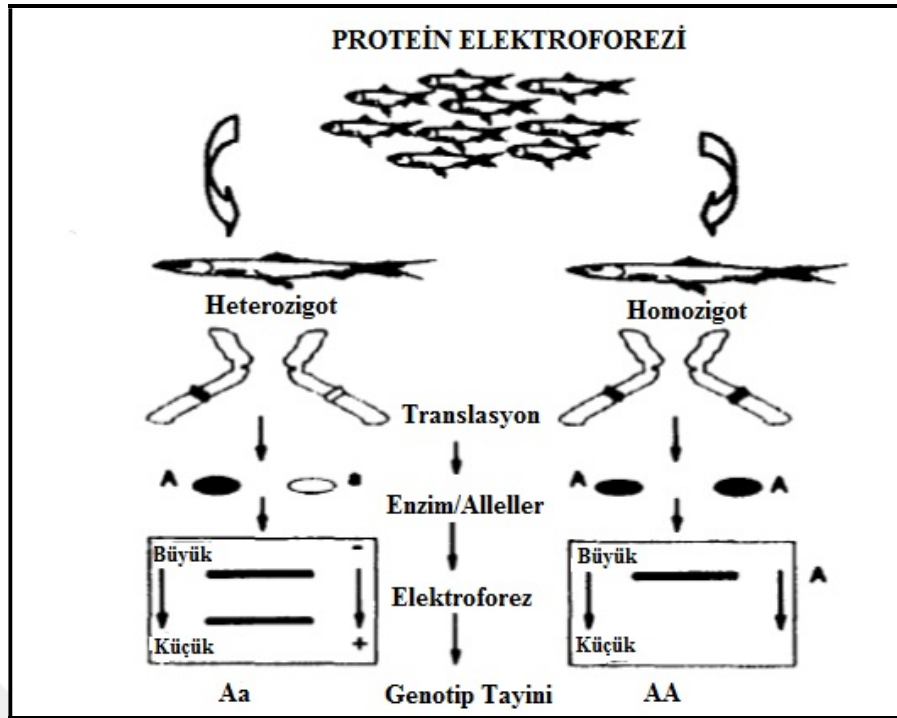
Gelişen teknoloji ile beraber kullanılan yöntem miktarları da artmakta ve de yeniliklere açık bir hale gelmektedirler. Birçok farklı moleküler analiz metodu bulunmakla birlikte gerçekleştirilecek çalışmanın amacına uygun olan tekniğin seçilmesi çok daha doğru sonuçları ortaya çıkaracaktır.

Aşağıda genetik çalışmalarda kullanılmakta olan moleküler yöntemlerden bazıları kısaca açıklanmıştır.

1.2.1. Protein analiz metotları

Canlılar temelde aynı elementlerden ve bazı basit bileşiklerden oluşmuş olsalar da, her biri sahip olduğu türe ait özel genetik şifreye bağlı olarak çalışan biyokimyasal mekanizmalar sayesinde özel kompleks dev moleküller sentezleyebilirler. Her bir tür kendine özgü, ancak belirli sınırlar dâhilinde değişebilen, yani tür içi varyasyonlara imkân verebilecek bir genetik şifreye sahip olduklarına göre biyokimyasal yapıları da kendilerine özgü olarak değişiklik göstermektedir (Uğurlu (Helli), 2002).

Yaklaşık yarım asırdır türlerin ayırımında, moleküler yöntemlerden birisi olarak protein jel elektroforezi kullanılmaktaydı (Manwell ve Baker, 1963). Moleküler sistematikte kullanılan ilk teknik protein elektroforezidir. Proteinle ilgili ilk çalışmalar hemoglobin ve transferin gibi proteinlerle başlamış ve sonraki birçok çalışmada enzim proteinleri kullanılmıştır. Her bir lokus proteini, aminoasit yüküne bağlı olarak elektriksel alanda farklı hareket etmektedir. Eğer bir proteini kodlayan lokusta birden fazla allel varsa, her bir allel tarafından kodlanan polipeptitler farklı aminoasit içeriklerinden dolayı farklı elektriksel yüke ya da büyüklüğe sahip olacaktır (Şekil 1.3).



Şekil 1.3. Bir populasyondan alınan iki farklı balığın elektroforez yöntemi kullanılarak genotip tayini (Turan, 2000)

Elektroforez bu gibi allelik farklılıkları ortaya çıkarmaktadır. Elektroforez elektrik alanındaki yüklü partiküllerin hareketine dayanan bir ayırım tekniğidir. Bir elektrik alanı oluştuğunda, proteinlerin çoğu net bir negatif yüke sahip olurlar ve negatif uçtaki merkezden pozitif uca doğru hareket ederler. Protein ürünlerinin pozisyonları hem direkt olarak hem de bir dizi enzimatik reaksiyon ile saptanabilmektedir. Monomerik bir enzim için, homozigot bireyler tek bir bant gösterirken heterozigotlar iki bant gösterirler (Okumuş ve Çiftci, 2003).

Protein elektroforezi, stok ve tür tespitinde polimorfik proteinleri genetik markalayıcı olarak kullanmaktadır. Aynı cinse ait farklı türlerin yapısal enzimleri (izo-enzim) veya allozimleri (tek bir gen veya lokusta bulunan allellerin farklılığı sonucu elektroforetik gözlerinde farklı olan enzimler) farklı bantlar oluşturmaktadır. Oluşan bu bantlaşmalardaki farklılıklar genetik çeşitliliğin ortaya çıkarılmasında kullanılmaktadır. Allozimler direkt olarak DNA tarafından kodlanan ve enzim seviyesinde genetik varyasyonu tanımlamak için kullanılan bir tekniktir. Allozim varyasyonu tek lokus genetik varyasyonu ile ilgili bilgiler sunmaktadır. Böylelikle elde edilen veriler sayesinde balık ve balık populasyonları hakkındaki basit soruların

cevapları ortaya çıkarılmış olur (Okumuş ve Çiftci, 2003). Genetiksel olarak kontrol edilen bu değişimler, balıkların ve böylece populasyonların da genetik çeşitlilikleri ve değişimleri hakkında bilgi edinmemize yardımcı olurlar (Richardson vd, 1986).

Allozim ve izosim çalışmaları balıklarda populasyon genetiği ve stoklar ile ilgili soruların cevaplanmasında en popüler yaklaşımlardan birisi olarak kullanılmıştır. Ayrıca bu çalışmalar özellikle kriptik türlerin tanımlanması ve biyocoğrafik hipotezlerin test edilmesinde kullanılmıştır. Oldukça ucuz, hızlı ve etkili sonuçlar ortaya çıkarması bu tekniğin en önemli avantajlarından (Stepien ve Kocher, 1997).

Ancak bu tekniğin bazı dezavantajları da mevcuttur. Populasyon yapısını inceleyen araştırmalar, yeterli düzeyde intraspesifik varyasyona ihtiyaç duymaktadır. DNA üzerinde kopyalanan ve proteine çevrilen genlerin yüzdesi çok düşüktür. Bu sebeple protein sentezleyen genlerin lokuslarında tespit edilen varyasyon, genomun tümünün temsilcisi olmayabilir. Ayrıca allozimler genotiplerin fenotipik ekspresyonudur ve allelik varyasyonu temsil etmeyebilirler (Richardson vd, 1986; Turan, 2000). Tüm bunlar gibi sınırlamalarına rağmen, protein elektroforezi genetik varyasyon ve populasyon farklılıklarını tespit etmede basit fakat güçlü bir teknik olmaya halen devam etmektedir.

1.2.2. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR)

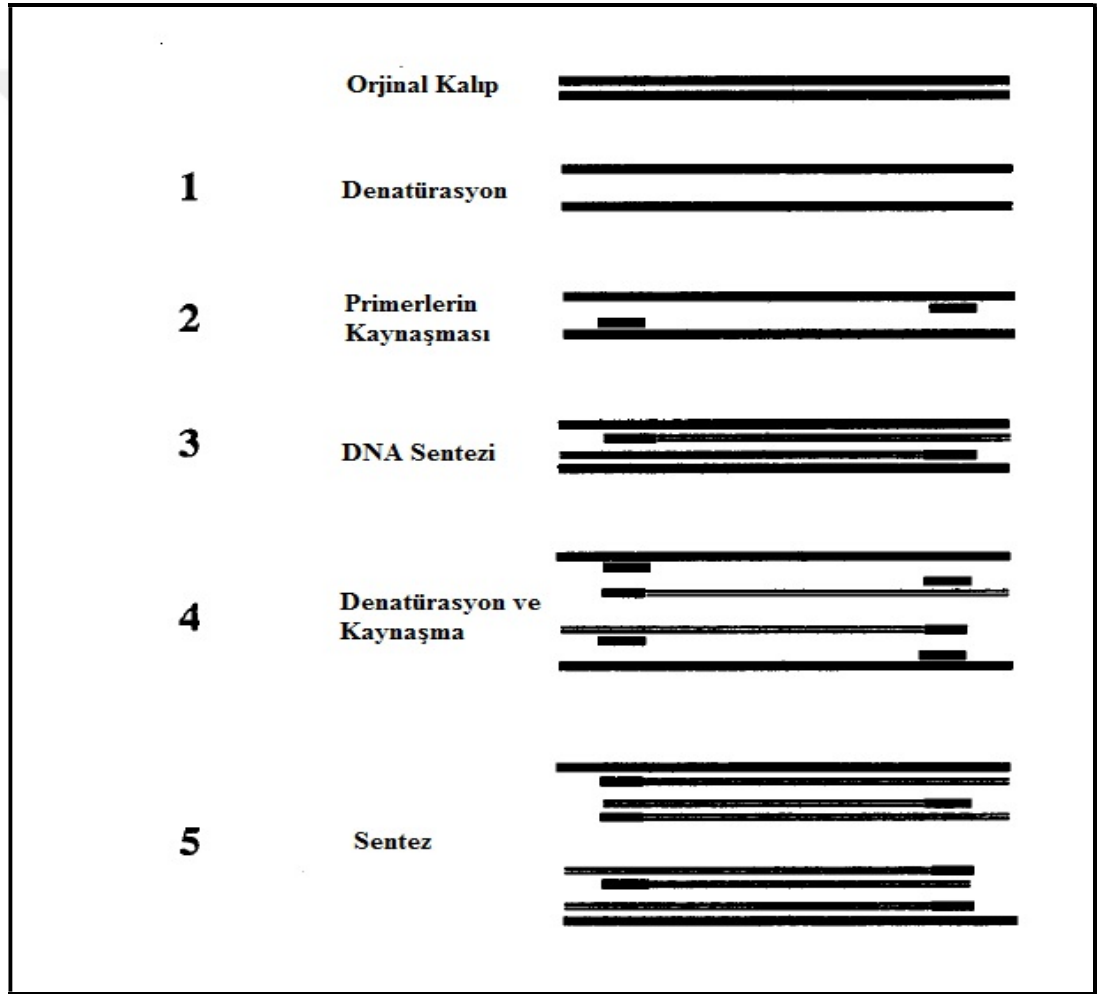
1986 yılında geliştirilen PZR, moleküler biyoloji, insan genetiği, evrim, gelişim ve adli vakalar gibi pek çok disiplinde uygulama olanağı bulmuştur (Klug ve Cummings, 2000).

Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR), dizisi bilinen miktarda bir DNA bölgesinin çoğaltılmasını ve milyonlarca hatta milyarlarca kopyasını kısa zamanda yapmaya olanak sağlayan bir tekniktir. DNA üzerindeki belirli bir bölgenin PZR ile çoğaltılması, mtDNA ve nDNA çalışmalarını daha hızlı ve kolay bir hale getirmiştir. Bu yöntem ile çok az miktardaki DNA şablon görevi görmekte ve DNA üzerinde ilgi duyulan bölgenin milyonlarca kopyasının üretimi sağlanmaktadır (Turan, 2000). Bu teknikte ilk basamakta, yüksek sıcaklığın etkisiyle (92-95 °C) çift sarmallı DNA'nın sarmalları birbirinden ayrılır. İkinci basamakta ise, primerler kopyalanmak istenen

zincir bölgesine iki taraftan bağlanırlar. Son olarak bir DNA polimeraz olan *Taq* (*Thermus aquaticus*) adlı enzim sentez gerçekleştirir (Mullis ve Faloona, 1987). Normal olarak bu kopyalama 30 kez gerçekleşmektedir (Şekil 1.4) (Turan, 2000).

PZR, DNA'nın belirli bir bölgesinin amplifikasyonunda kullanılan hızlı ve basit bir yöntemdir ve son yıllarda moleküler biyoloji çalışmalarında oldukça önemli avantajları olmuştur (Park ve Moran, 1994).

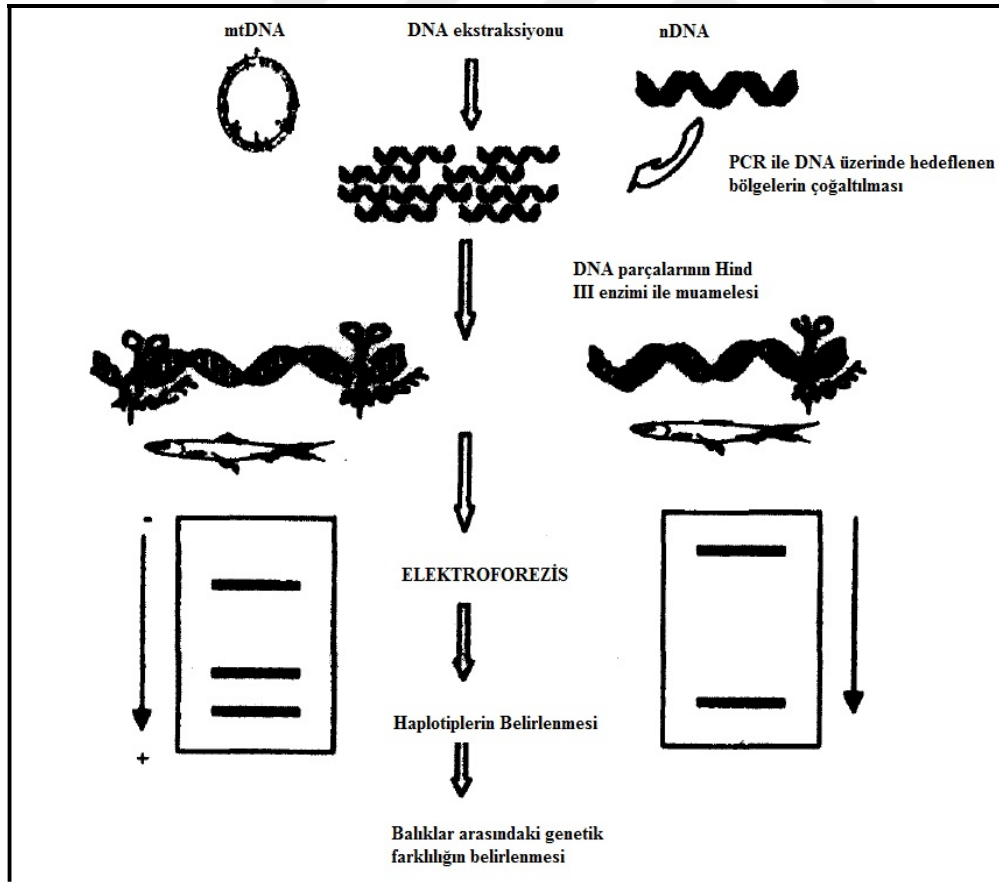
Bu yöntem aynı zamanda araştırmacıların küçük bir doku parçası kullanarak işlemlerini gerçekleştirmelerini sağladığı için balıkçılık çalışmalarında da sıklıkla tercih edilmektedir.



Şekil 1.4. Polimeraz zincir reaksiyonunun şemasal gösterimi (Park ve Moran, 1994' den uyarlanmıştır)

1.2.3. Kesici enzim parçaları uzunluk polimorfizmi (RFLP)

DNA çalışmalarında kullanılan en önemli metotlardan birisi de “Sınırlama Parçaları Uzunluk Polimorfizmi” olarak adlandırılan RFLP yöntemidir. Bu yöntem PZR metodundan faydalanılarak, mtDNA ve nDNA’nın bir veya birkaç bölgesi için kullanılmaktadır. Ayrıca bu teknik türler arasındaki filogenetik ilişkinin belirlenmesinde de yaygın olarak tercih edilmektedir. DNA çalışmalarında yaygın olarak kullanılan bu teknik, DNA’nın restriksiyon enzimi ile reaksiyona sokularak parçalara ayrılmasıdır. Kesici enzimler, DNA üzerinde kendisiyle aynı yapıda olan zincir bölgesini tanımaktadır ve bu spesifik DNA zinciri, “Tanınma bölgesi” olarak adlandırılmaktadır. Örneğin; Hind III enziminin tanıma dizisi, A▼AGGC’dir ve DNA üzerinde aynı dizilerin olduğu bir DNA zincirine rastlandığında ok işaretinin olduğu bölgeden DNA’yı keser. Enzim muamelesi sonucu oluşan kesim parçaları, Jel Elektroforezi yoluyla jel üzerinde birbirinden ayrılır ve özel boyama metotları ile DNA parçaları arasında fark olup olmadığı tespit edilebilir (Şekil 1.5) (Turan, 2000).



Şekil 1.5. RFLP yönteminin şematize edilerek gösterimi (Turan, 2000)

1.2.4. Dizileme metodu

DNA polimerazların PZR yönteminde kullanılmalarına ilave olarak belirtilmesinde fayda olan bir diğer konu da DNA'nın direkt sekansında kullanılmalarıdır (Park ve Moran, 1994). Son yıllarda sekans metodolojisindeki gelişmeler ile birlikte DNA sekans analizi popülasyonların filogenetik geçmişlerinin ortaya çıkarılmasındaki önemli yaklaşımlar arasında yerini almıştır (Hillis vd, 1990). DNA üzerinde ilgi duyulan bir bölgenin veya genin bu yöntem kullanılarak nükleotit dizisinin ortaya çıkarılması, bu bölgede mevcut olan polimorfizimi azami düzeyde tespit edebilme imkanı sağlar (Turan, 2000). DNA sekanslamada kullanılan en yaygın yöntem dideoxy-termination'dur (Sanger vd, 1977). Bu yöntem her ne kadar birçok avantaja sahip olsa da gelişmiş laboratuvar tekniklerine ihtiyaç duyması, çok az bir DNA parçasının incelenebilir olması açısından birtakım sınırlamalara da sahiptir. Fakat türler arasındaki moleküler farklılığı tespit etmede ve tür tespiti çalışmalarında az sayıdaki örnek yeterli olduğundan bu yöntem tercih edilmektedir.

1.2.5. DNA barkodlama

Son yıllarda gözlenen teknolojik gelişmelere bağlı olarak moleküler düzeydeki çalışmalar içerisinde DNA barkodlama çalışmaları ön plana çıkmıştır. DNA barkodlama terimi, literatürde yaygın olarak kullanılmaya başlanan bir ifadedir. Bu yöntem temelde mitokondriyal DNA'nın 600-700 baz çifti uzunluğundaki standart bir bölgesinin hızlı, doğru ve otomatik bir şekilde tür tanımlamada kullanılmasına dayanmaktadır (Hebert ve Gregory, 2005). DNA barkodu terimi ilk kez Arnot vd (1993) tarafından kullanılmıştır.

DNA barkodlamanın potansiyel kullanıcıları sadece taksonomistler değildir. Bu yöntem adli bilimler, biyoteknoloji, gıda endüstrisi, hayvan besleme, genetik çeşitlilik ve tür ayrımı gibi birçok alanda kullanılabilecek bir araç olarak literatürdeki yerini almıştır (Keskin vd, 2012; Keskin ve Atar, 2013).

Türlere özgü DNA profillerini ortaya çıkaran DNA barkodlama yöntemi, temelde basit bir işleyiş mekanizmasına sahiptir. Buna göre, organizmaların genomlarının küçük parçalarındaki DNA dizisi farklılıklarının herhangi bir canlının tür seviyesinde tanımlanmasını sağlayacak biyolojik barkodlar olarak

kullanılabileceğidir. Böylece, tanımlanamayan türlerin DNA dizileri ile DNA barkod veri tabanlarındaki DNA dizilerinin eşleştirilmesi yöntemiyle bu türlerin tanımlanmasını sağlayacak evrensel bir tür teşhis anahtarı oluşturulması mümkün olmaktadır (Keskin ve Atar, 2013).

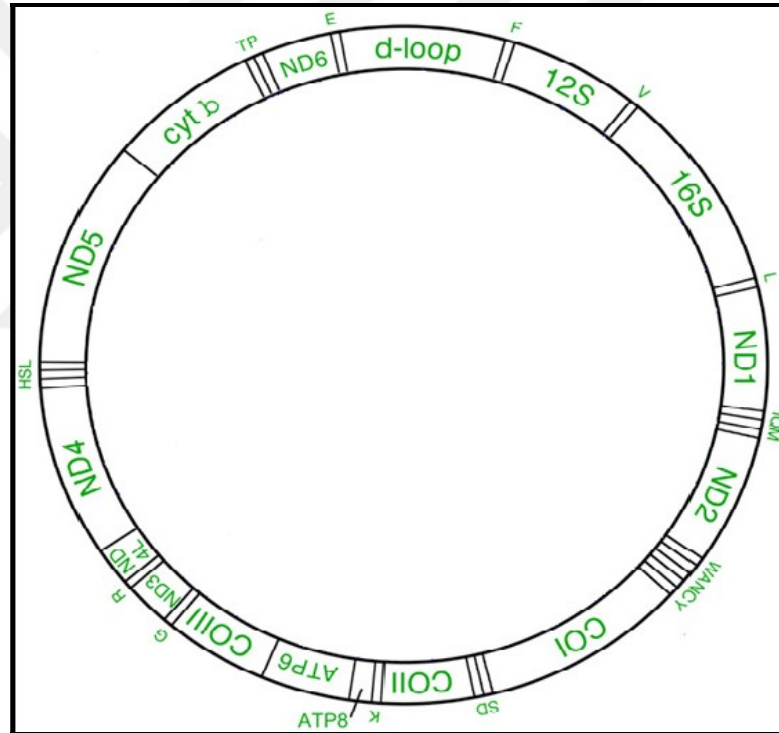
DNA barkodlama yönteminde de bazı zorluklar ile karşılaşılması muhtemeldir. Bu zorlukların başında heteroplazmi, hibridizasyon ve psödogenlerin mevcudiyetleri sıralanabilir.

1.2.6. mtDNA

Yirmi yıla yakın bir süredir DNA araştırmalarına karşı artan bir ilgi söz konusudur. Mitokondriyal DNA (mtDNA) ve nükleer DNA (nDNA) metotları (Jorstad vd, 1994; Bembo vd, 1996) ile tespit edilen genetik varyasyonun toplam miktarı, protein metotları ile tespit edilenden oldukça fazladır. Bunun başlıca sebebi DNA zincirinin doğrudan incelenmesidir (Turan, 2000). Birçok sebepten ötürü hayvan genomunun en fazla çalışılan kısmı mtDNA'dır (Wilson vd, 1985; Avise, 1986). mtDNA tabanlı PZR-RFLP ve sekans analizleri doğal populasyonların genetik varyasyonlarının belirlenmesini kolaylaştırır (Bernatchez vd, 1992). Populasyon çalışmalarında da genomun en çok çalışılan kısımlarından biri mtDNA'dır (Edmands vd, 1996; Carr ve Crutcher, 1998). mtDNA sekansı populasyonlar arası genetik farklılığı ve filogenetik ilişkileri belirlemek için ideal olan belirteçlerdir. Mitokondri, replikasyon, protein sentezi ve transkripsiyon için bir mekanizması olan ve kendi genomuna sahip yarı otonom bir organeldir (Saccone vd, 2000).

Mitokondrinin kendine ait 16.000-20.000 baz çifti uzunluğunda kapalı bir çember şeklinde DNA'sı bulunmaktadır. mtDNA, fiziksel olarak nükleer DNA'dan izole halde, hücre içerisinde bulunur. Mitokondri, balık yumurtalarında yaklaşık olarak 100.000 kopyaya sahip iken, sperm içerisinde 100 kadar kopyaya sahiptir. Spermde mevcut olan mitokondriler yumurtaya geçmezler; geçen mitokondrilerin ise kalıtsal materyalleri restriksiyon enzimleri tarafından parçalanarak yok edilir (Nishimura vd, 2006; Tayhan, 2014). Balık mtDNA genomu haploittir, bu sebeple de sadece anasal olan bir çeşit mtDNA içerir. Mevcut oluşan mtDNA rekombinasyona uğramaz. Bu durum mtDNA'nın diğerlerine göre daha kolay izole olmasını sağlar.

Hayvanlarda bulunan mtDNA, 22 tRNA, 2 rRNA, 13'ü protein ve 1 tane de kontrol bölgesi (D-loop) olarak adlandırılan 38 genden oluşan kapalı bir moleküldür (Wallace, 1986; Turan, 2000). Protein kodlayan genler NADH dehidrogenaz'ın 7 altbirimi, Sitokrom b, Sitokrom c oksidazın üç altbirimi ve ATP sentaz'ın iki altbirimi olarak sıralanmaktadır (Şekil 1.6) (Çiftci, 2006). Yaklaşık olarak 1 kb uzunluğunda olan kontrol bölgesi replikasyonun başladığı alandır. mtDNA'da genlerin düzeni genellikle sabittir; ancak gen organizasyonu bazı hayvan taksonlarını ayırabilir (Desjardins ve Morais, 1990).



mtDNA'nın efektif populasyon büyüklüğü nükleer kromozomlara göre $\frac{1}{4}$ oranında düşük olduğundan, genetik sürüklenmeye açıktır. Bununla birlikte mitokondri etkin DNA tamir mekanizmalarından yoksun olduğu için nükleer DNA'ya oranla daha fazla mutasyona sahiptir. Bu sebeple de tür üstü ve altı düzeylerde, gelecekteki ve atasal biyocoğrafik olayların hesaplanması için muhteşem

bir araç (Avise, 1994) ve stok ayrımı için kullanılan genetik belirteçlerin en güçlü kaynağı olduğu kanıtlanmıştır (Billington ve Hebert, 1991). Mitokondriyal DNA sadece anasal olarak kalıtıldığından, haplotiplerin de nükleotit çeşitliliği ve farklılığı (divergens) karşılaştırılarak, haplotiplerin filogenetik ilişkileri ilgili populasyonun filogenetiği ve filoğrafyası hakkında önemli bilgiler verir (Bardakçı ve Karataş, 2005). Mitokondriye ait ribozomal genler, türler ve hatta familya seviyesinde çalışmalarda kullanılmaktadır. Mitokondriyal genom otuzun üzerinde gene sahip olmasına rağmen, rekombinasyona sahip olmamalarından dolayı populasyon genetiği çalışmalarında tek lokus olarak kabul edilmektedir (Okumuş ve Çiftci, 2003).

Mitokondriyal genomun farklı bölgeleri farklı oranlarda ortaya çıktığından bu bölgeler belirli tip çalışmalar için hedeflenmiştir. Sitokrom b ve ND genlerinin populasyon düzeyinde farklılık gösterdiği rapor edildiğinden birçok türde çalışılmaktadır (Gilles vd, 1998; Sevilla vd, 2007; Sarmaşık vd, 2008; Rylková vd, 2013). Ayrıca D-loop (Kontrol Bölgesi) memelilerde yüksek oranda farklılıklar göstermesinden dolayı populasyon çalışmaları için tercih edilmesine rağmen, bu durum balıklar için geçerli değildir (Anonymous, 2007). Bütün mitokondriyal genler içerisinde, kontrol bölgesi en yüksek değişim oranına sahiptir. Kontrol bölgesinin evölüsyon oranı mitokondriyal protein kodlayan genlerin evölüsyon oranından 2-5 kat daha fazladır. D-loop bölgesinde yüksek oranda korunmuş sekans bölgeleri bulunmaktadır. Genellikle A-T'ce zengin bölgeler, D-loop'un her iki ucunda ve evrimsel olarak korunmuş merkezi bölgeler olarak bulunmaktadır. Korunmuş sekans blokları genellikle tüm hayvan mtDNA kontrol bölgelerinde tanımlanabilirler. Mutasyon burada çok hızlı biriktiğinden kontrol bölgesi çok yakın türler arası filogenetik ilişkisi ve populasyon seviyesi üzerine yapılan çalışmalarda tercih edilen bir molekül olarak değerlendirilmektedir (Çiftci, 2006).

Oldukça az bireye ihtiyaç duyduğu ve coğrafik bölgeler arasında çeşitli haplotiplerin kaynağını herhangi bir nüklear belirteçten daha hızlı bulacağından dolayı mtDNA özellikle kullanışlıdır (Maes vd, 2003). Mitokondriyal DNA varyasyonu, balık türlerinin stoklarını ayırmak ve düzenlemek amacıyla sağlıklı bir şekilde kullanılabilir (Grewe ve Hebert, 1988; Billington vd, 1992).

Son yıllarda mtDNA çalışmalarına karşı artan bir ilgi söz konusudur. Gerçekleştirilen çalışmalar ile hem populasyon hem de tür düzeyinde incelemeler yapılmıştır (Stepien ve Faber, 1998; Garber vd, 2001; Machordom ve Doadrio, 2001; Kotlik vd, 2004; Fayazi vd, 2006; Kalous vd, 2013; Krück vd, 2013; Jackson vd, 2014; Marić vd, 2014).

1.2.7. nDNA

Nüklear genom, kemikli balıklarda uzunlamasına yaklaşık 3-4 milyar baz çifti şeklindedir (Bembo vd, 1995). nDNA tekrarlı ve tekrarsız DNA'dan oluşur. Tekrarsız DNA toplam memeli genomunun %70'ini oluşturmaktadır; genomun diğer % 30'luk bölümü ise birkaç nükleotit tekrarına kadar olabilen ve genellikle genomun kodlama yapmayan bölgesinde görülen tekrarlı DNA'dan oluşur (Avisé vd, 1979; Turan, 2000). nDNA çeşitli özelliklerinden dolayı balıkların genetik yapılarının incelenmesinde kullanımını cazip hale getirmektedir. Tekrarlı kısa DNA zincirlerinin bulunduğu losiler kodlama yapmadıkları için, bu lokuslarda gözlenen varyasyon doğal seleksiyondan bağımsızdır. Bu durum, kodlama yapan losilere yakın veya bitişik olan losiler ve kodlama yapmayan losiler için gerekli olmayabilir. Yine az miktardaki kan veya alkolde muhafaza edilen diğer doku parçaları, DNA çalışmaları için yeterlidir. Bunun da ötesinde, böyle dokular balığı öldürmeden de temin edilebilir (Turan, 2000).

Günümüzde birçok bilim insanı çeşitli teknikler (intronların incelenmesi, tekrarlı sekans dizileri, nokta spesifik genler) kullanarak nüklear genomdaki sekans varyasyonlarını incelemeye çalışmaktadırlar. Balık türleri ve populasyonları çalışmalarında her ne kadar sınırlı sonuçların ortaya çıkmasına sebep olsa da nDNA kullanılarak gerçekleştirilmiş olan birçok çalışma da mevcuttur (Phillips ve Pleyte, 1991; Bernardi vd, 1993; Ruzzante vd, 1998; Domínguez- Domínguez vd, 2008).

1.3. Cyprinidae Familyası Hakkında Genel Bilgi

Jeolojik dönemler boyunca tatlısu balıkları çeşitli yolları izleyerek Anadolu'ya girmiştir. Özellikle Mezopotamya Bölgesi içsu balık faunasının türleşmesi için önemli bir merkez olmuştur (Por, 1989). Düşük tuzluluk isteğine sahip olan bu balık

faunası bu alandan kuzeye doğru Paratetis'e ve sonra batıya (Avrupa) ve doğuya (Batı Asya'ya) yayılmıştır (Por ve Dimentman, 1985). Birçok biyocoğrafyacıya göre gözlenen faunal değişimlerden dolayı Orta Doğu büyük bir coğrafik geçiş yoludur (Durand vd, 2002). Dağların oluşumu ve diğer bariyerler nedeniyle büyük bir çeşitlenme ortaya çıkmıştır (Bănărescu, 1990). Egeopotamus (bir zamanlar kara olan Ege Kalkanı üzerinden akan nehir) sayesinde, bir taraftan Avrupa kökenli birincil tatlısu hayvanları Anadolu'ya geçiş yaparken, diğer taraftan Güneydoğu Asya kökenli Cyprinidae üyeleri ve diğer birçok tatlısu canlıları Orta Avrupa'ya kadar yayılabilmişlerdir. Sazangil türleri Avrupa'ya eşit olarak dağılmamıştır. Sazangillerin Güney Avrupa'ya dağılımlarını açıklamak için iki farklı hipotez ileri sürülmüştür.

Bănărescu (1960), Sazangillerin Sibirya ve Avrupa'nın merkezinden mevcut nehir bölgeleri boyunca birbirlerinden bağımsız olarak Miyosen döneminin başında geldiklerini ileri sürmüştür. Bu senaryo, Avrupa kıtasının hidrolojik ve geotektonik gelişiminin uzun ve kademeli bir süreçte dağılımı etkilediğini önermektedir. Bu hipotezin aksine Bianco (1990); mevcut olan bu çeşitliliğin Bănărescu (1960)'nun aksine hızlı bir şekilde oluştuğunu ve Messinian'ın sonunda gerçekleştiğini savunmaktadır. O zaman sürecinde Akdeniz, Atlantik ile olan bağlantısının tamamiyle kapanmış olması sebebiyle buharlaşan bir havza konumundadır (Messinian Tuzluluk Krizi). Kurumuş olan Akdeniz Paratetis'ten boşalan tatlısu ile dolmuştur (Ketmaier vd, 2008). Akdeniz'in bu tatlısu evresi birçok tatlısu taksonunun yayılımlarının ana rotasını oluşturmaktadır ve bu durum Cebelitarık Boğazı'nın açılarak Atlantik sularının Akdeniz'e dolarak normal tuzluluk şartlarının yeniden sağlanmasıyla sona ermektedir. Bu sebeple birçok tatlısu taksonu izole olarak kalmıştır ve sazangillerde yüksek bir endemizm söz konusudur (Bianco, 1990).

Birincil tatlısu balıkları (Myers, 1938) tatlısu balıklarının tuzluluk toleranslarını dikkate almak suretiyle onları birincil, ikincil ve üçüncül türler olarak tanımlamıştır) denizleri geçemezler; dolayısıyla göç gerçekleştirmeleri oldukça sınırlıdır. Bu sebeple de Cyprinidae familyasının dağılımını doğrudan kara kütlelerinin coğrafik değişimi etkilemiştir (Durand vd, 2002). Buzul döneminde Ege Kalkanı'nın çökmesiyle (5-10 milyon yıl önce), Yunanistan ve Küçük Asya arasındaki faunal geçiş yolu da kapanmıştır. Asya türleri çok geç geldiği için Ege

Denizi'nden Avrupa Bölgesi'ne geçecek tatlısu rotası bulamamışlardır (Kosswig, 1955).

Bianco (1990)'ya göre Miyosen Periyodu devam ederken Paratetis Denizi'nin tuzluluğunda meydana gelen düşmeye bağlı olarak Türkiye'nin de içerisinde yer aldığı Palearktik Tatlısu Zoocoğrafik Bölgesi'ne özellikle sazangiller ve birincil tatlısu balıkları yayılmışlardır.

Sistematik tabanlı ve filogeni çalışmalarında en fazla tercih edilen balık familyası Cyprinidae (Sazangiller)'dir. Dünya genelinde en büyük tatlısu balık faunası Cyprinidae familyasına ait olup yaklaşık 200'ün üzerinde cinsi ve 2100 civarında türü vardır (He vd, 2008). Cyprinidae familyasının tatlısu ekosistemlerindeki rolleri oldukça önemlidir (Briolay vd, 1998). Akdeniz tatlısu balık faunasının oldukça büyük bir çoğunluğu Cyprinidae (Sazangiller) familyasına dahil edilmiştir (Bănărescu ve Coad, 1991; Kottelat ve Freyhof, 2007). Bu familya tatlısularda yaşayan en fazla türe sahip olan familyadır ve en büyük omurgalı sınıflarından bir tanesidir (Nelson, 2006).

Sazangiller akuakültür çalışmalarında, genetik ve fizyolojik çalışmalarda bir araç olarak kullanıldığı için bilim adamlarının ilgisini çekmektedir. Familyaya ait biyocoğrafya (Darlington, 1957), filocoğrafya (Avise, 1994; Toline ve Baker, 1995), morfolojik karakterlere dayalı sistematik (Chen vd, 1984; Winfield ve Nelson, 1991) çalışmaları ile birlikte türlerin koloni oluşturma zamanları ve sazangil cinsleri arasındaki ilişkiler saptanmaya çalışılmıştır. Familyanın en önemli özellikleri arasında farinks dişlerinin mevcudiyeti, bıyıklarının olup olmaması ve eğer varsa sayısı gelmektedir. Özellikle farinks dişleri familyanın belirlenmesinde yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Bu dişler genellikle yutak bölgesinde, 4. solungaç yaylarının gerisinde bulunan faringien üzerinde olup sıra, sayı ve şekilleri türlere göre büyük farklılıklar göstermektedir. Hava keseleri mevcut olup, daima bir boğumla iki loba ayrılmıştır (Geldiay ve Balık, 2007). Baş çıplak, vücut ise az çok büyük olan sikloid pullar ile örtülüdür. Ağız içerisinde maksillar dişler mevcut değildir. Bazı türlerde protraktil tipte ağız mevcuttur. Morfolojik karakterlere bakılarak taksonomistler çeşitli subfamilyaları da belirlemişlerdir. Gerçekleştirilen ilk çalışmalar ile Cyprinidae familyası bıyıklarının olup olmaması dikkate alınarak Cyprininae ve Leuciscinae subfamilyalarına ayrılmıştır. Cyprininae bıyıklarının

yapısı ve maksillanın sinirler ile donatılmış olmasına göre *Cyprinus-Barbus* ve *Tinca-Gobio* gruplarına ayrılmıştır (Winfield ve Nelson, 1991). Leuciscinae ise geçerlilikleri halen tartışılmaya devam etmekle birlikte Alburninae, Leuciscinae, Psilorhynchinae, Cultrinae ve Acheilognathinae subfamilyalarına ayrılmıştır (Gilles vd, 1998). Ancak bu subfamilyalar arasındaki ilişkiler araştırılmaya devam etmektedir.

Cyprinidae üyeleri oldukça yüksek bir ekolojik toleransa sahip olmaları sebebiyle biyocoğrafik çalışmalarda tercih edilmektedirler. Aynı zamanda Sazangillerin tür çeşitliliği halen tamamıyla ortaya çıkarılamamıştır. Bu sebeple hem morfometri hem de genetik çalışmalarda yoğun olarak kullanılmaktadırlar (Gilles vd, 1998; Durand vd, 2002; Li vd, 2007; Zheng vd, 2010; Bektaş vd, 2011; Özdemir, 2013; Rylková vd, 2013; Motamedi vd, 2014; Özdemir, 2015; Antal vd, 2016; Hedayati vd, 2016; Ren ve Mayden, 2016; Levin vd, 2017; Gandlin vd, 2017).

Türkiye’de Cyprinidae familyasına dahil 36 cins bulunmaktadır. Bahsi geçen cinsler içerisinde yer alan *Capoeta* ve *Barbus* ile ilgili sistematik çalışmalar, tür tanımlamalarında ciddi sıkıntılar olduğu için son yıllar içerisinde artış göstermiştir (Berrebi 1995; Turan vd 2004b; Turan 2008; Turan vd 2009; Motamedi 2010; Motamedi vd 2014; Özdemir 2015; Alwan vd 2016; Doadrio vd 2016; Ren ve Maylen 2016; Zareian vd 2016; Khaefi vd 2017; Ayata vd 2017).

1.4. *Barbus* Cinsi Hakkında Genel Bilgi

Barbus Cuvier ve Cloquet, 1816 cinsi Asya, Avrupa ve Afrika’da oldukça yaygın olan ve 1000’den fazla türü bulunan Sazangiller familyasının en baskın elemanlarından. Cinsin oldukça geniş bir dağılım alanı mevcuttur. Avrupa’da İspanya’dan Karadeniz’e ve kuzeyde Akdeniz’den Dinyeper Havzası’na kadar uzanır. Sadece Dalmaçya kıyılarında hiçbir *Barbus* türü mevcut değildir (Tsigenopoulos ve Berrebi, 2000). Myers (1961), *Barbus* cinsinin inanılmaz bir topluluğa sahip olduğunu belirtmiştir.

Bu cins türleşme ile ilgili olarak çok önemli bir modeldir. *Barbus* cinsi kendi içerisinde yüksek morfolojik esnekliğe sahiptir (Doadrio, 1990) ve cinsin türlerinin tanımlanmasını sınırlandıran farklı kromozom sayısına sahip türler bulunmaktadır

(Oellermann ve Skelton, 1990). Cins içerisinde diploid, tetraploid ve hekzaploid bireyler mevcuttur (Buonerba, 2010). Bu cinse dahil edilmiş olan türlerin büyük bir kısmını endemik türler oluşturmaktadır (Tsigenopoulos vd, 2003). *Barbus* cinsi osteolojik özellikleri köken alınarak öncelikle 2 soya veya altcinse ayrılmıştır (Doadrio, 1990); bunlar Kuzey Akdeniz ve Orta Doğu'daki türlerin de bir kısmını içine alan *Barbus* ile Iber Yarımadası, Kuzeybatı Afrika, Batı Asya ve Yunanistan' dan da iki türün (*B. albanicus* ve *B. graecus*) dahil edilmiş olduğu *Luciobarbus* Heckel, 1843'tur (Tsigenopoulos vd, 2003). Bu iki *Barbus* soyu çeşitli moleküler çalışmalar ile ortaya çıkarılmıştır (Zardoya ve Doadrio, 1999; Callejas ve Ochando, 2002; Tsigenopoulos ve Berrebi, 2000; Machordom ve Doadrio, 2001; Durand vd, 2002; Luca vd, 2008).

Barbus cinsine dahil türlerde vücut genellikle uzunca ve silindirik şekilli olup, küçük veya orta boydaki sikloid pullarla örtülmüştür. Burun çoğunlukla uzun yapılı ve sivri görünüştedir. Ağız ventral konumlu ve yarım ay şeklinde olup etrafında iyi gelişmiş etli dudaklar bulunur. Ağızda daima iki çift bıyık vardır ve farinks dişileri 3 sıralı olup genellikle 2.3.5-5.3.2 nadiren de 2.3.4-4.3.2 şeklinde dizilmişlerdir (Geldiay ve Balık, 2007). Dudaklar kalın ve papillalıdır. Bağırsak bölgesi kısadır ve periton gümüş rengi veya grimsidir (Şekil 1.7).

Barbus türleri genellikle hızlı, akıntılı ve temiz akarsuların “*Barbus Zonu*” denilen orta kesimlerinde küçük gruplar halinde yaşayan bir zemin balığıdır. Suların soğuk olduğu kış periyodunda derinlere çekilerek kış uykusuna yatarlar. Bu yüzden kışın bilhassa baraj göllerinde ağlarla fazla miktarda yakalanırlar (Uğurlu, 2006).

Çok sayıda tür ve alttürleri bulunan bu cinsin asıl vatanı Doğu Asya olmakla beraber, günümüzde bazı türleri Doğu Asya'dan Batı Avrupa'ya kadar uzanmakta ve hatta Afrika' ya da girmiş bulunmaktadır (Geldiay ve Balık, 2007).

Türkiye tatlısu kaynaklarında 12 farklı *Barbus* türünün (*Barbus barbulus*, *Barbus barbus*, *Barbus bergi*, *Barbus cyclolepis*, *Barbus ercisianus*, *Barbus lacerta*, *Barbus lorteti*, *Barbus niluferensis*, *Barbus oligolepis*, *Barbus pergamonensis*, *Barbus plebejus*, *Barbus tauricus*) yaşadığı bilinmektedir (Froese ve Pauly, 2017).

1.4.1. *Barbus tauricus* Kessler, 1877

Barbus tauricus Kessler, 1877, Türkiye kıyılarında Karadeniz'e dökülen irili ufaklı derelerde görülmektedir (Verep vd, 2006; Fricke vd, 2007; Kottelat ve Freyhof, 2007). Tür epiteti olan *tauricus*, Kırım Yarımadası'nın Eski Yunanca ve Latince'deki ismi olan Tauris ve Taurida'dan gelmektedir (Bănărescu ve Bogutskaya, 2003).

Türün sistematik konumunun belirlenmesi için gerçekleştirilen meristik sayımlar ile türün sistematik yeri belirlenmiştir. Türün diagnostik özellikleri;

DY= IV (7) 8

PY= I (14) 15-17

VY= II (7) 8 (9)

L.LAT= 53-65

AY= III 5

FD= 2.3.5-5.3.2

şeklindedir (Polat ve Uğurlu, 2011).



Şekil 1.7. *Barbus tauricus* Kessler, 1877

Türün vücudu fusiformdur. Baş uzun yapılı ve üst tarafı hafif kubbemsidir. Küçük olan gözler başın iyice gerisinde sayılır. Büyük, ventral konumlu, yarım ay görünümündeki ağızda bulunan dudaklar etlidir. Maksilla mandibuladan uzundur. Alt çenede ağızdan itibaren iyi gelişmiş bir lop bulunur. İki çift bıyığı vardır; bir çifti burun ucundan, bir çifti ağız köşelerinden çıkar. İki çift burun deliği vardır. Burun delikleri birbirine bitişiktir ve göze oldukça yakın konumdadır. Solungaç dikenleri kısa, kalın, sık dizilişlidir; uca doğru sivrilmez ve iç yüzeylerinde tırtıklar mevcuttur. Orta büyüklükte olan sikloid pullar baş ve yüzgeçler hariç vücudun her tarafını

örtmektedir (Polat ve Uğurlu, 2011). Dorsal yüzgeçleri yüksek yapılı değildir ve coğrafik varyasyon gösterebilir (Bănărescu ve Bogutskaya, 2003).

Kuru (2009)'a göre türün sistematik yeri aşağıda belirtilmiştir.

Alem: Animalia

Şube: Chordata

Grup II: Craniata

Alt Şube: Gnathostomata

Üst sınıf: Pisces

Sınıf: Osteichthyes

Altsınıf: Actinopterygii

Üsttakım: Teleostei

Takım: Cypriniformes

Alttakım: Cyprinoidei

Familya: Cyprinidae

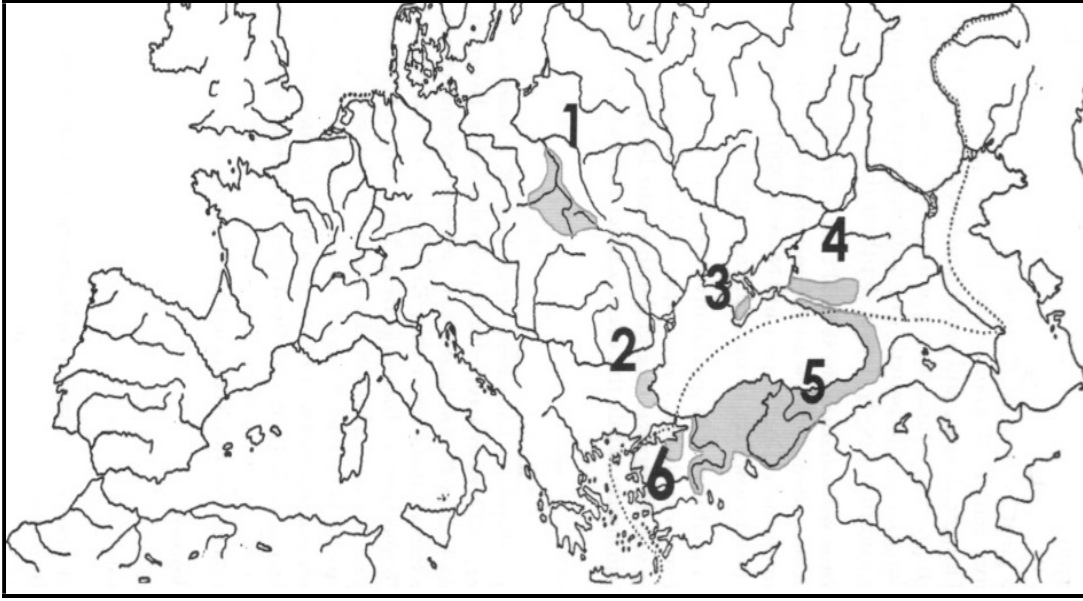
Altfamilya: Barbinae

Cins: *Barbus*

Tür: *Barbus tauricus* (Bıyıklı Balık)

Yumurtlama periyodu türlere göre az çok değişmekle beraber, genellikle Mayıs' tan Temmuz ortalarına kadar devam eder. Yumurtlama periyodunda özellikle erkeklerin başları üzerinde ve sırt kısımlarında küçük kabarcıklar belirir ve kaudal yüzgeç üzerindeki benekler de iyice soluk bir hal alır. Kuluçka süresi, suyun sıcaklığına bağlı olarak 1-2 hafta içerisinde değişmekle beraber 17-19 °C de 5-6 gün sürmektedir (Geldiay ve Balık, 2007).

Alttür isimlerinden olan *B. tauricus kubanicus* Kuban Nehri'nden ve diğer alttür isimleri olan *B. tauricus escherichii*, *B. tauricus bergi* ve *B. tauricus waleckii* de dünyaca bilinen ihtiyologlara Escherich, Berg ve Walecki'ye atfen verilmiştir (Bănărescu ve Bogutskaya, 2003). Kırım bıyıklı balığı olarak anılan *B. tauricus*'un doğal yayılım alanları Karadeniz ve Azak Denizi kıyılarında özellikle Ukrayna'da Kırım Yarımadası'ndadır. *Barbus tauricus*'un alttürlerine ait dağılım haritası Şekil 1.8' de gösterilmektedir.



Şekil 1.8. (1) *B. t. waleckii*, (2) *B. t. bergi*, (3) *B. t. tauricus*, (4) *B. t. kubanicus*, (5) *B. t. escherichii* (6) *B. t. oligolepis* alt türlerinin dağılımı (Bănărescu ve Bogutskaya, 2003)

1.5. Cyprinidae Familyası ile İlgili Gerçekleştirilmiş Morfometrik ve Moleküler Çalışmalar

Dünya çapında Cyprinidae familyası ve dahil olan türler ile ilgili gerçekleştirilmiş olan birçok morfometri ve moleküler çalışma mevcuttur. Bu familya hakkında en fazla araştırma yapılmış olan balık familyalarından birisi konumundadır. Aşağıda gerçekleştirilen çalışmalardan örnekler kronolojik olarak belirtilmiştir.

Brito vd (1997) Portekiz'deki tatlısularda yaşayan *Leuciscus* cinsine ait türlerin mitokondriyal DNA sitokrom b sekans verilerini kullanarak filogenetik ilişkilerini incelemişleridir.

Briolay vd (1998), Sazangiller familyasına dahil 29 balık türünün sitokrom b gen sekanslarını belirlemişler ve PHYLO_WIN, DNAPARS ve PHYLIP gibi analiz programlarını kullanarak moleküler düzeyde filogenetik ilişkilerini ortaya çıkarmışlardır.

Zardoya ve Doadrio (1999), Avrupa'da dağılım gösteren 106 sazangil taksonunun mitokondriyal sitokrom b geninin tam nükleotid sekanslarını gerçekleştirerek filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir.

Gilles vd (2001), mitokondriyal DNA'nın kontrol bölgesini kullanarak sekans analizlerini gerçekleştirerek Avrupa'da dağılım gösteren Cyprinidae türlerinin filogenetik ilişkilerini ortaya çıkarmışlardır.

Durand vd (2002), Orta Doğu'dan örneklenen 39 Cyprinid türünün mitokondriyal sitokrom b genini kullanarak filogenilerini ve biyocoğrafyalarını araştırmışlardır. Çalışmada aynı zamanda Afrika, Avrupa ve Asya'dan temin edilen örneklerde Orta Doğu türleri ile ilgili muhtemel akrabalık ilişkileri de incelenmiştir.

Sanjur vd (2003) Iber Yarımadası'ndan örnekledikleri *Squalius* cinsine dahil 14 türün mitokondriyal sitokrom b sekans verilerini kullanarak aralarındaki akrabalık ilişkilerini incelemişlerdir.

Tsigenopoulos vd (2003) çalışmalarında *Luciobarbus* türlerinin sitokrom b sekanslarını kullanarak filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir.

Memiş ve Kohlman (2006), *Cyprinus carpio* türünün mitokondriyal ND-3/4 ve ND-5/6 gen bölgelerinin RFLP yöntemi kullanılarak incelenmesi ve mikrosatellit çeşitlilikleri dikkate alarak genetik karakterizasyonunu gerçekleştirmişlerdir.

Samaee vd (2006), Güney Hazar Denizi'nden örnekledikleri *Capoeta capoeta gracilis* türüne ait morfometrik ölçüm değerlerini ve DNA analiz sonuçlarını kullanarak popülasyonları karşılaştırmışlardır.

Turan (2008), gerçekleştirmiş olduğu çalışmasında mitokondriyal 16S rDNA sekans verilerini kullanarak *Capoeta* genusunun moleküler sistematiklerini gerçekleştirmiştir.

Akbarzadeh vd (2009) Hazar Denizi'nde belirledikleri 4 farklı istasyondan örneklemiş oldukları *Sander lucioperca* türünün morfometrik özelliklerini Truss network yöntemini kullanarak incelemişlerdir.

Bagherian ve Rahmani (2009) çalışmalarında *Chalcarburnus chalcoides* türünün iki popülasyonunu Truss-Network yöntemi kullanarak morfolojik varyasyonlarını incelemişler ve ayrımlarını gerçekleştirmişlerdir.

Colli vd (2009), Cyprinidae'ye dahil olan 2 balık türü (*Phreatichthys andruzzii* ve *Garra barreimiae*)' nün mitokondriyal sitokrom b genlerinin sekans analizlerine dayanarak filogenetik ilişkilerini saptamışlardır.

Sakai vd (2009), Kazakistan'dan örneklemiş oldukları 3 farklı *Carassius* türünün mitokondriyal DNA ve morfolojik verilerini kullanarak stok ayırmalarını gerçekleştirmişlerdir.

Bektaş vd (2011), sistematikleri konusunda ciddi sıkıntılar mevcut olan *Capoeta* türlerinin 2 türünün genetik ayrımını mitokondriyal 16S rRNA genlerinin sekans çalışmaları sonucunda ortaya çıkarmışlardır.

Dhinakaran vd (2011) *Garra* cinsine ait 3 tatlısu türünün morfometrik (33 farklı ölçüm) ve genetik (total genomik DNA) varyasyonlarını incelemişlerdir.

Levin vd (2012) yaptıkları filogenetik çalışmada mitokondriyal gen bölgesi olan sitokrom b'yi kullanarak *Capoeta* ve *Luciobarbus* cinslerinin evrimsel filogenisini incelemişlerdir. *Capoeta*'nın 'Mezopotamya', 'Hazar-Aral Bölgesi' ve Anadolu-İran Bölgesi' olmak üzere 3 ana gruba ayrıldığını ileri sürmüşlerdir.

Bektaş vd (2013), Türkiye'deki *Rhodeus amarus* türünün sitokrom b sekans verilerini kullanarak Avrupa popülasyonları ile olan filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir.

Kalous vd (2013) çalışmalarında mtDNA sitokrom b sekansını baz alarak *Carassius langsdorfii* türünün Avrupa'daki dağılımını incelemişlerdir.

Özdemir (2013) doktora tez çalışmasında Türkiye'deki *Capoeta* (Teleostei: Cyprinidae) cinsine ait türlerin ve alttürlerin klasik ve moleküler sistematik yöntemleri kullanarak revizyonunu gerçekleştirmiştir.

Kohestan-Eskandari vd (2014), Hazar Denizi'nde belirledikleri 4 farklı istasyondan örnekledikleri *Rutilus kutum* türünün Truss-Network yöntemi ile morfolojik özelliklerini kullanarak popülasyon ayrımını gerçekleştirmişlerdir.

Telli ve Kence (2015), Türkiye'deki çeşitli kaynaklardan örneklenmiş olan *Pseudophoxinus* cinsine dahil türleri incelemişler ve hem genetik hem de moleküler çeşitliliklerini ortaya çıkarmışlardır.

Hedayati vd (2016) çalışmalarında İran'da bulunan Zagros Dağı Havzası'ndaki *Alburnus zagrosensis* (Coad, 2009) türünün 3 popülasyonu arasındaki morfometrik varyasyonları çok değişkenli analiz yöntemlerini kullanarak belirlemişlerdir.

Zheng vd (2016) gerçekleştirdikleri çalışmalarında Çin’de dağılım gösteren Cypriniformes takımına dahil türlerin mtDNA’ nın cyt b, COI, ND4 ve 16S rRNA gen bölgeleri kullanılarak moleküler filogeni ve sistematiklerini incelemişlerdir.

Levin vd (2017) elde etmiş oldukları mtDNA verilerini kullanarak farklı *Rutilus* türlerinin filogenik ve filocoğrafik özelliklerini inceleyerek Ponto-Hazar soylarının dünya çapında daha geniş bir dağılım sergilediklerini ortaya çıkarmışlardır. Ancak verilerinin desteklenmesi için nDNA belirteçlerinin ve morfometrik verilerin de kullanılmasının gerekli olduğunu önermişlerdir.

Shuli vd (2017) çalışmalarında Çin’in Wenlan Nehri’nden örneklemiş oldukları *Carassioides acuminatus* türünün tam mtDNA dizilimini elde etmişlerdir.

Turan vd (2017) yeni bir tür olarak *Squalius semae*’yi Fırat Havzası’ndan örneklemişlerdir. Araştırmacılar 28 metrik ve 5 meristik karakteri inceleyerek populasyonlar arasındaki farklılıkları belirlemişlerdir.

1.6. *Barbus* Cinsi İle İlgili Gerçekleştirilmiş Olan Morfometrik ve Moleküler Çalışmalar

Doadrio (1990), 25 farklı *Barbus* populasyonunu inceleyerek osteolojik özelliklerine ve sinapomorf karakterlerine göre filogenetik ilişkilerini belirlemiştir.

Berrebi (1995) gerçekleştirmiş olduğu çalışmasında allozim verilerini kullanarak *Barbus* cinsinin Kuzey Akdeniz Havza’larındaki türleşmesini ve türlerin ilişkilerini ortaya çıkarmıştır.

Karakousis vd (1995) allozim elektroforezi tekniğini kullanarak *Barbus peloponnesius* türünün Yunanistan’daki diğer *Barbus* türleriyle olan filogenetik ilişkilerini belirlemişlerdir.

Tsigenopoulos ve Berrebi (2000) sitokrom b sekans verilerini kullanarak Kuzey Akdeniz Havzası içerisinde yer alan *Barbus* türlerinin filogenetik ve biyocoğrafik ilişkilerini incelemişlerdir.

Kotlik ve Berrebi (2001), *Barbus barbus* türünün mitokondriyal DNA varyasyonlarını inceleyerek filocoğrafik ilişkilerini değerlendirmişlerdir.

Callejas ve Ochando (2002), RAPD yöntemini kullanarak İspanya’da bulunan *Barbus* cinsine dahil türlerin filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir.

Kotlík vd (2002), çalışmalarında 3 *Barbus* türünü hem morfometrik hem de mtDNA verilerini kullanarak incelemişlerdir. Yapılan çalışma ile *Barbus petenyi* yeniden tanımlanırken *Barbus balcanicus* ve *Barbus carpathicus* türleri yeni birer tür olarak bildirilmiştir.

Tsigenopoulos vd (2002a), Afrika’da dağılım gösteren *Barbus* cinsine dahil türleri mitokondriyal DNA verilerini incelemişlerdir ve filogenetik ilişkilerini ortaya çıkarmışlardır.

Tsigenopoulos vd (2002b), İtalya Yarımadası’ndaki ve komşu Adriyatik sularındaki 24 *Barbus* populasyonun genetik ilişkilerini allozim çalışmaları ve mitokondriyal DNA sitokrom b geninin sekans verilerini kullanarak incelemişlerdir.

Kotlík vd (2004), Karadeniz’e dökülen akarsulardan örneklemiş oldukları *Barbus* cinsine dahil türlerin sitokrom b sekanslarına dayanarak filocoğrafik özelliklerini araştırmışlardır.

Bobori vd (2006), Yunanistan sularından örneklemiş oldukları *Barbus albanicus* türünün bazı morfolojik ve biyolojik özelliklerini incelemişlerdir.

Verep vd (2006), çalışmalarında Rize ve Artvin yörelerinden temin edilen *Barbus tauricus* türünün morfometrik özelliklerini incelemişler ve aralarındaki benzerlik ve farklılıkları ortaya çıkarmışlardır.

Gante vd (2008) *Barbus* türlerinin hem populasyon hem de tür seviyesinde ayrımlarında kullanılabilecek sitokrom b primerlerini geliştirmişlerdir.

Schreiber (2009), Tuna Nehri ve ilişkili akarsularından örneklemiş oldukları *Barbus barbus* türünün allozimlerini çalışarak aralarındaki genetik ilişkilerini ortaya çıkarmıştır.

Marková vd (2010), Balkanlar’daki göllerden örneklemiş oldukları *Barbus* cinsine dahil türlerin nüklear ve mitokondriyal DNA verilerini kullanarak filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir.

Buonerba (2010), İtalya sularında yaşayan *Barbus* cinsine dahil türlerin mitokondriyal ve nükleer DNA gen bölgelerinin sekans sonuçlarına göre populasyon ayrımlarını gerçekleştirmiş ve filocoğrafik ilişkilerini incelemiştir.

Gante (2011), Akdeniz çevresinde bulunan tatlısu kaynaklarındaki *Barbus* genusuna dahil türlerin ayrımlarını moleküler verileri kullanarak gerçekleştirmiştir.

Osuka ve Mleva (2011) Kenya’da bulunan bir tatlısu rezervuarından örneklemiş oldukları 3 farklı *Barbus* türünden 19 morfometrik ölçüm almışlardır ve bu ölçüm değerlerini kullanarak türler arasındaki farklılıkları belirlemeye çalışmışlardır.

Kontaş (2012), yüksek lisans tez çalışmasında Ordu ilinin Aşağı Melet Irmağı’ndan örneklemiş olduğu *Barbus tauricus* türünün morfometri, yaş, büyüme ve otolit biyometri özelliklerini belirlemiştir.

Mwita (2013), Malagarasi ve Pangani nehirlerinden örneklemiş oldukları *Barbus jacksonii*, *B. paludinosus* ve *B. trimaculatus* türlerinin mitokondriyal DNA sitokrom b geninin sekans verilerini inceleyerek aralarındaki filogenetik ilişkileri ortaya çıkarmışlardır.

Motamedi vd (2014) İran’da bulunan tatlısu kaynaklarından örnekledikleri *Barbus* türlerinin morfometrik ve genetik veriler kullanılarak populasyon ayrımlarını gerçekleştirmişlerdir.

Darabi vd (2015) çalışmalarında *Barbus* cinsine ait iki türün mitokondriyal sekans verilerini kullanarak filogenetik ilişkilerini incelemişlerdir.

Ataç Şahin (2015) yüksek lisans tez çalışmasında Ordu ilinin Ilıca Deresi’nden örneklemiş oldukları *Barbus tauricus* türünün karyotip analizini gerçekleştirmiştir.

Antal vd (2016) çalışmalarında Tuna Nehri Havzası’ndaki *Barbus* türlerini hem morfometrik hem de moleküler seviyelerde inceleyerek filogenetik ilişkilerini ortaya çıkarmışlar ve yeni bir *Barbus* türü tanımlamışlardır.

Ren ve Mayden (2016), Afrika’da dağılım gösteren çift bıyıklı *Barbus* türlerini, Asya ve Afrika akrabaları ile ilişkili moleküler filogeni ve biyocoğrafya özelliklerini 2 mitokondriyal, 4 nükleer DNA gen bölgesi kullanarak incelemişlerdir.

Gandlin vd (2017) gerekleřtirmiř oldukları alıřmalarında *Barbus ciscaucasicus* Kessler, 1877 trnn daėılım alanını mtDNA verilerini kullanmak suretiyle gncellemiřlerdir. Azerbaycan'da bulunan Pirsaat Havzası'nın 100 km gneyine kadar olan kısmında trm mevcudiyetini belirlemiřler ve bu alanda bulunan rneklerin ana kollarda bulunan *Barbus* trlerinden genetik olarak izole olduklarını saptamıřlardır.



2. MATERYAL VE YÖNTEM

Bu çalışmada, Karadeniz Bölgesi kıyı şeridi boyunca bulunan bazı tatlısu kaynaklarında yaşamakta olan *Barbus tauricus* Kessler, 1877 türünün mtDNA ve nDNA analiz yöntemleri kullanılarak tür içi genetik çeşitliliğinin incelenmesi, fenotipik ve genetiksel farklılıklarının ortaya çıkarılması, morfometrik bazı ölçümlerin alınarak lokaliteler arasında kıyaslamaların gerçekleştirilerek farklılıkların tespit edilmesi amaçlanmıştır.

2.1. Arazi Çalışmaları

Barbus tauricus türü tatlısu balıkları içerisinde oldukça geniş dağılım alanına sahip olan türlerden birisidir. Çalışma sahasını ülkemizin Karadeniz Bölgesi kıyı şeridi boyunca belirlenmiş olan 8 farklı tatlısu kaynağı (Akçay Irmağı (Samsun), Engiz Deresi (Samsun), Terme Çayı (Samsun), Melet Irmağı (Ordu), Karadere (Trabzon), Solaklı Deresi (Trabzon), Karasu Nehri (Sakarya) ve Değirmenağzı Deresi (Düzce)) oluşturmaktadır. Örneklemeye çalışmaları 2014-2016 yılları arasında ilgili lokalitelerden gerçekleştirilmiştir (Şekil 2.1).

Örneklemeye işlemi gerçekleştirilirken ilgili lokaliteyi temsil edecek şekilde istasyonlar belirlenmiştir (Çizelge 2.1). Arazi ortamından örnek temin ederken dikkat edilmesi gerekli olan en önemli husus ilgili popülasyonu temsil edecek şekilde örnek alınmasıdır. Aynı türün ergin, juvenil, yavru bireylerinin mevcut olması örneklemeye esnasında önem taşımaktadır. Arazi çalışmaları esnasında örnek temin edilemediği zaman, muhtelif zaman dilimleri içerisinde örneklemeye tekrarlanmıştır. Ancak hiç örnek temin edilememesi durumunda ilgili lokalite çalışmadan çıkarılmıştır.

Karasu Nehri'nden örnek temin edilmesi aşamasında sıkıntılar ile karşılaşmıştır. Su seviyesinin oldukça yüksek oluşu ve zeminin balçık olması örnek teminini zorlaştırmıştır. Dolayısı ile bu alandan yeterince örnek temin edilememiştir.



Şekil 2.1. Örnekleme alanları

Çizelge 2.1. Örnekleme lokaliteleri ve yakalanacak örnek miktarları

Sıra No	Örnekleme Yeri	Bölge	Genetik Analizlerdeki Örnek Miktarı	Morfometrik Analizlerdeki Örnek Miktarı
1	Karasu Nehri	Sakarya-Batı Karadeniz	10	50
2	Değirmenağzı Deresi	Düzce-Batı Karadeniz	10	50
3	Engiz Çayı	Samsun-Orta Karadeniz	10	50
4	Terme Çayı	Samsun-Orta Karadeniz	10	50
5	Akçay	Samsun-Orta Karadeniz	10	50
6	Melet Irmağı	Ordu -Orta Karadeniz	10	50
7	Karadere	Trabzon-Doğu Karadeniz	10	50
8	Solaklı Deresi	Trabzon-Doğu Karadeniz	10	50

Örneklerin yakalanmasında akarsuların sığ bölgelerinde elektroşok, daha derin bölgelerinde ise serpm ve germe ağlar kullanılmıştır. Değirmenağzı (Düzce) Deresi ve Karasu Nehri’nde arazi çalışmaları gerçekleştirilirken yöre balıkçılarının ekipman ve işgücünden yararlanılmıştır.

Bir diğer örnekleme lokalitesi olan Melet Irmağı (Ordu)’ndan ise hiç örnek yakalanamamıştır. Tekrarlanan arazi çalışmalarında örnek temin edilememesinin en büyük sebebinin Melet Irmağı boyunca mevcut olan HES’lerin varlığı ve türün VU statüsünde olması olduğu düşünülmektedir. Bu sebeple ilgili lokalite çalışmadan çıkarılmıştır.

Arazi çalışmaları esnasında, bahsedilen lokalitelerde yaşayan *Barbus tauricus* türüne ait hem morfometrik hem de genetik çalışmalarda kullanılmak üzere toplamda 60’ar adet örnek temin edilmiştir. Yakalanan örneklerden 50 adedi morfometrik ve 10 adedi genetik çalışmalarda kullanılmak üzere ayrılmış ve ayrılan bu örneklerin 2-3 cm²’lik kuyruk yüzgeci dokusu makas yardımı ile kesilmiştir. Alınan doku örneği 1,5 ml’lik mikrosantrifüj tüplerde %98’lik etanol ilave edilerek saklanmıştır.

2.2. Laboratuvar Çalışmaları

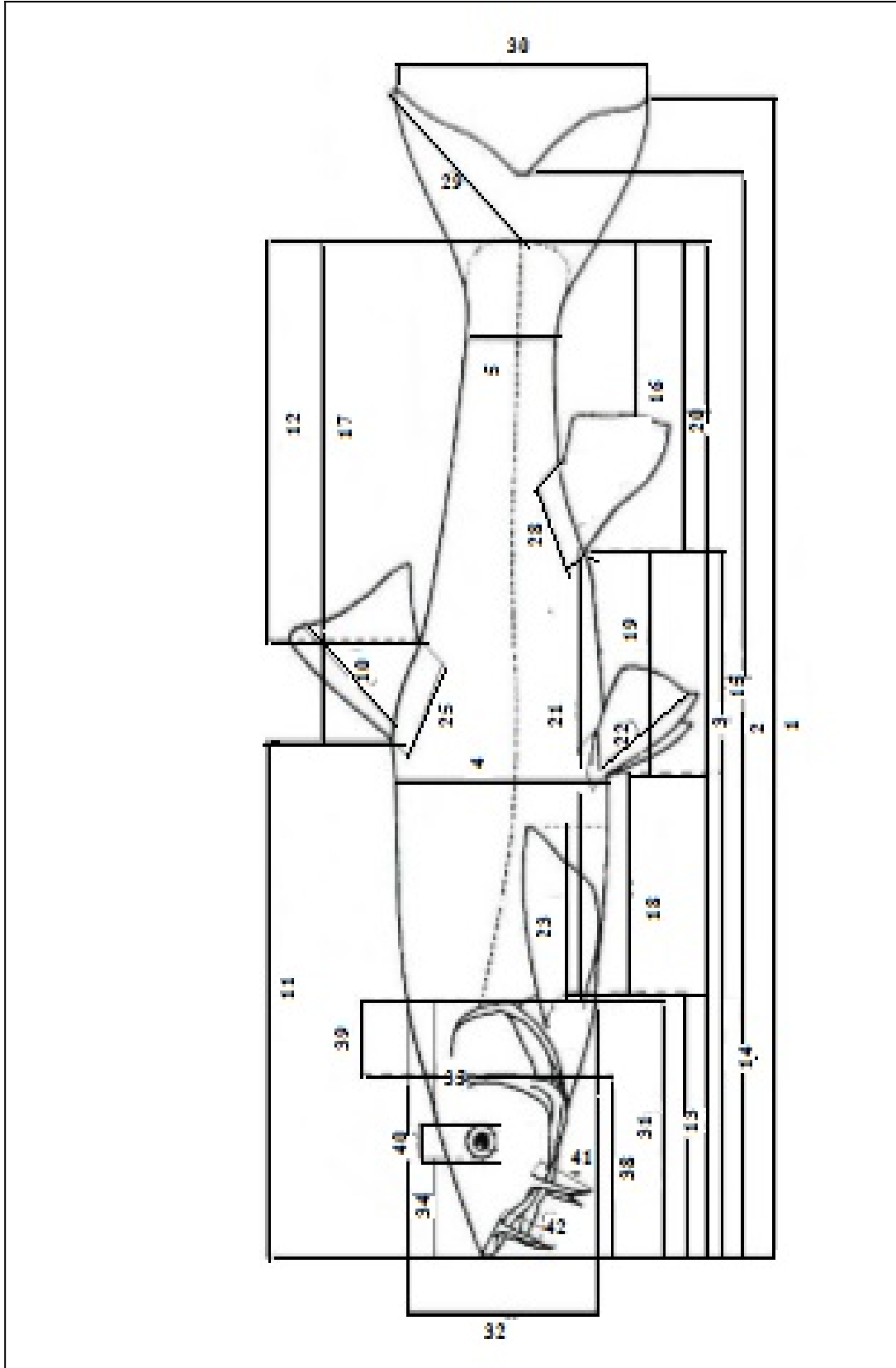
2.2.1. Morfometrik çalışmalar

Belirlenen lokalitelerden örneklenmiş olan *Barbus tauricus* bireyleri araziden buzlu saklama kapları içerisinde Ondokuz Mayıs Üniversitesi Biyoloji Bölümü İhtiyoloji Araştırma Laboratuvarı'na getirilmiştir. Öncelikle laboratuvara buzlu saklama kapları içerisinde getirilen örneklerin üzerlerindeki mukus tabakaları ve kirleticiler yikanarak temizlenmiş ve sistematik konumları ilgili tayin anahtarları kullanılmak suretiyle belirlenmiştir (Geldiay ve Balık, 2007; Polat ve Uğurlu, 2011). Örneklerin total, çatal ve standart boyları ölçülmüş (± 0.1 cm) ve ağırlıkları Pressicia marka terazi (± 0.01 g) ile tartılarak kaydedilmiştir.

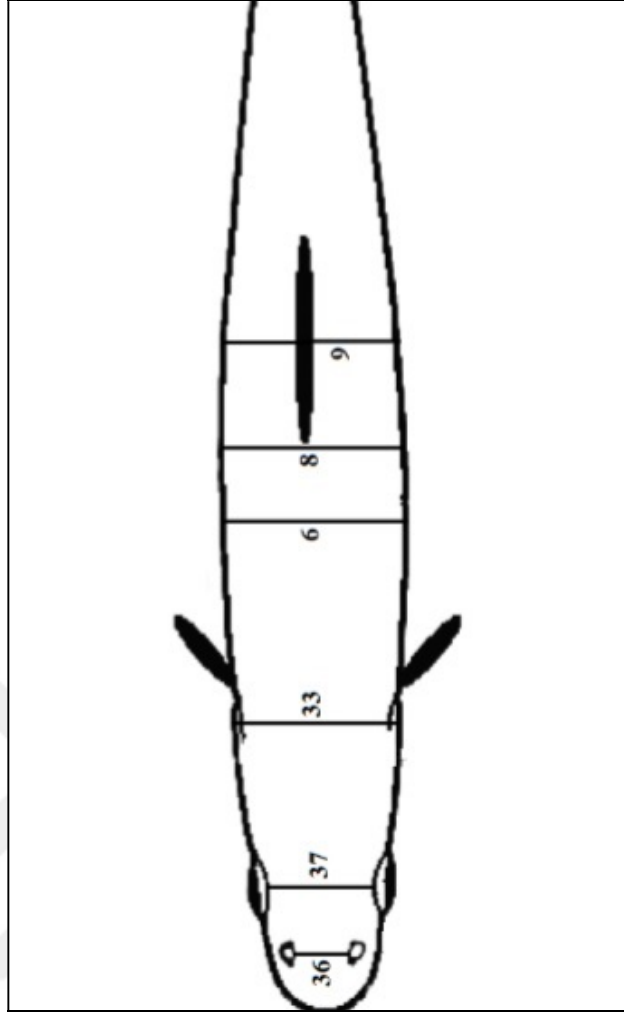
Barbus tauricus türünün diagnostik özellikleri belirlenmiş ve literatür taramaları sonucunda saptanmış olan morfometrik karakterleri (Baş yüksekliği, baş genişliği, baş boyu, predorsal uzunluk, postdorsal uzunluk, prepektoral uzunluk, postpektoral uzunluk, dorsal yüzgeç yüksekliği, dorsal yüzgeç uzunluğu, anal yüzgeç uzunluğu, pektoral yüzgeç uzunluğu, ventral yüzgeç uzunluğu, kaudal yüzgeç uzunluğu, kaudal yüzgeç yüksekliği, göz çapı, interorbital mesafe, preorbital mesafe, postorbital mesafe, internasal mesafe, anterior bıyık uzunluğu, posterior bıyık uzunluğu, burun uzunluğu, preoperkül mesafesi, dorsal-kaudal arası mesafe, pektoral-ventral arası mesafe, ventral-anal arası mesafe, anal-kaudal arası mesafe, kaudal pedünkül boyu, minimum vücut genişliği, maksimum vücut genişliği) dijital kumpas (± 0.01 mm) kullanılarak ölçülmüştür (Çizelge 2.2, Şekil 2.2-Şekil 2.3). Ölçüm değerleri daha önceden hazırlanmış olan formlara kaydedilmiştir. Ayrıca türün cinsiyet tayini makroskobik olarak gerçekleştirilmiştir.

Çizelge 2.2. Balıklarda kullanılan bazı morfometrik ölçümler (Kontaş, 2012'den uyarlanmıştır)

1. Total Boy (TB)	16. Kaudal pedünkül boyu (KPED)	31. Baş boyu (BB)
2. Çatal Boy (ÇB)	17. Dorsal- kaudal arası mesafe (D-K)	32. Baş yüksekliği (BY)
3. Standart Boy (SB)	18. Pektoral-ventral arası mesafe (P-V)	33. Baş genişliği (BG)
4. Maksimum vücut yüksekliği (MAKS)	19. Ventral-anal arası mesafe (V-A)	34. Preorbital mesafe (PreO)
5. Minimum vücut yüksekliği (MIN)	20. Anal-kaudal arası mesafe (A-K)	35. Postorbital mesafe (PostO)
6. Maksimum vücut genişliği (MVG)	21. Pektoral-anal arası mesafe (P-A)	36. İnter-nasal mesafe (İNM)
7. Minimum vücut genişliği (MnVG)	22. Ventral yüzgeç uzunluğu (VYU)	37. İnter-orbital mesafe (İOM)
8. Dorsal yüzgeç önünden vücut genişliği (DYÖ)	23. Pektoral yüzgeç uzunluğu (PYU)	38. Preoperkül mesafesi (PreOp)
9. Dorsal yüzgeç düzeyinde vücut genişliği (DYD)	24. Pektoral yüzgeç taban uzunluğu (PTU)	39. Operkül uzunluğu (OpU)
10. Dorsal yüzgeç uzunluğu (DYU)	25. Dorsal yüzgeç taban uzunluğu (DTU)	40. Göz çapı (GÇ)
11. Predorsal mesafe (PreD)	26. Ventral yüzgeç taban uzunluğu (VTU)	41. Pupil (göz bebeği) çapı (PÇ)
12. Postdorsal mesafe (PostD)	27. Anal yüzgeç uzunluğu (AYU)	42. Rostral barbel uzunluğu (RB)
13. Prepektoral mesafe (PreP)	28. Anal yüzgeç taban uzunluğu (ATU)	43. Mandibular barbel uzunluğu (MB)
14. Preventral mesafe (PreV)	29. Kaudal yüzgeç uzunluğu (KYU)	
15. Preanal mesafe (PreA)	30. Kaudal yüzgeç yüksekliği (KYY)	



Şekil 2.2. Ölçümü yapılan vücut kısımları (İlhan, 2006 ve Konaş, 2012’den düzenlenmiştir)



Şekil 2.3. Ölçümü yapılan vücut genişliklerinden bazıları (İlhan, 2006 ve Kontaş, 2012'den düzenlenmiştir)

2.2.2. Moleküler çalışmalar

Genetik çalışmalar için her lokaliteden örneklenmiş olan 10'ar adet örneğin kaudal yüzgeç dokularından DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir (Genetik analizlerde toplamda 50 adet örnek kullanılmıştır). *Barbus tauricus* türünün hem morfometrik hem de moleküler veriler kullanılarak sistematik konumunun doğrulanması, tür içi varyasyonların tespit edilmesi ve filogenetik ilişkilerinin belirlenmesi adına mtDNA cyt b ve D-loop gen bölgeleri ile nDNA'nın RAG1 gen bölgesinin sekans analizleri gerçekleştirilmiştir. mtDNA sekansı populasyonlar arası genetik farklılığı ve filogenetik ilişkileri belirlemek için ideal olan belirteçlerdir. nDNA moleküler çalışmalarda mtDNA verilerinin doğrulanması adına kullanılan en önemli belirteçlerdendir.

2.2.2.1. Toplam DNA'nın eldesi

DNA izolasyonu %98'lik etanolde saklanan örneklerin kaudal yüzgeç dokularından gerçekleştirilmiştir. Toplam DNA'nın ekstraksiyonunda INVITROGEN, PureLink™ Genomic DNA Mini ticari kiti kullanılmıştır. Total DNA yaklaşık olarak 15-20 mg (klasik yöntem için 100-200 mg) olarak belirlenmiş olan kaudal yüzgeç dokusundan izole edilmiştir. Bu şekilde çok kısa sürede çok fazla sayıda örnekten DNA izolasyonu sağlanmıştır. Kaliteli ve optimum DNA eldesi için yaklaşık olarak 2 mm³ büyüklüğünde 15–20 mg doku örneği kullanılmıştır. Küçük parçalara bölünmüş doku örneği 1,5–2,0 ml' lik eppendorf tüpe konulmadan önce kağıt mendil üzerinde 1–2 dakika bekletilerek etanolün uçması beklenmiş, daha sonra eppendorf tüpe lysis solüsyonu, proteinaz K ve RNaz A (100 mg/ml) konularak, 55 °C'de en az 3 saat sarsaklı su banyosunda inkübe edilerek homojenizasyon işlemi yapılmıştır. Homojenize olmuş örnek mini spin kolon içinde kısa süreli santrifüj edilerek DNA'nın seçici membrana yapışması sağlanmıştır ve kontaminantlar yıkama solüsyonları ile uzaklaştırılmıştır. Son olarak TE (pH 8,0) tampon ile santrifüj işlemi yapılarak DNA'yı içeren sulu solüsyon elde edilmiştir. Pelet halindeki DNA çözöldükten sonra spektrofotometrik olarak konsantrasyonu belirlenmiştir ve agaroz jelde bütünlüğü kontrol edilmiştir. Miktarı ve kalitesi kontrol edilmiş DNA örnekleri -20 °C'de saklanmıştır.

2.2.2.2. mtDNA ve nDNA dizi analizi

Mitokondriyal gen bölgelerinin çoğaltılmasında doku örneklerinden elde edilmiş total DNA kullanılmıştır. Mitokondriyal DNA'nın farklı bölgeleri (Cyt b ve D-loop bölgesi) ve nüklear DNA'nın RAG 1 gen bölgesi PZR ile çoğaltılmıştır. PZR ile çoğaltımda reaksiyon başına kullanılacak DNA kalıp miktarı, MgCl₂, primer ve dNTP konsantrasyonları optimize edilmiştir. Tür için literatür doğrultusunda belirlenmiş primer dizileri kullanılmıştır (Çizelge 2.3). PZR tamamlandıktan sonra, çoğaltım ürünleri agaroz jelde ayrıştırılmıştır. Jelden veya PCR ürününden, Qiagen ve/veya Promega saflaştırma kiti kullanılarak saflaştırılan kalıp DNA'ların nükleotid dizileri özel/ticari laboratuvarı ABI 3730xl (96 Capillary) gibi otomatik dizi analiz sistemleri kullanılarak belirlenmiştir. Tanımlanan tüm diziler Gen Bankasında var olan dizilerle karşılaştırılarak aralarındaki benzerlik oranları ortaya çıkarılmıştır.

Çizelge 2.3. Çalışmada kullanılan mtDNA segmentleri ve primer sekansları

mtDNA ve nDNA Gen Bölgeleri		Primerler	Kaynaklar
Cyt b	PZR Amplifikasyonu	F-5-GAAGAACCACCGTTGTTATTC-3 R-5-GATCTTCGGATTACAAGACC-3	Kotlik vd, 2008
	Sekans için (internal)	F- 5'-TCT TCG CAT TTC ACT TC-3' R- 5'-AAA ATA GCA TAG GCAAAT A-3'	Marková vd, 2010
D-loop		F-5'-CATCGGTCTTGTAATCCGAAG AT-3' R-5'-GTTTCGGGGTTTGACAAGGATA-3'	Gilles vd, 2001
RAG1		F5'-CTGAGCTGCAGTCAGTACCATAAGATGT-3'	López vd, 2004 (akt; Chen vd, 2008)
		R 5'-AATACTTGGAGGTGTAGAGCCAGT-3'	Chen vd, 2007

2.2.2.3. PCR protokolü

Çalışmada mtDNA Cyt b ve D-loop ile nDNA RAG 1 gen bölgelerinin ilgili primerler kullanılarak çoğaltılması işleminde kullanılan PCR protokolleri aşağıdaki çizelgelerde belirtilmiştir. PCR protokollerinin belirlenmesinde literatür taramaları yapılmış ve uygun sıcaklık aralıklarının belirlenmesi için farklı denemeler gerçekleştirilmiştir (Çizelge 2.4-2.6).

Çizelge 2.4. Cyt b gen bölgesi için uygulanan PCR protokolü

Reaksiyon Aşamaları	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü
Başlangıç Denatürasyonu	95	240 sn	1
Denatürasyon	95	30 sn	35
Bağlanma	50	30 sn	
Uzama	72	90 sn	
Son Uzama	72	300 sn	1
Saklama	4	∞	

Çizelge 2.5. D-loop gen bölgesi için uygulanan PCR protokolü

Reaksiyon Aşamaları	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü
Başlangıç Denatürasyonu	92	60 sn	1
Denatürasyon	92	15 sn	35
Bağlanma	51	45 sn	
Uzama	72	150 sn	
Son Uzama	72	420 sn	1
Saklama	4	∞	

Çizelge 2.6. RAG 1 gen bölgesi için uygulanan PCR protokolü

Reaksiyon Aşamaları	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü
Başlangıç Denatürasyonu	95	240 sn	1
Denatürasyon	95	40 sn	35
Bağlanma	53	40 sn	
Uzama	72	90 sn	
Son Uzama	72	420 sn	1
Saklama	4	∞	

2.3. Veri Analizleri

2.3.1. Morfometrik verilerin analizi

Yakalanan örneklerden alınan morfometrik ölçüm değerleri ilgili formlara kaydedilmiştir. Örneklerle ait morfometrik ölçümler değerlendirilirken boyut farklılıklarından kaynaklanabilecek olan hataları en aza indirmek için Elliot ve diğerleri (1995)'nin önermiş oldukları formül düzenlenerek kullanılmıştır. Böylelikle tüm morfometrik ölçümler için standardın sağlanması amaçlanmıştır. Bu formül:

$$M_{adj} = M (L_s/L_0)^b \quad (2.1)$$

M: Orijinal Ölçüm Değeri

M_{adj}: Boyut Uyarlanmış Ölçüm

L_s: Tüm Örneklerin Ortalama Total Boyları

L₀: Balığın Total Boyu

b: Tüm örnekler kullanılarak orijinal ölçümlerin total boy ile olan ilişkilerinin regresyon eğrisinden hesaplanmış olan parametre

Vücudun gövde ve kuyruk kısımlarının morfometrik değerleri total boya, baş kısmından ölçülen karakterler ise baş boyuna oranlanmıştır. Vücut ölçümleri kuvvetli

bir şekilde boyut ile ilişkili iken meristik karakterler boyut ile değişiklik göstermez (Strauss, 1985). Bu sebeple tür içi varyasyonların belirlenmesinde metrik ve meristik karakterler birlikte değerlendirilmektedirler.

Ortalama, standart sapma, standart hata değerleri, önemlilik düzeyleri ve varyans katsayısı değerleri SPSS paket programı kullanılarak belirlenmiştir. Varyans katsayısı;

$$\%VK = \frac{S.S}{\bar{X}} 100 \quad (2.2)$$

şeklinde olup burada VK, Varyasyon Katsayısını; S.S, Standart Sapmayı ve $\bar{X}$, Aritmetik Ortalamayı ifade etmektedir.

Farklı lokalitelerden elde edilmiş olan örneklerin değerlendirilmelerine başlanılmadan önce tüm verilerin normal dağılıma uyup uymadıkları Kolmogorov-Smirnov testi ile test edilmiştir. Ayrıca dişi ve erkek bireyler arasında fark olup olmadığı da iki örneklem t testi ile belirlenmiştir. İstatistiksel değerlendirmelerde önem düzeyi $P = 0.05$ olarak alınmıştır.

Barbus tauricus'a ait morfometrik karakterlerin total boy ile olan regresyon denklemleri ve korelasyon katsayıları her bir lokalite için ayrı ayrı hesaplanmıştır.

Verilerin değerlendirilmesi aşamasında Çok Değişkenli Analiz Yöntemleri kullanılmıştır. Morfolojik varyasyon çok değişkenli gözlemler göz önünde bulundurularak analiz edilmelidir. Çünkü populasyon çalışmalarında kullanılan tek değişken yaklaşımı değişkenlerin birlikte olan etkilerini hesaba katmamaktadır (Misra ve Carscadden, 1987; Bowering, 1988; Murta, 2000). Belirli bir morfometrik karakterin genetik bir temelini olmadığı bilinmediği sürece, morfoloji en iyi şekilde çok değişkenli analiz teknikleriyle tanımlanmaktadır (Thorpe ve Leamy, 1983). Multivaryant yaklaşımda, morfolojinin iki bağımsız bileşene sahip olduğu göz önünde bulundurulmaktadır. Bunlar boyut ve şekildir (Bookstein vd, 1985). Boyutlarda meydana gelen coğrafik varyasyon genellikle allometrik analizler ile değerlendirilmektedir ve bu durum büyüme ve gelişim arasındaki ilişkileri açıklığa kavuşturmak için bir yöntem sağlamaktadır (Blackstone, 1987; Klingenberg, 1996). Morfometri çalışmalarında boyuta dayalı farklılıkların ortamdaki kaldırılması ilk

basamağı oluşturmaktadır. İkinci aşamada ise verilerin doğru yöntemler kullanılarak değerlendirilmesi gelmektedir.

Bu sebeple elde edilen ölçüm değerleri üzerinden verilerin değerlendirilmesinde Temel Bileşenler Analizi (PCA), Ayrım Analiz (DA) ve Kümeleme Analizi (CA) gibi analizler gerçekleştirilmiştir. Temel Bileşen Analizi (PCA) ve faktör analizi varyasyonun şeklini araştırmak ve tarif etmek; Ayrım Analizi (DA), taksonları ayırt etmek ve farklılıklarını tahmin etmek ve Kümeleme Analizi (CA), ise hiyerarşik evrimsel ırklar olarak yorumlanan organizmalar kümesinin oluşturulması için kullanılmaktadır.

Çok değişkenli istatistiksel analizlerde, n tane bireye (nesne) ilişkin p tane değişken (özellik) birlikte incelenmektedir. Bu özelliklerden birçoğunun birbiriyle ilişkili (bağımlı) ve p sayısının çok büyük olması klasik istatistik analiz yöntemlerinde istatistiksel birtakım hataların ortaya çıkmasına sebep olmaktadır. Ayrıca, çok sayıda değişkenle çalışmak, işlem yükünü arttıracak ve elde edilecek sonuçların yorumunda bazı güçlüklerle neden olacağı için istenen bir durum değildir. Bilgisayar olanaklarının ve istatistik paket programlarının çok geliştiği günümüzde işlem yükü çok sorun görülmesine de, çok sayıda değişkene ilişkin analiz sonuçlarının yorumlanması ve özetlenmesi gerçekten zor olabilmektedir. Böyle durumlarda, çok değişkenli istatistik yöntemlerine başvurulmaktadır (Tatlídil, 1996).

Türün lokaliteler arasındaki morfometrik farklılıkların belirlenmesi adına PRIMER 5.0, SPSS 21.0, Excel, Biodiversity Pro, PAST 3.0 ve Minitab 15.0 gibi istatistiksel veri analiz paket programları kullanılmıştır.

2.3.2. Genetik verilerin analizi

2.3.2.1. Dizin hizalama ve filogenetik analizler

Mitokondriyal ve nükleer DNA dizi verilerinin geçerliliğini kontrol etmek için her iki yönde de dizin analizi yapılmıştır. Bireylere ait sitokrom b, D-loop ve RAG 1 dizi dosyaları GenBank verileri ile BioEdit (Hall, 1999) içindeki Clustal W (Thompson vd, 1994) modülü kullanılarak hizalanmıştır. mtDNA ve nDNA gen bölgelerine ait sekansların ilk mukayesesi BioEdit (Hall, 1999), Geneous, MEGA7 ve ChromasPro

programları yardımıyla daha önceden GenBank veri tabanına girilen ilgili sekanslara karşılık yapılmıştır.

Baz dizilerinin gerekli formatlara dönüştürülmesi Clustal W (Thompson vd, 1994) programı ve ağaç dosyalarını görüntülemek için TreeView programı kullanılmıştır. Elde edilen Sitokrom b, D-loop ve RAG 1 genlerine ait DNA baz dizileri önce Nexus (Maddison, 1997) formatına dönüştürülmüştür ve SplitsTree programı ile tür içi varyasyonu gösteren bir ağ oluşturulmuştur. Elde edilen mitokondriyal ve nüklear genlerin haplotip ve nükleotit çeşitliliği ile ilgili istatistikler, % A-T analizi, korunmuş bölgelerin analizi, değişken bölgelerin analizi, parsimonik bilgi verici baz pozisyonları (Pi) analizi ve transisyon/transversiyon oranı (R) DnaSP 3.15 (Rozas ve Rozas, 1999) programı kullanılarak belirlenmiştir. Sekans verilerinin değerlendirilmesinde ayrıca MEGA (Kumar vd, 2004), PAUP (Swofford, 2003), PHYLIP (Felsenstein, 1993)'le bağlantılı olarak kullanmıştır. Populasyon yapısının belirlenmesine yönelik analizler, Arlequin versiyon 2.0 (Schneider vd, 2000) programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Tür içi genetik farklılaşma, grupların önemi, populasyon yapısı, haplotiplerin populasyonlara dağılımı, belirlenecek haplotipler arasındaki mutasyon miktarını dikkate alarak Arlequin (AMOVA, Excoffier vd, 1992)'de kullanılan moleküler varyans analizi yaklaşımı ve F istatistik (Wright, 1951) seçenekleri kullanılarak test edilmiştir.

Filogenetik analizler öncesinde veri seti için en uygun baz değişim modelinin belirlenmesi için jModel Test v.0.1 (Posada, 2008) programı kullanılarak Akaike Information Criterion (AIC: Akaike, 1974) ve Bayesian Information Criterion (BIC) analizleri yapılmıştır. Türler arasındaki filogenetik ilişkilerin belirlenmesi için Neighbor-Joining (NJ: Saitou ve Nei, 1987), Maksimum Parsimony ve Maksimum Likelihood (ML) olmak üzere üç farklı algoritma kullanılmıştır. NJ analizleri PAUP 4.0b10 (Swofford, 2003) programı kullanılarak, AIC ve BIC analizleri sonucu elde edilen tüm baz değişim modelleri için yapılmıştır. Oluşturulan filogenetik ağaçların güvenilirliklerini belirlemek amacıyla 10.000 tekerrürlü olmak üzere Bootstrap analizleri yapılarak ve %50'nin üzerinde desteklenen düğümler için Bootstrap değerleri ağaçlar üzerinde gösterilmiştir.

Maksimum-Likelihood analizi PYHML v.3.0 (Guindon ve Gascuel, 2003) programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Analizler AIC ve BIC testleri kullanılarak belirlenen baz değişim modellerinin her birisi için ayrı ayrı yapılmıştır. Bootstrap analizleri yine aynı program kullanılarak 1000 tekerrürlü olarak gerçekleştirilmiş ve elde edilen Bootstrap ağaçlarının konsensus ağacı PHILIP v.3.68 programı içerisindeki Consense opsiyonu kullanılarak oluşturulmuştur.

Maksimum Parsimony analizi de benzer şekilde PAUP 4.0b10 (Swofford, 2003) programı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Analizler heuristik araştırma metodu, Branch-Swapping ve Tree-Bisection-Connection algoritmaları kullanılarak rastgele 10 tekrarlı olarak yapılmıştır. Uzunlukları, Consistency indeksleri (CI), Retention indeksleri (RI) ve Homoplasy indeksleri (HI) eşit olan birden fazla en kısa ağaç elde edildiğinde, bu ağaçların strict ve %50 majority rule konsensus ağaçları yine aynı program kullanılarak elde edilmiştir. Elde edilen ağaçların istatistiksel güvenilirliğini belirlemek için yukarıda belirtilen algoritmalar kullanılarak 1000 tekerrürlü Bootstrap analizi yapılarak ve yine aynı program ile Bootstrap strict konsensus ağacı elde edilmiştir. Ağaçlar üzerinde %50'nin üzerinde desteklenen düğümler için Bootstrap değerleri gösterilmiştir.

Haplotipler arasındaki ilişkilerin belirlenmesinde bir başka yaklaşım olarak SplitsTree programı kullanılarak yapılmıştır. Bu analizler için, GenBank veritabanındaki yakın ilgili balık grubu üyesi (*Cyprinus carpio* L., 1758) dış grup olarak kullanılmıştır.



3. BULGULAR

3.1. Morfometrik Bulgular

Gerçekleştirilen arazi çalışmaları sonucunda yakalan örnekler Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü İhtiyoloji Araştırma Laboratuvarına getirilmiştir. Örneklerin Total Boy (TB), Çatal Boy (ÇB) ve Standart Boy (SB) değerleri ölçüm tahtası (0.1 cm); diğer ölçüm değerleri (Baş yüksekliği (BY), baş boyu (BB), predorsal uzunluk (PreDU), postdorsal uzunluk (PostDU), prepektoral uzunluk (PrePU), postpektoral uzunluk (PostPU), dorsal yüzgeç yüksekliği (DYY), dorsal yüzgeç uzunluğu (DYU), anal yüzgeç uzunluğu (AYU), pektoral yüzgeç uzunluğu (PYU), ventral yüzgeç uzunluğu (VYU), kaudal yüzgeç uzunluğu (KYU), kaudal yüzgeç yüksekliği (KYY), göz çapı (GÇ), interorbital mesafe (InterOM), preorbital mesafe (PreOM), postorbital mesafe (PostOM), internasal mesafe (InterNM), anterior bıyık uzunluğu (ABU), posterior bıyık uzunluğu (PBU), burun uzunluğu (BU), preoperkül mesafesi (PreOPM), dorsal-kaudal arası mesafe (D-K), pektoral-ventral arası mesafe (P-V), ventral-anal arası mesafe (V-A), anal-kaudal arası mesafe (A-K), kaudal pedünkül boyu (KPED), minimum vücut genişliği (MIN), maksimum vücut genişliği (MAKS)) dijital kumpas (0.001 mm) kullanılarak ölçülmüştür.

Ayrıca tüm örneklerin cinsiyet tayinleri makroskobik olarak belirlenmiştir. *Barbus tauricus* türünün erkek ve dişi bireylerinin gonadları çift lobludur. Erkek bireye ait gonadlar beyaz renkli iken, dişi gonadları kırmızı ve kan damarlarınca zengin bir yapıya sahiptir (Şekil 3.1). Bıyıklı balık; nisan başlarında suların ısınmaya başlamasıyla, yumurtlamak için akarsuların daha sığ olan yukarı kısımlarına göç etmektedir. Tüm lokalitelerde dişi ve erkek bireyler arasında morfometrik veriler açısından istatistiksel manada bir farklılık olmadığı gerçekleştirilen analizler ile belirlenmiştir ($P>0.05$). Bu sebeple istatistiksel analizler dişi ve erkek bireyler için ayrı ayrı değil populasyon genelinde yapılmıştır.



Şekil 3.1. *Barbus tauricus* türü örneklerinin cinsiyet durumları (a) Dişi Birey, (b) Erkek Birey

Karadere (Trabzon)’den yakalan örneklerin 28 adedi erkek, 22 adedi ise dişi bireydir. Örneklerin total boyları 10.8 cm ile 26.1 cm arasında değişmektedir. Örneklerin ağırlık değerleri de 15.10-154.30 g arasındadır. Karadere örneklerinin ortalama total boyları 15.2680 cm olarak belirlenmiştir (Çizelge 3.1).

Solaklı (Trabzon)’dan elde edilen 50 örneğin 22 adedi erkek, 28 adedi ise dişi bireyler olarak tespit edilmiştir. Solaklı örneklerinin minimum total boyları 13.10 cm ve maksimum boyları ise 19.20 cm olarak ölçülmüştür. Örneklerin ortalama ağırlık değerleri ise 19.78-73.29 g arasında değişmektedir (Çizelge 3.2).

Terme Çayı (Samsun)’dan yakalanmış olan 55 adet örneğin total boyları 7.5-24.20 cm, ağırlıkları ise 3.86-122.08 g arasında değişiklik göstermektedir. Yakalanan

örneklerin ortalama total boyları 12.3509 cm'dir (Çizelge 3.3). Örneklerin 38 adedini erkek bireyler, 17 adedini ise dişi bireyler oluşturmaktadır.

Akçay (Samsun)'dan temin edilmiş örneklerin ise 29 adedi erkek, 22 adedi ise dişi bireydir. Yakalanmış olan örneklerin minimum ve maksimum boy değerleri 6.6-18.7 cm arasında değişirken, ağırlıkları ise 3.31-73.95 g arasındadır. Akçay örneklerinin ortalama total boy değerleri 12.0373 cm olarak hesaplanmıştır (Çizelge 3.4).

Engiz Çayı (Samsun)'ndan yakalanmış olan 55 adet örneğin 30'u erkek, 25'i ise dişi bireylerden oluşmaktadır. Örneklerin minimum ve maksimum total boy değerleri 5.7-21.0 cm arasında değişmektedir. Yakalanan örneklerin ortalama total boyları 10.3509 cm'dir (Çizelge 3.5).

Değirmenağzı Deresi (Düzce)'den yakalanan 50 örneğin ise 27 adedi erkek, 23 adedi dişi bireylerdir. Bu lokaliteden yakalanan örneklerin total boy değerleri 7.1-22.1 cm arasında değişmektedir. Ortalama total boy değeri ise 12.1940 cm olarak hesaplanmıştır (Çizelge 3.6).

Karasu (Sakarya)'dan yakalanan örneklerin 9 adedi dişi 2 adedi ise erkek bireydir. Örneklerin ortalama total boyları 33.3818 cm, ortalama ağırlıkları ise 566.1891 g'dır. Bu alandan yeterince örnek temin edilememiştir (Çizelge 3.7). Dolayısıyla ilgili lokalite değerlendirmelere dahil edilmemiştir.

Melet Irmağı (Ordu)'ndan tez dönemi içerisinde gerçekleştirilmiş olan arazi çalışmaları sonucunda hiçbir *Barbus tauricus* bireyi örneklenememiştir. Bu sebeple ilgili alan çalışmadan çıkarılmıştır. *Barbus tauricus* türü IUCN kriterlerine göre VU (Hassas) seviyede olan bir balık türüdür. Dolayısı ile ilgili lokaliteden örnek temin edilememiş olması türün bu alandaki popülasyonu için oldukça önemlidir.

Tüm lokalitelere ait örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri Çizelge 3.1-3.7'de sırasıyla belirtilmiştir.

Çizelge 3.1. Karadere (Trabzon) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)

KARADERE						
Değişkenler	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	Std.Hata	Std. Sapma
TB	50	10.80	26.10	15.2680	0.38058	2.69114
ÇB	50	10.00	24.10	14.0940	0.35828	2.53340
SB	50	9.00	21.10	12.4740	0.31624	2.23614
A	50	15.10	154.30	38.7072	3.36792	23.81479
BY	50	12.49	30.40	17.6714	0.50352	3.56043
BB	50	24.59	59.10	33.2298	0.92783	6.56072
PreD	50	48.49	113.28	66.2956	1.73424	12.26296
PostD	50	32.68	120.22	52.8988	2.84257	20.09999
PreP	50	25.97	61.45	34.6370	0.96640	6.83350
PostP	50	41.00	108.21	65.9180	1.76951	12.51234
DYY	50	15.14	35.27	21.6250	0.56334	3.98344
DYU	50	12.15	33.37	16.9110	0.56009	3.96041
AYU	50	5.28	17.24	10.4110	0.28800	2.03648
PYU	50	17.07	39.74	23.1380	0.57967	4.09892
VYU	50	13.24	31.72	19.8576	0.49728	3.51630
KYU	50	20.08	48.54	28.6640	0.75158	5.31447
KYY	50	25.59	54.04	35.0034	0.85814	6.06795
GÇ	50	1.58	7.84	5.9596	0.15496	1.09571
İOM	50	5.28	15.13	8.4760	0.30247	2.13881
PreO	50	9.90	27.38	14.6628	0.45717	3.23270
PostO	50	14.02	37.71	20.7124	0.62163	4.39560
İNМ	50	1.08	7.82	4.1236	0.17589	1.24372
ABU	50	3.07	11.64	5.6646	0.20850	1.47432
BU	50	4.18	15.65	7.4272	0.26730	1.89007
PBU	50	4.76	19.95	10.4862	0.34856	2.46469
PreOP	50	17.94	43.95	24.7652	0.70725	5.00102
D-K	50	29.12	97.79	54.8362	1.81829	12.85722
P-V	50	27.62	62.40	37.8528	0.92745	6.55810
V-A	50	18.85	42.95	26.8394	0.69332	4.90249
A-K	50	15.91	47.03	26.9440	0.84358	5.96499
KPED	50	10.68	23.68	15.3152	0.34641	2.44946
MİN	50	9.53	19.86	13.4298	0.30037	2.12397
MAKS	50	20.78	48.82	29.0882	0.71278	5.04013

Çizelge 3.2. Solaklı (Trabzon) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)

SOLAKLI						
Değişkenler	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	St.Hata	St. Sapma
TB	50	13.10	19.20	15.9154	0.57018	2.05582
ÇB	50	12.10	17.80	14.7538	0.53704	1.93633
SB	50	11.00	16.20	13.3308	0.48995	1.76653
A	50	19.78	73.29	40.5854	4.84800	17.47970
BY	50	13.30	23.37	17.5669	0.77399	2.79067
BB	50	28.24	38.81	33.9385	1.10295	3.97675
PreD	50	56.60	84.40	70.5392	2.60663	9.39834
PostD	50	70.11	105.93	86.4246	3.27970	11.82514
PreP	50	28.42	41.01	34.4485	1.20880	4.35837
PostP	50	46.84	66.85	56.1523	1.95038	7.03220
DYY	50	20.10	28.97	22.7254	0.75907	2.73687
DYU	50	14.25	22.24	17.4246	0.65030	2.34468
AYU	50	8.31	13.92	10.9654	0.43250	1.55941
PYU	50	18.99	28.44	22.5623	0.81061	2.92269
VYU	50	14.94	25.58	20.0938	0.84570	3.04921
KYU	50	22.37	33.04	26.7062	1.01513	3.66009
KYY	50	33.20	46.37	41.6462	1.06688	3.84670
GÇ	50	5.45	7.57	6.385	0.17470	0.62991
İOM	50	7.74	11.54	9.7462	0.33546	1.20953
PreO	50	11.69	17.21	14.3338	0.53021	1.91170
PostO	50	17.20	23.88	20.6254	0.71422	2.57517
İNМ	50	4.08	6.46	5.1323	0.21062	0.75940
ABU	50	3.19	7.62	5.2554	0.37482	1.35142
BU	50	4.47	8.80	6.9092	0.40504	1.46041
PBU	50	7.41	12.70	10.0500	0.48424	1.74595
PreOP	50	20.18	29.32	24.9192	0.89048	3.21066
D-K	50	37.38	56.60	47.1200	1.78053	6.41979
P-V	50	30.66	49.81	39.9523	1.56842	5.65503
V-A	50	21.52	37.38	29.2577	1.37777	4.96764
A-K	50	18.04	26.29	22.8723	0.77652	2.79980
KPED	50	12.84	20.75	15.7231	0.55464	1.99978
MİN	50	11.20	17.63	14.0292	0.48372	1.74407
MAKS	50	23.62	36.38	29.8985	1.11700	4.02740

Çizelge 3.3. Terme Çayı (Samsun) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)

TERME ÇAYI						
Değişkenler	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	Std.Hata	Std. Sapma
TB	55	7.50	24.20	12.3509	0.39032	2.89469
ÇB	55	6.00	19.60	10.0200	0.31617	2.34477
SB	55	6.90	23.20	11.3909	0.37455	2.77771
A	55	3.86	122.08	20.3835	2.38715	17.70361
BY	55	7.92	34.21	14.0495	0.59122	4.38461
BB	55	14.89	56.22	26.9631	0.96699	7.17141
PreD	55	31.28	103.04	52.5044	1.69906	12.60060
PostD	55	25.17	87.29	49.7953	2.02215	14.99669
PreP	55	11.78	57.91	27.4125	1.01801	7.54980
PostP	55	45.63	108.45	67.3885	1.75355	13.00469
DYY	55	10.80	42.85	17.6109	0.72332	5.36425
DYU	55	7.78	27.27	13.3675	0.43909	3.25638
AYU	55	4.95	17.05	8.5107	0.29431	2.18265
PYU	55	10.89	34.65	17.8189	0.62760	4.65443
VYU	55	10.50	32.09	16.2904	0.52141	3.86689
KYU	55	13.42	43.11	22.9198	0.72583	5.38292
KYY	55	16.69	48.57	27.1627	0.81145	6.01786
GÇ	55	3.00	7.30	5.2144	0.12093	0.89682
İOM	55	3.65	18.04	6.3729	0.31417	2.32995
PreO	55	4.87	25.27	11.8962	0.53209	3.94612
PostO	55	9.37	34.27	16.9669	0.62110	4.60617
İNM	55	1.20	6.50	2.8058	0.14191	1.05241
ABU	55	1.91	9.86	4.7535	0.20329	1.50760
BU	55	2.64	12.41	6.1978	0.25917	1.92208
PBU	55	4.06	17.64	8.4667	0.38418	2.84916
PreOP	55	10.65	41.47	20.4355	0.72622	5.38582
D-K	55	29.44	94.09	47.6938	1.50705	11.17658
P-V	55	17.44	57.75	30.3122	1.00149	7.42728
V-A	55	14.22	44.49	22.4622	0.73832	5.47552
A-K	55	14.02	43.47	22.8580	0.72832	5.40139
KPED	55	7.34	22.21	11.7780	0.36337	2.69485
MİN	55	6.58	28.11	10.5358	0.44015	3.26422
MAKS	55	12.29	45.30	22.8140	0.73307	5.43659

Çizelge 3.4. Akçay (Samsun) örneklerinin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)

AKÇAY						
Değişkenler	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	Std.Hata	Std. Sapma
TB	51	6.60	18.70	12.0373	0.44097	3.14916
ÇB	51	10.77	35.69	18.5651	0.78184	5.58344
SB	51	5.40	15.30	9.8588	0.36532	2.60892
A	51	3.31	73.95	23.2847	2.65303	18.94643
BY	51	7.98	23.65	14.2424	0.56777	4.05472
BB	51	13.91	42.70	26.8025	1.02737	7.33691
PreD	51	14.28	84.77	52.9953	2.14030	15.2848
PostD	51	15.83	49.24	32.5580	1.21329	8.66465
PreP	51	14.63	44.28	27.9135	1.08759	7.76695
PostP	51	28.08	79.49	48.9747	1.75823	12.5562
DYY	51	9.26	28.35	17.1645	0.61858	4.41751
DYU	51	6.85	22.02	13.5035	0.52090	3.71995
AYU	51	3.34	15.10	8.4243	0.38592	2.75604
PYU	51	9.94	28.09	18.1955	0.63281	4.51920
VYU	51	9.48	41.42	16.3504	0.71490	5.10537
KYU	51	12.66	35.88	22.5824	0.78905	5.63493
KYY	51	16.46	45.84	28.9937	1.03722	7.40726
GÇ	51	3.15	7.38	5.3206	0.13892	0.99210
İOM	51	3.70	10.37	6.3253	0.25398	1.81380
PreO	51	5.83	19.65	11.9963	0.52617	3.75761
PostO	51	9.16	26.79	16.9598	0.64478	4.60461
İNМ	51	1.60	6.54	2.9843	0.14962	1.06850
ABU	51	2.19	8.19	4.8467	0.21583	1.54130
BU	51	4.72	19.49	8.5580	0.40402	2.88528
PBU	51	3.04	10.40	6.3929	0.27322	1.95118
PreOP	51	10.58	32.24	20.2200	0.80965	5.78207
D-K	51	22.14	105.77	58.0865	2.89405	20.6676
P-V	51	16.38	51.71	30.1504	1.21926	8.70724
V-A	51	13.14	37.00	21.9698	0.81494	5.81982
A-K	51	10.77	35.69	18.5651	0.78184	5.58344
KPED	51	6.05	18.69	12.2433	0.44437	3.17344
MİN	51	5.69	16.38	10.6002	0.36292	2.59177
MAKS	51	8.02	39.56	22.8131	0.98569	7.03921

Çizelge 3.5. Engiz Çayı (Samsun)'ndan yakalanan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)

ENGİZ ÇAYI						
Değişkenler	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	Std. Hata	Std Sapma
TB	55	5.70	21.00	10.3509	0.35656	2.64434
ÇB	55	7.58	25.09	13.7458	0.42530	3.15410
SB	55	4.50	16.20	8.2691	0.28623	2.12271
A	55	1.81	89.30	13.7036	1.71451	12.71517
BY	55	7.42	19.96	12.0271	0.35228	2.61258
BB	55	12.24	36.46	21.1076	0.66487	4.93082
PreD	55	22.30	97.76	45.1091	1.80619	13.39508
PostD	55	14.66	52.95	28.9735	0.96593	7.16356
PreP	55	13.37	56.97	24.5460	1.01562	7.53206
PostP	55	24.50	72.32	44.4220	1.20430	8.93136
DYY	55	7.71	27.43	14.8944	0.48313	3.58298
DYU	55	5.90	18.23	11.5915	0.32897	2.43968
AYU	55	3.23	13.77	7.2975	0.24614	1.82542
PYU	55	8.76	29.40	16.0151	0.49683	3.68459
VYU	55	7.44	24.91	14.5495	0.45266	3.35705
KYU	55	11.20	32.75	18.4424	0.61698	4.57563
KYY	55	17.51	50.34	29.7442	0.83030	6.15767
GÇ	55	2.84	7.36	4.5382	0.10078	0.74743
İOM	55	2.60	9.10	4.7567	0.15178	1.12566
PreO	55	4.47	20.10	10.3798	0.35903	2.66261
PostO	55	7.99	25.99	14.5255	0.39732	2.94662
İNİM	55	1.05	4.02	2.2053	0.07874	0.58398
ABU	55	2.71	6.68	4.0469	0.10779	0.79941
BU	55	4.93	13.98	7.9445	0.21596	1.60161
PBU	55	4.70	11.78	6.7953	0.17731	1.31499
PreOP	55	8.95	28.66	16.7427	0.47461	3.51984
D-K	55	22.20	67.80	39.5944	1.07637	7.98254
P-V	55	13.20	45.24	23.5998	0.77316	5.73394
V-A	55	9.28	37.63	18.3675	0.60647	4.49773
A-K	55	7.58	25.09	13.7458	0.42530	3.15410
KPED	55	5.63	19.44	10.3440	0.32068	2.37820
MİN	55	4.93	17.83	9.4598	0.29627	2.19723
MAKS	55	9.41	35.36	18.9267	0.57505	4.26470

Çizelge 3.6. Değirmenağzı Deresi (Düzce)'nden yakalanan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)

DEĞİRMENAĞZI DERESİ						
Değişkenler	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	Std. Hata	Std. Sapma
TB	50	7.10	22.10	12.1940	0.45909	3.24625
ÇB	50	7.96	28.19	16.8632	0.60977	4.31172
SB	50	5.10	17.80	9.8320	0.38356	2.71221
A	50	3.20	97.56	22.1958	2.77815	19.64446
BY	50	8.60	24.50	13.8450	0.49201	3.47904
BB	50	16.32	44.99	26.3194	0.99434	7.03107
PreD	50	30.10	92.91	53.5762	2.10101	14.85638
PostD	50	19.12	64.87	34.8552	1.42363	10.06662
PreP	50	15.95	47.84	27.2174	1.02243	7.22970
PostP	50	31.58	78.62	49.5724	1.49530	10.57336
DYY	50	9.01	31.34	17.1880	0.65101	4.60333
DYU	50	7.25	24.76	13.4488	0.55185	3.90214
AYU	50	4.95	15.57	8.8086	0.36022	2.54712
PYU	50	0.16	33.37	18.2444	0.72159	5.10239
VYU	50	9.10	30.57	16.3358	0.63889	4.51761
KYU	50	12.25	44.26	22.3014	1.00161	7.08244
KYY	50	17.66	61.78	31.1064	1.21539	8.59410
GÇ	50	3.35	8.22	5.1708	0.14580	1.03094
İOM	50	2.60	11.60	6.2908	0.30137	2.13098
PreO	50	5.28	19.30	11.4222	0.42704	3.01963
PostO	50	8.63	26.04	16.5512	0.55212	3.90410
İNİM	50	1.01	6.34	3.0194	0.17697	1.25138
ABU	50	2.88	8.53	4.9722	0.18545	1.31133
BU	50	4.72	13.91	8.3016	0.25494	1.80270
PBU	50	3.51	11.73	6.7690	0.24760	1.75081
PreOP	50	10.28	31.29	19.3590	0.69889	4.94191
D-K	50	33.17	64.68	44.9290	0.97432	6.88945
P-V	50	16.01	55.09	29.3084	1.19207	8.42923
V-A	50	13.14	41.98	22.3716	0.92204	6.51980
A-K	50	7.96	28.19	16.8632	0.60977	4.31172
KPED	50	6.25	20.98	12.1482	0.42956	3.03747
MİN	50	6.12	19.05	10.9338	0.37062	2.62070
MAKS	50	10.96	44.30	22.9718	0.95043	6.72058

Çizelge 3.7. Karasu Çayı (Sakarya)'ndan yakalanan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri (N: Birey Sayısı, Std: Standart)

KARASU						
Değişkenler	N	Minimum	Maksimum	Ortalama	Std.Hata	Std. Sapma
TB	11	17.40	45.60	33.3818	3.12732	10.37216
ÇB	11	16.20	42.00	30.3809	2.87453	9.53374
SB	11	14.00	37.00	27.3545	2.55497	8.47389
A	11	49.75	1310.33	566.189	139.035	461.1290
BY	11	17.80	52.07	35.9982	3.66335	12.14995
BB	11	37.11	93.68	68.9136	6.65718	22.07938
PreD	11	75.55	195.00	143.224	13.7941	45.75016
PostD	11	95.99	250.00	183.084	18.1009	60.03417
PreP	11	37.95	99.09	71.2136	6.70496	22.23783
PostP	11	63.96	154.54	117.431	10.4792	34.75564
DYY	11	25.92	65.71	47.9473	4.25276	14.10481
DYU	11	20.15	58.94	38.7600	3.99974	13.26562
AYU	11	11.77	33.22	23.0827	2.22189	7.36916
PYU	11	26.41	65.28	48.7336	4.17150	13.83530
VYU	11	26.91	58.36	44.0873	3.44212	11.41624
KYU	11	36.25	83.73	63.2273	5.14362	17.05946
KYY	11	45.57	135.12	94.4755	9.62638	31.92708
GÇ	11	5.66	10.51	8.8882	0.49533	1.64281
İOM	11	9.76	28.94	20.7618	2.18507	7.24707
PreO	11	14.63	44.82	30.2036	3.16956	10.51223
PostO	11	21.25	55.83	39.0664	3.48473	11.55756
İNM	11	5.17	16.61	10.9982	1.20579	3.99914
ABU	11	6.56	16.85	12.9945	1.05705	3.50582
BU	11	9.24	24.60	17.5036	1.47402	4.88876
PBU	11	10.66	30.47	21.1018	2.22055	7.36474
PreOP	11	25.90	68.39	50.5309	4.90986	16.28416
D-K	11	48.13	126.74	91.2755	8.49400	28.17141
P-V	11	39.04	113.02	77.5282	8.47906	28.12186
V-A	11	35.32	102.76	69.7782	7.37622	24.46416
A-K	11	22.45	60.56	43.3045	3.77909	12.53382
KPED	11	15.70	43.22	30.7891	2.93192	9.72409
MİN	11	14.09	42.80	29.9182	3.18873	10.57581
MAKS	11	35.15	111.36	73.9336	8.39858	27.85492

Gerçekleştirilen analizler dişi ve erkek bireyler arasında istatistiksel anlamda fark olmadığını ortaya çıkarmıştır ($P>0.05$). Veriler boyut farkından doğacak sapmaların ortadan kaldırılması için standardize edilmiştir (Elliot vd, 1995). Standardize edilmiş olan morfometrik veriler üzerinden farklı lokasyonlardan örneklenen populasyonlar arası morfometrik farklılıklar belirlenmiştir.

Morfometri çalışmalarında kullanılacak olan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri belirlendikten sonra %Varyasyon Katsayısı (VK), %Standart Boy (SB) ilişkileri her bir örnekleme lokalitesi için ayrı ayrı hesaplanmıştır.

Karadere için en yüksek varyasyon PostD (37.9971) ve İNM (30.1610); Terme Çayı için en yüksek varyasyon değerleri; BY (31.2083), Post D (30.1167), DYY (30.4598), İOM (36.5603), PreO (33.1713), İNM (37.5084), ABU (31.7156), BU (31.0123), PBU (33.6514) ve MİN (30.9822); Akçay için; AYU (32.7154), VYU (31.2247), PreO (31.3231), İNM (35.8040), ABU (31.8010), BU (33.7144), PBU (30.5210), D-K (35.5808) ve MAKS (30.8660) olarak hesaplanmıştır (Çizelge 3.8).

Solaklı' dan yakalanmış olan örneklerin en yüksek %VK değerleri ise ABU (25,70885) ve BU (21,13186) olarak, Karasu örnekleri için ise DYU (34.22503), IOM (34.90579), PreO (34.80456), INM (36.36177), PBU (34.901), P-V (36.27307), V-A (35.05966), MIN (35.34909) ve MAKS (37.26208) mesafelerde hesaplanmıştır (Çizelge 3.8).

Engiz Çayı için en yüksek %VK değerleri PreD (29.69485), PreP (30.6854); Değirmenağzı Deresi için ise PostD (28.8812), DYU (29.0147), AYU (28.9162), KYU (31.75783), İOM (33.8745), İNM (41.4466), P-V (28.7604), V-A (29.1432) olarak belirlenmiştir (Çizelge 3.8).

Örnekler üzerinden alınmış olan morfometrik ölçüm değerlerinin %SB oranları her bir lokaliteden yakalanan örnekler için ayrı ayrı hesaplanmıştır (Çizelge 3.9).

Çizelge 3.8. Morfometrik verilerin lokalitelere göre %VK değerleri

%VK	LOKALİTELER						
Değişkenler	Karadere	Terme Çayı	Akçay	Engiz Çayı	Değirmenağzı Deresi	Solaklı	Karasu
TB	17.6260	23.4371	26.1617	25.54696	26.6217	12.91863	31.0713
ÇB	17.9264	23.4009	30.0749	22.94592	25.5688	13.12187	31.3807
SB	17.9264	24.3853	26.4629	25.67039	27.5855	13.25482	30.97805
BY	20.1480	31.2083	28.4694	21.72244	25.1284	15.88774	33.75155
BB	19.7435	26.5971	27.3740	23.36040	26.7144	11.72658	32.03922
PreD	18.4974	23.9991	28.8418	29.69485	27.72944	13.32577	31.94297
PostD	37.9971	30.1167	26.6130	24.72452	28.88126	13.68896	32.79042
PreP	19.7289	27.5415	27.8251	30.68549	26.56279	12.65602	31.22694
PostP	18.9817	19.2981	25.6383	20.10571	21.32913	12.52004	29.59645
DYY	18.4205	30.4598	25.7363	24.05589	26.78223	12.044	29.41732
DYU	23.4191	24.3604	27.5480	21.04715	29.01478	13.45768	34.22503
AYU	19.5608	25.6460	32.7154	25.01432	28.91629	14.21797	31.92503
PYU	17.7151	26.1207	24.8369	23.00697	27.96688	12.95541	28.38965
VYU	17.7076	23.7372	31.2247	23.0733	27.65466	15.17368	25.89462
KYU	18.5406	23.4859	24.9528	24.81038	31.75783	13.70273	26.98116
KYY	17.3353	22.1549	25.5478	20.70209	27.62808	9.243697	33.79403
GÇ	18.3856	17.1989	18.6464	16.46975	19.93773	9.785648	18.48304
İOM	25.2337	36.5603	28.6753	23.66473	33.87455	12.41535	34.90579
PreO	22.0469	33.1713	31.3231	25.65184	26.43650	13.36035	34.80456
PostO	21.2221	27.1480	27.1501	20.28584	23.58802	12.48485	29.5844
İNİM	30.1610	37.5084	35.8040	26.48075	41.44466	14.78956	36.36177
ABU	26.0269	31.7156	31.8010	19.75364	26.37324	25.70885	26.97926
BU	25.4479	31.0123	33.7144	20.15998	21.71509	21.13186	27.93003
PBU	23.5041	33.6514	30.5210	19.35146	25.86512	17.37313	34.90100
PreOP	20.1937	26.3552	28.5958	21.02313	25.52771	15.81781	32.22614
D-K	23.4466	23.4340	35.5808	20.16078	15.33408	13.62479	30.86415
P-V	17.3253	24.5026	28.8794	24.29656	28.76046	14.16771	36.27307
V-A	18.2660	24.3766	26.4901	24.48744	29.1432	16.98565	35.05966
A-K	22.1385	23.6302	30.0749	22.94592	25.5688	12.24204	28.94346
KPED	15.9937	22.8804	25.9198	22.99111	25.0034	12.74141	31.58290
MİN	15.8154	30.9822	24.4502	23.22702	23.9687	12.4313	35.34909
MAKS	17.3271	23.8301	30.8560	22.53272	29,2557	13.47003	37.26208

Çizelge 3.9. Lokalitelere göre %SB oranları (SB: Standart Boy)

MORFOMETRİK VERİLERİN % SB ORANLARI							
	KARADERE	SOLAKLI	TERME	AKÇAY	ENGİZ	DÜZCE	KARASU
BY	14.16	13.16	12.33	14.44	14.54	14.08	13.15
BB	26.63	23.63	23.67	27.18	25.52	26.76	25.19
PreD	53.14	43.84	46.09	53.75	54.55	54.49	52.35
PostD	42.4	41.24	43.71	33.02	35.03	35.45	46.93
PreP	27.76	24.46	24.06	28.31	29.68	27.68	26.03
PostP	52.84	51.64	59.15	49.67	53.72	50.41	42.92
DYY	17.36	16.26	15.46	17.41	18.01	17.48	17.52
DYU	13.55	12.65	11.73	13.69	14.01	13.67	14.16
AYU	8.34	7.24	7.47	8.54	8.82	8.95	8.43
PYU	18.54	18.54	15.64	18.45	19.36	18.55	17.81
VYU	15.91	16.91	14.3	16.58	17.59	16.61	16.11
KYU	22.97	23.67	20.12	22.9	22.3	22.68	23.11
KYY	28.06	25.02	23.84	29.4	35.97	31.63	34.53
GÇ	4.77	4.47	4.57	5.39	5.48	5.25	3.24
İOM	6.79	5.89	5.59	6.41	5.75	6.39	7.58
PreO	11.75	10.75	10.44	12.16	12.55	11.61	11.04
PostO	16.6	15.46	14.89	17.2	17.56	16.83	14.28
İNM	3.3	2.23	2.24	3.02	2.66	3.07	4.02
ABU	4.54	4.64	4.17	4.91	4.89	5.05	4.75
BU	5.95	5.85	5.44	8.68	9.6	8.44	6.39
PBU	8.4	7.24	7.43	6.48	8.21	6.88	7.71
PreOP	19.85	18.55	17.94	20.5	20.24	19.68	18.47
D-K	43.96	46.76	41.87	58.91	47.88	45.69	33.36
P-V	30.34	27.54	26.61	30.58	28.53	29.80	28.34
V-A	21.51	22.45	19.71	22.28	22.21	22.75	25.50
A-K	21.6	20.56	20.06	18.83	16.62	17.15	15.83
KPED	12.27	11.37	10.33	12.41	12.5	12.35	11.25
MİN	10.76	10.16	9.24	10.75	11.43	11.12	10.93
MAKS	23.31	21.21	20.02	23.13	22.88	23.36	27.02

Her bir morfometrik parametrenin total boy ile olan ilişkileri belirlenmiştir ve ilişki grafikleri çizilmiştir. Grafiklerin çizilmesinde hem üssel ($y=ax^b$) hem de

doğrusal ($y=a+bx$) modeller öncelikle denenmiştir. Ancak r^2 katsayısı doğrusal modelde daha yüksek olarak saptandığı için grafiklerin oluşturulmasında doğrusal model tercih edilmiştir (EK1-EK7), morfometrik verilerin standardize edilmesinde ise üssel model tercih edilmiştir. Ağırlık ile total boy ilişkilerinde de üssel model kullanılmıştır.

Karasu (Sakarya)'dan yakalanan örnekler 9 dişi ve 2 adet erkek bireyden oluşmaktadır. Bu alandan sadece 11 adet örnek temin edilebilmiştir. Sonraki dönemler içerisinde gerçekleştirilen arazi çalışmalarında ilgili alandan örnek temin edilememiştir. Yine de yakalanan örneklerin tanımlayıcı istatistik değerleri ve total boy ile olan ilişki grafikleri çizilmiştir. Ayrım Analizi (DA) ve Temel Bileşenler Analizi (PCA)'nde ise bu lokalite oldukça uzak bir kolu oluşturduğu ve değerlendirmelerde sapmalara sebep olabileceği için şekilsel gösterime dahil edilmemiştir. Ayrıca elde edilen örneklerden DNA izolasyonu gerçekleştirilememiştir. Bu sebeple moleküler değerlendirmelerde bu lokalite çalışmaya dahil edilmemiştir.

Karasu Çayı'ndan yakalanan örneklerden alınmış olan her bir morfometrik parametrenin total boy ile olan ilişkileri incelenmiştir. ÇB (0.9979), SB (0.9902), BY (0.9845), BB (0.9908), PreD (0.9894), PostD (0.9944), PreP (0.9887), PostP (0.9551), DYU (0.9693), AYU (0.9226), PYU (0.9757), VYU (0.9596), KYU (0.9664), KYY (0.9482), İOM (0.9632), PreO (0.9493), PostO (0.9469), İNM (0.9407), BU (0.9430), PreOP (0.9831), D-K (0.9851), P-V (0.9533), V-A (0.9614), A-K (0.9227), KPED (0.9938), MİN (0.9941) ve MAKS (0.9721) parametrelerinin r^2 değerleri oldukça yüksek bulunmuştur (Çizelge 3.10).

Çizelge 3.10. Karasu Çayı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R² ve P değerleri

Karasu Çayı				
Değişkenler	a	b	R ²	P
ÇB	-0.4714	0.9264	0.9979	<0.001
SB	0.2163	0.8130	0.9902	<0.001
A	0.0026	3.4158	0.9952	<0.001
BY	-2.8010	1.1623	0.9845	<0.001
BB	-1.8199	2.1189	0.9908	<0.001
PreD	-3.1668	4.3845	0.9894	<0.001
PostD	-9.5881	5.7718	0.9944	<0.001
PreP	0.0473	2.1319	0.9887	<0.001
PostP	5.8469	3.3427	0.9551	<0.001
DYY	4.9613	1.2877	0.8967	<0.001
DYU	-3.2735	1.2592	0.9693	<0.001
AYU	0.3020	0.6824	0.9226	<0.001
PYU	4.7496	1.3176	0.9757	<0.001
VYU	8.0954	1.0782	0.9596	<0.001
KYU	9.2538	1.6169	0.9664	<0.001
KYY	-5.5838	2.9974	0.9482	<0.001
GÇ	3.8910	0.1497	0.8933	<0.001
İOM	-2.1291	0.6857	0.9632	<0.001
PreO	-2.7597	0.9875	0.9493	<0.001
PostO	2.8699	1.0843	0.9469	<0.001
İNM	-1.4853	0.3740	0.9407	<0.001
ABU	2.5339	0.3134	0.8595	<0.001
BU	-1.9160	0.6895	0.9430	<0.001
PBU	3.1623	0.4296	0.8038	<0.001
PreOP	-1.4321	1.5566	0.9831	<0.001
D-K	1.2785	2.6960	0.9851	<0.001
P-V	-10.842	2.6472	0.9533	<0.001
V-A	-7.4226	2.3127	0.9614	<0.001
A-K	4.5556	1.1608	0.9227	<0.001
KPED	-0.4105	0.9346	0.9938	<0.001
MİN	-4.0185	1.0166	0.9941	<0.001
MAKS	-11.135	2.6682	0.9721	<0.001

Karadere'den yakalanan örnekler üzerinden alınan her bir morfometrik parametre total boy ile ilişkilendirilmiştir. İlişki sonuçlarında ÇB (0.9834), SB (0.9827), BB (0.9466), PreD (0.9654), PreP (0.9431), PYU (0.9066), PostO (0.9323), PreOP (0.9254) ve MAKS (0.9270) gibi değerlerin r^2 katsayıları diğer değerlere oranla daha yüksek olarak belirlenmiştir. Karadere örneklerinin doğrusal ilişki kullanılarak hesaplanmış olan a, b ve r^2 değerleri Çizelge 3.11'de gösterilmiştir.

Çizelge 3.11. Karadere örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R^2 ve P değerleri

Karadere				
Değişkenler	a	b	R^2	P
ÇB	-0.1591	0.9335	0.9834	<0.001
SB	-0.1024	0.8237	0.9827	<0.001
A	0.0278	2.6213	0.9586	<0.001
BY	-0.4298	1.1560	0.8030	<0.001
BB	-2.9849	2.3719	0.9466	<0.001
PreD	-2.0649	4.4774	0.9654	<0.001
PostD	1.1422	2.7046	0.8804	<0.001
PreP	-3.0138	2.4660	0.9431	<0.001
PostP	3.9882	4.0562	0.7611	<0.001
DYY	0.1818	1.4013	0.8584	<0.001
DYU	-0.8806	1.1370	0.8919	<0.001
AYU	0.9360	0.6337	0.7175	<0.001
PYU	0.9960	1.4502	0.9066	<0.001
VYU	1.2428	1.2192	0.8707	<0.001
KYU	2.860	1.6901	0.7324	<0.001
KYY	4.567	1.9935	0.7816	<0.001
GÇ	2.2439	0.2603	0.8245	<0.001
İOM	-1.7627	0.6706	0.7120	<0.001
PreO	-2.7311	1.1392	0.8994	<0.001
PostO	-3.3663	1.5771	0.9323	<0.001
İNM	-1.1765	0.3343	0.8057	<0.001
ABU	-1.2153	0.4530	0.8145	<0.001
BU	-2.5705	0.8670	0.8876	<0.001
PBU	-1.5380	0.5911	0.8345	<0.001
PreOP	-2.5284	1.7876	0.9254	<0.001
D-K	11.797	4.6294	0.8816	<0.001

Çizelge 3.11. Karadere örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R² ve P değerleri (devam)

P-V	3.2129	2.2688	0.8668	<0.001
V-A	1.4498	1.6629	0.8333	<0.001
A-K	-0,7130	1,8520	0,7612	<0.001
KPED	2,2715	0,8543	0,8810	<0.001
MİN	2,5607	0,7119	0,8136	<0.001
MAKS	1,5571	1,8032	0,9270	<0.001

Karadere örneklerinin total boy ile ağırlık ilişkisi üssel olarak değerlendirilmiş olup R² değeri 0,9586 olarak hesaplanmış olup ilişki önemli bulunmuştur (P<0.001).

Tüm morfometrik ölçüm değerlerinin ayrı ayrı total boy ile olan ilişkileri değerlendirildiğinde önemli oldukları saptanmıştır (P<0.001) (Çizelge 3.11).

Solaklı örneklerinin ise 22 adedi dişi 28 adedi ise erkek bireylerden oluşmaktadır. Dişi ve erkek bireyler arasında morfomeri değerleri açısından istatistiksel manada herhangi bir farklılık mevcut değildir (P>0.05). Örneklerden alınan tüm morfometrik ölçüm değerlerinin ve ağırlık değerinin Total Boy ile olan ilişkileri incelenmiştir. ÇB (0.9945), SB (0.984), BB (0.921), PreDU (0.9646), PostPU (0.9145), P-V (0.9412), V-A (0.9313) ve MAKS (0.901) ölçüm değerlerinin diğer değerlere göre total boy ile ilişkilerinde daha yüksek r² değerine sahip oldukları belirlenmiştir (Çizelge 3.12).

Akçay'dan yakalanmış olan 51 adet örneğin 29 E (Erkek) ve 22 D (Dişi) bireyden oluştuğu belirlenmiştir. Örneklerin total boy ile olan ilişkileri dikkate alındığında ÇB (0.997), SB (0.9954), BY (0.9179), BB (0.9786), PreD (0.9853), PostD (0.9577), PreP (0.9684), DYY (0.9347), DYU (0.9499), PYU (0.9503), VYU (0.9495), D-K (0.9445), KYY (0.9114), İOM (0.9126), PreO (0.9508), PostO (0.9685), BU (0.9423), PreOP (0.9657), P-V (0.9663), V-A (0.9265), MIN (0.9482) ve MAKS (0.9080) ölçüm değerlerinin total boy ile olan ilişkilerinin r² değerleri oldukça yüksek bulunmuştur. Akçay örnekleri için en düşük r² değeri A-K mesafesinin total boy ile olan ilişkisinde belirlenmiştir (0.6641) (Çizelge 3.13). Her ne kadar düşük r² değerleri bazı ölçüm değerlerinde olsa da, gerçekleştirilen istatistiksel analizler Akçay örneklerinin morfometrik ölçüm parametrelerinin total boy ile olan ilişkilerinin oldukça önemli olduğunu ortaya çıkarmıştır (P<0.001).

Çizelge 3.12. Solaklı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R² ve P değerleri

Solaklı				
Değişkenler	a	b	R ²	P
ÇB	0.0682	0.9226	0.9945	<0.001
SB	-0.0073	0.8414	0.984	<0.001
A	0.0155	2.8219	0.9488	<0.001
BY	1.9711	0.9818	0.7701	<0.001
BB	2.3027	2.0044	0.9210	<0.001
PreD	-0.9445	4.4312	0.9641	<0.001
PostD	-13.168	5.4337	0.7565	<0.001
PreP	1.8985	2.0782	0.8633	<0.001
PostP	9.7985	2.9612	0.9145	<0.001
DYY	0.3839	1.3808	0.8637	<0.001
DYU	-0.0744	1.1103	0.8667	<0.001
AYU	2.633	0.5212	0.7052	<0.001
PYU	1.9963	1.3230	0.8978	<0.001
VYU	0.8917	1.2215	0.8762	<0.001
KYU	0.5228	1.7897	0.8735	<0.001
KYY	-0.7302	2.5076	0.8171	<0.001
GÇ	2.5134	0.2491	0.7561	<0.001
İOM	-1.6597	0.6885	0.7935	<0.001
PreO	-0.1162	0.9343	0.7813	<0.001
PostO	0.8686	1.2704	0.8801	<0.001
İNM	-2.1797	0.4335	0.7130	<0.001
ABU	-0.8443	0.4121	0.7555	<0.001
BU	-0.8825	0.7274	0.8192	<0.001
PBU	-0.5198	0.4981	0.6488	<0.001
PreOP	2.4691	1.4507	0.8501	<0.001
D-K	11.797	4.6294	0.8816	<0.001
P-V	0.5520	2.4676	0.9412	<0.001
V-A	-1.9487	1.9688	0.9313	<0.001
A-K	5.0341	1.2427	0.5443	<0.001
KPED	0.8914	0.9272	0.8999	<0.001
MİN	0.6535	0.8381	0.8833	<0.001
MAKS	0.8960	1.8279	0.9010	<0.001

Çizelge 3.13. Akçay örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R² ve P değerleri

Akçay				
Değişkenler	a	b	R ²	P
ÇB	-0.0984	0.9328	0.9970	<0.001
SB	-0.0905	0.8265	0.9954	<0.001
A	0.0098	3.0401	0.9876	<0.001
BY	-0.6061	1.2335	0.9179	<0.001
BB	-0.9405	2.3048	0.9786	<0.001
PreD	-1.6592	4.5730	0.9853	<0.001
PostD	0.1465	2.6926	0.9577	<0.001
PreP	-1.3024	2.4271	0.9684	<0.001
PostP	5.7067	3.5945	0.8127	<0.001
DYY	0.8396	1.3562	0.9347	<0.001
DYU	-0.3551	1.1513	0.9499	<0.001
AYU	-1.5251	0.8266	0.8920	<0.001
PYU	1.3563	1.3989	0.9503	<0.001
VYU	2.096	1.1516	0.9495	<0.001
KYU	3.0215	1.6250	0.8248	<0.001
KYY	1.9642	2.2455	0.9114	<0.001
GÇ	1.9029	0.2839	0.8122	<0.001
İOM	-0.2977	0.5502	0.9126	<0.001
PreO	-2.0089	1.1635	0.9508	<0.001
PostO	-0.3610	1.4389	0.9685	<0.001
İNİM	-0.4770	0.2875	0.7182	<0.001
ABU	-0.5180	0.4457	0.8292	<0.001
BU	-0.8365	0.7691	0.9423	<0.001
PBU	-0.6473	0.5849	0.8911	<0.001
PreOP	-1.4993	1.8043	0.9657	<0.001
D-K	-16.326	6.5386	0.9495	<0.001
P-V	-2.5657	2.7179	0.9663	<0.001
V-A	0.5570	1.7789	0.9265	<0.001
A-K	6.9718	0.8630	0.6641	<0.001
KPED	1.1704	0.9199	0.8333	<0.001
MİN	0.9535	0.8014	0.9482	<0.001
MAKS	-2.8256	2.1299	0.9080	<0.001

Bir diğ r  rnekleme lokalitesi olan Terme  ayı'ndan yakalanan  rnekler incelendiğinde 38 adedinin erkek 17 adedinin ise diři bireyler olduđu g r lm řt r. Eldeki  rneklerden alınan morfometrik  l  mlerin total boy ile olan iliřkileri incelenmiřtir.  B (0.9968), SB (0.9962), BB (0.9746), PreD (0.9870), PreP (0.9431), PostP (0.9384), DYY (0.9326), DYU (0.9266), AYU (0.9844), PYU (0.9135), KYU (0.9280), KYY (0.9419), IOM (0.9078), PostO (0.9197), PreOP (0.9370), D-K (0.9676), P-V (0.9894), V-A (0.9207), A-K (0.9401), KPED (0.9425) ve MIN (0.9409) değ rlerinin total boy ile olan iliřkileri r^2 değ rleri dikkate alındığında diğ rlerine oranla daha y ksek olarak hesaplanmıřtır. Yapılan istatistiksel hesaplamalar t m  l  m değ rlerinin total boy ile olan iliřkilerinin olduk a  nemli olduđunu ortaya  ıkarmıřtır ( izelge 3.14).

Çizelge 3.14. Terme Çayı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R² ve P değerleri

Terme Çayı				
Değişkenler	a	b	R ²	P
ÇB	-0.4419	0.9580	0.9968	<0.001
SB	0.0344	0.8085	0.9962	<0.001
A	2.9006	0.0119	0.9897	<0.001
BY	-3.5853	1.4278	0.8885	<0.001
BB	-3.2441	2.4457	0.9746	<0.001
PreD	-0.9088	4.3246	0.9870	<0.001
PostD	6.2426	4.8563	0.8996	<0.001
PreP	-3.8706	2.5329	0.9431	<0.001
PostP	7.8480	5.5965	0.9384	<0.001
DYY	0.0833	1.3897	0.9326	<0.001
DYU	0.0495	1.0827	0.9266	<0.001
AYU	-0.2967	0.7131	0.9844	<0.001
PYU	0.3213	1.4020	0.9135	<0.001
VYU	1.6051	1.1802	0.8792	<0.001
KYU	0.7941	1.9714	0.9280	<0.001
KYY	2.2429	2.0177	0.9419	<0.001
GÇ	1.8619	0.2714	0.7676	<0.001
İOM	-0.1232	0.5064	0.9078	<0.001
PreO	-3.3628	1.2355	0.8213	<0.001
PostO	-1.2518	1.4898	0.9197	<0.001
İNМ	-1.3028	0.3327	0.8372	<0.001
ABU	-1.0522	0.4701	0.8146	<0.001
BU	-2.5349	0.8908	0.8190	<0.001
PBU	-1.2909	0.6063	0.8338	<0.001
PreOP	-1.8083	1.8010	0.9370	<0.001
D-K	0.7844	3.7981	0.9676	<0.001
P-V	0.2584	2.4333	0.9894	<0.001
V-A	0.0449	1.8150	0.9207	<0.001
A-K	0.5124	1.8092	0.9401	<0.001
KPED	0.6152	0.9038	0.9425	<0.001
MİN	0.9287	0.7572	0.9409	<0.001
MAKS	1.8273	1.7125	0.8928	<0.001

Engiz Çayı'ndan yakalanmış olan örnekler incelendiğinde 30 adedi erkek ve 25 adedi dişi bireyden oluştuğu gözlenmiştir. Alınan morfometrik ölçümlerden ÇB (0.9962), SB (0.9905), PreD (0.9492), Post D (0.9066), PreP (0.9352), DYY (0.9155), PYU (0.9185), VYU (0.9238), İOM (0.9242), PostO (0.9121), D-K (0.9195), P-V (0.9151), V-A (0.9289), MIN (0.9137) ve MAKS (0.9220) değerlerinin r^2 'leri diğer ölçüm değerlerine oranla daha yüksek olarak bulunmuştur (Çizelge 3.15). Gerçekleştirilen istatistiksel analizler sonucunda tüm ölçüm değerlerinin total boy ile olan ilişkilerinin önemli olduğu bulunmuştur ($P<0.001$).

Düzce Değirmenağzı Deresi'nden yakalanmış olan 50 adet örneğin ise 27 tanesi erkek, 23 tanesi ise dişi bireydir. Tüm morfometrik ölçüm değerleri diğer lokalitelerde de olduğu gibi standardın sağlanabilmesi için örneklerin sol yüzeylerinden alınmıştır. Değirmenağzı Deresi'nden yakalanmış olan örneklerin ölçüm değerleri incelendiğinde ÇB (0.9955), SB (0.9916), BB (0.9501), PreD (0.9668), PostD (0.9097), PreP (0.9491), DYY (0.9344), DYU (0.9298), AYU (0.9010), PYU (0.9563), VYU (0.9312), KYU (0.9110), GÇ (0.9020), PostO (0.9219), PreOP (0.9306), D-K (0.9135), P-V (0.9543), V-A (0.9338), KPED (0.9505), MIN (0.9586) ve MAKS (0.9404) değerlerinin r^2 'leri diğerlerine göre daha yüksek bulunmuştur (Çizelge 3.16). Tüm ölçüm değerlerinin total boy ile olan ilişkilerinin oldukça önemli olduğu gerçekleştirilen istatistiksel analizler ile saptanmıştır ($P<0.001$).

Çizelge 3.15. Engiz Çayı örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R² ve P değerleri

Değişkenler	Engiz Çayı			
	a	b	R ²	P
ÇB	-0.3172	0.9402	0.9962	<0.001
SB	-0.004	0.7989	0.9905	<0.001
A	2.9871	0.0106	0.9927	<0.001
BY	3.410	0.8325	0.710	<0.001
BB	3.7782	1.6742	0.8061	<0.001
PreD	-5.9750	4.9352	0.9492	<0.001
PostD	2.2740	2.5794	0.9066	<0.001
PreP	-3.9666	2.7546	0.9352	<0.001
PostP	11.617	3.1693	0.8805	<0.001
DYY	1.4750	1.2964	0.9155	<0.001
DYU	2.8020	0.8491	0.8471	<0.001
AYU	0.7607	0.6315	0.8369	<0.001
PYU	2.1924	1.3354	0.9185	<0.001
VYU	1.9197	1.2202	0.9238	<0.001
KYU	3.2514	1.4676	0.7194	<0.001
KYY	7.9645	2.1041	0.8165	<0.001
GÇ	1.8553	0.2592	0.8409	<0.001
İOM	0.5208	0.4092	0.9242	<0.001
PreO	0.5147	0.9531	0.8959	<0.001
PostO	3.5101	1.0642	0.9121	<0.001
İNM	0.1196	0.2015	0.8325	<0.001
ABU	1.2595	0.2693	0.7935	<0.001
BU	2.1206	0.5627	0.8630	<0.001
PBU	2.2054	0.4434	0.7951	<0.001
PreOP	4.0876	1.2226	0.8437	<0.001
D-K	9.6314	2.9847	0.9195	<0.001
P-V	2.1287	2.0743	0.9151	<0.001
V-A	1.3990	1.6393	0.9289	<0.001
A-K	2.3987	1.0962	0.8447	<0.001
KPED	1.5689	0.8478	0.8886	<0.001
MİN	1.2386	0.7942	0.9137	<0.001
MAKS	2.8978	1.5486	0.9220	<0.001

Çizelge 3.16. Değirmenağzı Deresi örneklerinden alınan ölçümlerin TB ile olan ilişkilerinde a, b, R² ve P değerleri

Değirmenağzı Deresi				
Değişkenler	a	b	R²	P
ÇB	-0.2577	0.9345	0.9955	<0.001
SB	-0.3130	0.8320	0.9916	<0.001
A	0.0092	3.0302	0.9826	<0.001
BY	1.5030	1.0121	0.8919	<0.001
BB	0.5762	2.1111	0.9501	<0.001
PreD	-1.2958	4.4999	0.9668	<0.001
PostD	-1.2107	2.9577	0.9097	<0.001
PreP	0.7597	2.1697	0.9491	<0.001
PostP	12.906	3.0069	0.8523	<0.001
DYY	0.4730	1.3708	0.9344	<0.001
DYU	-0.6851	1.1591	0.9298	<0.001
AYU	-0.2734	0.7448	0.9010	<0.001
PYU	-0.4981	1.5370	0.9563	<0.001
VYU	-0.0395	1.3429	0.9312	<0.001
KYU	-3.0917	2.0824	0.9110	<0.001
KYY	1.8527	2.3990	0.8212	<0.001
GÇ	1.4928	0.3016	0.9020	<0.001
İOM	-1.2217	0.6161	0.8808	<0.001
PreO	0.9327	0.8602	0.8552	<0.001
PostO	2.4701	1.1548	0.9219	<0.001
İNM	-1.3747	0.3630	0.8738	<0.001
ABU	0.3768	0.3769	0.8704	<0.001
BU	2.0957	0.5089	0.8399	<0.001
PBU	0.7418	0.4943	0.8399	<0.001
PreOP	1.4510	1.4686	0.9306	<0.001
D-K	20.194	2.0284	0.9135	<0.001
P-V	-1.6231	2.5366	0.9543	<0.001
V-A	-1.2940	1.9408	0.9338	<0.001
A-K	2.1055	1.2102	0.8302	<0.001
KPED	1.0253	0.9121	0.9505	<0.001
MİN	1.2954	0.7904	0.9586	<0.001
MAKS	-1.5089	2.0076	0.9404	<0.001

3.1.1. Çok deęişkenli analiz yöntemleri

PRIMER 15.0, SPSS 20.0 ve PAST 3.0 istatistik analiz programı kullanılarak lokaliteler bazında morfometrik ölçüm deęerleri dikkate alınarak lokasyonlar arası farklılıkların belirlenebilmesi için Kümeleme Analizi (CA), Ayrım Analizi (DA) ve Temel Bileşenler Analizi (PCA) gerçekleştirilmiştir.

İlk altı fonksiyonun gerçekleştirilen analizler için önemli olduğu belirlenmiştir (Çizelge 3.17). DA analizi 14 morfometrik ölçüm deęerinin popülasyonların birbirlerinden ayrılımları için kullanılabileceğini ortaya çıkarmıştır (Çizelge 3.18).

Çizelge 3.17. Ayrım Analizine göre popülasyonların morfometrik veriler ile karşılaştırılma sonuçlarının Eigenvalue, %Varyans, %Kümülatif Varyans ve Kanonik Korelasyon deęerleri

Fonksiyon	Eigenvalue	% Varyans	% Kümülatif Varyans	Kanonik Korelasyon
1	7.864*	51.2	51.2	0.942
2	4.431*	28.8	80.0	0.903
3	1.833*	11.9	91.9	0.804
4	0.585*	3.8	95.7	0.608
5	0.510*	3.3	99.0	0.581
6	0.149*	1.0	100.0	0.360

* İlk 6 fonksiyon analizlerde kullanılmıştır.

Ayrım Analizi (DA) sonuçları Postdorsal Uzunluk (PostD), Postpektoral Uzunluk (PostP), Kavdal Yüzgeç Uzunluğu (KYU), Kaudal Yüzgeç Yüksekliği (KYY), Göz Çapı (GÇ), İnternasal Mesafe (İNM), Anteriyor Bıyık Uzunluğu (ABU), Posteriyor Bıyık Uzunluğu (PBU), Burun Uzunluğu (BU), Dorsal Kaudal Arası Mesafe (D-K), Pektoral Ventral Arası Mesafe (P-V), Ventral Anal Arası Mesafe (V-A), Anal Kaudal Arası Mesafe (A-K) ve Maksimum Vücut Yüksekliği (MAKS) ölçümlerinin lokalitelerin ayrılımlarında kullanılabileceği belirlenmiştir (Çizelge 3.18).

Çizelge 3.18. Ayrım Analizi (DA) ile lokalitelerin ayrımında kullanılacak morfolometrik karakterler

Değişkenler	LOKALİTELER						
	Karadere	Solaklı	Karasu	Terme	Akçay	Engiz	Değirmenağzı
PostD	0.181	0.559	1.028	0.866	0.062	-0.007	-0.054
PostP	0.159	-0.046	0.088	0.631	-0.012	0.163	0.089
KYU	-0.210	-0.470	1.375	-0.037	-0.321	-0.207	-0.304
KYY	-0.057	0.404	0.752	-0.493	0.199	0.463	0.363
GÇ	14.208	16.189	6.292	11.623	13.894	12.589	13.278
İNM	-3.245	-3.417	-7.383	-6.556	-2.808	5.134	-3.672
ABU	-2.423	-2.586	0.965	-2.704	-2.074	3.510	-1.342
PBU	-0.755	-0.832	1.769	0.703	-.331	3.023	0.603
BU	-0.212	-1.935	-3.752	-1.379	-0.634	0.482	-0.088
D-K	0.167	0.330	0.182	0.485	0.405	-0.027	0.006
P-V	-0.200	-0.282	-2.255	-0.818	-0.261	-0.229	-0.163
V-A	-0.664	-0.151	0.925	-0.496	-0.198	-0.160	-0.007
A-K	0.639	0.575	0.054	0.557	0.048	-0.760	-0.438
MAKS	0.074	-.787	-0.124	-0.704	-0.175	-0.105	-0.026

*Fisher's Linear Ayrım Fonksiyonu

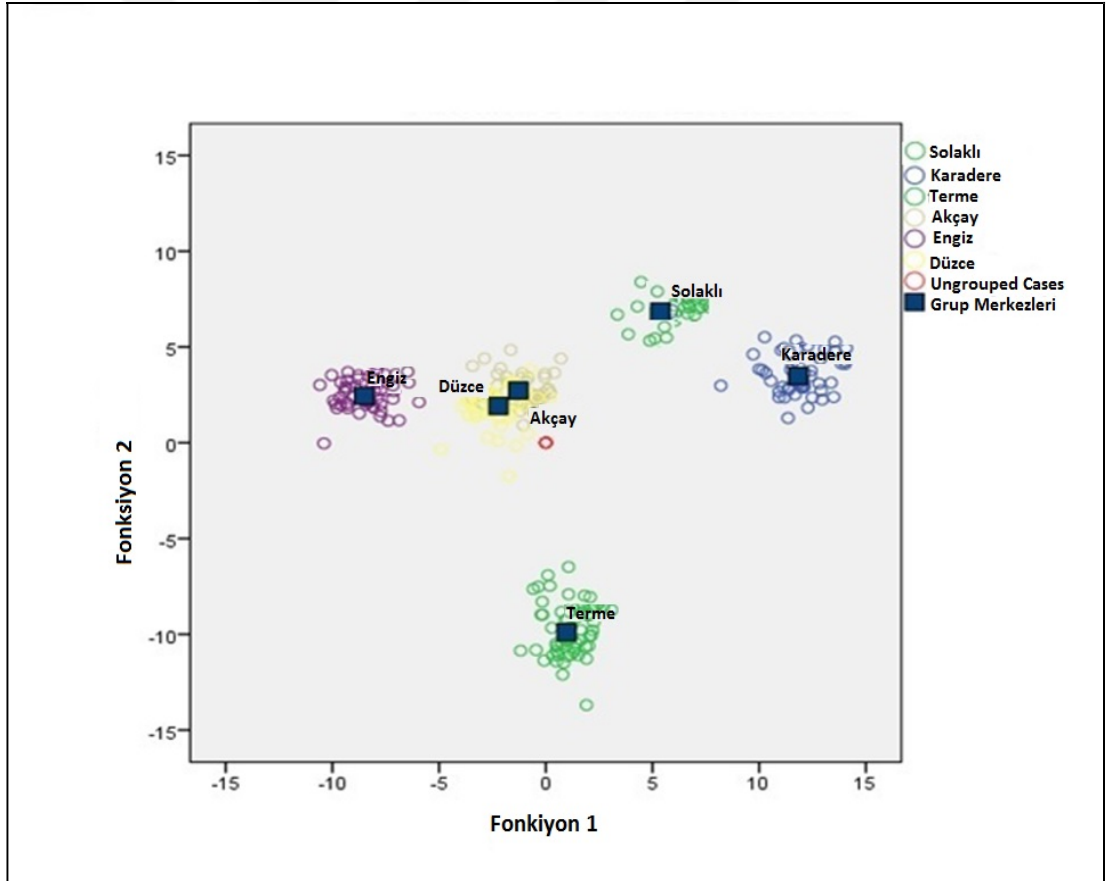
Wilks' Lamda testleri kullanılan morfolometrik ölçümlerin 14 adedinin popülasyonların ayrılmasında oldukça önemli olduklarını ortaya çıkarmıştır ($P<0.001$) (Çizelge 3.19).

DA sonuçları, her bir lokalitenin morfolometrik ölçümler dikkate alınarak Fonksiyon 1 ve Fonksiyon 2 düzlemlerinde düzenli bir şekilde dağıldıklarını göstermektedir (Şekil 3.2).

Barbus tauricus türü üzerinden alınan 32 farklı morfolometrik ölçüm değerinden 14 tanesinin popülasyonların birbirlerinden ayrılmasında % 89.1 oranında kullanılabileceği DA sonuçları ile belirlenmiştir (Çizelge 3.20).

Çizelge 3.19. DA kullanılarak morfolojik karakterlerin populasyonların ayırmalarında kullanılmasında elde edilen fonksiyonların Wilks' Lambda test sonuçları

Fonksiyonlar	Wilks' Lambda	Chi-square	df	P
1-6	0.003	1620.879	84	0.000
2-6	0.024	1024.108	65	0.000
3-6	0.128	561.320	48	0.000
4-6	0.364	276.520	33	0.000
5-6	0.577	150.548	20	0.000
6	0.871	37.899	9	0.000



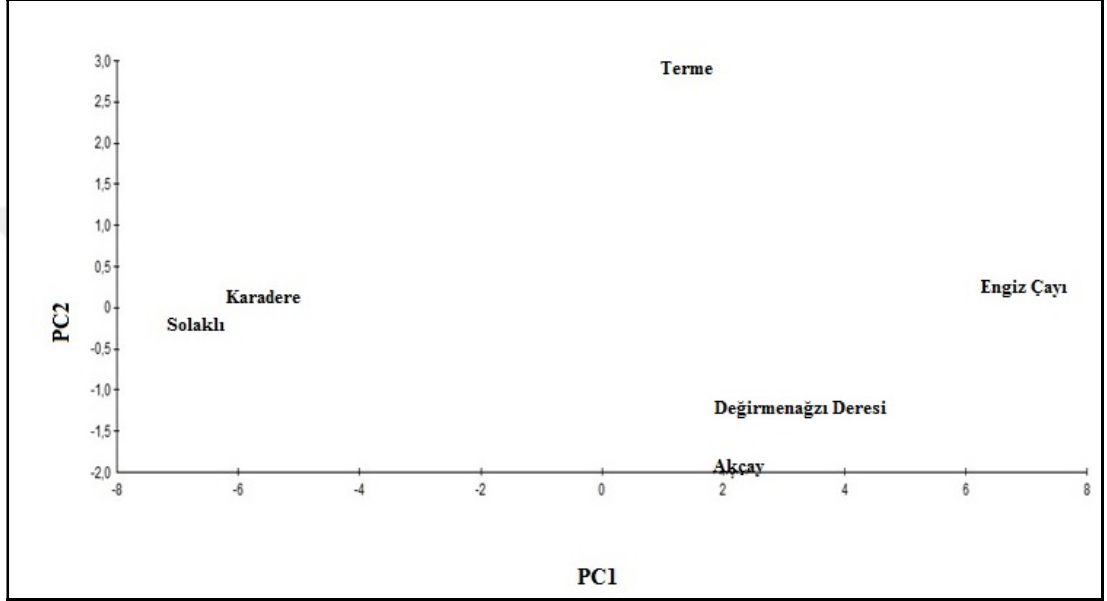
Şekil 3.2. SPSS 20.0 kullanılarak Ayırım Analizi (DA) ile lokalitelerin gösterimi

Çizelge 3.20. Ayırt edici karakterler kullanılarak lokalitelerin sınıflandırılma sonuçları

Lokaliteler		Tahmin Edilen Grup İlişkileri							Toplam
		Karadere	Solaklı	Karasu	Terme	Akçay	Engiz	Değirmenağzı Deresi	
Örnek Sayıları	Karadere	48	*	*	*	2	*	*	50
	Solaklı	*	50	*	*	*	*	*	50
	Karasu	*	*	11	*	*	*	*	11
	Terme	*	*	*	55	*	*	*	55
	Akçay	6	*	*	*	40	*	5	51
	Engiz	*	*	*	*	*	53	2	55
	Değirmenağzı	*	*	*	*	5	11	34	50
%	Karadere	96.0	*	*	*	4.0	*	*	100.0
	Solaklı	*	100.0	*	*	*	*	*	100.0
	Karasu	*	*	100.0	*	*	*	*	100.0
	Terme	*	*	*	100.0	*	*	*	100.0
	Akçay	11.8	*	*	*	78.4	*	9.8	100.0
	Engiz	*	*	*	*	11.6	96.4	3.6	100.0
	Değirmenağzı	*	*	*	*	10.0	22.0	68.0	100.0

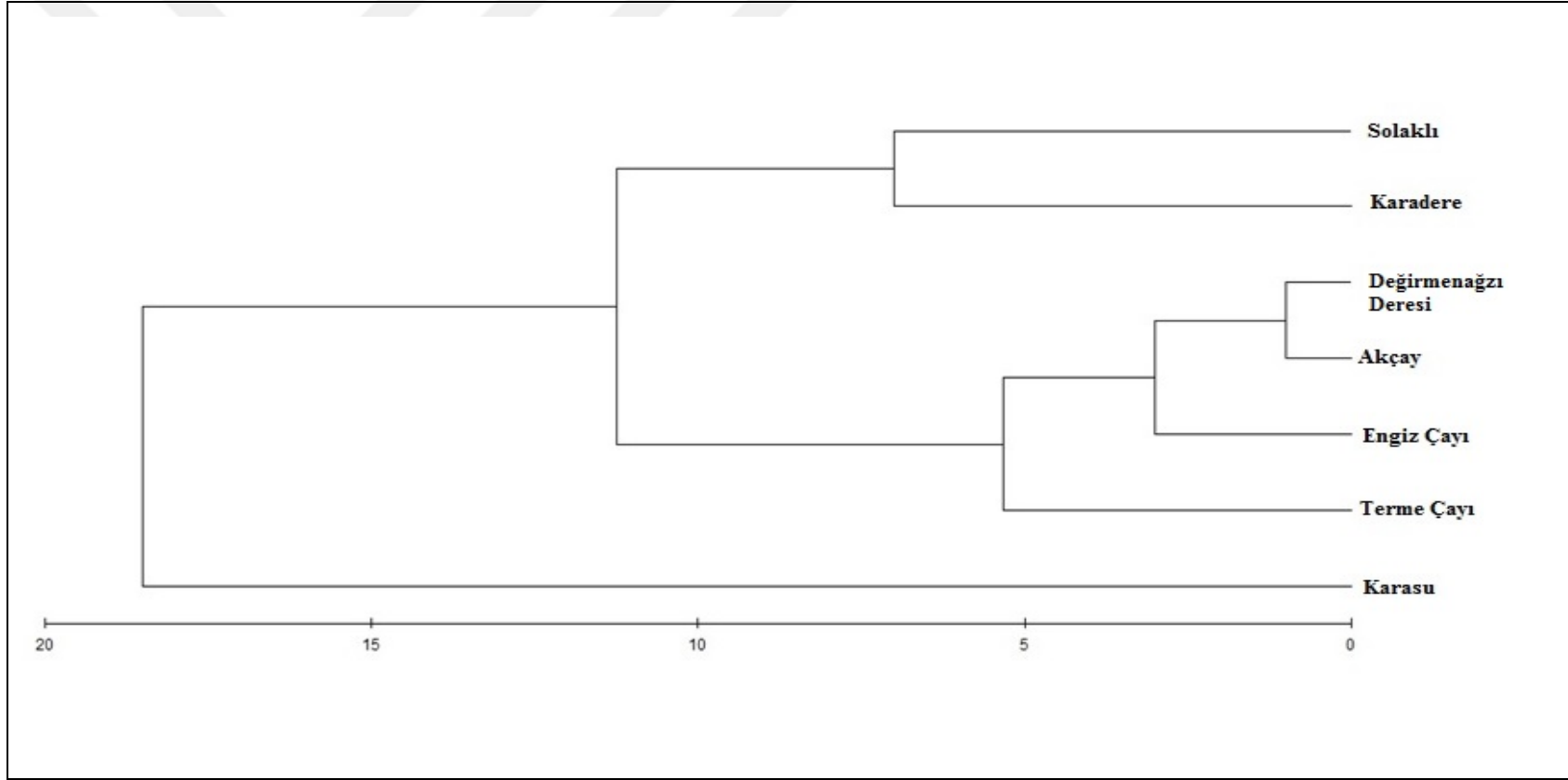
*Ölçülen karakterler % 89.1 oranında grupların ayırımında kullanılmaktadır.

Temel Bileşenler Analizi sonuçları (PCA); Karadere ve Solaklı popülasyonlarının diğerlerine oranla birbirlerine en fazla benzeyen gruplar olduklarını ortaya çıkarmıştır. Kendi içlerinde değerlendirildiklerinde Değirmenağzı Deresi ve Akçay'ın da birbirlerine diğer gruplara göre daha fazla benzeyen popülasyonlardan oluştukları ortaya çıkmıştır. Dikkat edilmesi gereken bir diğer önemli nokta ise Terme Çayı ve Engiz Çayları'nın incelenen diğer lokalitelerden daha farklı olduklarıdır (Şekil 3.3).



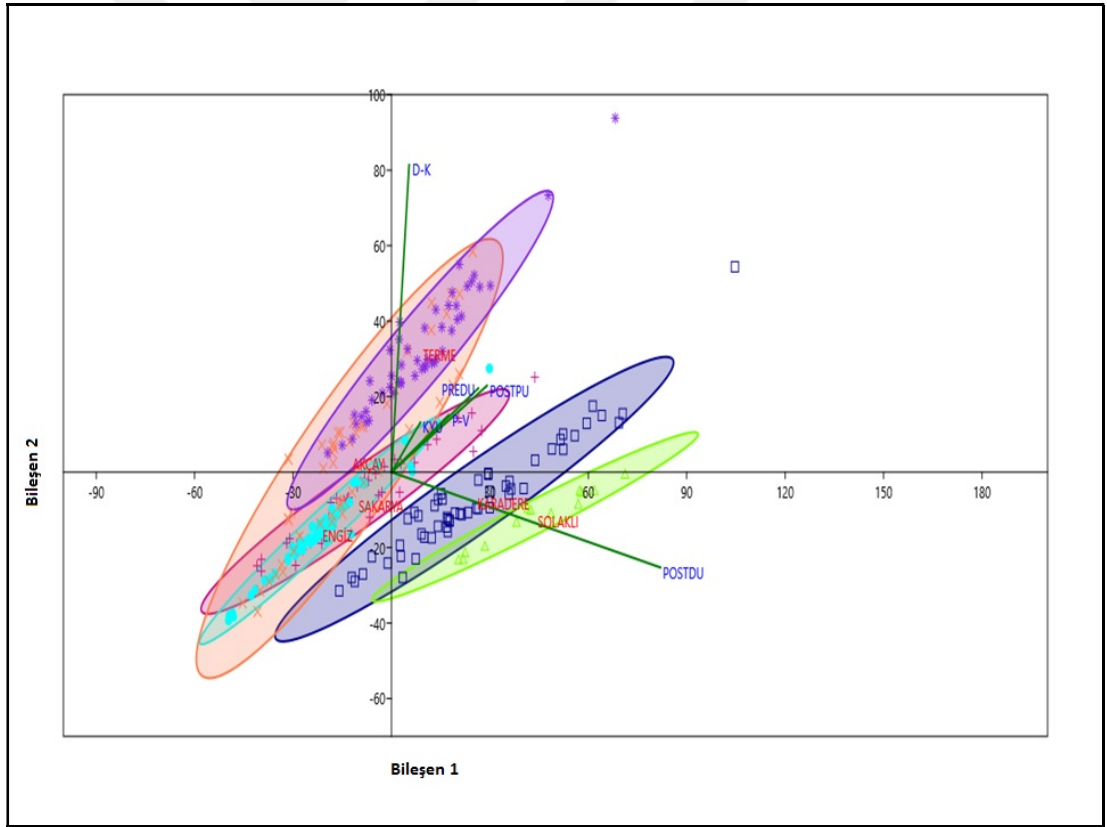
Şekil 3.3. Temel Bileşenler Analizi (PCA) ile lokalitelerin eksenler üzerindeki dağılımları

Arazi çalışmaları sonucunda elde edilen örnekler üzerinden alınan morfometrik ölçüm değerlerine göre gerçekleştirilen Hiyerarşik Kümeleme (Cluster) Analizleri de Solaklı ve Karadere'nin kendi içlerinde bir grubu, Değirmenağzı ve Akçay kendi içlerinde en fazla benzerlik gösteren diğer bir grubu, Engiz ve Terme Çayları ise ayrı birer grubu oluşturmakta olduklarını ortaya çıkarmıştır. Karasu Nehri ise lokaliteler içerisindeki en uzak kol olarak belirlenmiştir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. Hiyerarşik Kümeleme Analizi ile lokalitelerin benzerliklerinin gösterilmesi

Temel Bileşenler Analizi incelenen birçok özellik bakımından X değişken kümesinin varyans yapısını, p adet orijinal değişken yerine, k adet değişken ($k < p$) ve bu değişkenlerin doğrusal bileşenleri olan yeni değişkenler ile ifade etmek için kullanılmaktadır (Özdamar, 2004). Bir balık üzerinden alınan vücut özelliklerine ait toplam varyasyonun izahında, değişkenlerin tamamının irdelenmesi yerine daha az sayıda değişken ile açıklanması bu konu için en önemli örneklerdendir. Bu çalışmada da alınan 32 ölçümden ziyade 14 ölçüm değerinin populasyonlar için önemli oldukları belirlenmiştir. PCA ile birlikte Şekil 3.5'te görüldüğü üzere PostD, P-V, KYU, PreD, D-K ve PostP değerlerinin populasyonlar arasında oldukça önemli farklılıklar gösterdikleri ortaya çıkmıştır. Örneğin; Solaklı ve Karadere'nin birbirlerinden ayrılmasında PostD değeri önemli iken diğer lokalitelerin birbirlerinden ayrılmasında özellikle D-K değerinin oldukça önemli olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.5).

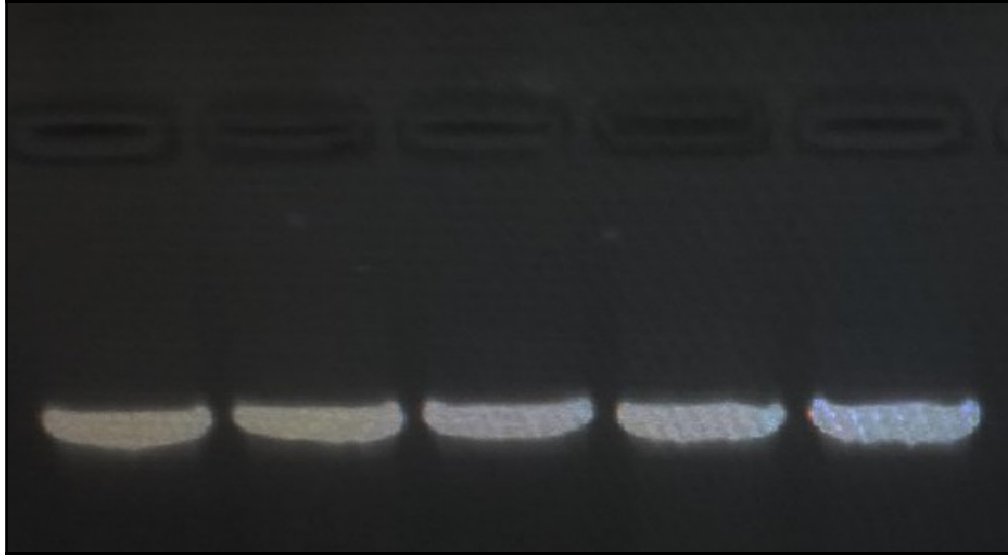


Şekil 3.5. Populasyonların ve ilgili morfometrik ölçümlerin PCA ile gösterimi

3.2. Genetik Bulgular

Bu çalışmada Karadeniz Bölgesi'nden belirlenmiş olan farklı lokalitelerden yakalanan *Barbus tauricus* türünün morfometrik varyasyonlarının yanında 3 farklı gen bölgesi (Cyt b, D-loop ve RAG1) de kullanılarak tür içi ve populasyonlar arasındaki ilişkiler tespit edilmiştir. Dizi analizleri sonucunda elde edilen veriler BioEdit, ChromasPro, Geneious, MEGA 7, SplitsTree, jmodel Test, PAUP, PHYLIP, DnaSP ve Arlequin gibi moleküler analiz programları kullanılarak değerlendirilmiştir.

Öncelikle gerçekleştirilmiş olan çalışmada DNA izolasyonu aşamasında başarılı olup olunmadığı belirlenmiştir. Yapılan izolasyondan elde edilen ürünler PCR çalışmaları ve jel elektroforezi ile kontrol edilmiştir (Şekil 3.6).

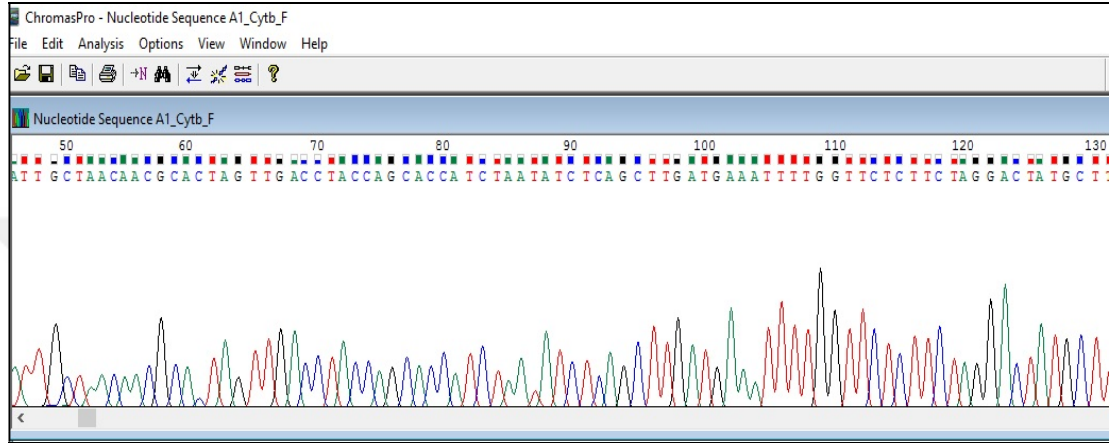


Şekil 3.6. Jel görüntülemesi gerçekleştirilmiş olan DNA

Çalışmada öncelikle elde edilmiş olan örneklerle ait sekans sonuçları ve GENBANK'tan alınan yakın türlerin verileri de kullanılarak uygun diziler tespit edilmiştir.

3.2.1. mtDNA Cyt b gen bölgesi dizi karakterleri, haplotip, nükleotit özellikleri ve filogenetik analizleri

Gerçekleştirilen tez çalışmasında mtDNA Cyt b gen bölgesinin 1141 bç'lik kısmı kesin olarak belirlenmiştir ve analizler bu kısım üzerinden yapılmıştır. Öncelikle her bir lokaliteden yakalanmış olan örneklerin sekans sonuçları ayrı ayrı değerlendirilmiştir (Şekil 3.7).

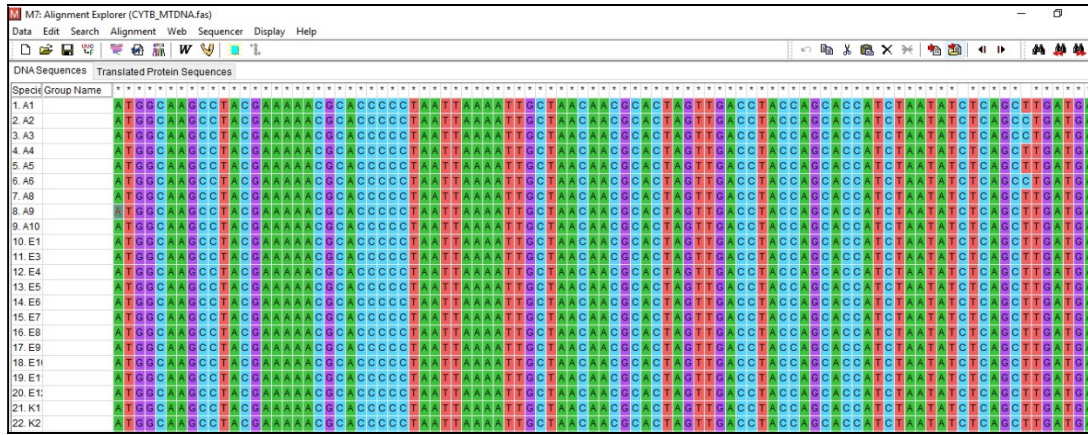


Şekil 3.7. Cyt b sekans sonuçlarının ChromasPro ile görüntülenmesi

ChromasPro ve MEGA 7 programları kullanılarak dizin hizalamaları ve kontrolleri gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.8). Dizi verilerinin ilk mukayesesi BIOEDIT software (Thompson vd, 1994) yardımıyla daha önceden GenBank veritabanına girilen ilgili sekanslarla karşılaştırılarak yapılmıştır. Farklı lokalitelerden elde edilmiş *Barbus tauricus* türüne ait 10'ar adet örneğin baz dizileri belirlendikten sonra diğer analizler gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.8).

Elde edilen örneklerin ön değerlendirmeleri yapıldıktan sonra her bir gen bölgesi için dizinler FASTA formatında elde edilmiştir. Elde edilen tam dizilim gerçekleştirilecek analizlerde ve programlarda kullanılabilmeleri için farklı formatlara dönüştürülmüş ve kaydedilmiştir.

mtDNA gen bölgesi omurgalı canlılar için en korunaklı bölgelerden birisidir. Bu sebeple de mtDNA'nın birçok farklı bölgesi moleküler analizlerde tercih edilmektedir.



Şekil 3.8. Cyt b bölgesinin MEGA7 kullanılarak baz dizilimlerinin belirlenmesi

Örneklerin transisyon ve transversiyon oranları incelenmiştir (Çizelge 3.21). *Barbus tauricus* türünün 1141 bç'lik tam dizilimi uygun analiz programları kullanılarak hizalanmıştır. Farklı lokalitelerden elde edilmiş *Barbus tauricus* türüne ait mtDNA cytb gen bölgesi veri setine ait nükleotit pozisyonlarının % 97.11 (1108 bç)'inin korunmuş, %2.89 (33 bç)'unun değişken ve % 2.71 (31 bç)'inin maksimum bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

Nükleotit frekansları %28.11 (A), %27.19 (T/U), %29.26 (C) ve %15.37 (G) olarak belirlenmiştir. Transisyon/Transversiyon oranları $k1 = 66.975$ (pürinler) ve $k2 = 28.193$ (primidinler) olarak hesaplanmıştır (Çizelge 3.21).

Çizelge 3.21. Cyt b gen bölgesi için nükleotit dönüşümlerinin hesaplanması (*Transisyon oranları koyu; Transversiyon oranları açık renkler ile ifade edilmiştir.)

Nükleotidler	A	T	C	G
A	-	0.58	0.62	21.86
T	0.6	-	17.52	0.33
C	0.6	16.28	-	0.33
G	40.09	0.58	0.62	-

Her bir örnek için belirlenen ortalama nükleotit oranları ve her bir kodon için olan miktarları Çizelge 3.22'de gösterilmiştir.

Çizelge 3.22. Çalışılan populasyon örneklerine ait Cyt b geninin nükleotit frekansları

ÖRNEK	T (U)	C	A	G	TOTAL	T-1	C-1	A-1	G-1	Pos #1	T-2	C-2	A-2	G-2	Pos #2	T-3	C-3	A-3	G-3	Pos #2
A1	27.2	29.3	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A2	27.1	29.4	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A3	27.1	29.4	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A4	27.2	29.3	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A5	27.2	29.3	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A6	27.1	29.4	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A8	27.2	29.3	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A9	27.2	29.3	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
A10	27.2	29.3	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
E1	27.2	29.3	28.3	15.2	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.1	380
E3	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E4	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E5	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E6	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E7	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E8	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E9	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E10	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E11	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
E12	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	40	7.4	380
K1	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
K2	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
K3	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
K4	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
K5	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
K6	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
K7	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
K8	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.5	7.4	380
K9	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.6	380
K10	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	18.2	35.5	39.7	7.4	380

Çizelge 3.22. Çalışılan populasyon örneklerine ait Cyt b geni nükleotit frekansları (devam)

T1	27.3	29.0	27.9	15.8	1141	22.3	27.3	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	8.7	380
T2	27.2	29.3	28.3	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	18.2	35.5	39.7	7.4	380
T3	27.3	29.0	28.0	15.7	1141	22.3	27.3	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	8.7	380
T4	27.2	29.3	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.5	7.6	380
T5	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
T6	27.2	29.3	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.5	7.6	380
T7	27.3	29.0	27.7	16.0	1141	22.3	27.3	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	18.2	35.5	38.4	8.9	380
T8	27.2	29.3	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.5	7.6	380
T10	27.2	29.3	28.2	15.3	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.4	35.5	39.7	7.4	380
D1	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D2	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D3	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D4	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D5	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D6	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D7	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D8	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D9	27.1	29.4	28.1	15.4	1141	22.6	27.0	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
D10	27.2	29.4	28.1	15.4	1141	26.6	27.0	24.9	24.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.1	35.8	39.5	7.6	380
ORT	27.2	29.3	28.2	15.4	1141	26.6	27.1	24.9	25.5	381	41.6	25.3	20.0	13.2	380	17.3	35.5	39.6	7.5	380

Yapılan analizler sonucunda Cyt b gen bölgesi sekansında 11 Haplotip tespit edilmiştir. Çalışılan gen bölgesinin sekans verilerine göre Haplotip çeşitliliği (H_d) 0.7491 olarak hesaplanmıştır. Haplotip Varyans (V_{Hd}) değeri ise 0.00259, Nükleotit çeşitliliği ise P_i 0.00474 olarak belirlenmiştir. Belirlenen haplotipler Çizelge 3.23'te gösterilmiştir.

Çizelge 3.23. Cyt b gen bölgesi sekansına göre oluşan haplotipler

Haplotipler	Örnek Dağılımı	Haplotip Frekansları
H1	A1, A4, A5, A8, A9, A10	6
H2	A2, A3, A6	3
H3	E1	1
H4	E3, E4, E5, E6, E7, E8, E9, E10, E11, E12, K1, K2, K3, K4, K5, K6, K7, K8, K9, T2, T5, T10	22
H5	K9	1
H6	T1	1
H7	T3	1
H8	T4	1
H9	T6, T8	2
H10	T7	1
H11	D1, D2, D3, D4, D5, D6, D7, D8, D9, D10	10

Belirlenen haplotiplerden en yaygın olanı H4 haplotipi olarak saptanmıştır. Bu haplotip tipi içerisinde 22 adet örnek yer almaktadır. H4 içerisinde Karadere (Trabzon), Engiz Çayı (Samsun) ve Terme Çayı (Samsun)'ndan yakalanmış olan örnekler yer almaktadır (Çizelge 3.24).

Çizelge 3.24. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen bıyıklı balık bireyleri için belirlenen Cyt b haplotiplerinin populasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)'e göre verilmiştir)

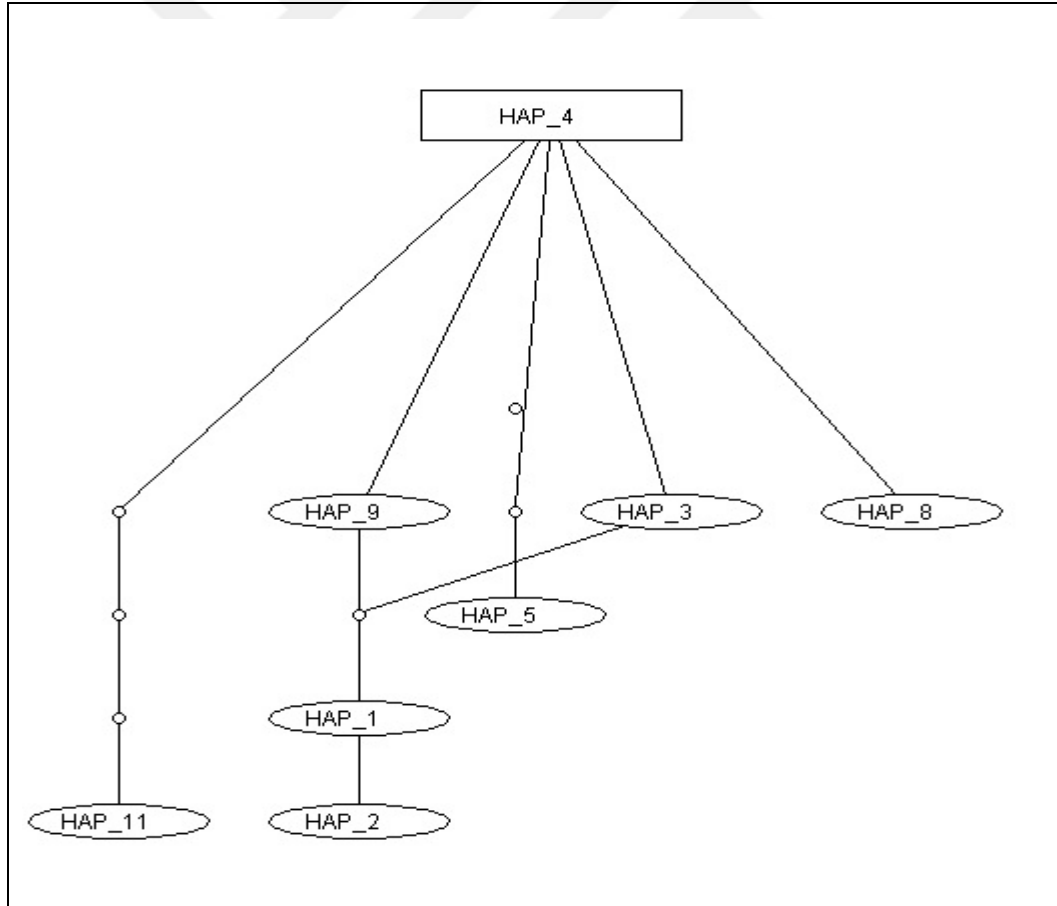
Haplotip adı	Baz Pozisyonu	Lokalite
	881111123344555666677888999991111 170125980607009444625349578890011 2131853951144056093461794702901 0243	
Hap_1	CTTAATCCACGAATAGAGTAACGCAAGGATCGA	Akçay
Hap_2	.C.....	Akçay
Hap_3	...G.....A.....	Engiz
Hap_4	...G.....A.....G	Engiz, Karadere, Terme
Hap_5	...G.....GA.....A.....G	Karadere
Hap_6	T..GGCTTGAAGGCG..ACGGTAT.G.AGCTAG	Terme
Hap_7	T..GGCTTGAAGGCGA.AC GG TAT.G.AGCTAG	Terme
Hap_8	...G.....G.....A.....G	Terme
Hap_9	...G.....G	Terme
Hap_10	T..GGCTTGAAGGCG...CGGT.T.G.AGCTAG	Terme
Hap_11	T.CG.....C.....G.A.....G	Değirmenağzı

Lokasyonlar arasındaki ortalama ve net nükleotid çeşitlilikleri DnaSP (Rozas ve Rozas 1999) programı ile hesaplanmıştır (Çizelge 3.25).

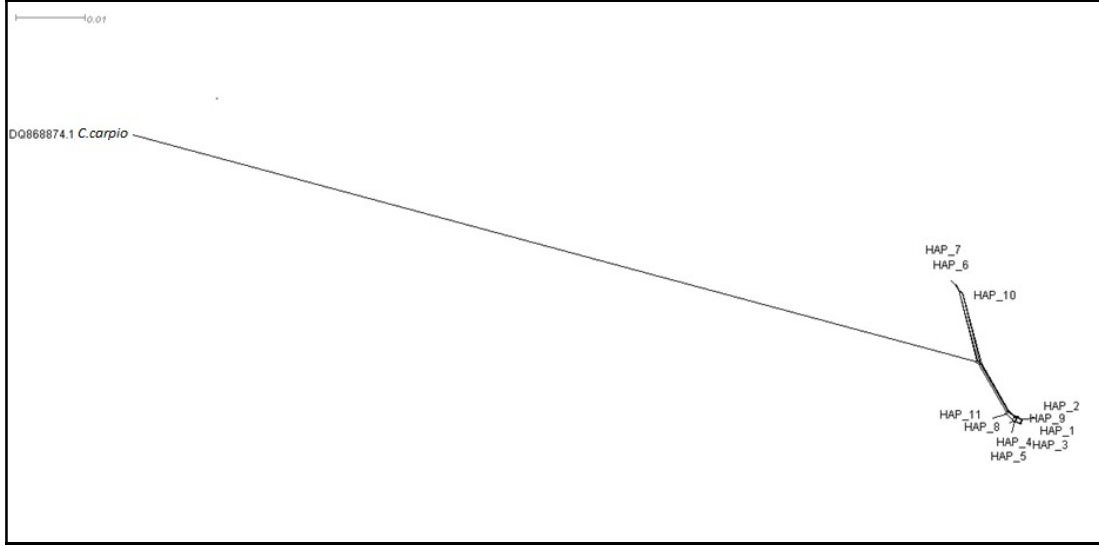
TCS programı (Clement vd, 2000) kullanılarak mtDNA Cyt b gen bölgesi (1141 bç) için 11 haplotip analiz edilmiştir. Haplotipler arası ilişkinin gözlenmesi için oluşturulan ağlar (network) Şekil 3.9 ve Şekil 3.10'da sunulmuştur. Analiz sonucunda atasal haplotipin populasyonların çoğunun bulunduğu küme içinde yer alan ve Engiz Çayı, Karadere ve Terme Çayı örnekleri içinde gözlenen “Hap 4” olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.9).

Çizelge 3.25. Mitokondriyal DNA Cyt b genlerini içeren veriler açısından *Barbus tauricus* populasyonları arasındaki ortalama nükleotit çeşitliliği ve net nükleotit çeşitliliği (Alt diagonal d_{XY} , Üst diagonal d_A)

	AKÇAY	ENGİZ ÇAYI	TERME ÇAYI	KARADERE	DEĞİRMEN AĞZI DERESİ
AKÇAY	0	0.00256	0.00379	0.00272	0.00623
ENGİZ ÇAYI	0.00288	0	0.00204	0.00000	0.00351
TERME ÇAYI	0.00977	0.00787	0	0.00201	0.00438
KARADERE	0.00313	0.00025	0.00793	0	0.00351
DEĞİRMEN AĞZI DERESİ	0.00646	0.00359	0.01013	0.00368	0



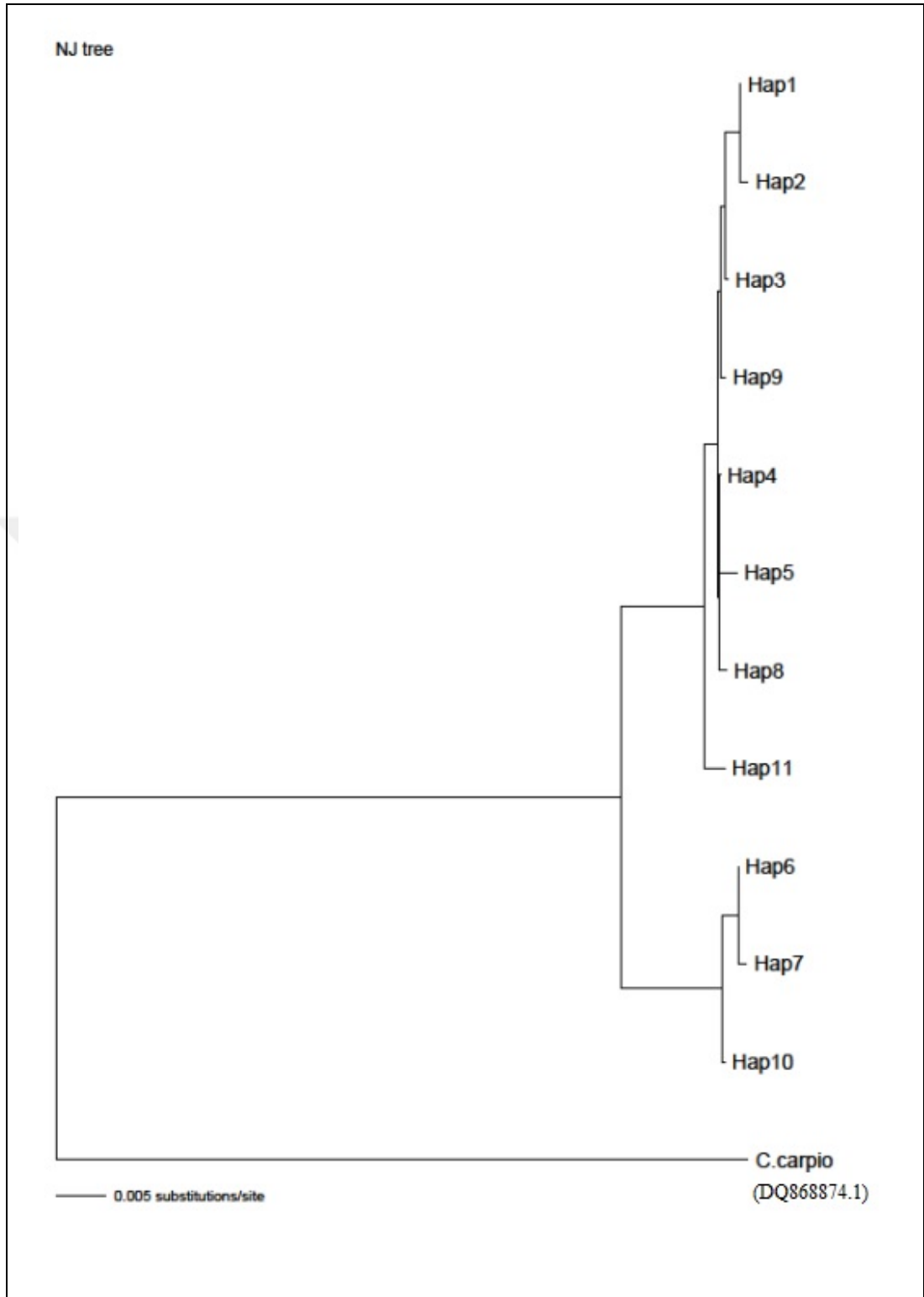
Şekil 3.9. TCS (Clement vd, 2000) kullanılarak oluşturulmuş olan parsinomi ağı



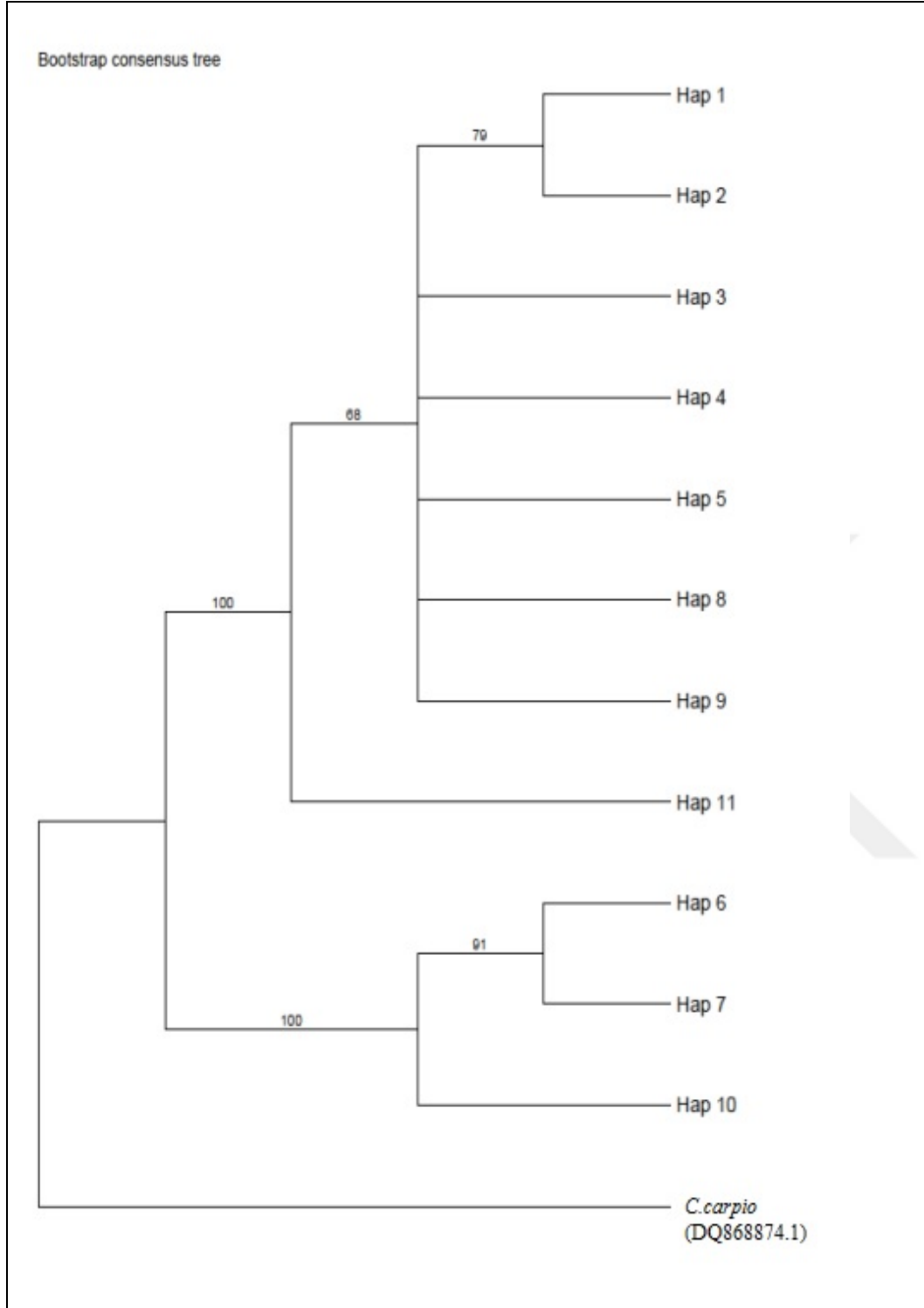
Şekil 3.10. Cyt b gen bölgesi için SplitsTree programı (Huson ve Bryant, 2006) kullanılarak oluşturulmuş olan ağaç modeli

En uygun modelin belirlenmesi için jModelTest v.0.1 (Posada, 2008) programı kullanılarak hem Akaike bilgi kriterleri (AIC) hem de Bayesian bilgi kriterlerine (BIC) göre 88 farklı model arasından Cyt b gen bölgesi için TPM2uf+G modeli seçilmiştir. İlgili model kullanılarak çalışılan veri seti için hesaplanan tüm model parametreleri sırasıyla; A = 0.2939, C = 0.2943, G = 0.1496, T = 0.2622, kesikli gama dağılımının biçim parametresi =0.1070, -lnL= 2306.2705, K=28 ve P invar=0 olarak gerçekleşmiştir. Elde edilmiş olan verilerden ilgili dendogramlar oluşturulmuştur. Analizlerde örneklerle ait baz dizilimlerini içermiş olmakla birlikte, boşluklar ve eksik veri içeren pozisyonların her biri kaldırılmış, 1'nci +2'nci +3'ncü + kodlamayan kodon pozisyonları analizlere dahil edilmiştir.

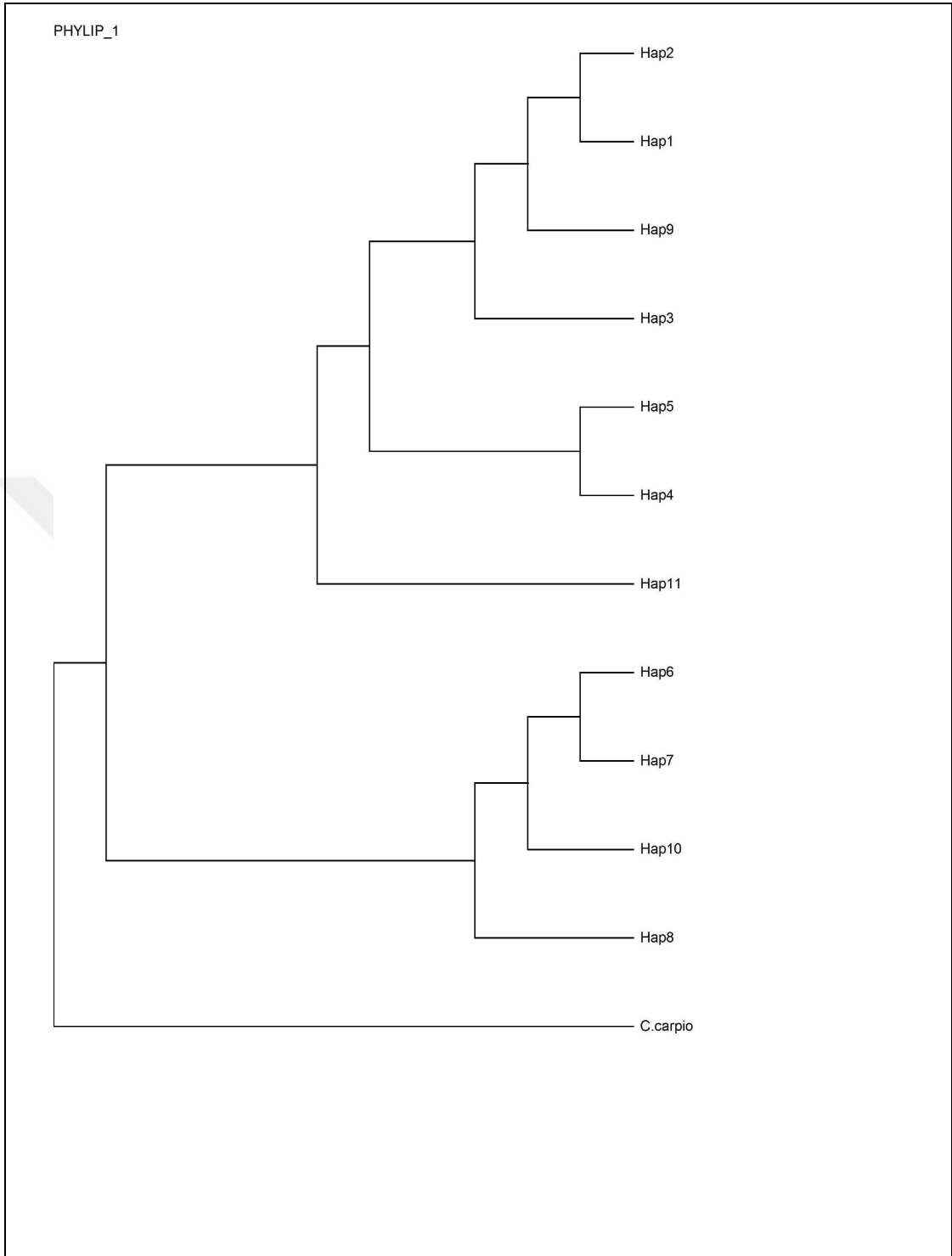
Elde edilmiş olan verilerden oluşturulmuş olan NJ, ML ve MP ağaçlarında *Cyprinus carpio* L., 1758 türü dış grup olarak kullanılmıştır (Şekil 11-16). Haplotiplerin kollar üzerindeki dağılımları Şekil 3.11-Şekil 3.16'da oluşturulmuş olan orginal ve seç-bağla 1000 olarak belirlenmiş ağaçlarda görülmektedir. Terme Çayı'ndan elde edilmiş olan üç örneğin (T1, T3 ve T7) (Hap 6, Hap 7, Hap 10) diğer haplotiplerden oldukça farklı bir seviyede olduğu saptanmıştır. Bu üç haplotipin ikili uzaklık ilişkileri matrisleri de incelendiğinde diğer haplotiplerden farklı oldukları gözlenmiştir. En yüksek genetik uzaklık mesafesi Haplotip 1 ile Haplotip 7 arasında hesaplanmıştır (0.0117) (Çizelge 3.26).



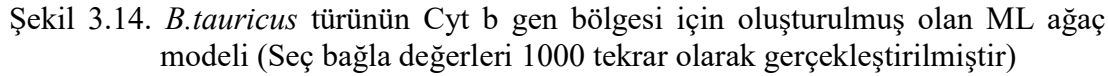
Şekil 3.11. *B. tauricus* türünün Cyt b gen bölgesi için oluşturulmuş olan NJ ağaç modeli (Orijinal ağaç)

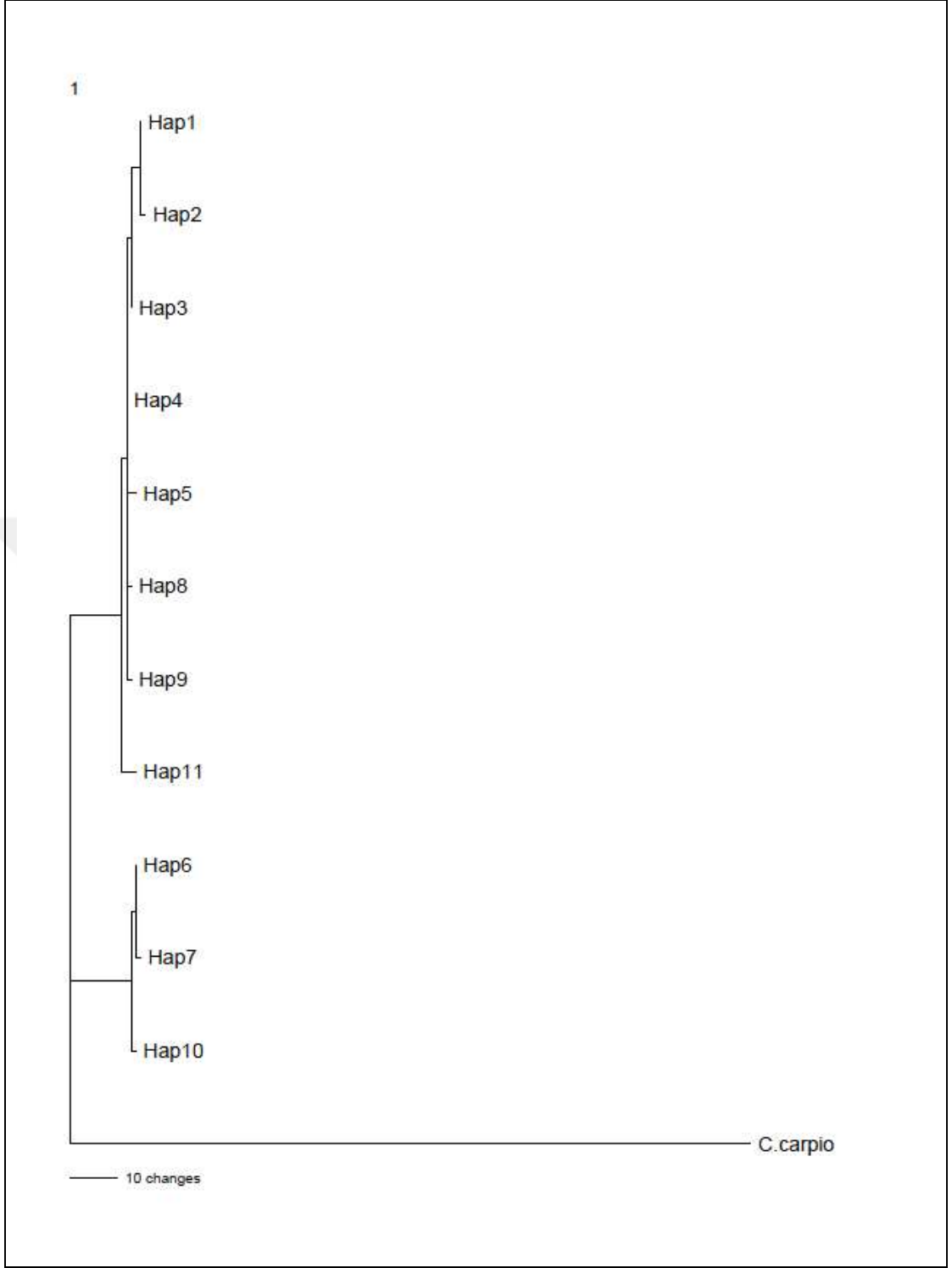


Şekil 3.12. *B.tauricus* türünün Cyt b gen bölgesi için oluşturulmuş olan NJ ağaç modeli (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)

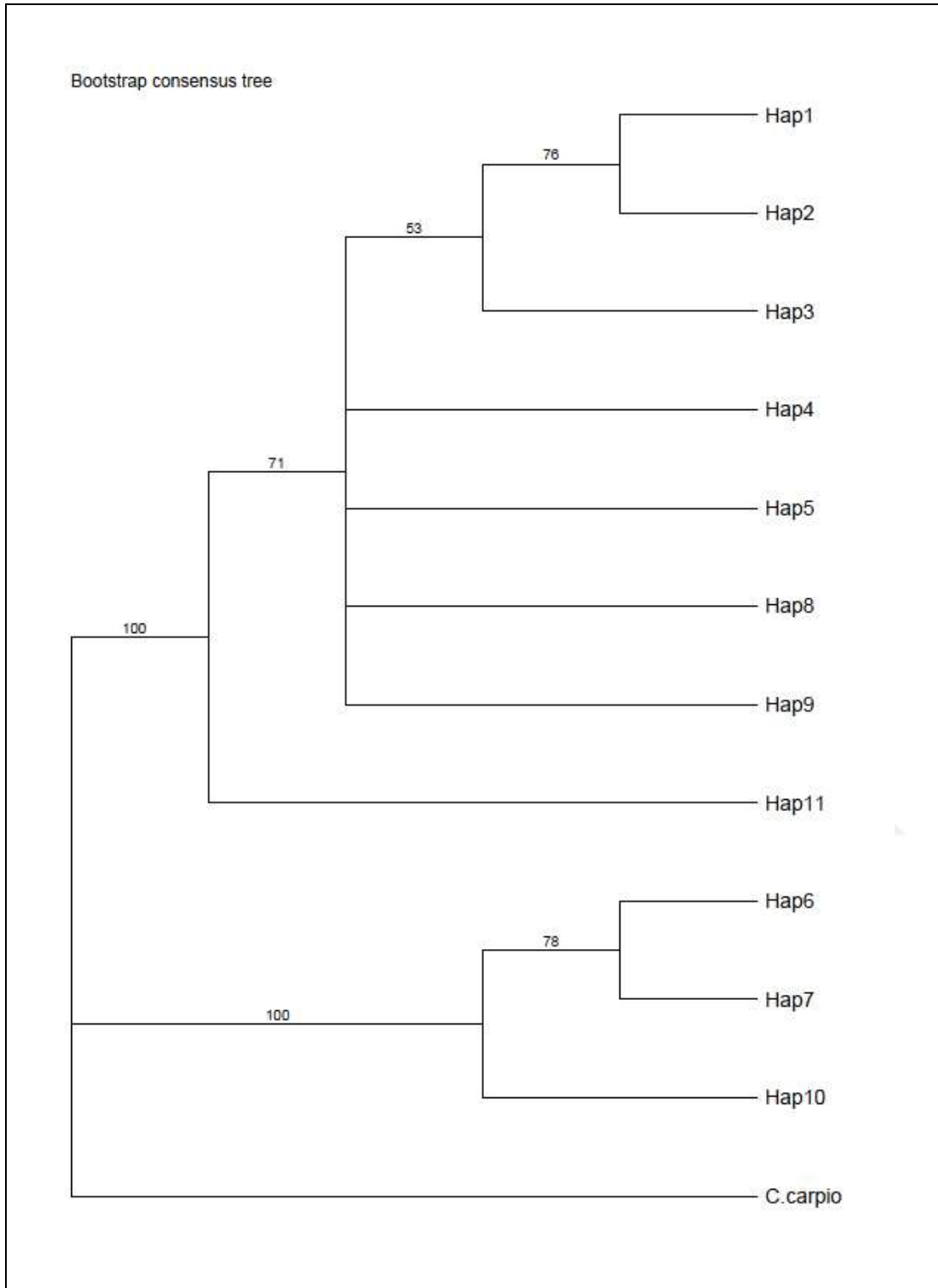


Şekil 3.13. *Barbus tauricus* türünün Cyt b gen bölgesi bakımından oluşturulan ML (Maksimum Olasılık) ağacı (Orjinal Ağaç)





Şekil 3.15. *Barbus tauricus* türünün Cyt b gen bölgesi bakımından oluşturulan MP (Maksimum Olasılık) ağacı (Orjinal Ağaç)



Şekil 3.16. *B.tauricus* türünün Cyt b gen bölgesi için oluşturulmuş olan MP ağaç modeli (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)

Dendogramların oluşturulmasında kullanılan uzaklık ilişkisi matrisi Çizelge 3.26'da gösterilmiştir.

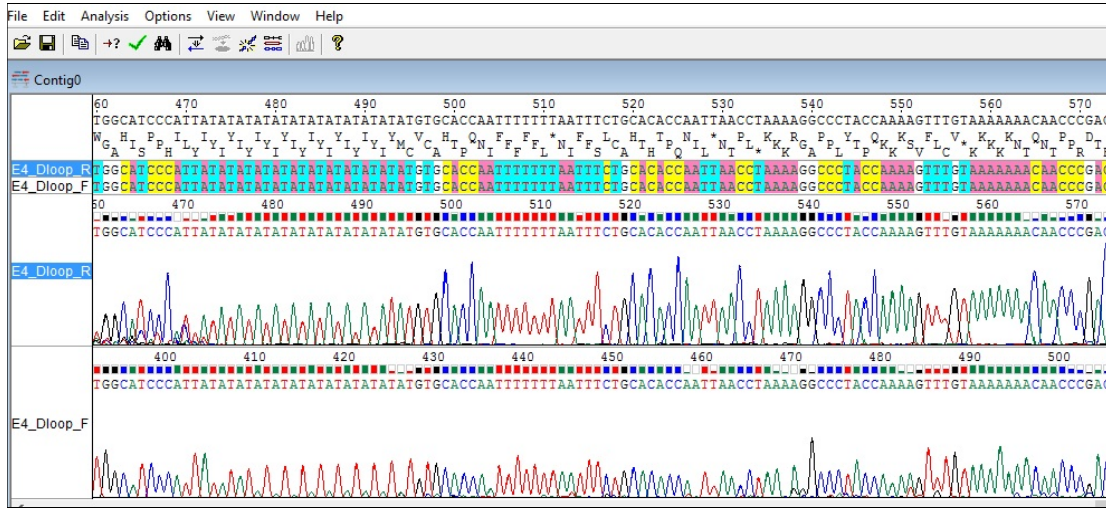
Çizelge 3.26. Cyt b gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
HAP_1	0										
HAP_2	0.0004										
HAP_3	0.0008	0.0012									
HAP_4	0.0012	0.0016	0.0004								
HAP_5	0.0020	0.0024	0.0012	0.0008							
HAP_6	0.0109	0.0113	0.0109	0.0105	0.0105						
HAP_7	0.0113	0.0117	0.0113	0.0109	0.0109	0.0004					
HAP_8	0.0016	0.0020	0.0008	0.0004	0.0012	0.0100	0.0105				
HAP_9	0.0008	0.0012	0.0008	0.0004	0.0012	0.0100	0.0105	0.0008			
HAP_10	0.0100	0.0105	0.0100	0.0096	0.0105	0.0008	0.0012	0.0092	0.0092		
HAP_11	0.0028	0.0032	0.0020	0.0016	0.0024	0.0105	0.0109	0.0020	0.0020	0.0096	
DQ868874.1_Cyprinus carpio cytb	0.0799	0.0799	0.0799	0.0793	0.0805	0.0799	0.0805	0.0799	0.0799	0.0799	0.0793

3.2.2. mtDNA D-loop gen bölgesi dizi karakterleri, haplotip, nükleotit özellikleri ve filogenetik analizleri

mtDNA'nın bir diğer bölgesi olan D-loop, *Barbus tauricus* türünde çalışılmamış bölgelerden birisidir. Bu tez çalışması kapsamında D-loop gen bölgesinin 599 bp'lik alanının dizilimi elde edilmiştir. Kontrol bölgesi olarak da bilinen bu alan bütün mitokondriyal genler içerisinde en yüksek değişim oranına sahip olan bölgedir.

Kontrol bölgesi için elde edilen sekans sonuçları diğer bölgelerde de yapıldığı gibi öncelikle ChromasPro programı kullanılarak ileri (Forward) ve geri (Reverse) okumaları ile birlikte incelenmiştir (Şekil 3.17).



Şekil 3.17. D-loop sekans sonuçlarının ChromasPro ile görüntülenmesi

D-loop bölgesinde yüksek oranda korunmuş sekans bölgeleri bulunmaktadır. Genellikle A-T'ce zengin bölgeler, D-loop'un her iki ucunda ve evrimsel olarak korunmuş merkezi bölgeler olarak bu tez çalışmasında da tespit edilmiştir (Şekil 3.18). D-loop gen bölgesinin 599 bp'lik alanı için nükleotid pozisyonlarının % 5.18 (31 bp)'inin değişken ve % 4.51 (27 bp)'inin maksimum bilgi verici olduğu belirlenmiştir.



Şekil 3.18. D-loop bölgesinin MEGA7 kullanılarak baz dizilimlerinin belirlenmesi

Elde edilen veriler FASTA formatına çevrilerek kayıt altına alınmıştır. Yapılan analizler sonucunda D-loop bölgesi için transisyon ve transversiyon oranları da belirlenmiştir (Çizelge 3.27).

Çizelge 3.27. D-loop gen bölgesi için nükleotid dönüşümlerinin hesaplanması (*Transisyon oranları koyu; Transversiyon oranları açık renklerle ifade edilmiştir.)

	A	T	C	G
A	-	0.14	0.1	22.88
T	0.12	-	14.14	0.07
C	0.12	19.92	-	0.07
G	41.94	0.14	0.1	-

Nükleotid sıklıkları %28.98 (A), %32.04 (T/U), %23.16 (C) ve %15.81 (G) olarak hesaplanmıştır. Transisyon/ Transversiyon oranı $k1 = 335.712$ (pürinler) ve $k2 = 144.206$ (primidinler) olarak ortaya çıkarılmıştır.

D-loop gen bölgesi için 27 Haplotip belirlenmiştir. Haplotip çeşitliliği (H_d) 0.953 olarak hesaplanmıştır. Haplotip Varyans (V_{Hd}) değeri ise 0.00025, Nükleotid çeşitliliği ise P_i 0.10097 olarak belirlenmiştir. Belirlenen haplotipler Çizelge 3.28’de belirtilmiştir.

Çizelge 3.28. D-loop gen bölgesi sekansına göre oluşan haplotipler

Haplotipler	Örnek Dağılımı	Haplotip Frekansları
H1	A3	1
H2	A4	1
H3	A8	1
H4	A5	1
H5	A6, A9	2
H6	A10	1
H7	D1	1
H8	D2, D3, D4, D5, D8, D9, D10	7
H9	D6	1
H10	E1	1
H11	E2	1
H12	E3	1
H13	E4, E12	2
H14	E5, E11, K1, K10, T2, T5	6
H15	E7, E9	2
H16	E6, K5, K6, K7, K8	5
H17	E8	1
H18	E10	1
H19	K2	1
H20	K3	1
H21	K4	1
H22	K9	1
H23	T1, T3	2
H24	T4	1
H25	T6	1
H26	T7, T8, T9	3
H27	T10	1

Çizelge 3.29. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen bıyıklı balık bireyleri için belirlenen D-loop haplotiplerinin popülasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)'e göre verilmiştir.)

101

Çizelge 3.29. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen bıyıklı balık bireyleri için belirlenen D-loop haplotiplerinin populasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)'e göre verilmiştir) (devam)

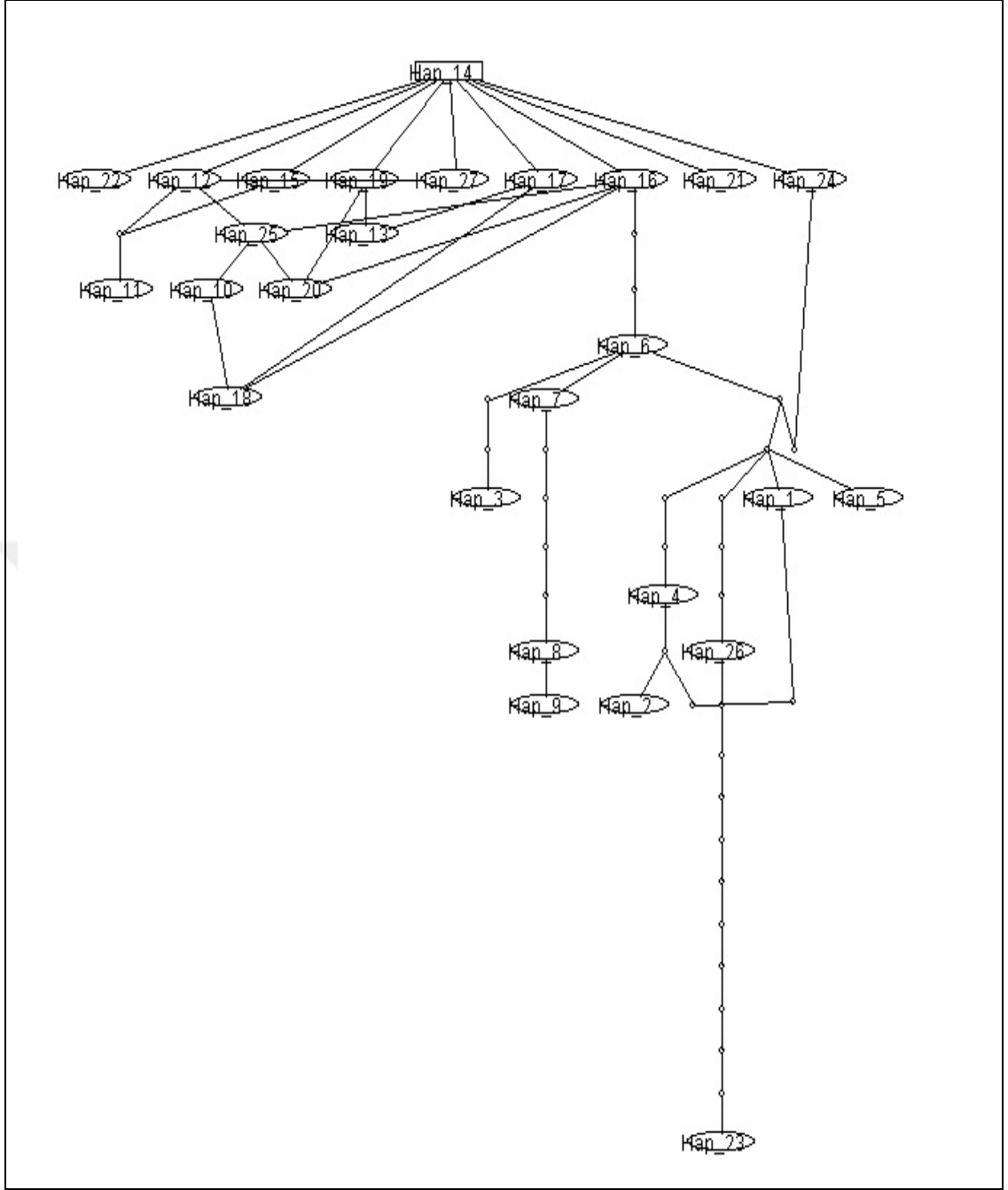
Baz Pozisyonu		
Haplotip adı	2445111112222335555555555555555555 50420267911360566666666677888899 248623461341234578907345745	Lokalite
Hap_25	CGG.....T.....A	Terme
Hap_26	T.AG.....A.....A	Terme
Hap_27	CGG.....G.A	Terme

Lokasyonlar arasındaki ortalama ve net nükleotid çeşitlilikleri DnaSP (Rozas ve Rozas 1999) programı ile hesaplanmıştır (Çizelge 3.30).

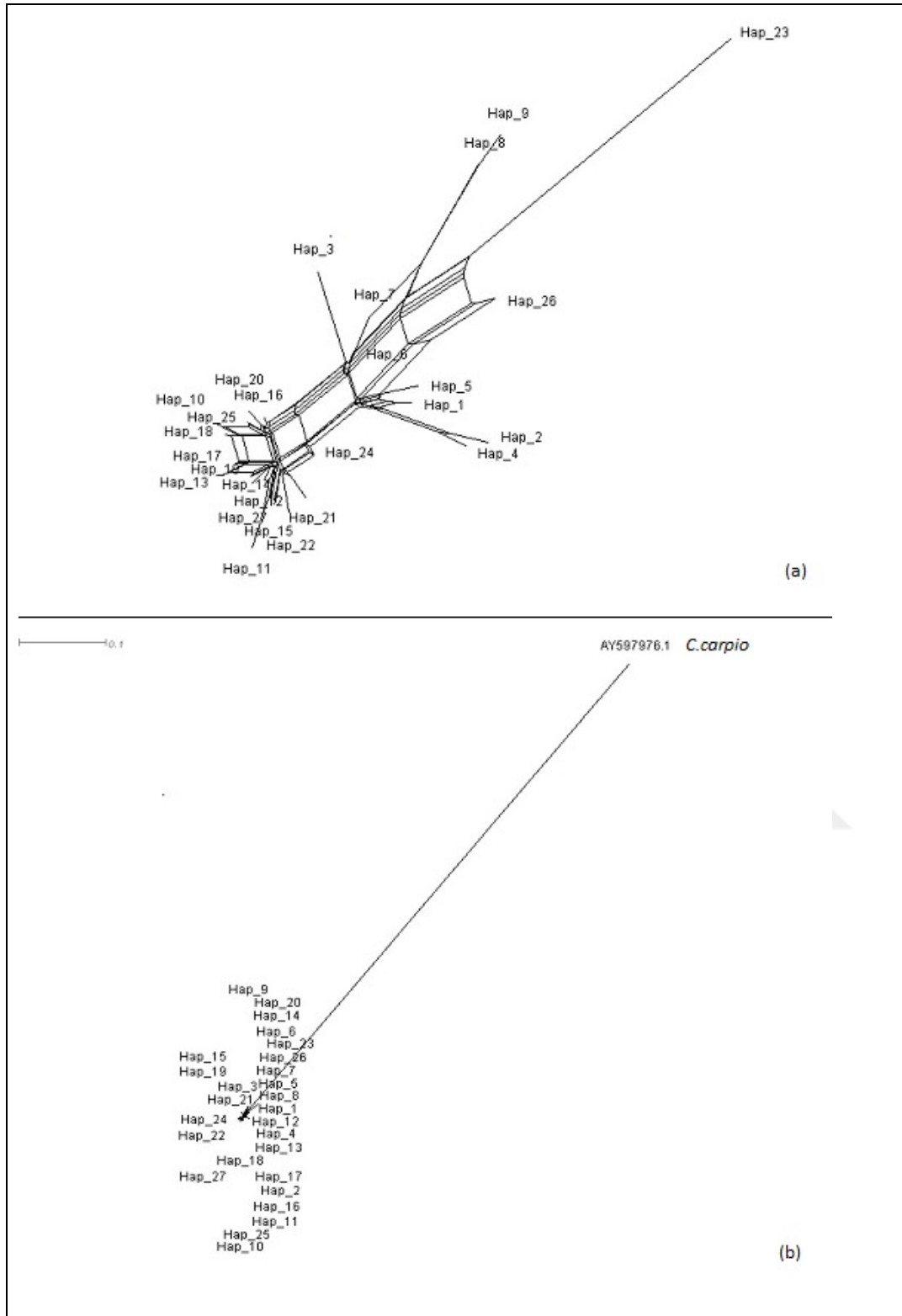
TCS programı (Clement vd, 2000) kullanılarak mtDNA D-loop gen bölgesi (599 bç) için 27 haplotip analiz edilmiştir. Haplotipler arası ilişkinin gözlenmesi için oluşturulan ağ (network) Şekil 3.19 ve Şekil 3.20'de sunulmuştur. Analiz sonucunda atasal haplotipin populasyonların çoğunun bulunduğu küme içinde yer alan ve Engiz Çayı örnekleri içinde gözlenen “Hap 14” olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.19).

Çizelge 3.30. mtDNA D-loop genlerini içeren veriler açısından *Barbus tauricus* populasyonları arasındaki ortalama nükleotit çeşitliliği ve net nükleotit çeşitliliği (Alt diagonal d_{XY} , Üst diagonal d_A)

	AKÇAY	ENGİZ ÇAYI	TERME ÇAYI	KARADERE	DEĞİRMEN AĞZI DERESİ
AKÇAY	0	0.00513	0.00312	0.00575	0.01007
ENGİZ ÇAYI	0.01026	0	0.00334	0.00038	0.01459
TERME ÇAYI	0.01328	0.01195	0	0.00326	0.00905
KARADERE	0.01018	0.00326	0.01119	0	0.01358
DEĞİRMEN AĞZI DERESİ	0.01452	0.01748	0.01699	0.01579	0

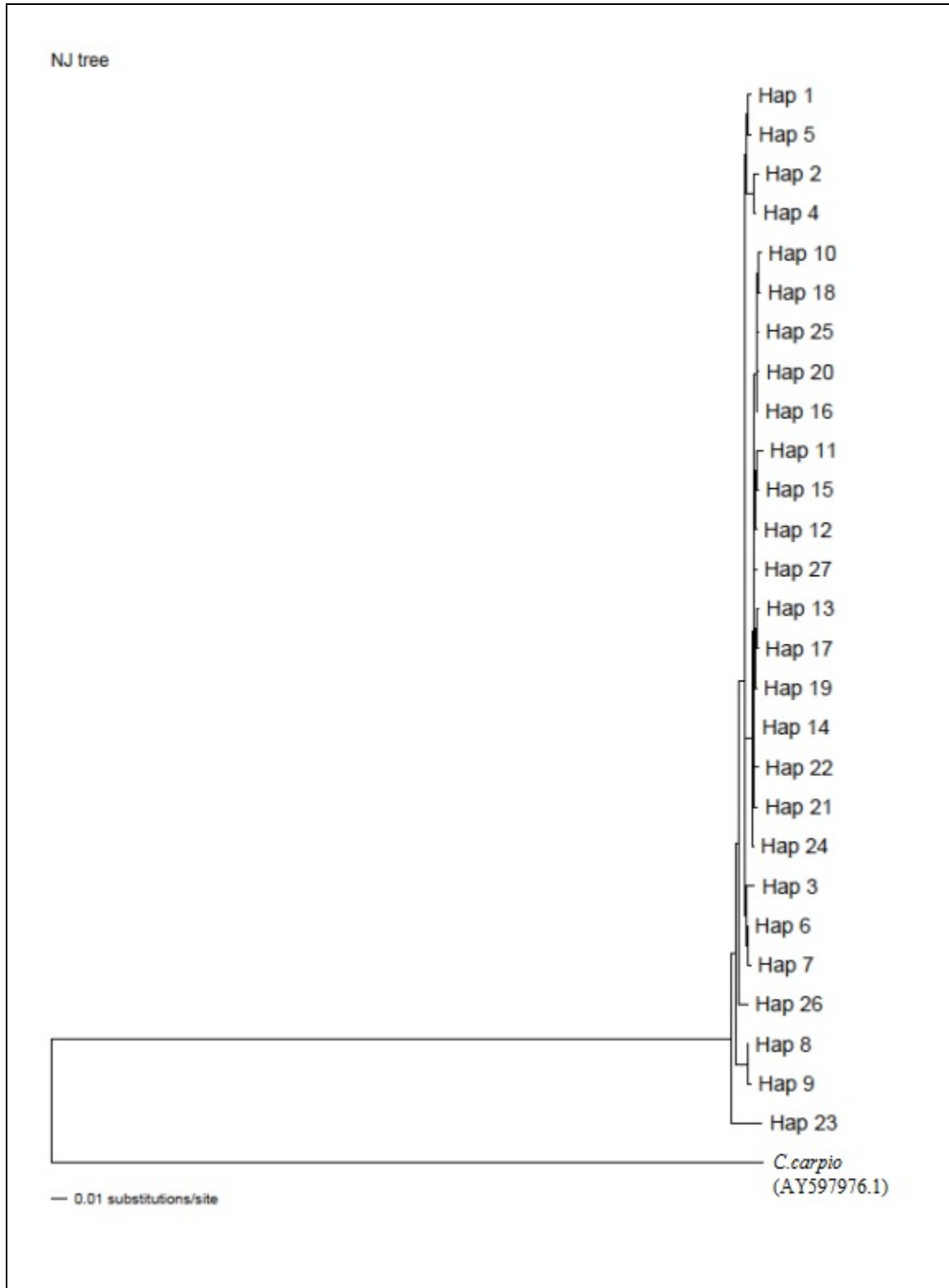


Şekil 3.19. D-loop Kontrol Bölgesi için TCS (Clement vd, 2000) kullanılarak oluşturulmuş olan parsinomi ağı

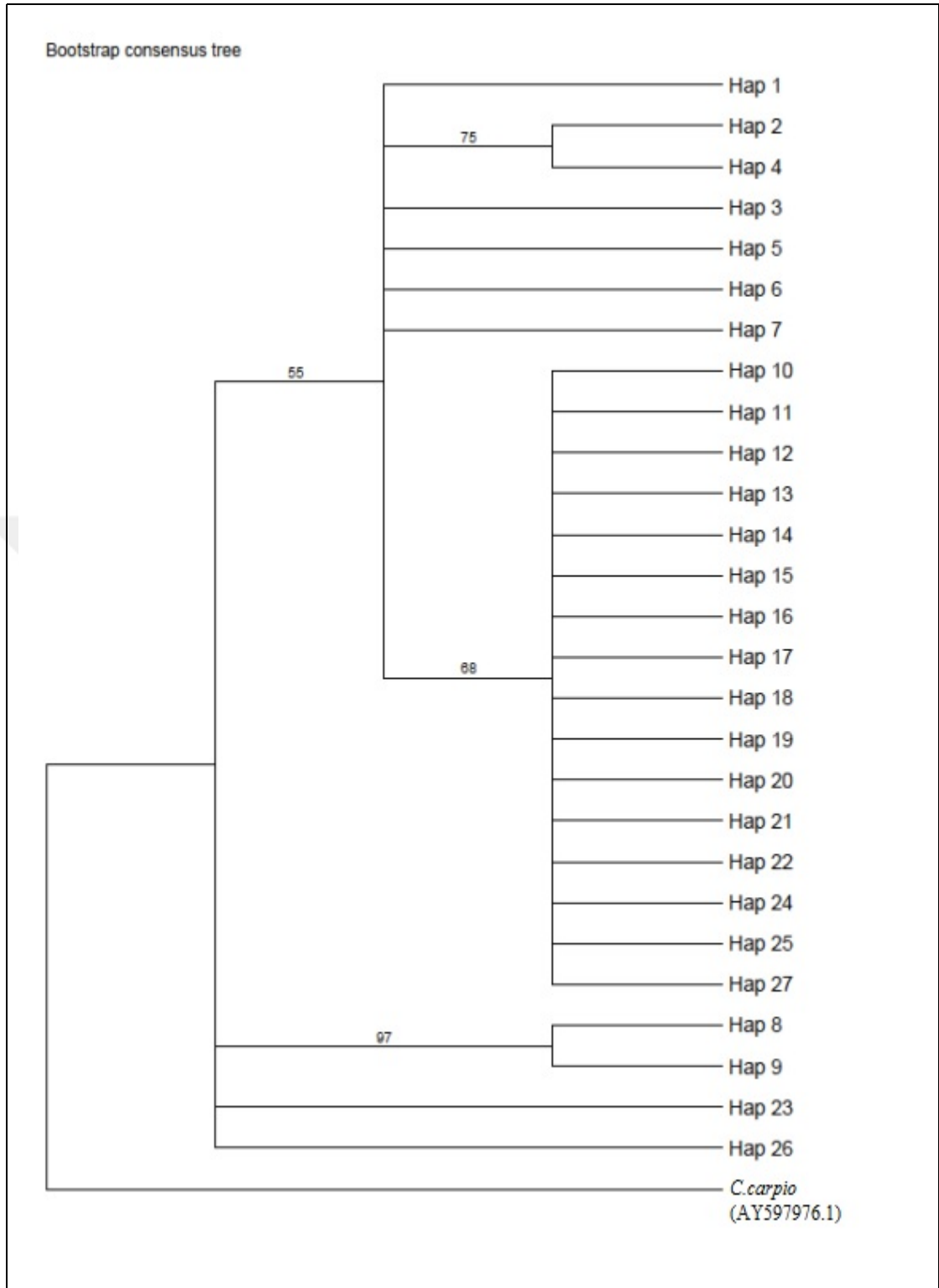


Şekil 3.20. (a) D-loop bölgesi için dış grup kullanılmadan oluşturulmuş ağaç haplotip modeli (b) D-loop bölgesi için dış grup kullanılarak oluşturulmuş ağaç haplotip modeli

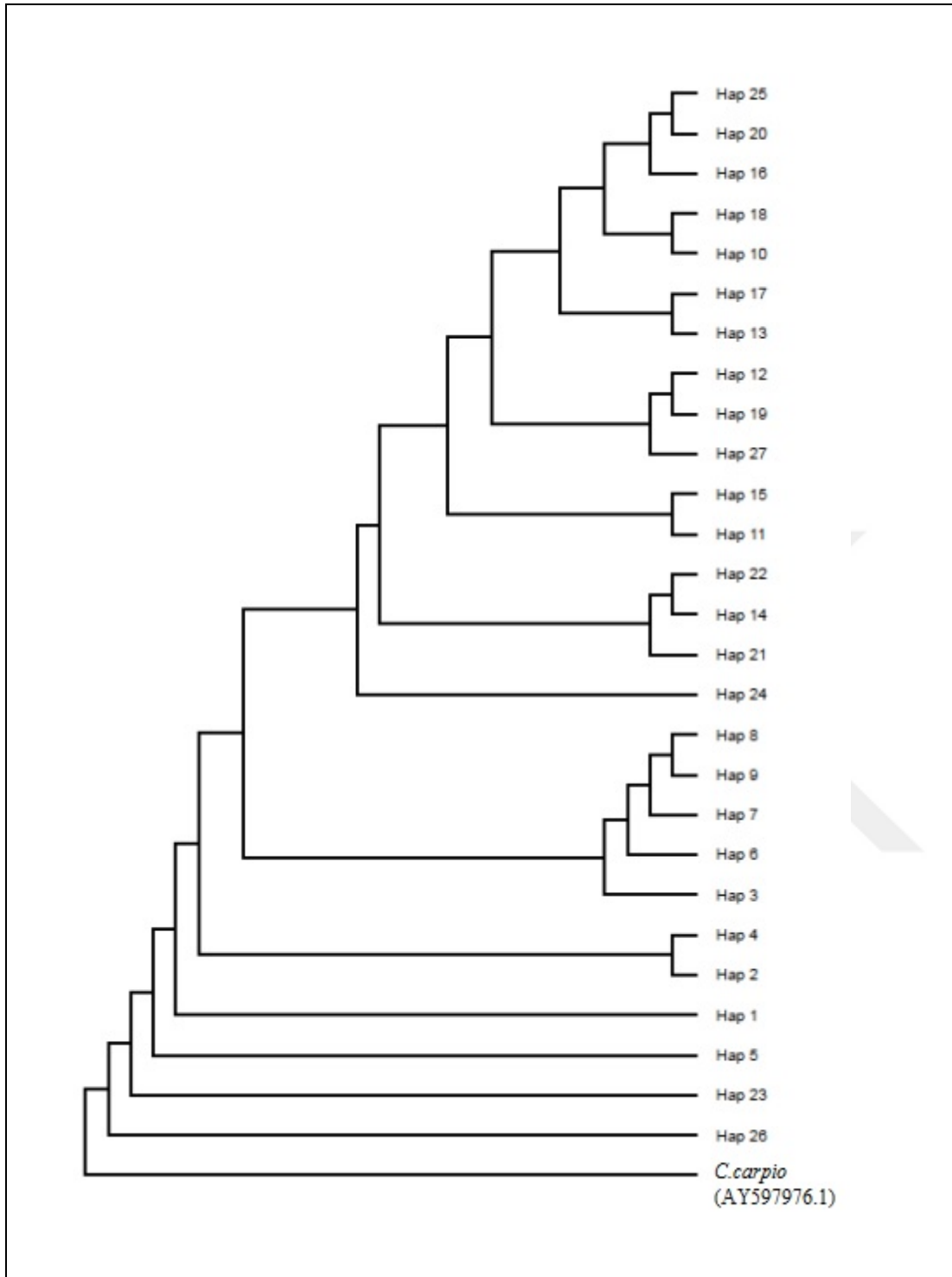
En uygun modelin belirlenmesi için jModelTest v.0.1 (Posada, 2008) programı kullanılarak hem Akaike bilgi kriterleri (AIC) hem de Bayesian bilgi kriterlerine (BIC) göre 88 farklı model arasından D-loop gen bölgesi için AIC kriterlerine göre GTR+G modeli en uygun model olarak belirlenmiştir. Seçilen GTR+G modeli kullanılarak çalışılan veri seti için hesaplanan tüm model parametreleri sırasıyla; A = 0.3119, C = 0.2081, G = 0.1500, T = 0.3301, kesikli gama dağılımının biçim parametresi =0.1380, -lnL= 2161.3552, K=163 ve P invar=0 olarak gerçekleşmiştir. BIC'e göre ise en uygun model olarak HKY+G saptanmıştır. HKY+G modeli kullanılarak çalışılan veri seti için hesaplanan tüm model parametreleri sırasıyla; A = 0.3160, C = 0.2079, G = 0.1503, T = 0.3259, kesikli gama dağılımının biçim parametresi =0.1400, -lnL= 2168.2307, K=59 ve P invar=0 olarak gerçekleşmiştir. Elde edilmiş olan verilerden ilgili dendogramlar oluşturulmuştur (Şekil 3.21-3.26). Analizler örneklere ait baz dizilimlerini içermiş olmakla birlikte, boşluklar ve eksik veri içeren pozisyonların her biri kaldırılmış, 1'nci +2'nci +3'ncü + kodlamayan kodon pozisyonları analizlere dahil edilmiştir.



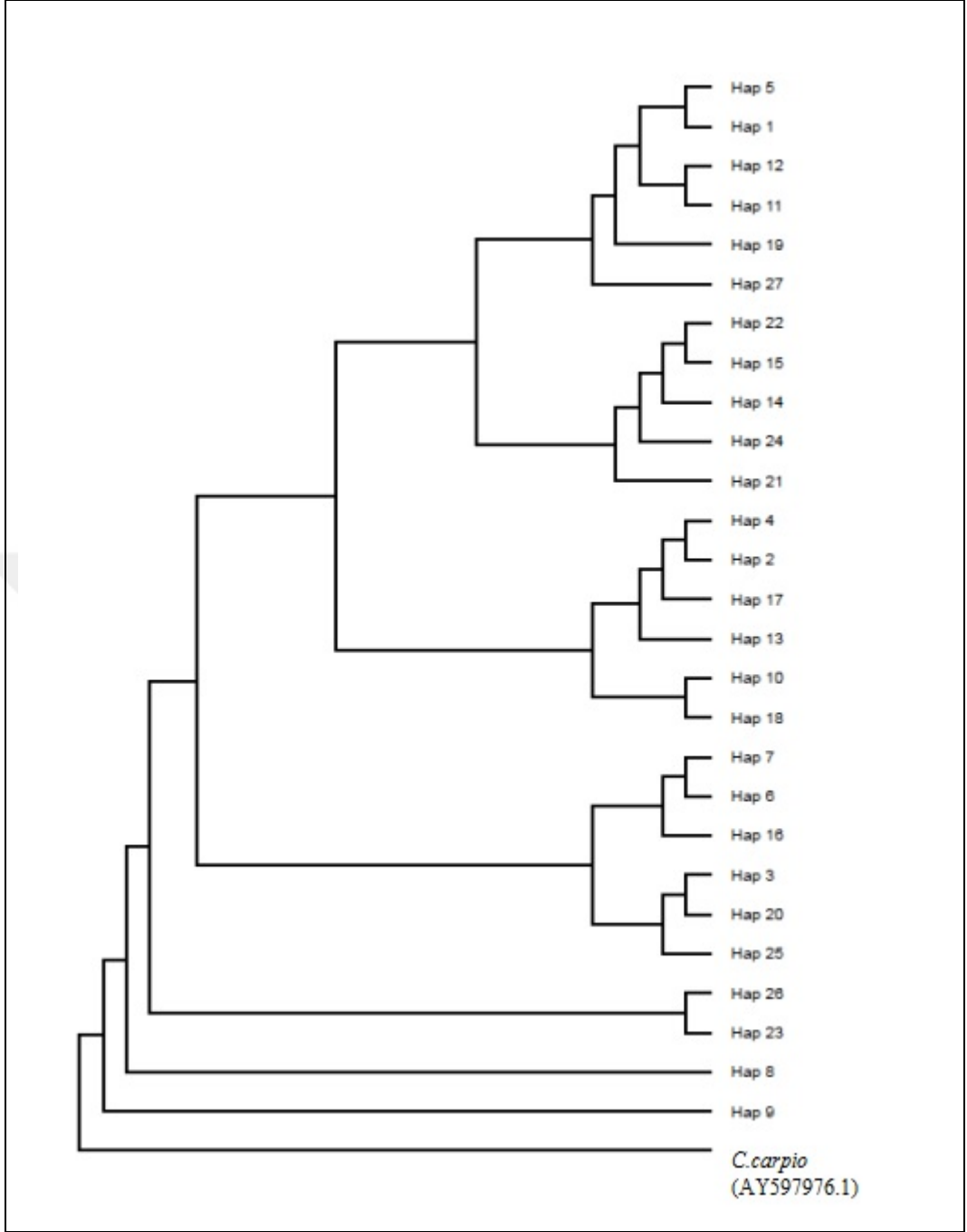
Şekil 3.21. *Barbus tauricus* türünün D-loop gen bölgesine ait NJ ağacı (Orjinal ağaç)



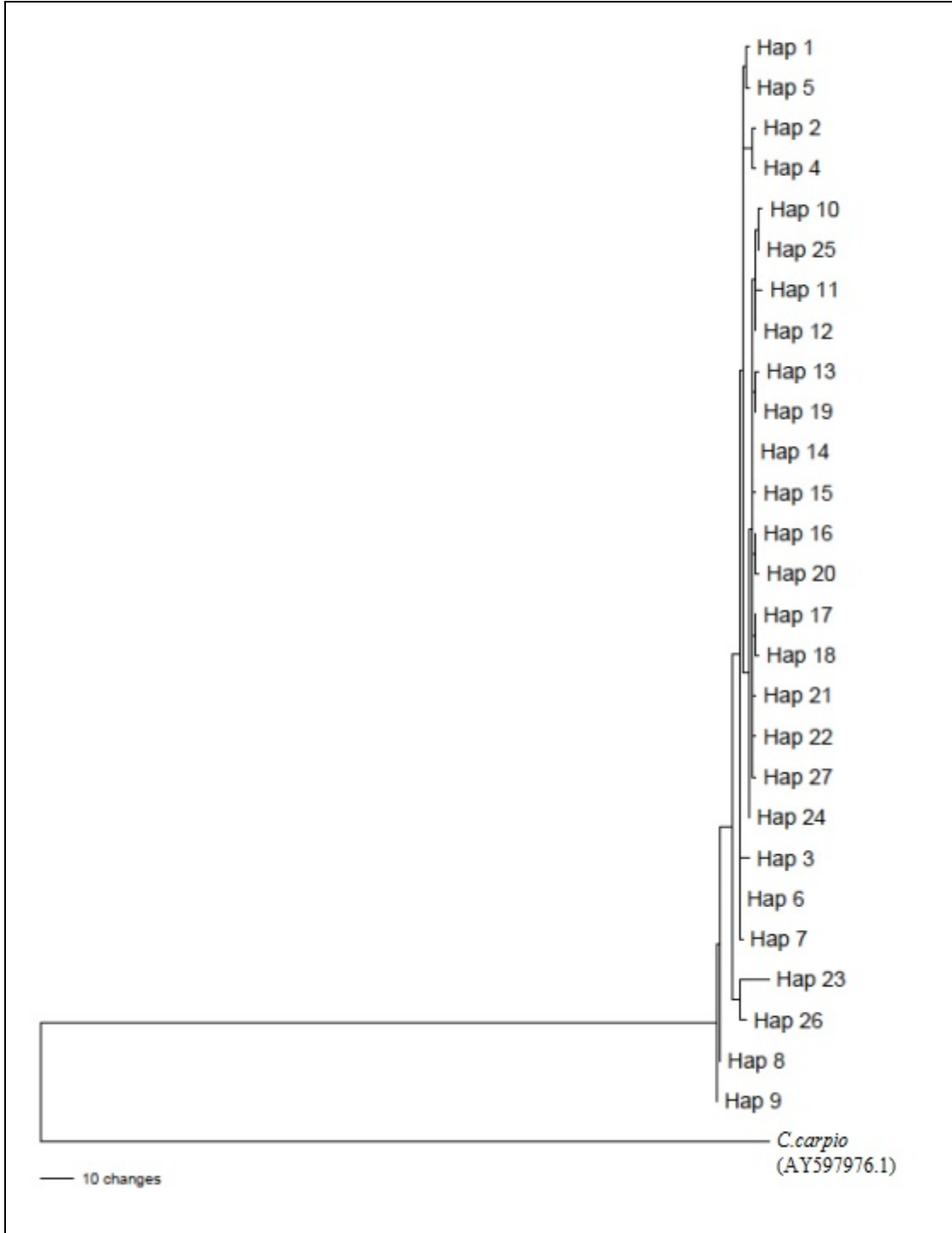
Şekil 3.22. *Barbus tauricus* türünün D-loop gen bölgesine ait NJ ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)



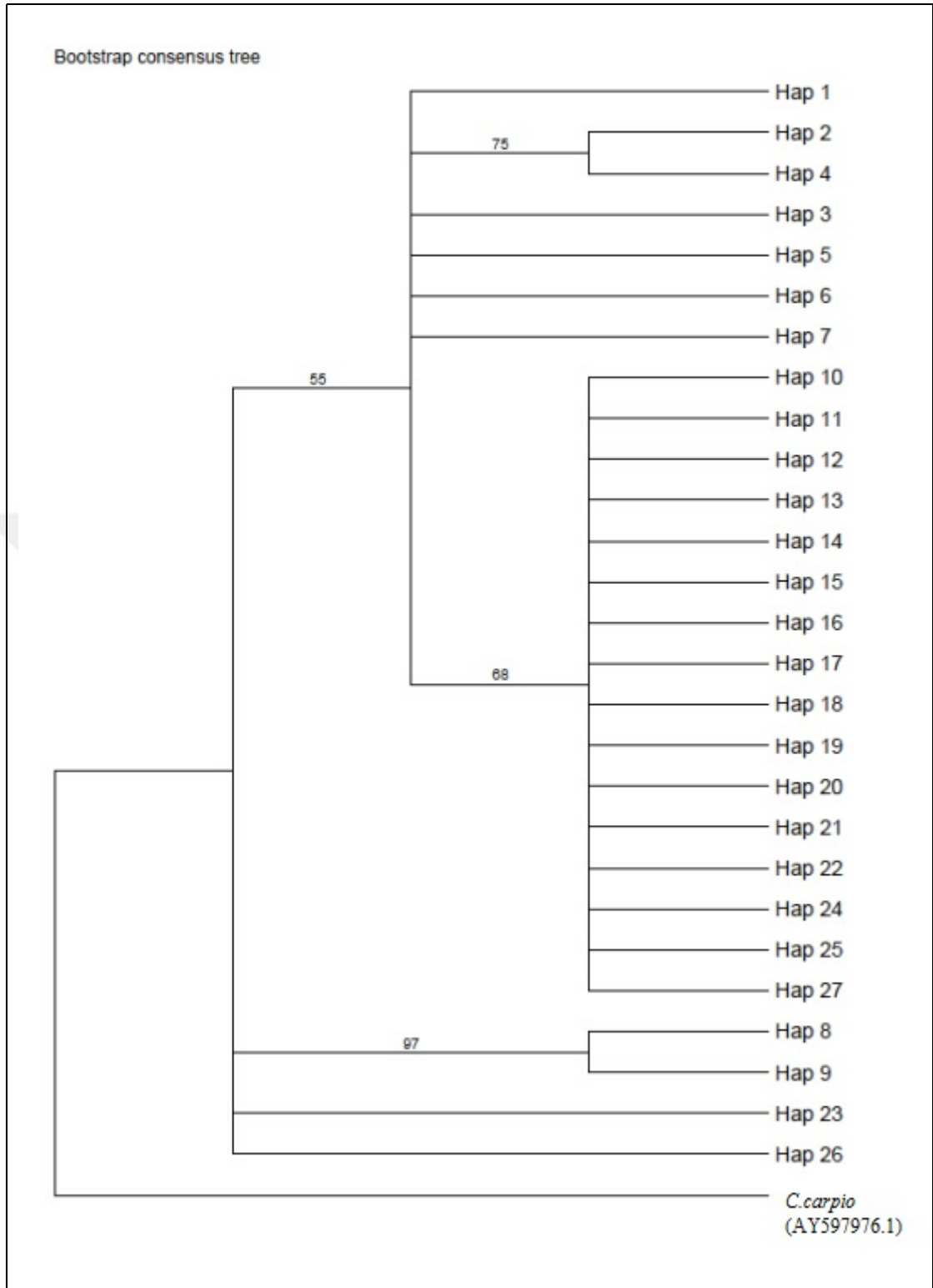
Şekil 3.23. *Barbus tauricus* türünün D-loop gen bölgesine ait Maksimum Olasılık (ML) ağacı (Orjinal ağaç)



Şekil 3.24. *Barbus tauricus* türünün D-loop gen bölgesine ait Maksimum Olasılık (ML) ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)



Şekil 3.25. *Barbus tauricus* türünün D-loop gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Orjinal ağaç)



Şekil 3.26. *B. tauricus* türünün D-loop gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)

En yüksek genetik uzaklık mesafesi Haplotip 23 ile Haplotip 2 arasında bulunmuştur (0.307). Haplotip 23 (T1, T3)'ün diğer haplotipler ile olan farklılık indeksleri de oldukça yüksektir (Çizelge 3.3). Bu durum oldukça ilgi çekici bir noktadadır.



Çizelge 31. D-loop gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi

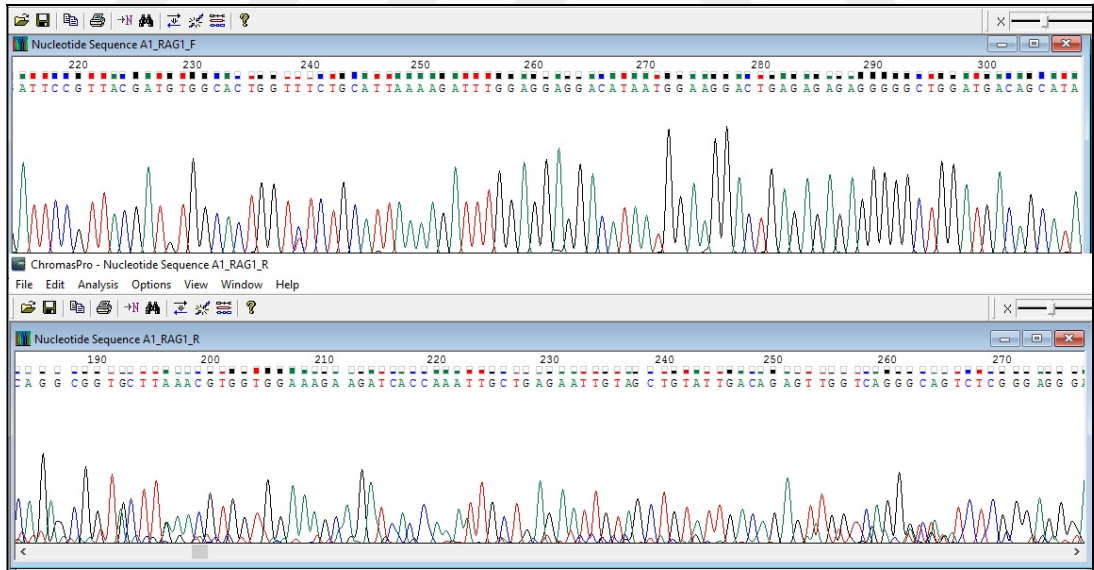
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Hap_1	0														
Hap_2	0.0067														
Hap_3	0.0084	0.0118													
Hap_4	0.0067	0.0034	0.0101												
Hap_5	0.0033	0.0101	0.0084	0.0067											
Hap_6	0.0050	0.0084	0.0050	0.0084	0.0050										
Hap_7	0.0067	0.0101	0.0067	0.0101	0.0067	0.0017									
Hap_8	0.0152	0.0187	0.0152	0.0187	0.0152	0.0101	0.0084								
Hap_9	0.0169	0.0204	0.0169	0.0204	0.0169	0.0118	0.0101	0.0017							
Hap_10	0.0101	0.0135	0.0118	0.0101	0.0101	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203						
Hap_11	0.0067	0.0135	0.0152	0.0135	0.0101	0.0118	0.0135	0.0221	0.0238	0.0067					
Hap_12	0.0067	0.0135	0.0118	0.0101	0.0067	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203	0.0034	0.0034				
Hap_13	0.0101	0.0118	0.0118	0.0101	0.0101	0.0101	0.0118	0.0203	0.0221	0.0034	0.0067	0.0034			
Hap_14	0.0084	0.0118	0.0118	0.0118	0.0084	0.0067	0.0084	0.0169	0.0186	0.0050	0.0050	0.0017	0.0034		
Hap_15	0.0067	0.0101	0.0135	0.0135	0.0101	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203	0.0067	0.0034	0.0034	0.0050	0.0017	
Hap_16	0.0101	0.0135	0.0101	0.0135	0.0101	0.0050	0.0067	0.0152	0.0169	0.0034	0.0067	0.0034	0.0050	0.0017	0.0034
Hap_17	0.0101	0.0101	0.0135	0.0101	0.0101	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203	0.0034	0.0067	0.0034	0.0017	0.0017	0.0034
Hap_18	0.0118	0.0118	0.0118	0.0118	0.0118	0.0067	0.0084	0.0169	0.0186	0.0017	0.0084	0.0050	0.0034	0.0034	0.0050
Hap_19	0.0084	0.0135	0.0101	0.0118	0.0084	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203	0.0050	0.0050	0.0017	0.0017	0.0017	0.0034
Hap_20	0.0101	0.0152	0.0084	0.0135	0.0101	0.0067	0.0084	0.0169	0.0186	0.0034	0.0067	0.0034	0.0034	0.0034	0.0050
Hap_21	0.0101	0.0101	0.0135	0.0101	0.0101	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203	0.0067	0.0067	0.0034	0.0050	0.0017	0.0034
Hap_22	0.0101	0.0135	0.0135	0.0135	0.0101	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203	0.0067	0.0067	0.0034	0.0050	0.0017	0.0034
Hap_23	0.0273	0.0308	0.0273	0.0308	0.0273	0.0221	0.0238	0.0255	0.0273	0.0307	0.0343	0.0307	0.0325	0.0290	0.0307
Hap_24	0.0067	0.0101	0.0101	0.0101	0.0067	0.0050	0.0067	0.0152	0.0169	0.0067	0.0067	0.0033	0.0050	0.0017	0.0033
Hap_25	0.0084	0.0152	0.0101	0.0118	0.0084	0.0067	0.0084	0.0169	0.0186	0.0017	0.0050	0.0017	0.0050	0.0034	0.0050
Hap_26	0.0084	0.0152	0.0135	0.0118	0.0084	0.0101	0.0118	0.0135	0.0152	0.0152	0.0152	0.0118	0.0152	0.0135	0.0152
Hap_27	0.0084	0.0135	0.0118	0.0118	0.0084	0.0084	0.0101	0.0186	0.0203	0.0050	0.0050	0.0017	0.0034	0.0017	0.0033
<i>Cyprinus carpio</i>	3.7105	3.6501	3.6964	3.5874	3.6644	3.7264	3.7264	3.6356	3.5887	3.6644	3.7105	3.6644	3.5874	3.6804	3.7264

Çizelge 31. D-loop gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi (devam)

	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
Hap_17	0.0034											
Hap_18	0.0017	0.0017										
Hap_19	0.0034	0.0034	0.0050									
Hap_20	0.0017	0.0050	0.0034	0.0017								
Hap_21	0.0034	0.0034	0.0050	0.0034	0.0050							
Hap_22	0.0034	0.0034	0.0050	0.0034	0.0050	0.0034						
Hap_23	0.0272	0.0307	0.0290	0.0307	0.0290	0.0307	0.0307					
Hap_24	0.0033	0.0033	0.0050	0.0033	0.0050	0.0033	0.0033	0.0273				
Hap_25	0.0017	0.0050	0.0034	0.0034	0.0017	0.0050	0.0050	0.0290	0.0050			
Hap_26	0.0152	0.0152	0.0169	0.0134	0.0152	0.0152	0.0152	0.0187	0.0118	0.0135		
Hap_27	0.0033	0.0033	0.0050	0.0017	0.0034	0.0033	0.0033	0.0307	0.0033	0.0034	0.0135	
<i>Cyprinus carpio</i>	3.7264	3.6341	3.6804	3.6341	3.6804	3.6964	3.6644	3.7174	3.6909	3.7105	3.6446	3.6804

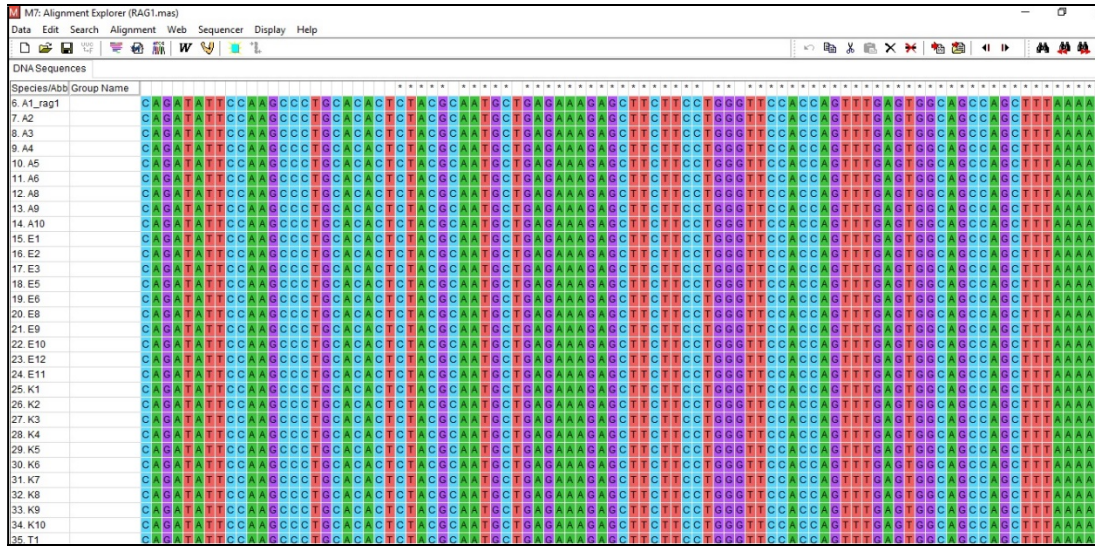
3.2.3. nDNA RAG 1 gen bölgesi dizi karakterleri, haplotip, nükleotit özellikleri ve filogenetik analizleri

nDNA'nın RAG 1 gen bölgesi de gerçekleştirilen tez çalışması kapsamında incelenmiştir. Bu bölge *Barbus tauricus* türünde ilk kez çalışılan nDNA gen bölgesidir. İlgili gen bölgesi primer tercihinde ve sekans verilerinin elde edilmesi aşamasında karşılaşılan zorluklardan dolayı tür içi varyasyonları saptanmasında çoğunlukla tercih edilmemektedir. Ancak veriler elde edilebildiğinde gerçekleştirilecek olan sonraki çalışmalarda nDNA ve mtDNA gen bölgelerinin birbirlerini desteklemeleri sağlanmaktadır. Ayrıca elde edilen diziler çalışılan türler için bir gen havuzu niteliği göstermektedir. RAG 1 bölgesinin sekans sonuçları da öncelikle ChromasPro programı kullanılarak kontrol edilmiştir. Bu bölge için kullanılan primerlerin Cyt b bölgesine göre daha uzun bir alanı okudukları gözlenmiştir. Ancak reverse primer okumaları forward primere oranla çok iyi olmadığı için okumalar MACROGEN INC firmasına tekrar ettirilmiş ve primerler değiştirilerek yeni sekans sonuçları elde edilmiştir (Şekil 3.27).



Şekil 3.27. RAG 1 gen bölgesinin F ve R primerler kullanılarak okunması ile elde edilen dizilerin ChromasPro ile görüntülenmesi (F: Forward, R: Reverse)

Diziler oluşturulduktan sonra MEGA 7 ve BioEdit kullanılarak en yakın *Barbus* türlerine ait RAG 1 sonuçlarının FASTA verileri kullanılarak hizalamaları gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.28).



Şekil 3.28. RAG 1 bölgesinin MEGA7 kullanılarak baz dizilimlerinin belirlenmesi

Barbus tauricus türünün ilgili primerler kullanılarak RAG 1 gen bölgesinin 1477 bp'lik alanının dizilimi elde edilmiştir. Elde edilen bu diziler FASTA formatına dönüştürülüp kayıt altına alınmıştır. İlgili genetik analizler elde edilmiş olan baz dizileri kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Farklı lokalitelerden elde edilmiş olan örneklerin tür içi varyasyonlarının tespit edilebilmesi için öncelikle nükleotit frekansları belirlenmiştir. % 25.73 (A), % 23.74 (T/U), %23.67 (C) ve % 26.86 (G) olarak nükleotit frekansları ortaya çıkarılmıştır. Transisyon/Transversiyon oranları $k_1 = 4.007$ (pürinler) ve $k_2 = 6.81$ (primidinler) olarak saptanmıştır (Çizelge 3.32). Ayrıca 1477 bp'lik alanda pozisyonlarının % 1.87 (28 bp)'sinin değişken ve % 1.47 (22 bp)'sinin maksimum bilgi verici olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 3.32. RAG 1 gen bölgesi için nükleotid dönüşümlerinin hesaplanması (*Transisyon oranları koyu; Transversiyon oranları açık renkler ile ifade edilmiştir.)

	A	T	C	G
A	-	3.24	3.23	14.67
T	3.51	-	21.97	3.66
C	3.51	22.04	-	3.66
G	14.06	3.24	3.23	-

RAG 1 gen bölgesi için gerçekleştirilen analizlerde 34 haplotip belirlenmiştir. G+C içeriği 0.502 ve Haplotip Çeşitliliği (H_d) 0.981 olarak hesaplanmıştır (Çizelge 3.33). Haplotip Varyans (V_{Hd}) değeri ise 0.0006, Nükleotit Çeşitliliği ise P_i 0.00493 olarak belirlenmiştir.

Çizelge 3.33. RAG 1 gen bölgesi sekansına göre haplotipler

Haplotipler	Örnek Dağılımı	Haplotip Frekansları
H1	A1	1
H2	A2	1
H3	A3	1
H4	A4	1
H5	A5	1
H6	A6	1
H7	A8	1
H8	A9	1
H9	A10	1
H10	E1, E2, E9, E10	4
H11	E3, E8	2
H12	E5, E6	2
H13	E12	1
H14	E11	1
H15	K1	1
H16	K2	1
H17	K3	1
H18	K4	1
H19	K5	1
H20	K6	1
H21	K7	1
H22	K8	1
H23	K9	1
H24	K10, T1	2
H25	T2, T3, T4	3
H26	T5	1

Çizelge 3.33. RAG 1 gen bölgesine göre haplotipler (devam)

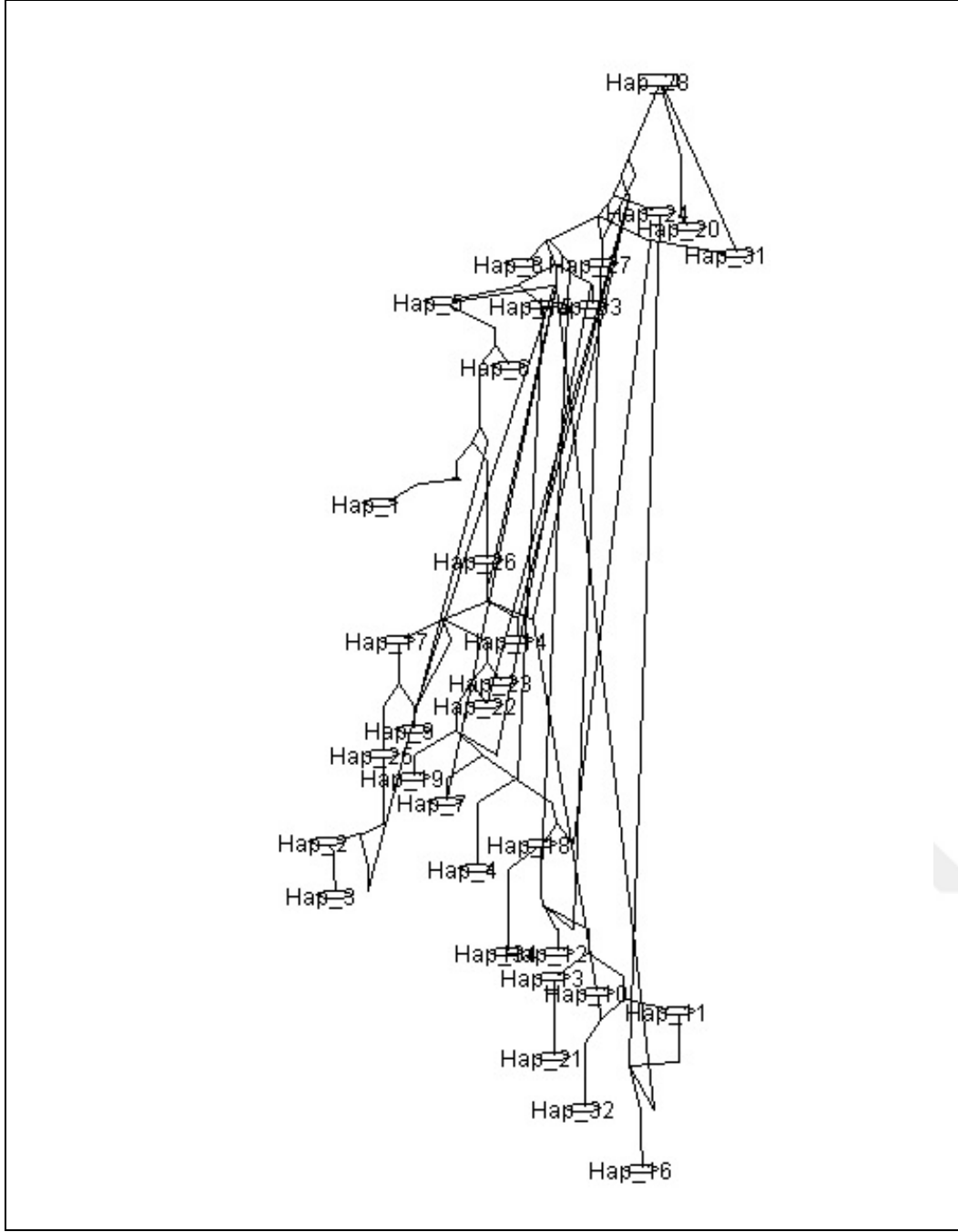
H27	T6	1
H28	T7	1
H29	T8	1
H30	T9	1
H31	T10	1
H32	D1, D4	2
H33	D2, D3, D7	3
H34	D11	1

Çizelge 34. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen bıyıklı balık bireyleri için belirlenen RAG 1 haplotiplerinin populasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)'e göre verilmiştir)

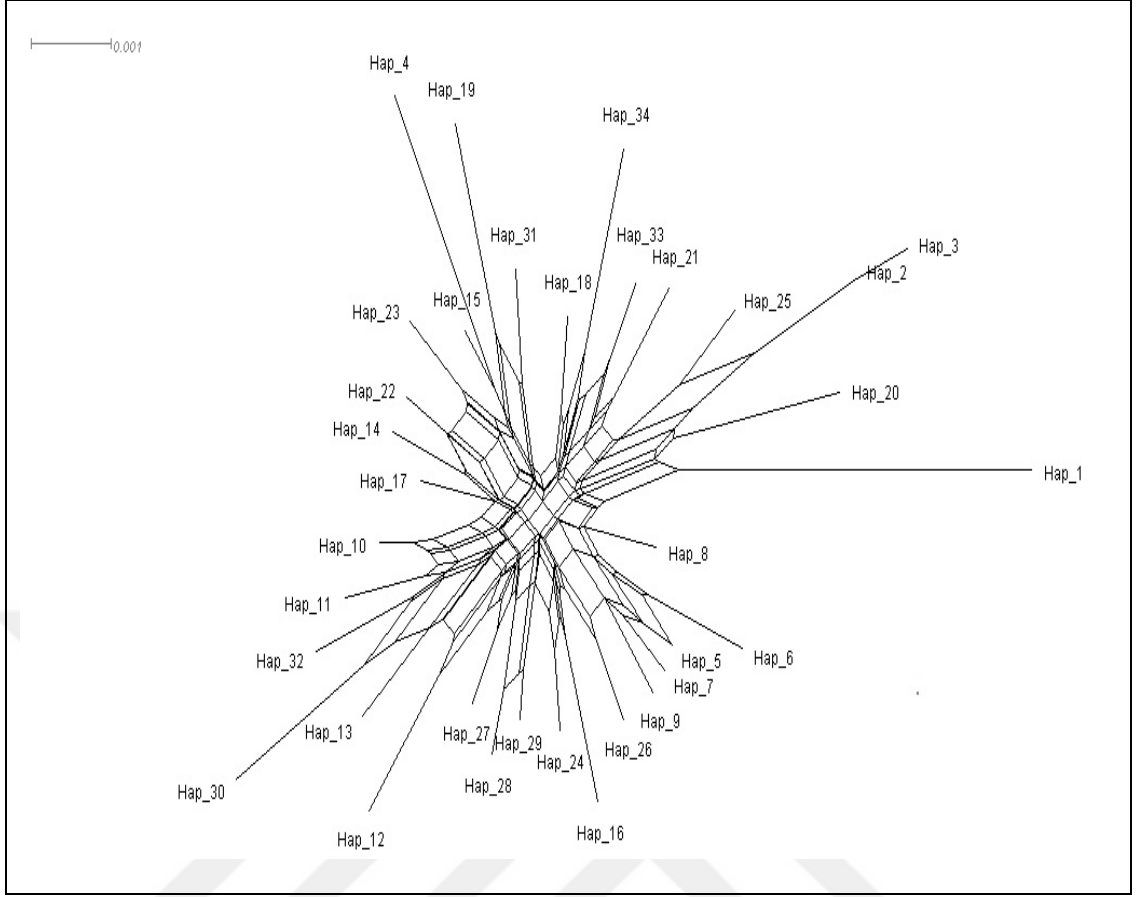
Baz Pozisyonu		
Haplotip adı	3112344555566777888999111111 0661619235611158469369111234 280299845428737042700567986 227964	Lokalite
Hap_1	CCATTTGCAGCAACACATACGAATATAT	Akçay
Hap_2	...C.CA..A...T.A..C..GG..C..	Akçay
Hap_3	..GC.CA..A...T.A..C..GG..C..	Akçay
Hap_4	.T.C.C..GA...T.AGCC...GCGC..	Akçay
Hap_5	.T...C..G....T.A...T..GCGC.C	Akçay
Hap_6	.T...C..G....T.A...T..G..CTC	Akçay
Hap_7	.T...CA.G....T.AG..T..GCGC.C	Akçay
Hap_8	...C.CA.G....T.A...T..G.GC.C	Akçay
Hap_9	.T...CA.G....T.A..C...GCGC.C	Akçay
Hap_10	.T.C..A.G...CTGA...T..GCGC.C	Engiz
Hap_11	.T....A.G...CTG....T..G.GC.C	Engiz
Hap_12	.T.CCCA.GA.GCT....CT..G.GC.C	Engiz
Hap_13	.T.CC.A.GA...TG....T..G.GC.C	Engiz
Hap_14	.T.CC.A.G.G..T.A...T..GCGC.C	Engiz
Hap_15	.T.C.C..G....T.A...T..GCGC..	Karadere
Hap_16	.T....A.G.GG.T.A...T.GG.GC.C	Karadere
Hap_17	.T.C..A.GA...T.A..CT..GCGC.C	Karadere
Hap_18	.T.C.CA.G....T....CT..G.GC..	Karadere
Hap_19	.T.C.CA.G.G....AG..TA.GCGC..	Karadere

Çizelge 34. Karadeniz Bölgesi'nden örneklenen bıyıklı balık bireyleri için belirlenen RAG 1 haplotiplerinin popülasyonlara dağılımı (Değişken bölgeler Haplotip 1 (H1)'e göre verilmiştir) (devam)

Baz Pozisyonu		
Haplotip adı	3112344555566777888999111111 0661619235611158469369111234 280299845428737042700567986 227964	Lokale
Hap_20	.T....A.GAG.CT....CT.GG..C..	Karadere
Hap_21	.T.C..A.GA...TGA...T.GG.GC..	Karadere
Hap_22	.T.C..A.G.G.CT.A...T..GCGC..	Karadere
Hap_23	.T.C..A.G.G..T.A..C...GCGC..	Karadere
Hap_24	.T...CA..GG..T.A...TG.G.GCAC	Karadere, Terme
Hap_25	.T...CA..A...T.A..CT.GG.GC.C	Terme
Hap_26	.T....A.G....T.A...T...CGC.C	Terme
Hap_27	.T.C.CA.GA..CT.A...T..G..C.C	Terme
Hap_28	.T.C..A.G.G.CT.A..CT..G..C.C	Terme
Hap_29	.T.C.CA.G.G..T.A..CT..G..C.C	Terme
Hap_30	TT.CC.A.G..GCTG....T..GC.C.C	Terme
Hap_31	TT.C.CA.G.....A...T..GCGC.C	Terme
Hap_32	TT.C..A.G..GC..A...T..G.GC.C	Değirmenağzı
Hap_33	TT.C..A.GA...T.A...T..G..C..	Değirmenağzı
Hap_34	TT.C..AGG....T.....A..G.GC..	Değirmenağzı

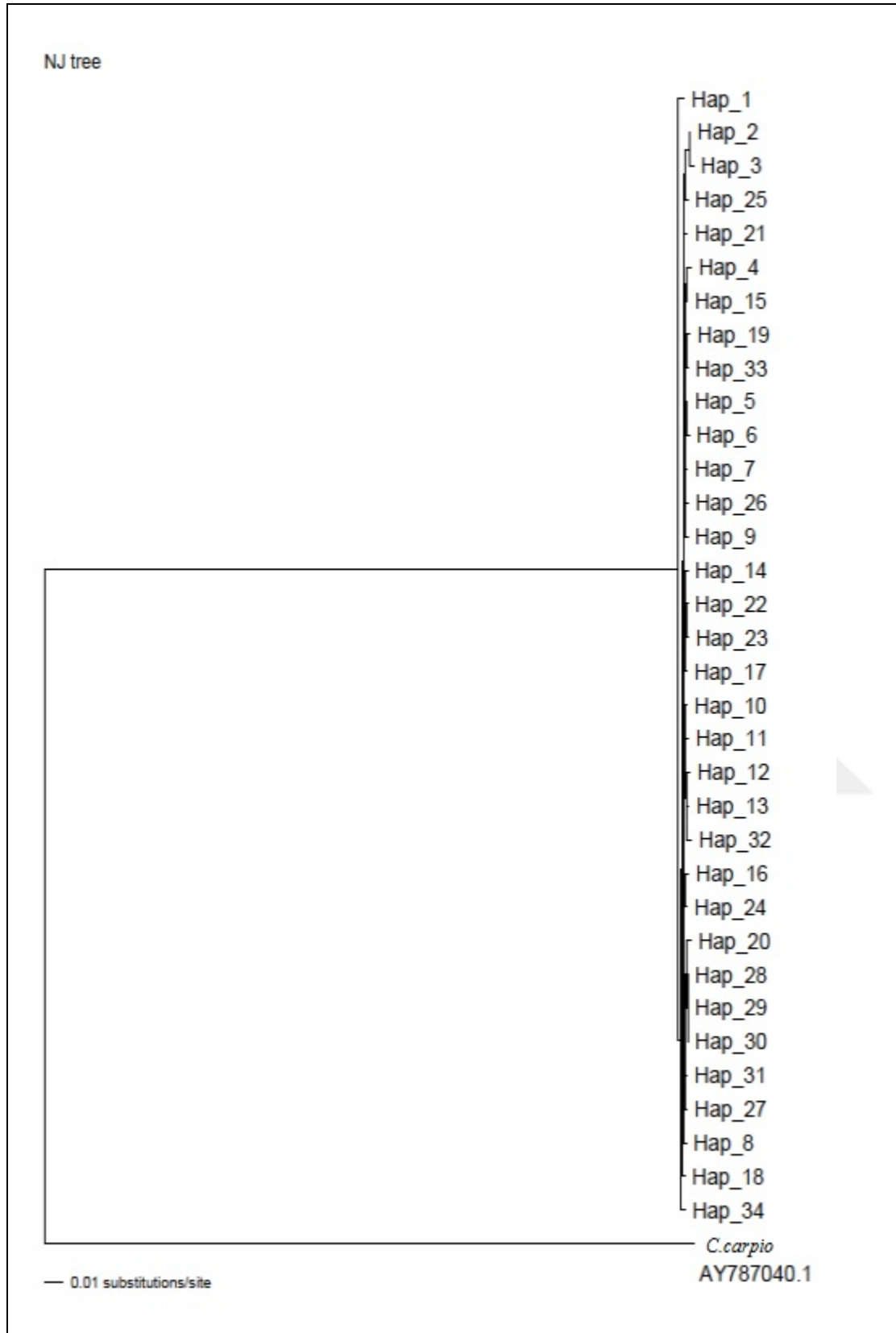


Şekil 3.29. RAG 1 bölgesi için TCS (Clement vd, 2000) kullanılarak oluşturulmuş olan parsinomi ağı

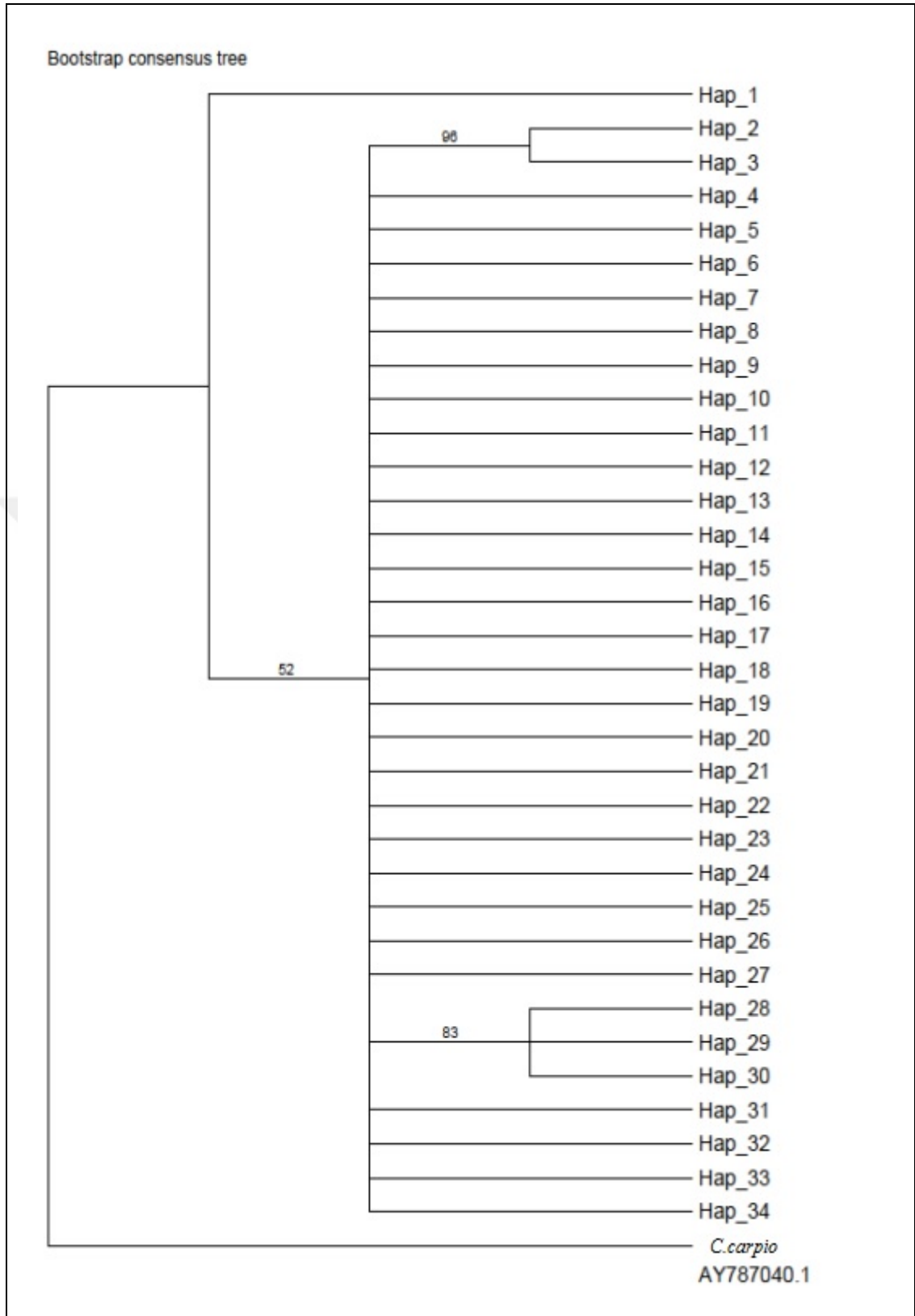


Şekil 3.30. RAG 1 bölgesi için dış grup kullanılmadan oluşturulmuş haplotip ağaç modeli

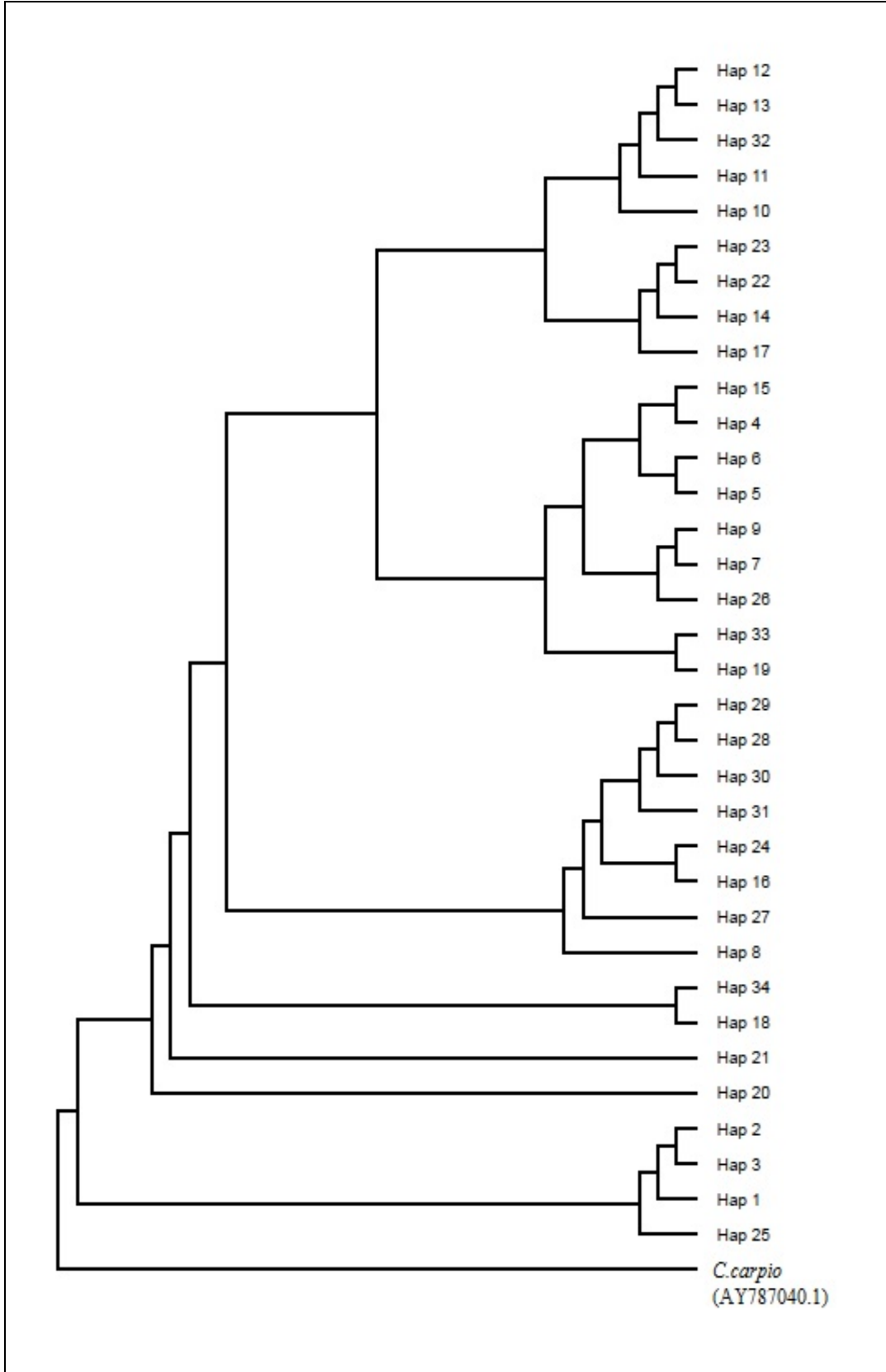
En uygun modelin belirlenmesi için jModelTest v.0.1 (Posada, 2008) programı kullanılarak hem Akaike bilgi kriterleri (AIC) hem de Bayesian bilgi kriterlerine (BIC) göre 88 farklı model arasından RAG1 gen bölgesi için AIC kriterlerine göre TPM3+G modeli en uygun model olarak belirlenmiştir. Seçilen TIM3+G modeli kullanılarak çalışılan veri seti için hesaplanan tüm model parametreleri sırasıyla; $A = 0.3202$, $C = 0.2312$, $G = 0.1382$, $T = 0.3105$, kesikli gama dağılımının biçim parametresi $=0.1470$, $-\ln L = 7158.0481$, $K=71$ ve $P \text{ invar}=0$ olarak gerçekleşmiştir. BIC'e göre ise en uygun model TPM3+G olarak saptanmıştır. (Şekil 3.31- 3.36). Analizlerde örneklere ait baz dizilimlerini içermiş olmakla birlikte boşluklar ve eksik veri içeren pozisyonların her biri kaldırılmış, 1'nci +2'nci +3'ncü + kodlamayan kodon pozisyonları analizlere dahil edilmiştir.



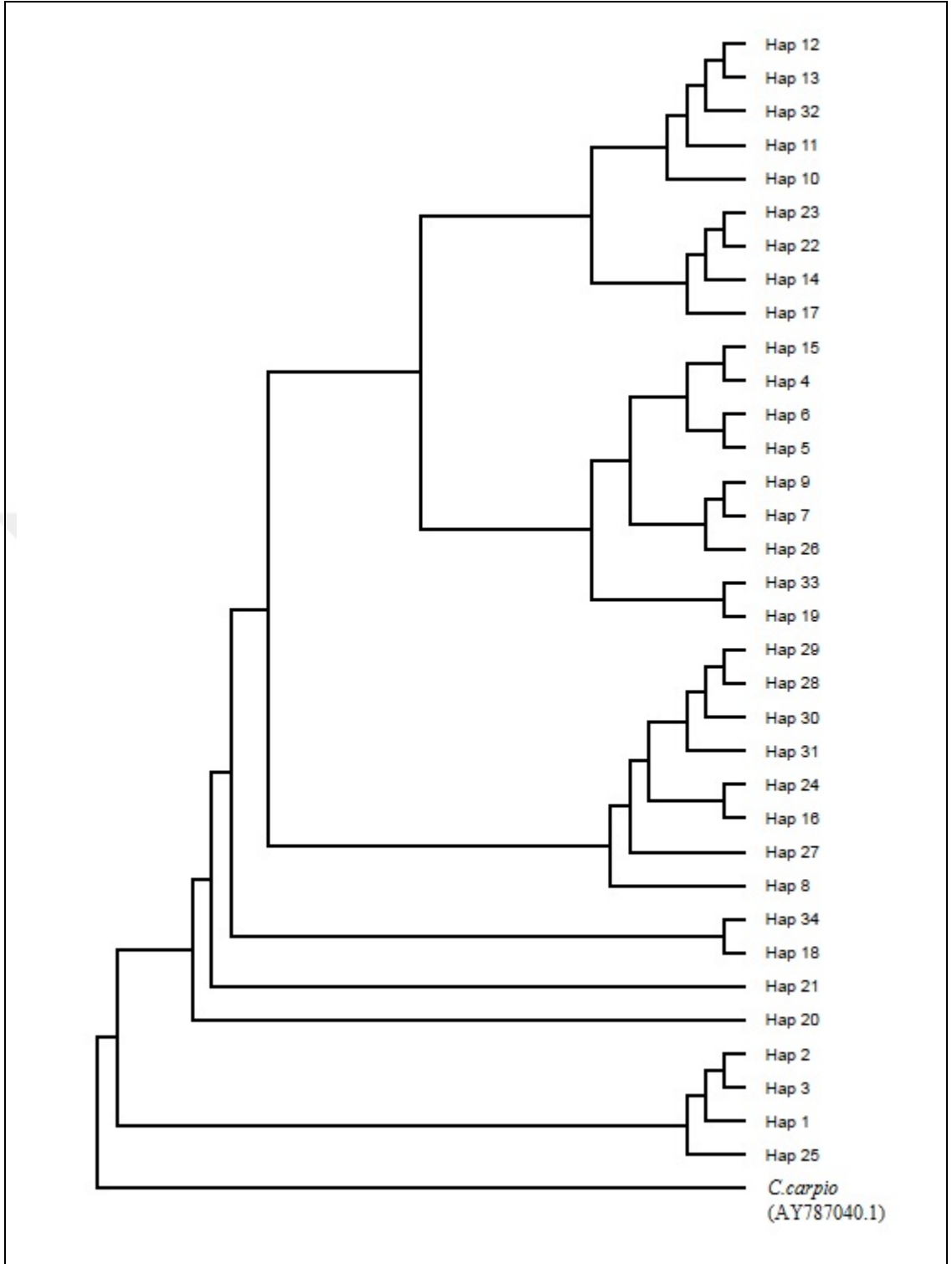
Şekil 3.31. *B. tauricus* türünün RAG 1 gen bölgesine ait NJ ağacı (Orjinal ağaç)



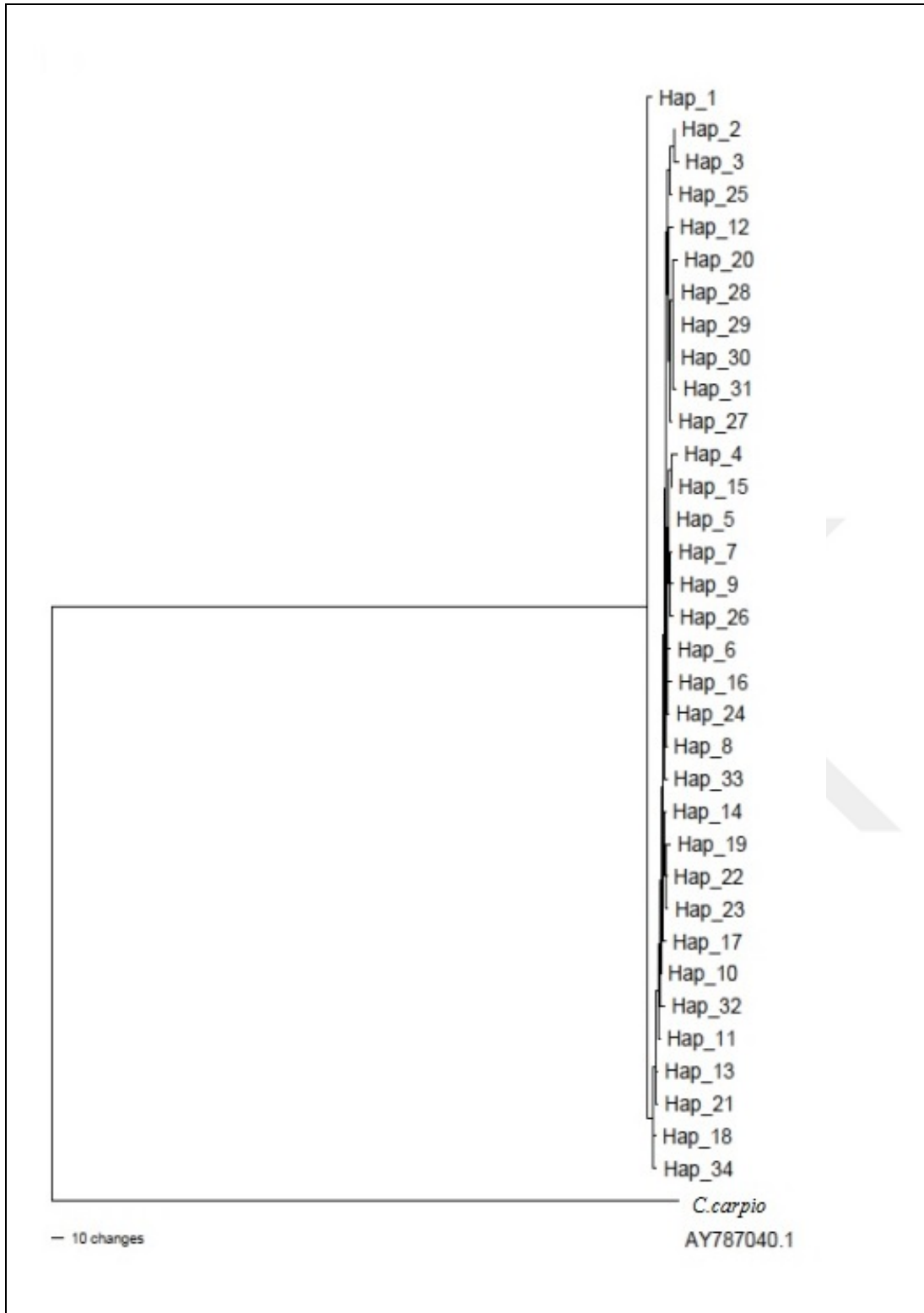
Şekil 3.32. *B.tauricus* türünün RAG 1 gen bölgesine ait NJ ağacı (Seç bağla değerleri 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)



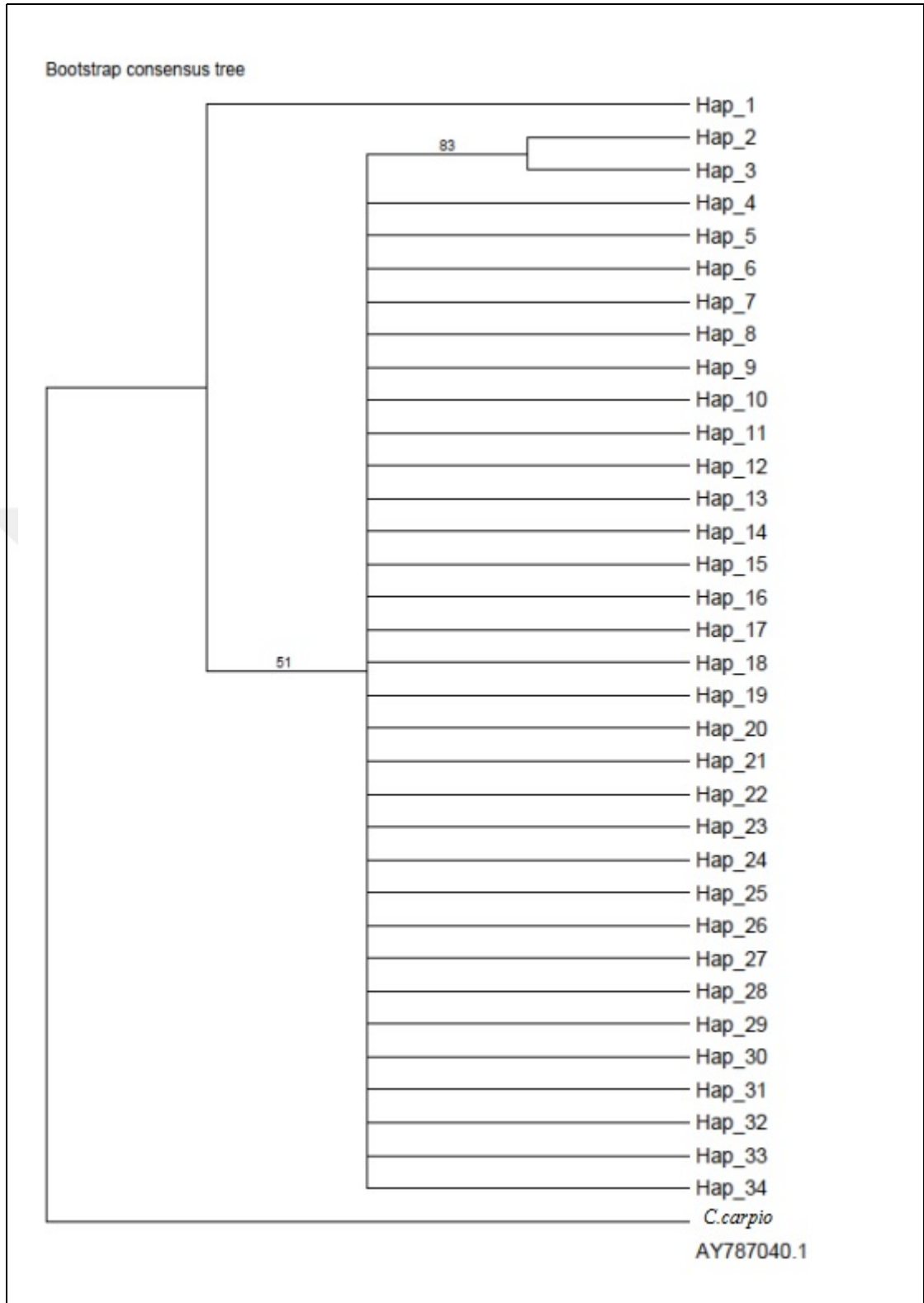
Şekil 3. 33. *B. tauricus* türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Olasılık (ML) ağacı (Orjinal ağaç)



Şekil 3. 34. *B. tauricus* türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Olasılık (ML) ağacı (Seç bağla 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)



Şekil 3. 35. *B. tauricus* türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Orjinal ağaç)



Şekil 3. 36. *B.tauricus* türünün RAG 1 gen bölgesine ait Maksimum Parsinomi (MP) ağacı (Seç bağla 1000 tekrar olarak gerçekleştirilmiştir)

Çizelge 3.35. RAG 1 gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
Hap_1	0.0000																		
Hap_2	0.0068																		
Hap_3	0.0089	0.0020																	
Hap_4	0.0096	0.0054	0.0075																
Hap_5	0.0075	0.0075	0.0096	0.0048															
Hap_6	0.0068	0.0068	0.0089	0.0068	0.0020														
Hap_7	0.0089	0.0075	0.0096	0.0048	0.0014	0.0034													
Hap_8	0.0075	0.0048	0.0068	0.0061	0.0027	0.0034	0.0027												
Hap_9	0.0082	0.0054	0.0075	0.0041	0.0020	0.0041	0.0020	0.0034											
Hap_10	0.0096	0.0082	0.0102	0.0068	0.0034	0.0054	0.0034	0.0034	0.0041										
Hap_11	0.0075	0.0089	0.0109	0.0089	0.0041	0.0048	0.0041	0.0041	0.0048	0.0020									
Hap_12	0.0109	0.0068	0.0089	0.0068	0.0061	0.0068	0.0061	0.0048	0.0054	0.0054	0.0048								
Hap_13	0.0089	0.0075	0.0096	0.0075	0.0054	0.0061	0.0054	0.0041	0.0061	0.0034	0.0027	0.0034							
Hap_14	0.0096	0.0082	0.0102	0.0068	0.0034	0.0054	0.0034	0.0034	0.0041	0.0027	0.0048	0.0054	0.0034						
Hap_15	0.0075	0.0061	0.0082	0.0034	0.0014	0.0034	0.0027	0.0027	0.0034	0.0034	0.0054	0.0061	0.0054	0.0034					
Hap_16	0.0089	0.0075	0.0096	0.0089	0.0041	0.0048	0.0041	0.0041	0.0048	0.0048	0.0041	0.0061	0.0054	0.0034	0.0054				
Hap_17	0.0096	0.0054	0.0075	0.0041	0.0034	0.0054	0.0034	0.0034	0.0027	0.0027	0.0048	0.0041	0.0034	0.0027	0.0034	0.0048			
Hap_18	0.0075	0.0048	0.0068	0.0048	0.0041	0.0048	0.0041	0.0027	0.0034	0.0048	0.0041	0.0034	0.0041	0.0048	0.0027	0.0054	0.0034		
Hap_19	0.0096	0.0082	0.0102	0.0054	0.0048	0.0068	0.0034	0.0048	0.0054	0.0054	0.0075	0.0082	0.0075	0.0041	0.0034	0.0061	0.0054	0.0048	
Hap_20	0.0082	0.0054	0.0075	0.0082	0.0075	0.0068	0.0075	0.0075	0.0068	0.0068	0.0048	0.0054	0.0061	0.0068	0.0075	0.0048	0.0054	0.0048	0.0082
Hap_21	0.0089	0.0048	0.0068	0.0061	0.0054	0.0061	0.0054	0.0041	0.0061	0.0034	0.0041	0.0061	0.0027	0.0048	0.0041	0.0041	0.0034	0.0041	0.0061
Hap_22	0.0089	0.0075	0.0096	0.0061	0.0041	0.0061	0.0041	0.0041	0.0048	0.0020	0.0041	0.0061	0.0054	0.0020	0.0027	0.0041	0.0034	0.0041	0.0034
Hap_23	0.0082	0.0054	0.0075	0.0041	0.0048	0.0068	0.0048	0.0048	0.0027	0.0041	0.0061	0.0068	0.0061	0.0027	0.0034	0.0048	0.0027	0.0034	0.0041

Çizelge 3.35. RAG 1 gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi (devam)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19
Hap_24	0.0089	0.0075	0.0096	0.0075	0.0027	0.0034	0.0027	0.0027	0.0034	0.0034	0.0027	0.0048	0.0054	0.0034	0.0041	0.0027	0.0048	0.0041	0.0048
Hap_25	0.0089	0.0034	0.0054	0.0061	0.0041	0.0048	0.0041	0.0041	0.0034	0.0061	0.0054	0.0048	0.0054	0.0061	0.0054	0.0041	0.0034	0.0041	0.0075
Hap_26	0.0068	0.0082	0.0103	0.0068	0.0020	0.0041	0.0020	0.0034	0.0027	0.0027	0.0034	0.0068	0.0048	0.0027	0.0034	0.0034	0.0027	0.0048	0.0054
Hap_27	0.0089	0.0048	0.0068	0.0061	0.0041	0.0034	0.0041	0.0027	0.0048	0.0034	0.0041	0.0034	0.0041	0.0048	0.0041	0.0054	0.0034	0.0041	0.0061
Hap_28	0.0089	0.0061	0.0082	0.0075	0.0054	0.0048	0.0054	0.0041	0.0048	0.0034	0.0041	0.0048	0.0054	0.0034	0.0054	0.0041	0.0034	0.0041	0.0061
Hap_29	0.0089	0.0061	0.0082	0.0075	0.0054	0.0048	0.0054	0.0041	0.0048	0.0034	0.0041	0.0048	0.0054	0.0034	0.0054	0.0041	0.0034	0.0041	0.0061
Hap_30	0.0089	0.0061	0.0082	0.0075	0.0054	0.0048	0.0054	0.0041	0.0048	0.0034	0.0041	0.0048	0.0054	0.0034	0.0054	0.0041	0.0034	0.0041	0.0061
Hap_31	0.0089	0.0048	0.0068	0.0061	0.0041	0.0034	0.0041	0.0027	0.0034	0.0048	0.0054	0.0048	0.0054	0.0034	0.0041	0.0041	0.0034	0.0027	0.0048
Hap_32	0.0103	0.0102	0.0123	0.0102	0.0068	0.0075	0.0068	0.0068	0.0075	0.0034	0.0041	0.0048	0.0041	0.0048	0.0068	0.0068	0.0061	0.0068	0.0089
Hap_33	0.0089	0.0075	0.0096	0.0061	0.0027	0.0048	0.0027	0.0027	0.0034	0.0034	0.0054	0.0061	0.0054	0.0034	0.0027	0.0054	0.0034	0.0041	0.0034
Hap_34	0.0075	0.0075	0.0095	0.0075	0.0061	0.0068	0.0061	0.0048	0.0061	0.0054	0.0048	0.0068	0.0048	0.0054	0.0048	0.0061	0.0054	0.0034	0.0068
AY787040.1Cyprinus carpio (RAG1)	2.5820	2.6240	2.6240	2.6490	2.6797	2.6753	2.6797	2.6527	2.6490	2.7143	2.6622	2.6308	2.6571	2.6849	2.6527	2.6571	2.6753	2.6027	2.6308

Çizelge 3.35. RAG 1 gen bölgesi ikili (pairwise) uzaklık ilişkisi (devam)

	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	24	32	33	34
Hap_21	0.0048														
Hap_22	0.0048	0.0041													
Hap_23	0.0054	0.0048	0.0020												
Hap_24	0.0048	0.0054	0.0027	0.0048											
Hap_25	0.0048	0.0041	0.0068	0.0061	0.0041										
Hap_26	0.0068	0.0048	0.0034	0.0041	0.0034	0.0048									
HAP_27	0.0048	0.0041	0.0041	0.0061	0.0027	0.0041	0.0048								
Hap_28	0.0034	0.0054	0.0027	0.0034	0.0027	0.0054	0.0048	0.0027							
Hap_29	0.0034	0.0054	0.0027	0.0034	0.0027	0.0054	0.0048	0.0027	0.0000						
Hap_30	0.0034	0.0054	0.0027	0.0034	0.0027	0.0054	0.0048	0.0027	0.0000	0.0000					
Hap_21	0.0048	0.0054	0.0041	0.0034	0.0027	0.0041	0.0048	0.0027	0.0014	0.0014	0.0014				
Hap_32	0.0075	0.0068	0.0054	0.0075	0.0068	0.0096	0.0061	0.0054	0.0054	0.0054	0.0054	0.0068			
Hap_33	0.0089	0.0054	0.0041	0.0048	0.0041	0.0054	0.0034	0.0041	0.0054	0.0054	0.0054	0.0041	0.0054		
Hap_34	0.0068	0.0048	0.0048	0.0048	0.0061	0.0075	0.0054	0.0061	0.0061	0.0061	0.0061	0.0061	0.0061	0.0048	
AY787040.1Cyprinus carpio (RAG1)	2.6095	2.6527	2.6622	2.6271	2.6622	2.6753	2.6797	2.6571	2.6571	2.6571	2.6571	2.6527	2.6622	2.6271	2.5774

3.2.4. Moleküler varyans analizi (AMOVA)

Varyans bileşenlerinin hiyerarşik dağılımının analizi için ARLEQUIN bilgisayar programının (Schneider vd, 2000) AMOVA (Excoffier vd, 1992) alt seçeneği kullanılarak moleküler varyans analizi gerçekleştirilmiştir. Doğal seleksiyon, adaptasyon ve genetik sürüklenme gibi birçok evrimsel yöntem bir türün geçmişteki ve günümüzdeki populasyon yapısına dayanmaktadır. Populasyon yapısının değerlendirilmesi, populasyon genetiğinin önemli bir kısmıdır. Türlerin genetik yapılarının güçlülüğü toplam genetik çeşitlilik ve populasyon içi çeşitlilik ile ilişkili olarak F istatistikleri ile tanımlanmaktadır. Bu tanımlamalar oldukça yaygın bir yöntem olarak moleküler varyans analizi (AMOVA) ile gerçekleştirilir (Meirmans, 2012).

Populasyonlardaki gruplararası, gruplar içi, populasyonlar arası ve populasyonlar içi varyans bileşenleri 'P' değerini almak için 1000 kez permutasyon kullanımıyla null dağılımına karşı test edilmiştir. Elde edilen bulgular varyasyonun %26.61'inin populasyonlar arasında, %32.70'inin populasyonlar içi bireyler arasında ve %40.69'unun de tüm bireyler içinde dağıldığı tespit edilmiştir. Karşılaştırmalar için varyans bileşenlerinin istatistiki olarak oldukça önemli olduğu bulunmuştur ($P<0,001$) (Çizelge 3.36).

Çizelge 3.36. Populasyonlar arası moleküler varyans analizi (AMOVA)

Varyasyon Kaynağı	Serbestlik Derecesi (df)	Kareler Toplamı	Varyans Bileşenleri	Yüzde Varyasyon	F _{IS}	F _{ST}	F _{IT}
Populasyonlar arası	2	49.757	0.84961	26.61		0.59310*	
Populasyonlar içi bireyler arası	2	22.926	1.04373	32.70	0.44553*		
Tüm bireyler içinde	44	57.154	1.29894	40.69			0.26615*
Toplam	48	129.839	3.19229				

(* $P<0,001$)

F_{ST} , F_{IS} ve F_{IT} deęerleri sırasıyla 0.59310, 0.26615 ve 0.44553 olarak belirlenmiř olup, istatistiksel anlamda nemlidir. Tm lokuslar iin populasyonlar arasında alel daęılım testi sonucunda nemli P deęeri ($P < 0.001$) ile sıfır hipotezi reddedilmiř ve bu sonu alellerin populasyonlarda heterojen daęıldığını gstermiřtir. Multisample ve multilokus F_{ST} deęeri sıfırdan anlamlı olarak yksek bulunması ($F_{ST} = 0.59310$) tm populasyon ve lokuslar iin hesaplanan F_{ST} deęerinin *Barbus tauricus* populasyonlarındaki genetik heterojeniteyi doęruladıęı belirlenmiřtir.



4. TARTIŞMA

Gerçekleştirilen tez çalışması kapsamında *Barbus tauricus* Kessler, 1877 türünün bazı morfometrik ve genetik özellikleri incelenerek tür içi varyasyonları belirlenmeye çalışılmıştır. Karadeniz Bölgesi'nden belirlenen lokalitelerden elde edilmiş olan örnekler lokaliteler bazında filogenetik ve filocoğrafik yönlerden değerlendirilmiştir.

Faklı lokalitelerden yakalanan örneklerin morfometrik özelliklerinden yararlanılarak, populasyonlar arasındaki şekilsel değişimler Temel Bileşenler Analizi, Kümeleme Analizi ve Ayrım Analizi gibi istatistiksel analizler kullanılarak incelenmiştir. Aynı zamanda moleküler verilerden (Cyt b, D-loop ve RAG 1 genleri) yararlanılarak tür içi varyasyonlar ortaya çıkarılmıştır. Böylelikle tür içi varyasyonların belirlenebilmesi için hem morfometrik hem de genetik özellikler birlikte değerlendirilmiştir.

4.1. Morfometrik Verilerin Değerlendirilmesi

Barbus cinsi tatlısu balıklarının evrimsel süreç içindeki gelişimlerinin anlaşılmasında kullanılan Eski Dünya Cyprinidae türlerinin oldukça kompleks bir polifiletik grubudur (Berrebi, 1995). Myers (1961) tarafından “Müthiş bir küme” olarak tanımlanan cinsin, Howes (1987) 800’e yakın türünün olduğunu bildirmiştir. Günümüzde ise bu cinsin sinonimleri ile birlikte 1000’den fazla türünün olduğu bilinmektedir. Asya, Avrupa ve Afrika’da oldukça geniş bir dağılım alanına sahip olan *Barbus* cinsinin türleşme mekanizması da Akdeniz Havzası tatlısu balık faunasının gelişiminin anlaşılması için oldukça önemlidir (Berrebi, 1995). *Barbus* cinsine ait biyocoğrafik ve taksonomik olarak benzer türlerin mevcudiyeti yıllardır ciddi bir araştırma konusu olmuştur (Coad, 2001; Esmaili vd, 2010). Ancak gerçekleştirilen çalışmalar morfolojik veriler ve yerel alanlardaki dağılımlar ile ilgili olduğundan sınırlı kalmaktadır (Berg, 1948-1949; Karaman, 1971; Valiollahi, 2006).

Bu cinse dahil olan türler içinde *Barbus tauricus* Kessler, 1877 en geniş dağılım alanına sahip olan türlerden birisidir. Dolayısıyla tür, hem genetik hem de morfometrik çalışmalar için model bir organizma olarak karşımıza çıkmaktadır. Ancak tür ile gerçekleştirilen morfometri çalışmalarının literatür taramaları kapsamında sınırlı kaldığı görülmüştür.

Morfometri, stokların tanımlanmasında kullanılan multidisipliner metotlardan birisidir (Ihssen vd, 1981). Ölçümlerden elde edilen verilere dayanılarak gerçekleştirilen morfometri tabanlı çalışmalar populasyonlar arasındaki morfolojik veya fenotipik varyasyonların anlaşılmasına, analiz edilmesine ve tanımlanmasına olanak sağlamaktadır. Bununla birlikte balık populasyonları arasındaki fenotipik varyasyonların sadece genetik farklılıklardan ötürü olmadıkları da bilinmektedir (Caneco vd, 2004). Bazı araştırmacılar, fenotipik varyasyonun çevresel şartlardan etkilendiği için kısa bir süre içerisinde populasyonun yapısını da etkileyen oldukça dinamik ve esnek bir kavram olduğunu ileri sürmektedirler (Kinsey vd, 1994; Tudela, 1999). Gerçekleştirilen istatistiksel analizler meristik verilerin aksine morfometrik verilerin çevresel değişkenlere çok daha duyarlı olduklarını ortaya çıkarmıştır (Hermida vd, 2005; Turan vd, 2006; Simon vd, 2010). Morfolojinin çevresel faktörlerin etkisi altında olması hem tür tanımlamalarında hem de populasyonlar arasındaki benzerlik ve farklılıkların belirlenmesinde birtakım karışıklığın ortaya çıkmasına sebep olmuştur. Ayrıca dişi ve erkek bireylerin morfolojik olarak birbirlerinden bazı farklılıklara sahip olmaları da gerçekleştirilen çalışmalarda karışıklıkların ortaya çıkmasına sebep olmaktadır. Bu sebep ile gerçekleştirilen morfometri çalışmalarında öncelikle dişi ve erkek bireyler arasında bir farklılığın olup olmadığının belirlenmesi gerekmektedir. Bu çalışmada cinsiyetin hem populasyon içinde hem de populasyonlar arasında önemli olmadığı belirlenmiştir ($P>0.05$). Dolayısıyla değerlendirmeler her bir lokaliteden yakalanan örnekler için cinsiyet dikkate alınmadan populasyon genelinde gerçekleştirilmiştir. Cinsiyetin dişi ve erkek bireyler arasında önemli olmadığı ve değerlendirmelerin populasyon genelinde gerçekleştirilmiş olduğu birçok çalışma mevcuttur (Cabral vd, 2003; Marić vd, 2004; Pinheiro vd, 2005; Akbarzadeh vd, 2009; Zengin vd, 2015; Doung vd, 2017).

Barbus tauricus türünün Karadere, Solaklı, Değirmenağzı Deresi, Karasu, Akçay, Terme Çayı ve Engiz Çayı’ndan temin edilen örneklerinin cinsiyet durumları Çizelge 4.1’ de gösterilmiştir.

Çizelge 4.1. Lokalitelere göre cinsiyet dağılımları, boy ve ağırlık değerleri

LOKALİTE	N	CİNSİYET (D/E)	TOTAL BOY (cm)	AĞIRLIK (g)
Karadere	50	22/28	10.80-26.10	15.10-154.30
Solaklı	50	28/22	13.10-19.20	19.78-73.29
Değirmenağzı	50	23/27	7.1-22.1	3.20-97.56
Karasu	11	9/2	17.40-45.60	49.75-1310.33
Akçay	51	22/29	6.6-18.7	3.31-73.95
Terme Çayı	55	17/38	7.50-24.20	3.86-122.08
Engiz Çayı	55	25/30	5.70-21.0	1.81-89.30

Bu çalışmanın morfometri kısmından elde edilen veriler ile birlikte ilgili lokalitelerden yakalanan örneklerin morfolojik olarak benzerlikleri ve populasyonların hangi özellikler bakımından birbirlerinden ayrıldıkları, tür içi varyasyonların saptanması ile birlikte ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır. Morfometri çalışmalarında, öncelikle elde edilen tüm veriler Elliott ve diğerleri (1995)’in önermiş olduğu formül kullanılarak standardize edilmiştir. Bu formül kullanılarak boyut farkından kaynaklanacak sapmaların istatistiksel analizlerden uzaklaştırılması sağlanmıştır.

Barbus cinsi ile gerçekleştirilmiş birçok farklı çalışma (Almaça, 1983; Berrebi vd, 1996; Bianco, 1998; Valiallahi, 2006; Buenarba, 2010; Mwita, 2013; Ataç Şahin, 2015) olmasına rağmen, *Barbus tauricus* ile gerçekleştirilen çalışmalar sınırlı sayıdadır. Tür ile ilgili olarak gerçekleştirilen çalışmalar genel olarak büyüme parametrelerinin belirlenmesi ile ilgilidir. Kontaş (2012) yüksek lisans tez çalışmasında türün Aşağı Melet Irmağı’nda (Ordu) yaşayan populasyonunun yaş, büyüme ve otolit biyometrisini belirlemiştir. Tür üzerinden 43 morfometrik ölçüm değeri alınmıştır. Yakalanan örneklerin çatal boy değerlerinin 6.575-21.3 cm ve ağırlıklarının ise 4.03-122.83 g arasında değiştiği saptanmıştır. Morfometrik ölçüm değerlerinin %VK değerleri tespit edilmiştir. Gerçekleştirilen bu tez çalışmasında da

her bir lokalite için örneklerin boy ve ağırlık değerleri kaydedilerek, morfometrik ölçüm değerlerinin %VK değerleri ayrı ayrı belirlenmiştir (Çizelge 3.8). Ayrıca her bir morfometrik ölçüm değerinin total boy ile olan ilişki grafikleri çizilmiştir.

Motamedi ve diğerleri (2014) gerçekleştirdikleri çalışmalarında ise İran'da bulunan tatlısu kaynaklarındaki *Barbus* cinsinin morfolojik ve moleküler yönden incelenmesini gerçekleştirmişlerdir. Tür üzerinden 31 morfometrik ölçüm değeri ile 6 meristik karakteri çalışmalarına dahil etmişlerdir. Çalışma sonuçlarının değerlendirilmesi aşamasında Temel Bileşenler Analizi (PCA), Ayrım Analizi (DA) ve Kümeleme Analizi (CA) yöntemlerini kullanarak populasyonların birbirlerinden morfometrik veriler ile ayırt edilebileceğini ortaya çıkarmışlardır. Yapılan çalışma incelenen 3 alanın preanal mesafe, maksimum vücut yüksekliği, anal yüzgeç yüksekliği, baş boyu, preorbital mesafe, interorbital mesafe ve göz çapı verileri kullanılarak ayırt edilebileceklerini önermektedir. Bu çalışmada da göz çapı ve maksimum vücut yüksekliğinin populasyon ayırımında kullanılabileceği belirlenmiştir (Çizelge 3.18). Elde edilen bulgular ve uygulanan istatistiksel testler bu tez çalışmasını desteklemektedir.

Verep vd (2006) çalışmalarında Rize ve Artvin illerindeki bazı akarsulardan örneklemiş oldukları *Barbus tauricus* türünün morfometrik yönden incelemelerini gerçekleştirmişlerdir. Yapılan çalışmada göz çapı, baş yüksekliği, preorbital mesafe, interorbital mesafe, vücut yüksekliği, predorsal mesafe ve postdorsal mesafelerin populasyonlar arasında fark göstermekte olduğunu belirlenmiştir. Elde edilen veriler bu tez çalışmasını desteklemektedir. Özellikle göz çapı verilerinin, tez çalışmasında da olduğu gibi lokasyonların ayırımında kullanılan bir parametre olması oldukça önemlidir.

Gerçekleştirilen tez çalışmasında da Kümeleme, Temel Bileşenler ve Ayrım Analizleri gibi analizler populasyonları birbirlerinden ayırt etmede ve bu ayrımları hangi morfometrik karakterin daha iyi yansıttığını belirlemede kullanılmıştır. Kullanılan veriler Elliott ve diğerleri (1995)'nin önerdiği üzere uyarlanmış veriler olarak karşımıza çıkmaktadır. Birçok araştırmacı da gerçekleştirmiş oldukları çalışmalarında Elliott ve diğerleri (1995)'nin formülünü kullanmayı tercih etmişlerdir (Tudela, 1999; Young, 2001; Turan, 2004; Turan vd, 2004a; Cheng vd, 2005; Pinheiro vd, 2005; Çiftci, 2006; Turan vd, 2006; Akbarzadeh vd, 2009;

Hossain vd, 2010; Kohestan-Eskandari vd, 2013; Vatandoust vd, 2014; Mir vd, 2015; Marzouk vd, 2016). Bu metot bağımlı ve bağımsız değişkenler arasında izometri olduğu esasına dayanmaktadır (Cadrin, 2000). Morfometrik çalışmaların çoğunda boyut faktörü değişkenler arasındaki varyasyonların %80'ini veya çok daha fazla bir kısmını etkilemektedir (Junquera ve Perez-Gandaras, 1993). Bu durum morfometrik analizlerde verilerin değerlendirilmesi aşamasında oldukça ciddi boyutlarda hatalara sebep olacaktır. Dolayısıyla son yıllarda gerçekleştirilen çalışmalarda boyut faktörünün, verileri en az oranda etkilemesini sağlamak için Elliot ve diğerleri (1995)'nin önermiş olduğu formül veya çeşitli veri dönüşüm formülleri ($\log(x+1)$, $\log 10$) tercih edilmektedir.

Gerçekleştirilen istatistiksel analizlerde morfometrik farklılıkların en doğru şekillerde açıklanmasını sağlayan analizler oldukları için PCA, CA ve DA tercih edilmişlerdir. Günümüzde karşılaşılan en önemli sorunlardan biri, araştırmalarda elde edilen iki ya da daha fazla özellik arasında bir ilişkinin olup olmadığını incelerken tek değişkenli istatistik yöntemlerinin yeterli olmamasıdır. Bunun nedeni; bir sonuca ait özelliği, çok sayıda özellik etkilemekte olup, özellikler arasında birtakım ilişkilerin bulunmasıdır. Bu durumda, araştırmanın sağlıklı ve güvenilir olması açısından iki veya daha fazla özellik kümesi arasındaki ilişkinin ortaya konulması, dolayısı ile çok değişkenli analiz tekniklerini ön plana çıkarmıştır (Sangün, 2007). PCA analizi boyut etkisinin şekil ölçümlerinden kurtarılması için kullanılır (Somers, 1986). PCA analizi sonuçları *B. tauricus* türü için; Karadere ve Solaklı ile Akçay ve Değirmenağzı popülasyonlarının morfometrik veriler bakımından birbirlerine en fazla benzeyen gruplar olduklarını ortaya çıkarmıştır. PC1 ve PC2 eksenleri toplam varyasyonu en iyi şekilde açıklamaktadırlar. PC1 tüm varyasyonun %61.09'luk kısmını, PC2 ise %29.25'lik kısmını kapsar. *B. tauricus* türü ile ilgili olarak gerçekleştirilmiş benzer bir çalışma mevcut değildir. Ancak PCA analizinin morfometrik veriler kullanılarak balık popülasyonlarının değerlendirilmesi ile ilgili olarak gerçekleştirildiği birçok çalışma mevcuttur (Turan ve Başusta, 2001; Cheng vd, 2005; Samaee vd, 2006; Simon vd, 2010; Özdemir, 2013; Kohestan-Eskandari vd, 2013; Motamedi vd, 2014).

Kümeleme analizi; X veri matrisinde yer alan ve doğal gruplamaları kesin olarak bilinmeyen birimleri, değişkenleri ya da her ikisini birden, aralarındaki

benzerlik ya da farklılık ölçütlerinden yararlanarak homojen gruplara bölmek amacı ile kullanılır (Özdamar, 2004). Proje çalışması kapsamında gerçekleştirilen kümeleme analizi çalışmalarında Euclidean mesafesi esas alınmıştır. Yine kümeleme analizi sonuçları; Karadere ve Solaklı'nın, Değirmenağzı Deresi, Akçay, Engiz Çayı ve Terme Çayı'nın birlikte ayrı birer kümeleri oluşturdukları ortaya çıkarmıştır. Cadrin (2000) çalışmasında kümeleme analizlerinin çok değişkenli veri gözlemlerine dayanarak gerçekleştirildiğini ve kümelerin birbirlerinden ayrılmasında kullanılabileceğini belirtmiştir. Farklı balık türleri ile gerçekleştirilen benzer çalışmalar da mevcuttur (Klingenberg, 1996; Murta, 2000; Kohestan-Eskandari vd, 2013; Verma vd, 2014; Motamadi vd, 2014; Verma ve Serajuddin, 2016).

Ayırma analizi ise grup özellikleri belirli olan bir popülasyondan seçilen bir örnekteki birimlerin p adet özelliği inceleyerek, bu birimlerin doğal ortamdaki gerçek gruplarına optimal düzeyde atanmalarını sağlayacak fonksiyonlar bulmaya yarar. Balıklar sınıflandırılırken, balıkların ağırlıkları, uzunluk ölçüleri, vücut genişliği, vücut çevresi ve derinliği gibi bir takım ölçümlerinin alınması ile tür özellikleri belli olan sınıflardan hangisine ait olduğunun belirlenmesi bu analiz tekniğine örnek olarak verilebilir (Sangün, 2007). Ayırma analizi morfometrik verilerin değerlendirildiği birçok istatistiksel çalışmada kullanılmıştır (Tudela, 1999; Murta, 2000; Turan ve Başusta, 2001; Poulet vd, 2004; Cadrin ve Silva, 2005; Cheng vd, 2005; Simon vd, 2010; Hedayati vd, 2016). Tez çalışmasından elde edilen bulgular tüm popülasyonların Fonksiyon 1 ve Fonksiyon 2 eksenlerinde düzenli bir şekilde ayrıldıklarını ortaya çıkarmıştır (Şekil 3.3). Karadere (Trabzon), Solaklı (Trabzon), Karasu (Sakarya), Terme Çayı (Samsun), Akçay (Samsun), Engiz Çayı (Samsun) ve Değirmenağzı Deresi (Düzce) lokalitelerinden elde edilen örneklerin 14 morfometrik karakter (PostD, PostP, KYU, KYY, GÇ, İNM, ABU, PBU, BU, D-K, P-V, V-A, A-K ve MAKS) bakımından birbirlerinden %89.1 oranında ayırt edilebileceği belirlenmiştir (Çizelge 3.20).

Balık popülasyonları arasındaki morfolojik farklılıkları açıklamak kısmen zordur (Bookstein, 1991). Balıkların morfolojilerinde gözlenen varyasyonlar yaşadıkları ortamlardaki çevresel ve sıcaklık (Loy vd, 1996; Pakkasmaa ve Piironen, 2000), beslenme rejimi ve tuzluluk (Chen vd, 2008), turbidite (Mohadasi vd, 2014) ve predasyon riski (Loy vd, 1996) gibi ekolojik faktörlerdeki değişimler ile ilişkilidir.

Morfometrik karakterlerin habitat şartlarına bağılı olarak oldukça yüksek bir esnekliğe sahip olduğu bilinmektedir (Wimberger, 1994). Ayrıca, balıkların morfolojik karakterleri çevre, genetik ve bunlar arasındaki etkileşimler ile saptanır. Habitat şartlarından kaynaklanan morfometrik varyasyon genetik varyasyona göre çok daha hızlı ortaya çıkmaktadır. Çünkü genetik varyasyon birkaç genin birlikte çalışmasıyla oluşmaktadır (Soule ve Couzin, 1982). Bahsedilen bu tür durumlar gerçekleştirilen çalışmalarda birçok karışıklığın yaşanmasına sebep olmuştur (hatalı tür tanımlamaları, aynı popülasyonların ayrı birer grup olarak değerlendirilmesi). Bu sebep ile gerçekleştirilen tez çalışmasında hem morfometrik hem de genetik özellikler kullanılarak *B. tauricus* türünün, tür içi varyasyonlarının en doğru şekilde ortaya çıkarılmaya çalışılmıştır.

4.2. Genetik Özelliklerin Değerlendirilmesi

Pleistosen döneminin sonunda Karadeniz Havzası'nda yüzyıllar boyunca varlığını koruyan oldukça büyük bir gölün bulunduğu ve bu gölün Holosen döneminde deniz haline geldiği bilinmektedir (Degens ve Ross, 1972; Ryan vd, 1997). Filocoğrafik kanıtlar bu antik göl sisteminin nehir-göl bıyıklı balıkları için bir sığınak olduğunu ortaya çıkarmıştır. Dolayısıyla Karadeniz'e dökülen akarsularda yaşayan bıyıklı balıklarda popülasyonlar arasında allopatrik dağılımlar söz konusudur. Eğer atasal bir popülasyon mevcut ise bu durum mtDNA çeşitliliğinin ortaya çıkmasına sebep olabilmektedir (Kotlík vd, 2004). *Barbus* türleri bu çeşitliliğin ortaya çıkarılması için model organizmalardır.

Barbus tauricus türünün moleküler özelliklerinin belirlenebilmesi için mtDNA ve nDNA genleri çalışılmıştır. mtDNA'nın Cyt b ve D-loop gen bölgeleri ile nDNA'nın RAG 1 bölgesi tür içi ilişkilerin değerlendirilmesi için incelenmiştir. Bu tür çalışmalarda genellikle mtDNA gen bölgeleri tercih edilmektedir. nDNA RAG 1 gen bölgesi ise moleküler çalışmalarda izolasyonları genel anlamda zor oldukları için pek tercih edilmemektedir. Ancak uygun primerler dizayn edildiğinde nDNA gen bölgeleri mtDNA'dan elde edilen sonuçların desteklenmesi için kullanılmaktadır.

Cyt b moleküler çalışmalarda en fazla tercih edilen gen bölgesidir. Bu alan evrimsel süreç içerisinde en fazla korunan kısımlardandır. Dolayısıyla birçok çalışmada hem tür içi hem de türler arası varyasyonların ortaya çıkarılması için Cyt b

gen bölgesi tercih edilmiştir (Berrebi, 1995; Gilles vd, 1998; Durand vd, 1999; Tsigenopoulos ve Berrebi, 2000; Callejas ve Ochando, 2000; Kartavtsev ve Lee, 2006; Sakai vd, 2009; Markovà vd, 2010; Zheng vd, 2010; Schönhuth vd, 2012; Zheng vd, 2016).

Cyt b ve ND genlerinin populasyon düzeyinde farklılık gösterdiği rapor edildiğinden birçok farklı türde çalışılmaktadır. Oldukça az bireye ihtiyaç duyduğu ve coğrafik bölgeler arasında çeşitli haplotiplerin kaynağını herhangi bir nükleer belirteçten daha hızlı bulacağından dolayı mtDNA'nın gerçekleştirilecek olan çalışmalarda kullanışlı olduğu bilinmektedir (Maes vd, 2003). Mitokondriyal DNA varyasyonu, balık türlerinin stoklarını ayırmak ve düzenlemek amacıyla sağlıklı bir şekilde kullanılabilir (Grewe ve Hebert 1988; Billington vd, 1992).

Tez çalışmasında, genetik varyasyonun populasyonlar arasında ve populasyonlar içerisinde nasıl dağıldığını gözlemlemek için AMOVA analizi yapılmıştır. Gerçekleştirilen AMOVA analizi sonuçları da populasyonlar arasında genetik anlamda farklılıkların olduğunu ortaya çıkarmıştır. F_{ST} değeri 0'dan farklılaşma göstermekte ve bu farklılığın istatistiksel olarak önemli olduğu belirlenmiştir (Çizelge 3.36). Moleküler varyans analizi moleküler veriler kullanılarak populasyon farklılaşmasının belirlendiği ve bu farklılığın öneminin test edildiği bir yöntemdir. Bu yöntemde bir çok farklı moleküler veri kullanılarak sonuç elde edilebilmektedir (Excoffier vd, 1992). AMOVA kullanılarak populasyon farklılaşmasının incelendiği bir çok farklı çalışma bulunmaktadır (Kotlík vd, 2008; Çiftci vd, 2009; Schreiber, 2009; Harris vd, 2012; Bektaş vd, 2013; Bektaş vd, 2017).

Cyt b gen bölgesi *Barbus* genusu ile ilgili olarak gerçekleştirilen çalışmalarda sıklıkla kullanılmıştır (Berrebi, 1995; Callejas ve Ochando, 2000; Tsigenopoulos ve Berrebi, 2000; Machordom ve Doadrio, 2001; Doadrio vd, 2002; Tsigenopoulos vd, 2002; Kotlík vd, 2003; Kotlík ve Berrebi, 2003; Wang vd, 2013; Antal vd, 2016).

Livi vd (2013) çalışmalarında İtalya'dan örneklemiş oldukları *Barbus* türlerinin moleküler ve morfometrik özelliklerini birlikte değerlendirmişlerdir. Gerçekleştirilen çalışmada bu tez çalışmasında olduğu gibi mtDNA Cyt b ve D-loop gen bölgelerini kullanmışlardır. Çalışmada D-loop gen bölgesinin 733 bp'lik kısmı sekansı belirlenmiştir. Bu çalışmada ise 599 bp'lik kısım elde edilmiştir. Livi vd

(2013) çalışmaların D-loop kontrol bölgesine ait 17, Cyt b gen bölgesine ait 5 haplotip belirlemişlerdir. Bu çalışmada ise D-loop için 27 ve Cyt b için ise 11 haplotip belirlenmiştir (Çizelge 3.23 ve Çizelge 3.28).

Cyt b gen bölgesi ile ilgili olarak en uygun baz değişim modeli tez çalışmasında TPM2uf+G olarak seçilmiştir. Çiftci vd (2013) *Chalcalburnus* ile ilgili olarak gerçekleştirdikleri çalışmalarında da Cyt b bölgesi için en uygun baz değişim modelini TrN+G olarak belirlemişlerdir. Moleküler çalışmalarda cyt b gen bölgesi sıklıkla tercih edildiği için araştırmacılar farklı baz değişim modellerini çalışmalarında kullanmışlardır. Kotlík ve Berrebi (2001) *Barbus barbus* türünün mtDNA'ya bağlı filocoğrafik özelliklerini inceledikleri çalışmalarında HKY85 modelini, Chen ve Mayden (2009), Cypriniformes ordosuna dahil türlerin revizyonları için GTR+I+ G, Mayden vd (2009) GTR+I+1 modelini, Zheng vd (2010), farklı Cyprinid türleri için GTR+I+G modelini, Marková vd (2010) farklı *Barbus* türleri ile ilgili gerçekleştirdikleri çalışmalarında TIM+I modelini, Bektaş vd (2017) *Capoeta* türleri için GTR+I+ G modelini tercih etmişlerdir.

mtDNA'nın bir diğer bölgesi olan D-loop için ise en uygun model bu tez çalışmasında GTR+G olarak belirlenirken, Livi vd (2013) çalışmalarında TPM3uf+I+G olarak saptamışlardır.

Ren ve Mayden (2016) de gerçekleştirmiş oldukları çalışmalarında, hem mitokondriyal DNA hem de nüklear DNA gen bölgelerini birlikte incelemişlerdir. İlgili çalışmada da Cyt b gen bölgesinin 1140 bç'lik alanını belirlemişlerdir. Ayrıca Cyt b için nükleotit frekansları (T, C, A, G) sırasıyla %30.7, %25.4, %30.4 ve %13.5 olarak ilgili çalışmada belirlenmiştir. Ayrıca ikili uzaklık ilişkilerinin Cyt b için 0-0.267 saptamışlardır. Tez çalışmasında ise bu değer 0-0.0117 arasında değişmektedir (Çizelge 3.26).

Doadrio vd (2002) yaptıkları çalışmalarında ise Cyt b nükleotid oranlarını; A %28.57, C %30.15, G %15.11, T %26.16 olarak saptamışlardır. Elde edilen verilerin tez çalışmasını desteklediği görülmüştür (Çizelge 4.2).

Gerçekleştirilen bu çalışmada da mtDNA Cyt b gen bölgesinin 1141 bç'lik tam dizisi ile D-loop gen bölgesinin 599 bç'lik kısmi dizisi elde edilmiştir. Nükleotit frekansları belirlenmiştir. Johns ve Avise (1998), farklı canlı grupları için Cyt b

geninin nükleotid frekanslarını göstermişlerdir (Çizelge 4.2). Çizelge 4.2'deki verilerin, tez çalışmasında da elde edilmiş veriler ile uyumlu oldukları belirlenmiştir.

Çizelge 4.2. Farklı canlı sınıflarının Cyt b nükleotid frekansları

Canlı Türü	T	C	A	G
Memeliler	28.8	28.4	29.6	13.3
Kuşlar	25.0	33.9	27.6	13.5
Sürüngenler	28.6	27.6	27.7	16.1
İki yaşamlılar	32.7	24.3	27.0	16.0
Balıklar	29.5	29.9	25.3	15.3
Bu çalışma	27.19	29.26	28.11	15.37

Transisyon/Transversiyon oranları $k1 = 66.975$ (purinler) ve $k2 = 28.193$ (pyrimidinler) hesaplanmıştır. Elde edilen sonuçlar *Barbus tauricus* türünde tür içi varyasyonların olduğunu ortaya çıkarmıştır (Çizelge 3.21).

Cyt b ve D-loop bölgelerine ait sırasıyla 11 ve 27 adet haplotip bu tez çalışması kapsamında ortaya çıkarılmıştır. Cyt b için Haplotip çeşitliliği 0.7491 ve Nükleotid çeşitliliği 0.00474 olarak, D-loop için ise Haplotip çeşitliliği 0.953, Nükleotid çeşitliliği 0.10097 olarak belirlenmiştir. Gerçekleştirilen farklı çalışmalarda da Cypriniformes takımına dahil türlerin mtDNA gen bölgesi için belirlenen haplotip ve nükleotid çeşitlilikleri Çizelge 4.3'te gösterilmektedir.

Çizelge 4.3. Tez çalışması ile diğer çalışmalarda mevcut Haplotip çeşitliliği (Hd) ve Nükleotid çeşitliliği (Pi) değerlerinin karşılaştırılması

Çalışma	Gen Bölgesi				Çalışılan tür
	Cyt b		D-loop		
	Hd	Pi	Hd	Pi	
Stepien ve Faber (1998)	-	-	0.69	0.00030	<i>Stizostedion vitreum</i>
Wang vd (2000)	-	-	0.180	0.710	<i>Acrossocheilus paradoxus</i>
Durand vd (2003)	-	0.2804	-	-	<i>Chondrostoma sp.</i>

Çizelge 4.3. Tez çalışması ile diğer çalışmalarda mevcut Haplotip çeşitliliği (Hd) ve Nükleotit çeşitliliği (Pi) değerlerinin karşılaştırılması (devam)

Yılmaz vd (2013)	0.93596	0.00594	-	-	<i>Alburnus tarichi</i>
Özdemir (2013)	1.0000	0.03614	-	-	<i>Capoeta sp.</i>
Bektaş vd (2017)	0.47619	0.042	-	-	<i>Capoeta antalyensis</i>
	0.99442	0.241	-	-	<i>Capoeta banarescui</i>
Bu çalışma	0.7491	0.00474	0.953	0.10097	<i>Barbus tauricus</i>

RAG 1 gen bölgesi ise *Barbus tauricus* türünde ilk kez çalışılmıştır. İlgili bölgenin 1477 bç'lik alanı elde edilmiştir. Transisyon/Transversiyon oranları $k1=4.007$ (pürinler) ve $k2=6.81$ (primidinler) olarak saptanmıştır.

RAG 1 gen bölgesi için tez çalışmasında en uygun baz değişim modeli olarak TPM3+G belirlenmiştir. Bu bölge ile ilgili farklı araştırmacılar çalışmalarında; Chen vd (2009) GTR+G+1, Chen ve Mayden (2009) GTR+I+1, Mayden vd (2009) GTR+I+1, Markova vd (2010) TIM+ G, Perea vd (2010) K81+G, Yang vd (2015) GTR+I+1, Zheng vd (2010) SYM+I+G modellerini tercih etmişlerdir.

Ancak bu alan çok korunaklı bir alan olmadığı için varyasyonlara açıktır. Bu sebeple de tür içi varyasyonların belirlenmesinde pek tercih edilmez. nDNA gen bölgelerinden elde edilen veriler genel olarak mtDNA sonuçlarının desteklenmesinde kullanılmaktadır (Chen ve Mayden, 2009).

Chen ve Mayden (2009) gerçekleştirdikleri çalışmalarında Cyprinidae türlerinin filogenetik ilişkilerini değerlendirmek için RAG 1 gen bölgesi de dahil olmak üzere 6 farklı nüklear DNA gen bölgesini kullanmışlardır. Bu bölgenin 1497 bç'lik kısmını dizisini belirlemişlerdir. Elde ettikleri sonuçların mtDNA çalışmaları sonuçları ile elde ettikleri sonuçların benzerlik gösterdiklerini ortaya koymuştur (Saitoh vd, 2006; Conway vd, 2008; He vd, 2008; Mayden vd, 2008; Mayden vd, 2009).

Yang vd (2015) çalışmalarında Cypriniformes takımına dahil türlerin filogenetik ilişkilerini incelerken, mtDNA ve nDNA gen bölgelerini birlikte çalışmışlardır ve oluşturdukları ML ağaçlarındaki benzerlik ve farklılıkları ortaya çıkarmışlardır. RAG 1 bölgesine ait 1497 baz çiftlik kısmı elde etmişlerdir.

Ren ve Mayden (2016) RAG 1 bölgesine ait 1450 bç'lik alanları elde edilmiştir. İkili uzaklık ilişkilerinin RAG 1 için 0.0117 olduğunu saptamışlardır. Tez çalışmasında ise bu değer ile 0-0.0109 arasında değişmektedir (Çizelge 3.35.)

Ancak *Barbus tauricus* türüne ait RAG 1 gen bölgesinin çalışılmış olduğu herhangi bir çalışma mevcut değildir.

Tür içi varyasyonlar birçok sebepten kaynaklanabilmektedir (Durand vd, 1999; Castilho ve Çiftci, 2005; Sakai vd, 2009; Mahe vd, 2014). Dolayısı ile gerçekleştirilen çalışmalarda tür içi varyasyonların belirlenmesinde hem moleküler hem de morfometrik verilerin birlikte kullanılmaları oldukça önemlidir. Ayrıca belirtilmesinde yarar olan bir diğer konu da eğer populasyonlar arasında çok az veya hiç gen akışı yok ise zaman periyodu içerisinde genetik farklılaşmanın meydana geleceğidir. Düşük miktarlarda gerçekleşmekte olan gen akışı genetik farklılaşmayı koruyacaktır. İçsu balıklarında deniz balıklarının aksine her bir jenerasyon için gen akışı oldukça düşük miktarlarda gerçekleşmektedir (Ward vd, 1994).

Gelecekte gerçekleştirilecek olan sistematik ve taksonomik tabanlı çalışmalarda moleküler, morfometrik ve ekolojik karakterlerin birlikte kullanılmaları kavram karmaşasının ortadan kaldırılabilmesi adına ciddi adımların atılmasını sağlayabilecektir. Özellikle “*Barbus*” cinsi gibi model organizmalar ile ilgili gerçekleştirilen çalışmalar oldukça önemli sonuçlar ortaya çıkaracaktır.

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Son yıllarda sadece morfometriye bağlı olarak gerçekleştirilen çalışmalar sistematik anlamda birtakım karışıklıkların ortaya çıkmasına sebep olmuştur. Morfometrinin fenotipik varyasyonun etkisi altında olması aynı türlerin farklı birer tür gibi algılanıp isimlendirilmelerini sağlamıştır. Bu sebeple coğrafik varyasyonun gerçekleştirilen çalışmalarda göz ardı edilmemesi oldukça önemli bir konu haline gelmiştir. Bu çalışmada Karadeniz Bölgesi'ndeki farklı lokalitelerinden örneklenmiş olan *B. tauricus* türünün hem morfometrik hem de moleküler özellikleri incelenerek aşağıdaki sonuçlar saptanmıştır;

- 1- Farklı lokaliteden örneklenen *B. tauricus* türünün öncelikle metrik-meristik özellikleri incelenerek sistematik konumu belirlenmiş ve tür üzerinden 32 farklı ölçüm değerleri alınmıştır.
- 2- Alınan ölçümler Elliot ve diğerleri (1995)'in önermiş olduğu formül kullanılarak standardize edilmiş ve lokalitelere göre çok değişkenli analizler kullanılarak değerlendirilmiştir.
- 3- Morfometrik veriler kullanılarak populasyonların %89.1 oranında ayrımlarının gerçekleştirilebileceği ortaya çıkarılmıştır.
- 4- Morfometrik ölçümlerden 14 adedinin gerçekleştirilen analizler (PCA, DA) kapsamında lokalitelerin ayrılmasında kullanılabileceği saptanmıştır ve sonraki çalışmalarda bu ölçümlerin lokalite ayrımlarında kullanılabileceği önerilmektedir.
- 5- Özellikle baş bölgesinden alınan ölçüm değerlerinin populasyonların birbirlerinden ayrılmasında oldukça önemli bir yer tuttukları açıktır.
- 6- Tez çalışmasının ikinci kısmında örneklerden alınan dokulardan moleküler analizlerin gerçekleştirilmesi için DNA izolasyonu yapılmış ve uygun primerler kullanılarak PZR işlemi gerçekleştirilmiştir. Sekanslama işlemleri MACROGEN firmasına yaptırılmıştır.

- 7- mtDNA gen bölgesinin 1141 bç'lik tam ve D-loop bölgesinin 599 bç'lik kısmi dizilmeleri ile RAG 1 gen bölgesinin 1477 bç'lik kısmi alanı elde edilmiştir. Analizler MEGA 7.0, BioEdit, Arlequin, ChromasPro gibi moleküler analiz programları ile değerlendirilmiştir.
- 8- Çalışılan lokalitelerde Cyt b için 11 haplotip, D-loop için 27 haplotip ve RAG 1 için ise 34 haplotip belirlenmiştir.
- 9- Moleküler veriler F_{ST} değeri dikkate alınarak incelendiğinde *Barbus tauricus* türünde populasyonlar arasındaki farklılaşmanın önemli olduğu ve F_{ST} değerleri dikkate alınarak populasyonların ayrı ayrı değerlendirilebilecekleri belirlenmiştir. Aynı şekilde morfometrik veriler kullanılarak gerçekleştirilmiş olan çok değişkenli analizler de populasyonların dağılımlarını Fonksiyon 1 ve Fonksiyon 2 düzlemlerinde ayrı ayrı dağıldıklarını ortaya çıkarmışlardır. Bu bağlamda hem morfometrik hem de moleküler verilerin birbirlerini destekleyici nitelikte oldukları açıktır.
- 10- Elde edilen moleküler sonuçlar tür içi varyasyonların *B. tauricus* türünde mevcut olduğunu ortaya çıkarmıştır. Bu tür, *Barbus* genusu içerisinde hemen hemen en yaygın olarak dağılım gösteren türlerden birisidir. Bu sebeple tez çalışmasından elde edilmiş olan verilerin gerçekleştirilecek olan sonraki çalışmalar için kaynak sağlaması düşünülmektedir.
- 11- Elde edilen sonuçlar kapsamında Terme Çayı'ndan örneklenmiş olan üç adet örneğin diğer hem kendi lokalitesindeki örneklerden hem de diğer lokasyonlardaki örneklerden moleküler düzeyde farklılık göstermektedir. Bu üç örneğin farklı bir tür olma olasılıkları yüksek olarak bulunmuştur.
- 12- Oluşturulan dendogramlar tür içi varyasyonların ortaya çıkarılmasını sağlamıştır. RAG 1 ve D-loop gen bölgelerinin sekans dizilimleri *Barbus tauricus* türünde ilk kez bu tez çalışması ile belirlenmiştir. Dolayısı ile bundan sonra gerçekleştirilecek olan çalışmalarda, tez çalışmasından elde edilen ve GENBANK'a yüklenecek olan veriler yol gösterici olacaktır.

Belirtmesinde önem arz eden bir diğer konuda sadece kaba dış morfolojiye ait verilerin yanında otolit gibi kemiksi yapıların da morfometri çalışmalarında oldukça önemli bir değerlendirme aracı olduğudur. Dolayısıyla gerçekleştirilecek olan

sonraki alıřmalarda populasyonlar arasında farklılık gsteren otolitlerin morfolojilerinin de kullanılması alıřmalara zenginlik katacaktır. Kemiksi yapıların ve morfometrik zelliklerin populasyon ayrımlarında birlikte kullanılmaları, verilerin deęerlendirilmesi ařamasında destekleyici olacaktır.

Coęrafik varyasyonların ekolojik parametrelerin etkisi altında olmaları gerekleřtirilen birok alıřmada karıřıklıkların ortaya ıkmasına sebep olmaktadır. Aynı trlerin farklı birer tr olarak ortaya ıkarılmasının en byk sebeplerinden birisi ekolojik farklılıkların dikkate alınmamasıdır. Morfometrinin genetięin etkisi altında olduęu unutulmamalı ve alıřılan alanlarda haplotiplerin mevcut olabileceęi de dikkate alınarak alıřmalar gerekleřtirilmelidir.

Genetik bilimi ve istatistiksel yaklařımlardaki hızlı geliřmeler doęal populasyonlar ve evreye bakıř aılarında yeni aılımlar getirmiş ve bylece ekosistem ve evrimleřme arasındaki molekler etkileřimin daha iyi anlařılmasına yol amıřtır. Dolayısıyla bundan sonra gerekleřtirilecek alıřmalarda da hem genetiksel hem de morfometrik zelliklerin birlikte kullanılmaları nerilmektedir.

Bu alıřma ile Karadeniz Blgesi kıyı řeridi boyunca bulunan bazı tatlısu kaynaklarında yařayan *B. tauricus* trnn mtDNA ve nDNA analiz yntemleri kullanılarak tr ii genetik eřitlilięin incelenmesi, fenotipik ve genetiksel farklılıklarının ortaya ıkarılması, morfometrik bazı lmlerin alınarak lokaliteler arasında kıyaslamaların yapılması ve farklılıkların tespit edilmesi gerekleřtirilmiřtir. Gerekleřtirilen alıřma Trkiye’de daęılım gsteren *Barbus tauricus*’un hem molekler hem de morfometrik zelliklerinin birlikte deęerlendirildięi ilk alıřmadır.



KAYNAKLAR

- Adams, D. C., Rohlf, F. J. and Slice, D. E. 2004. Geometric morphometrics: ten years of progress following the 'revolution'. *Italian Journal of Zoology*, 71:5-16.
- Akaike, H. 1974. Markovian representation of stochastic processes and its application to the analysis of autoregressive moving average processes. *Annals of the Institute of Statistical Mathematics*, 26: 363-387.
- Akbarzadeh, A., Farahmand, H., Shabani, A. A., Karami, M., Kaboli, M., Abbasi, K. and Rafiee, G. R. 2009. Morphological variation of the pikeperch *Sander lucioperca* (L.) in the southern Caspian Sea, using a truss system. *Journal of Applied Ichthyology*, 25: 576–582.
- Allendorf, F. W., Ryman, N. and Utter, F. 1987. *Genetics and Fishery Management*. (Editors: N. Ryman, Utter F.), in Past, Present and Future in Pop. Gen. Fish. Man., University of Washington Press, 1-20, Seattle and London.
- Almaça, C. 1983. Studies on taxonomy, biogeography, and speciation in Euro-Mediterranean *Barbus* (*Barbus* s. s.). *Nova Serie*, 2 (28): 455-462.
- Alwan, N. H., Zareian, H. and Esmaeili, H. Z. 2016. *Capoeta coadi*, a new species of cyprinid fish from the Karun River drainage, Iran based on morphological and molecular evidences (Teleostei, Cyprinidae). *ZooKeys*, 572: 155–180.
- Anonymous, (2007). <http://www.yunus.sumae.gov.tr/2003/03/07.pdf>.
- Antal, L., László, B., Kotlík, P., Mozsár, A., Czeglédi, I., Oldal, M., Kemenesi, G., Jakab, F. and Nagy, S. A. 2016. Phylogenetic evidence for a new species of *Barbus* in the Danube River basin. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 96: 187-1941.
- Arnot, D. E., Roper, C. and Bayoumi, R. A. 1993. Digital codes from hypervariable tandemly repeated DNA sequences in the *Plasmodium falciparum* circumsporozoite gene can genetically barcode isolates. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 61:15-24.
- Ataç Şahin, T. 2015. Ilıca Deresi'nde (Fatsa/Ordu) yaşayan *Barbus tauricus* Kessler, 1877 (Pisces; Cypriniformes)' in karyotip analizi. Yüksek Lisans Tezi, Ordu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı, 102 s, Ordu.
- Avice, J. C. 1986. Mitochondrial DNA and the evolutionary genetics of higher animals. *Philosophical Transactions Royal Society B*, 312: 325-342.

- Avise, J. C. 1994. *Molecular Markers*, Natural History and Evolution. Chapman and Hall, New York.
- Avise, J. C. and Hamrick, J. L. 1996. *Conservation genetics*. Case Histories from Nature. Chapman ve Hall, New York.
- Avise, J. C., Arnold, J., Ball, R. M., Bermingham, E., Lamb, T., Neigel, J. E., Reeb, C. A. and Saunders, N. C. 1987. Intraspecific phylogeography: The mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. *Annual Review of Ecology and Systematic*, 18: 489-522.
- Avise, J. C., Lansman, R. A. and Shade, R. O. 1979. The use of restriction endonucleases to measure mitochondrial DNA sequence relatedness in natural populations. I. population structure and evolution in genus *Peromyscus*. *Genetics*, 92: 279-295.
- Ayata, M. K., Ünal, S. ve Gaffaroğlu, M. 2017. Karyotypes of *Capoeta antalyensis* (Battalgil, 1944) and *Capoeta baliki* Turan, Kottelat, Ekmekçi ve İmamoğlu, 2006 (Actinopterygii, Cyprinidae). *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 17: 269-273.
- Azrita, H. S. 2015. Morphological character among five strains of giant gourami, *Oshpronemus gouramy* Lacepede, 1801 (Actinopterygii: Perciformes: Osphronemidae) using a truss morphometric system. *International Journal of Fisheries and Aquatic Studies*, 2(6): 344-350.
- Bagherian, A. and Rahmani, H. 2009. Morphological discrimination between two populations of Shemaya, *Chalcalburnus chalcoides* (Actinopterygii, Cyprinidae), using a truss network. *Animal Biodiversity and Conservation*, 32: 1-8.
- Bănărescu, P. 1960. *Fauna republici populare Romîne Pisces-Osteichthyes*. Ed. Acad. Repub. Pop. Romine, Bucuresti.
- Bănărescu, P. 1990. *Zoogeography of Fresh Waters*. Vol. I. General Distribution and Dispersal of Freshwater Animals,” Aula-Verlag, Wiesbaden.
- Bănărescu, P. 1991. *Zoogeography of Fresh Waters*, 2. Distribution and Dispersal of Freshwater Animals in North America and Eurasia. AULA-Verlag, Wiesbaden.
- Bănărescu, P. and Bogutskaya, N. G. 2003. *Barbus* Cuvier, 1816: *The Freshwater Fishes of Europe Volume 5/II: (Cyprinidae 2/II): Barbus*. Aula Verlag GmbH, Wiebelsheim, 1-10, Germany.
- Bănărescu, P. and Coad, B. W. 1991. *Cyprinids of Eurasia*. In “*Cyprinid Fishes. Systematics, Biology and Exploitation*”. Chapman and Hall, 127-155, London.
- Bardakçı, F. and Karataş, M. 2005. *Moleküler Belirteçler ve Sistematikte Kullanım Alanları*, Bölüm 15: 425-434, Ankara.

- Bat, L., Erdem, Y., Ustaoglu Tiril, S. and Yardim, Ö. 2008. *Balık Sistematiği* (Basım sayısı:1), Nobel Yayın Dağıtım Ltd. Şti. Nobel Yayın Dağıtım Ltd. Şti, 270, Ankara.
- Begg, G. A., Friedland, K. D. and Pearce, J. B. 1999. Stock identification and its role in stock assessment and fisheries management: an overview. *Fisheries Research*, 43: 1–8.
- Bektaş, Y., Beldüz, A. O. and Turan, D. 2013. The phylogenetic position of Turkish populations within the European bitterling, *Rhodeus amarus* (Osteichthyes: Cyprinidae). *Zoology in the Middle East*, 59 (1): 39-50.
- Bektaş, Y., Çiftci, Y., Eroğlu, O. and Beldüz, A. O. 2011. Genetic discrimination of two *Capoeta* species in northeastern Anatolia, using mitochondrial 16S rRNA gene. *Zoology in the Middle East*, 53 (1): 61-70.
- Bektaş, Y., Turan, D. , Aksu, İ., Çiftci, Y., Eroğlu, O., Kalayci, G. and Beldüz, A. O. 2017. Molecular phylogeny of the genus *Capoeta* (Teleostei: Cyprinidae) in Anatolia, Turkey. *Biochemical Systematics and Ecology*, 70: 80-94.
- Bembo, D. G., Carvalho, G. R., Snow, M., Cingolani, N. and Pitcher, T. J. 1995. Stock discrimination among European anchovies, *Engraulis encrasicolus*, by means of PCR-amplified mitochondrial DNA analysis. *Fisheries Bulletin*, 94:31-40.
- Bembo, D. G., Carvalho, G. R., Snow, M., Cingolani, N. and Pitcher, T. J. 1996. Electrophoretic analysis of syock structure in Northern Mediterranean anchovies, *Engraulis encrasicolus* L. *ICES Journal of Marine Science*, 53: 115-128.
- Berg, L. S. 1948–1949. Freshwater fishes of the USSR and adjacent countries. Israel Program for Scientific Translations. Jerusalem, 1962–1965.
- Bermingham, E. and Martin, A. 1998. Comparative mtDNA phylogeography of neotropical freshwater fishes: testing shared history to infer the evolutionary landscape of lower Central America. *Molecular Ecology*, 7: 499-517.
- Bernardi, G., Sordino, P. and Powers, D. A. 1993. Concordant mitochondrial and nuclear DNA phylogenies for populations of the teleost fish *Fundulus heteroclitus*. *Proceeding of the Natural Academy of Sciences*, 90: 9271-9274.
- Bernatchez, L. 2001. The evolutionary history of brown trout (*Salmo trutta* L.) inferred from phylogeographic, nested clade, and mismatch analyses of mitochondrial DNA variation. *Evolution* 55: 351-379.
- Bernatchez, L., Guyomard, R. and Bonhomme, F. 1992. DNA sequence variation of the mitochondrial control region among geographically and morphologically remote European brown trout *Salmo trutta* populations. *Molecular Ecology*, 1:161–173.

- Berrebi, P. 1995. Speciation of the genus *Barbus* in the North Mediterranean basin: Recent advances from biochemical genetics. *Biological Conservation*, 72: 237–249.
- Berrebi, P., Kottelat, M., Skelton, P. and Rab, P. 1996. Systematics of *Barbus*: State of the art and heuristic comments. *Folia Zoologica*, 45 (1): 5-12.
- Bianco, P. G. 1990. Potential role of the palaeohistory of the Mediterranean and Paratethys basin on the early dispersal of Euro-Mediterranean freshwater fishes. *Ichthyological Explorer Freshwaters* 1 (29): 167-184.
- Bianco, P. G. 1998. Diversity of Barbinae fishes in southern Europe with description of a new genus and a new species (Cyprinidae). *Italian Journal of Zoology*, 65: 125-136.
- Bilici, S., Baysal, A., Çiçek, T., Uysal, E. and Ünlü, E. 2016. Morphological and meristic differences among freshwater fish, *Cyprinion kais* (Cyprinidae) populations in Tigris River of Southeast Turkey. *Fresenius Environmental Bulletin*, 25 (10): 4045-4051.
- Billington, N. and Hebert, P. D. N. 1991. Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science*, 48: 80-94.
- Billington, N., Barrette, R. J. and Hebert, P. D. N. 1992. Management Implications of mitochondrial DNA variation in walleye stocks. *North American Journal of Fisheries Management*, 12: 276-284.
- Bird, J. L., Eppler, D. T. and Checkley, D. M. Jr. 1986. Comparison of herring otoliths using Fourier series shape analysis. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science*, 43: 1228–1234.
- Blackstone, N. W. 1987. Allometry and relative: pattern and process in evolutionary studies. *Systematic Zoology*, 36 (1): 76–78.
- Bobori, D. C., Tsikliras, A. C. and Economidis, N. I. 2006. Some morphological and biological characteristics of fishes from Tavropos reservoir (western Greece). *Folia Zoologica*, 55 (2): 199–210.
- Bookstein, F. L. 1982. Foundation of morphometrics. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 13: 451-470.
- Bookstein, F. L. 1991. *Morphometric tools for landmark data: geometry and biology*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Bookstein, F. L., Chernoff, B., Elder, R. L., Humphries, J. M., Smith, G. R. and Strauss, R. E. 1985. Morphometrics in evolutionary biology: the geometry of size and shape change with examples from fishes. Special Publication No. 15. Academy of National Sciences, 277, Philadelphia.

- Bowering, W. R. 1988. An analysis of morphometric characters of Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) in the northwest Atlantic using a multivariate analysis of covariance. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 45: 580-585.
- Briolay, J., Galtier, N., Brito, R. M. and Bouvet, Y. 1998. Molecular phylogeny of Cyprinidae inferred from cytochrome b DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 9 (1): 100–108.
- Brito, R. M., Briolay, J., Galtier, N., Bouvet, Y. and Coelho, M. M. 1997. Phylogenetic relationships within genus *Leuciscus* (Pisces, Cyprinidae) in Portuguese fresh waters, based on mitochondrial DNA cytochrome *b* sequences. *Molecular Phylogenetics And Evolution*, 8 (3): 435–442.
- Brown, W. M., George, M. Jr. and Wilson, A. C. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA *Proceeding of the Natural Academy of Sciences*, 76: 1967-1971.
- Buonerba, L. 2010. Phylogeography of Italian barbels (Cyprinidae, *Barbus*) inferred by mitochondrial and nuclear markers. University Of Insubria, Department of Biotechnology and Molecular Sciences, 108, Varese.
- Cabral, H. N., Marques, J. F., Rego, A. L., Catarino, A. I., Figueiredo, J. and Garcia, J. 2003. Genetic and morphological variation of *Synaptura lusitanica* Capello, 1868, along the Portuguese coast. *Journal of Sea Research*, 50: 167–175.
- Cadrin, S. X. 2000. Advances in morphometric identification of fisheries stocks. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 10: 91-112.
- Cadrin, S. X. and Silva, V. M. 2005. Morphometric variation of yellowtail flounder. *ICES Journal of Marine Sciences*, 62 (4): 683–694.
- Cadrin, S. X., Friedland, K. D. and Waldman, J. R. 2005. *Stock Identification Methods: Applications in Fishery Science*. Amsterdam: Elsevier Academic Press.
- Callejas, C. and Ochando, M. D. 2000. Recent radiation of Iberian Barbel fish (Teleostei, Cyprinidae) inferred from cytochrome b genes. *The American Genetic Association*, 91: 283-288.
- Callejas, C. and Ochando, M. D. 2002. Phylogenetic relationships among Spanish *Barbus* species (Pisces, Cyprinidae) shown by RAPD markers. *Heredity*, 89: 36-43.
- Caneco, B., Silva, A. and Morais, A. 2004. Morphometric variation among anchovy (*Engraulis encrasicolus*, L.) populations from the Bay of Biscay and Iberian waters. *ICES Journal of Marine Sciences* 2004/EE:24.
- Carpenter, K. E., Sommer, H. and Marcus, L. F. 1996. Converting truss interlandmark distances to Cartesian coordinates. *Advances in Morphometrics*, 103-111, Springer, US.

- Carr, S. M. and Crutcher, D. C. 1998. Population genetic structure in Atlantic Cod (*Gadus morhua*) from the North Atlantic and Barents Sea: contrasting or concordant patterns in mtDNA sequence and microsatellite data? *Northeast Regional Agricultural Engineering Service*, 91-103, Ithaca, New York.
- Carvalho, G. R. and Pitcher, T. J. 1995. *Molecular Genetics in Fisheries*. Chapman and Hall, New York.
- Casselman, J. M., Collins, J. J., Crossman, P. E., Ihssen, P. E. and Spangler, G. R. 1981. Lake Whitefish (*Coregonus clupeaformis*) Stock of the Ontario Waters of Lake Huron. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 38: 1775-1789.
- Castilho, R. and Ciftci, Y. 2005. Genetic differentiation between close eastern Mediterranean *Dicentrarchus labrax* (L.) populations. *Journal of Fish Biology*, 67: 1746-1752.
- Chaklader, M. R., Siddik, M. A. B., Nahar, A., Hanif, M. A., Alam, M. J. and Mahmud, M. 2016. Morphometric parameters and allometric growth in paradise threadfin *Polynemus paradiseus* (Linnaeus, 1758) from a coastal river of Bangladesh. *Journal of Aquaculture Research ve Development*, 7: 417, doi:10.4172/2155-9546.1000417.
- Chen, W. J. and Mayden, R. L. 2009. Molecular systematics of the Cyprinoidea (Teleostei: Cypriniformes), the world's largest clade of freshwater fishes: Further evidence from six nuclear genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 52: 544-549.
- Chen, W. J., Lheknim, V. and Mayden, R. L. 2009. Molecular phylogeny of the Cobitoidea (Teleostei: Cypriniformes) revisited: position of enigmatic loach *Ellopostoma* resolved with six nuclear genes. *Journal of Fish Biology*, 75: 2197-2208.
- Chen, W. J., Miya, M., Saitoh, K. and Mayden, R. L. 2008. Phylogenetic utility of two existing and four novel nuclear gene loci in reconstructing Tree of Life of ray-finned fishes: The order Cypriniformes (Ostariophysi) as a case study. *Gene*, 423: 125-134.
- Chen, W. J., Ruiz-Carus, R., Ortí, G. 2007. Relationships among four genera of mojarras (Teleostei: Perciformes: Gerreidae) from the western Atlantic and their tentative placement among percomorph fishes. *Journal of Fish Biology*, 70: 202-218.
- Chen, X. L., Yue, P. Q. and Lin, R. D. 1984. Major groups within the family Cyprinidae and their phylogenetic relationships. *Acta Zootaxonomica Sinica*, 9: 424-440.
- Cheng, Q. Q., Lu, D. R. and Ma, L. 2005. Morphological differences between close populations discernible by multivariate analysis: A case study of genus *Coilia* (Teleostei: Clupeiformes). *Aquatic Living Resources*, 18: 187-192.

- Clement, M., Posada, D. and Crandall K. A., 2000. TCS a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology*, 9 (10):1657-1660.
- Coad, B. W. 2001. Freshwater fishes of Iran. Available from <http://www.briancoad.com>.
- Colli, L., Paglianti, A., Berti, R., Gandolfi, G. and Tagliavini, J. 2009 Molecular phylogeny of the blind cavefish *Phreatichthys andruzzii* and *Garra barreimiae* within the family Cyprinidae. *Environmental Biology of Fishes*, 84 (1): 95-107.
- Conway, K. W., Chen, W. J. and Mayden, R. L. 2008. The celestial pearl danio is a miniature *Danio* (s.s) (Ostariophysi: Cyprinidae): evidence from morphology and molecules. *Zootaxa*, 1686: 1-28.
- Corti, M., Thorpe, R. S., Sola, L., Sbordoni, V. and Cataudella, S. 1988. Multivariate morphometrics in aquaculture: a case study of six stocks the common carp (*Cyprinus carpio*) from Italy. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 45: 1548-1554.
- Coyle, T. 1998. *Stock identification and fisheries management: the importance of using several methods in a stock identification study*. ASFB, 173–182, Sydney.
- Creech, S. 1992. A multivariate morphometric investigation of *Atherina boyeri* Risso 1810 and *A. presbyter* Cuvier 1829 (Teleostei: Atherinidae): morphometric evidence in support of the two species. *Journal of Fish Biology*, 41 (3): 341–353.
- Çakmak, E. and Alp, A. 2010. Morphological differences among the Mesopotamian Spiny Eel, *Mastacembelus mastacembelus* (Banks & Solander 1974), populations. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 10: 87-92.
- Çiçek, E., Birecikligil, S. S. and Fricke, R. 2015. Freshwater fishes of Turkey: a revised and updated annotated checklist. *Biharean Biologist*, 9 (2): 141-157.
- Çiçek, T., Ünlü, E., Bilici, S. and Uysal, E. 2016. Morphological differences among the *Garra variabilis* populations (Cyprinidae) in Tigris River system of South East Turkey. *Journal of Survey in Fisheries Sciences*, 3 (1): 9-20.
- Çiftci, Y. and Okumuş, İ. 2002. Fish population genetics and applications of molecular markers to fisheries and aquaculture: I- basic principles of fish population genetics. *Turish Journal of Fisherise and Aquatic Science*, 2: 145-155.
- Çiftci, Y. 2006. Türkiye Alabalık (*Salmo trutta* Linnaeus, 1758 ve *Salmo platycephalus* Behnke, 1968) populasyonlarının genetik yapısının mtDNA-RFLP analiz yöntemiyle belirlenmesi. Doktora Tezi, Karadeniz Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Balıkçılık Teknolojisi Mühendisliği Anabilim Dalı, 180 s, Trabzon.

- Çiftci, Y., Eroğlu, O., Firidin, Ş., Erteken, A. and Okumuş, İ. 2009. Ülkemizde kahverengi alabalıkların genetik dağılımı. Doğal Alabalık Çalıştayı, 22-23 Ekim, Trabzon.
- Çiftci, Y., Bektaş, Y., Eroğlu, O., Firidin, Ş. ve Savaş H. 2013. Van Gölü Havzası İnci Kefali (*Chalcalburnus tarichi* Pallas, 1811)'nin Populasyon Genetiği, Filogenetik ve Filocoğrafik Yapısının Genetik Yöntemlerle Analizi. Proje No: 209T029, Haziran, Ankara.
- Darabi, A. R., Kashan, N., Fayazi, J., Aminafshar, M. and Chamani, M. 2015. Investigation of phylogenetic relationship among two *Barbus* species (Cyprinidae) populations with mitochondrial DNA using pcr-sequencing. *International Journal of Biology, Pharmacy and Allied Science*, 4(2): 302-311.
- Darlington, P. J. 1957. *Zoogeography: the geographical distribution of animals*. John Wiley and Sons Inc., 675, London.
- Degens, E. T and Ross, D. A., 1972. Chronology of the Black Sea over the last 25,000 years. *Chemical Geology*, 10: 1-16.
- Demirsoy, A. 1998. *Yaşamın Temel Kuralları Omurgalılar/Anamniyota*. (III. Baskı) Hacettepe Üniversitesi, Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü, 684, Ankara.
- Demirsoy, A. 2002. *Genel Zoocoğrafya ve Türkiye Zoocoğrafyası-Hayvan Coğrafyası* (5. Baskı), Meteksan A.Ş, 630, Ankara.
- Desjardins, P. and Morais, R. 1990. Sequence and Gene Organization of Chicken Mitochondrial Genome. *Journal of Molecular Biology*, 212: 599-634.
- Dhinakaran, A., Alikunhi, N. M., Chinnathambi, S., Sornam, R., Kalaiselvam, M., Rajasekaran, R. and Manivannan, S. 2011. Assessment of morphometric and genetic variation in three freshwater fish species of the Genus *Garra* (Osteichthyes: Cyprinidae). *Notulae Scientia Biologicae*, 3 (1): 12-16.
- Doadrio, I. 1990. Phylogenetic relationships and classification of western palaearctic species of the genus *Barbus* (Osteichthyes, Cyprinidae). *Aquatic Living Resources*, 3: 265-282.
- Doadrio, I., Carmona, J. A. and Fernandez-Delgado, C. 2002. Morphometric study of the Iberian *Aphanius* (Actinopterygii Cyprinodontiformes) with description of a new species. *Folia Zoologica*, 51 (1): 67-80.
- Doadrio, I., Casal-López, M. and Perea, S. 2016. Taxonomic remarks on *Barbus moulouyensis* Pellegrin, 1924 (Actinopterygii, Cyprinidae) with the description of a new species of *Luciobarbus* Heckel, 1843 from Morocco. *Graellsia*, 72 (2): 1-24.
- Domínguez-Domínguez, O., Alda, F., de León, G. P. P., García-Garitagoitia, J. L. and Doadrio, I. 2008. Evolutionary history of the endangered fish *Zoogoneticus quitzeoensis* (Bean, 1898) (Cyprinodontiformes: Goodeidae) using a sequential

approach to phylogeography based on mitochondrial and nuclear DNA data. *BMC Evolutionary Biology*, 8 (161): 1-19.

- Doung, T. Y., Nguyen T. T. and Pham, T. L. 2017. Morphological differentiation among cultured and wild *Clarias macrocephalus*, *C. macrocephalus* x *C. gariepinus* hybrids, and their parental species in the Mekong delta, Viet Nam. *International Journal of Fisheries and Aquatic Studies*, 5 (1): 233-240.
- Dudgeon, D., Arthington, A. H., Gessner, M. O., Kawabata, Z. I., Knowler, D. J., Lèvêque, C., Naiman, R. J., Prieur-Richard, A. H., Soto, D., Stiassny, M. L. J. and Sullivan, C. A. 2006. Freshwater biodiversity: importance, threats, status and conservation challenges. *Biological Reviews*, 81: 163-182.
- Durand, J. D., Bianco, P. G., Laroche, J. and Gilles, A. 2003. insight into the origin of endemic Mediterranean Ichthyofauna: phylogeography of *Chondrostoma* Genus (Teleostei, Cyprinidae). *Journal of Heredity*, 94 (4): 315-328.
- Durand, J. D., Templeton, A. R., Guinard, B., Imsridou, A. and Bouvet, Y. 1999. Nested Clade and phylogeographic Analyses of the Chub, *Leuciscus cephalus* (Teleostei, Cyprinidae), in Greece: Implications for Balkan Peninsula Biogeography. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 13: 566-580.
- Durand, J. D., Tsigenopoulos, C. S., Ünlü, E. and Berrebi, P. 2002. Phylogeny and biogeography of the family Cyprinidae in the Middle East inferred from cytochrome *b* dna-evolutionary significance of this region. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 22 (1): 91-100.
- Edmands, S., Moberg, P. E. and Burton, R. S. 1996. Allozyme and mitochondrial DNA evidence of population subdivision in the purple sea urchin *Strongylocentrotus purpuratus*. *Marine Biology*, 126: 443-450.
- Elliot, N. G., Haskard, K. and Koslow, J. A. 1995. Morphometric analysis of the orange roughy (*Hoplostethus atlanticus*) of the continental slope of southern Australia. *Journal of Fish Biology*, 46: 202-220, doi: 10.1111/j.1095-8649.1995.tb05962.x.
- Elp, M., Şen, F. and Özuluğ, M. 2015. *Alburnus selcuklui*, a new species of Cyprinid fish from East Anatolia, Turkey (Teleostei: Cyprinidae). *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 15: 181-186.
- Erkakan, F., Atalay-Ekmekçi, F. G. and Nalbant, T. T. 1998. Four new species and one new subspecies of the genus *Cobitis* (Pisces: Ostariophysi: Cobitidae) from Turkey. *Turkish Journal of Zoology*, 22: 9-15.
- Erkakan, F., Cevher Özeren, S. and Nalbant, T. T. 2008. *Cobitis evreni* sp. Nova-A New Spined loach (Cobitidae) from the Southern Turkey. *Journal of Fisheries International*, 3 (4): 112-114.

- Esmaeili, H. R., Coad, B. W., Gholamifard, A., Nazari, N. and Teimori, A. 2010. Annotated checklist of the freshwater fishes of Iran. *Zoosystematica Rossica*, 19: 361–386.
- Excoffier, L., Smouse, P. E. and Quattro, J. M. 1992. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA Haplotypes: Application to Human Mitochondrial DNA Restriction Data. *Genetics*, 131: 479-491.
- Fayazi, J., Moradi, M., Rahimi, G., Ashtyani, R. and Galledari, H. 2006. Genetic differentiation and phylogenetic relationships among *Barbus xanthopterus* (Cyprinidae) populations in Southwest of Iran using mitochondrial DNA markers. *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 9 (12): 2249-2254.
- Felsenstein, J. 1993. Phylogeny Inference Package (PHYLIP). Version 3.5. University of Washington, Seattle.
- Ferraris, J. D. and Palumbi, S. R. 1996. *Molecular Zoology: advances, strategies and protocols*. Wiley-Liss, 675, New York.
- Fisher, R. A. 1935. The logic of inductive inference. *Journal of the Royal Statistical Society*, 98 (1): 39-82.
- Fricke, R., Bilecenoglu, M. and Sari, H. M. 2007. Annotated checklist of fish and lamprey species (Gnathostomata and Petromyzontomorphi) of Turkey, including a Red List of threatened and declining species. *Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde Serie A (Biologie)*, 706: 2-172.
- Friedland, K. D. and Reddin, D. G. 1994. Use of otolith morphology in stock discriminations of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 51: 91–98.
- Froese, R. D. and Pauly, D. 2017. Editors. 2015. FishBase. www.fishbase.org, version (10/2015) (Erişim Tarihi 25.01.2016).
- Gandlin, A. A., Mustafaev, N. D., Yakimov, A. V. and Levin, B. A. 2017. Updating the geographical range of terek barbel *Barbus ciscaucasicus* Kessler, 1877 (Cyprinidae) using the cytochrome *b* molecular marker. *Inland Water Biology*, 10 (1): 115-119.
- Gante, H. F. 2011. *Diversification of Circum-Mediterranean Barbels, changing diversity in changing environment*, 283-298, In Tech, Croatia.
- Gante, H. F., Alves, M. J. and Dowling, T. E. 2008. Development of cytochrome *b* primers for mitotyping of barbels (*Barbus* spp.). *Molecular Ecology Resources*, 8: 786–789.
- Garber, N. M., Garber, A. F., Stuck, K. C. and Grater, W. D. 2001. Mitochondrial control region of striped mullet, *Mugil cephalus*: a tool to restore marine fisheries resources. *Proceedings of the Gulf and Caribbean Fisheries Institute*, 52: 352-359.

- Geldiay, R. and Balık, S. 2007. *Freshwater Fishes of Turkey*, (in Turkish). Ege Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Yayınları, (V. Baskı), Ders Kitapları Dizini, No: 16, 644, İzmir.
- Gharaei, A. 2012. Morphometric and meristic studies of snow trout *Schizothorax zarudnyi* (Nikolskii, 1897) as a threatened endemic fish. *World Journal of Fish and Marine Sciences*, 4 (4): 426-429.
- Gilles, A., Lecointre, G., Faure, E., Chappaz, R. and Brun, G. 1998. Mitochondrial phylogeny of the European Cyprinids: implications for their systematics, reticulate evolution, and colonization time. *Molecular Phylogenetics And Evolution*, 10 (1): 132-143.
- Gilles, A., Lecointre, G., Miquelis, A., Loerstche, M., Chappaz, R. and Brun, G. 2001. Partial combination applied to phylogeny of European Cyprinids using the mitochondrial control region. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 19 (1): 22-23.
- Goodall, C. 1991. Procrustes methods in the statistical analysis of shape. *Journal of the Royal Statistical Society Series B*, 53(2): 285-339.
- Grewe, P. M. and Hebert, P. D. N. 1988. Mitochondrial DNA diversity among broodstocks of the lake trout, *Salvelinus namaycush*. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 45: 2114-2122.
- Guindon, S. and Gascuel, O. 2003. A simple, fast and accurate method to estimate large phylogenies by maximum-likelihood. *Systematic Biology*, 52: 696-704.
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41:95-98.
- Harris, L. N, Howland, K. L., Kowalchuk, M. W., Bajno, R., Lindsay, M. M. and Taylor, E. B. 2012. Microsatellite and mtDNA analysis of lake trout, *Salvelinus namaycush*, from Great Bear Lake, Northwest Territories: impacts of historical and contemporary evolutionary forces on Arctic ecosystems. *Ecology and Evolution*, 3 (1): 145-161.
- He, S., Mayden, R. L., Wang, X., Wang, W., Tang, K. L., Chen, W. C. and Chen, Y. 2008. Molecular phylogenetics of the family Cyprinidae (*Actinopterygii: Cypriniformes*) as evidenced by sequence variation in the first intron of S7 ribosomal proteinencoding gene: Further evidence from a nuclear gene of the systematic chaos in the family. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 46: 818-829.
- Hebert, P. D. N. and Gregory, T. R. 2005. The promise of DNA barcoding for taxonomy. *Systematic Biology*, 54: 852–859.
- Hedeyati, S. A., Farsani, H. G., Gerami, M. H. and Fricke, R. 2016. Morphometric variations among three populations of *Alburnus zagrosensis* (Coad, 2009) in

- the Zagros Mountain Basin, Iran. *Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences*, doi 10.1007/s40011-016-0819-7.
- Herler, J., Kerschbaumer, M., Mitteroecker, P., Postl, L. and Sturmbauer, C. 2010. Sexual dimorphism and population divergence in the Lake Tanganyika cichlid fish Genus *Tropheus*. *Frontiers in Zoology*, 7 (1): 4.
- Hermida, M., Fernández, J. C., Amaro, R. and Miguel, E. S. 2005. Morphometric and meristic variation in Galician threespine stickleback populations, Northwest Spain. *Environmental Biology of Fishes*, 73 (2): 189-200.
- Hewitt, G. M. 1996. Some genetic consequences of ice ages, and their role, in divergence and speciation. *Biological Journal of the Linnean Society*, 58: 247-276.
- Hewitt, G. M. 2004. The structure of biodiversity—insights from molecular Phylogeography, <http://www.frontiersinzoology.com/content/1/1/4>, (Erişim Tarihi 10.01.2011).
- Hillis, D. M., Larson, A., Davis, S., K. and Zimmer, E. A. 1990. *Nucleic Acids III: Sequencing*, Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 318-370, USA.
- Hillis, D. M., Moritz, C. and Mable, B. K. 1996. *Molecular Systematics*, 2nd. ed. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 655, USA.
- Hossain, M. A. R., Nahiduzzaman, M., Saha, D., Khanam, M. U. H. and Alam, M. S. 2010. Landmark-based morphometric and meristic variations of the endangered carp, *Kalibaus labeo calbasu*, from stocks of two isolated rivers, the Jamuna and Halda, and a hatchery. *Zoology Study*, 49: 556-563.
- Hotelling, H. 1933. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. *Journal of Educational Psychology*, 24 (6): 417-441.
- Howes, G. J. 1987. The phylogenetic position of the Yugoslavian cyprinid fish genus *Aulopyge* Heckel, 1841, with an appraisal of the genus *Barbus* Cuvier ve Cloquet, 1816, and the subfamily Cyprinidae. *Bulletin of the British Museum (Natural History) Zoology*, 52: 165-96.
- Huson, D. H. and Bryant, D., 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology and Evolution*, 23(2):254-267.
- Ihssen, P. E., Brooke, H. E., Casselman, J. M., McGlade, J. M., Payne, N. R. and Utter, F. M. 1981. Stock identification: materials and methods. *Canadian Journal of Fisheries Aquatic Science*, 38: 1838- 1855.
- İlhan, A. 2006. Batı Karadeniz Bölgesi tatlı su balıklarının taksonomik ve ekolojik özelliklerinin araştırılması. Doktora Tezi, Ege Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, 164, İzmir.

- Jackson, A. M., Semmens, B. X., de Mitcheson, Y. S., Nemeth, R. S., Heppell, S. A., Bush, P. G., Aguilar-Perera, A., Claydon, J. A. B., Calosso, M. C., Sealey, K. S., Schärer, M. T. and Bernardi, G. 2014. Population structure and phylogeography in Nassau Grouper (*Epinephelus striatus*), a mass-aggregating marine fish. *PLoS ONE*, 9(5): e97508. doi:10.1371/journal.pone.0097508.
- Johns, G.C. and Avise, J. C. 1998. Test for ancient species flocks based on molecular phylogenetic appraisals of *Sebastes* rockfishes and other marine fishes. *Evolution*, 52: 1135-1146.
- Jørgensen, H. B., Pertoldi, C., Hansen, M. M., Ruzzante, D. E. and Loeschcke, V. 2008. Genetic and environmental correlates of morphological variation in a marine fish: the case of Baltic Sea herring (*Clupea harengus*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science*, 65 (3): 389–400.
- Jorstad, K. E., Dahle, G. and Paulsen, O. I. 1994. Genetic comparison between Pasific herring (*Clupea pallasii*) and Norwegian fjord stock of Atlantic herring (*Clupea harengus*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science*, 51: 233-239.
- Junquera, S. and Perez-Gandaras, G. 1993. Population diversity in Bay of Biscay anchovy (*Engraulis encrasicolus* L. 1758) as revealed by multivariate analysis of morphometric and meristic characters. *ICES Journal of Marine Science*, 50 (4): 383-391.
- Kalous, L., Rylková, K., Bohlen, J., Sanda, R. and Petrá, M. 2013. New mtDNA data reveal a wide distribution of the Japanese ginbuna *Carassius langsdorfii* in Europe. *Journal of Fish Biology*, 82: 703–707.
- Karakousis, Y., Machordom, A., Doadrio, I. and Economidis, P. S. 1995. Phylogenetic relationships of *Barbus peloponnesius* Valenciennes, 1842 (Osteichthyes: Cyprinidae) from Greece and other species of *Barbus* as revealed by allozyme electrophoresis. *Biochemical Systematics and Ecology*, 23 (4): 365-375.
- Karaman, M. S. 1971. Süßwasserfische der Türkei. Revision der Barben Europas, Vorderasiens und Nordafrikas. *Mitteilungen aus dem hamburgischen Zoologischen Museum und Institut*, 67: 175–254.
- Karataş, M. 2010. *Balık Biyolojisi Araştırma Yöntemleri* (2. Basım), 504, Ankara.
- Kartavtsev, Y. P. and Lee, J. S. 2006. Analysis of nucleotide diversity at the cytochrome b and cytochrome oxidase 1 genes at the population, species, and genus levels. *Russian Journal of Genetics*, 42 (4): 341–362.
- Kashyap, A., Awasthi, M. and Serajuddin, M. 2016. Phenotypic variation in freshwater murrel, *Channa punctatus* (Bloch, 1793) from Northern and Eastern Regions of India using truss analysis. *International Journal of Zoology*, <http://dx.doi.org/10.1155/2016/2605404>.

- Keskin, E. 2007. *Türkiye İhtiyofaunasındaki Mullidae Ailesindeki Türlerin Filogenetik Yakınlıklarının Morfolojik Ve Genetik Farklarla Korelasyonu*, 82, Ankara.
- Keskin, E. ve Atar, H. H. 2013. DNA barkodlama: mitokondriyal COI geni kullanılarak moleküler tanımlama. *Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi*, 6 (2): 01-08.
- Keskin, E., Ağdamar, S. and Tarkan, A. S. 2012. DNA barcoding common non native freshwater fish species in Turkey: Low genetic diversity but high population structuring. *Mitochondrial DNA; Early Online*: 1–12.
- Ketmaier, V., Bianco, P. G. and Durand, J. D. 2008. Molecular systematics, phylogeny and biogeography of roaches (*Rutilus*, Teleostei, Cyprinidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 49: 362-367.
- Khaefi, R., Vatandoust, S. and Esmaeil, H. R. 2017. Re-description of *Barbus miliaris* De Filippi, 1863 (Teleostei: Cyprinidae) from the endorheic Namak Lake basin of Iran. *FishTaxa*, 2 (1): 33-42.
- Kinsey, S. T., Orsoy, T., Bert, T. M. and Mahmoudi, B. 1994. Population structure of the Spanish sardine *Sardinella aurita*: natural morphological variation in a genetically homogeneous population. *Marine Biology*, 118: 309-317.
- Kitano, J., Mori, S. and Peichel, C. L. 2007. Sexual dimorphism in the external morphology of the three spine stickle back (*Gasterosteus aculeatus*). *Copeia*, 2: 336–349.
- Klingenberg, C. P. 1996. A combined morphometric and phylogenetic analysis of an ecomorphological trend: pelagization in Antarctic fishes (Perciformes: Nototheniidae). *Biological Journal of the Linnean Society*, 59: 143-177.
- Klug, W. S. and Cummings, R. M. 2000. *Genetik*, Palme Yayıncılık, 816, Ankara.
- Kohestan-Eskandari, S., Anvarifar, H. and Mousavi-Sabet, H. 2013. Detection of morphometric differentiation of *Liza aurata* (Pisces: Mugilidae) in Southeastern of the Caspian Sea, Iran. *Our Nature*, 11 (2): 126-137.
- Kohestan-Eskandari, S., Anvarifar, H., Mousavi-Sabet, H., Yousefi, M. and Khanzade, M. 2014. A morphology-based hypothesis for homeward migration success and population differentiation in the anadromous kutum *Rutilus kutum* (Pisces: Cyprinidae) along the Southern Caspian Sea, Iran. *Folia Zoologica*. 63 (3): 151–160.
- Kontaş, S. 2012. Aşağı Melet Irmağı'nda (Ordu) yaşayan bıyıklı balık (*Barbus tauricus* Kessler, 1877)' in yaş, büyüme ve otolit biyometrisinin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ordu Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı, 97, Ordu.
- Kosswig, C. 1955. Zoogeography of the Near East. *Systematic Zoology*, 4: 49–73.

- Kotlik, P. and Berrebi, P. 2001. Phylogeography of the barbel (*Barbus barbus*) assessed by mitochondrial DNA variation. *Molecular Ecology*, 10: 2177-2185.
- Kotlik, P. and Berrebi, P. 2002. Genetic subdivision of the Danubian rheofilic barb *Barbus petenyi* inferred from phylogenetic analysis of mitochondrial DNA variation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 24: 10-18.
- Kotlik, P., Bogutskaya, G. and Ekmekçi, F. G. 2004. Circum Black Sea phylogeography of *Barbus* freshwater fishes: divergence in the Pontic glacial refugium. *Molecular Ecology*, 13: 87-95.
- Kotlik, P., Marková, S., Choleva, L., Bogutskaya, N. G., Ekmekçi, F. G. and Ivanova, P. P. 2008. Divergence with gene flow between Ponto-Caspian refugia in an anadromous cyprinid *Rutilus frisii* revealed by multiple gene phylogeography. *Molecular Ecology*, 17: 1076-1088.
- Kotlik, P., Tsigenopoulos, C. S., Ráb, P. and Berrebi, P. 2002. Two new *Barbus* species from the Danube River basin, with redescription of *B. petenyi* (Teleostei: Cyprinidae). *Folia Zoologica*, 51 (3): 227-240.
- Kottelat, M. and Freyhof, J. 2007. *Handbook of European Freshwater Fishes*. Cornol, Switzerland and Freyhof, Berlin, 646, Germany.
- Krück, N. C., Tibbetts, I. R., Ward, R. D., Johnson, J. W., Loh, W. K. W. and Ovenden, J. R. 2013. Multi-gene barcoding to discriminate sibling species within a morphologically difficult fish genus (Sillago). *Fisheries Research*, 143: 39- 46.
- Kumar, S., Tamura, K., Jakobsen, I. B. and Nei, M. 2004. MEGA 2: Molecular evolutionary genetics analyses software. *Bioinformatics Application Notes*, 17 (12): 1244-1245.
- Kuru, M. 2009. *Omurgalı Hayvanlar*. Palme Yayıncılık. Ankara.
- Küçük, F., Turan, D., Mutlu A. G., Çiftci, Y. ve Güçlü, S. S., 2014. Türkiye’de Yayılış Gösteren Kababurun, *Chondrostoma* Agassiz, 1835 (Teleostei: Cyprinidae) Cinsinin Taksonomik Revizyonu. TÜBİTAK 1001 Projesi Sonuç Raporu, Proje Kodu: 111T900.
- Lamphere, B. A. and Blum, M. J. 2012. Genetic estimates of population structure and dispersal in a benthic stream fish. *Ecology of Freshwater Fish*, 21: 75-86.
- Levin, B. A., Freyhof, J., Lajbner, Z., Perea, S., Abdoli, A., Gaffaroğlu, M., Ozulug, M., Rubenyan, H. R., Salnikov, V. B. and Doadrio, I. 2012. Phylogenetic relationships of the algae scraping cyprinid genus *Capoeta* (Teleostei: Cyprinidae), *Molecular Phylogenetic. Evolution*, 62 (1): 542-549.
- Levin, B. A., Simonov, E. P., Ermakov, O. A., Levina, M. A., Interesova, E. A., Kovalchuk, O. M., Malinina, Y. A., Mamilov, N. S., Mustafayev, N. J., Pilin, D. V., Pozdeev, I. V., Prostakov, N. I., Roubenyan, H. R., Titov, S. V. and Vekhov, D. A. 2017. Phylogeny and phylogeography of the roaches, genus

- Rutilus* (Cyprinidae), at the Eastern part of its range as inferred from mtDNA analysis. *Hydrobiologia*, 788: 33-46.
- Li, D., Kang, D., Yin, Q., Sun, X. and Liang, L. 2007. Microsatellite DNA marker analysis of genetic diversity in wild common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. *Journal of Genetics and Genomics (Formerly Acta Genetica Sinica)*, 34 (11): 984-993.
- Livi, S., de Innocentiis, S., Longobardi, A., Cataudella, S., Tancioni, L., Rampacci, M. and Marino, G. 2013. Genetic structure of *Barbus* spp. populations in the Marche Region of central Italy and its relevance to conservation actions. *Journal of Fish Biology*, 82: 806–826.
- López, J. A., Chen, W. J. and Ortí, G. 2004. Esociform phylogeny. *Copeia*, 449–464.
- Loy, A., Ciccoti, E., Ferrucci, L. and Cataudella, S. 1996. An application of automated feature extraction and geometric morphometrics: temperature-related changes in body form of *Cyprinus carpio* juveniles. *Aquaculture Engineering*, 15: 301–311.
- Luca, C., Manea, A., Luca, A., Dinischiotu, A. and Costache, M. 2008. Molecular phylogeny of the Romanian Cyprinids from the Danube River. *Roumanian Biotechnological Letters*, 13 (5): 3970-3975.
- Machordom, A. and Doadrio, I. 2001. Evolutionary history and speciation modes in the cyprinid genus *Barbus*. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B*, 268: 1297–1306.
- Maddison, W. P. 1997. Gen trees in species trees. *Systematic Biology*, 46 (3): 523-536.
- Maes, G. E., Van Haudt, J. K. J., De Charleroy, D. and Volckaert, F. A. M. 2003. Indications for a recent Holarctic expansion of pike based on a preliminary study of mtDNA variation. *Journal of Fish Biology*, 63: 254-259.
- Mahe, K., Villanueva, M. C., Vaz, S., Coppin, F., Koubbi, P. and Carpentier, A. 2014. Morphological variability of the shape of striped red mullet *Mullus surmuletus* in relation to stock discrimination between the Bay of Biscay and the eastern English Channel. *Journal of Fish Biology*, 84: 1063-1073.
- Manwell, C. and Baker, C. M. A. 1963. A sibling species of sea cucumber discovered by starch gel electrophoresis. *Comparative Biochemistry and Physiology*, 10: 39-53.
- Marić, S., Alekseyev, S., Snoj, A., Askeyev, O., Askeyev, I. and Weiss, S. 2014. First mtDNA sequencing of Volga and Ob basin taimen *Hucho taimen*: European populations stem from a late Pleistocene expansion of *H. taimen* out of western Siberia and are not intermediate to *Hucho hucho*. *Journal of Fish Biology*, 85: 530-539.

- Marić, S., Nikolić, V. and Simonović, P. 2004. Pilot study on the morphological identity of wild brown trout (*Salmo trutta*) stocks in the streams of the Danube river basin (Serbia). *Folia Zoologica*, 53 (4): 411–416.
- Marková, S., Šanda, R., Crivelli, A., Shumka, S., Wilson, I. F., Vukic, J., Berrebi, P. and Kotlík, P. 2010. Nuclear and mitochondrial DNA sequence data reveal the evolutionary history of *Barbus* (Cyprinidae) in the ancient lake systems of the Balkans. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 55: 488-500.
- Marzouk, Z., Chenuil, A., Blel, H. and Said, K. 2016. Morphometric variation of fishery-exploited Muricidae (*Hexaplex trunculus*) in the Mediterranean Sea and the Northeastern Atlantic Ocean: implications for stock identification. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 16: 327-338.
- Mayden, R. L., Chen, W. J., Bart, H. L., Doosey, M. H., Simons, A. M., Tang, K. L., Wood, R. M., Agnew, M. K., Yang, L., Hirt, M. V., Clements, M. D., Saitoh, K., Sado, T., Miya, M. and Nishida, M. 2009. Reconstructing the phylogenetic relationships of the Earth's most diverse clade of freshwater fishes-order Cypriniformes (Actinopterygii: Ostariophysi): a case study using multiple nuclear loci and the mitochondrial genome. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, 51: 500-514.
- Mayden, R. L., Tang, K. L., Wood, R. M., Chen, W. J., Agnew, M. K., Conway, K. W., Yang, L., Simons, A. M., Bart, H. L., Harris, P. M., Li, J., Wang, X., Saitoh, K., He, S., Liu, H., Chen, Y., Nishida, M. and Miya, M. 2008. Inferring the Tree of Life of the order Cypriniformes, the Earth's most diverse clade of freshwater fishes: implications of varied taxon and character sampling. *Journal of Systematics and Evolution*, 46: 424–438.
- Mayr, E. 1942. *Systematics and the origin of species*. Columbia University Press, 1–330, New York.
- Melvin, G. D., Dadswell, M. J. and McKenzie, J. A. 1992. Usefulness of meristic and morphometric characters in discriminating populations of american shad (*Alosa sapidissima*) (Osteichthyes: Clupeidae) inhabiting a marine environment. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 49 (2): 266-280.
- Memiş, D. and Kohlman, K. 2006. Genetic characterization of wild common carp (*Cyprinus carpio* L.) from Turkey. *Aquaculture*, 258: 257-262.
- Meirmans, P. G. 2012. AMOVA-based clustering of population genetic data. *Journal of Heredity*, 103 (5): 744-750.
- Meyer, A. 1987. Phenotypic plasticity and heterohrny in *Cichlasoma managuense* (Pisces, Cichlidae) and their implications for speciation in Cichlid fishes. *Evolution*, 41: 1357-1369.
- Mir, J. I., Saxena, N., Patiyal, R. S. and Sahoo, P. K. 2015. Phenotypic differentiation of *Barilius bendelisis* (Cypriniformes: Cyprinidae) in four rivers from Central Indian Himalaya. *Revista de Biología Tropical*, 63 (1): 165-173.

- Misra, R. K., and Carscadden, J. E. 1987. A multivariate analysis of morphometrics to detect differences in populations of capelin (*Mallotus villosus*). *Journal du Conseil International pour l'Exploration de la Mer*, 43: 99-106.
- Miyan, K., Khan, M. A., Patel, D. K., Khan, S. and Ansari, N. G. 2016. Truss morphometry and otolith microchemistry reveal stock discrimination in *Clarias batrachus* (Linnaeus, 1758) inhabiting the Gangetic river system. *Fisheries Research*, 173: 294-302.
- Mohadasi, M., Eagderi, S., Shabanipour, N., Sadat, Hosseinzadeh, M., Anvarifar, H. and Khaefi, R. 2014. Allometric body shape changes and morphological differentiation of Shemaya, *Alburnus chalcoides* (Guldenstadf, 1772), populations in the southern part of Caspian Sea using elliptic fourier analysis. *International Journal of Aquatic Biology*, 2: 164-171.
- Mohaddasi, M., Shabanipour, N. and Abdolmaleki, S. 2013. Morphometric variation among four populations of Shemaya (*Alburnus chalcoides*) in the south of Caspian Sea using truss network. *The Journal of Basic and Applied Zoology*, 66: 87-92.
- Motamedi, M. 2010. Taxonomy of *Barbus lacerta* complex within the Iranian drainage systems; Evidence by morphological and molecular data. MSc thesis. Kerman: Shahid-Bahonar-University of Kerman.
- Motamedi, M., Madjdzadeh, S. M., Teimori, A., Esmaeli, H. R. and Mohsenzadeh, S. 2014. Morphological and molecular perspective on geographical differentiation of *Barbus* populations (Actinopterygii: Cyprinidae) within Iranian freshwater drainages. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 14: 339-351.
- Moushomi, R. and Saha, S. 2015. Landmark based shape variation of normal male, female and sex-reversed tilapia (*Oreochromis niloticus*) in Bagladesh. *Progressive Agriculture*, 26: 168-172.
- Mullis, K. B. and Faloona, F, 1987. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase catalyzed chain reaction. *Methods Enzymology*, 155: 335-350.
- Murta, A. G. 2000. Morphological variation of horse mackerel (*Trachurus trachurus*) in the Iberian and North African Atlantic: Implications for stock identification. *ICES Journal of Marine Science*, 57: 1240-1248.
- Mwita, J. C. 2013. Phylogenetic relationships among small *Barbus barbus* (Actinopterygii: Cyprinidae) from Malagarasi and Pangani river basins, Tanzania. *Natural Science*, 5 (12): 1249-1254.
- Myers, G. S. 1938. Fresh-water fishes and West Indian zoogeography. *Annual Report of the Smithsonian Institution for 1937-1938*, 339-364.
- Myers, G. S. 1961. Preface to any future classification of the Cyprinid fishes of the genus *Barbus*. *Standford Ichthyological Bulletin*, 7: 212-215.

- Nahar, A., Siddik, M. A. B., Alam, M. A. and Chaklader, M. R. 2015. Population genetic structure of paradise threadfin *Polynemus paradiseus* (Linnaeus, 1758) revealed by allozyme marker. *Internatinoal Journal of Zoological Research*, 11 (2): 48-56.
- Nelson, J. S. 2006. *Fishes of the World*, fourth ed. John Wiley and Sons, Hoboken.
- Nishimura, Y., Yoshinari, T., Naruse, K., Yamada, T., Sumi, K., Mitani, H., Higashiyama, T. and Kuroiwa, T. 2006. Active digestion of sperm mitochondrial DNA in single living sperm revealed by optical tweezers. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 103 (5): 1382-1387.
- Oellermann, L. K. and Skelton, P. H. 1990. Hexaploidy in yellowfish species (*Barbus*, Pisces, Cyprinidae) from southern Africa. *Journal of Fish Biology*, 37: 105–115.
- Ogden, R. 2008. Fisheries forensics: the use of DNA tools for improving compliance, traceability and enforcement in the fishing industry. *Fish and Fisheries*, 9: 462–472.
- Okumuş, İ. and Çiftci, Y. 2003. Fish population genetics and molecular markers: II-molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 3: 51-79.
- Osuka, K. E. and Mleva, C. M. 2011. Morphomeristic study of sympatric *Barbus* species from a man-made reservoir in upland Kenya. *African Journal of Ecology*, 50 (1): 53-59.
- Özdamar, K. 2004. Paket programlar ile istatistiksel veri analizi (Çok değişkenli analizler), Kaan Kitabevi, 502, Eskişehir.
- Özdemir, F. 2013. Türkiye’deki *Capoeta* (Teleostei: Cyprinidae) cinsine ait tür ve alttürlerin klasik ve moleküler sistematik yöntemler kullanılarak revizyonu, Doktora Tezi, Hacettepe Üniversitesi, 157, Ankara.
- Özdemir, F. 2015. Principle components analysis of two pairs of Barbels species of the genus *Capoeta* (Teleostei: Cyprinidae) in Turkey. *Pakistan Journal of Zoology*, 47 (3): 753-762.
- Pakkasmaa, S. and Piironen, J. 2000. Water velocity shapes juvenile salmonids. *Evolution Ecology*, 14: 721-730.
- Park, L. K. and Moran, P. 1994. Developments in molecular genetic techniques in fisheries. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 4: 272-299.
- Pearson, K. 1895. Note on regression and inheritance in the case of two parents. *Proceedings of the Royal Society of London*, 58: 240-242.

- Pearson, K. 1901. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *Journal Philosophical Magazine Series*, 6 (2): 559-572.
- Pepin, P. and Carr, S. M. 1993. Morphological, meristic, and genetic analysis of stock structure in juvenile Atlantic cod (*Gadus morhua*) from the New found land shelf. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science*, 50 (9): 1924-1933.
- Perea, S., Böhme, M., Zupančič, P., Freyhof, J., Šanda, R., Özuluğ, M., Abdoli, A. and Doadrio, I. 2010. Phylogenetic relationships and biogeographical patterns in Circum-Mediterranean subfamily Leuciscinae (Teleostei, Cyprinidae) inferred from both mitochondrial and nuclear data. *Evolutionary Biology* 2010, 10 (265): 2-27.
- Phillips, R. B. and Pleyte, K. A. 1991. Nuclear DNA and Salmonid phylogenetics. *Journal Fish Biology*, 39: 259-275.
- Pinheiro, A., Teixeira, C. M., Rego, A. L., Marques, J. F. and Cabral, H. N. 2005. Genetic and morphological variation of *Solea lascaris* (Risso1810) along the Portuguese coast. *Fisheries Research*, 73 (1): 67-78.
- Polat, N. and Uğurlu, S. 2011. *Samsun İli Tatlı Su Balık Faunası*, Ceylan Ofset Baskı, Samsun.
- Por, F. D. 1989. *The Legacy of Tethys. An Aquatic Biogeographic of the Levant*. Kluwer Academic, Dordrecht, The Netherlands.
- Por, F. D. and Dimentman, C. 1985. *Continuity of Messinian biota in the Mediterranean basin*. In "Geological Evolution of the Mediterranean Basin" (D. J. Stanley and F. C. Wezel, Eds.), 545-557, Springer.
- Posada, D. 2008. J Model Test: phylogenetic model averaging. *Molecular Biology and Evolution*, 25: 1253-1256.
- Poulet, N., Berrebi, P., Crivelli, A. J., Lek, S. and Argillier, C. 2004. Genetic and morphometric variations in the pikeperch (*Sander lucioperca* L.) of a fragmented delta. *Archiv für Hydrobiologie*, 159: 531-554.
- Raven, P. H. and Johnson, G. B. 1995. *Biology* (updated version). Third Edition. Wm. C. Brown publishers, Dubuque, Iowa. 399, 404-422.
- Ren, Q. and Mayden, R. L. 2016. Molecular phylogeny and biogeography of African diploid barbs, 'Barbus', and allies in Africa and Asia (Teleostei: Cypriniformes). *Zoologica Scripta*, 45 (6): 642-649.
- Richardson, B. J., Baverstock, P. R. and Adams, M. 1986. *Allozyme Electrophoresis: A Handbook for Animal Systematics and Population Studies*. Academic Press., Sydney and London.

- Rohlf, F. J. 1990. Morphometrics. *Annual Review of Ecology and Systematics* 21: 299-316.
- Rozas, J. and Rozas, R. 1999. DnaSP version 3: an integrated programme for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics Applications Note*, 15 (2): 174-175.
- Ruzzante, D. E., Taggart, C. T. and Cook, D. 1998. A nuclear DNA basis for shelf- and bank-scale population structure in northwest Atlantic cod (*Gadus morhua*): Labrador to Georges Bank. *Molecular Ecology*, 7: 1663-1680.
- Ryan, W. B. F., Pitman, W. C. III, Major, C. O., Shimkus, K., Moskalenko, V., Jones, G. A., Dimitrov, P., Görür, N., Sakinç, M. and Yüce, H. 1997. An abrupt drowning of the Black Sea shelf. *Marine Geology*, 138: 119-126.
- Rylková, K., Kalous, L., Bohlen, J., Lamatsch, D. K. and Petrtyl, M. 2013. Phylogeny and biogeographic history of the Cyprinid fish genus *Carassius* (Teleostei: Cyprinidae) with focus on natural and anthropogenic arrivals in Europe. *Aquaculture*, 380 (383): 13–20.
- Saccone, C., Gissi, C., Laneve, C., Larizza, A., Pesole, G. and Reyes, A. 2000. Evolution of the mitochondrial genetic system an overview. *Gene*, 261: 153-159.
- Saitoh, K., Sado, T., Mayden, R. L., Hanzawa, N., Nakamura, K., Nishida, M. and Miya, M. 2006. Mitogenomic evolution and interrelationships of the Cypriniformes (Actinopterygii: Ostariophysi): the first evidence toward resolution of higherlevel relationships of the world's largest freshwater fish clade based on 59 whole mitogenome sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 63: 826–841.
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406–425.
- Sakai, H., Iguchi, K., Yamazaki, Y., Sideleva, V. G. and Goto, A. 2009. Morphological and mtDNA sequence studies on three crucian carps (*Carassius*: Cyprinidae) including a new stock from the Ob River system, Kazakhstan. *Journal of Fish Biology*, 74: 1756–1773.
- Samaee, S. M., Mojazi-Amiri, B. and Hosseini-Mazinani, S. M. 2006. Comparison of *Capoeta capoeta gracilis* (Cyprinidae, Teleostei) populations in the south Caspian Sea River basin, using morphometric ratios and genetic markers. *Folia Zoologica*, 55 (3): 323–335.
- Sanger, F., Niclden, S. and Coulson, A. R. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74: 5463-5467.

- Sangün, L. 2007. Temel bileşenler analizi, ayırma analizi, kümeleme analizleri ve ekolojik verilere uygulanması üzerine bir araştırma. Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Su Ürünleri Anabilim Dalı, Doktora tezi, 242, Adana.
- Sanjur, O. I., Carmona, J. A. and Doadrio, I. 2003. Evolutionary and biogeographical patterns within Iberian populations of the genus *Squalius* inferred from molecular data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 29: 20–30.
- Sarmaşık, A., Arık Çolakoğlu, F. and Altun, T. 2008. Mitochondrial DNA sequence and body size variations in Turkish Sardine (*Sardina pilchardus*) stocks. *Turkish Journal of Zoology*, 32: 229-237.
- Sathianandan, T. V. 2003. Truss network analysis for fish genetic stock discrimination. Winter School on Recent Advances in Mariculture Genetics and Biotechnology, 4th-24th November.
- Schneider, S., Roessli, D. and Excoffier, L. 2000. ARLEQUIN, Version 2.0: A Software for population genetic data analysis, Genetics and Biometry Laboratory, University of Geneva, Switzerland.
- Schönhuth H. S., Shiozawa, D. K., Dowling, D. E. and Mayden, R. L. 2012. Molecular systematics of western North American cyprinids (Cypriniformes: Cyprinidae). *Zootaxa*, 3586: 281–303.
- Schreiber, A. 2009. Comparative allozyme genetics and range history of the European river barbel (Teleostei, Cyprinidae: *Barbus barbus*) in the Rhine/upper Danube contact area. *Journal of Zoological Systematics and Evolution Research*, 47 (2): 149-159.
- Semina, A. V., Polyaka, N. E. and Brykov VI. A. 2007. Analysis of mitochondrial DNA: taxonomic and phylogenetic relationships in two fish taxa (Pisces: Mugilidae and Cyprinidae). *Biochemistry (Moscow)*, 72 (12): 1349-1355.
- Sevilla, R. G., Diez, A., Norén, M., Mouchel, O., Jérôme, M., Verrez-Bagnis, V., Van Pelt, H., Favre-Krey, L., Krey, G., The Fishtrace Consortium and Bautista, J. M. 2007. Primers and polymerase chain reaction conditions for DNA barcoding teleost fish based on the mitochondrial cytochrome *b* and nuclear rhodopsin genes. *Molecular Ecology Notes*, 7: 730-734.
- Sharker, M. R., Siddik, M. A. B., Nahar, A., Shahjahan, M. and Faroque, A. A. 2015. Genetic differentiation of wild and hatchery populations of Indian major carp *Cirrhinus cirrhosis* in Bangladesh. *Journal of Environmental Biology*, 36 (5): 1223-1227.
- Sharma, N. K., Mir, J. I., Pandey, N. and Singh, R. 2014. Morphometric and meristic characteristics of Birdi Loach, *Botia birdi* (Chaudhuri, 1909) from a tributary of Indus Basin, Jammu and Kashmir, India. *World Journal of Fish and Marine Sciences*, 6 (3): 262-266.

- Shepherd, G. 1991. Meristic and morphometric variation in Black Sea Bass North Cape Hatteras, North Carolina. *American Journal Fisheries Management*, 11: 139-149.
- Shuli, Z., Xinhua, L., Jiping, Y., Yuefei, L., Fangcan, C, Jie, L. and Zhi, W. 2017. Complete mitochondrial genome of the freshwater fish, *Carassioides acuminatus* (Cypriniformes, cyprinidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 2 (1): 207-209.
- Simon, K. D., Bakar, Y., Temple, S. E. and Mazlan, A. G. 2010. Morphometric and meristic variation in two congeneric archer fishes *Toxotes chatareus* (Hamilton 1822) and *Toxotes jaculatrix* (Pallas 1767) inhabiting Malaysian coastal waters. *Journal of Zhejiang University Science B (Biomed ve Biotechnology)*, 11 (11): 871-879.
- Somers, K. M. 1986. Multivariate allometry and removal of size with principal components analysis. *Systematic Biology*, 35 (3): 359-368.
- Sorenson, M. D. 2003. *Avian mtDNA primers*. Boston University.
- Soule, M. and Couzin, J. R. 1982. Allometric variation 2. Developmental instability of extreme Phenotypes. *American Naturalist*, 120: 765-78.
- Stabile, J., Waldman, J. R., Parauka, F. and Wirgin, I. 1996. Stock structure and homing fidelity in Gulf of Mexico sturgeon (*Acipenser oxyrinchus desotoi*) based on restriction fragment length polymorphism and sequence analyses of mitochondrial DNA. *Genetics*, 144(2):767 -775.
- Stearns, S. C. 1983. A natural experiment in life-history evolution: field data on the introduction of Mosquitofish (*Gambusia affinis*) to Hawaii. *Evolution*, 37: 601-617.
- Stepien, C. A. and Faber, J. E. 1998. Population genetic structure, phylogeography and spawning philopatry in walleye (*Stizostedion vitreum*) from mitochondrial DNA control region sequences. *Molecular Ecology*, 7: 1757-1769.
- Stepien, C. A. and Kocher, T. D. 1997. *Molecular Systematics of fishes*. Molecules and Morphology in Studies of Fish Evolution, Academic Press Limited, San Diego, USA.
- Stiling, P. D. 1992. *Ecology: Theories and Applications*. Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ., 62-66.
- Strauss, R. E. 1985. Evolutionary allometry and variation in body form in the South American catfish genus *Corydoras* (Callichthyidae). *Systematic Zoology*, 34: 381-396.
- Strauss, R. E. and Bookstein, F. L., 1982. The truss: body from reconstructions in morphometrics. *Systematic Zoology*, 31(2): 113-135.

- Strauss, R. E. and Bond, C. E. 1990. *Taxonomic methods: Morphology*. In: *Methods for fish biology* (eds: C. B. Schreck, P.B. Moyle). American Fisheries Society, Bethesda, Maryland, 109-140, USA.
- Swofford, D. L. 2003. PAUP: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and Other Methods) Sunderland", MA: Sinauer Associates.
- Takács, P., Vitál, Z., Ferincz, A. and Staszny, A. 2016. Repeatability, reproducibility, separative power and subjectivity of different fish morphometric analysis methods. *PLoS ONE*, 11(6): e0157890.doi:10.1371/journal.pone.0157890.
- Tatlidil, H. 1996. Uygulamalı Çok Değişkenli İstatiksel Analiz, Akademi Matbaası, 424, Ankara.
- Tayhan, Y. 2014. Doğu ve Orta Karadeniz bentopelajijinde dağılım gösteren mezgit (*Merlangius merlangus euxinus* (Nordman, 1840)) populasyonunun otolit morfolojisi ve genetik özellikleri ile olası alansal varyasyonlarının incelenmesi, Doktora tezi, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı, 121, Samsun.
- Teletchea, F. 2009. Molecular identification methods of fish species reassessment and possible applications. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 19: 265–293.
- Telli, M. and Kence, A. 2015. Genetic and morphologic diversity of *Pseudophoxinus* (Cyprinidae): implication for conservation in Anatolia. *Environmental Biology of Fishes*, 98: 571–583.
- Thompson, J. D., Higgins, D. G. and Gibson, T. J. 1994. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22: 4637-4680.
- Thorpe, R. S. and Baez, M. 1987. Geographic variation within an island: univariate and multivariate contouring of scalation, size and shape of the lizard, *Gallotia galloti*. *Evolution*, 41: 256-268.
- Thorpe, R. S. and Leamy, L. 1983. Morphometric studies in inbred and hybrid House Mice (*Mus* sp.): multivariate analysis of size and shape. *Journal of Zoology* (London), 199: 421–432.
- Todd, T. N., Smith, G. R. and Cable, E. 1981. Environmental and genetic contributions to morphological differentiation in ciscoes (Coregoninae) of the Great Lakes. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 38: 59-67.
- Toline, C. and Baker, J. 1995. Mitochondrial DNA variation and population genetic structure of the northern redbelly dace (*Phoxinus eos*). *Molecular Ecology*, 4: 745-753.

- Trojanar, J. R. 1977. Egg hatchability and tolerance of brook trout (*Salvelinus fontinalis*) fry at low pH. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 34: 574-579.
- Tsigenopoulos, C. S. and Berrebi, P. 2000. Molecular phylogeny of North Mediterranean freshwater barbs (Genus *Barbus*: Cyprinidae) inferred from cytochrome b sequences: biogeographic and systematic implications. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 14: 165-179.
- Tsigenopoulos, C. S., Durand, J. D., Ünlü, E. and Berrebi, P. 2003. Rapid radiation of the Mediterranean *Luciobarbus* species (Cyprinidae) after the Messinian salinity crisis of the Mediterranean Sea, inferred from mitochondrial phylogenetic analysis. *Biological Journal of the Linnean Society*, 80: 207-222.
- Tsigenopoulos, C. S., Kotlik, P. and Berrebi, P. 2002b. Biogeography and pattern of gene flow among *Barbus* species (Teleostei: Cyprinidae) inhabiting the Italian Peninsula and neighbouring Adriatic drainages as revealed by allozyme and mitochondrial sequence data. *Biological Journal of Linnean Society*, 75: 83-99.
- Tsigenopoulos, C. S., Rab, P., Naran, D. and Berrebi, P. 2002a. Multiple origins of polyploidy in the phylogeny of southern African barbs (Cyprinidae) as inferred from mtDNA markers. *Heredity*, 88: 466-473.
- Tudela, S. 1999. Morphological variability in a Mediterranean, genetically homogeneous population of the European anchovy, *Engraulis encrasicolus*. *Fisheries Research*, 42: 229-243.
- Turan, C. 1999. A Note on the examination of morphometric differentiation among fish populations: The Truss system. *Turkish Journal of Zoology*, 23: 259-263.
- Turan, C. 2000. Stok ve tür tespitinde kullanılan moleküler genetik teknikler. Doğu Anadolu Bölgesi IV. Su Ürünleri Sempozyumu, 28-30 Haziran, Erzurum.
- Turan, C. 2002. *Genetik*. Mustafa Kemal Üniversitesi Su Ürünleri Fakültesi Ders Kitabı, Yayın No: 2, 169, Hatay.
- Turan, C. 2004. Stock identification of Mediterranean horse mackerel (*Trachurus mediterraneus*) using morphometric and meristic characters. *ICES Journal of Marine Science*, 61 (5): 774-781.
- Turan, C. 2008. Molecular systematics of the *Capoeta* (Cypriniformes: Cyprinidae) species complex inferred from mitochondrial 16S rDNA sequence data. *Acta Zoologica Cracoviensia*, 51A (1-2): 1-14.
- Turan, C. and Başusta, N. 2001. Comparison of morphometric characters of twaite shad (*Alosa fallax nilotica*, Geoffroy Saint-Hilaire, 1808) among three areas in Turkish seas. *Bulletin Francais Peche Piscic*, 362 (363): 1027-1065.
- Turan, C., Ergüden, D., Gürlek, M., Başusta, N. and Turan, F. 2004a. Morphometric Structuring of the Anchovy (*Engraulis encrasicolus* L.) in the

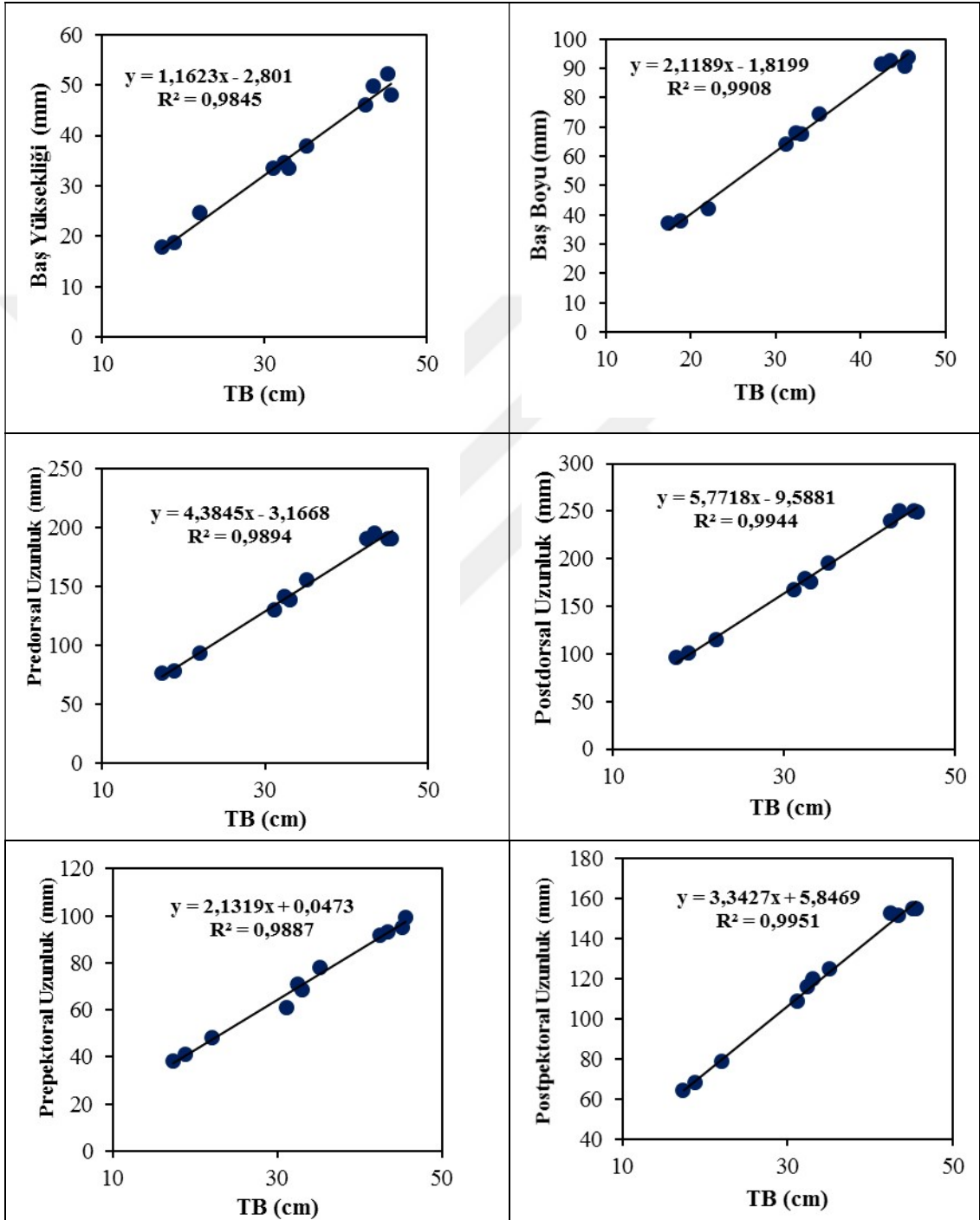
- Black, Aegean And Northeastern Mediterranean Seas. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 28: 865-871.
- Turan, C., Karcioğlu, M., Turan, F., Aka, Z. and Yildirim, Y. 2004b. Morphological differences between *Capoeta damascina* (Valenciennes, 1842) vs *Capoeta barroisi* (Lortet, 1894). *Turkish Journal of Aquatic Life*, 2 (3): 227-234.
- Turan, D., Kottelat, M. and Bayçelebi, E. 2017. *Squalius semae*, a new species of chub from the Euphrates River, Eastern Anatolia (Teleostei: Cyprinidae). *Zoology in the Middle East*, 63(1): 33-42.
- Turan, D., Kottelat, M. and Ekmekçi, F. G. 2009. *Barbus niluferensis*, a new species of barbel (Teleostei: Cyprinidae) from Nilüfer River, Turkey, with re-description of *B. oligolepis*. *Zootaxa*, 1981: 15–28.
- Turan, D., Kottelat, M., Kirankaya, Ş. G. and Engin, S. 2006. *Capoeta ekmekciae*, a new species of cyprinid fish from northeastern Anatolia (Teleostei: Cyprinidae). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 17 (2): 147-156.
- Turan, D., Doğan, E., Kaya, C. and Kanyılmaz, M. 2014. *Salmo kottelati*, a new species of trout from Alakır Stream, draining to the Mediterranean in southern Anatolia, Turkey (Teleostei, Salmonidae). *ZooKeys*, 462: 135-151.
- Turan, D., Kottelat, M. and Bektaş, Y. 2011. *Salmo tigridis*, a new species of trout from Tigris River, Turkey (Teleostei: Salmonidae). *Zootaxa*, 2993: 23-33.
- Uğurlu (Helli), S. 2002. *Balık Sistematğinde Moleküler Çalışmalar*, Doktora Semineri, Ondokuz Mayıs Üniversitesi, 27, Samsun.
- Uğurlu, S. 2006. Samsun İli Tatlısu Balık Faunasının Tespiti, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 437, Samsun.
- Valiallahi, J. 2006. Identification of *Barbus plebjus* (Bonaparte, 1832) a valid species of cyprinid fish from Iran. *Iranian Journal of Biology*, 19: 109-116.
- Van Ginneken, M., Decru, E., Verheyen, E. and Snoeks, J. 2017. Morphometry and DNA barcoding reveal cryptic diversity in the genus *Enteromius* (Cypriniformes: Cyprinidae) from the Congo basin, Africa. *European Journal of Taxonomy*, 310: 1-32.
- Vatandoust, S., Abdoli, A., Anvarifar, H. and Mousavi-Samet, H. 2014. Morphometric and meristic characteristics and morphological differentiation among five populations of Brown Trout *Salmo trutta fario* (Pisces: Salmonidae) along the southern Caspian Sea basin European Journal of Zoological Research, 3 (2):56-65.
- Verep, B., Turan, D. and Kováč, V. 2006. Preliminary results on morphometry of Barbel (*Barbus tauricus* Kessler, 1877) in the streams of Rize and Artvin Provinces (Turkey). *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 6: 17-21.

- Verma, J. and Serajuddin, M. 2016. Study of Phylogeny based on truss analysis and molecular characterization in freshwater catfish, *Eutropiichthys vacha*. *Journal of Entomology and Zoology Studies*, 4(5): 940-944.
- Verma, J., Kashyap, A. and Serajuddin, M. 2014. Phylogeny Based on Truss Analysis in Five Populations of Freshwater Catfish: *Clupisoma garua*. *International Journal of Science and Research. ISSN (Online):* 2319-7064.
- Wallace, D. C. 1986. Mitochondrial Genes and Diseases. *Hospital Practice*, 21: 77-92.
- Wang, J. P., Hsu, K. C. and Chiang, T. Y. 2000. Mitochondrial DNA phylogeography of *Acrossocheilus paradoxus* (Cyprinidae) in Taiwan. *Molecular Ecology*, 9: 1483-1494.
- Wang, J., Wu, X. Y., Chen, Z., Yue, Z., Ma, W., Chen, S., Xiao, H., Murphy, R., Zhang, Y., Zan, R. and Luo, J. 2013. Molecular phylogeny of European and African *Barbus* and their West Asian relatives in the Cyprininae (Teleostei: Cypriniformes) and orogenesis of the Qinghai-Tibetan Plateau. *Chinese Science Bulletin*, 58 (31): 3738-3746.
- Ward, R. D., Woodward, M. and Skibinski, D. O. F., 1994. A comparison of genetic diversity levels in marine, freshwater, and anadromous fishes. *Journal of Fish Biology*, 44: 213-232.
- Weiss, S., Persat, H., Eppe, R., Schlötterer, C. and Uiblein, F. 2002. Complex patterns of colonization and refugia revealed for European grayling *Thymallus thymallus*, based on complete sequencing of the mitochondrial DNA control region. *Molecular Ecology*, 11: 2599-2611.
- Wilson, A. C., Cann, R. L., Carr, S. M., George, M., Gyllensten, U. B., Helm-Bychowski, K. M., Higuchi, R. G., Palumbi, S. R., Prager, E. M., Sage, R. D. and Stoneking, M. 1985. Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics. *Biological Journal of the Linnean Society*, 26: 375-400.
- Wimberger, P. H. 1994. *Trophic polymorphisms, plasticity and speciation in vertebrates*. In: Stouder DJ, Fresh KL, Feller RJ (eds) *Theory and application in fish feeding ecology*. University of South Carolina Press, 19-43, Columbia.
- Winfield, I. and Nelson, J. 1991. *Cyprinid Fishes: Systematic biology and exploitation*. Chapman and Hall, New York.
- Wright, S. 1951. The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics*, 1: 323-334.
- Yang, L., Sado, T., Hirt, M. V., Pasco-Viel, E., Arunachalam, M., Li, J., Wang, X., Freyhof, J., Saitoh, K., Simons, A. M., Miya, M., He, S. and Mayden, R. L. 2015. Phylogeny and polyploidy: resolving the classification of Cyprinine fishes (Teleostei: Cypriniformes). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 85: 97-116.

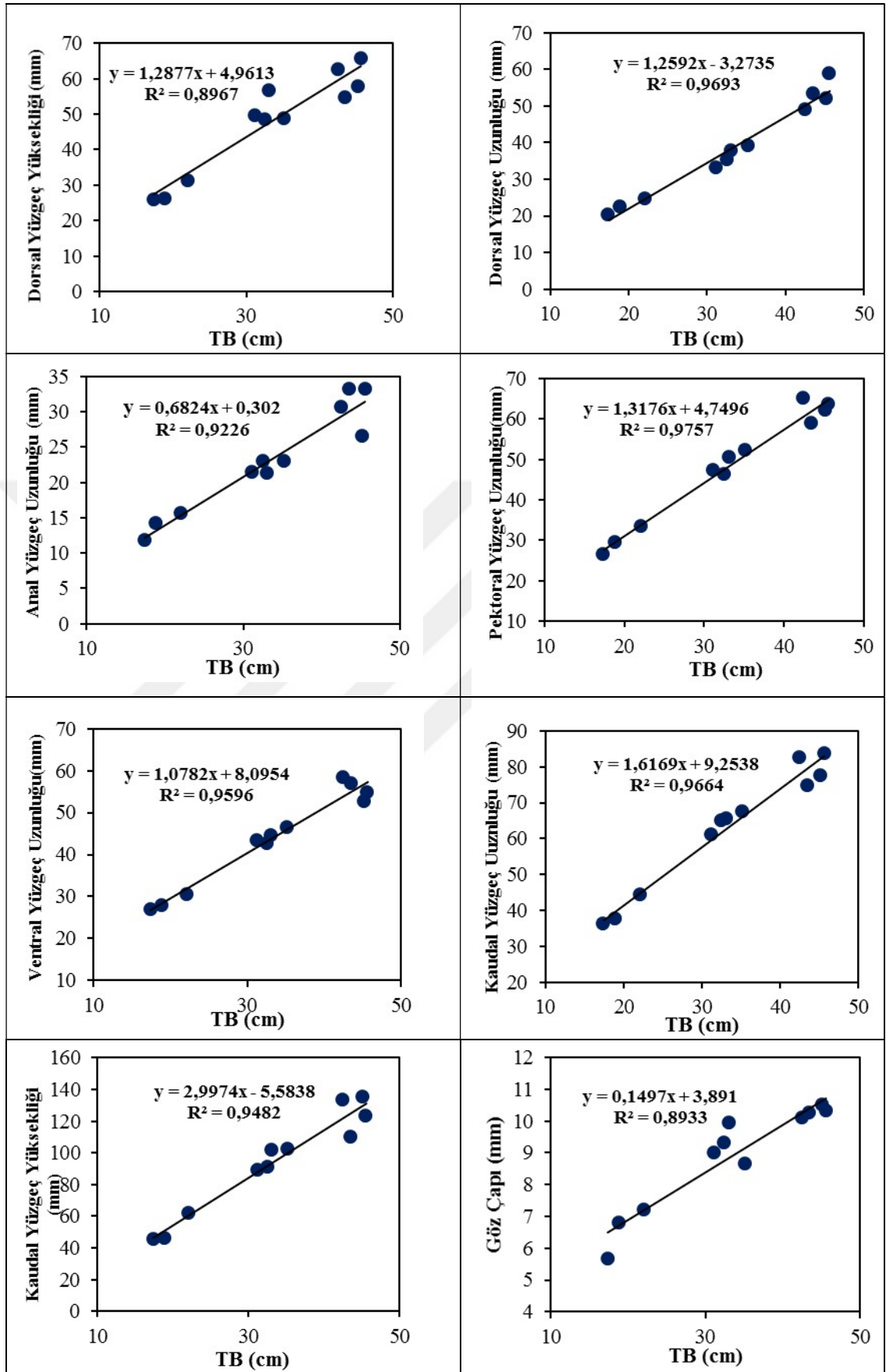
- Yılmaz, İ. 1997. *Taksonomik Zoolojinin Prensipleri ve Metotları (Hayvan Taksonomisi Dersleri)*, Oran Yayıncılık San. Tic. Ltd. Şti. 1. Baskı, 215, İzmir.
- Yılmaz, Ç., Bektaş, Y., Eroğlu, O., Firidin, Ş., Savaş, H. 2013. Van Gölü Havzası İnci Kefali (*Chalcalburnus tarichi* Pallas, 1811)'nin Populasyon Genetiği, Filogenetik ve Filocoğrafik Yapısının Genetik Yöntemlerle Analizi. TÜBİTAK Proje No: 209T029.
- Young, B. A. 2001. Intraspecific Variation among Emerald Shiners (*Notropis atherinoides*) of the Missouri River. PhD Dissertation. South Dakota State University.
- Zardoya, R. and Doadrio, I. 1999. Molecular evidence on the evolutionary and biogeographical patterns of European cyprinids. *Journal of Molecular Evolution*, 49: 227-237.
- Zareian, H., Esmaceli, H. R., Heidari, A., Khoshkholgh, M. R. and Mousavi-Sabet, H. 2016. Contribution to the molecular systematics of the genus *Capoeta* from the south Caspian Sea basin using mitochondrial cytochrome b sequences (Teleostei: Cyprinidae). *Molecular Biology Research Communications*, 5 (2): 65-75.
- Zengin, M., Polat, N. and Saygın, S. 2015. Investigation of some morphometric and otolith features of *Engraulis encrasicolus* L., 1758 fished in Blacksea and Marmara Sea. *Biological Diversity and Conservation*, 8 (1): 62-68.
- Zheng, L. P., Yang, J. X., Chen, X. Y. and Wang, W. Y. 2010. Phylogenetic relationships of the Chinese Labeoninae (Teleostei, Cypriniformes) derived from two nuclear and three mitochondrial genes. *Zoologica Scripta*, 39 (6): 559-571.
- Zheng, L. P., Yang, J. X. and Chen, X. Y. 2016. Molecular phylogeny and systematics of the Barbinae (Teleostei: Cyprinidae) in China inferred from mitochondrial DNA sequences. *Biochemical Systematics and Ecology*, 68: 250-259.

EKLER

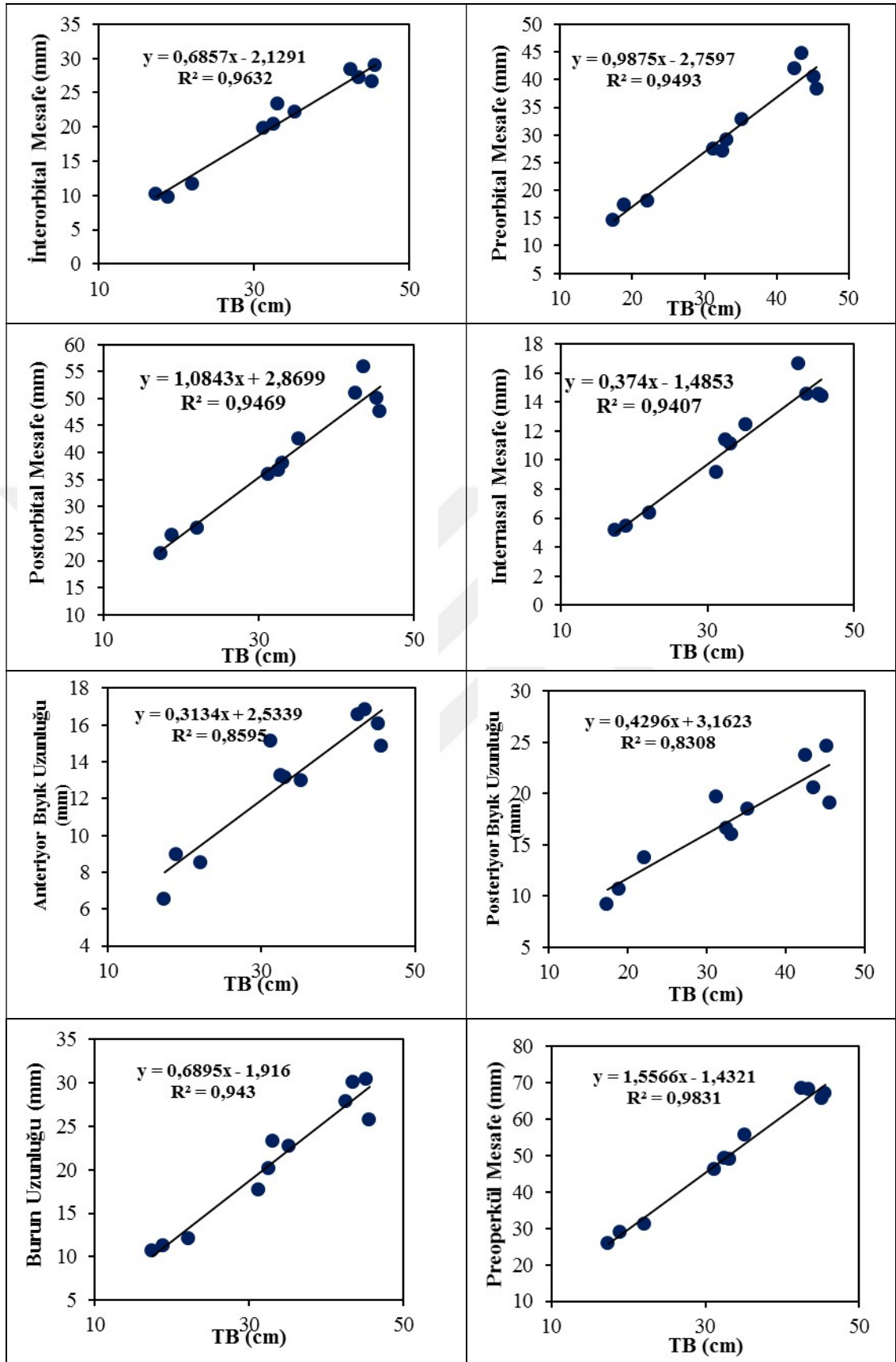
EK-1. KARASU ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİ GRAFİKLERİ



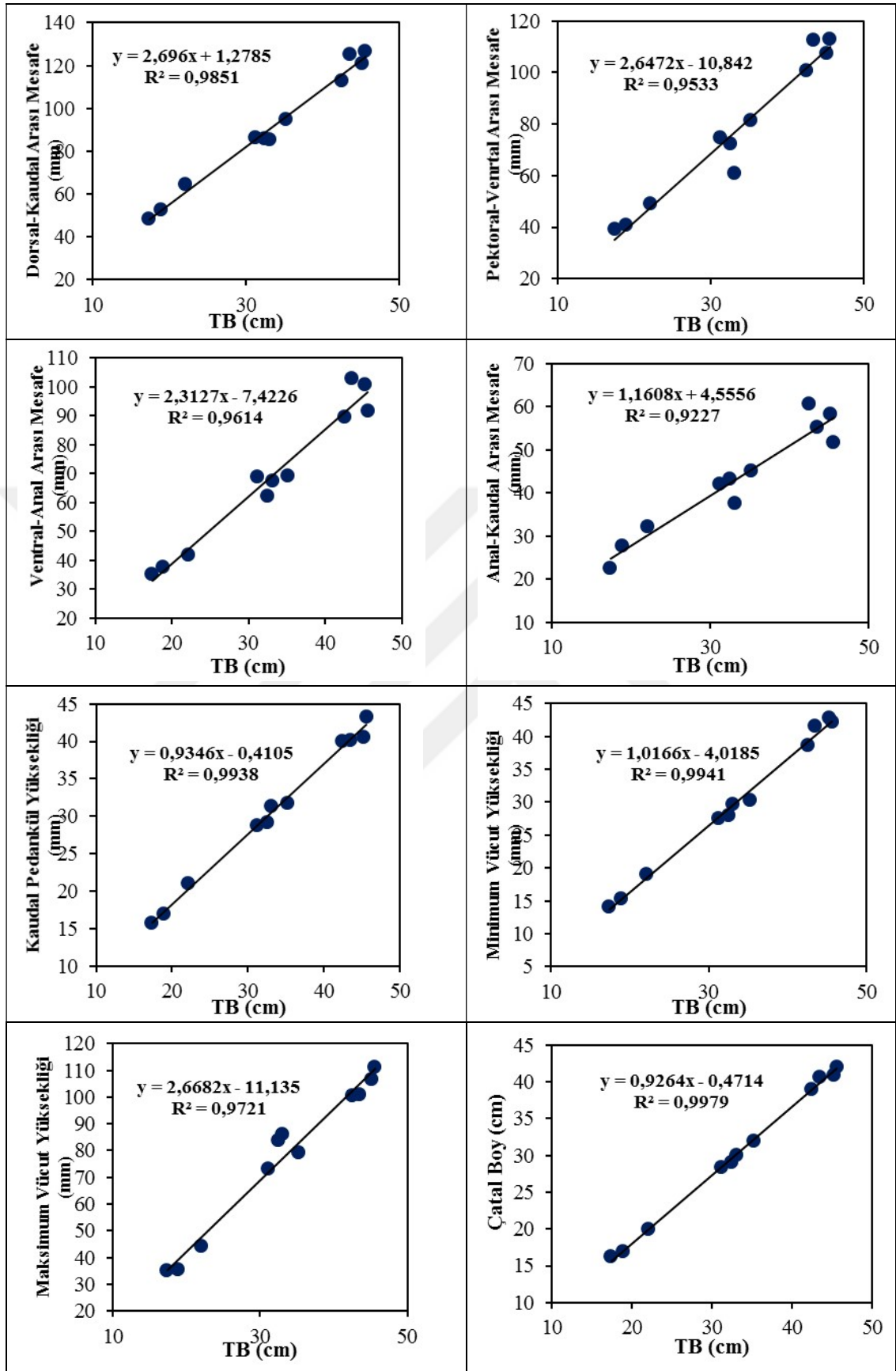




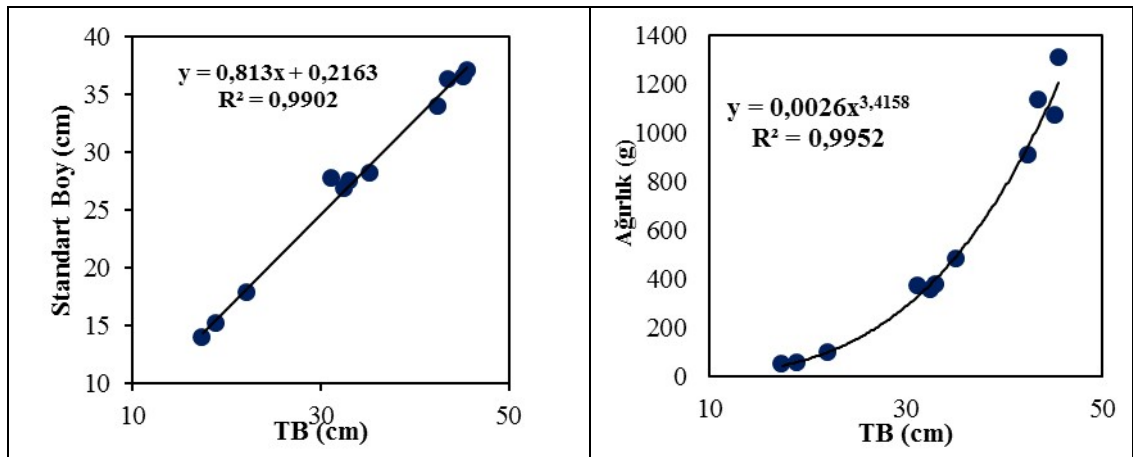






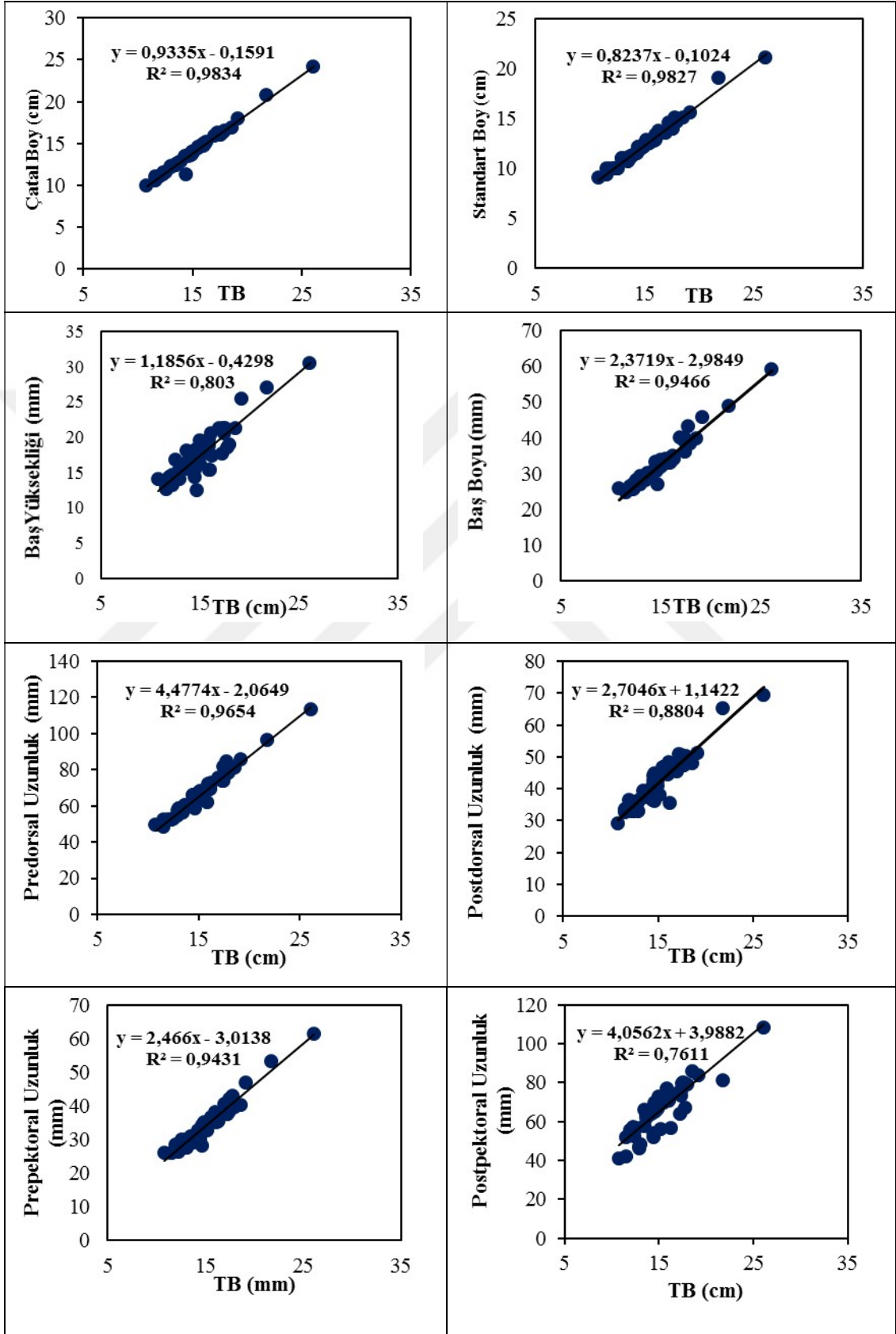




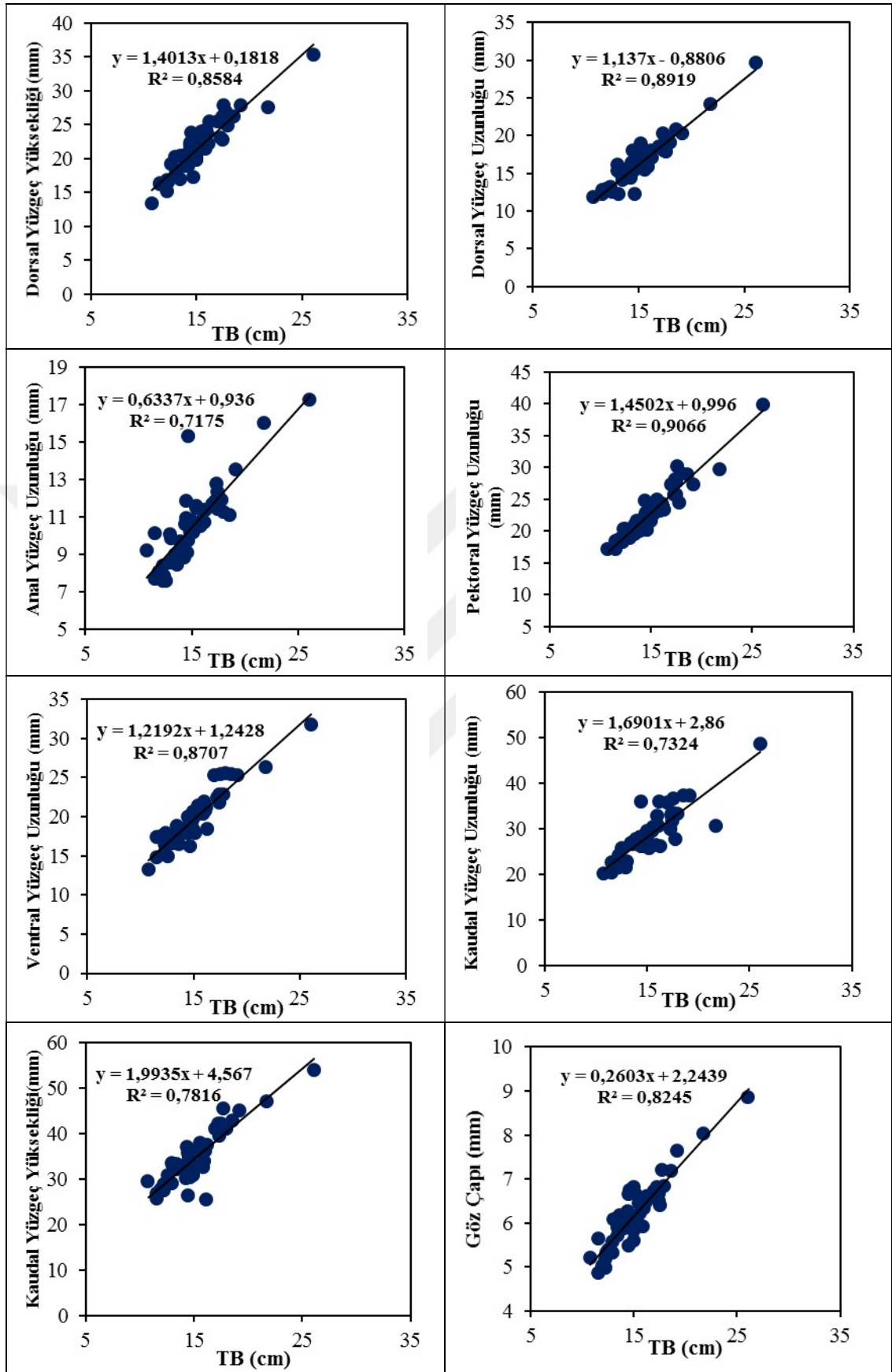




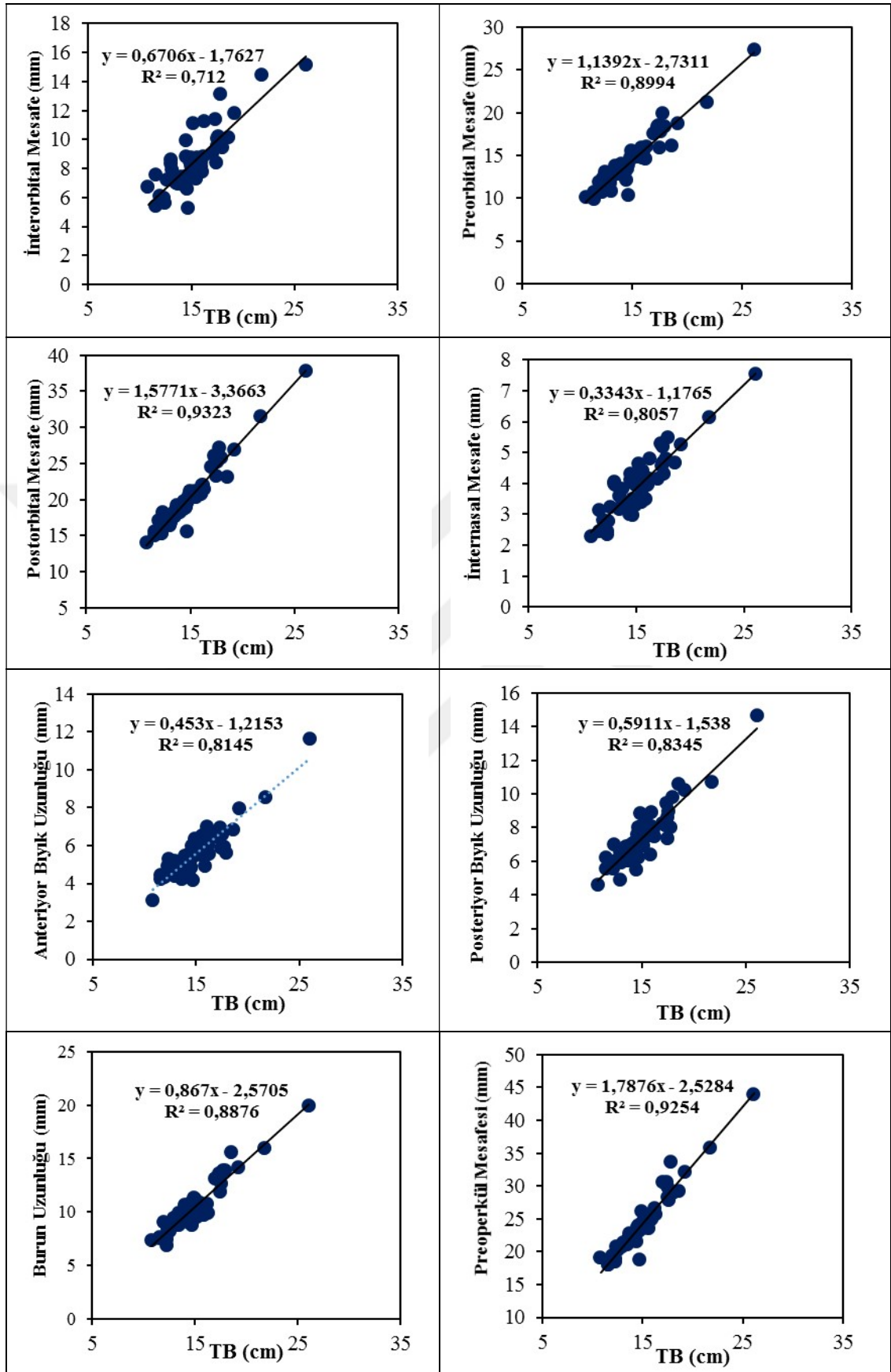
EK-2. KARADERE ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİ GRAFİKLERİ



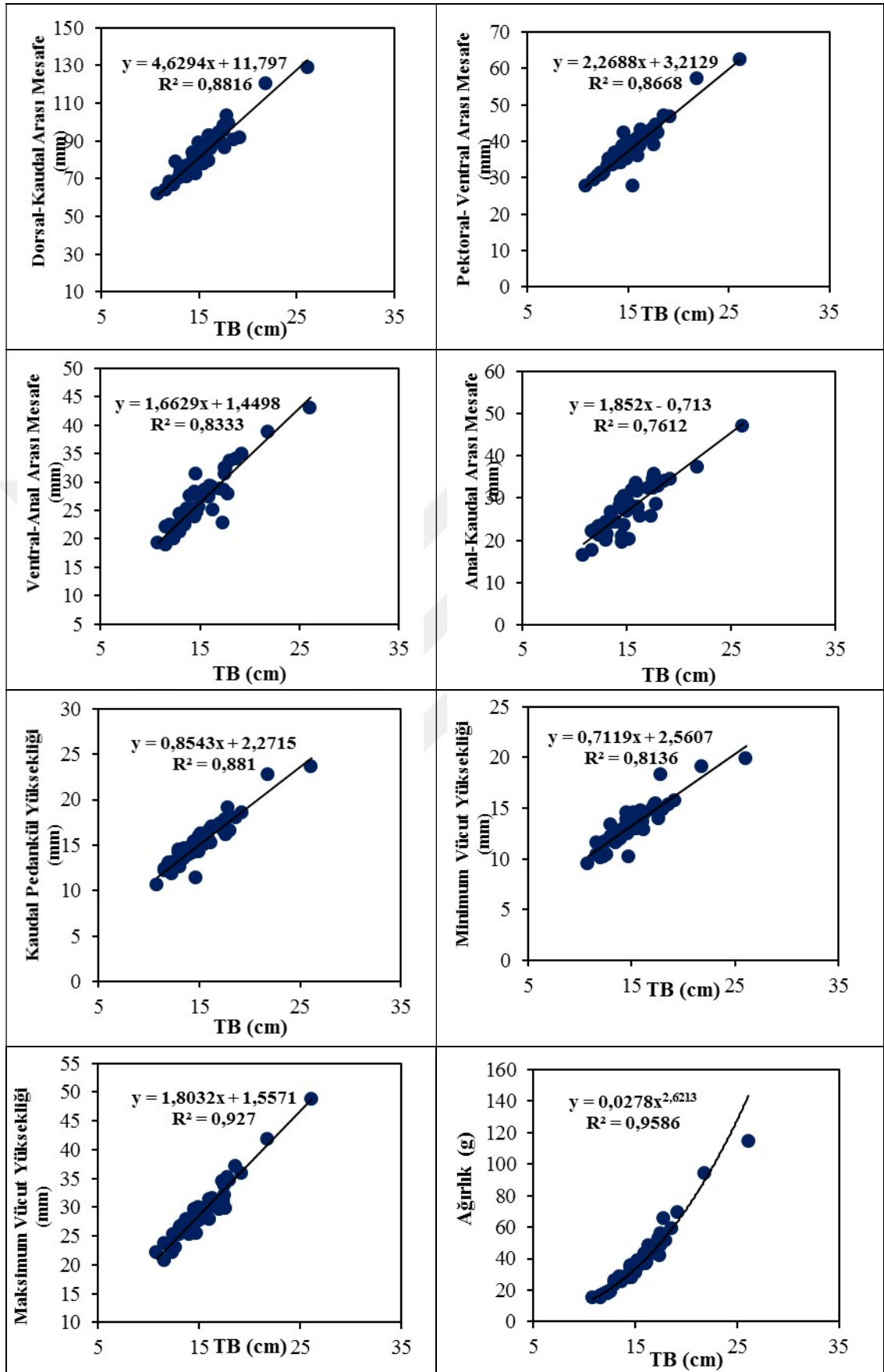






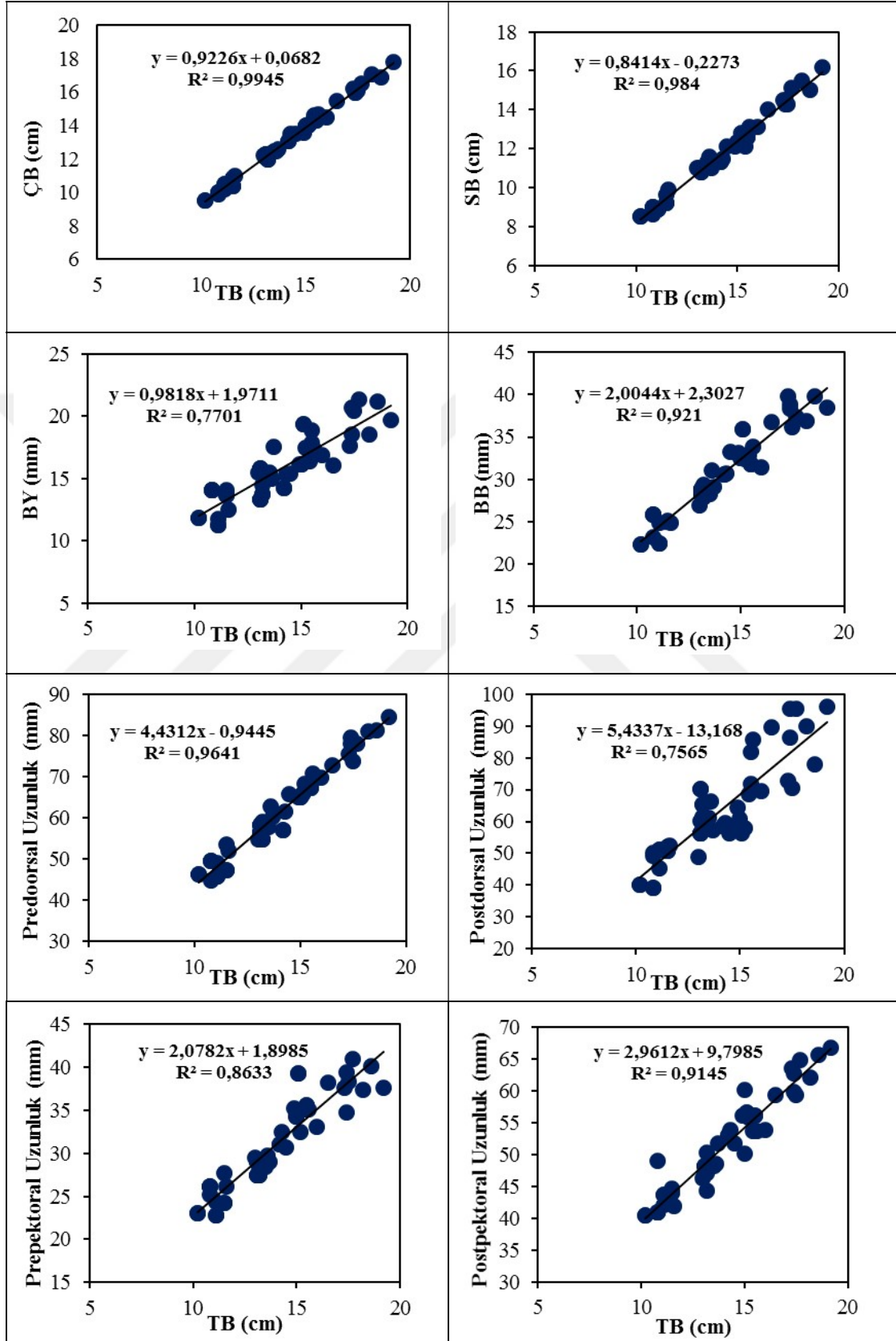




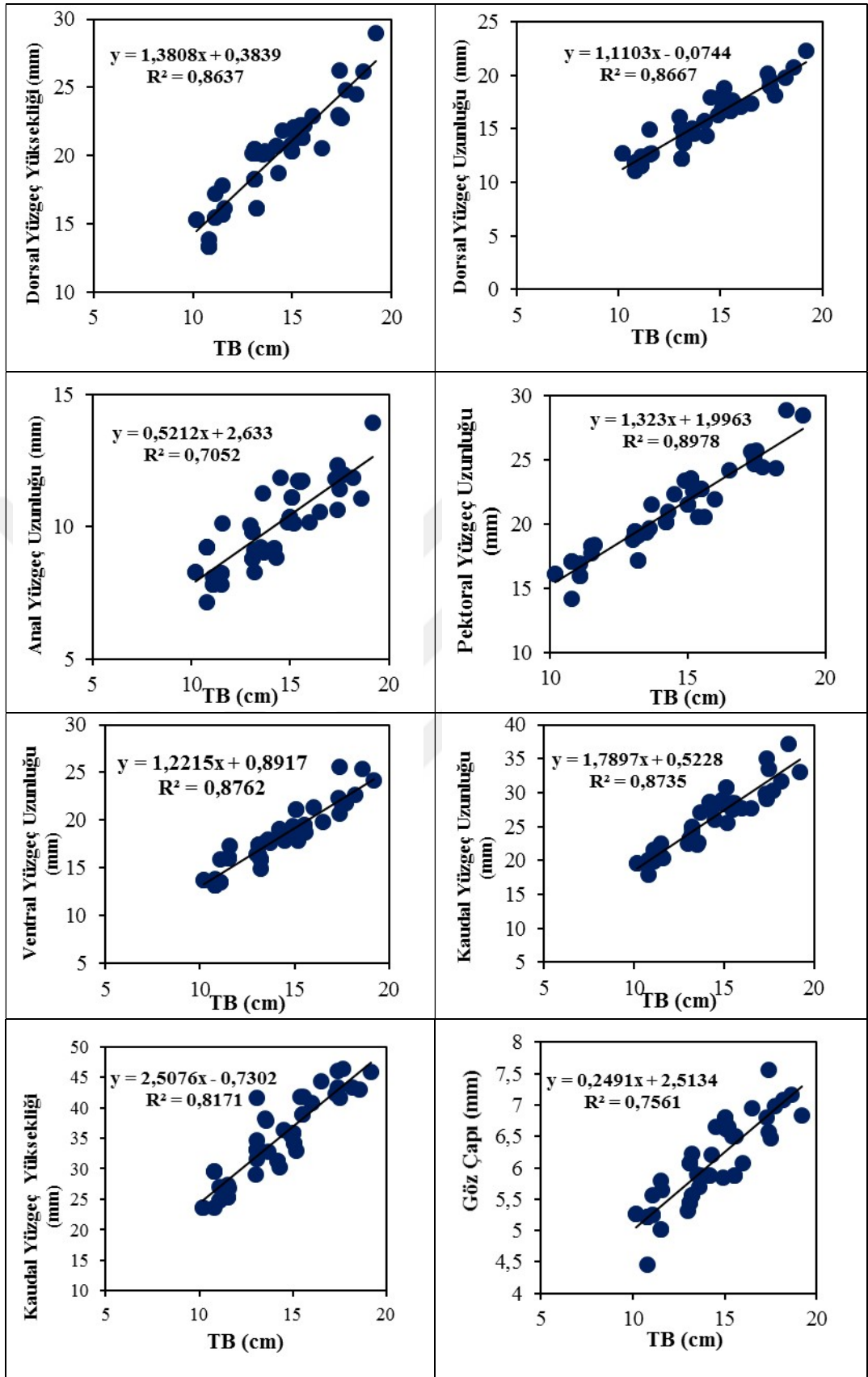




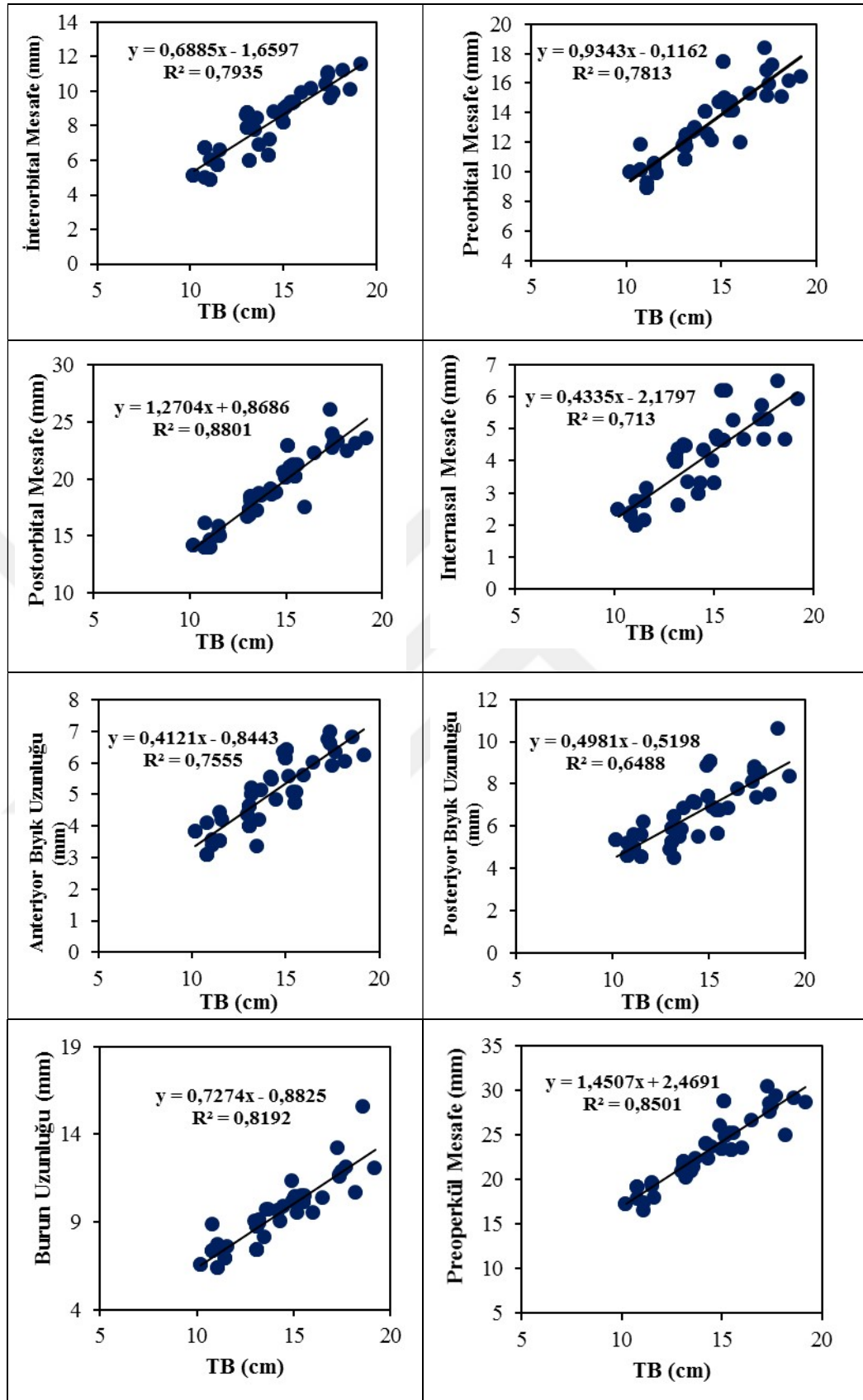
EK-3. SOLAKLI ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ



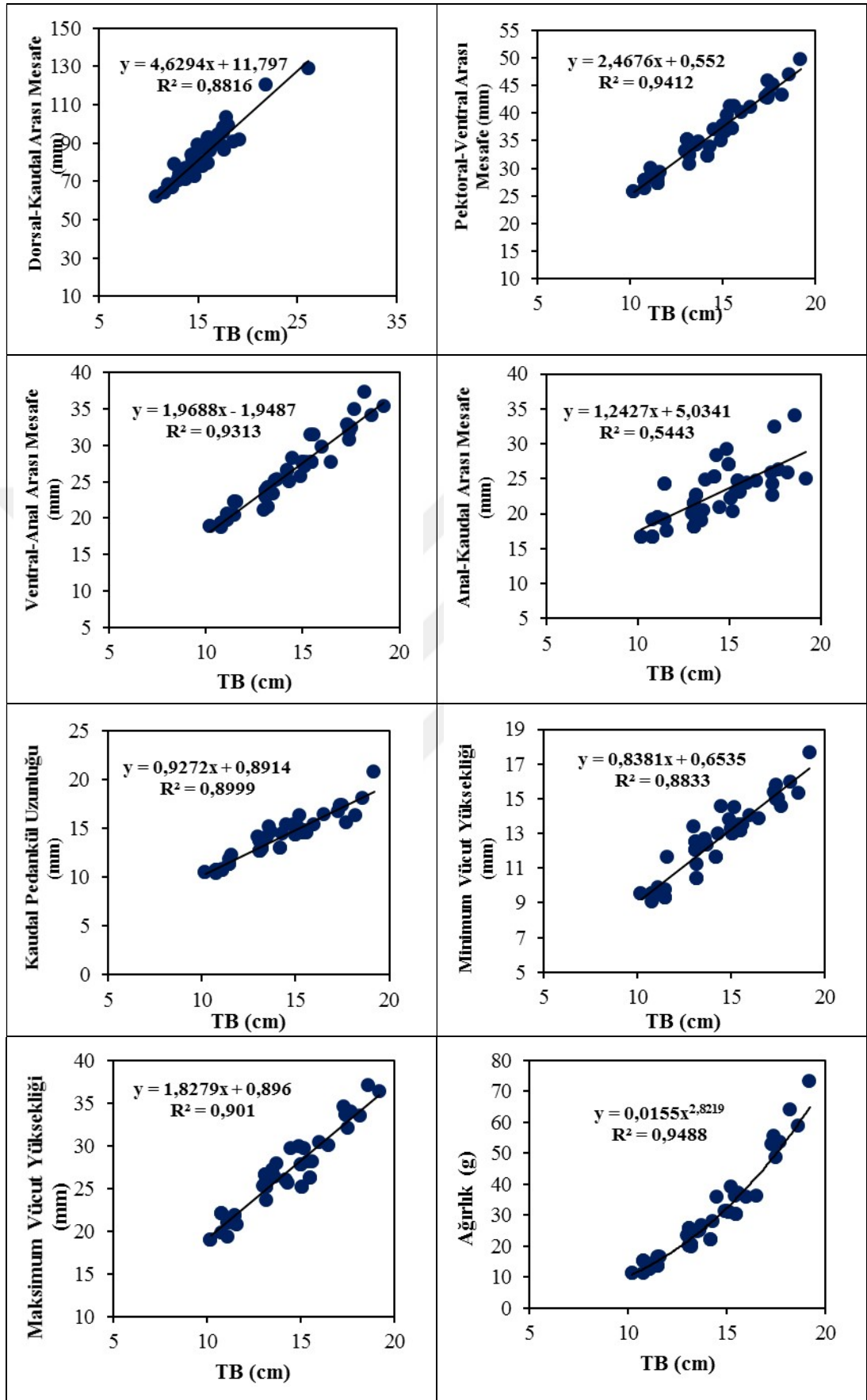






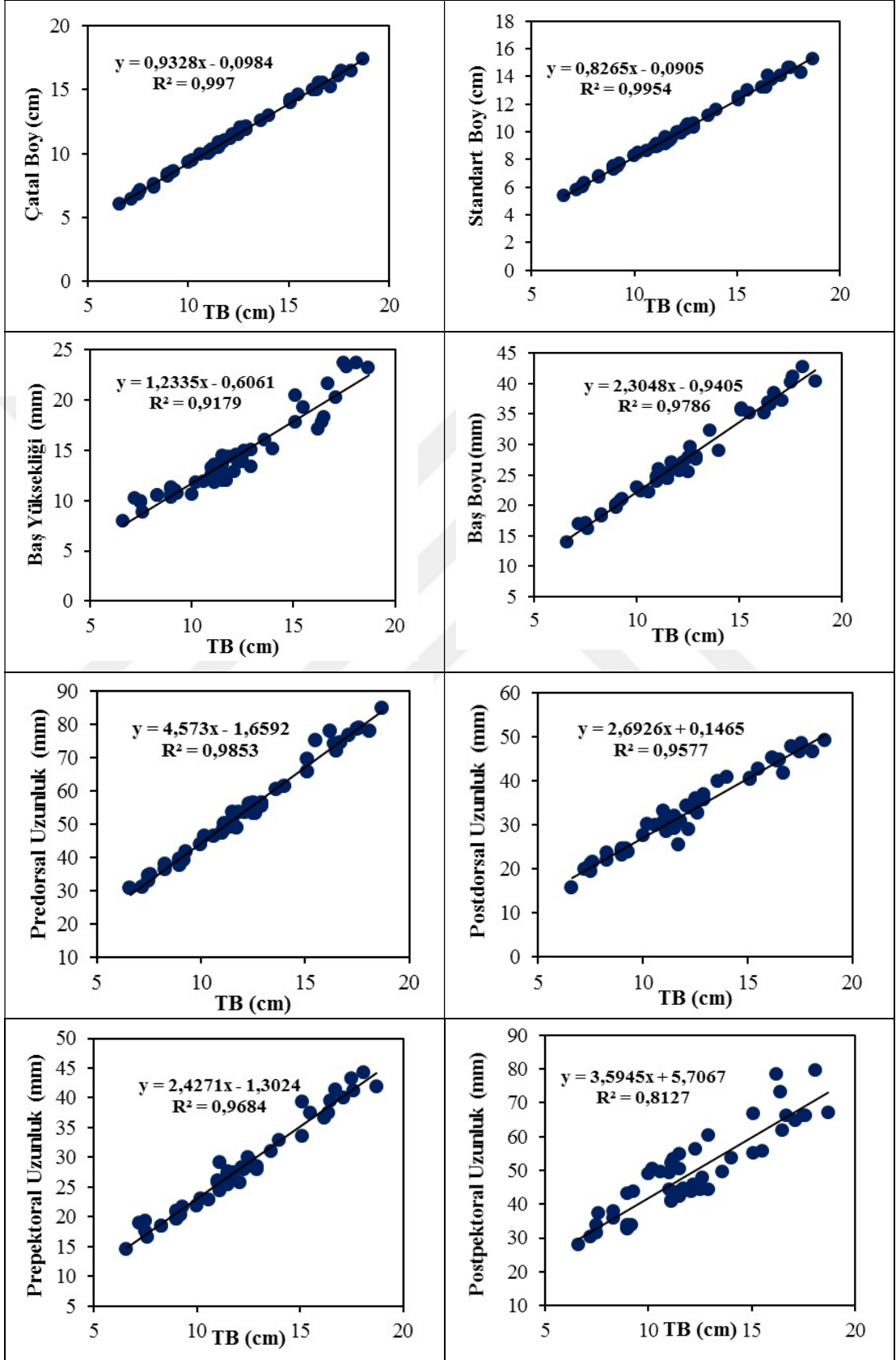




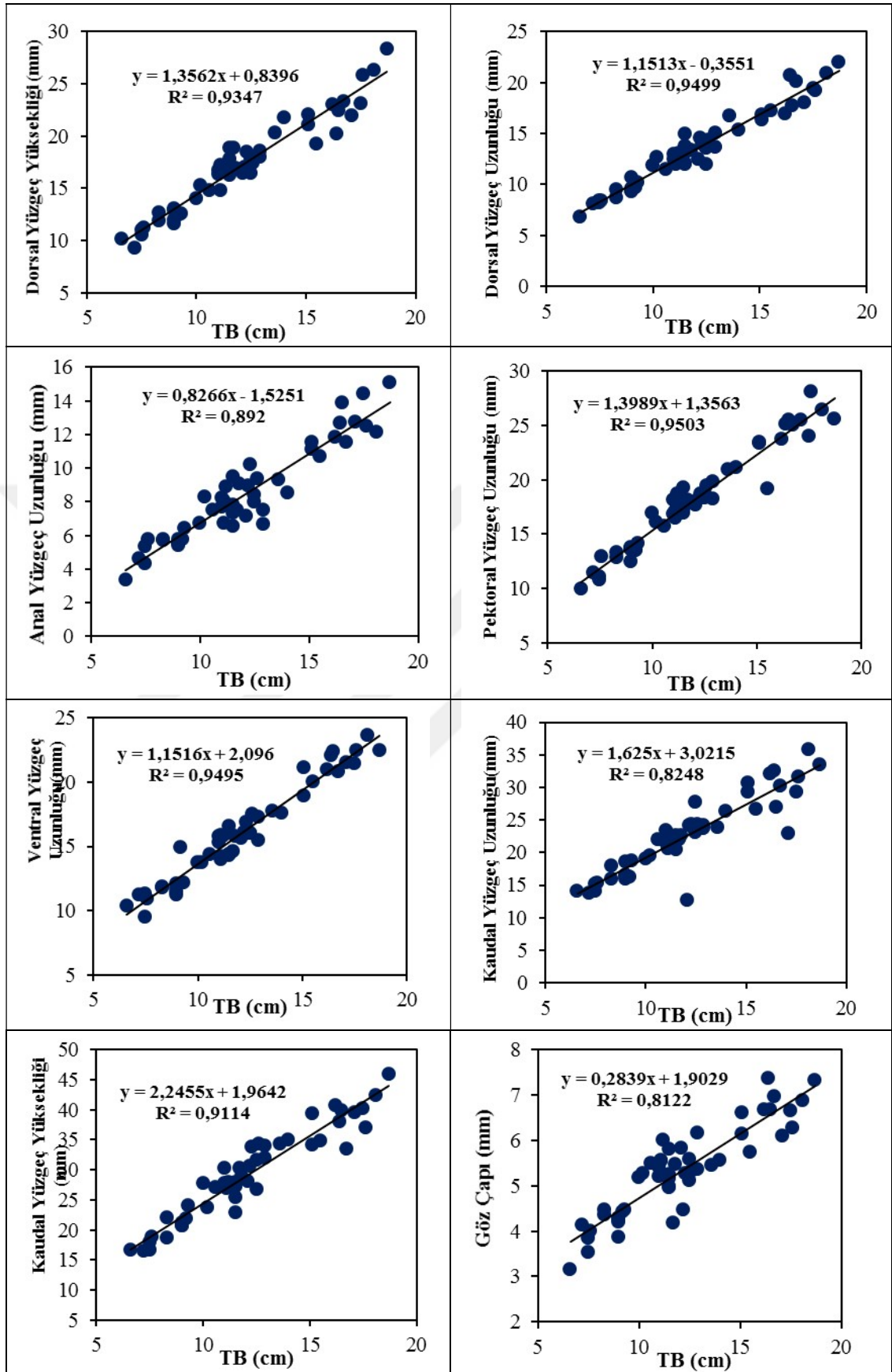




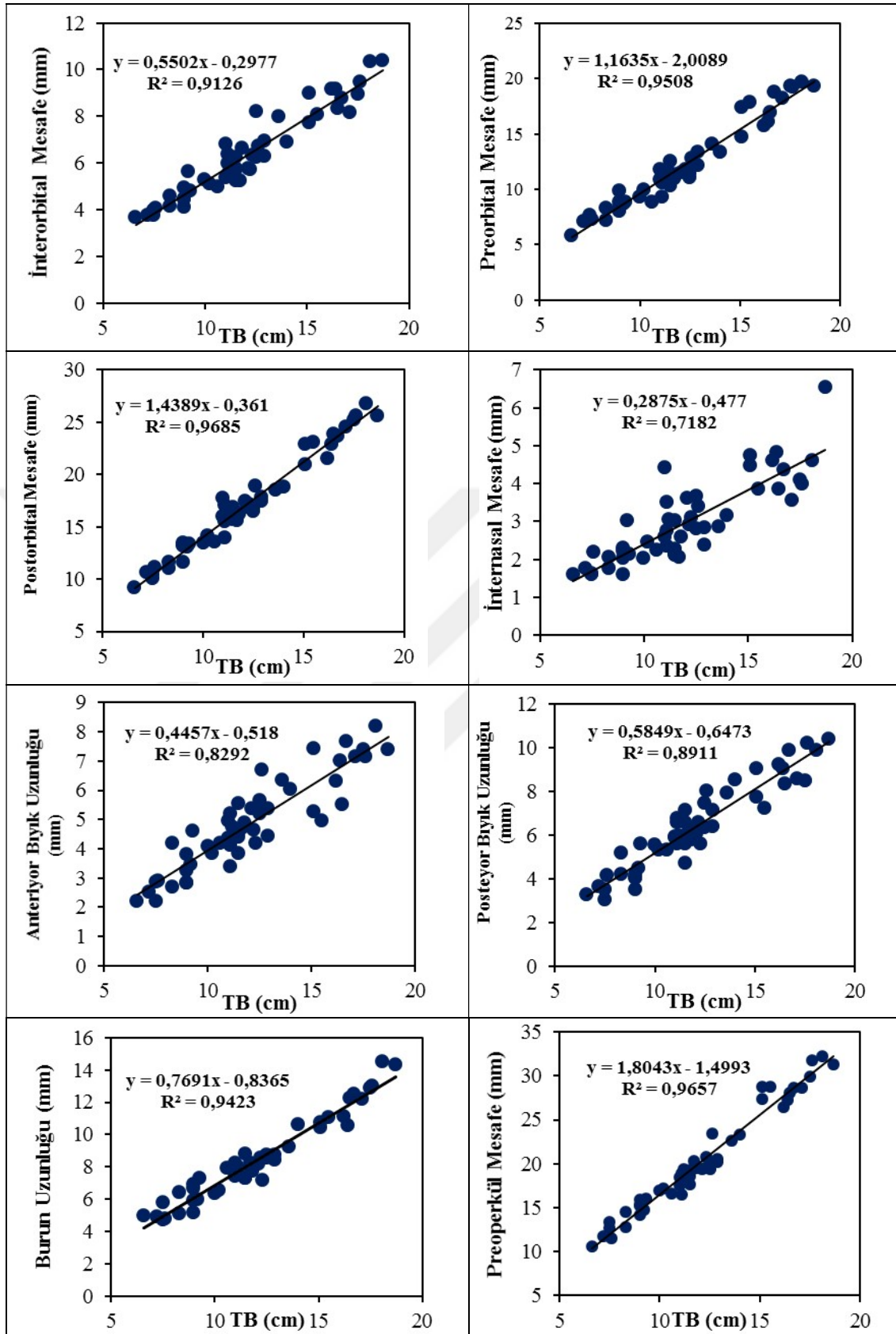
EK-4. AKÇAY ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ



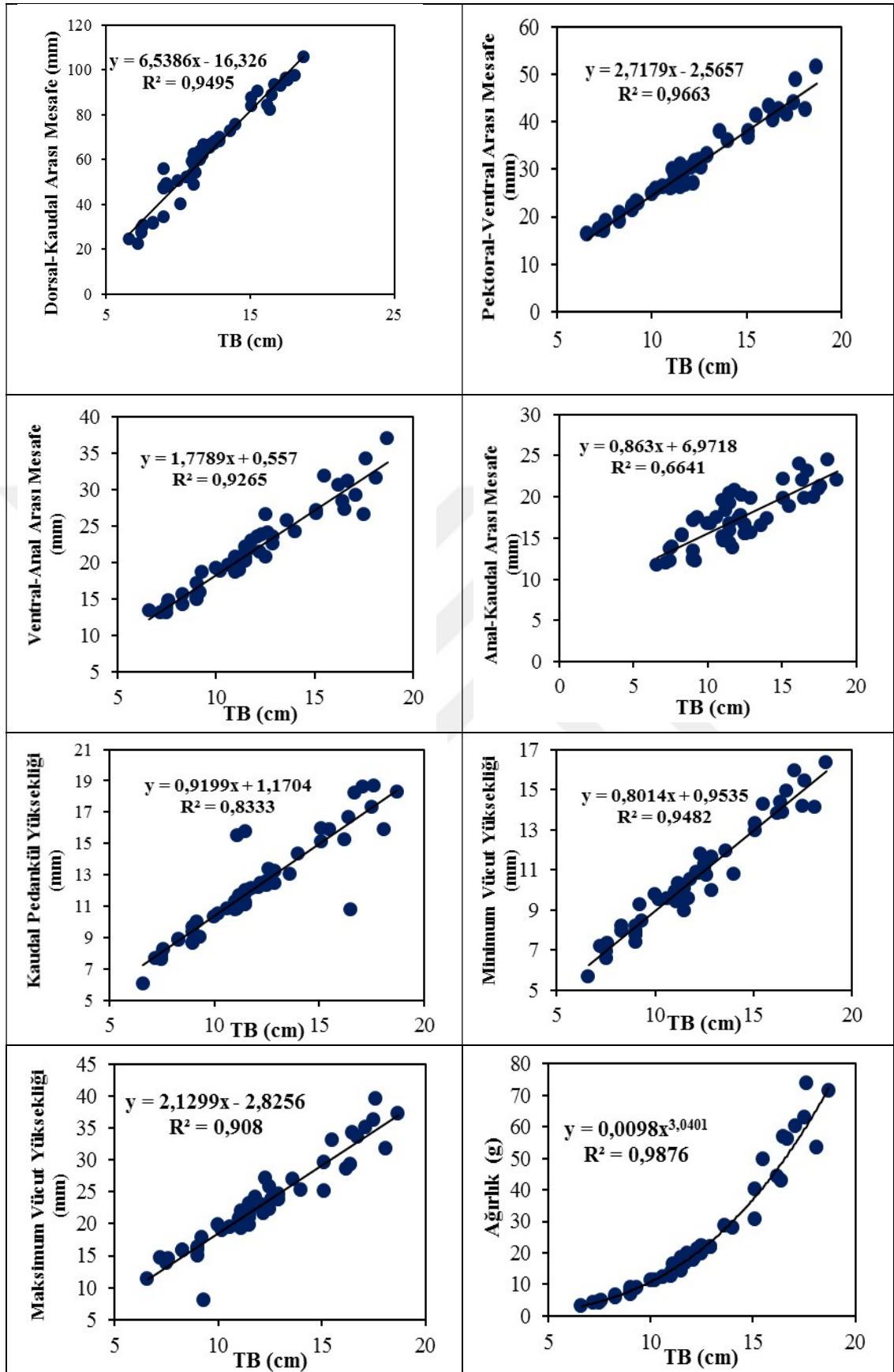






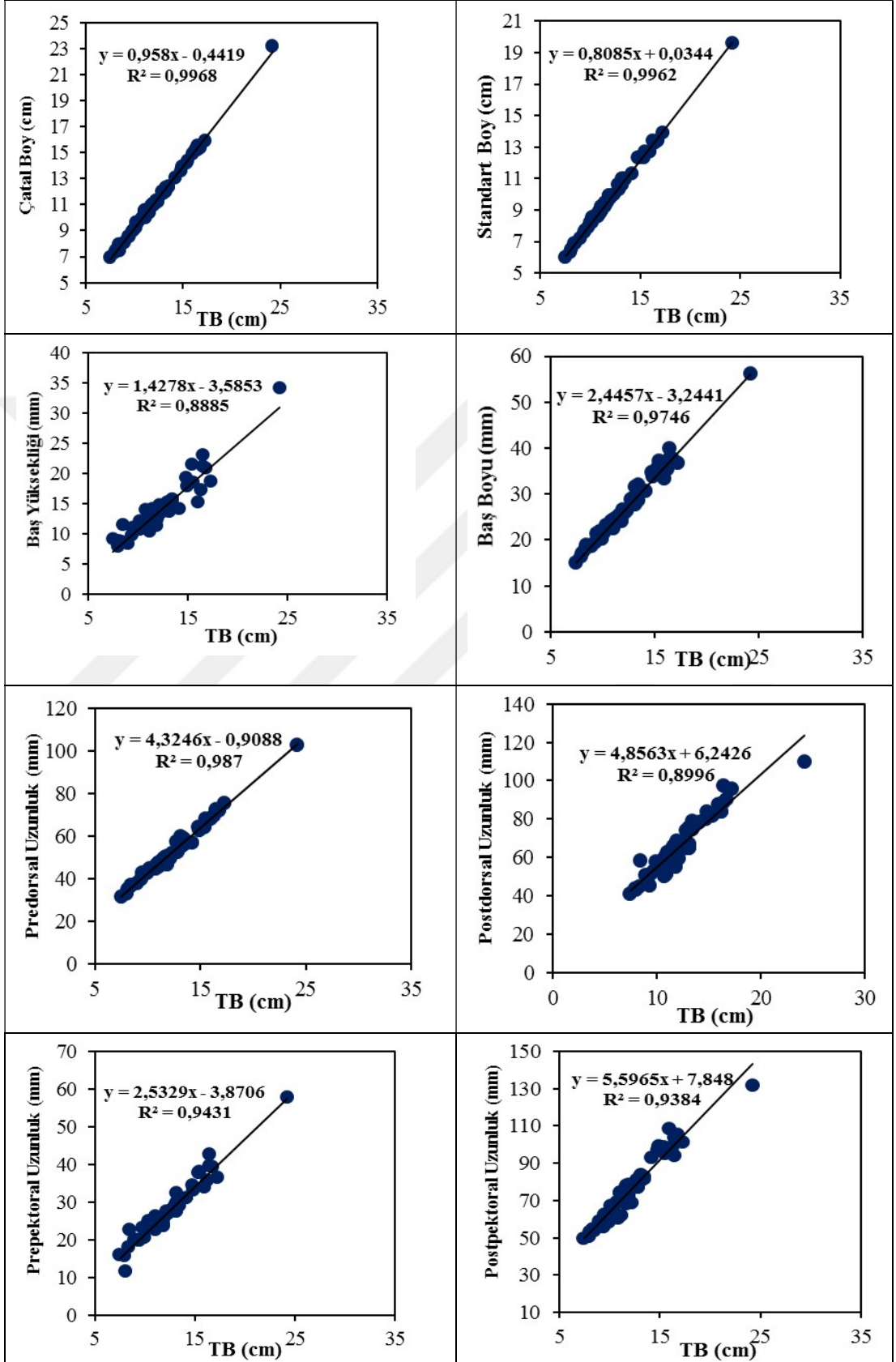




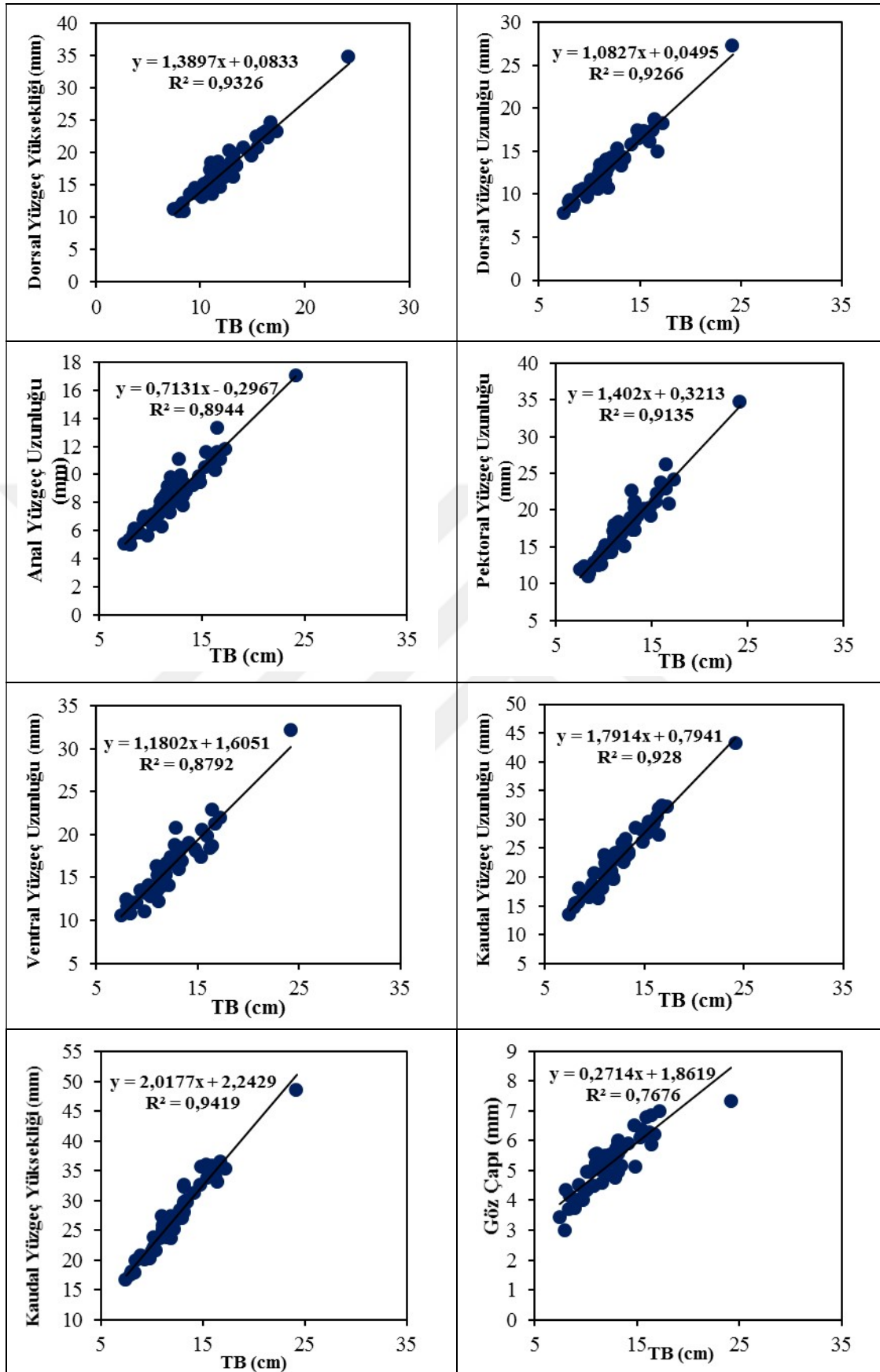




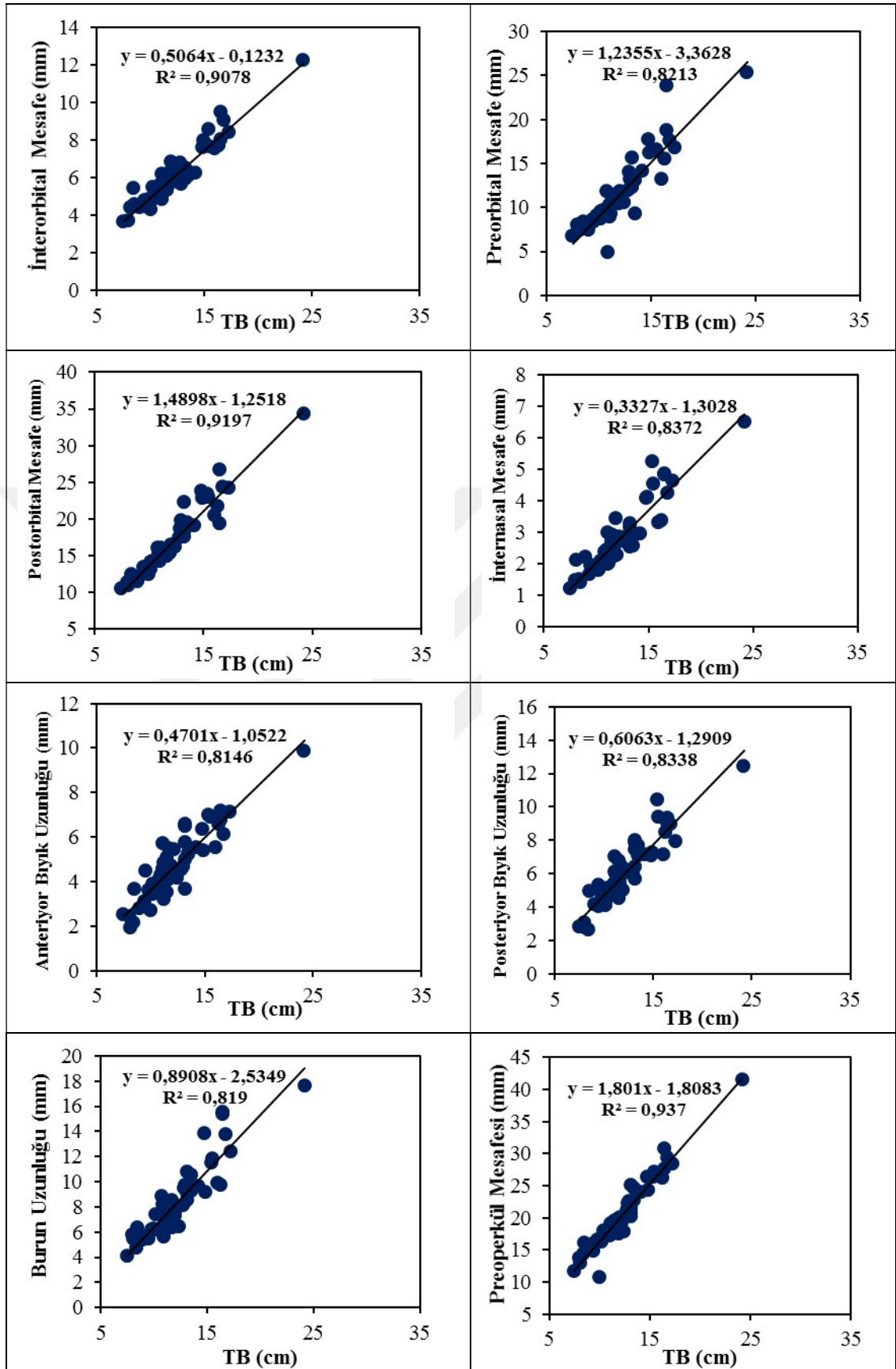
EK-5. TERME ÇAYI ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ



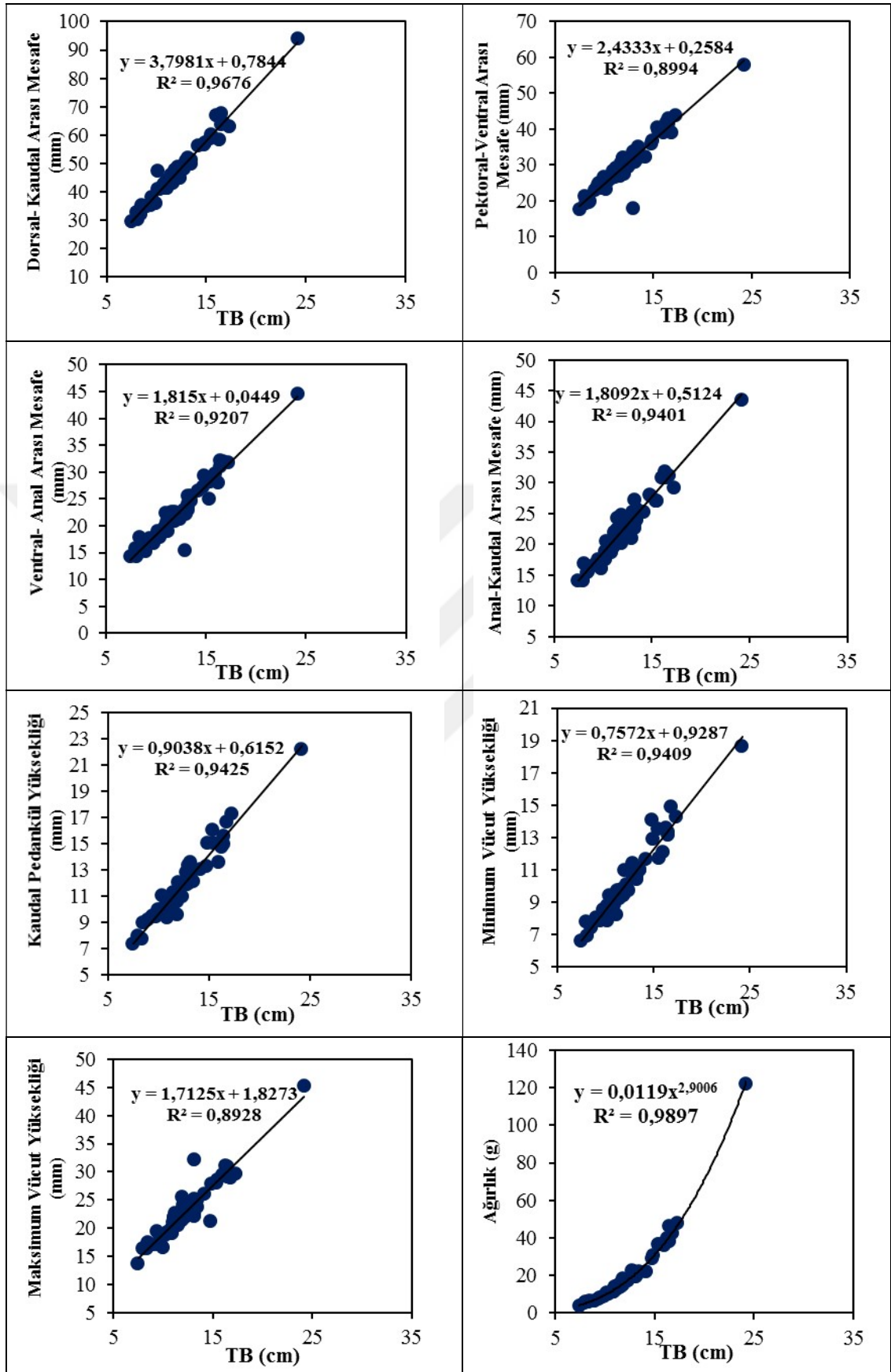






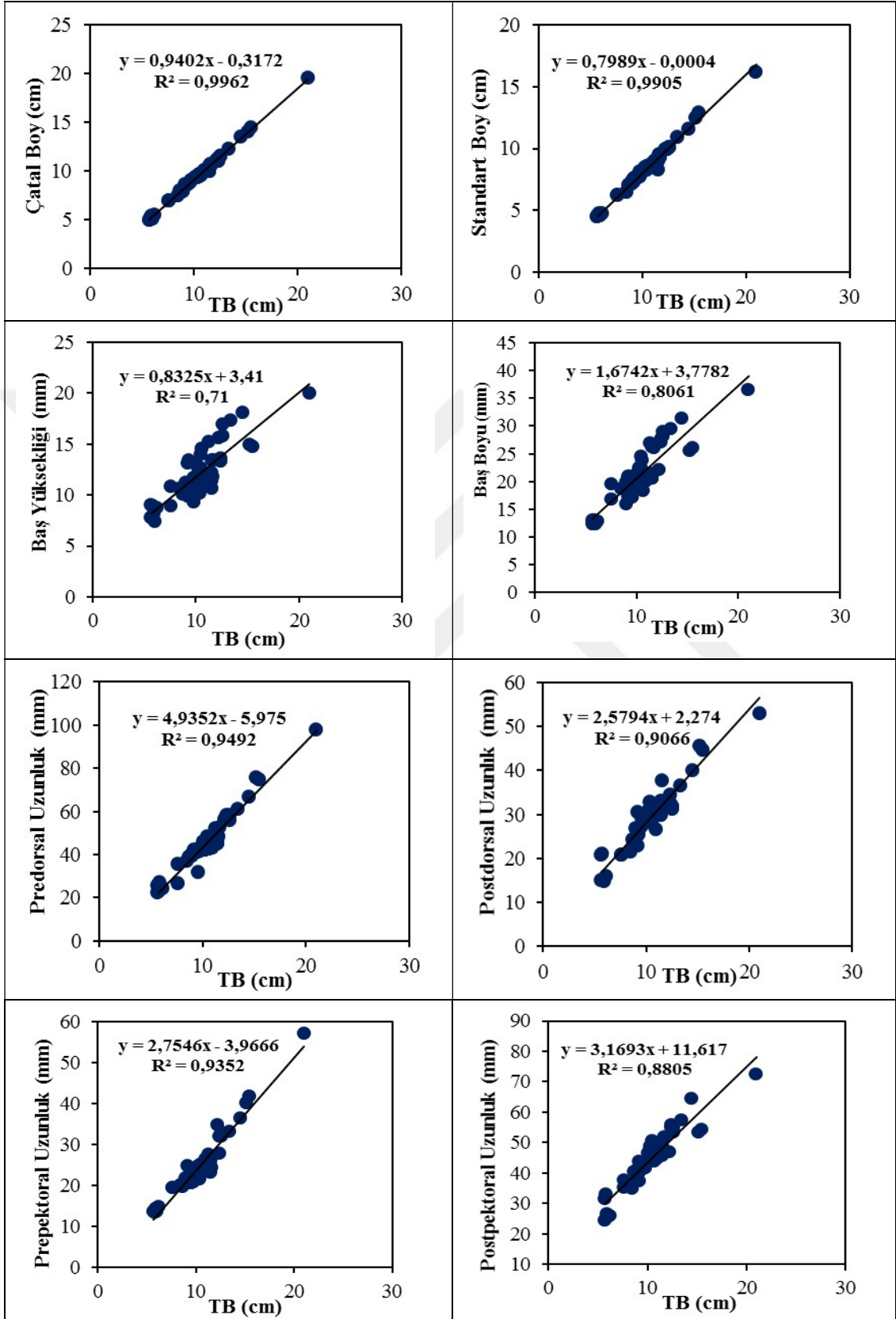




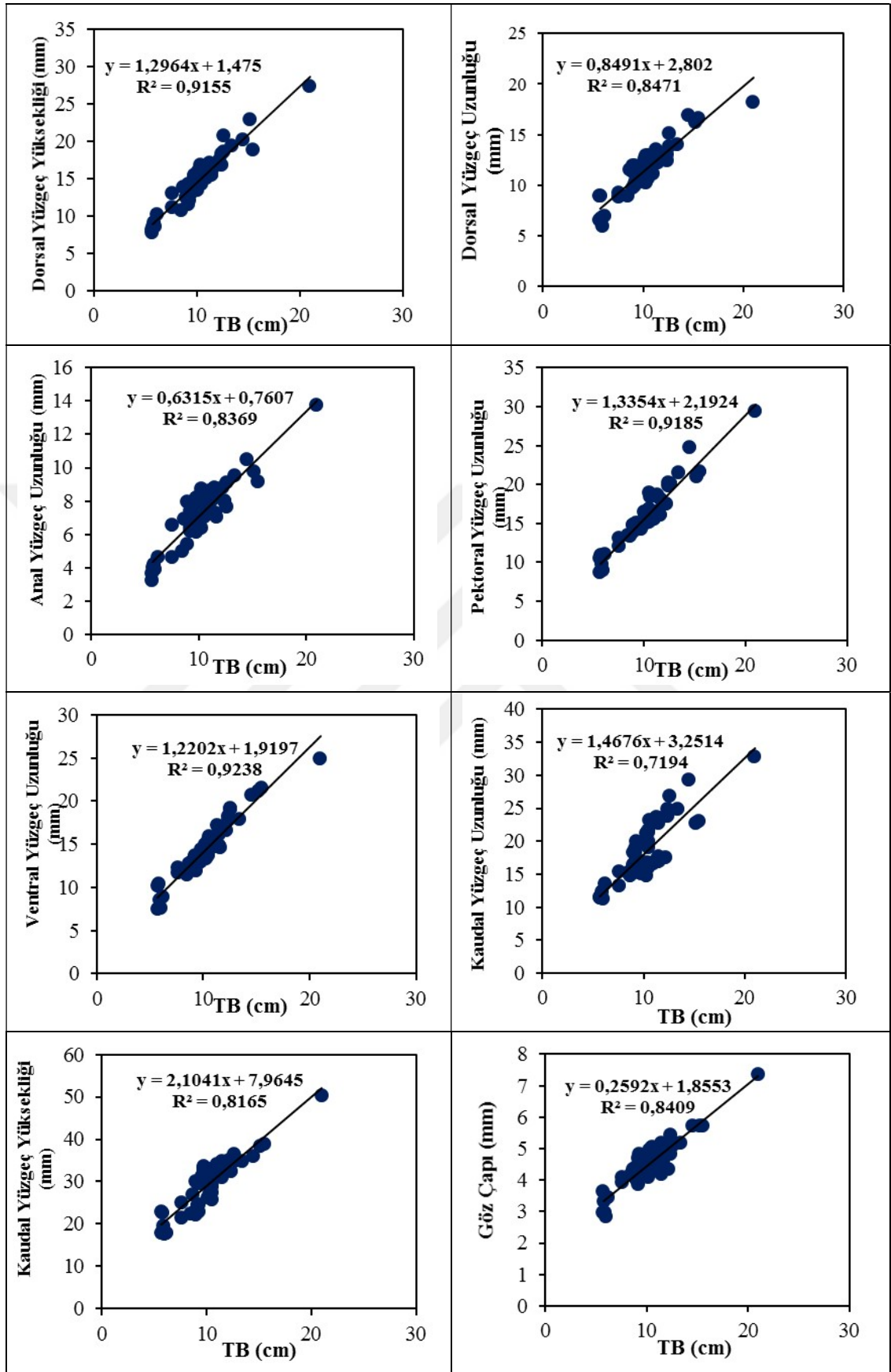




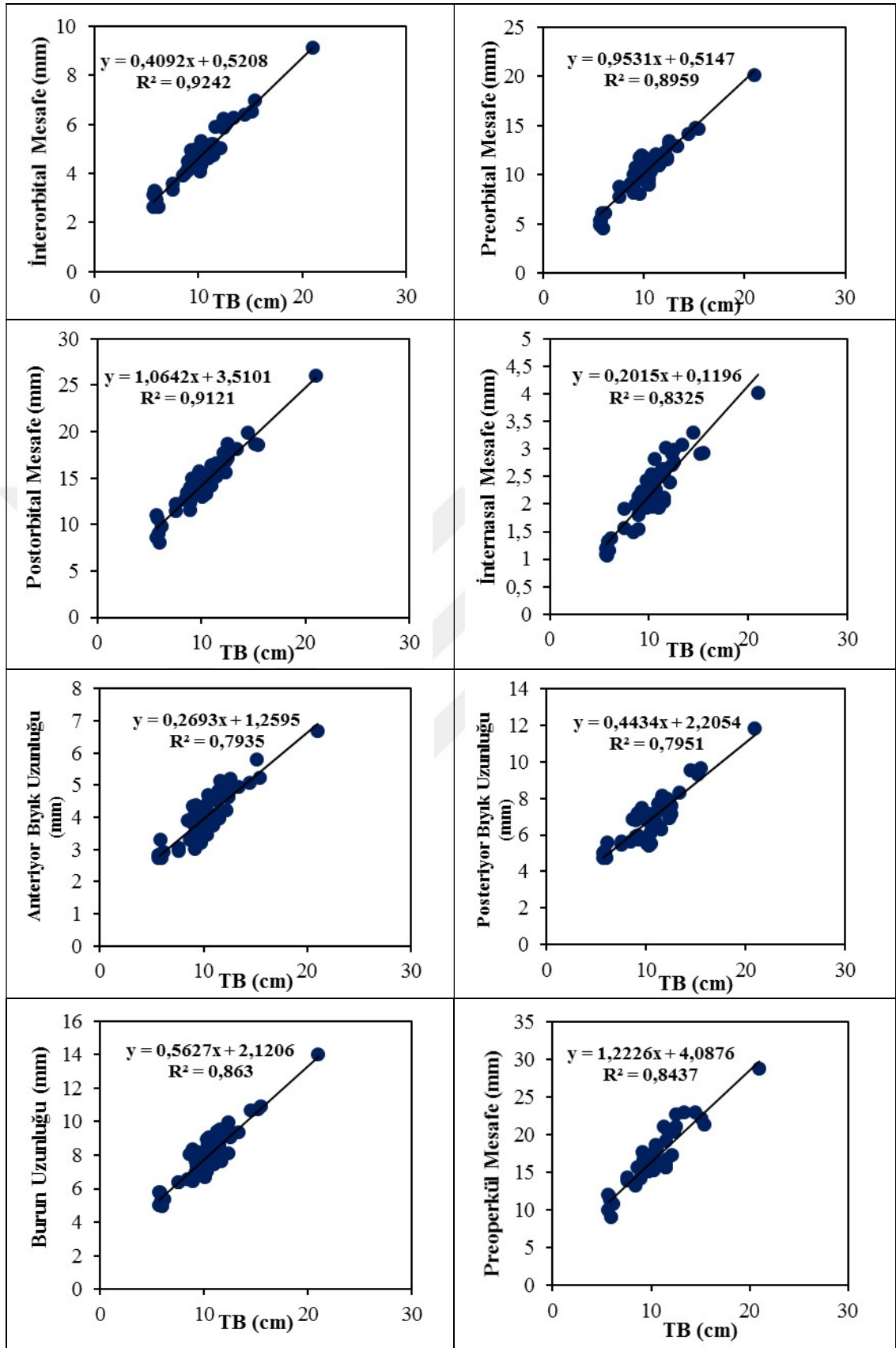
EK-6. ENGİZ ÇAYI ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ



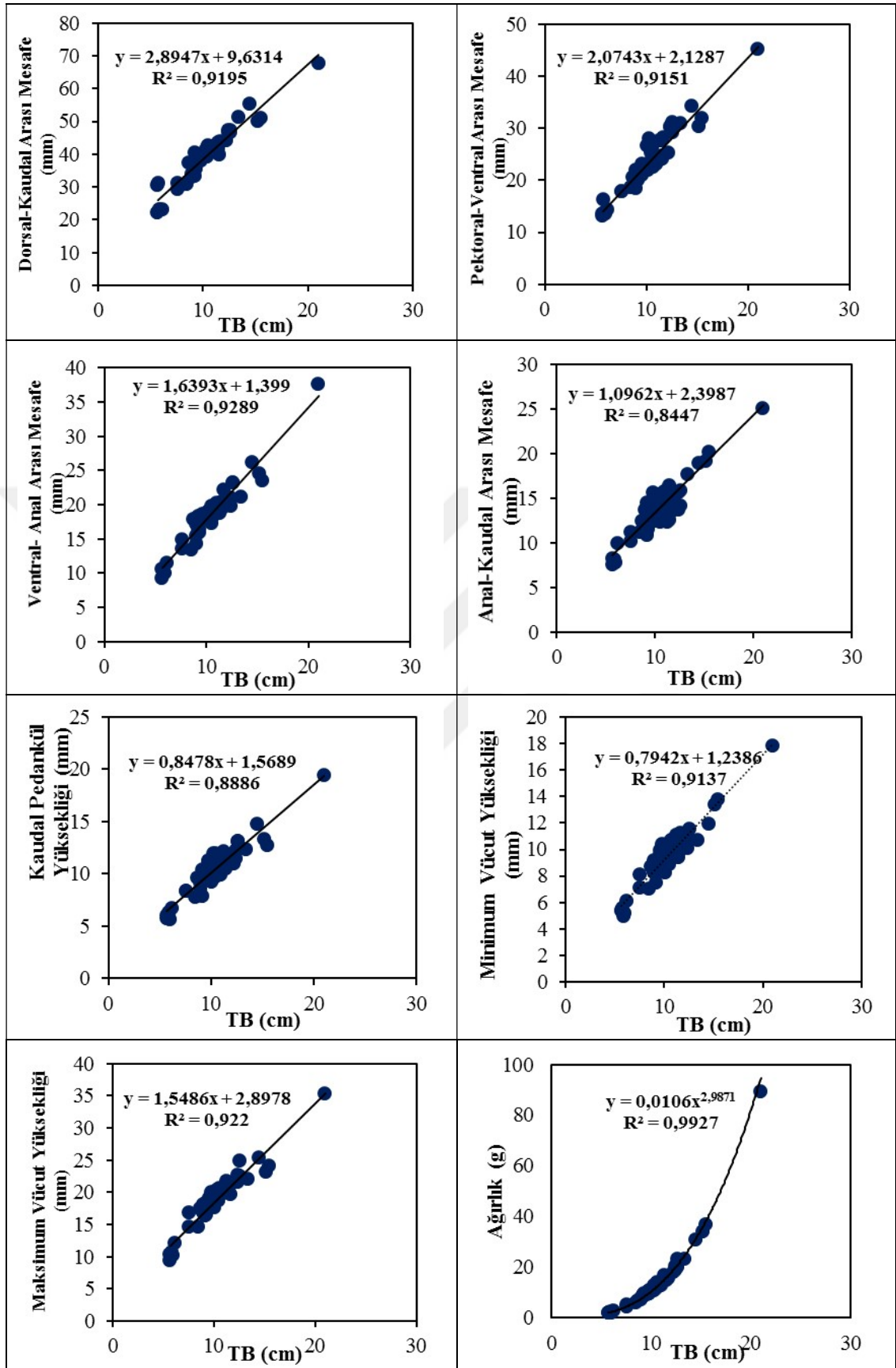






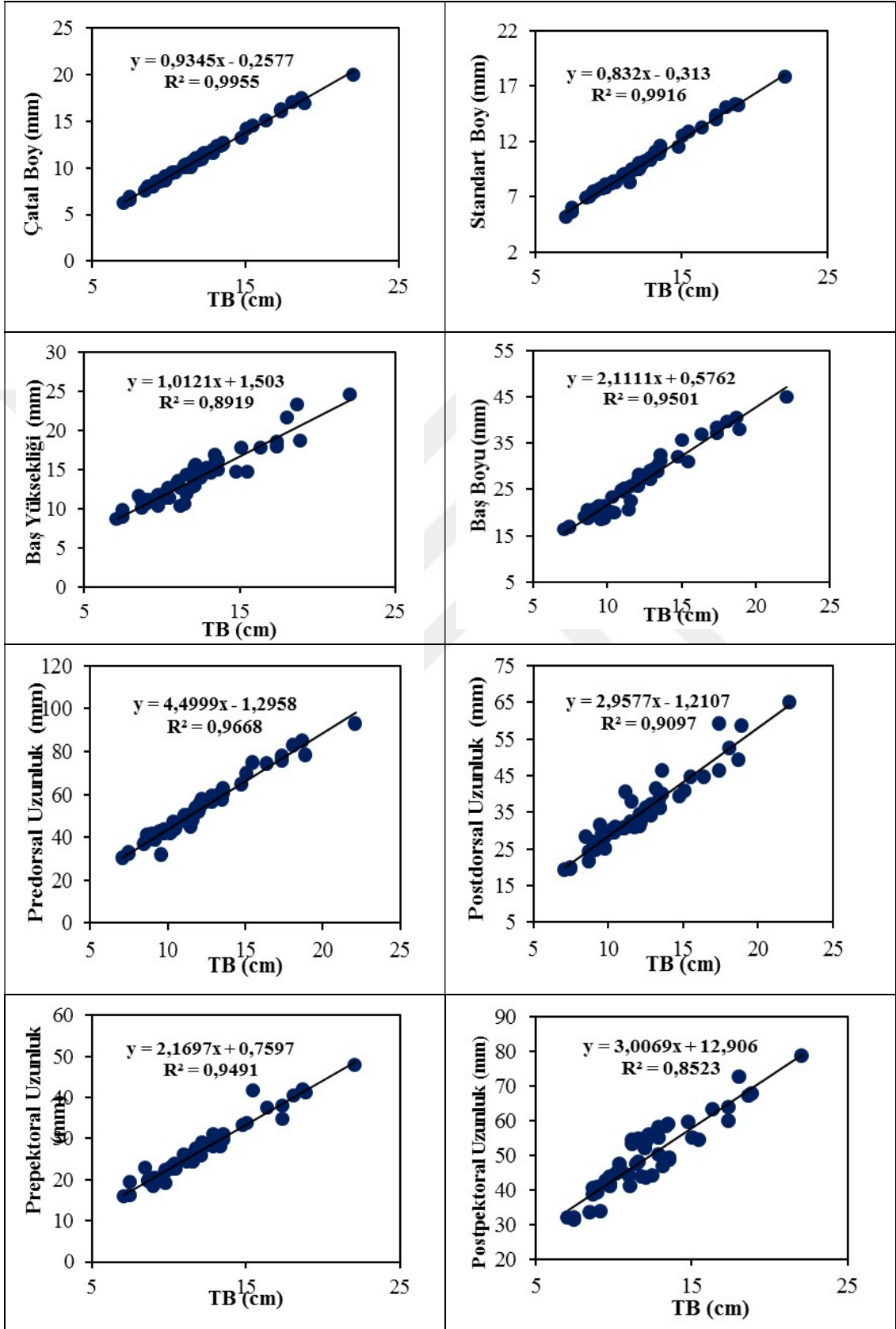




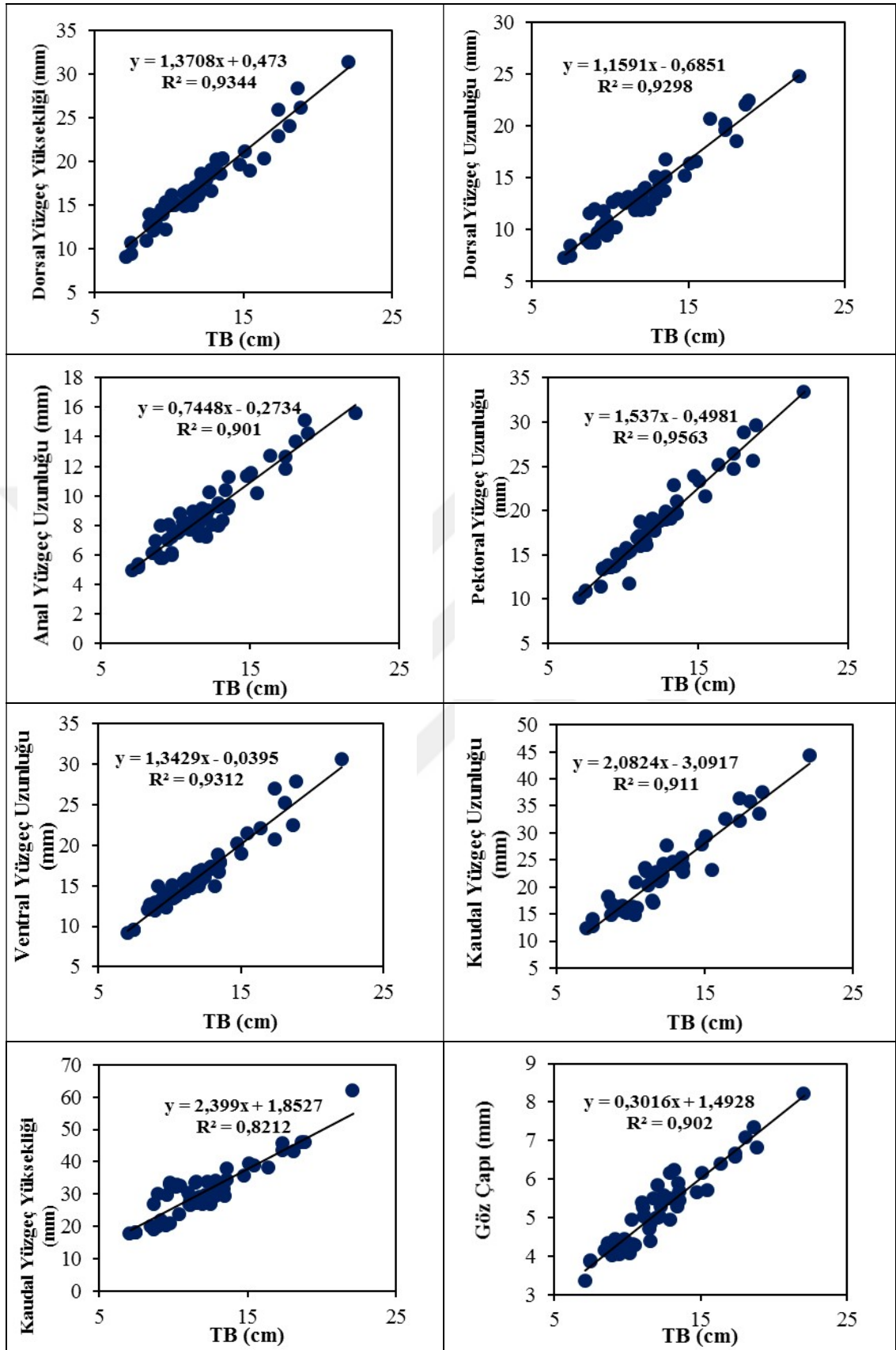




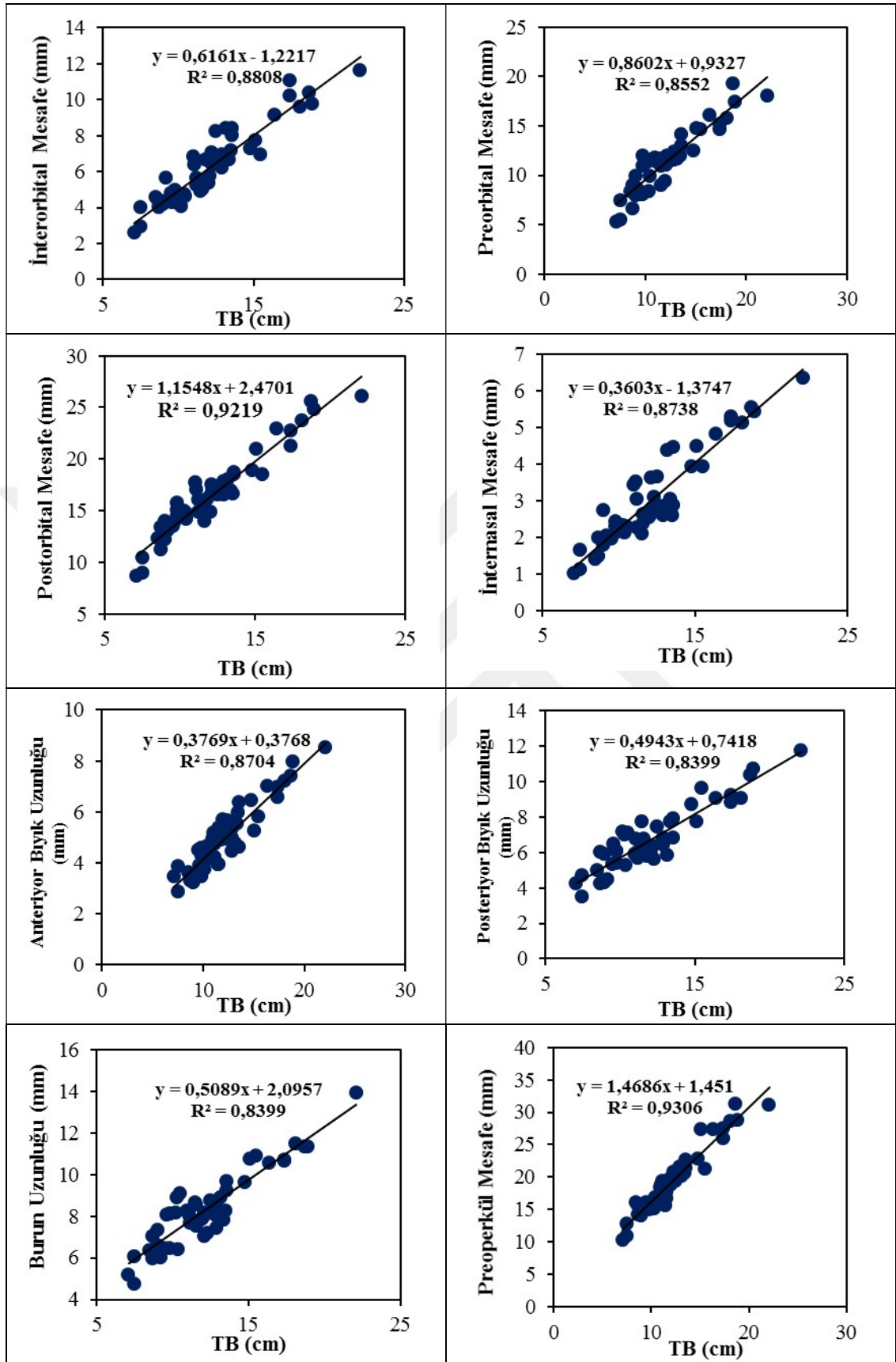
EK-7. DEĞİRMENAĞZI DERESİ ÖRNEKLERİNİN MORFOMETRİK ÖLÇÜM DEĞERLERİNİN TB İLE OLAN İLİŞKİLERİ



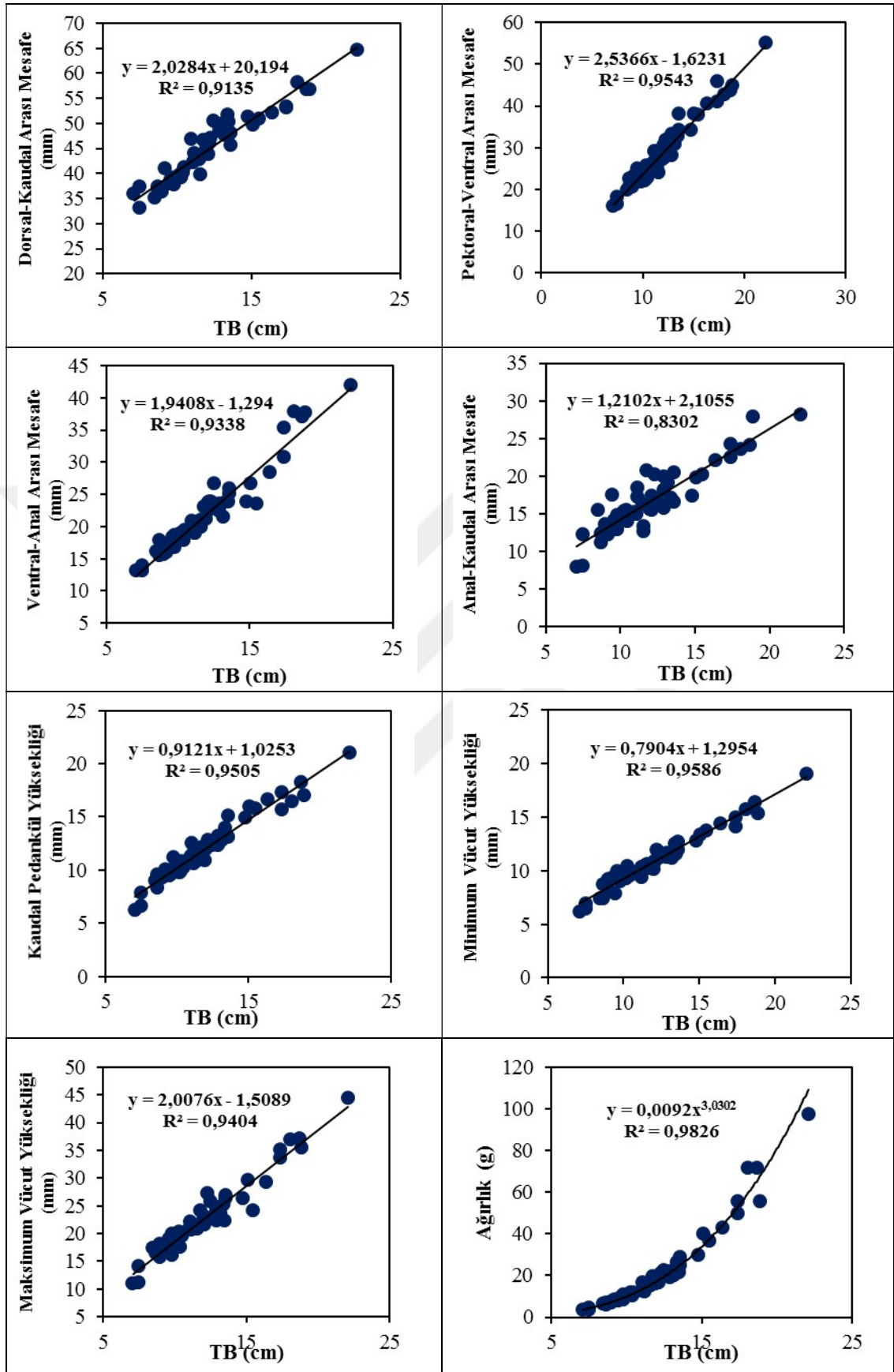














ÖZGEÇMİŞ

Adı ve Soyadı : MELEK ÖZPİÇAK

Doğum Yeri : ARSİN

Doğum Tarihi : 20.04.1986

Yabancı Dili : İNGİLİZCE

Eğitim Durumu

Lise : Üsküdar Süper Lisesi (2004)

Lisans : Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü (2008)

Yüksek Lisans : Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı (07.09.2008– 07.09.2011)

Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Bölümü

Araştırma Görevlisi 2009-....